



Contents

- 301 Index of countries/areas
- 301 Index, Volume 97, 2022, Nos. 1–26
- 303 Genetic characterization of novel oral polio vaccine type 2 viruses during initial use phase under emergency use listing – worldwide, March–October 2021
- 310 Monthly report on dracunculiasis cases, January – May 2022

Sommaire

- 301 Index des pays/zones
- 301 Index, Volume 97, 2022, Nos. 1–26
- 303 Caractérisation génétique des virus issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 pendant la phase initiale d'utilisation d'urgence au titre du protocole EUL – dans le monde, mars-octobre 2021
- 310 Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-mai 2022

Index of countries/areas¹

Afghanistan, 9
Brazil, 141
China, 149
Malawi, 257
Tajikistan, 136

¹ This index relates only to articles concerning specific countries. Articles that contain general information are not indexed by country, but by subject (see above). Moreover, the notes on influenza are not included in this index but appear in the subject index.

Index des pays/zones¹

Afghanistan, 9
Brésil, 141
Chine, 149
Malawi, 257
Tadjikistan, 136

¹ Cet index ne couvre que les articles concernant des pays spécifiques. Les articles contenant des informations générales ne sont pas indexés par pays, mais par sujet (voir ci-dessus). En outre, les notes sur la grippe ne sont pas comprises dans cet index, mais se trouvent dans l'index des sujets.

Index, Volume 97, 2022, Nos. 1– 26

Subject index

Behavioural and social drivers: understanding the behavioural and social drivers of vaccine uptake WHO position paper – May 2022, 209

COVID-19: a WHO Foresight Initiative: Imagining the future of pandemics and epidemics in the next 5 years, 55; COVID-19 mortality and vaccine coverage in Hong Kong Special Administrative Region, China, 6 January–21 March 2022, 149; development of the WHO Eastern Mediterranean Region's travel measures platform during the COVID-19 pandemic: a novel regional approach and interface in implementing the International Health Regulations (2005) and exchanging information in real time, 25; epidemiology of COVID-19 among indigenous people living in the Amazon region of Brazil, 141; “the hospital of tomorrow”: a participative, holistic method to innovate health-care facilities during the COVID-19 pandemic, 2020–2021, 41

Dracunculiasis: dracunculiasis eradication: global surveillance summary, 2021, 225; monthly report on dracunculiasis cases, January–December 2021, 47; monthly report on dracunculiasis cases, January 2022, 78; monthly report on dracunculiasis cases, January – May 2022, 310

Guinea worm *see* Dracunculiasis

Index, Volume 97, 2022, Nos 1-26

Index des sujets

Apprentissage en ligne: effet multiplicateur d'apprentissage de OpenWHO. org; utilisation de matériels d'apprentissage en ligne au-delà de la plateforme, 1

COVID-19 *voir* Maladie à coronavirus 2019

Cécité des rivières *voir* Onchocercose

Dracunculose: éradication de la dracunculose – bilan de la surveillance mondiale, 2020, 225; rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-décembre 2021, 47; rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier 2022, 78; rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-mai 2022, 310

Facteurs comportementaux et sociaux: comprendre les facteurs comportementaux et sociaux de l'adoption des vaccins Note de synthèse de l'OMS – mai 2022, 209

Grippe: caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux A zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie, 120; composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison grippale 2022-2023 dans l'hémisphère Nord, 109; dixième réunion du groupe de travail d'experts de l'OMS sur la surveillance de la sensibilité aux antiviraux dans le cadre du Système mondial de surveillance de la grippe et de riposte, 133

Maladie à coronavirus 2019: épidémiologie de la COVID-19 chez les peuples autochtones vivant

Infectious hazards: a WHO Foresight Initiative: Imagining the future of pandemics and epidemics in the next 5 years, 55

Influenza: antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness, 120; recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2022–2023 northern hemisphere influenza season, 109; 10th Meeting of the WHO Expert Working Group of the Global Influenza Surveillance and Response System for Surveillance of Antiviral Susceptibility, 133

Malaria: malaria vaccine: WHO position paper – March 2022, 61

Online training: learning multiplier effect of Open-WHO.org: use of online learning materials beyond the platform, 1

Poliomyelitis: genetic characterization of novel oral polio vaccine type 2 viruses during initial use phase under emergency use listing – worldwide, March–October 2021, 303; performance of acute flaccid paralysis (AFP) surveillance and incidence of poliomyelitis, 2021, 28; polio vaccines: WHO position paper – June 2022, 277; progress towards poliomyelitis eradication – Afghanistan, January 2020–November 2021, 9; progress towards polio eradication – worldwide, January 2020–April 2022, 249; notes from the Field: Readiness for use of type 2 novel oral poliovirus vaccine in response to a type 2 circulating vaccine-derived poliovirus outbreak – Tajikistan, 2020–2021, 136; notes from the field: Initial outbreak response immunization following wild poliovirus type 1 detection – Malawi, February 2022, 257; surveillance to track progress towards polio eradication – worldwide, 2020–2021, 157

Rubella: progress in control and elimination of rubella and congenital rubella syndrome worldwide, 2012–2020, 33

Taenia solium: WHO *Taenia solium* endemicity map – 2022 update, 169

Tetanus: progress towards achieving and sustaining maternal and neonatal tetanus elimination – worldwide, 2000–2020, 97

Trypanosomiasis: elimination of human African trypanosomiasis as public health problem, 247

Vaccines and immunization: Global Advisory Committee on Vaccine Safety, 17 September 2021, 17; Global Advisory Committee on Vaccine Safety, 10 August 2021, 81; Global Advisory Committee on Vaccine Safety, 15 December 2021, 88; malaria vaccine: WHO position paper – March 2022, 61; meeting of the Immunization and Vaccine-related Implementation Research Advisory Committee (IVIR-AC), March 2022, 173; meeting of the Strategic Advisory Group of Experts on Immunization, April 2022: conclusions and recommendations, 261; polio vaccines: WHO position paper – June 2022, 277

Variola: summary report of the twenty-third meeting of the WHO Advisory Committee on Variola Virus Research, 49

dans la région amazonienne du Brésil, 141; «l'hôpital de demain»: une méthode participative et holistique pour favoriser l'innovation dans les établissements de santé pendant la pandémie de COVID-19, 2020–2021, 41; mortalité liée à la COVID-19 et couverture vaccinale contre la COVID-19 dans la région administrative spéciale de Hong Kong (Chine), 6 janvier – 21 mars 2022, 149; une initiative de prospective de l'OMS: imaginer l'avenir des pandémies et des épidémies dans les 5 prochaines années, 55

Paludisme: note de synthèse: position de l'OMS à propos du vaccin antipaludique – mars 2022, 61

Poliomyélite: caractérisation génétique des virus issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 pendant la phase initiale d'utilisation d'urgence au titre du protocole EUL – dans le monde, mars–octobre 2021, 303; fonctionnement de la surveillance de la paralysie flasque aiguë (PFA) et incidence de la poliomyélite, 2021, 28; progrès accomplis vers l'éradication de la poliomyélite – Afghanistan, janvier 2020–novembre 2021, 9; progrès accomplis en vue de l'éradication de la poliomyélite à l'échelle mondiale, janvier 2020–avril 2022, 249; notes du terrain: Préparation à l'utilisation du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 en réponse à une flambée épidémique de poliovirus circulants dérivés d'une souche vaccinale de type 2 – Tadjikistan, 2020–2021, 136; notes du terrain: Vaccination initiale de riposte après la détection d'un cas de poliovirus sauvage de type 1 au Malawi, février 2022, 257; surveillance de la poliomyélite: suivi des progrès accomplis vers l'éradication de la maladie à l'échelle mondiale, 2020–2021, 157; vaccins antipoliomyéliciques: note de synthèse de l'OMS – juin 2022, 277

Risques infectieux: une initiative de prospective de l'OMS: imaginer l'avenir des pandémies et des épidémies dans les 5 prochaines années, 55

Rubéole: progrès réalisés pour combattre et éliminer la rubéole et le syndrome de rubéole congénitale dans le monde, 2012–2020, 33

Taenia solium: carte OMS d'endémicité de *Taenia solium* – Mise à jour 2022, 169

Tétanos: progrès accomplis en vue de parvenir à l'élimination du tétanos maternel et néonatal dans le monde et de la maintenir, 2000–2020, 97

Trypanosomiase: élimination de la trypanosomiase humaine africaine comme problème de santé publique, 247

Vaccins et vaccinations: comité consultatif mondial pour la sécurité des vaccins, 17 septembre 2021, 17; comité consultatif mondial pour la sécurité des vaccins, 10 août 2021, 81; comité consultatif mondial pour la sécurité des vaccins, 15 décembre 2021, 88; note de synthèse: position de l'OMS à propos du vaccin antipaludique – mars 2022, 61; réunion du Comité consultatif sur la vaccination et la recherche sur la mise en œuvre des vaccins (IVIR-AC), mars 2022, 173; réunion du Groupe stratégique consultatif d'experts sur la vaccination, avril 2022: conclusions et recommandations, 261; vaccins antipoliomyéliciques: note de synthèse de l'OMS – juin 2022, 277

Variole: vingt-troisième réunion du Comité consultatif OMS de la recherche sur le virus variolique: rapport de synthèse, 49

Ver de Guinée voir Dracunculose

Voyages internationaux: développement de la plateforme de la Région de la Méditerranée orientale de l'OMS dédiée aux mesures relatives aux voyages pendant la pandémie de COVID-19: une approche et une interface régionales inédites pour la mise en œuvre du Règlement sanitaire international (2005) et l'échange d'informations en temps réel, 25

Genetic characterization of novel oral polio vaccine type 2 viruses during initial use phase under emergency use listing – worldwide, March–October 2021

Javier Martin,^a Cara C. Burns,^b Jaume Jorba,^b Lester M. Shulman,^c Andrew Macadam,^a Dimitra Klapsa,^a Manasi Majumdar,^a James Bullows,^d Ann Frolov,^d Ryan Mate,^a Erika Bujaki,^a Christina J. Castro,^e Kelley Bullard,^e John Konz,^f Kaija Hawes,^g Jillian Gauld,^h Isobel M. Blake,ⁱ Laina D. Mercer,^g Feyrouz Kurji,^j Arie Voorman,^h Ousmane M. Diop,^k Steven Oberste,^b John Modlin,^l Grace Macklin,^k Martin Eisenhawer,^k Ananda S. Bandyopadhyay^g and Simona Zipursky^k

The emergence and international spread of neurovirulent circulating vaccine-derived polioviruses (cVDPVs) throughout many countries in Africa and Asia in recent years pose a major challenge to the goal of eradicating all forms of poliovirus. Approximately 90% of all cVDPV outbreaks are caused by the type 2 strain of the Sabin vaccine, an oral live, attenuated vaccine; cVDPV outbreaks typically occur in areas of persistently low immunization coverage.¹ A novel type 2 oral poliovirus vaccine (nOPV2), produced by genetic modification of the type 2 Sabin vaccine virus genome,² was developed and evaluated in phase I and phase II clinical trials during 2017–2019 and was demonstrated to be safe and well-tolerated, have noninferior immunogenicity, have better genetic stability than Sabin monovalent type 2 (as measured by preservation of the primary attenuation site [domain V in the 5' noncoding region] and show significantly less neurovirulence of faecally shed vaccine virus in transgenic mice).^{3, 4, 5} These findings indicate that nOPV2 could be important for reducing the risks of generating VDPVs and of vaccine-associated paralytic poliomyelitis. In view of the favourable preclinical and clinical data and the public health emergency of international concern represented by ongoing endemic wild poliovirus transmission and cVDPV type 2 outbreaks, WHO authorized nOPV2 for use under the emergency use listing (EUL) pathway in November 2020, permitting its first use for outbreak response in March 2021.⁶ As required in the EUL obligations, an extensive plan was developed and followed for obtaining and monitoring nOPV2 isolates detected during acute flaccid paralysis (AFP) surveillance, environmental surveillance, adverse events after immunization surveillance and targeted surveillance for adverse events of special interest (i.e., prespecified events that could be causally associated with the vaccine product),

Caractérisation génétique des virus issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 pendant la phase initiale d'utilisation d'urgence au titre du protocole EUL – dans le monde, mars–octobre 2021

Javier Martin,^a Cara C. Burns,^b Jaume Jorba,^b Lester M. Shulman,^c Andrew Macadam,^a Dimitra Klapsa,^a Manasi Majumdar,^a James Bullows,^d Ann Frolov,^d Ryan Mate,^a Erika Bujaki,^a Christina J. Castro,^e Kelley Bullard,^e John Konz,^f Kaija Hawes,^g Jillian Gauld,^h Isobel M. Blake,ⁱ Laina D. Mercer,^g Feyrouz Kurji,^j Arie Voorman,^h Ousmane M. Diop,^k Steven Oberste,^b John Modlin,^l Grace Macklin,^k Martin Eisenhawer,^k Ananda S. Bandyopadhyay^g et Simona Zipursky^k

L'émergence et la propagation internationale de poliovirus circulants dérivés d'une souche vaccinale (PVDVc) neurovirulents dans de nombreux pays d'Afrique et d'Asie au cours des dernières années constituent un défi majeur pour l'objectif d'éradication de toutes les formes de poliovirus. Environ 90% des épidémies de PVDVc sont causées par la souche de type 2 du vaccin Sabin, un vaccin vivant atténué oral; ces épidémies se produisent généralement dans des zones où la couverture vaccinale est constamment faible.¹ Un nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 (nVPO2), produit par modification génétique du virus contenu dans le vaccin Sabin de type 2,² a été mis au point et évalué dans le cadre d'essais cliniques de phase I et II entre 2017 et 2019. Il a été démontré que le nVPO2 était sans danger et bien toléré, qu'il présentait une immunogénicité non inférieure et une stabilité génétique supérieure à celles du vaccin Sabin monovalent de type 2 (cette dernière étant mesurée par la préservation du site d'atténuation primaire [domaine V situé dans la région non codante 5'] et que la neurovirulence du virus vaccinal excrété dans les selles chez des souris transgéniques était significativement plus faible).^{3, 4, 5} Ces résultats indiquent que le nVPO2 pourrait être un outil précieux pour réduire le risque de générer des PVDV et des cas de poliomyélite paralytique postvaccinale. Au vu des données précliniques et cliniques favorables et de l'urgence de santé publique de portée internationale que constituent la transmission endémique continue de poliovirus sauvages et les épidémies de PVDVc de type 2, l'OMS a autorisé l'utilisation d'urgence du nVPO2 au titre du protocole EUL en novembre 2020; il a été utilisé pour la première fois en mars 2021 pour répondre à une épidémie.⁶ Comme l'exige le protocole EUL, entre autres obligations, un vaste plan a été élaboré et suivi pour obtenir et surveiller les isolats issus du nVPO2 détectés dans le cadre de la surveillance de la paralysie flasque aiguë (PFA), de l'environnement, des manifestations postvaccinales indésirables et de la surveillance ciblée des événements indésirables d'intérêt particulier (événements prédéfinis susceptibles d'être associés de

¹ See No. 49, 2021, pp. 601–11.

² Yeh MT et al. Engineering the live-attenuated polio vaccine to prevent reversion to virulence. *Cell Host Microbe* 2020;27:736–51.e8. PMID:32330425.

³ Wahid R et al. Assessment of genetic changes and neurovirulence of shed Sabin and novel type 2 oral polio vaccine viruses. *NPJ Vaccines* 2021;6:94.

⁴ De Coster I et al. Safety and immunogenicity of two novel type 2 oral poliovirus vaccine candidates compared with a monovalent type 2 oral poliovirus vaccine in healthy adults: two clinical trials. *Lancet* 2021;397:39–50.

⁵ Wahid R et al. Evaluating stability of attenuated Sabin and two novel type 2 oral poliovirus vaccines in children. *NPJ Vaccines* 2022;7:19. PMID:35149714.

⁶ Macklin G et al. Enabling accelerated vaccine roll-out for public health emergencies of international concern (PHEICs): novel oral polio vaccine type 2 (nOPV2) experience. *Vaccine* 2022;S0264-410X(22)00195-5. PMID:35307230.

¹ Voir N° 49, 2021, pp. 601–611.

² Yeh MT, et al. Engineering the live-attenuated polio vaccine to prevent reversion to virulence. *Cell Host Microbe* 2020;27:736–751.e8. PMID:32330425.

³ Wahid R, et al. Assessment of genetic changes and neurovirulence of shed Sabin and novel type 2 oral polio vaccine viruses. *NPJ Vaccines* 2021;6:94.

⁴ De Coster I, et al. Safety and immunogenicity of two novel type 2 oral poliovirus vaccine candidates compared with a monovalent type 2 oral poliovirus vaccine in healthy adults: two clinical trials. *The Lancet* 2021;397:39–50.

⁵ Wahid R, et al. Evaluating stability of attenuated Sabin and two novel type 2 oral poliovirus vaccines in children. *NPJ Vaccines* 2022;7:19. PMID:35149714.

⁶ Macklin G, et al. Enabling accelerated vaccine roll-out for public health emergencies of international concern (PHEICs): novel oral polio vaccine type 2 (nOPV2) experience. *Vaccine* 2022;S0264-410X(22)00195-5. PMID:35307230.

during outbreak response and in planned field studies. In this monitoring framework, data generated from whole-genome sequencing of nOPV2 isolates and other virological data on isolates from AFP and environmental surveillance systems are reviewed by the genetic characterization subgroup of an nOPV working group of the Global Polio Eradication Initiative. Global nOPV2 genomic surveillance during March–October 2021 confirmed the genetic stability of the primary attenuating site. Sequence data generated in this unprecedented global work confirm the genetic stability of nOPV2 relative to Sabin 2 and suggest that nOPV2 will be important in the eradication of poliomyelitis. nOPV2 surveillance should continue for the duration of the EUL.

Approximately 111 million doses of nOPV2 were administered worldwide during the initial use phase (March–October 2021). During this period, 128 nOPV2 isolates were detected from stool specimens collected as part of routine AFP surveillance in 6 countries, and 123 nOPV2 isolates corresponding to 39 distinct environmental surveillance samples were detected in 7 countries. Whole-genome sequences were generated for these 251 nOPV2 cell-culture isolates.⁷ The intervals between nOPV2 supplementary immunization activity (SIA) and sample collection ranged from 0 to 81 days for AFP samples (mean = 12.5 days; median = 7 days) and from 4 to 67 days for environmental surveillance samples (mean = 22.8; median = 16). The sequence of each nOPV2 isolate was compared with that of the nOPV2 vaccine strain (GenBank ID MZ245455), and isolates were classified into 1 of 9 categories according to their risk profile and loss of key attenuating nOPV2 mutations (*Figure 1*). Among the 251 isolates, 32 (13%) were classified in category 9 (no change from nOPV2), and 213 (85%) were classified in category 8, showing no reverting mutations in domain V, no recombination and 0–5 VP1 substitutions. In addition, 6 isolates were shown to be recombinant between nOPV2 and Sabin 1 or unidentified species C enteroviruses, with crossover points located in the P3 genomic region (classified as category 6). None of the isolates had changes in the primary attenuation site (domain V) that would be predicted to increase neurovirulence (i.e., no change that strengthened the stability of the secondary structure of the RNA base-pairing [stem]). The most frequent mutations were noted at nucleotide positions that have been shown or inferred to slightly decrease attenuation when present individually.⁸ Individual genomes contained 0–5 of these mutations in different combinations (*Table 1*). In some cases, second-site mutations that compensated for the effect of such mutations were observed. The number of mutations increased with time

manière causale au vaccin), lors de la réponse aux épidémies, et par le biais d'études de terrain planifiées. Ce cadre de surveillance prévoit que les données générées par le séquençage du génome entier des isolats issus du nVPO2 et d'autres données virologiques sur les isolats provenant des systèmes de surveillance de la PFA et de l'environnement soient examinées par le sous-groupe chargé de la caractérisation génétique au sein du groupe de travail sur les nVPO de l'Initiative mondiale pour l'éradication de la poliomyélite. La surveillance génomique des poliovirus issus du nVPO2 dans le monde entre mars et octobre 2021 a confirmé la stabilité génétique du site d'atténuation primaire. Les données de séquence générées grâce à cet effort mondial sans précédent confirment la stabilité génétique du poliovirus contenu dans le nVPO2 par rapport au vaccin Sabin de type 2 et laissent à penser que le nVPO2 sera un outil précieux pour l'éradication de la poliomyélite. La surveillance des poliovirus issus du nVPO2 doit se poursuivre pendant toute la durée de son utilisation d'urgence au titre du protocole EUL.

Environ 111 millions de doses de nVPO2 ont été administrées dans le monde au cours de la phase initiale d'utilisation (mars–octobre 2021). Au cours de cette période, 128 isolats issus du nVPO2 ont été détectés dans des échantillons de selles prélevés dans le cadre de la surveillance systématique de la PFA dans 6 pays, et 123 isolats issus du nVPO2 dans 39 échantillons distincts provenant de la surveillance environnementale dans 7 pays. Les séquences du génome entier ont été générées pour ces 251 isolats en culture cellulaire.⁷ Dans le cadre des activités de vaccination supplémentaire (AVS) avec le nVPO2, le prélèvement des échantillons a été effectué entre zéro et 81 jours pour les échantillons issues de la surveillance de la PFA (moyenne = 12,5 jours; médiane = 7 jours) et entre 4 et 67 jours pour les échantillons provenant de la surveillance environnementale (moyenne = 22,8 jours; médiane = 16 jours). Chaque séquence d'isolat issu du nVPO2 a été comparée à celle de la souche vaccinale du nVPO2 (GenBank ID MZ245455), et les isolats ont été classés dans l'une des 9 catégories, en fonction de leur profil de risque et de la perte des principales mutations atténuantes du nVPO2 (*Figure 1*). Parmi les 251 isolats, 32 (13%) ont été classés dans la catégorie 9 (aucun changement par rapport au nVPO2) et 213 (85%) ont été classés dans la catégorie 8 (aucune mutation inverse dans le domaine V, aucune recombinaison et 0 à 5 substitutions au niveau de la protéine de capsid VP1. Enfin, 6 isolats résultaient d'une recombinaison entre le poliovirus du nVPO2 et celui du vaccin Sabin 1 ou des entérovirus non identifiés de l'espèce C, dont les sites de recombinaison se situaient dans la région génomique P3, et ont été classés dans la catégorie 6. Aucun des isolats ne présentait de modifications au niveau du site d'atténuation primaire (domaine V) susceptibles d'augmenter la neurovirulence (c'est-à-dire aucune modification qui renforce la stabilité de la structure secondaire résultant de l'appariement de bases dans l'ARN [tige]). Les mutations les plus fréquentes ont été observées à des positions nucléotidiques dont on a démontré ou déduit qu'elles diminuaient légèrement l'atténuation lorsqu'elles étaient présentes individuellement.⁸ Chaque génome présentait entre 0 et 5 de ces mutations dans différentes combinaisons

⁷ Sequences deposited in GenBank.

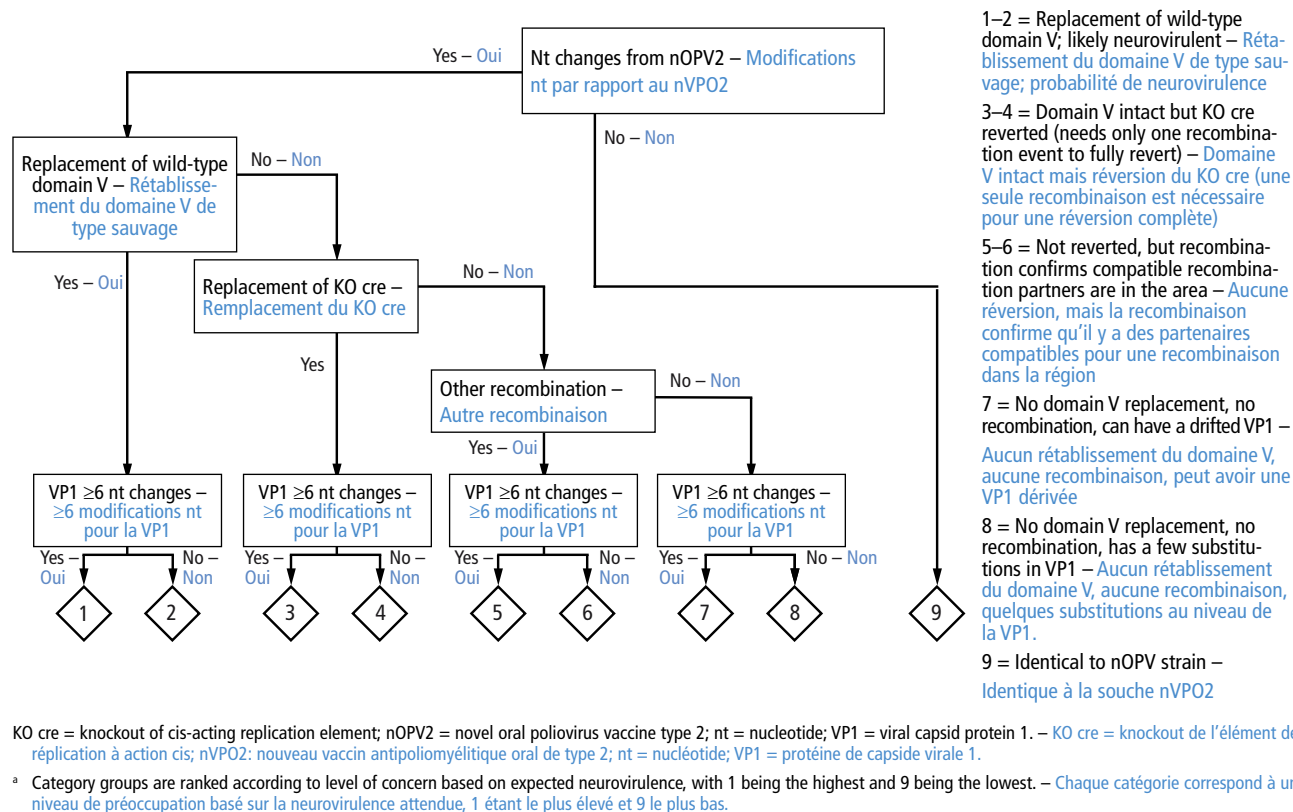
⁸ Supplementary figure available at <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/118054>

⁷ Séquences déposées dans GenBank.

⁸ Une figure supplémentaire est disponible à l'adresse: <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/118054>

Figure 1 **Classification of novel oral poliovirus vaccine isolates into 9 categories^a based on genome sequence composition — world-wide, March–October 2021**

Figure 1 **Classification des isolats issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral en 9 catégories^a en fonction de la composition de la séquence génomique — dans le monde, mars-octobre 2021**



after corresponding SIA campaigns^{9, 10, 11} (Figure 2). A higher frequency of mutations that reduce attenuation was observed in nOPV2 isolates from environmental surveillance samples than from AFP isolates. None of the excreted viruses has been tested for neurovirulence in the polio transgenic mouse model, but most are similar to viruses evaluated during faecal shedding in clinical trials, which showed no evidence for reversion at the primary attenuation site.³ In addition, molecular clones constructed to contain increasing numbers of the observed variants have thus far failed to show neurovirulence similar to or higher than that of Sabin 2 with the A481G reversion alone in transgenic mice, which is observed almost universally within 14 days of replication in Sabin OPV2 recipients^{3, 5, 12} (Andrew Macadam et al., National Institute for Biological Standards and Control, personal communication, April 2022).

(Tableau 1). Dans certains cas, des mutations situées sur un deuxième site compensaient l’effet de ces mutations. Le nombre de mutations augmentait avec le délai écoulé après les campagnes d’AVS correspondantes^{9, 10, 11} (Figure 2). La fréquence des mutations réduisant l’atténuation était plus élevée dans les isolats issus du nVPO2 provenant des échantillons de la surveillance environnementale que dans ceux provenant de la surveillance de la PFA. Aucun de ces virus excrétés n’a été soumis à un test de neurovirulence à l’aide d’un modèle murin transgénique de poliomyélite, mais la plupart sont similaires aux virus testés lors de l’excrétion fécale dans les essais cliniques, qui n’ont montré aucun signe de réversion au niveau du site d’atténuation primaire.³ En outre, les clones moléculaires construits pour contenir un nombre croissant de variants observés n’ont jusqu’à présent pas montré de neurovirulence similaire ou supérieure à celle du poliovirus issu du vaccin Sabin de type 2 présentant la réversion A481G seule chez les souris transgéniques, que l’on observe presque universellement dans les 14 jours suivant la réplication chez les receveurs du VPO2 Sabin^{3, 5, 12} (Andrew Macadam, et al., National Institute for Biological Standards and Control, communication personnelle, avril 2022).

⁹ Polio laboratory manual. 4th ed. Geneva: World Health Organization; 2004 (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/68762>, accessed June 2022).

¹⁰ Majumdar M et al. Isolation of vaccine-like poliovirus strains in sewage samples from the United Kingdom. *J Infect Dis* 2018;217:1222–30.

¹¹ Montmayer AM et al. High-throughput next-generation sequencing of polioviruses. *J Clin Microbiol* 2017;55:606–15.

¹² Konz JO et al. Evaluation and validation of next-generation sequencing to support lot release for a novel type 2 oral poliovirus vaccine. *Vaccine X* 2021;8:100102 (<https://doi.org/10.1016/j.jvax.2021.100102>, accessed June 2022).

⁹ Polio laboratory manual. 4th ed. Genève, Organisation mondiale de la Santé, 2004. (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/68762>, consulté le juin 2022).

¹⁰ Majumdar M, et al. Isolation of vaccine-like poliovirus strains in sewage samples from the United Kingdom. *J Infect Dis* 2018;217:1222–30.

¹¹ Montmayer AM, et al. High-throughput next-generation sequencing of polioviruses. *J Clin Microbiol* 2017;55:606–15.

¹² Konz JO, et al. Evaluation and validation of next-generation sequencing to support lot release for a novel type 2 oral poliovirus vaccine. *Vaccine X* 2021;8:100102 (<https://doi.org/10.1016/j.jvax.2021.100102>, consulté en juin 2022).

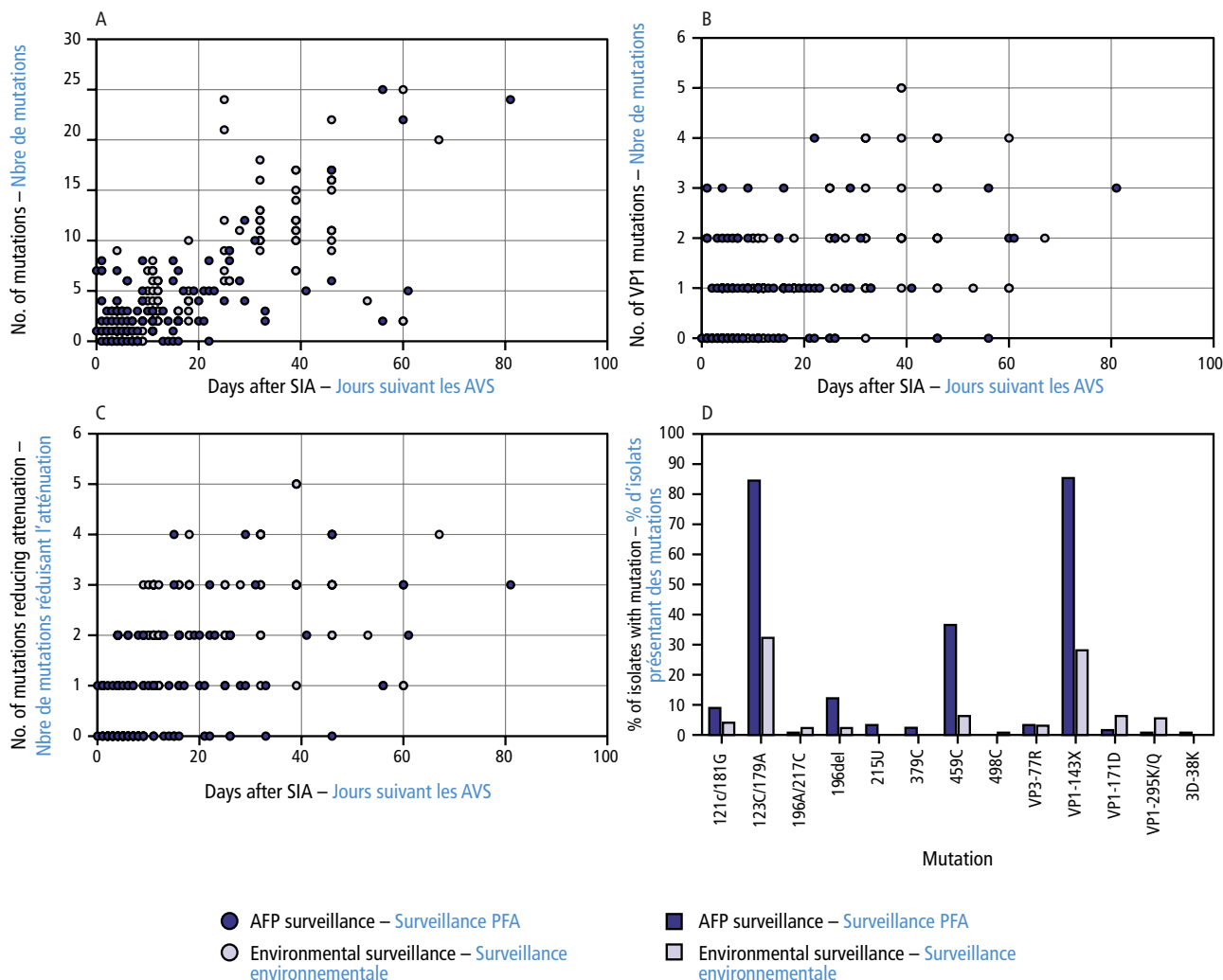
Table 1 **Number of novel oral polio virus vaccine type 2 isolates with different combinations of mutations affecting attenuation of the virus – worldwide, March–October 2021**Tableau 1 **Nombre d'isolats issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 présentant différentes combinaisons de mutations modifiant l'atténuation du virus – dans le monde, mars-octobre 2021**

No. of mutations – Nbre de mutations	No. of isolates – Nbre d'isolats	C121U	U123C	G179A	A181G	196A	196del	A215U	U217C	U379C	U459C	U498C	A2969G VP1-I143V	U2970X and N – U2970X VP1-I143T,S et N	A3053G VP1-N171D	G6159A 3D-R38K	
1	2	C121U	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	
	14	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	
	6	–	–	G179A	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	
	2	–	–	–	–	–	196del	–	–	–	–	–	–	–	–	–	
	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	–	–	
	23	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
5 ^a	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	A3053G	–		
2	8	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	–	–	A2969G	–	–	–	
	42 ^b	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	–	–	
	2 ^c	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	A3053G	–	
	1	–	–	G179A	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	–	–	
	8	–	–	G179A	–	–	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	2	–	–	–	–	–	196del	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–		
3	2	–	U123C	–	A181G	–	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	U123C	–	–	196A	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	6	–	U123C	–	–	–	196del	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	U123C	–	–	–	–	–	U217C	–	U459C	–	–	–	–	–	
	2	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	A2969G	–	–	–	
	18	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	U123C	–	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	A3053G	–	
	1	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	–	–	
	2	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	–	–	A2969G	–	–	–	
	2	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	–	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	–	–	–	–	A3053G	–	
	5	–	–	G179A	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
1	–	–	G179A	–	–	–	–	–	–	U459C	–	–	–	A3053G	–		
2	–	–	–	–	–	196del	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–		
4	5	–	U123C	–	–	–	196del	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	U123C	–	–	–	–	–	U217C	–	U459C	U498C	–	–	–	–	
	3	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	U459C	–	A2969G	–	–	–	
	3	–	–	G179A	A181G	–	–	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	–	G179A	–	–	196del	–	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
	1	–	–	G179A	–	–	–	–	U217C	–	U459C	–	–	U2970X	–	–	
5	1 ^d	–	U123C	–	–	–	–	A215U	–	–	U459C	–	–	U2970X	–	G6159A	
	3	–	U123C	–	–	–	–	A215U	–	U379C	U459C	–	–	U2970X	–	–	
Total no. of isolates with this mutation – Nbre total d'isolats porteurs de cette mutation		–	2	108	35	14	1	18	4	3	3	53	1	15	126	10	1

^a These isolates also contained mutation G3425A (VP1-E295K), which counteracts the effect of VP1-N171D. – Ces isolats contenaient également la mutation G3425A (VP1-E295K), qui contrecarre l'effet de VP1-N171D.^b One of these isolates also contained mutation C550U, likely increasing attenuation slightly. – L'un de ces isolats contenait également la mutation C550U, qui augmente probablement légèrement l'atténuation.^c One isolate also contained mutation G3425A (VP1-E295Q), which counteracts the effect of VP1-N171D and mutation C392U, likely increasing attenuation slightly. The second isolate also contained mutation A129G, likely increasing attenuation slightly. – Un isolat contenait également la mutation G3425A (VP1-E295Q), qui contrecarre l'effet de VP1-N171D, et la mutation C392U, qui augmente probablement légèrement l'atténuation. Le deuxième isolat contenait également la mutation A129G, qui augmente probablement légèrement l'atténuation.^d This isolate also contains mutation G139A, likely increasing attenuation slightly. – Cet isolat contient également la mutation G139A, qui augmente probablement légèrement l'atténuation.

Figure 2 **Numbers of total mutations (A), viral protein 1 mutations (B), and mutations reducing attenuation (C) and percentage of novel type 2 oral poliovirus vaccine isolates with mutations (D)^a found in consensus sequences^b through acute flaccid paralysis surveillance and environmental surveillance, after supplementary immunization activities – worldwide, March–October 2021**

Figure 2 **Nombre de mutations totales (A), de mutations de la protéine virale 1 (B) et de mutations réduisant l'atténuation (C) et pourcentage d'isolats issus du nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2 présentant des mutations (D)^a trouvés dans les séquences consensuelles^b dans le cadre de la surveillance de la paralysie flasque aiguë et de l'environnement, après des activités de vaccination supplémentaire – dans le monde, mars-octobre 2021**



AFP = acute flaccid paralysis; nOPV2 = novel type 2 oral poliovirus vaccine; SIA = supplementary immunization activity; VP1 = viral protein 1. – PFA = paralysie flasque aiguë ; nVPO2 = nouveau vaccin antipoliomyélique oral de type 2; AVS = activités de vaccination supplémentaire; VP1 = protéine de capside virale 1.

^a Mutations that have been shown/inferred to decrease attenuation (121C/181G, 123C/179A, 196A/217C, 196del, 215U, 379C, 459C, 498C, VP1-143X, and VP1-171D), antigenic mutations VP3-77R and VP1-295K/Q, and reversion mutation 3D-38K. – Mutations dont on a montré/déduit qu'elles diminuaient l'atténuation (121C/181G, 123C/179A, 196A/217C, 196del, 215U, 379C, 459C, 498C, VP1-143X et VP1-171D), mutations antigéniques VP3-77R et VP1-295K/Q, et mutation de réversion 3D-38K.

^b Whole-genome sequencing from viral RNA extracted from culture-amplified virus directly from culture or from Flinders Technology Associates cards spotted with culture supernatant was performed using next generation sequencing methods using a combination of random and poliovirus-specific primers to ensure whole-genome coverage (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/68762>). – Le séquençage du génome entier à partir de l'ARN viral extrait du virus amplifié en culture, directement à partir de la culture ou à partir de cartes Flinders Technology Associates sur lesquelles a été déposé du surnageant de culture, a été effectué à l'aide de méthodes de séquençage de nouvelle génération utilisant une combinaison d'amorces aléatoires et spécifiques au poliovirus pour assurer une couverture du génome entier (<https://apps.who.int/iris/handle/10665/68762>).

In addition to nOPV2 isolates, whole-genome sequences of 331 cVDPV2 isolates from outbreaks in countries geographically associated with nOPV2 use were determined. None was found to contain any of the 3 nOPV2-specific nucleotides in the capsid-coding region at position 814, 817 or 1375, suggesting that none of the cVDPV2 isolates sequenced represented an nOPV2-derived recombinant virus.

On a également déterminé les séquences génomiques complètes de 331 isolats de PVDVc2 obtenus lors d'épidémies survenues dans des pays géographiquement associés à l'utilisation du nVPO2. Aucun ne contenait l'un des 3 nucléotides spécifiques du nVPO2 dans la région codant pour la capside aux positions 814, 817 or 1375, ce qui suggère qu'aucun des isolats de PVDVc2 séquencés ne représentait un virus recombinant dérivé du nVPO2.

Discussion

The most consequential risks known to be associated with use of live attenuated Sabin OPVs include the emergence of VDPVs resulting from reversion to neurovirulence, circulation of the vaccine strain in certain population settings and rare cases of vaccine-associated paralytic poliomyelitis in vaccine recipients or their close contacts. Since 2016, after cessation of routine use of type 2-containing OPV, the risk for seeding cVDPV2 emergence and spread with use of monovalent Sabin OPV2 in response to cVDPV2 outbreaks in areas of low background immunity has been a concern.¹ Although nOPV2 is not expected to eliminate those risks from a biological perspective, a primary goal of nOPV2 development and deployment was to substantially reduce the risks. Data from preclinical, phase I and phase II studies with nOPV2 demonstrated that the primary attenuating site was more genetically stable than Sabin OPV2.³ ⁴ However, given the complexity of the evolution of live viruses, the interplay with host and environmental factors and the rarity of some of the outcome indicators of genetic and phenotypic stability, large-scale use of nOPV2 in immunization campaigns and corresponding monitoring of genetic stability of isolates from the field presented unique opportunities to further increase understanding of the vaccine's behaviour and its potential public health impact.

Monitoring the genetic characteristics of nOPV2 isolates included identifying nOPV2-specific modifications in the genome and changes that are known to reduce genetic stability and increase neurovirulence. In 251 isolates analysed during the period considered for this report, no reversions were detected at the primary attenuation site of nOPV2; this is in striking contrast to Sabin OPV2, which reverts at this site in nearly all vaccinees within a few days of vaccine administration. Mutations of base pairing in RNA secondary structures in the 5' nontranslated region were observed as well as capsid mutations that affect antigenicity and attenuation. Nevertheless, few, if any, of the mutation combinations identified in nOPV2 isolates would result in neurovirulence similar to that of Sabin 2 with the A481G reversion alone. Some nOPV2 viruses excreted during the initial use phase (March–October 2021) showed more extensive variation than that of viruses observed during clinical trials, as expected from the large number of nOPV2 isolates analysed, although similar polymorphisms at all relevant sites (including sites at both the 5' nontranslated and capsid regions) were observed in the clinical trials. The higher frequency of mutations that reduce attenuation observed in nOPV2 isolates from environmental surveillance samples was probably due, at least partly, to the longer average intervals between SIAs and collection of these samples than the intervals between SIAs and collection of samples from AFP surveillance. Six nOPV2 isolates were found to be recombinants of nOPV2 and Sabin 1 or a species C enterovirus, resulting in loss of nOPV2 3D polymerase mutations. Such recombination events might increase the probability of further recombination but are not

Discussion

Les risques les plus importants connus pour être associés à l'utilisation des VPO Sabin vivants atténués comprennent l'émergence de PVDV résultant d'un retour à la neurovirulence, la circulation de la souche vaccinale dans certaines populations et les rares cas de poliomyélite paralytique postvaccinale parmi les personnes vaccinées ou leurs contacts proches. Depuis l'arrêt de l'utilisation systématique du VPO contenant le poliovirus de type 2 en 2016, le risque de voir émerger et se propager des PVDVc2 résultant de l'utilisation du VPO2 Sabin monovalent en réponse à des épidémies de PVDVc2 dans des zones où l'immunité générale est faible demeure une préoccupation.¹ Bien que l'on ne s'attende pas à ce que le nVPO2 élimine ces risques d'un point de vue biologique, l'un des principaux objectifs de la mise au point et du déploiement du nVPO2 était de réduire substantiellement ces risques. Les données issues des études précliniques, de phase I et de phase II visant à évaluer le nVPO2 ont mis en évidence la stabilité génétique supérieure du site d'atténuation primaire par rapport au VPO2 Sabin.^{3, 4} Toutefois, compte tenu de la complexité de l'évolution des virus vivants, de l'interaction avec des facteurs propres à l'hôte et à l'environnement et de la rareté de certains des indicateurs de la stabilité génétique et phénotypique, l'utilisation à grande échelle du nVPO2 dans les campagnes de vaccination et la surveillance de la stabilité génétique des isolats obtenus sur le terrain dans le cadre de ces campagnes ont constitué des occasions uniques pour mieux comprendre le comportement du vaccin et son impact potentiel sur la santé publique.

La surveillance des caractéristiques génétiques des isolats issus du nVPO2 consistait à identifier les modifications génomiques spécifiques du nVPO2 et à rechercher les changements dont on sait qu'ils réduisent la stabilité génétique et augmentent la neurovirulence. Sur les 251 isolats analysés au cours de la période prise en compte dans le cadre du présent rapport, aucune réversion n'a été détectée au niveau du site d'atténuation primaire du poliovirus issu du nVPO2; cela contraste de manière frappante avec le VPO2 Sabin, qui entraîne une réversion au niveau de ce site chez presque toutes les personnes vaccinées quelques jours après l'administration du vaccin. On a observé des mutations modifiant l'appariement des bases à l'origine de la structure secondaire de l'ARN au niveau de la région non traduite 5', ainsi que des mutations modifiant la capside qui ont eu un effet sur l'antigénicité et l'atténuation. Cependant, peu de combinaisons de mutations, voire aucune, identifiées dans les isolats issus du nVPO2 seraient susceptibles de conférer à la souche utilisée dans le nOPV2 une neurovirulence proche de celle du poliovirus issu du VPO2 Sabin présentant la réversion A481G seule. Certains virus excrétés après l'administration du nVPO2 au cours de la phase initiale d'utilisation (mars-octobre 2021) ont montré une variation plus importante que celle observée lors des essais cliniques, comme on pouvait s'y attendre en raison du grand nombre d'isolats issus du nVPO2 analysés, bien que des polymorphismes similaires au niveau de tous les sites pertinents (notamment les sites situés dans la région 5' non traduite et dans la région codant pour la capside) aient été observés dans les essais cliniques. La fréquence plus élevée des mutations réduisant l'atténuation observée dans les isolats issus du nVPO2 provenant des échantillons prélevés dans le cadre de la surveillance environnementale était probablement due, au moins en partie, aux délais moyens plus longs entre les AVS et le prélèvement des échantillons par rapport à aux délais observés dans le cadre

themselves expected to have a substantial effect on virus attenuation.

The findings reported are subject to at least 3 limitations. First, time since first use is one of the main factors in OPV evolution. Thus, ongoing monitoring of isolates from the field will be important to confirm or modify the observations noted here. Secondly, several environmental surveillance samples were associated with multiple nOPV2 isolates, which might have skewed the results for frequency and temporal analysis. The adequacy of surveillance in areas of use might have affected the analysis because the source data depend on the sensitivity of the AFP and environmental surveillance systems. Finally, triangulation of such analyses with clinical case characteristics, safety data and other epidemiological factors will be important to assess the impact on disease or outbreak dynamics. Future analyses should focus on spatial and temporal relationship of nOPV2 SIAs with the pattern and impact of polymorphisms in the genome.

Overall, the unprecedented global work in field monitoring of nOPV2 use and genomic surveillance of confirmed nOPV2 isolates during the period of initial use under EUL authorization affirmed the genetic stability profile of nOPV2, and WHO approved wider use under EUL. Given the broad spectrum of background immunity, population dynamics and scale of use, the consistency in the pattern of genetic characteristics of nOPV2 isolates is a promising trend.

Acknowledgements

Global Polio Laboratory Network laboratories; World Health Organization regional laboratory coordinators; Shahzad Shaukat, World Health Organization headquarters; Rachel Lee Keerthana Raju, nOPV Genetic Characterization Sub-group; nOPV Working Group; BioFarma.

Author affiliations

^a National Institute for Biological Standards and Control, South Mimms, United Kingdom; ^b Division of Viral Diseases, National Center for Immunization and Respiratory Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta (GA), USA; ^c McKing Consulting Corporation, Chamblee (GA), USA; ^d IHRC, Inc., Atlanta (GA), USA; ^e Cherokee Nation Businesses, Catoosa (OK), USA; ^f PATH, Seattle (WA), USA; ^g Bill & Melinda Gates Foundation, Seattle (WA), USA; ^h FdK Consulting, LLC, London, United Kingdom; ⁱ Institute for Disease Modeling, Global Health, Bill & Melinda Gates Foundation, Seattle (WA), USA; ^j Medical Research Council Centre

de la surveillance de la PFA. Six isolats issus du nVPO2 se sont avérés être le résultat d'une recombinaison entre le poliovirus issu du nVPO2 et celui issu du VPO1 Sabin ou un entérovirus de l'espèce C, entraînant la perte de mutations touchant la polymérase 3D contenue dans le nVPO2. Ces recombinaisons pourraient augmenter la probabilité de recombinaisons ultérieures, mais elles ne devraient pas avoir un effet substantiel sur l'atténuation du virus.

Les conclusions du présent rapport sont limitées par 3 facteurs au moins. Tout d'abord, le temps écoulé depuis la première utilisation du vaccin est l'un des principaux facteurs de l'évolution du virus contenu dans le VPO. Une surveillance continue des isolats prélevés sur le terrain sera donc importante pour confirmer ou modifier les observations présentées ici. Ensuite, plusieurs échantillons prélevés dans le cadre de la surveillance environnementale ont été associés à plusieurs isolats issus du nVPO2, ce qui a pu fausser les résultats des analyses de fréquence et temporelles. L'adéquation de la surveillance dans les zones où le vaccin a été utilisé peut avoir eu une incidence sur ces analyses car les données sources dépendent de la sensibilité des systèmes de surveillance de la PFA et de l'environnement. Enfin, la triangulation de ces analyses avec les caractéristiques des cas cliniques, les données d'innocuité et d'autres facteurs épidémiologiques sera importante pour évaluer l'impact sur la dynamique de la maladie ou des épidémies. Les analyses futures devront porter sur la relation spatiale et temporelle des AVS utilisant le nVPO2 avec le schéma et l'impact des polymorphismes génétiques.

Dans l'ensemble, l'action sanitaire mondiale sans précédent menée pour le suivi sur le terrain de l'utilisation du nVPO2 et la surveillance génomique des isolats confirmés issus du nVPO2 au cours de la période initiale d'utilisation du vaccin au titre du protocole EUL a confirmé la stabilité génétique du nVPO2, pour lequel l'OMS a approuvé une utilisation élargie toujours dans le cadre du protocole EUL. Compte tenu de la diversité de l'immunité générale, de la dynamique des populations et de l'échelle d'utilisation du vaccin, la constance des caractéristiques génétiques des isolats issus du nVPO2 est un élément prometteur.

Remerciements

Réseau mondial de laboratoires pour la poliomyélite; coordonnateurs des laboratoires régionaux de l'Organisation mondiale de la Santé; Shahzad Shaukat, Siège de l'Organisation mondiale de la Santé; Rachel Lee Keerthana Raju, sous-groupe chargé de la caractérisation génétique des nVPO; groupe de travail sur les nVPO; BioFarma.

Affiliations des auteurs

^a National Institute for Biological Standards and Control, South Mimms, Royaume-Uni; ^b Division of Viral Diseases, National Center for Immunization and Respiratory Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta (GA), États-Unis d'Amérique; ^c McKing Consulting Corporation, Chamblee (GA), USA; ^d IHRC, Inc., Atlanta (GA), États-Unis d'Amérique; ^e Cherokee Nation Businesses, Catoosa (OK), USA; ^f PATH, Seattle (WA), États-Unis d'Amérique; ^g Bill & Melinda Gates Foundation, Seattle (WA), États-Unis d'Amérique; ^h FdK Consulting, LLC, London, United Kingdom; ⁱ Institute for Disease Modeling, Global Health, Bill & Melinda Gates Foundation, Seattle (WA), États-Unis d'Amérique; ^j Medical Research Council Centre for

for Global Infectious Diseases Analysis, School of Public Health, Imperial College, London, United Kingdom; ^k World Health Organization, Geneva, Switzerland; ¹ Dartmouth University, Hanover (NH), USA (Corresponding author: Cara C. Burns, zqd1@cdc.gov). ■

Global Infectious Diseases Analysis, School of Public Health, Imperial College, London, United Kingdom; ^k Organisation mondiale de la Santé, Genève (Suisse); ¹ Dartmouth University, Hanover (NH), États-Unis d'Amérique (Auteur correspondant: Cara C. Burns, zqd1@cdc.gov). ■

How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW server: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address: <http://www.who.int/wer/>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the WER, together with other short epidemiological bulletins. To subscribe, send a message to listserv@listserv.who.int. The subject field should be left blank and the body of the message should contain only the line subscribe wer-reh. A request for confirmation will be sent in reply.

Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer/>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du REH ainsi que d'autres bulletins épidémiologiques. Pour vous abonner, merci d'envoyer un message à listserv@listserv.who.int en laissant vide le champ du sujet. Le texte lui-même ne devra contenir que la phrase suivante: subscribe wer-reh. Une demande de confirmation vous sera envoyée en retour.

www.who.int/wer

Email • send message **subscribe wer-reh** to listserv@listserv.who.int
Content management & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

www.who.int/wer

Email • envoyer message **subscribe wer-reh** à listserv@listserv.who.int
Gestion du contenu & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

Monthly report on dracunculiasis cases, January-May 2022

In order to monitor the progress accomplished towards dracunculiasis eradication, district-wise surveillance indicators, a line list of cases and a line list of villages with cases are sent to WHO by the national dracunculiasis eradication programmes. Information below is summarized from these reports. ■

Rapport mensuel des cas de dracunculose, janvier-mai 2022

Afin de suivre les progrès réalisés vers l'éradication de la dracunculose, les programmes nationaux d'éradication de la dracunculose envoient à l'OMS des indicateurs de surveillance des districts sanitaires, une liste exhaustive des cas ainsi qu'une liste des villages ayant signalé des cas. Les renseignements ci-dessous sont résumés à partir de ces rapports. ■

Country – Pays	Date of receipt of the report ^a – Date de réception du rapport ^a	Total no. of rumours ^b of suspected dracunculiasis in 2022 – Nombre total de rumeurs ^b de dra- cunculo- se en 2022	No. of new human dracunculiasis cases reported in 2022 ^c – Nombre de nouveaux cas humains de dracunculo- se signalés en 2022 ^c					Total no. of reported human cases for the months of 2022 – Nbre total de cas humain signalés pour les mois de 2022	Total no. of reported cases for the same months of 2021 – Nombre total de cas signalés pour les mêmes mois en 2021	Total no. of villages reporting cases for the same months in – Nombre total de villages signa- lant des cas pour les mêmes mois en		Month of emergence of last reported indigenous case – Mois d'émergence du dernier cas autochtone signalé ^c
			Jan. – Jan.	Feb. – Fév.	March – Mars	April – Avril	May – Mai			2022	2021	
Endemic countries – Pays d'endémie												
Chad – Tchad	29 June 2022 – 29 juin 2022	35 819	0	2	0	0	0	2	4	2	4	February 2022 – Février 2022
Ethiopia – Éthiopie	NR	7 864	0	0	0	0	0	0	1	0	1	February 2021 – Février 2021
Mali	NR	49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	September 2021 – Septembre 2021
South Sudan – Soudan du Sud	NR	21 047	0	0	0	0	0	0	0	0	0	October 2021 – Octobre 2021
Precertification countries – Pays au stade de la précertification												
Angola	NR	ND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	March 2020 – Mars 2020
Sudan – Soudan	NR	ND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	September 2013 – Septembre 2013
Certification countries – Pays au stade de la certification												
Cameroon – Cameroun	NA	ND	0	0	0	0	0	0	0	0	0	November 2020 – Novembre 2020
Total		64 786	0	2	0	0	0	2	5	2	5	

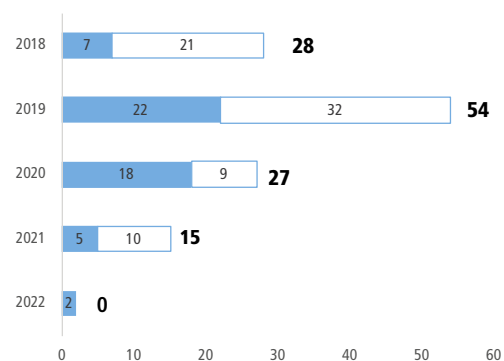
Source: Ministries of Health. – Ministère de la Santé.

^a Each monthly report is due by the 20th of the following month. – Chaque rapport mensuel est attendu pour le 20 du mois suivant.

^b Rumour of dracunculiasis. Information about an alleged case/infection of dracunculiasis (Guinea-worm) obtained from any source (informants). – Rumeur de dracunculo-
se. Information au sujet d'un cas/infection présumé de dracunculo-
se (ver de Guinée) obtenue à partir
de n'importe quelle source (informateurs).

^c The total number of dracunculiasis cases includes both indigenous and imported cases. – Le nombre total de cas de dracunculo-
se regroupe les cas autochtones et les cas importés.

NR: no report received on surveillance indicator. – NR: aucun rapport reçu sur les indicateurs de la surveillance. ND: data not available. – ND: pas de données disponibles.



**Number of dracunculiasis cases reported worldwide, 2018–2022 – Nombre de cas de dracunculo-
se signalés dans le monde, 2018-2022**

The shaded portion indicates the number of dracunculiasis cases reported for the same month in 2022. – La portion colorée indique le nombre de cas de dracunculo-
se signalés pour le même mois en 2022.

The value outside the bar indicates the total number of dracunculiasis cases for that year. – La valeur à l'extérieur de la barre indique le nombre total de cas de dracunculo-
se pour l'année en question.

WHO web sites on infectious diseases – Sites internet de l’OMS sur les maladies infectieuses

Adolescent health	https://www.who.int/health-topics/adolescent-health#tab=tab_1	Santé des adolescents
Avian influenza	https://www.who.int/health-topics/influenza-avian-and-other-zoonotic#tab=tab_1	Grippe aviaire
Buruli ulcer	https://www.who.int/health-topics/buruli-ulcer#tab=tab_1	Ulcère de Buruli
Child health	https://www.who.int/health-topics/child-health#tab=tab_1	Santé des enfants
Cholera	https://www.who.int/health-topics/cholera#tab=tab_1	Choléra
COVID-19	https://www.who.int/health-topics/coronavirus#tab=tab_1	Maladie à coronavirus 2019 (COVID-19)
Dengue	https://www.who.int/health-topics/dengue-and-severe-dengue#tab=tab_1	Dengue
Ebola virus disease	https://www.who.int/health-topics/ebola#tab=tab_1	Maladie à virus Ebola
Emergencies	https://www.who.int/emergencies/situations	Situations d’urgence sanitaire
Emergencies dashboard	https://extranet.who.int/publicemergency	Tableau de bord des urgences sanitaires
Foodborne diseases	https://www.who.int/health-topics/foodborne-diseases#tab=tab_1	Maladies d’origine alimentaire
Global Health Observatory (GHO) data	https://www.who.int/data/gho	Données de l’Observatoire de la santé mondiale
Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)	https://www.who.int/initiatives/global-influenza-surveillance-and-response-system	Système mondial de surveillance et d’intervention
Global Outbreak Alert and Response Network (GOARN)	https://extranet.who.int/goarn/	Réseau mondial d’alerte et d’action en cas d’épidémie (GOARN)
Health topics	https://www.who.int/health-topics/	La santé de A à Z
Human African trypanosomiasis	https://www.who.int/health-topics/human-african-trypanosomiasis#tab=tab_1	Trypanosomiase humaine africaine
Immunization, Vaccines and Biologicals	https://www.who.int/health-topics/vaccines-and-immunization#tab=tab_1	Vaccination, Vaccins et Biologiques
Influenza	https://www.who.int/health-topics/influenza-seasonal#tab=tab_1	Grippe
International Health Regulations	https://www.who.int/health-topics/international-health-regulations#tab=tab_1	Règlement sanitaire international
International travel and health	https://www.who.int/health-topics/travel-and-health#tab=tab_1	Voyages internationaux et santé
Leishmaniasis	https://www.who.int/health-topics/leishmaniasis#tab=tab_1	Leishmaniose
Leprosy	https://www.who.int/health-topics/leprosy#tab=tab_1	Lèpre
Lymphatic filariasis	https://www.who.int/health-topics/lymphatic-filariasis#tab=tab_1	Filiariose lymphatique
Malaria	https://www.who.int/health-topics/malaria#tab=tab_1	Paludisme
Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)	https://www.who.int/health-topics/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers#tab=tab_1	Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV)
Neglected tropical diseases	https://www.who.int/health-topics/neglected-tropical-diseases#tab=tab_1	Maladies tropicales négligées
Onchocerciasis	https://www.who.int/health-topics/onchocerciasis#tab=tab_1	Onchocercose
OpenWHO	https://openwho.org/	OpenWHO
Outbreak news	https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news	Flambées d’épidémies
Poliomyelitis	https://www.who.int/health-topics/poliomyelitis#tab=tab_1	Poliomyélite
Rabies	https://www.who.int/health-topics/rabies#tab=tab_1	Rage
Schistosomiasis	https://www.who.int/health-topics/schistosomiasis#tab=tab_1	Schistosomiase
Smallpox	https://www.who.int/health-topics/smallpox#tab=tab_1	Variole
Soil-transmitted helminthiasis	https://www.who.int/health-topics/soil-transmitted-helminthiasis#tab=tab_1	Géohelminthiasis
Trachoma	https://www.who.int/health-topics/trachoma#tab=tab_1	Trachome
Tropical disease research	https://tdr.who.int/	Recherche sur les maladies tropicales
Tuberculosis	https://www.who.int/health-topics/tuberculosis#tab=tab_1	Tuberculose
Weekly Epidemiological Record	http://www.who.int/wer	Relevé épidémiologique hebdomadaire
WHO Lyon Office for National Epidemic Preparedness and Response	https://www.who.int/about/structure/lyon-office	Bureau OMS de Lyon pour la préparation et la réponse des pays aux épidémies
Yellow fever	https://www.who.int/health-topics/yellow-fever#tab=tab_1	Fièvre jaune
Zika virus disease	https://www.who.int/health-topics/zika-virus-disease#tab=tab_1	Maladie à virus Zika