



Contents

- 109 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

Sommaire

- 109 Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

February 2015

The development of representative candidate influenza vaccine viruses CVVs, coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for pandemic preparedness.

Zoonotic influenza viruses continue to be identified and often evolve both genetically and antigenically, leading to the need to update CVVs for pandemic preparedness purposes. Changes in the genetic and antigenic characteristics of these viruses, their relationship to existing CVVs, and the associated potential risks for public health, justify the need to select and develop new CVVs.

Selection and development of CVVs are the first steps towards timely vaccine production and do not imply a recommendation for initiating manufacture. National authorities may consider the use of one or more of these CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need.

This document summarizes the genetic and antigenic characteristics of recent zoonotic influenza viruses and related viruses circulating in animals, and updates information on the availability of CVVs. Institutions that wish to receive these CVVs should contact WHO at girs-whoq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.¹

Caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

Février 2015

La mise au point de virus grippaux vaccinaux candidats représentatifs, coordonnée par l'OMS, reste une composante essentielle de la stratégie mondiale globale de préparation à une pandémie.

Des virus grippaux zoonotiques continuent d'être identifiés et ces virus évoluent souvent à la fois sur le plan génétique et antigénique, ce qui impose une actualisation des virus vaccinaux candidats destinés à la préparation à une pandémie. L'évolution des caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus, leur parenté avec les virus vaccinaux candidats existants et les risques associés potentiels pour la santé publique justifient la nécessité de sélectionner et de mettre au point de nouveaux virus vaccinaux candidats.

La sélection et la préparation de virus vaccinaux candidats représentent les premières étapes vers la production de vaccins en temps utile mais n'impliquent pas de recommandation quant au démarrage de la fabrication. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique.

Le présent document récapitule les caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques circulant chez des animaux et fait le point sur la disponibilité des virus vaccinaux candidats. Les institutions souhaitant recevoir des virus vaccinaux candidats doivent prendre contact avec l'OMS à l'adresse girs-whoq@who.int ou avec les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.¹

WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève

Annual subscription / Abonnement annuel
Sw. fr. / Fr. s. 346.–

03.2015
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

¹ See <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

¹ Voir <http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/en/>

(1) Influenza A(H5)

Since their re-emergence in 2003, highly pathogenic avian influenza (HPAI) A(H5N1) viruses of the A/goose/Guangdong/1/96 haemagglutinin (HA) lineage have become enzootic in some countries, have infected wild birds and continue to cause outbreaks in poultry and sporadic human infections. These A(H5N1) viruses have diversified genetically and antigenically leading to the need for multiple CVVs. Viruses have been recently detected with N2, N3, N6 or N8 genes substituted for the N1 gene. This summary provides updates on the characterization of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses and the current status of the development of influenza A(H5) CVVs.

Influenza A(H5) activity from 24 September 2014 to 23 February 2015

A(H5) viruses have been detected in birds in Africa, Asia, Europe, the Middle East and North America. A(H5) human infections have been reported to WHO by China (3 cases) and Egypt (109 cases), countries in which infections have been detected in birds (*Table 1*). Two of the human infections in China were caused by A(H5N6) viruses. One human case in China and those in Egypt were caused by A(H5N1) viruses. A(H5) viruses were detected in birds in Bangladesh, Bulgaria, Canada, China, Egypt, Germany, India, Indonesia, Israel, Italy, Japan, Netherlands, Nigeria, Republic of Korea, Russian Federation, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland (United Kingdom), United States of America (USA), Viet Nam, and West Bank and Gaza Strip.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H5) viruses

The nomenclature for phylogenetic relationships among the haemagglutinin (HA) genes of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses is defined in consultation with representatives of WHO, the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions.²

Viruses circulating and characterized from 24 September 2014 to 23 February 2015 belonged to the following clades.

Clade 2.2.1 viruses were detected in poultry in Israel and West Bank and Gaza Strip, and in poultry and humans in Egypt. A sharp increase in the number of human cases has been reported in Egypt. As compared to the CVV produced from A/Egypt/N03072/2010, the HA proteins of clade 2.2.1 viruses isolated in recent years have continued to evolve (*Figure 1*) and accumulated a number of amino acid substitutions. Although some cross-reactivity was observed, ferret antiserum raised against this CVV had reduced titres to recent human viruses (*Table 2*). A CVV derived from an A/Egypt/N04915/2014-like virus is proposed.

Clade 2.3.2.1 viruses were detected in environmental samples in China. The HA genes of these viruses were

1) Grippe A(H5)

Depuis leur réémergence en 2003, les virus de la grippe aviaire A(H5N1) hautement pathogènes, appartenant à la lignée qui porte l'hémagglutinine de la souche A/goose/Guangdong/1/96, sont devenus enzootiques dans certains pays, ont infecté des oiseaux sauvages et continuent de provoquer des flambées chez les volailles et des infections sporadiques chez les humains. Ces virus A(H5N1) se sont diversifiés sur les plans génétique et antigénique, d'où la nécessité de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats. Des virus présentant une substitution du gène N1 par un gène N2, N3, N6 ou N8 ont récemment été détectés. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 et sur l'état d'avancement actuel de la préparation de virus vaccinaux candidats contre la grippe A(H5).

Activité de la grippe A(H5) du 24 septembre 2014 au 23 février 2015

Des virus A(H5) ont été détectés chez des oiseaux en Afrique, en Amérique du Nord, en Asie, en Europe et au Moyen-Orient. Des infections humaines par le virus A(H5) ont été notifiées à l'OMS par la Chine (3 cas) et par l'Égypte (109 cas), pays dans lesquels on a détecté des infections chez des oiseaux (*Tableau 1*). Deux des infections humaines en Chine étaient dues aux virus A(H5N6). Un cas humain en Chine et les cas en Égypte étaient dus aux virus A(H5N1). Des virus A(H5) ont été détectés chez des oiseaux en Allemagne, au Bangladesh, en Bulgarie, au Canada, en Chine, en Cisjordanie et dans la Bande de Gaza, en Égypte, aux États-Unis d'Amérique, en Fédération de Russie, en Inde, en Indonésie, en Israël, en Italie, au Japon, au Nigéria, aux Pays-Bas, en République de Corée, au Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord (Royaume-Uni) et au Viet Nam.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5)

La nomenclature des liens de parenté phylogénétique existant entre les gènes de l'hémagglutinine des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 est définie en consultation avec des représentants de l'OMS, de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) et d'établissements d'enseignement supérieur.²

Les virus circulants et caractérisés entre le 24 septembre 2014 et le 23 février 2014 appartenaient aux clades suivants.

Clade 2.2.1 Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles en Cisjordanie et dans la Bande de Gaza et en Israël, et chez des volailles et des êtres humains en Égypte. Une forte augmentation du nombre de cas humains a été enregistrée en Égypte. Par rapport au virus vaccinal candidat préparé à partir de la souche A/Egypt/N03072/2010, les protéines de l'hémagglutinine des virus du clade 2.2.1 récemment isolés ont continué à évoluer (*Figure 1*) et ont accumulé un certain nombre de substitutions d'acides aminés. Malgré la présence de réactions croisées, l'antisérum de furet dirigé contre ce virus vaccinal candidat a réduit les titres de virus humains récents (*Tableau 2*). Un virus vaccinal candidat dérivé d'un virus de type A/Egypt/N04915/2014 est donc proposé.

Clade 2.3.2.1 Des virus de ce clade ont été détectés dans des échantillons environnementaux en Chine. Les gènes de l'hémag-

² WHO/OIE/FAO H5N1 Evolution Working Group. Revised and updated nomenclature for highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses. John Wiley & Sons Ltd. 2014 (<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12230/full#irv12230>).

² WHO/OIE/FAO H5N1 Evolution Working Group. Revised and updated nomenclature for highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses. John Wiley & Sons Ltd. 2014 (<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12230/full#irv12230>).

Table 1 **Recent influenza A(H5) activity reported to international agencies**
 Tableau 1 **Activité récente de la grippe A(H5) signalée aux agences internationales**

Reporting country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host/source – Hôte/Source	Genetic clade ^a – Clade génétique ^a
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.2.1a
Bulgaria – Bulgarie	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.2.1c
Canada	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N1/N2/N8)
China – Chine	Poultry/environmental – Volaille/Environnemental Human (3) ^b – Humain (2) ^b	2.3.2.1, 2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N1/N2/N3/N6/N8) 2.3.4.4 (H5N6), unknown (H5N1) – non connu (H5N1)
Egypt – Egypte	Poultry – Volaille Human (109) ^b – Humain (109) ^b	2.2.1 2.2.1
Germany – Allemagne	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
India – Inde	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Indonesia – Indonésie	Poultry – Volaille	Unknown – Non connu
Israel – Israël	Poultry – Volaille	2.2.1
Italy – Italie	Poultry – Volaille	2.3.4.4 (H5N8)
Japan – Japon	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
Netherlands – Pays-Bas	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
Nigeria – Nigéria	Poultry – Volaille	2.3.2.1c
Republic of Korea – République de Corée	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
Russian Federation – Fédération de Russie	Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N8)
United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland – Royaume Uni et Irlande du Nord	Poultry – Volaille	2.3.4.4 (H5N8)
United States of America – Etats Unis d'Amérique	Poultry, wild birds – Volaille, oiseaux sauvages	2.3.4.4 (H5N1/N2/N8)
Viet Nam	Poultry – Volaille	2.3.2.1c, 2.3.4.4 (H5N6)
West Bank and Gaza Strip – Cisjordanie et bande de Gaza	Poultry – Volaille	2.2.1

^a Based on available sequences. – Basé sur les séquences disponibles.

^b Numbers in parentheses denotes the number of human cases reported to WHO within reporting period. – Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de cas humains notifiés à l'OMS au cours de cette période.

similar to those of viruses detected previously. Antigenic data are not yet available.

Clade 2.3.2.1a viruses were detected in birds in Bangladesh. The HA genes of these viruses were similar to those of viruses detected previously. The majority of viruses reacted well with ferret antiserum raised against A/duck/Bangladesh/19097/2013 for which a CVV is available. A smaller number of viruses showed reduced reactivity with this antiserum, a pattern consistent with previous reports.

Clade 2.3.2.1c viruses were detected in birds in Bulgaria, India, Nigeria and Viet Nam and in birds and environmental samples in China. The HA genes of these viruses were similar to those of viruses detected previously. No antigenic information is available.

Clade 2.3.4.4³ viruses were detected in birds in Canada, Germany, Italy, Japan, Netherlands, Republic of Korea,

glutinine de ces virus étaient similaires à ceux des virus détectés auparavant. Les données antigéniques ne sont pas encore disponibles.

Clade 2.3.2.1a Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux au Bangladesh. Les gènes de l'hémagglutinine de ces virus étaient similaires à ceux des virus détectés auparavant. La majorité de ces virus ont bien réagi avec un antisérum de furet dirigé contre la souche A/duck/Bangladesh/19097/2013, qui avait servi à la préparation d'un virus vaccinal candidat. Un nombre plus restreint de virus présentaient une réactivité diminuée avec cet antisérum, un schéma cohérent avec ce qui a été précédemment rapporté.

Clade 2.3.2.1c Des virus de ce clade ont été détectés chez des oiseaux en Bulgarie, en Inde, au Nigéria et au Viet Nam, et chez des oiseaux et dans des échantillons environnementaux en Chine. Les gènes de l'hémagglutinine de ces virus étaient similaires à ceux des virus détectés auparavant. Aucune information antigénique n'est disponible.

Clade 2.3.4.4³ Des virus de ce clade ont été détectés en Allemagne, au Canada, aux États-Unis d'Amérique, en Fédération de Russie,

³ See <http://www.promedmail.org/direct.php?id=3090250>

³ Voir <http://www.promedmail.org/direct.php?id=3090250>.

Figure 1 **Phylogenetic relationships of A(H5N1) clade 2.2.1 haemagglutinin genes**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.2.1**



The available candidate vaccine viruses are **highlighted in grey**. The proposed candidate vaccine virus is indicated (•) and human viruses **underlined and in bold font**. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont **surlignés en gris**. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (•) et les virus humains sont **soulignés et indiqués en caractères gras**. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 2 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5N1) clade 2.2.1 viruses**
 Tableau 2 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.2.1**

Reference antigens – Antigènes de référence	EG/N03072	EG/N03072 RG29	EG/00994	EG/01050	Chicken/EG
A/Egypt/N03072/2010	1280	640	640	1280	160
A/Egypt/N03072/2010 IDCCD RG29	1280	1280	320	2560	80
A/Egypt/N00994/2011	160	160	160	1280	160
A/Egypt/01050-NAMRU3/2013	640	640	640	1280	640
A/chicken/Egypt/Q7630D/2013	40	80	10	640	160
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/Egypt/N04915/2014	80	80	80	640	160
A/Egypt/N00992/2015	640	640	640	640	640
A/Egypt/N00996/2015	160	160	320	1280	320
A/Egypt/N00993/2015	160	160	320	1280	320
A/Egypt/N00994/2015	80	160	320	1280	320

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Russian Federation, United Kingdom, USA and Viet Nam, and in birds, environmental samples and 2 humans in China. There was considerable diversity in the HA genes of these clade 2.3.4.4 viruses and in the sub-type of neuraminidase (NA) with which they were paired (*Figure 2*). The A(H5N6/N8) viruses isolated in China, the A(H5N6) viruses from Viet Nam and previously characterized A(H5N6) viruses from Lao People's Democratic Republic were antigenically diverse, although ferret antisera raised against viruses similar to A/Sichuan/26221/2014 (H5N6), from which a CVV is in development, reacted with most viruses across this group (*Table 3*). The HA gene sequences of viruses isolated in Canada, Germany, Italy, Japan, Netherlands, Republic of Korea, Russian Federation, United Kingdom, USA and some of the viruses from China clustered together, although there was considerable diversity in the sequences of the other viral genes. This diversity was highlighted by the introduction of the A(H5N8) virus into North America and by subsequent reassortment with North American lineage avian viruses generating novel A(H5N1) and A(H5N2) viruses. The antiserum raised against an A/Sichuan/26221/2014-like virus did not react well with A(H5N2/N8) viruses isolated in the USA (*Table 4*). Conversely, ferret antisera raised against A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (H5N8) and A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8) did not react well with the A/Sichuan/26221/2014 (H5N6)-like virus. A new CVV based on an A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014-like virus is proposed.

Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, A/Egypt/N04915/2014-like (clade 2.2.1) and A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014-like (clade 2.3.4.4) CVVs are proposed. The available and pending A(H5) CVVs are listed in *Table 5*. National authorities may consider the use of one or more of these A(H5) CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need. As the

en Italie, au Japon, aux Pays-Bas, en République de Corée, au Royaume-Uni et au Viet Nam, et chez des oiseaux, dans des échantillons environnementaux et chez 2 êtres humains en Chine. Les gènes de l'hémagglutinine chez ces virus du clade 2.3.4.4 et le sous-type de neuraminidase à laquelle ils étaient appariés présentaient une diversité considérable (*Figure 2*). Les virus A(H5N6/N8) isolés en Chine, les virus A(H5N6) du Viet Nam et les virus A(H5N6) précédemment caractérisés de la République démocratique populaire lao étaient divers du point de vue antigénique; pourtant, l'antisérum de furet dirigé contre des virus similaires à la souche A/Sichuan/26221/2014 (H5N6), à partir de laquelle un virus vaccinal candidat est en préparation, a réagi avec la plupart des virus de ce groupe (*Tableau 3*). Les séquences de gènes de l'hémagglutinine de virus isolés en Allemagne, au Canada, aux États-Unis d'Amérique, en Fédération de Russie, en Italie, au Japon, aux Pays-Bas, en République de Corée, au Royaume-Uni et de certains virus de Chine se sont rapprochées, malgré une diversité considérable des séquences d'autres gènes viraux. Cette diversité a été mise en lumière par l'introduction du virus A(H5N8) en Amérique du Nord et le réassortiment consécutif avec des virus de la grippe aviaire de la lignée d'Amérique du Nord, générant de nouveaux virus A(H5N1) et A(H5N2). L'antisérum dirigé contre le virus de type A/Sichuan/26221/2014 n'a pas bien réagi avec les virus A(H5N2/N8) isolés aux États-Unis d'Amérique (*Tableau 4*). Inversement, l'antisérum de furet dirigé contre les souches A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (H5N8) et A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8) n'a pas bien réagi avec le virus de type A/Sichuan/26221/2014 (H5N6). Un nouveau virus vaccinal candidat préparé à partir de la souche A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 est donc proposé.

Virus candidats à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H5)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, des virus vaccinaux candidats de type A/Egypt/N04915/2014 (clade 2.2.1) et A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (clade 2.3.4.4) sont proposés. Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles et en attente de décision sont recensés dans le *Tableau 5*. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats A(H5) pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie,

Figure 2 **Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.4 haemagglutinin genes**

Figure 2 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4**



The available candidate vaccine viruses are highlighted in grey. The proposed candidate vaccine virus is indicated (●) and human viruses **underlined and in bold font**. NA subtypes other than N1 are specified. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. Novel A(H5N1) and A(H5N2) viruses that acquired North American lineage NA genes are indicated with an asterisk (*). – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont surlignés en gris. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●) et les virus humains sont **soulignés et indiqués en caractères gras**. Les sous-types de NA autres que N1 sont précisés. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés. Les nouveaux virus A(H5N1) et A(H5N2) ayant acquis des gènes de la NA correspondant à la lignée nord-américaine sont indiqués par un astérisque (*).

Table 3 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5) clade 2.3.4.4 viruses**Tableau 3 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5N1) appartenant au clade 2.3.4.4**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	bs/HK	gs/GZ
A/barn swallow/HK/D10-1161/2010	2.3.2.1b	80	<10
A/goose/Guizhou/3375/2014 (H5N6) ^a	2.3.4.4	<10	80
Test antigens – Antigènes d'épreuve			
A/chicken/Guangdong/2400/2013 (H5N6) ^a	2.3.4.4	<10	80
A/silkie chicken/Guangdong/2809/2013 (H5N6)	2.3.4.4	<10	320
A/chicken/Guangdong/1061/2013 (H5N6)	2.3.4.4	<10	80

^a A/Sichuan/26221/2014 (H5N6)-like viruses – Analogue au virus A/Sichuan/26221/2014Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.Table 4 **Haemagglutination inhibition reactions of influenza A(H5) clade 2.3.4.4 viruses**Tableau 4 **Réactions d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4.4**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	Anh/1	ck/BA RG36	Guiz/1 RG35	gf/WA	ck/VN	ck/Ku ^a
A/Anhui/1/2005	2.3.4	1280	80	40	<10	10	<10
A/ck/Bangladesh/11RS-1984-30/2011 IDCCD RG36	2.3.4.2	40	320	40	<10	20	<10
A/Guizhou/1/2013 IDCCD RG35	2.3.4.2	80	160	160	<10	20	<10
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014 (H5N8)	2.3.4.4	80	80	40	80	10	320
A/chicken/Vietnam/NCVD-14-A324/2014 (H5N6) ^b	2.3.4.4	<10	40	<10	<10	640	40
Test antigens – Antigènes d'épreuve							
A/Northern pintail/Washington/40964/2014 (H5N2)	2.3.4.4	40	20	40	40	20	320
A/chicken/Laos/206/2014 (H5N6)	2.3.4.4	20	80	10	20	160	1280

^a Homologous antigen for A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 antiserum was not available. – L'antigène homologue pour l'immunsérum A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 n'était pas disponible.^b A/Sichuan/26221/2014 (H5N6)-like virus. – Analogue au virus A/Sichuan/26221/2014.

viruses continue to evolve, new A(H5) CVVs may be developed.

(2) Influenza A(H7N9)

Influenza A(H7) viruses have been detected in poultry populations worldwide with the associated disease ranging from mild to severe. Human infections with avian influenza A(H7N9) viruses were first reported to WHO on 31 March 2013.

Influenza A(H7N9) activity from 24 September 2014 to 23 February 2015

During this period, 148 human cases of avian influenza A(H7N9) virus infection were reported to WHO, bringing the total number of cases to 602 with 227 deaths reported.⁴ All human cases were detected in China, or in travellers who visited China (2 in Canada). Increased genetic heterogeneity of HA and NA gene sequences was observed among recent viruses from humans, poultry and environmental samples. Comparison of these viruses using haemagglutination inhibition (HI) assays

en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H5) pourraient être préparés.

2) Grippe A(H7N9)

Des virus grippaux A(H7) ont été détectés dans les populations de volailles un peu partout dans le monde, avec une maladie associée allant de bénigne à sévère. Des infections humaines par des virus grippaux aviaires A(H7N9) ont été signalées pour la première fois à l'OMS le 31 mars 2013.

Activité de la grippe A(H7N9) du 24 septembre 2014 au 23 février 2015

Pendant cette période, 148 cas humains d'infection par le virus grippal aviaire A(H7N9) ont été notifiés à l'OMS, ce qui porte le nombre total de cas à 602 dont 227 mortels.⁴ Tous les cas humains ont été détectés en Chine ou chez des voyageurs en provenance de Chine (2 personnes au Canada). Une hétérogénéité génétique plus importante des séquences de gènes de l'hémagglutinine et de la neuraminidase a été observée parmi les virus isolés chez des êtres humains et des volailles, et sur des échantillons environnementaux. La comparaison de ces virus à l'aide d'épreuves

⁴ Communication from WHO Collaborating Centre, Beijing.⁴ Communication du centre de collaborateur de l'OMS à Beijing (Chine).

Table 5 **Status of development of influenza A(H5) candidate vaccine virus**
 Tableau 5 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Institution*	Available – Disponible
A/Viet Nam/1203/2004 (CDC-RG; SJRG-161052)	1	CDC and SJCRH – CDC et SJCRH	Yes – Oui
A/Viet Nam/1194/2004 (NIBRG-14)	1	NIBSC	Yes – Oui
A/Cambodia/R0405050/2007 (NIBRG-88)	1.1	NIBSC	Yes – Oui
A/Cambodia/X0810301/2013 (IDCDC-RG34B)	1.1.2	CDC	Yes – Oui
A/duck/Hunan/795/2002 (SJRG-166614)	2.1.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/Indonesia/5/2005 (CDC-RG2)	2.1.3.2	CDC	Yes – Oui
A/Indonesia/NIHRD11771/2011 (NIIDRG-9)	2.1.3.2a	NIID	Yes – Oui
A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005 (SJRG-163222)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
A/chicken/India/NIV33487/2006 (IBCDC-RG7)	2.2	CDC/NIV	Yes – Oui
A/whooper swan/Mongolia/244/2005 (SJRG-163243)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
A/Egypt/2321-NAMRU3/2007 (IDCDC-RG11)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/turkey/Turkey/1/2005 (NIBRG-23)	2.2.1	NIBSC	Yes – Oui
A/Egypt/N03072/2010 (IDCDC-RG29)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 (IDCDC-RG13)	2.2.1.1	CDC	Yes – Oui
A/common magpie/Hong Kong/5052/2007 (SJRG-166615)	2.3.2.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/Hubei/1/2010 (IDCDC-RG30)	2.3.2.1a	CDC	Yes – Oui
A/duck/Bangladesh/19097/2013 (SJ007)	2.3.2.1a	SJCRH	Yes – Oui
A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010 (SJ-003)	2.3.2.1b	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Hong Kong/AP156/2008 (SJ002)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/Anhui/1/2005 (IBCDC-RG6)	2.3.4	CDC	Yes – Oui
A/duck/Laos/3295/2006 (CBER-RG1)	2.3.4	FDA	Yes – Oui
A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (SJRG-164281)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011 (IDCDC-RG36)	2.3.4.2	CDC	Yes – Oui
A/Guizhou/1/2013 (IDCDC-RG35)	2.3.4.2	CDC/CCDC	Yes – Oui
A/goose/Guiyang/337/2006 (SJRG-165396)	4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
A/chicken/Viet Nam/NCVD-016/2008 (IDCDC-RG12)	7.1	CDC	Yes – Oui
A/chicken/Viet Nam/NCVD-03/2008 (IDCDC-RG25A)	7.1	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Institution*	Availability – Disponibilité
A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012-like – Analogue à A/duck/Viet Nam/NCVD-1584/2012	2.3.2.1c	NIBSC	Pending – En attente
A/environment/Hubei/950/2013-like – Analogue à A/environment/Hubei/950/2013	7.2	CDC/CCDC	Pending – En attente
A/Sichuan/26221/2014-like – Analogue à A/Sichuan/26221/2014	2.3.4.4	CDC/CCDC	Pending – En attente
A/Egypt/N04915/2014-like – Analogue à A/Egypt/N04915/2014-like	2.2.1	NIBSC	Pending – En attente
A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014-like – Analogue à A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014	2.3.4.4	CDC	Pending – En attente

* **Institutions distributing the candidate vaccine viruses:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; CDC/CCDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States/Chinese Center for Disease Control and Prevention; CDC/NIV, Centers for Disease Control and Prevention, United States of America/National Institute of Virology, India; FDA, Food and Drug Administration, United States; HKU: University of Hong Kong, Hong Kong, Special Administrative Region of China; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; NIID, National Institute of Infectious Diseases, Japan; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – **Institutions distribuant les virus vaccins candidats:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; CDC/CCDC, CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis/Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine; CDC/NIV, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis, en collaboration avec le National Institute of Virology, Inde; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; HKU: Université de Hong Kong, Hong Kong, Région administrative spéciale de la Chine; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

showed that the majority remained antigenically similar to the CVVs derived from A/Anhui/1/2013-like viruses.

Influenza A(H7N9) candidate vaccine viruses

Based on the current epidemiologic and virologic data, no new A(H7N9) CVVs have been proposed. Available A(H7N9) CVVs are shown in *Table 6*. National authorities may consider the use of one or more of these A(H7N9) CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need. As the viruses continue to evolve, new A(H7N9) CVVs may be developed.

Table 6 **Status of development of influenza A(H7N9) candidate vaccine virus**
Tableau 6 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7N9)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*	Available – Disponible
A/Anhui/1/2013 (H7N9) IDCCD-RG33A	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (H7N9) NIBRG-268	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (H7N9) NIIDRG-10.1	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
A/Anhui/1/2013 (H7N9) SJ005	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) NIBRG-267	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) CBER-RG4A	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) IDCCD-RG32A	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
A/Shanghai/2/2013 (H7N9) IDCCD-RG32A.3	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui

* **Institutions distributing the candidate vaccine viruses:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; FDA, Food and Drug Administration, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; NIID, National Institute of Infectious Diseases, Japan; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – **Institutions distribuant les virus vaccins candidats:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; FDA, Food and Drug Administration, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Angleterre; NIID, Institut national des maladies infectieuses, Japon; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

(3) Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry populations in parts of Africa, Asia and the Middle East. The majority of viruses that have been sequenced belong to the A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1), A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9), or Eurasian clades. Since 1998, when the first human infection was detected, the isolation of A(H9N2) viruses from humans and swine has been reported infrequently. In all human cases the associated disease symptoms have been mild and there has been no evidence of human-to-human transmission.

Influenza A(H9N2) activity from 24 September 2014 to 23 February 2015

Three human cases of A(H9N2) infection have been reported in this period with no fatalities. Infection of a child was reported in Egypt. Sequencing of the HA and NA genes confirmed presence of A(H9N2) virus RNA genetically related to the G1 lineage viruses circulating in poultry in Egypt. Investigations revealed that the case had a history of contact with apparently healthy backyard poultry. Two human cases of A(H9N2) were detected in Sichuan and Guangdong Provinces, China. The viruses were genetically related to Y280-like viruses detected during environmental sampling around the same time in the same and neighbouring provinces (*Figure 3*).

d'inhibition de l'hémagglutination a montré que la plupart d'entre eux restent similaires du point de vue antigénique aux virus vaccinaux candidats dérivés de la souche A/Anhui/1/2013.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H7N9)

Au vu des données épidémiologiques et virologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H7N9) n'a été proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H7N9) disponibles sont présentés dans le *Tableau 6*. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H7N9) pourraient être préparés.

3) Grippe A(H9N2)

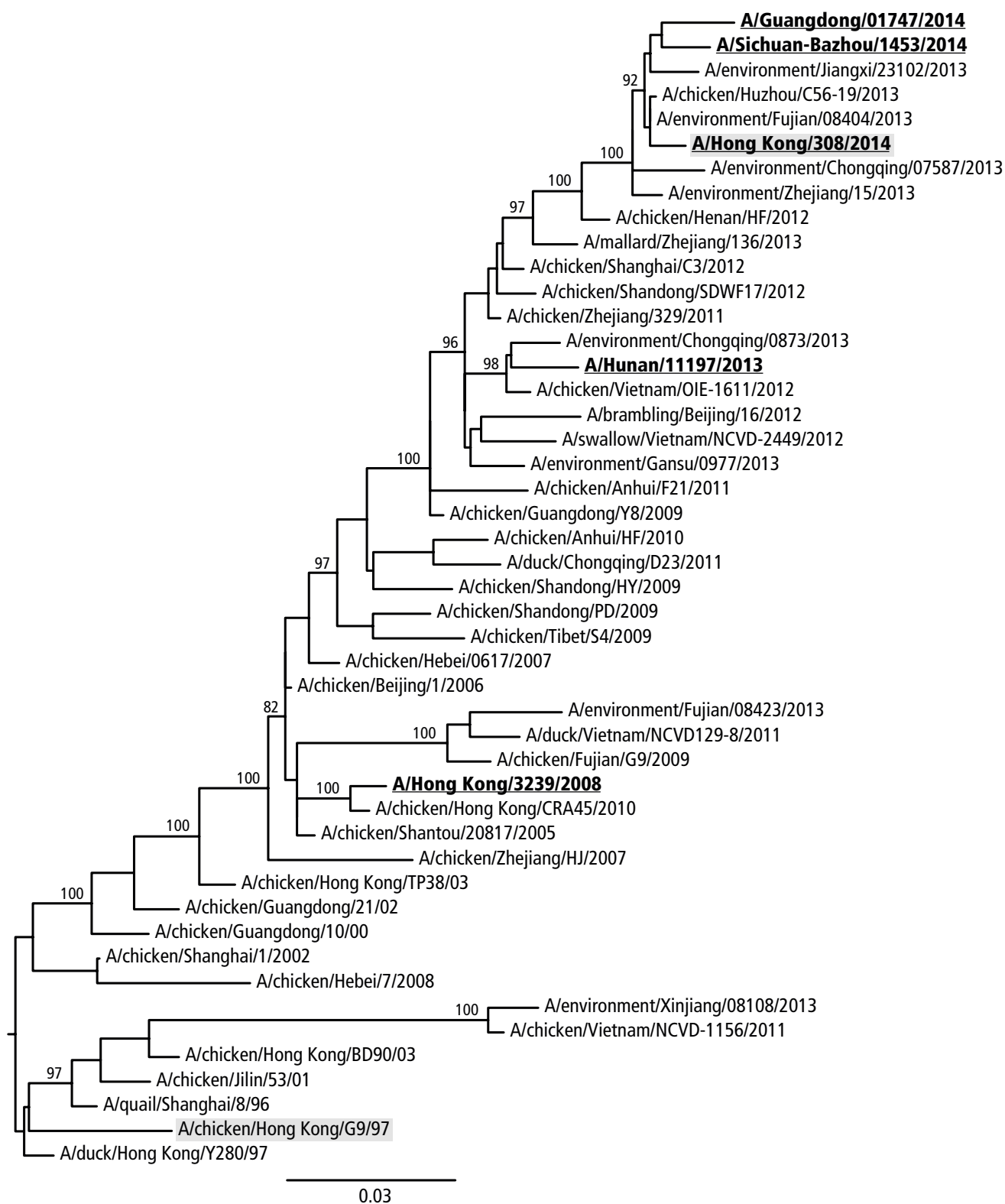
Les virus grippaux A(H9N2) sont enzootiques dans les populations de volailles de certaines parties de l'Afrique, de l'Asie et du Moyen-Orient. La majorité des virus qui ont été séquencés appartiennent aux clades A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1), A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) ou eurasiens. Depuis 1998, quand on a détecté le premier cas d'infection humaine, l'isolement des virus A(H9N2) chez l'homme ou chez le porc est rare. Pour tous les cas humains, les symptômes de la maladie associée ont été bénins et on n'a relevé aucune preuve de transmission interhumaine.

Activité de la grippe A(H9N2) du 24 septembre 2014 au 23 février 2015

Trois cas humains d'infection par un virus A(H9N2) ont été notifiés pendant cette période et aucun décès. L'infection d'un enfant a été signalée en Égypte. Le séquençage des gènes de l'hémagglutinine et de la neuraminidase a confirmé la présence d'ARN viral A(H9N2) génétiquement apparenté aux virus de la lignée G1 circulant chez les volailles en Égypte. Des investigations ont révélé que le cas avait été en contact avec des volailles de ferme apparemment saines. Deux cas humains de grippe A(H9N2) ont été détectés dans les provinces du Sichuan et du Guangdong, en Chine. Les virus étaient génétiquement apparentés aux virus de type Y280 détectés lors du prélèvement d'échantillons environnementaux qui a eu lieu approximativement au même moment dans ces mêmes provinces et dans les provinces voisines (*Figure 3*).

Figure 3 **Phylogenetic relationships of A(H9N2) Y280-like haemagglutinin genes**

Figure 3 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H9N2) analogues à Y280**



The available candidate vaccine viruses are highlighted in grey. No new vaccine candidate is proposed. Human viruses **underlined and in bold font**. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles sont surlignés en gris. Aucun nouveau vaccin candidat. Les virus humains sont **soulignés et indiqués en caractères gras**. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des noeuds sélectionnés.

Antigenic heterogeneity exists between viruses of different Y280 sublineages circulating in China with some recent viruses identified in environmental samples reacting less well to ferret antisera raised against A(H9N2) CVVs. Further antigenic characterization of recent human viruses compared to recently developed CVVs is pending. G1-like viruses detected in poultry in Bangladesh tested by HI assay remained antigenically similar to available CVVs.

Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available A(H9N2) CVVs are listed in *Table 7*. National authorities may consider the use of one or more of these A(H9N2) CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need. As the viruses continue to evolve, new A(H9N2) CVVs may be developed.

(4) Influenza A(H1N1) and A(H1N2) variants (v)⁵

Influenza A(H1N1) and A(H1N2) viruses circulate in swine populations in many regions of the world. Depending on geographic location, the genetic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine A(H1) viruses have been documented for many years. A total of 3 human infections with A(H1)v viruses have been detected in Sweden and USA. These viruses are genetically similar to viruses circulating in swine in these regions.

Influenza A(H1N1)v and A(H1N2)v activity from 24 September 2014 to 23 February 2015

One case of A(H1N1)v was identified in the USA in an adult with onset of influenza-like illness in October 2014. The patient reported exposure to swine prior to illness onset. The HA gene of the A(H1N1)v is from the classical swine A(H1N1) lineage, which is frequently detected in pigs.

A report of 2 human cases of A(H1N2)v virus infection in Sweden was received during this period (although infection occurred in April 2014). The viruses were detected in nasal swabs from 2 pig farmers during an animal-human interface study. The virus detections in the pig farmers occurred after the same virus had been detected in pigs at the farm where the 2 farmers worked. The HA genes of these viruses were closely related to those of A(H1N1)pdm09.

Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the current understanding of the viruses and considering the existing immunity in the human population against the HAs of A(H1N1)pdm09 viruses and classical swine A(H1N1) viruses, the public health impact of these influenza A(H1)v viruses is expected to be low. CVVs are not proposed at this time.

Il existe une hétérogénéité antigénique entre les virus des différentes sous-lignées Y280 circulant en Chine, certains virus récents identifiés dans des échantillons environnementaux réagissant moins bien avec des antisérums de furet postinfection dirigés contre les virus vaccinaux candidats A(H9N2). Une caractérisation antigénique plus poussée des virus humains récents par rapport aux virus vaccinaux candidats récemment mis au point est en cours. Les virus de type G1 détectés chez les volailles au Bangladesh testés au moyen d'épreuves d'hémagglutination sont restés similaires sur le plan antigénique aux virus vaccinaux candidats disponibles.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H9N2)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'a été proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles sont recensés dans le *Tableau 7*. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H9N2) pourraient être préparés.

4) Variants A(H1N1) et A(H1N2) (v)⁵

Des virus grippaux A(H1N1) et A(H1N2) circulent dans les populations porcines de nombreuses régions du monde. Les caractéristiques génétiques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Les infections humaines par des virus porcins A(H1) existent depuis de nombreuses années. Trois infections humaines par des virus A(H1)v ont été détectées aux États-Unis d'Amérique et en Suède. Ces virus sont génétiquement similaires aux virus qui circulent chez le porc dans ces régions.

Activité de la grippe A(H1N1)v et A(H1N2)v du 24 septembre 2014 au 23 février 2015

Un cas de grippe A(H1N1)v a été identifié aux États-Unis d'Amérique; il s'agit d'un adulte dont l'affection grippale a débuté en octobre 2014. Le patient a indiqué avoir été exposé à des porcs avant le début de la maladie. Le gène de l'hémagglutinine du virus A(H1N1)v est celui de la lignée porcine classique A(H1N1), fréquemment détectée chez le porc.

Deux cas humains d'infection par le virus A(H1N2)v en Suède ont été notifiés au cours de cette période (bien que l'infection ait eu lieu en avril 2014). Les virus ont été détectés sur des échantillons nasaux prélevés chez 2 éleveurs de porcs au cours d'une étude sur l'interface animal-homme. La détection des virus chez les éleveurs de porcs a eu lieu après la détection de ce même virus chez des porcs élevés dans la ferme où travaillaient les 2 fermiers. Le gène de l'hémagglutinine de ces virus était étroitement apparenté à celui du virus A(H1N1)pdm09.

Virus candidats à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H1)v

Au vu des connaissances actuelles sur les virus et de l'immunité humaine contre l'hémagglutinine des virus A(H1N1)pdm09 et des virus porcins classiques A(H1N1), l'impact sur la santé de ces virus grippaux A(H1)v devrait être faible. Aucun virus vaccinal candidat n'est donc proposé à ce jour.

⁵ See http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_ah3n2v/en/

⁵ Voir http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_ah3n2v/en/

Table 7 **Status of development of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus**
 Tableau 7 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Clade	Institution*	Available – Disponible
A/Hong Kong/1073/1999	Wild type – Type sauvage	G1	NIBSC	Yes
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (NIBRG-91)	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	NIBSC	Yes
A/chicken/Hong Kong/G9/1997 (IBCDC-2)	Conventional – Classique	Y280/G9	CDC	Yes
A/Hong Kong/33982/2009 (IDCDC-RG26)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes
A/Bangladesh/994/2011 (IDCDC-RG31)	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Yes
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation				
A/Hong Kong/308/2014-like	Reverse genetics – Génétique inverse	Y280/G9	SJCRH	Pending – En attente

* **Institutions distributing the candidate vaccine viruses:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), England; SJCRH, St Jude Children's Research Hospital, United States. – **Institutions distribuant les virus vaccins candidats:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis; NIBSC, National Institute for Biological Standards and Control, Angleterre; SJCRH, St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis.

(5) Influenza A(H3N2)v

Influenza A(H3N2)v viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on geographic location, the genetic and antigenic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine A(H3N2)v viruses have been documented in Asia, Europe and North America.⁶

Influenza A(H3N2)v activity from 24 September 2014 to 23 February 2015

One human case of A(H3N2)v infection was reported in the USA during this reporting period.⁷ The specimen was collected from a child in Wisconsin on 13 October 2014. Direct contact with swine prior to illness onset was reported. The virus was genetically similar to recently reported A(H3N2)v and swine A(H3N2)v viruses. The virus was genetically and antigenically related to the A(H3N2)v CVV derived from A/Minnesota/11/2010.

Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new A(H3N2)v CVVs are proposed. The available A(H3N2)v CVVs are listed in Table 8. National authorities may consider the use of one or more of these A(H3N2)v CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need. As the viruses continue to evolve, new A(H3N2)v CVVs may be developed. ■

5) Variants A(H3N2)v

Les virus de la grippe A(H3N2)v sont enzootiques dans les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Des infections humaines par des virus porcins A(H3N2)v ont été attestées en Amérique du Nord, en Asie et en Europe.⁶

Activité de la grippe A(H3N2)v du 24 septembre 2014 au 23 février 2015

Un cas humain d'infection par le virus A(H3N2)v a été signalé aux États-Unis d'Amérique pendant cette période.⁷ L'échantillon a été prélevé chez un enfant dans le Wisconsin le 13 octobre 2014. Un contact direct avec un porc avait eu lieu avant le début de la maladie. Le virus était génétiquement similaire aux virus A(H3N2)v et aux virus porcins A(H3N2)v récemment détectés. Le virus était apparenté du point de vue génétique et antigénique au virus vaccinal candidat A(H3N2)v dérivé de la souche A/Minnesota/11/2010.

Virus candidats à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H3N2)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques disponibles, aucun nouveau virus vaccinal candidat A(H3N2)v n'a été proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N2)v disponibles sont recensés dans le Tableau 8. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins pour la santé publique. Ces virus continuant d'évoluer, de nouveaux virus vaccinaux candidats A(H3N2)v pourraient être préparés. ■

Table 8 **Status of development of influenza A(H3N2)v candidate vaccine virus**
 Tableau 8 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H3N2)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Type	Institution*
A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC
A/Indiana/10/2011 (NYMC X-213)	Conventional reassortant – Réassorti classique	CDC

* **Institution distributing the candidate vaccine viruses:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, United States. – **Institution distribuant les virus vaccins candidats:** CDC, Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis.

⁶ Myers, KP. et al. Cases of Swine Influenza in Humans: A Review of the Literature, 2007, Clin Infect Dis.44:1084.

⁷ See <http://www.cdc.gov/flu/swineflu/h3n2v-cases.htm>

⁶ Myers, KP. et al. Cases of Swine Influenza in Humans: A Review of the Literature, 2007, Clin Infect Dis.44:1084.

⁷ Voir <http://www.cdc.gov/flu/swineflu/h3n2v-cases.htm>.