Genetic diversity of wild-type measles viruses and the global measles nucleotide surveillance database (MeaNS)

Introduction

Genetic characterization of circulating wild-type measles viruses is critical for achievement of the measles elimination targets set by the Global Vaccine Action Plan in 2012.[1] Measles laboratory surveillance and molecular epidemiological studies provide evidence needed for regional verification of elimination. Measles elimination is defined as the absence of endemic measles transmission in a defined geographical area (e.g. country or regions) for ≥12 months in the presence of a well-performing surveillance system.[2] The WHO framework for the verification of elimination of measles and rubella includes a review of epidemiological and laboratory data.[3] To verify the interruption of endemic measles virus transmission in a country or region, viral sequence analysis combined with thorough case investigations are needed to document the absence of endemic genotype(s).

Standard methods for naming and describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses and a set of WHO reference strains were defined in 1998 in order to document and monitor the genetic diversity and global distribution of wild-type measles viruses. These procedures were reviewed and updated in 2001, 2003,

La diversité génétique des virus rougeoleux de type sauvage et la base de données *MeaNS* (Measles Nucleotide Surveillance)

Introduction

La caractérisation génétique des virus rougeoleux sauvages circulants est essentielle pour atteindre les cibles relatives à l'élimination de la rougeole fixées dans le Plan d'action mondial pour les vaccins en 2012.[1] La surveillance en laboratoire et les études d'épidémiologie moléculaire de la rougeole fournissent les données nécessaires à la vérification de l'élimination à l'échelle régionale. L'élimination de la rougeole est définie comme l'absence de transmission endémique de la rougeole dans une zone géographique donnée (par exemple, une région ou un pays) pendant une période ≥12 mois, en présence d'un système de surveillance efficace.[2] Le cadre OMS de vérification de l'élimination de la rougeole et de la rubéole s'appuie sur un examen des données épidémiologiques et de laboratoire.[3] Pour vérifier que la transmission endémique du virus de la rougeole a été interrompue dans une région ou un pays donné, il est nécessaire de procéder à une analyse des séquences virales, de même qu'une enquête détaillée sur les cas, pour attester l'absence du ou des génotypes endémiques.

En 1998, l'OMS avait défini des méthodes normalisées de désignation et de description des caractéristiques génétiques des virus rougeoleux de type sauvage, ainsi qu'un ensemble de souches de référence, pour déterminer et surveiller la diversité génétique et la répartition mondiale des virus rougeoleux de type sauvage. Ces méthodes ont été revues et

WORLD HEALTH ORGANIZATION
Geneva

ORGANISATION MONDIALE DE LA SANTÉ
Genève

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

07.2015
ISSN 0049-8114
Printed in Switzerland

[1] World Health Organization, 2013 - Global vaccine action plan 2011-2020. ISBN 978 92 4 150498 0 http://www.who.int/immunization/global_vaccine_action_plan/GVAP_doc_2011_2020/en/

[2] See No. 49, 2010, pp. 490–495.

[3] See No. 9, 2013, pp. 89-100.

[1] Organisation mondiale de la Santé, 2013 - Plan d'action mondial pour les vaccins 2011-2020. ISBN 978 92 4 150498 0 http://who.int/immunization/global_vaccine_action_plan/DoV_GVAP_2012_2020/fr/

[2] Voir N° 49, 2010, pp. 490-495.

[3] Voir N° 9, 2013, pp. 89-100.

2005, 2006, and 2012.[4] In 2008, the WHO Global Measles and Rubella Laboratory Network (GMRLN) set up the Measles Nucleotide Surveillance (MeaNS) database to collect and archive measles virus sequences detected from all regions. This report updates previous reports and describes the current list of WHO measles virus reference strains, methods for establishing "named strains", and the global status and distribution of measles virus genotypes during 2014.

MeaNS (http://www.who-measles.org/) was initiated as a joint project between the Health Protection Agency, London, United Kingdom (now Public Health England, PHE) and WHO. This database collects sequence information submitted mainly by members of GMRLN or downloaded from GenBank. The majority of the sequences are from the 450 nucleotides coding for the carboxyl-terminal 150 amino acids of the nucleoprotein (N-450), which is the recommended minimum sequence window for genotyping measles viruses.[5] However, sequences containing the complete protein coding sequence of the haemagglutinin gene and the complete protein coding sequence of the N-gene are also submitted. The information required to generate a standard WHO name[6] and additional epidemiologic data are collected for each sequence. Further information, access to policies, and a user manual for MeaNS can be obtained from the website. As of 1 July 2015, MeaNS contains 24 571 N-450 sequences and there have been submissions from 56 laboratories located in all 6 WHO Regions. There is a similar global sequence database for rubella, RubeNS (http://www.who-rubella.org/).

Updating of genotype reference strains

The list of wild-type measles virus genotypes recognized by WHO and the reference strains for each genotype are shown in *Table 1*. The criteria for establishing a new genotype remain the same as those published in 2012, and since then there have been no new genotypes.[4] However, genotypes C2, D2, D3, G2 and H2 are now considered inactive since there have been no reports of these genotypes in at least the last 10 years (*Table 1*). The 24 genotype reference strains are often divergent from the contemporary sequences. However, these reference sequences still provide adequate representation of the different genotypes, so these sequences can be used to assign a genotype to novel sequences with a high level of accuracy.

WHO recommends that all sequences from wild-type measles viruses be submitted to MeaNS rather than submitting "representative" sequences, to provide a more comprehensive overview of circulating viruses and temporal and geographical strain distribution. For MeaNS to continue to be an invaluable tool for tracking measles viruses, it is essential that sequences be submit-

[4] See No. 9, 2012, pp. 73–80.

[5] See No. 35, 1998, pp. 265–272.

actualisées en 2001, 2003, 2005, 2006 et 2012.[4] En 2008, le Réseau mondial OMS de laboratoires de la rougeole et de la rubéole (GMRLN) a créé la base de données Measles Nucleotide Surveillance (*MeaNS*) pour recueillir et archiver les séquences des virus rougeoleux détectés dans toutes les Régions. Le présent rapport actualise les informations présentées dans les rapports précédents, fournit la liste des souches de référence de virus rougeoleux actuellement utilisée par l'OMS, décrit la méthodologie employée pour définir les «souches désignées», et fait le point sur les génotypes du virus rougeoleux présents dans le monde en 2014 ainsi que sur leur répartition géographique.

La base de données *MeaNS* (http://www.who-measles.org/) a été créée à titre de projet conjoint de la *Health Protection Agency* (désormais rebaptisée *Public Health England, PHE*) à Londres (Royaume-Uni) et de l'OMS. Elle contient les données relatives aux séquences des virus rougeoleux, qui sont pour la plupart soumises par les membres du *GMRLN* ou téléchargées à partir de la base *GenBank*. La majorité des séquences appartiennent à la région de 450 nucléotides codant pour les 150 acides aminés du groupe carboxyle terminal de la nucléoprotéine (N-450). Cette région constitue la fenêtre minimale recommandée pour le génotypage des virus rougeoleux.[5] Cependant, certaines soumissions contiennent la séquence complète du gène de l'hémagglutinine codant pour la protéine et la séquence complète du gène N codant pour la protéine. Pour chaque séquence, l'information nécessaire à l'attribution d'une désignation OMS normalisée[6] est recueillie, de pair avec des données épidémiologiques supplémentaires. Le site web de *MeaNS* contient des informations complémentaires, les documents stratégiques relatifs à la base de données et un manuel d'utilisation. Au 1er juillet 2015, la base *MeaNS* contenait 24 571 séquences N-450, avec des soumissions provenant de 56 laboratoires répartis dans les 6 Régions de l'OMS. Une base de données mondiale semblable existe pour la rubéole (*RubeNS*, http://www.who-rubella.org/).

Actualisation des souches de référence des génotypes

Le *Tableau 1* fournit la liste des génotypes des virus rougeoleux de type sauvage reconnus par l'OMS, ainsi que les souches de référence pour chaque génotype. Les critères appliqués à l'établissement d'un nouveau génotype sont les mêmes que ceux qui ont été publiés en 2012, et aucun nouveau génotype n'a été observé depuis lors.[4] Cependant, les génotypes C2, D2, D3, G2 et H2 sont désormais considérés comme inactifs car ils n'ont pas été signalés depuis au moins 10 ans (*Tableau 1*). Les 24 souches de référence des génotypes présentent souvent des divergences par rapport aux séquences actuelles observées. Toutefois, ces séquences de référence permettent encore une représentation adéquate des différents génotypes et peuvent donc servir à attribuer un génotype à de nouvelles séquences avec une grande exactitude.

L'OMS préconise la soumission dans *MeaNS* de toutes les séquences des virus rougeoleux de type sauvage, et non seulement des séquences «représentatives», pour obtenir une vue d'ensemble plus complète des virus circulants et de la répartition temporelle et géographique des souches. Pour que la base de données *MeaNS* conserve toute son utilité dans la surveillance des virus rougeoleux, il est essentiel que les séquences

[4] Voir N° 9, 2012, pp. 73–80.

[5] Voir N° 35, 1998, pp. 265–272.

Table 1 **Measles virus genotype reference sequences**[a]
Tableau 1 **Séquences de référence des génotypes des virus rougeoleux**[a]

Genotype – Génotype	Last detected[b] – Dernière détection[b]	Reference strain – Souche de référence	GenBank H[d]	GenBank N[d]
A	2008	MVi/Maryland.USA/0.54	U03669	U01987
B1[c]	1983	MVi/Yaounde.CMR./12.83	AF079552	U01998
B2	2011	MVi/Libreville.GAB/0.84	L46753	U01994
B3	Ongoing – Actuel	MVi/New York.USA/0.94	L46752	L46753
		MVi/Ibadan.NGA/0.97/1	AJ239133	AJ232203
C1[c]	1992	MVi/Tokyo.JPN/0.84	AY047365	AY043459
C2[c]	2004	MVi/Maryland.USA/0.77	M81898	M89921
		MVi/Erlangen.DEU/0.90	Z80808	X84872
D1[c]	1986	MVi/Bristol.GBR/0.74	Z80805	D01005
D2[c]	2005	MVi/Johannesburg.ZAF/0.88/1	AF085498	U64582
D3[c]	2004	MVi/Illinois.USA/0.89/1	M81895	U01977
D4	Ongoing – Actuel	MVi/Montreal.CAN/0.89	AF079554	U01976
D5	2009	MVi/Palau.PLW/0.93	L46757	L46758
		MVi/Bangkok.THA/12.93/1	AF009575	AF079555
D6	2007	MVi/New Jersey.USA/0.94/1	L46749	L46750
D7	2007	MVi/Victoria.AUS/16.85	AF247202	AF243450
		MVi/Illinois.USA/50.99	AY043461	AY037020
D8	Ongoing – Actuel	MVi/Manchester.GBR/30.94	U29285	AF280803
D9	Ongoing – Actuel	MVi/Victoria.AUS/12.99	AY127853	AF481485
D10	2005	MVi/Kampala.UGA/51.00/1	AY923213	AY923185
D11	2010	MVi/Menglian.Yunnan.CHN/47.09	GU440576	GU440571
E[c]	1987	MVi/Goettingen.DEU/0.71	Z80797	X84879
F[c]	1994	MVs/Madrid.ESP/0.94 [SSPE]	Z80830	X84865
G1[c]	1983	MVi/Berkeley.USA/0.83	AF079553	U01974
G2[c]	2004	MVi/Amsterdam.NLD/49.97	AF171231	AF171232
G3	Ongoing – Actuel	MVi/Gresik.IDN/18.02	AY184218	AY184217
H1	Ongoing – Actuel	MVi/Hunan.CHN/0.93/7	AF045201	AF045212
H2[c]	2003	MVi/Beijing.CHN/0.94/1	AF045203	AF045217

[a] All genotype reference sequences can be downloaded from the MeaNS website. – Toutes les séquences de référence peuvent être téléchargées à partir du site web de la base *MeaNS*.

[b] Based on search of the MeaNS database on 20 May, 2015. Excluding vaccine-derived strains, and sequences from subacute sclerosing panencephalitis (SSPE) cases. 'Ongoing' genotypes are those that have been detected in the preceding 12 months. – Selon une recherche de la base de données MeaNS effectuée le 20 mai 2015. Exclut les souches dérivées des virus vaccinaux et les séquences provenant de cas de panencéphalite sclérosante subaiguë (PESS). Les génotypes «actuels» sont ceux qui ont été détectés dans les 12 derniers mois.

[c] Considered to be inactive since no reports in MeaNS for at least 10 years (excluding SSPE cases). – Considéré comme inactif, n'ayant pas été notifié dans la base *MeaNS* depuis au moins 10 ans (à l'exclusion des cas de PESS).

[d] GenBank accession numbers (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) for the haemagglutinin gene (H) and N-gene. – Numéros d'accès à la base *GenBank* (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) pour le gène de l'hémagglutinine (H) et le gène N.

ted in a timely manner. Therefore, WHO requires submission of sequences within 2 months of specimen reception in the sequencing laboratory.

Methods for assigning "named strains"

As recognized in the previous report, sub-genotyping of measles viruses based on the N-450 was found not to be methodologically viable for identification of transmission pathways. Instead, the use of sequence variants, now commonly termed "named strains" was introduced. Linking circulating strains to "named strains" based on identity of N-450 sequences provides an accessible and convenient nomenclature that reflects currently circulating viruses. Sequence submitters can

soient soumises en temps utile. Ainsi, l'OMS exige que les soumissions aient lieu dans un délai de 2 mois après réception des échantillons par le laboratoire de séquençage.

Méthodes d'attribution des «souches désignées»

Comme l'indiquait le précédent rapport, le sous-génotypage des virus rougeoleux sur la base des séquences N-450 ne s'avère pas viable, sur le plan méthodologique, pour l'identification des voies de transmission. Il a donc été décidé d'utiliser plutôt les variants de séquences, désormais appelés «souches désignées». En liant les souches circulantes aux «souches désignées» sur la base de l'identité des séquences N-450, on obtient une nomenclature commode et accessible, représentative des virus actuellement en circulation. Les entités qui soumettent des séquences

compare the sequences obtained from recently circulating viruses with the sequences of the pre-existing "named strains". The use of a single shared database is critical for designating "named strains" to avoid duplication. It is important to consider that while genotype designations remain the same, the use of "named strains" will provide a dynamic nomenclature that enables GMRLN to monitor transmission of measles viruses from on-going outbreaks and sporadic cases. "Named strain" designations will be preserved historically, but once a strain is no longer circulating its significance will diminish.

For a nomenclature based on "named strains" to function effectively a mechanism was needed and has been established to define these strains by identifying representative viral sequences within the MeaNS database. "Named strains" are designated to represent epidemiologically significant sequences reported within a 2-year period in multiple countries. They can be proposed by any of the authorized MeaNS submitters. Sequences for named strains must be in the public database in MeaNS and be available through GenBank. The name is derived from the earliest eligible strain in MeaNS. The name does not imply any epidemiological significance. "Named strains" are readily identified within MeaNS, and all "named strains" are listed by genotype in a dedicated section of MeaNS. Among the currently circulating genotypes there are 5 "named strains" for genotype B3, 11 for genotype D4, 8 for genotype D8, 2 for genotype D9, and 6 for genotype H1.

Epidemiological linkages and attribution of source should be done by epidemiological investigation and case reporting. It is important to note that finding identical N-450 sequences alone does not necessarily confirm an epidemiological link, especially since, by definition, the "named strains" are found in multiple countries.

Recent changes to MeaNS

From January 2012 to July, 2015 the number of N-450 sequences in MeaNS increased by 218%, from 7691 to 24 571 (i.e. an additional 16 844 sequences were submitted and/or uploaded during that time period). MeaNS provides a global portal for submission of measles virus sequences, genotyping, and sequence comparison. A dedicated section of the MeaNS website has been assigned to describe each "named strain". When searching for exact sequence matches, the "named strain" will be displayed at the top of the list with search results. In phylogenetic trees constructed using the MeaNS website the genotype reference sequences and "named strain" are displayed alongside the input sequence.

Global usage of MeaNS has increased significantly each year since the website became operational in 2008. To facilitate increasing usage and demand, users are now able to upload sequences in bulk by contacting the site administrators. Requests for bulk upload have increased and in the future the MeaNS website will be modified to allow direct bulk upload.

peuvent comparer les séquences obtenues à partir de virus circulants récents avec les séquences des «souches désignées» préexistantes. L'utilisation d'une base de données partagée unique est essentielle pour une dénomination sans duplication des «souches désignées». Bien que les dénominations des génotypes restent inchangées, l'utilisation de «souches désignées» fournira une nomenclature dynamique permettant au *GMRLN* de surveiller la transmission des virus rougeoleux au cours d'une flambée et lors de cas sporadiques. Les noms des «souches désignées» seront préservés au cours du temps, mais perdront de leur importance une fois que la souche ne circulera plus.

Pour qu'une telle nomenclature basée sur les «souches désignées» soit efficace, il a été nécessaire d'établir un mécanisme permettant de définir ces souches par l'identification de séquences virales représentatives dans la base de données *MeaNS*. Les «souches désignées» sont définies en vue de représenter les séquences épidémiologiquement significatives notifiées par plusieurs pays sur une période de 2 ans. Elles peuvent être proposées par toute entité autorisée à soumettre des séquences dans la base de données *MeaNS*. Les séquences des «souches désignées» doivent se trouver dans la base de données publique de *MeaNS* et être disponibles dans *GenBank*. Le nom attribué est dérivé de la première souche satisfaisant aux critères d'inclusion dans la base de données *MeaNS*. Il n'implique pas une importance épidémiologique particulière. Les «souches désignées» peuvent aisément être identifiées dans la base *MeaNS* et sont toutes répertoriées par génotype dans une section spécifique de *MeaNS*. Parmi les génotypes circulant actuellement, il existe 5 «souches désignées» pour le génotype B3, 11 pour le génotype D4, 8 pour le génotype D8, 2 pour le génotype D9 et 6 pour le génotype H1.

Les liens épidémiologiques et l'attribution de la source devraient être établis par enquête épidémiologique et notification des cas. Notons que la présence de séquences N-450 identiques ne suffit pas nécessairement à confirmer un lien épidémiologique, en particulier puisque, par définition, les «souches désignées» se trouvent dans plusieurs pays.

Récentes modifications de la base de données *MeaNS*

De janvier 2012 à juillet 2015, le nombre de séquences N-450 contenues dans la base *MeaNS* a augmenté de 218%, passant de 7 691 à 24 571 (soit 16 844 séquences supplémentaires soumises et/ou téléchargées durant cette période). *MeaNS* offre un portail mondial de soumission des séquences de virus rougeoleux, de génotypage et de comparaison de séquences. Une section spéciale du site web de *MeaNS* est consacrée à la description de chaque «souche désignée». Lorsqu'une recherche est effectuée pour trouver une correspondance exacte de séquence, la «souche désignée» est affichée au tout début de la liste de résultats. Dans les arbres phylogénétiques établis à l'aide du site web de *MeaNS*, les séquences de référence du génotype et la «souche désignée» sont affichées aux côtés de la séquence entrée dans la recherche.

Depuis la mise en ligne du site web en 2008, l'utilisation de la base *MeaNS* à l'échelle mondiale n'a cessé d'augmenter. Pour répondre aux besoins résultant de cette demande et de cet usage croissants, les utilisateurs peuvent désormais télécharger des séquences «en masse» en contactant les administrateurs du site. Les demandes de téléchargement en masse ont augmenté et, à l'avenir, le site web de *MeaNS* sera modifié pour permettre aux utilisateurs de procéder directement à de tels téléchargements.

Global distribution of reported measles virus genotypes, 2005–2014

Of the 24 known genotypes, 13 were detected and reported during 2005–2014 (*Map 1, Table 2*), although some were reported only at a low frequency. Of the 6826 N-450 sequences from wild-type measles viruses submitted to MeaNS in 2014, 4606 were genotype H1, 1323 were genotype B3, 897 were genotype D8, 92 were genotype D9, 25 were genotype D4 and 3 were genotype G3. It is important to note that these genotype reports do not accurately indicate the global distribution of measles virus as there is a strong bias in reporting. It does, however, reflect variations in capacity among WHO Regions to conduct molecular epidemiological surveillance. The majority of the sequences were submitted from the Western Pacific Region and the European Region, which have well-established virological surveillance (*Figure 1*). The differences in reporting to MeaNS reinforce the need for strengthening virological surveillance for measles particularly in the African Region and the South-East Asia Region.

The most frequently reported genotype in 2014 was genotype H1 (*Table 2, Figure 1*), as genotype H1 was endemic in China, a country with a well-established network of 364 subnational laboratories and a sensitive virological surveillance system. Genotype H1 was also associated with importations of virus into other countries.

The most widely distributed measles virus genotypes in 2014 were genotypes B3 and D8 (*Map 1*). In the past, genotype B3 viruses were endemic primarily in countries in sub-Saharan Africa. However in 2014, B3 genotype, especially viruses with sequences identical to the "named strain" MVs/Harare.ZWE/39.09, had a global distribution. Genotype B3 viruses were associated with cases and outbreaks in 49 counties in all WHO Regions including a very large measles outbreak in the Philippines.

In the past, genotype D8 was primarily identified in South-East Asia, particularly in the Indian subcontinent. However, in 2014 there were outbreaks of genotype D8 reported in all WHO Regions except the African Region.

Guidance for MeaNS users

1. Sequences from all wild-type measles viruses should be submitted to MeaNS rather than submitting only "representative sequences". Sequences should be submitted within 2 months of specimen reception in the sequencing laboratory.
2. MeaNS users are reminded to refer to "named strains" for molecular epidemiologic studies and to link detected sequences reported in their countries to "named strains" if possible.
3. Member States moving towards elimination are reminded to obtain genotype information from at least 80% of the chains of transmission.
4. Although virological surveillance has improved substantially, national programmes are requested to continue to collect specimens for virus

Répartition mondiale des génotypes de virus rougeoleux notifiés, 2005-2014

Sur les 24 génotypes connus, 13 ont été détectés et notifiés dans la période 2005-2014 (*Carte 1, Tableau 2*), bien que certains n'aient été que peu fréquents. Parmi les 6826 séquences N-450 des virus rougeoleux de type sauvage soumises à la base de données *MeaNS* en 2014, 4606 appartenaient au génotype H1, 1323 au génotype B3, 897 au génotype D8, 92 au génotype D9, 25 au génotype D4 et 3 au génotype G3. Il est à noter que ces notifications de génotype ne constituent pas une indication exacte de la répartition mondiale des virus rougeoleux, en raison du fort biais de notification. Toutefois, elles reflètent la capacité variable des Régions de l'OMS à assurer une surveillance d'épidémiologie moléculaire. La majorité des séquences ont été soumises par la Région du Pacifique occidental et la Région européenne, qui disposent d'une surveillance virologique bien établie (*Figure 1*). Les différences observées en termes de notification dans la base *MeaNS* soulignent la nécessité de renforcer la surveillance virologique de la rougeole, en particulier dans la Région africaine et la Région de l'Asie du Sud-Est.

Le génotype le plus souvent signalé en 2014 était le génotype H1 (*Tableau 2, Figure 1*). Ce dernier était en effet endémique en Chine, un pays où existent un réseau bien établi de 364 laboratoires locaux et un système sensible de surveillance virologique. Le génotype H1 était également associé à des importations de virus vers d'autres pays.

Les génotypes caractérisés par la plus forte répartition géographique en 2014 étaient les génotypes B3 et D8 (*Carte 1*). Dans le passé, les virus de génotype B3 étaient principalement endémiques dans les pays d'Afrique subsaharienne. Cependant, en 2014, les virus de génotype B3, en particulier ceux qui possèdent des séquences identiques à la «souche désignée» MVs/Harare.ZWE/39.09, étaient présents à l'échelle mondiale. Les virus de génotype B3 ont été associés à des cas et des flambées dans 49 pays de toutes les Régions de l'OMS, notamment à une flambée de rougeole de très grande ampleur aux Philippines.

Dans le passé, le génotype D8 avait principalement été détecté en Asie du Sud-Est, en particulier dans le sous-continent indien. Toutefois, en 2014, des flambées dues au génotype D8 ont été signalées dans toutes les Régions OMS à l'exception de la Région africaine.

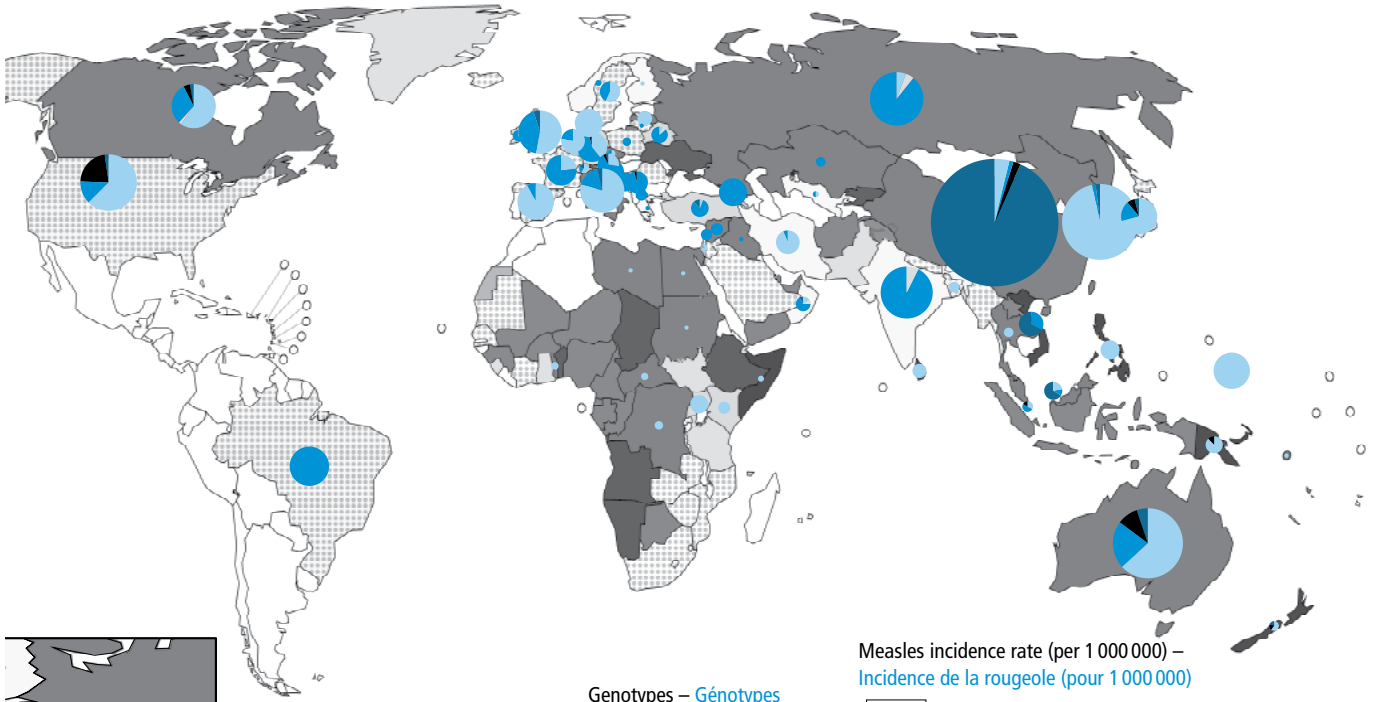
Indications pour les utilisateurs de *MeaNS*

1. Il convient de soumettre dans *MeaNS* toutes les séquences des virus rougeoleux de type sauvage, et non seulement les «séquences représentatives». Les séquences doivent être soumises dans un délai de 2 mois après réception des échantillons par le laboratoire de séquençage.
2. Il est rappelé aux utilisateurs de *MeaNS* qu'ils doivent utiliser les «souches désignées» comme référence pour les études d'épidémiologie moléculaire et lier les séquences détectées dans leurs pays aux «souches désignées», si possible.
3. Il est rappelé aux États Membres progressant vers l'élimination qu'ils doivent obtenir une information génotypique pour au moins 80% des chaînes de transmission.
4. Malgré les progrès substantiels déjà accomplis en termes de surveillance virologique, il est demandé aux programmes nationaux de continuer à recueillir des échantillons destinés

预览已结束，完整报告链接和二维码如下：
https://www.yunbaogao.cn/report/index/report?reportId=5_27360

s virus genotypes and reported measles incidence by Member State in 2014*

s virus rougeoleux de type sauvage et incidence de la rougeole par État Membre en 2014*



.int/immunization_monitoring/diseases/measles_monthlydata/en/index.html – Une version couleur de cette carte est disponible (en anglais seulement) sur http://www.who.int/immunization_moni-

n this map do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the World Health Organization concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, itted lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement. – Les appellations employées dans la présente publication et la présentation des données qui e la Santé aucune prise de position quant au statut juridique des pays, territoires, villes ou zones, ou de leurs autorités, ni quant au tracé de leurs frontières ou limites. Les lignes en pointillé sur les peut ne pas avoir fait l'objet d'un accord définitif.

éservés.