

Global distribution of measles and rubella genotypes – update

Introduction

The WHO measles and rubella laboratory network was established to provide a standardized testing and reporting structure and a global quality assurance programme. The network has expanded to include 678 laboratories in 164 countries; all laboratories confirm measles and rubella cases using immunoglobulin M (IgM) antibody testing.¹ In addition to serological testing, another important function of the network is to provide genetic characterization of circulating measles and rubella viruses. Virological surveillance data, when analysed in conjunction with standard epidemiological data, can help to document viral transmission pathways, aid in case classification and track progress towards elimination goals. Measles has been eliminated from the Region of the Americas and elimination goals have been adopted in the European, Western Pacific and Eastern Mediterranean regions. Virological surveillance will help to document the elimination of measles transmission in these regions.

To facilitate virological surveillance, the network has standardized the nomenclature and laboratory procedures that are used to describe the genetic characteristics of wild-type measles and rubella viruses,² and these protocols are included in all WHO-sponsored laboratory training courses. Standardization has allowed virological surveillance data to be shared among laboratories and has permitted efficient communication of these data throughout measles and rubella control programmes. WHO recognizes 23 genotypes of measles virus and 10 genotypes of rubella (of which 3 are provisional and represented by lower case letters, eg. Ig).

Although virological surveillance for measles is still incomplete, much progress has been made in the past 2 years. The 2005 report showed that viral genotypes had been obtained from 38 countries. In 2006, genotype reports were received from an additional 27 countries (*Map 1*). In countries that have not yet interrupted measles transmission, genotyping shows the predominance either of 1 genotype or of a small number of genotypes.

These countries continue to monitor genotypes associated with outbreaks and perform baseline genetic characterization of measles genotypes. Countries that have eliminated measles continue to detect genotypes associated with imported sources of virus as they attempt to obtain genetic information from each chain of transmission.

Although knowledge about the geographical distribution of rubella genotypes has progressed significantly since 2003, the genotypes of rubella viruses in many countries and regions remain unknown (*Map 2*). A total of 40 countries have reported baseline genetic information for rubella during the

Répartition mondiale des génotypes des virus rougeoleux et rubéoleux – mise à jour

Introduction

L'OMS a créé le réseau de laboratoires pour la rougeole et la rubéole afin de disposer d'une structure normalisée de sérologie et de notification et d'un programme mondial d'assurance de la qualité. Le réseau s'est développé et compte maintenant 678 laboratoires dans 164 pays; tous procèdent à la confirmation des cas de rougeole et de rubéole par mise en évidence des anticorps anti-immunoglobuline M (IgM).¹ Outre la sérologie, le réseau assure une autre fonction importante: la caractérisation génétique des virus rougeoleux et rubéoleux en circulation. Analysées parallèlement aux données épidémiologiques classiques, les données de surveillance virologique peuvent aider à établir les voies par lesquelles se transmettent les virus, donnent des renseignements utiles pour la classification des cas et pour mesurer les progrès accomplis sur la voie de l'élimination. La rougeole a été éliminée de la Région des Amériques; la Région européenne et les Régions du Pacifique occidental et de la Méditerranée orientale se sont fixé des objectifs pour son élimination. La surveillance virologique aidera à attester l'élimination de la transmission de la rougeole dans ces Régions.

Pour faciliter la surveillance virologique, le réseau a normalisé la nomenclature et les méthodes de laboratoire utilisées pour décrire les caractéristiques génétiques des virus rougeoleux et rubéoleux de type sauvage;² ces protocoles sont inclus dans tous les cours de formation aux méthodes de laboratoire parrainés par l'OMS. Grâce à cette normalisation, les laboratoires peuvent s'échanger des données de surveillance virologique, lesquelles peuvent être communiquées efficacement aux programmes de lutte contre la rougeole et la rubéole. L'OMS reconnaît 23 génotypes de virus rougeoleux et 10 génotypes de virus rubéoleux (dont 3 sont provisoires et indiqués en lettres minuscules, par ex, Ig).

La surveillance virologique de la rougeole est encore parcelaire, mais elle a beaucoup progressé ces 2 dernières années. Dans le rapport de 2005, 38 pays avaient communiqué des informations sur les génotypes viraux. En 2006, 27 autres pays ont fait de même (*Carte 1*). Dans les pays qui n'ont pas encore interrompu la transmission de la rougeole, le génotypage révèle la prédominance d'un génotype ou d'un petit nombre de génotypes.

Ces pays continuent de surveiller les génotypes à l'origine de flambées et procèdent à la caractérisation génétique de référence des génotypes rougeoleux. Les pays qui ont éliminé la rougeole continuent à identifier les génotypes associés à ces virus importés pour obtenir des informations génétiques sur chaque chaîne de transmission.

Même si l'on connaît beaucoup mieux la répartition géographique des génotypes rubéoleux qu'en 2003, on ignore encore quels sont les génotypes présents dans nombre de pays et régions (*Carte 2*). Au total, 40 pays ont communiqué des données génétiques de référence pour la rubéole ces

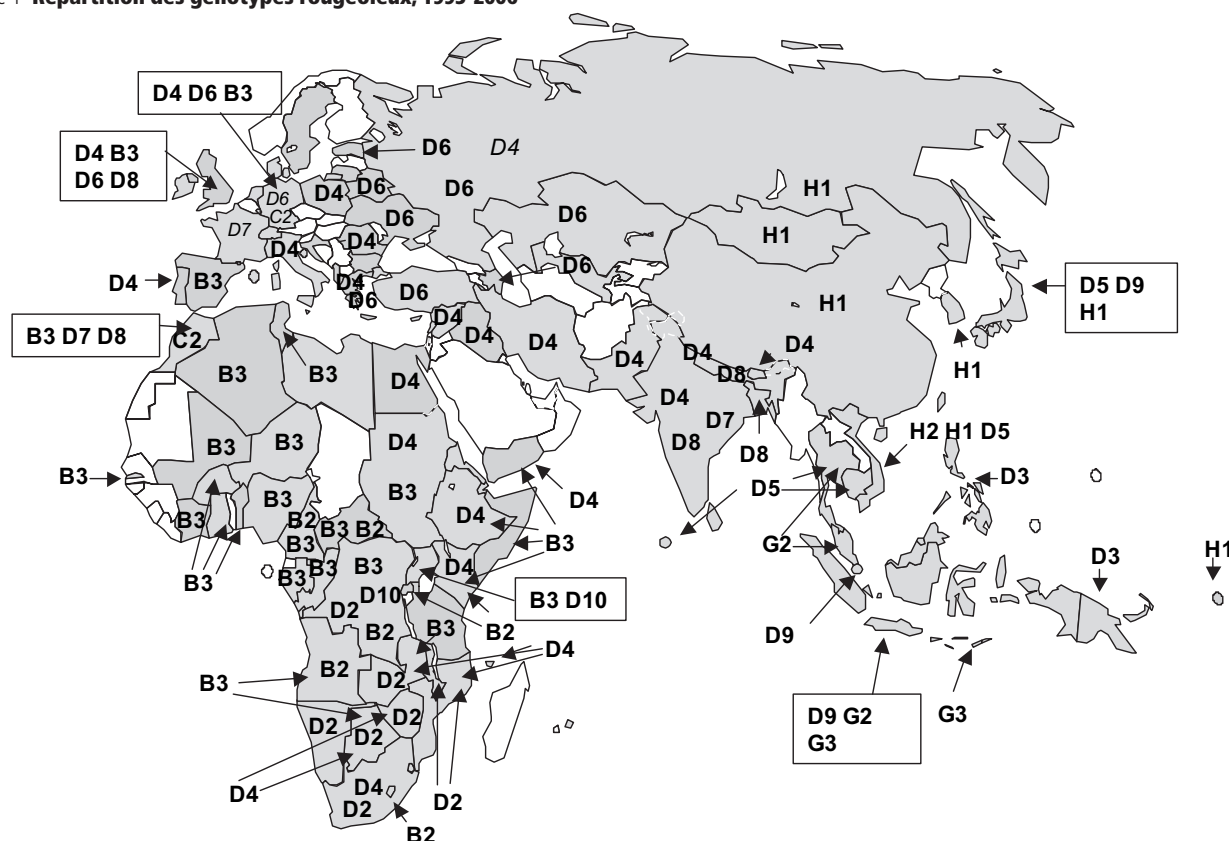
¹ See No. 44, 2005, pp. 384–388.

² See No. 35, 1998, pp. 265–272; No. 32, 2001, pp. 241–247; No. 33, 2001, pp. 249–251; No. 27, 2003, pp. 229–232; No. 14, 2005, pp. 126–132; No. 40, 2005, pp. 347–351.

¹ Voir N° 44, 2005, pp. 384–388.

² Voir N° 35, 1998, pp. 265–272; N° 32, 2001, pp. 241–247; N° 33, 2001, pp. 249–251; N° 27, 2003, pp. 229–232; N° 14, 2005, pp. 126–132; N° 40, 2005, pp. 347–351.

Map 1 **Distribution of measles genotypes, 1995–2006**
 Carte 1 **Répartition des génotypes rougeoleux, 1995–2006**



Gray shading = Countries reporting genotype information. – Pays communiquant des informations sur les génotypes.
 White shading = No genotype report or no reported measles cases. – Aucun génotype ou cas de rougeole signalé.
 Boxes – Boîtes = Detection of multiple genotypes in the indicated country. – Dépistage de plusieurs génotypes dans le pays indiqué.
 Italic – Italiques = Previously endemic genotypes in Europe. – Génotypes précédemment endémiques en Europe.

This map shows the geographical distribution of measles genotypes in regions that have not yet eliminated transmission. Data are cumulative and based on surveillance conducted between 1995 and 2006 (with the exception of the European Region). The Region of the Americas and Australia are not shown because these countries have eliminated measles and have detected multiple genotypes from imported cases. Because countries in the European Region have a complex genotypic pattern, only the genotypes associated with major outbreaks during 2005–2006 are shown. See text for information on other imported cases. Arrows indicate presence of genotype only; they do not indicate transmission pathways. – Cette carte illustre la répartition géographique des génotypes de virus rougeoleux dans les Régions où la transmission n'est pas encore éliminée. Les données sont cumulatives et résultent sur la surveillance exercée entre 1995 et 2006 (sauf pour la Région européenne). La Région des Amériques et l'Australie ne figurent pas sur la carte parce que la rougeole y a été éliminée et que les cas qui y sont importés correspondent à une multiplicité de génotypes. Les caractéristiques du génotype étant complexes dans les pays de la Région européenne, seuls les génotypes associés à d'importantes flambées entre 2005 et 2006 sont indiqués. Voir le texte de l'article pour les autres cas importés. Les flèches indiquent uniquement la présence des génotypes; elles n'indiquent pas les voies de transmission.

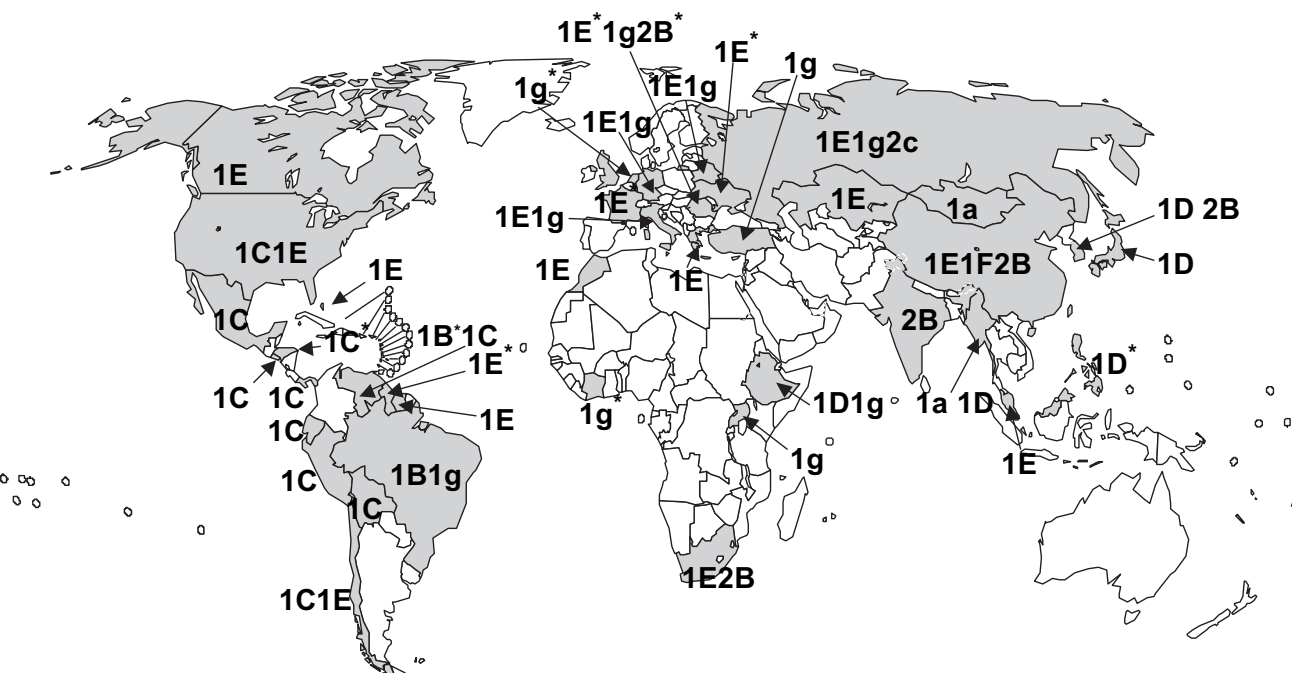
past 10 years. In the past 12 months, information on rubella genotypes has been reported from 6 countries for the first time. As more rubella viruses are characterized, some genotypes have been found to be widely distributed; subclassification of different lineages of such genotypes (such as 1g) may be necessary to track viral transmission pathways. The target of eliminating rubella by 2010 has been adopted in the Region of the Americas and the European Region, where there is an increased emphasis on virological surveillance for rubella viruses. In other regions, baseline genetic information on circulating rubella viruses is being collected primarily from isolates taken from specimens submitted for measles surveillance.

Continued development of coordinated virological surveillance for measles and rubella within the network will enhance surveillance for both diseases. The purpose of this report is to provide a brief update on the status of virological surveillance for measles and rubella in each of the WHO regions and, specifically, to describe the prevalent genotypes

10 dernière années. Au cours des 12 derniers mois, 6 pays ont pour la première fois communiqué des informations sur les génotypes rubéoleux. A mesure que l'on caractérise les virus rubéoleux, certains génotypes s'avèrent largement répandus; il peut être nécessaire de faire une classification secondaire des différentes lignées de génotypes (1g par exemple) pour retrouver les voies de transmission des virus. La Région des Amériques et la Région européenne se sont fixé l'échéance de 2010 pour éliminer la rubéole et accordent de plus en plus d'importance à la surveillance virologique des virus rubéoleux. Dans les autres Régions, les informations génétiques de référence sur les virus rubéoleux en circulation sont principalement obtenues à partir d'isollements provenant de prélèvements destinés à la surveillance de la rougeole.

Le développement continu de la surveillance virologique coordonnée de la rougeole et de la rubéole au sein du réseau permettra de mieux surveiller les deux maladies. Le présent rapport fait rapidement le point sur la surveillance virologique de la rougeole et de la rubéole dans toutes les Régions de l'OMS et, plus précisément, sur les génotypes et les chaînes

Map 2 **Global distribution of indigenous rubella viruses, 1995–2006**
Carte 2 **Répartition mondiale des virus rubéoleux indigènes, 1995–2006**



Data summarize information available as of the end of November 2006. Shading indicates countries where circulating rubella virus(es) have been identified. During this period some countries reduced indigenous rubella transmission to low levels (for example, Canada, the United Kingdom and the United States). – Les données récapitulent les informations dont on disposait à la fin de novembre 2006. Les pays grisés sont ceux où des virus rubéoleux circulants ont été identifiés. Pendant la période considérée, la transmission indigène de la rubéole a nettement faibli dans certains pays (par exemple au Canada, aux États-Unis et au Royaume-Uni).

* Viruses characterized after being imported into another country. – Virus caractérisés après avoir été importés dans un autre pays.

and chains of transmission. Greater emphasis is given to measles genotypes from imported cases than to genotypes from imported rubella cases, since virological surveillance of imported measles viruses is better established in the network.

African Region

The major focus in the African Region has been on expanding the genetic database for the region by characterizing the genotypes associated with endemic transmission of measles and rubella viruses. In some cases, measles and rubella genotypes have been determined by analysing serum samples submitted to the reference laboratories for confirmation of IgM antibody results as part of a quality assurance programme. Within measles virus clade D, genotype D2 viruses were found to be circulating in Botswana, Lesotho, Malawi, Mozambique, Namibia, South Africa and Zimbabwe. Genotype D4 viruses were detected in Botswana, the Comoros, Ethiopia, Kenya, Mozambique, South Africa, Zambia and Zimbabwe; genotypes D2 and D10 were identified in the Democratic Republic of the Congo. Within measles clade B, genotype B2 viruses were detected in Angola, the Central African Republic, the Democratic Republic of the Congo, Kenya, Rwanda and South Africa. Genotype B3 viruses were detected in Algeria, Angola, Benin, Botswana, Burkina Faso, Cameroon, Côte d'Ivoire, Kenya, Mali, Nigeria, Uganda and Zambia.

de transmission les plus courants. Les génotypes identifiés chez les cas importés de rougeole y tiennent une plus grande place que les génotypes observés chez les cas importés de rubéole car la surveillance des virus rougeoleux importés est plus développée dans le réseau.

Région africaine

La principale activité dans la Région africaine a consisté à développer la base de données génétiques de la Région en caractérisant les génotypes associés à la transmission endémique des virus de la rougeole et de la rubéole. Dans certains cas, les génotypes rougeoleux et rubéoleux ont été déterminés par analyse des prélèvements de sérum fournis aux laboratoires de référence pour confirmation de la sérologie des IgM dans le cadre de programmes d'assurance de la qualité. Dans le clade D des virus rougeoleux, on a constaté que des virus de génotype D2 circulaient en Afrique du Sud, au Botswana, au Lesotho, au Malawi, au Mozambique, en Namibie et au Zimbabwe. Des virus appartenant au génotype D4 ont été observés en Afrique du Sud, au Botswana, aux Comores, en Ethiopie, au Kenya, au Mozambique, en Zambie et au Zimbabwe; les génotypes D2 et D10 ont été mis en évidence en République démocratique du Congo. Dans le clade B, des virus de génotype B2 ont été décelés en Afrique du Sud, en Angola, en République centrafricaine, en République démocratique du Congo, au Kenya et au Rwanda. Des virus de génotype B3 ont été observés en Algérie, en Angola, au Bénin, au Botswana, au Burkina Faso, au Cameroun, en Côte d'Ivoire, au Kenya, au Mali, au Nigéria, en Ouganda et en Zambie.

In November 2005, 1 new genotype of rubella was detected in South Africa (1E), increasing the number of rubella genotypes in this region to 4: the other genotypes are 1D, 2B and 1g.

Eastern Mediterranean Region

Laboratories in the Eastern Mediterranean Region have improved virological surveillance for both measles and rubella, although gaps in virological surveillance still remain. As of November 2006, the following countries from the region have submitted measles viral isolates for genetic analysis: Egypt, Iraq, the Islamic Republic of Iran, the Libyan Arab Jamahiriya, Oman, Morocco, Sudan, the Syrian Arab Republic and Tunisia. Genotype D4 was identified from samples received from Egypt, Iraq, the Islamic Republic of Iran and the Syrian Arab Republic; genotype B3 was detected in cases imported into Tunisia from the Libyan Arab Jamahiriya. In Morocco, genotypes A, B3, D7 and D8 were identified in addition to the endemic genotype (C2). The multiple genotypes in Morocco were attributed to importations from west Africa and Europe. In Sudan, genotype D4 was recently identified in addition to the endemic genotype (B3). In 2005 and 2006, measles virus genotypes were detected from individuals who had travelled from the Eastern Mediterranean Region to the United States. The exports included genotype B3 from Somalia and Yemen, which had an identical sequence to viruses identified in west Africa, and genotype D4 from Yemen and Pakistan. Since 1995, Morocco has been the only country in the region to identify a genotype of rubella (1E).

European Region

During 2005–2006, a significant number of measles outbreaks were reported from the European Region; genetic characterization of viral strains has helped to suggest the sources of importation for most outbreaks. Most cases were linked to the major epidemics in Ukraine (genotype D6) and Romania (genotype D4) or to importations from Asia and Africa. The detection of viruses with identical genotype D6 sequences in Belarus, Bulgaria, Estonia, Germany, Latvia, the Russian Federation, Spain and the United Kingdom indicated an epidemiological link with Ukraine. Related genotype D6 viruses were detected in Denmark, Greece and Luxembourg. Genotype D6 viruses were also detected in Azerbaijan, Kazakhstan and Uzbekistan. The genotype D4 viruses that originated in Romania were also found in Germany, Portugal and Switzerland. A second cluster of genotype D4 viruses was detected in Denmark, Germany, Italy and Poland; viruses representing a third cluster of genotype D4 were detected in Albania, Denmark and Greece. Although the origin could not be identified for all genotype D4 strains, some were traced to importations from India or Pakistan. Several different lineages of genotype B3 were found in Denmark, Germany, Spain, Switzerland and the United Kingdom; these were most probably imported from sub-Saharan Africa.

Other genotypes were found in sporadic cases or small outbreaks; these included B2 in Germany; D5 in Denmark, Germany and the United Kingdom; D8 in Poland, Switzerland and

En novembre 2005, un nouveau génotype de rubéole a été décelé en Afrique du Sud (1E), ce qui porte à 4 le nombre de génotypes rubéoleux dans cette Région: les autres sont les génotypes 1D, 2B et 1g.

Région de la Méditerranée orientale

La surveillance virologique de la rougeole et de la rubéole exercée par les laboratoires de la Région de la Méditerranée orientale s'est améliorée mais reste lacunaire. En novembre 2006, les pays suivants avaient soumis des isolements de virus rougeoleux aux fins d'analyse génétique: Egypte, Iraq, Jamahiriya arabe libyenne, Maroc, Oman, République arabe syrienne, République islamique d'Iran, Soudan et Tunisie. Le génotype D4 a été identifié dans des échantillons en provenance d'Egypte, d'Iraq, de République arabe syrienne et de République islamique d'Iran; le génotype B3 a été mis en évidence chez les cas importés de Jamahiriya arabe libyenne en Tunisie. Au Maroc, les génotypes A, B3, D7 et D8 ont été identifiés en plus du génotype endémique (C2). La diversité des génotypes présents dans ce pays a été attribuée à des importations d'Afrique de l'Ouest et d'Europe. Au Soudan, le génotype D4 a été récemment observé en plus du génotype endémique (B3). En 2005 et 2006, on a génotypé les virus rougeoleux dont étaient porteurs des sujets s'étant rendus de la Région de la Méditerranée orientale aux Etats-Unis et mis en évidence le génotype B3 en provenance de Somalie et du Yémen et dont la séquence était identique à celle des virus identifiés en Afrique de l'Ouest, et le génotype D4 en provenance du Yémen et du Pakistan. Depuis 1995, le Maroc est le seul pays de la Région à avoir identifié un génotype rubéoleux (1E).

Région européenne

Un nombre important de flambées de rougeole ont été signalées dans la Région européenne en 2005 et 2006; la caractérisation génétique des souches virales a aidé à déterminer l'origine probable des cas importés ayant provoqué les flambées. La plupart des cas étaient liés aux grandes épidémies qui ont eu lieu en Ukraine (génotype D6) et en Roumanie (génotype D4) ou à l'importation du virus d'Asie et d'Afrique. La détection de virus de génotype D6 ayant des séquences identiques en Allemagne, au Bélarus, en Bulgarie, en Espagne, en Estonie, en Fédération de Russie, en Lettonie et au Royaume-Uni révèle un lien épidémiologique avec l'Ukraine. Des virus de génotype D6 apparentés ont été observés au Danemark, en Grèce et au Luxembourg. Des virus du même génotype ont aussi été décelés en Azerbaïdjan, au Kazakhstan et en Ouzbékistan. Des virus de génotype D4 originaires de Roumanie ont également été observés en Allemagne, au Portugal et en Suisse. Un second groupe de virus de génotype D4 a été décelé en Allemagne, au Danemark, en Italie et en Pologne; des virus constituant un troisième groupe de génotype D4 ont été observés en Albanie, au Danemark et en Grèce. L'origine de toutes les souches virales de génotype D4 n'a pas pu être déterminée, mais certaines avaient été importées d'Inde ou du Pakistan. Plusieurs lignées du génotype B3 ont été observées en Allemagne, au Danemark, en Espagne, au Royaume-Uni et en Suisse; selon toute probabilité, elles avaient été importées d'Afrique subsaharienne.

D'autres génotypes ont été identifiés chez des cas sporadiques ou lors de petites flambées: B2 en Allemagne; D5 en Allemagne, au Danemark et au Royaume-Uni; D8 en Polo-

the United Kingdom; D9 in the United Kingdom; H1 in Bulgaria, the Russian Federation and the United Kingdom; and G3 in the United Kingdom. Interestingly, genotypes C2 and D7, which were detected frequently in Europe before 2005, have not been observed during the past 2 years. Therefore, genotyping has revealed a multisource diversity of measles strains in Europe during 2005–2006. Some previously endemic genotypes appear to have been replaced by imported strains, which nevertheless found enough susceptible individuals to cause large outbreaks and continued transmission in many countries.

Information on rubella genotypes is increasing rapidly in the European Region. During 2004–2006, multiple lineages of genotypes 1g and 1E were detected in Belarus, and 1g and 1E have also been detected in the Russian Federation; 1E was detected in Kazakhstan. Earlier reports from Turkey (2001–2003) indicated that genotype 1g was circulating. During 2003–2005, the United Kingdom reported the importation of genotype 1D from the Philippines, genotype 1E from France and Romania, and genotype 1g from the Russian Federation.

Region of the Americas

Since measles has been eliminated in this region, virological surveillance in the Americas has focused on identifying the genotypes associated with imported cases. In 2005 and 2006, genotype information was obtained from cases in Brazil (D5), Canada (B2, B3, D4, D8, D9), Mexico (B3), the United States (B3, D4, D6, D8, D9, H1) and Venezuela (B3). In many of these cases, the sources of the imported viruses were known: B3 was imported from Kenya, Somalia, Spain and the United Kingdom; D4 was imported from Bangladesh, Germany, Pakistan and Romania; D5 was imported from the Maldives; D6 was imported from Armenia and Ukraine; D8 from Australia and India; D9 from Indonesia; and H1 from China and Hong Kong SAR (Special Administrative Region of China).

A single lineage of genotype B3 virus imported into the United States with refugees from Somalia was associated with additional cases in Canada and Mexico; another lineage of genotype B3 was detected in Venezuela following importation of the virus from Spain. In the United States, 2 relatively large outbreaks in Indiana (32 cases) and Massachusetts (17 cases) were linked to viruses imported from Romania (genotype D4) and India (genotype D8), respectively.

gne, au Royaume-Uni et en Suisse; D9 au Royaume-Uni; H1 en Bulgarie, en Fédération de Russie et au Royaume-Uni; et G3 au Royaume-Uni. Il est intéressant de noter que les génotypes C2 et D7, souvent observés en Europe avant 2005, n'ont pas été repérés depuis 2 ans. Le génotypage a révélé la présence de diverses souches de virus rougeoleux d'origine multiple en Europe en 2005 et 2006. Certains génotypes autrefois endémiques semblent avoir été remplacés par des souches importées, auxquelles suffisamment de sujets étaient sensibles pour qu'elles provoquent d'importantes flambées et pour que la transmission perdure dans de nombreux pays.

Le volume d'informations sur les génotypes rubéoleux augmente rapidement dans la Région européenne. Entre 2004 et 2006, de multiples lignées de virus de génotypes 1g et 1E ont été observées au Bélarus, et les génotypes 1g et 1E ont aussi été décelés en Fédération de Russie; le génotype 1E a été mis en évidence au Kazakhstan. Les informations communiquées antérieurement par la Turquie (2001–2003) indiquaient que le génotype 1g était en circulation. Entre 2003 et 2005, le Royaume-Uni a fait état de l'importation du génotype 1D des Philippines, du génotype 1E de la France et de la Roumanie et du génotype 1g de la Fédération de Russie.

Région des Amériques

Depuis que la rougeole a été éliminée de la Région, la surveillance virologique consiste à identifier les génotypes associés aux cas importés. En 2005 et 2006, des informations ont été obtenues sur les génotypes des virus à l'origine de cas au Brésil (D5), au Canada (B2, B3, D4, D8, D9), aux États-Unis (B3, D4, D6, D8, D9, H1), au Mexique (B3) et au Venezuela (B3). Pour beaucoup de ces cas, l'origine du virus importé était connue; le génotype B3 était importé d'Espagne, du Kenya, du Royaume-Uni et de Somalie; le D4 d'Allemagne, du Bangladesh, du Pakistan et de Roumanie; le D5 des Maldives; le D6 d'Arménie et d'Ukraine; le D8 d'Australie et d'Inde; le D9 d'Indonésie; et le H1 de Chine et de Hong Kong RAS (région administrative spéciale de Chine).

Une seule lignée du virus de génotype B3 importé aux États-Unis par des réfugiés somaliens a été associée à d'autres cas au Canada et au Mexique; une autre lignée du génotype B3 a été décelée au Venezuela suite à l'importation du virus d'Espagne. Aux États-Unis, 2 flambées relativement importantes dans l'Indiana (32 cas) et le Massachusetts (17 cas) ont été imputées à des virus importés respectivement de Roumanie (génotype D4) et d'Inde (génotype D8), respectivement.

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_29703

