

**流行ニュース： < コレラ >**

アフガニスタン：7月25日 WHO はコレラ症例総数 4,499 例（うち死亡例 114 例）を報告した。症例は北部、北東部、東部、南部、南東部で起っている。

チャド：8月3日 WHO はコレラ症例総数 1,111 例（うち死亡例 33 例）を報告した。症例の多くは N'djamena 地方から報告されており（総例 921、死亡例 27）、Massakory、Bongo、Bôl などからも報告されている。

タンザニア：WHO は5月18日から7月20日の間の Dar es Salaam の Ilala 地方と Temeke 地方におけるコレラ症例総数 109（うち死亡例 3）を報告した。

**今週の話題：**

< 野生型麻疹ウイルスの遺伝子特性を表わすための命名法(最新情報)<sup>1</sup>、パート I >

麻疹ウイルスの分子疫学研究はウイルスの発生源と感染経路を同定することにより麻疹の抑制に重要な貢献をしてきた。分子サーベイランスはウイルスの遺伝子型の変化をある特定の地域で時間の経過とともに観察することが可能である場合に最も有効である。この情報は麻疹ウイルスの伝播が途絶えたことを証明するのに役立つため、ワクチン接種プログラムの有効性を評価するのに重要な方法である。麻疹ウイルスの分子特性を明らかにすることは麻疹サーベイランスの重要な要素であり、ワクチン接種を開始する前にすべての地域でウイルスサーベイランスを実施すべきである。参照 No. 35, 1998, pp. 265-269

1998 年春、WHO の会合で新しい野生型麻疹ウイルスの遺伝子特性を示す命名法と分析プロトコールが標準化され、15 の遺伝子型が承認された。本論の目的は、1998 年の WHO 会議での基本勧告を紹介し、承認されている最新の遺伝子リストを提供すること、さらに新しい遺伝子型の命名のためにより明確なガイドラインを推奨し、1998 年からの麻疹分子疫学研究に関する最新情報を提供することである。

麻疹は血清学的にはモノタイプのウイルスであるが、ヘマグルチニン(H)とヌクレオプロテイン(N)遺伝子の解析から、野生型ウイルスには異なる系統が存在し、ともに循環していることが分かっている。麻疹遺伝子の最も変化しやすい部分は N 蛋白の C 末端をコードする 450 塩基である。この部位の塩基変異性は異なる遺伝子型のウイルス間では 12% を越すが、この変異の生物学上の意義はわかっていない。

\* 株の命名規定：1998 年以後変更はない。野生型麻疹の分離産物は現在インフルエンザなどの表記に使用されている形式と同形式で命名されている。このような表記により分子データ解釈に不可欠な分子情報を提供する。

株および塩基解析表示は次のどちらかで示す：

- 細胞培養で分離された麻疹ウイルスの場合：MVi
- 臨床材料から抽出した RNA に由来する麻疹ウイルスの解析の場合：MVs

株/解析名に含まれるべき他のデータ：

- 症例が診断された、市又は区/州はフルネーム又は省略名を書く(必須)；
- 国、WHO の 3 文字表示を使用(必須)；
- 標本を採取した日付け：流行週(1-52)、年(必須)；
- 同じ地域で流行週に一つ以上あれば、分離ナンバー(選択)；
- 遺伝子型(最初は選択、N 遺伝子の少なくとも 450 塩基の解析終了後必須)；
- 封入体脳炎(MIBE)又は亜急性硬化性汎脳炎(SSPE)症例に由来する解析結果には特別な表示(選択)

現在の命名法の例：・MVi/NewYork.USA/3.98/2 [D2]      ・MVs/London.UNK/17.97 [G3] SSPE

\* 疫学とロジスティックス(後方支援)：WHO は「麻疹ウイルス感染の研究所診断のためのマニュアル」<sup>3</sup> を出版した。ここでは臨床材料の採取法を詳細にわたって説明し、麻疹抑制の各段階で必要な血清学的サーベイランスの量を示している。現在 WHO の世界麻疹研究所ネットワークの形成が進められており、ポリオネットワークと同様、国、地域、世界全体の 3 段階で構成される予定である。各国の研究所はウイルス分離のために検体の収集、貯蔵の援助を行う、地域の研究所は地域内の各国研究所の統合センターとなり、各国の研究所への訓練、助言、質の調整を行う。また、世界全体の研究所では標準化された関連試薬の供給、一定の熟練試験、研究所の遂行評価を行うことにより、国と地域の研究所の質を保証する予定である。代表的な株の取得、分析、貯蔵、分配のため、WHO の麻疹株バンクがアトランタ(US)にある疾病予防センター(CDC)麻疹ウイルス課とロンドン(UK)の中央公衆衛生研究所に設立された。参照：

<sup>3</sup> Document WHO/V&B/00.16, the VAB documentation center より入手可能, WHO, 121 Geneva 27, Switzerland.

\* 解析と研究所の問題：ウイルス分離には B95a 細胞株が最も好まれるが、同等の感受性を持つならば他の細胞株を使用してもよい。いったん特定の細胞株で分離されたウイルスは同じ細胞株での継代が推奨される。適切ならば臨床材料から直接麻疹遺伝子を増幅するために、RT-PCR を使用することも可能である。N 遺伝子の C 末端の少なくとも 450 塩基は最低限の解析情報としてジーンバンクに提出しなければならず、登録時には WHO の株名と遺伝子型が識別票として含まれていなければならない。できれば塩基解析データはジーンバンクに提出すると同時に WHO 品種バンクに提出されることが望ましい。

