

東京都における麻疹の流行状況について (2011)

長谷川 道弥, 田部井 由紀子, 岡崎 輝江, 細矢 博子, 岩崎 則子,
菅野 このみ, 秋山 麻里, 林 志直, 甲斐 明美

Measles Epidemic in Tokyo (2011)

Michiya HASEGAWA, Yukiko TABEL, Terue OKAZAKI, Hiroko HOSOYA, Noriko IWASAKI,
Konomi KANNO, Mari AKIYAMA, Yukinao HAYASHI and Akemi KAI

東京都における麻しんの流行状況について (2011)

長谷川 道弥^a, 田部井 由紀子^a, 岡崎 輝江^a, 細矢 博子^a, 岩崎 則子^a,
菅野 このみ^a, 秋山 麻里^a, 林 志直^a, 甲斐 明美^b

東京都は2010年から積極的疫学調査事業として「麻しんの全数検査」を実施し、麻しんと診断された患者検体を可能なかぎり確保し、遺伝子検査による診断を行う体制を整えている。2010年にはそれらの検体からの麻しんウイルスの検出例はワクチン由来株1件のみであった。しかし、2011年1月下旬に、都内では過去には検出されることがなく、輸入例と思われる遺伝子型の麻しんウイルスが2例検出された。その後都内では4月をピークとし、5月末まで続く麻しんの流行が見られた。今回はその流行状況について、検出された麻しんウイルスの遺伝子解析結果ならびに疫学調査結果をあわせて報告する。

キーワード: 麻しん, 遺伝子型別, D4, D8, D9, 輸入感染例, 分子疫学, 麻疹, 流行, 疫学調査, 2011

はじめに

麻しんウイルスは、A から H までの 8 群, 23 遺伝子型に分類されており、世界の様々な地域で異なる遺伝子型の同ウイルスによる麻しんが流行している¹⁾。従来、日本で流行していた麻しんウイルスの遺伝子型は主に D3, D5 型であったが²⁾、2001 年における都内の麻しんウイルス流行株は 2000 年に韓国で流行した H1 型と同一であることが遺伝子解析によって明らかになり³⁾、輸入感染例を視野に入れた遺伝子型別調査の必要性が認識された。その後、2007 年にも都内で大規模な成人麻しんの流行があったが、流行株は国内型の D5 型であった。都民の麻しんウイルスに対する抗体保有状況の調査結果から、麻しん流行の原因が、社会における麻しんウイルスの感染機会の減少による抗体価の低下にあることが示唆され⁴⁾、1 回のみワクチン接種による麻しん予防の限界が明らかとなった。現在は経過措置を含む、複数回のワクチン接種プログラムに移行している⁵⁾。

我が国では 2012 年までに麻しんを排除することを目標としてこれに取り組んでおり⁵⁾、健康安全研究センターでは、より正確な麻しんの都内流行状況を把握するため、2010 年 7 月 1 日から、感染症発生动向調査の全数報告による届け出のあった麻しん患者のうち、臨床診断による事例について患者検体の遺伝子検査を当所負担で行う「麻しんの病原体レファレンス事業」を開始した⁶⁾。同年 12 月 1 日から都は積極的疫学調査事業として「麻しんの全数検査」を実施し、麻しんと判断された患者検体を可能なかぎり確保し、遺伝子検査を行なっている^{7,8)}。

2010 年にはそれらの検体からは、麻しんのワクチン由来株と思われる A 型の麻しんウイルスが 1 件検出されただけであったが、2011 年 1 月下旬に過去に都内での検出

報告のない、輸入感染例と思われる D4 型と D9 型の麻しんウイルスが検出された。その後、しばらくは D9 型のウイルスによる散発事例が見られたが、4 月に入ると D4 型を主とする流行が 5 月末まで続き、同時期に D8 型の麻しんウイルスも 1 件検出された。

こうしたことから今回は、ウイルスの遺伝子解析結果、患者の疫学調査結果とあわせて 2011 年 5 月までの麻しんの流行状況を報告する。

実験方法

1. 検査材料

2011 年 1 月から 6 月末までに、「麻しん発生届」の出された患者 192 人から採取された 207 検体 (咽頭ぬぐい液 187 検体, 尿 7 検体, 血液 13 検体) を検査材料とした。

2. 検査方法

1) 検体からの遺伝子抽出

咽頭ぬぐい液、尿からの遺伝子の抽出は、検体 1000 μ L に 24% polyethylenglycol/4% NaCl を 500 μ L 加え、4°C で一晩放置した。これを 12,000 rpm, 4°C で 30 分間遠心し、沈渣を検査材料とした。血液については LeucoSep リンパ球分離チューブ (グライナー・ジャパン) を用いてリンパ球を採取し、検査材料とした。RNA の抽出はセパジーン RVR (三光純薬) を用いた。

2) RT-Nested PCR

cDNA の作成のため、AMV Reverse Transcriptase XL (TOYOBO) を使用し、56°C 1 分, 41°C 60 分, 92°C 5 分の温度条件で逆転写反応と逆転写酵素の不活化を行った。

麻しんウイルスの N 遺伝子領域の RT-PCR については、感染研の遺伝子診断マニュアル (第 2 版) に準じて行った。

^a 東京都健康安全研究センター微生物部ウイルス研究科
169-0073 東京都新宿区百人町 3-24-1

^b 東京都健康安全研究センター微生物部
169-0073 東京都新宿区百人町 3-24-1

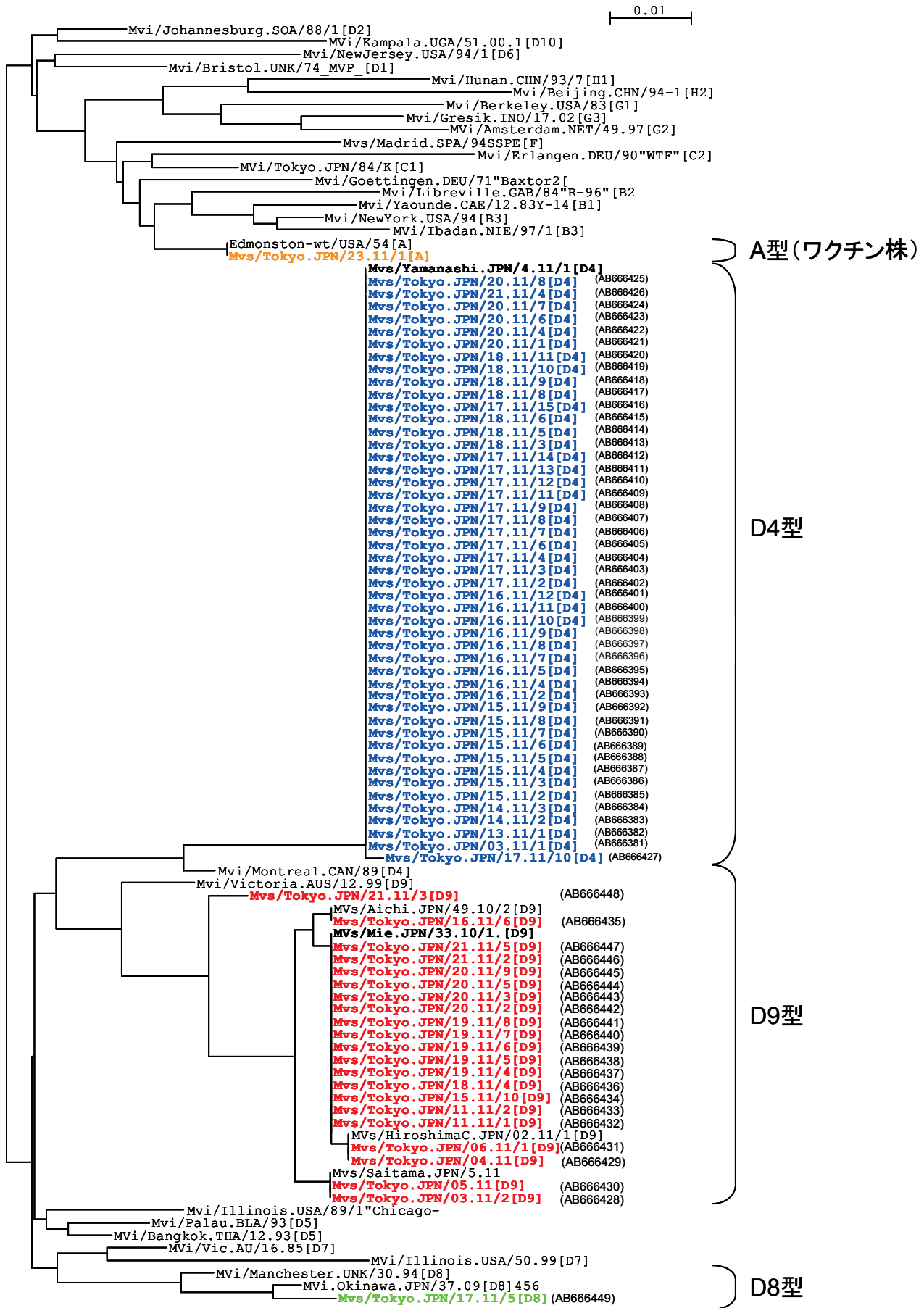


図1. 2011年に都内で検出された麻疹ウイルスのN遺伝子 (456bp) の分子系統樹

すなわち, 1st PCRは, cDNA 5 μLを鋳型として, プライマー (pMvGTf1m: 5'- CGR TCT TAC TTY GAT CCR GC - 3', pMvGTf1r: 5'-TTA TAA CAA TGA TGG AGG-3') を用い, 98°C 10秒, アニーリング53°C 30秒, 72°C 1分を30サイクルの反応条件で行った. Nested PCRとシーケンスのプライマーには, pMvGTf2m: 5' -AGA YTA GGR CAR GAG ATG GT -3', pMvGTf2r: 5'-GAG GGT AGG CGG ATG TTG TT-3'を使用し1st PCRと同じ温度条件で行なった. PCR産物は, 2%アガロースゲルにて電気泳動し, UV照射下で目的とするバンド (1st: 574 bp, Nested: 533 bp) を確認した.

3) リアルタイムPCR

伝播力の非常に強い麻しんウイルスの感染防止対策の一助として, 当所では迅速な検査判定を行えるように, HA領域を標的とした, 田部井らの方法による麻しんウイルス検出リアルタイムPCR法をあわせて行った⁹⁾.

4) ダイレクトシーケンス法による遺伝子配列の決定

RT-nested PCR法により, 標的遺伝子の増幅を確認したPCR増幅産物をDNA精製キットQIAquick PCR Purification Kit(QIAGEN)にて精製してシーケンス試料とした. これにBigDye® Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit(Applied Biosystems;ABI)を用いてシーケンス反応を行ない, ABI PRISM 3130 Genetic Analyzerにて塩基配列を決定した.

5) 遺伝子解析

得られた標的遺伝子領域の塩基配列は, Chromas Pro (Technelysium Pty Ltd) 及びGENETYX (株式会社ゼネテックス) を用いてアライメントを行い, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) により国立生物工学情報センター (National Center for Biotechnology Information ; NCBI) 登録ウイルス遺伝子との相同性解析及び, N遺伝子の部分塩基配列 (456bp) を標的とするNeighbor-Joining法による系統樹解析を行った.

6) 疫学情報

麻しんウイルスが検出された患者については, 都内各保健所から東京都感染症対策課に届けられる「麻しん発生届」ならびに「保健所における麻しん対応調査票」により, 発病年月日, 検体採取日, 推定感染地 (海外渡航歴), 麻しんワクチン接種状況等の情報を得た.

結果及び考察

1. 遺伝子解析結果

2011年1月から6月末までに搬入された192件, 207検体 (咽頭ぬぐい液187検体, 尿7検体, 血液13検体) について遺伝子検査を行った結果, 72件, 79検体から麻しんウイルスの遺伝子を検出した. また, 検出された麻しんウイルスのN遺伝子の部分塩基配列456塩基対において系統樹解析を行った. 結果は, 麻しんウイルスD4型47件, D9型21件, D8型1件, A型1件, 型別不明2件 (遺伝子量の不足の為) であった. その解析結果を図1に示す.

2. 検出時期

2011年における都内の麻しんウイルスの検出は, 第3週 (1月19日搬入) から第22週 (5月30日) まで続いた. 遺伝子型別にみた麻しんウイルスの週ごとの検出状況を図2に示す.

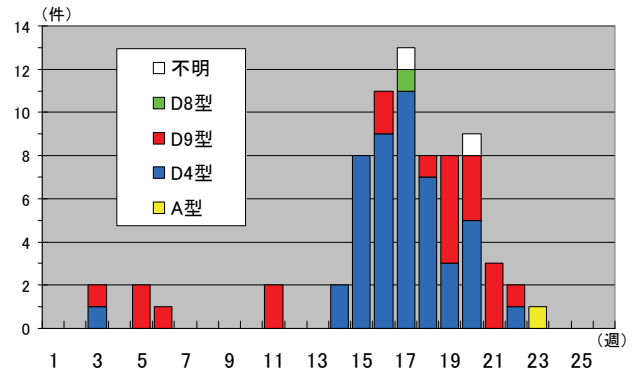


図2. 遺伝子型別に見た週別の麻しんウイルス検出状況

1月にはD4型, D9型が同時期にそれぞれ1件検出されたが, 以降は, 断続的なD9型の検出が続いた. しかし, 第14週 (4月4日) からはD4型の麻しんウイルスを主とする大きな流行が見られ, 22週 (5月30日) まで検出が続いた. 第19週からはD9型の検出割合も多くなったが, 第22週 (5月30日) にD4型とD9型の麻しんウイルスが1件ずつ検出され, 次週23週にワクチン接種歴のある患者からワクチン由来株と思われるA型の麻しんウイルスを検出したのを最後に, 2ヶ月以上麻しんウイルスの検出はない. 麻しんの報告数は通常の水準に戻り, 流行曲線や麻しんPCRの結果から麻しんの流行は終息したと考えられた¹⁰⁾.

3. 遺伝子型別にみた流行状況

次に, 麻しんウイルスの遺伝子型別の検出状況, 系統樹解析結果ならびに疫学情報等について報告する.

1) 麻しんウイルスD4型

D4型の麻しんウイルスは, 今回の流行で47件と最も多く検出された. その週毎の検出状況と麻しん輸入例との関係を図3に示す.

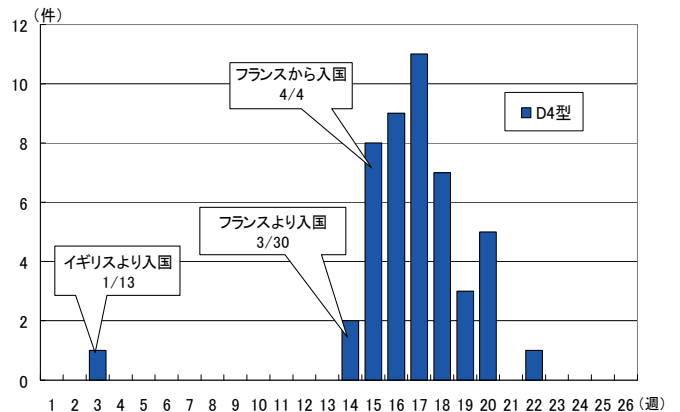


図3. D4型麻しんウイルスの週別検出状況と輸入感染例

WHOの発表によると、2011年は4月までに欧州の30カ国で計6500件の麻しんの発生が報告され、特にフランスでは今年の1月から3月までに患者4937人に達する大規模な流行がみられた¹¹⁾。

今回の流行において最初に検出されたD4型の麻しんウイルスは、第3週にイギリスから入国した外国人患者検体（咽頭拭い液）由来のものであった。同患者は入国の2日前に既に麻しんを発症していたことから、麻しんの輸入症例と考えられた。その後第13週までの約2ヶ月の間、D4型麻しんウイルスは検出されなかったが、第14週にはヨーロッパ（滞在地：フランス、ドイツ、スイス）から3月13日に帰国した旅行者が帰国後13日目に発症（推定感染地：不明）、さらにフランスから入国した外国人が入国後2日目に発症したとの届出があり、それぞれの患者検体からD4型の麻しんウイルスが検出された。また、続く第15週にはフランスから入国後、5日目に発症した外国人患者からも同様にD4型の麻しんウイルスが検出された。その後は、国内感染が疑われる患者からの同型の麻しんウイルスの検出が急増し、17週を頂点とし第22週まで続く、ほぼ1峰性の検出状況を示した。

D4型の麻しんウイルスの都内流行株の系統樹解析の結果は、図1に示したとおり、同じ塩基配列を持つ同一群を形成していた。Mvs/Tokyo.JPN/17.11/10[D4]株は他のD4型株と1塩基の違いがみられたが、アミノ酸のレベルにおいては同一であった。N遺伝子の塩基配列を基にGenBank登録株との相同性検索を行った結果、同じD4型の遺伝子を持つ麻しんウイルスは、国内では相模原市MVs/Sagamihara C.JPN/17.11/1012[D4]（AB644398.1）、川崎市MVs/Kawasaki.JPN/17.11/M4[D4]（AB641131.1）、神戸市Mvi/Kobe.JPN/17.11/110064[D4]（AB640862.1）、大阪市MVi/Osaka C.JPN/9.11 [D4]（AB626984.1）、山梨県Mvs/Yamanashi.JPN/4.11/1[D4]（AB615332.1）等の各地方衛生研究所から報告されている。また、大阪市と神戸市ではD4型麻しんウイルスがフランスからの帰国者より検出されたとの報告があった¹²⁾。同型のウイルスの最古の検出記録は、2008年にフランスで検出されたMvs/Montaigu.FRA /43.08（GQ428173.1）で、株の由来は不明とされている¹³⁾。

2) 麻しんウイルスD9型

D9型の麻しんウイルスは21件検出されているが、系統樹解析の結果から、さらに5つのグループに分けられた。D9型麻しんの系統樹を拡大し、グループ分けしたものを図4に示す。

またこれらのグループの、都内での毎週の検出状況と輸入感染事例について図5に示す。

(1) D9型グループ①

流行初期に都内で2株検出されたグループで、第1例目となる、第3週に検体が搬入された患者は、シンガポール・スリランカからの帰国者であった。当該患者は麻しん発生届けによると、帰国3日前にすでに麻しんを発症してい

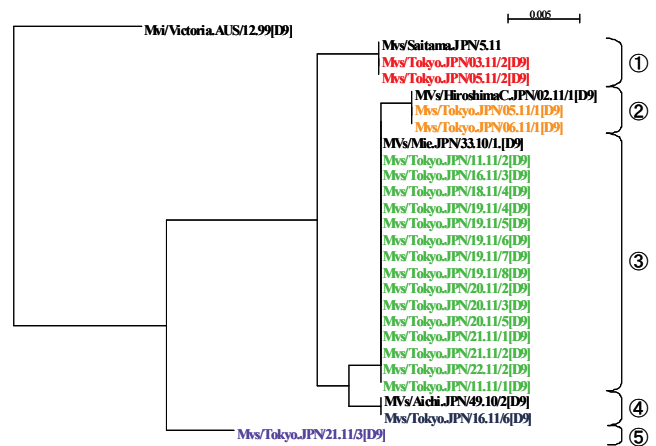


図4. D9型麻疹ウイルスのN遺伝子の分子系統樹により分けられた5つのグループ

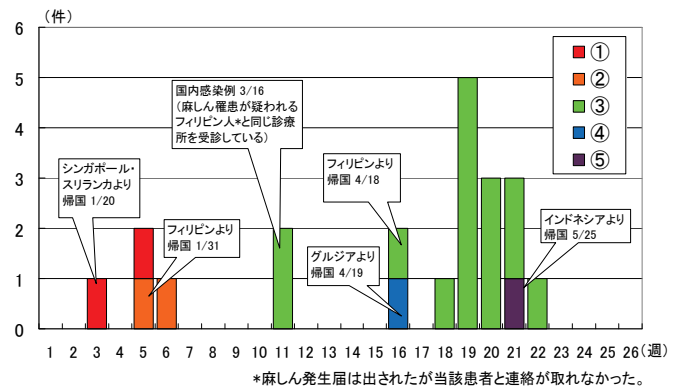


図5. D9型麻しんウイルスの週別検出状況と輸入感染例

ることから、外国からの麻しんの輸入例と考えられた。2例目として第5週に麻しんウイルスが検出された患者の居住地は、1例目の患者の居住区と隣接しており、さらに麻しんの診察の際には1例目の患者の居住地と同一区内の病院を受診していることから、患者同士の接触の可能性も考えられたが、それを裏付ける情報はなかった。

当該ウイルスのN遺伝子の部分塩基配列456塩基対を対象としたGenBank登録株との相同性解析によると、埼玉県で、都内2例目の患者発生と同時期（第5週）に、渡航歴のない散发例¹²⁾から検出されたMvs/Saitama.JPN/5.11（AB619798.1）株と100%一致であった。

(2) D9型グループ②

都内5週と6週に麻しんウイルスが検出されたグループで、5週に同ウイルスが検出された患者はフィリピンから帰国して7日目に発症しており、第6週に同ウイルスが検出された患者はその接触者であることが確認された。

N遺伝子456部分塩基対を対象としたGenBank登録株との相同性解析を行った結果、当該塩基配列が一致する麻しんウイルスは、香川県MVs/Kagawa.JPN/06.11/1[D9]（AB617831.1）と広島県MVs/HiroshimaC.JPN/02.11/1[D9]（AB611685.1）であった。これらは広島におけるフィリピンからの麻しんの輸入例および関連患者であることが報

告されている¹⁴⁾.

(3) D9型グループ③

今回の麻しんの流行で検出された麻しんウイルスD9型の中では最も検出が多く、15例が検出されたグループである。最初に検出されたのは、第11週に検体搬入された、渡航歴のない患者2人の検体からであった。うち一人は、麻しんの疑われる外国人と同じ診療所を受診していたとの情報があったが、当該外国人とは連絡が取れず、調査は出来なかった。もう一人の患者の居住地は当該診療所の近隣であったが、両者の接触についての情報はない。第11週の発生以降、約1ヶ月間は同型のウイルスによる麻しんの発生はみられなかった。しかし、第16週にフィリピンからの帰国者が帰国後4日目に同グループに属するウイルスによる麻しんを発症し、その1週間後の第18週以降から第22週まで当該ウイルスによる12人の麻しん患者の発生が見られた。調査によると、患者全員に海外渡航者はなく、ほとんどが同一区内における国内感染例と考えられた。

N遺伝子456部分塩基を対象としたGenBank登録株との同源性検索では、2010年7月に愛知県で発生したフィリピンからの輸入感染例¹⁵⁾において検出された株 MVs/Aichi.JPN/28.10 (AB576545.1)、また2010年8月に三重県においてフィリピンからの帰国者より麻しんウイルスが検出された事例¹⁶⁾において検出された株 MVs/Mie.JPN/33.10/1 (AB587988.1) と塩基配列が100%一致した。

(4) D9グループ④

第16週に、グルジアから帰国後9日目に発症した患者から検出された型で、同グループの麻しんウイルスの検出はこの1件のみであった。N遺伝子の部分塩基配列における同源性検索では、2010年11月に愛知県で検出されたフィリピンからの輸入症例¹⁷⁾ MVs/Aichi.JPN/47.10 (AB602912.1) と塩基配列が一致していた。グルジアにおける同型の麻しんの報告のないことから、帰国途中の経由地での感染も疑われた。

(5) D9型グループ⑤

第21週にインドネシアから帰国後8日目に発症した患者1名から検出された型である。同源性検索では100%一致する塩基配列を持つ麻しんウイルスの報告はなかったが、2005年に英国のブリストルで検出された株 (MV/Bristol.GBR/13.05) ならびに2006年に愛知県で検出された株 (MVi/Aichi.JPN/44.06) に最も近く、一致率は99.6% (454/456bp) であった。

D9型の麻しんウイルスのN遺伝子456塩基対の塩基配列を解析することにより、都内で検出されたD9型の麻しんウイルスは、5つのグループに分けられた。また、それぞれの株が、主に東南アジア、特にフィリピンを中心とする様々な国から近年、日本各地に侵入を繰り返している実態が明らかとなった。

3) 麻しんウイルスD8型

D8型の麻しんウイルスは第17週にタイからの帰国者1

名より検出された。患者は帰国の5日前にタイで既に発症していたとの報告があった。今回の流行においてD8型の麻しんの検出はこの事例のみであった。GenBank登録株との同源性検索では、N遺伝子の部分塩基配列456塩基が100%一致する株は見られなかったが、インドで検出されたD8型の分離株 (MVi/Villupuram.Ind/03.07) と99.6% (453/456bp) 一致した。

4) 麻しんウイルスA型

A型の麻しんウイルスが1件検出された。A型の麻しんウイルスは、日本国内でワクチン株として使用されている株である。本件でもその後の調査で、患者が発病の9日前にMRワクチンの接種を受けていることが判明した。

麻しん遺伝子型	都内輸入感染例 渡航国(件数)	国内における同型麻しんウイルスの検出状況*
D4型 (46件)	イギリス(1) フランス(2)	山梨県2011年1月 大阪府2011年3月(フランスからの帰国者) 川崎市2011年4月 相模原市2011年4月 神戸市2011年5月(フランスからの帰国者)
D8型	タイ(1)	なし
D9型	グループ① (2件)	シンガポール・ スリランカ(1)
	グループ② (2件)	フィリピン(1)
	グループ③ (15件)	フィリピン(1)
	グループ④ (1件)	グルジア(1)
	グループ⑤ (1件)	インドネシア(1)

* N遺伝子の部分塩基配列456塩基対が100%一致した株を同型とした

表1. 都内検出ウイルスと国内検出同型ウイルスの関係

2011年6月までに都内で検出された麻しんウイルスの遺伝子型と他の道府県から検出された麻しんウイルスの遺伝子型の関係を表1にまとめた。

4. 流行地域

D4型の麻しんウイルス検出は、主に23区南西部において感染の拡大が見られ、都内を中心とした広域の流行となった。それに対し、D9型の麻しんの流行地は、主に23区東部の一区内を中心としたものであった。D8型の麻しんウイルスは、海外から帰国後に他県から都内の医療機関を受診した1例のみであった。

5. ワクチン接種歴

今回麻しんウイルス遺伝子が検出された患者(ワクチン由来株であるA型と、ワクチン接種歴不明のD8型検出例1件を除く)71名の麻しんワクチン接種状況を図5に示す。71名中34名(47.9%)がワクチン未接種者であった。ワクチンを2回以上摂取している患者は4名(5.6%)、一回ワクチン接種を行っているのは9名(12.7%)のみであった。東京都の2009年度の流行予測調査結果による都民の麻しんワクチンの接種率が81.8%であったのに対し、今回麻しんウイルスが検出された患者のワクチン接種率は18.3%と著しく低い値であった。4年前2007年の流行では、ワクチン接種後の経時的抗体価の減少を原因とする成人麻しん患者が流行の主役であったが、今回の流行では、ワクチン

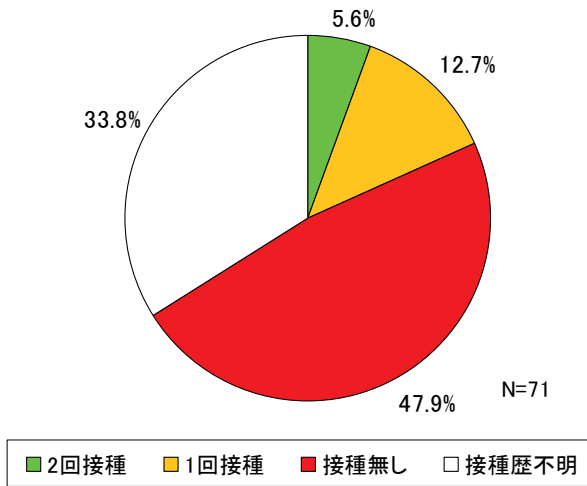


図7. 麻疹患者のワクチン接種歴

未接種者が患者の約半数を占めている事が判明した。

D9型の麻疹ウイルスが検出された患者の平均年齢は15.2歳(9ヶ月~45歳), ワクチン接種率は14.3%(1回14.3%, 2回0%) 未接種者61.9%, 接種歴不明23.8%であった。D4型の麻疹ウイルスが検出された患者の平均年齢は23.7歳(10ヶ月~46歳)で, ワクチン接種率は, 17.0%(1回10.6%, 2回6.4%) 未接種者44.7%, 接種歴不明23.8%であった。ウイルスの遺伝子型別にみた接種歴に有意の差はみられなかった。D4型の麻疹ウイルスが検出された患者において接種歴不明者が多いのは, D9型の麻疹ウイルス検出患者の平均年齢が15.2歳であるのに対し, D4型の麻疹ウイルス検出患者の年齢が23.7歳と差があることが, 疫学調査に影響しているものと思われた。

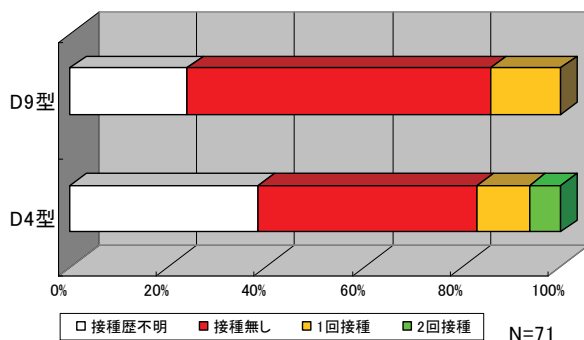


図8. 麻疹の遺伝子型別にみた患者のワクチン接種歴

ま と め

2011年1月から5月末までの期間東京都内で麻疹の流行が見られ, 麻疹と診断された検体から, D4型, D9型, D8型, A型の麻疹ウイルスが検出された。これらの麻疹ウイルスは約半年の間にD4型2回, D8型1回, またD9型に至っては5回に渡って海外から都内へ侵入を繰り返していた事がわかった。さらに, N遺伝子の部分塩基配列における系統樹解析により, D9型の5つのグループは近年日本

各地において輸入症例として検出され, 地域流行を起こした麻疹ウイルスとの関連性が明らかになった。これらのことから, 今回の外国からの都内への麻疹ウイルスの侵入が一時的なものではなく, 日本各地で近年多発している輸入感染例とも無関係ではないことが判明した。今回の麻疹の流行ウイルス株の遺伝子解析や疫学調査の結果から, 日本は従来から言われているような「麻疹の輸出国」¹⁸⁾から, 麻疹ワクチンの接種率の向上による, 国内麻疹発生事例の減少等により, 近年はむしろ「麻疹の輸入国」へと変化していることが明らかとなった。

麻疹排除という目標のためには, 行政と医療機関との連携による患者の早期発見, PCR法による遺伝子診断に加え, 麻疹の輸入症例感知のための遺伝子解析を含む分子疫学調査機能の充実と, 麻疹ワクチン接種率の更なる向上に向けた取り組みが重要である。

文 献

- 1) WHO: Weekly Epidemiological Record, **80**(40), 341-352, 2005.
- 2) 中山哲夫: ウイルス, **59**(2), 257-266, 2009.
- 3) 田部井由紀子, 長島真美, 長谷川道弥, 他: 東京健安研七周年報, **54**, 32-35, 2003.
- 4) 長谷川道弥: 東京都微生物検査情報, **29**(1), 1-2, 2008.
- 5) 麻疹に関する特定感染症予防指針(平成19年12月28日厚生労働省告示第442号)。
- 6) 東京都健康安全研究センター: 22健研管第1400号, 麻疹に係る東京都健康安全研究センター病原体レファレンス事業の実施について(通知), 2010.
- 7) 東京都福祉保健局健康安全部長: 平成22年12月6日, 麻疹検体の搬入について(依頼)。
- 8) 厚生労働省健康局結核感染症課長: 健感発1111第2号, 麻疹の検査診断について(通知), 2011.
- 9) 田部井由紀子, 菅野このみ, 他: 東京健安研七周年報, **62**, 43-48, 2011.
- 10) 東京都健康安全研究センター疫学情報室: 感染症通信, **20**, 2011.
- 11) World Health Organization/Europe, Information for media: Measles outbreaks spread across Europe: European Immunization Week offers chance to promote immunization, <http://www.euro.who.int/en/what-we-publish/information-for-the-media/sections/latest-press-releases/measles-outbreaks-spread-across-europe-european-immunization-week-offers-chance-to-promote-immunization> (2011年8月21日現在, なお本URLは変更または抹消の可能性がある)
- 12) 国立感染症研究所: 病原微生物検出情報, 麻疹ウイルス分離・検出速報, 2009~2011年 <http://idsc.nih.go.jp/iasr/measles.html> (2011年8月21日現在, なお本URLは変更または抹消の可能性がある)

- 13) Waku-Kouomou, D., Freymuth, F., du Chatelet, I.P., *et al.*:
J. Med. Virol., **82**(6), 1033-1043, 2010.
- 14) 国立感染症研究所感染情報センター：病原微生物検出
情報, **32**, 144-145, 2011.
- 15) 国立感染症研究所感染情報センター：病原微生物検出
情報, **31**, 271-272, 2010.
- 16) 国立感染症研究所感染情報センター：病原微生物検出
情報, **31**, 327-328, 2010.
- 17) 国立感染症研究所感染情報センター：病原微生物検
出情報, **32**, 45-46, 2011.
- 18) 岡部信彦：ウイルス, **57**(2), 171-180, 2007.

Measles Epidemic in Tokyo (2011)

Michiya HASEGAWA^a, Yukiko TABEL^a, Terue OKAZAKI^a, Hiroko HOSOYA^a, Noriko IWASAKI^a,
Konomi KANNO^a, Mari AKIYAMA^a, Yukinao HAYASHI^a and Akemi KAI^a

The Tokyo Metropolitan Government has conducted measles surveillance and specimen collection from patients clinically diagnosed with measles since November 2010. All specimens were assayed to detect measles virus by genetic amplification. In 2010, only 1 case was positive for measles virus, and the strain was vaccine-derived. However, in late January 2011, the genotypes of detected strains from 2 cases had never been reported in Tokyo, so these were probably cases outside Tokyo. Reports of measles cases based on clinical diagnosis peaked in April, and the epidemic continued until the end of May. We report the results of genetic analyses and epidemiological studies of measles virus detected in Tokyo in 2011.

Keywords: measles, genotype, D4, D8, D9, imported infections, molecular epidemiology, epidemic, 2011

^a Tokyo Metropolitan Institute of Public Health,
3-24-1, Hyakunin-cho, Shinjuku-ku, Tokyo 169-0073, Japan