

Meldunek 10/A/03

o zachorowaniach na choroby zakaźne i zatruciach związkami chemicznymi zgłoszonych w okresie od 1.10 do 15.10.2003 r.

Jednostka chorobowa (symbole wg "Międzynarodowej Statystycznej Klasyfikacji Chorób i Problemów Zdrowotnych" ICD-10)	Meldunek 10/A		Dane skumulowane	
	1.10.03. do 15.10.03.	1.10.02. do 15.10.02.	1.01.03. do 15.10.03.	1.01.02. do 15.10.02.
Choroba wywołana przez ludzki wirus upośl.odp.: ogółem (B20-B24)	1	4	79	94
Dur brzuszny (A01.0)	-	-	-	5
Dury rzekome A.B.C. (A01.1-A01.3)	-	-	1	1
Salmonelozy: ogółem (A02)	884	1093	14101	18051
Czerwonka bakteryjna /szigelozą/ (A03)	-	15	67	212
Inne bakteryjne zakażenia jelitowe: ogółem (A04)	167	167	3195	3723
Wirusowe i inne określone zakażenia jelitowe: ogółem (A08)	178	73	6812	5647
Biegunki u dzieci do lat 2: ogółem (A04; A08; A09)	533	494	13779	15110
w tym: BNO, prawdopodobnie pochodzenia zakaźnego (A09)	336	351	7941	9344
Tężec: ogółem (A33-A35)	2	1	23	17
Błonica (A36)	-	-	-	-
Krztusiec (A37)	76	84	1566	1294
Szkarlatyna /płonica/ (A38)	128	106	2763	3377
Zapalenie opon mózgowych: razem	99	158	1397	1461
w tym: meningokokowe (A39.0)	3	5	46	60
wywołane przez <i>Haemophilus influenzae</i> (G00.0)	2	6	38	52
inne bakteryjne, określone i nie określone (G00.1-G00.9)	21	36	462	471
wirusowe, określone i nie określone (A87; B00.3; B02.1)	66	99	719	739
inne i nie określone (G03)	7	12	132	139
Zapalenie mózgu: razem	44	25	561	413
w tym: meningokokowe i inne bakteryjne: ogółem (A39.8; G04.2)	2	3	88	86
wirusowe, przenoszone przez kleszcze (A84)	23	10	230	110
inne wirusowe, określone (A83; A85; B00.4; B02.0; B25.8)	3	-	33	19
wirusowe, nie określone (A86)	11	7	137	133
poszczepienne (G04.0)	-	-	-	1
inne i nie określone (G04.8-G04.9)	5	5	73	64
Riketsjozy: ogółem (A75-A79)	-	-	1	1
Ostre nagminne porażenie dziecięce, łącznie z poszczepiennym (A80)	-	-	-	2
Ospa wietrzna (B01)	2123	1433	77383	67217
Odra (B05)	-	-	41	27
Różyczka: ogółem (B06; P35.0)	117	178	9868	39490
Wirusowe zap. wątroby: typu A (B15)	2	7	105	285
typu B (B16; B18.0-B18.1)	68	83	1297	1477
typu C (B17.1; B18.2)	88	77	1566	1455
typu B+C (B16; B18.0-B18.1 + B17.1; B18.2)	4	8	85	57
inne i nieokreśl.(B17.0;B17.2-.8;B18.8-.9;B19)	6	6	109	168
Świnka /nagminne zapalenie przyusznic/ (B26)	1833	790	60471	28600
Włośnica (B75)	-	-	36	26
Świerzb (B86)	930	1001	10173	11266
Grypa: ogółem (J10; J11)	4314	7784	1163541	164045
Bakteryjne zatrucia pokarmowe: razem	1017	1368	17030	22774
w tym: salmonelozy (A02.0)	875	1086	14017	17972
gronkowcowe (A05.0)	8	49	376	1057
jadem kiełbasianym /botulizm/ (A05.1)	5	1	67	73
wywołane przez <i>Clostridium perfringens</i> (A05.2)	-	1	-	5
inne określone (A05.3-A05.8)	1	5	98	206
nie określone (A05.9)	128	226	2472	3461
Zatrucia naturalnie toksycznym pokarmem: ogółem (T62)	23	8	69	55
w tym: grzybami (T62.0)	18	5	45	38
Inne zatrucia: ogółem (T36-T60; T63-T65)	387	312	8195	6887
w tym: pestycydami (T60)	2	4	100	98
lekami, prep.farmakologicznymi i subst.biolog. (T36-T50)	252	199	4342	4148
alkoholem (T51)	57	64	1446	1354
Ostre porażenia wiotkie u dzieci (0-14 lat)	4	3	40	57

Zachorowania zgłoszone w okresie 1-15.10.2003 r. wg województw

Województwo	Choroba wyw.przez ludzki wirus upośl. odp.: ogółem (B20-B24)	Dur brzuszny (A01.0)	Dury rzekome A.B.C. (A01.1-3)	Salmonelozy: ogółem (A02)	Czerwonka bakteryjna /szigelozą/ (A03)	Biegunki u dzieci do lat 2: ogółem (A04; A08; A09)	Teżec: ogółem (A33-A35)	Krzusiec (A37)	Szkarlatyna (A38)	Zapalenie opon mózgowych		Zapalenie mózgu	
										Ogółem (A39.0; A87; B00.3; B02.1; G00; G03)	w tym: meningokokowe (A39.0)	Ogółem (A39.8; A83-86; B00.4; B02.0; B25.8; G04.0; G04.2; G04.8-9)	w tym: wirusowe, prz. przez kleszcze (A84)
POLSKA	1	-	-	884	-	533	2	76	128	99	3	44	23
Dolnośląskie	-	-	-	82	-	45	-	3	12	4	-	2	1
Kujawsko-Pomorskie	-	-	-	44	-	41	-	11	16	2	-	1	-
Lubelskie	-	-	-	79	-	41	-	-	1	6	-	-	-
Lubuskie	-	-	-	16	-	3	-	-	1	5	-	-	-
Łódzkie	-	-	-	100	-	43	-	11	4	2	-	1	1
Małopolskie	-	-	-	51	-	35	-	-	10	21	-	-	-
Mazowieckie	-	-	-	99	-	37	-	9	6	7	2	4	-
Opolskie	-	-	-	43	-	9	-	1	9	1	-	1	-
Podkarpackie	-	-	-	31	-	22	1	-	5	5	-	5	-
Podlaskie	-	-	-	46	-	11	-	-	3	6	-	19	19
Pomorskie	-	-	-	51	-	49	-	5	10	12	-	2	-
Śląskie	1	-	-	106	-	73	1	27	23	7	1	-	-
Świętokrzyskie	-	-	-	23	-	21	-	3	1	3	-	-	-
Warmińsko-Mazurskie	-	-	-	30	-	41	-	3	8	11	-	2	1
Wielkopolskie	-	-	-	52	-	49	-	3	13	2	-	6	-
Zachodniopomorskie	-	-	-	31	-	13	-	-	6	5	-	1	1

Województwo	Ospa wietrzna (B01)	Odra (B05)	Różyczka: ogółem (B06; P35.0)	Wirusowe zapalenie wątroby			Świnka (B26)	Włośnica (B75)	Świerzb (B86)	Grypa: ogółem (J10; J11)	Bakteryjne zatrucia pokarmowe: ogółem (A02.0; A05)	Zatrucia grzybami (T62.0)	Inne zatrucia: ogółem (T36-T60; T63-T65)
				typu A (B15)	typu B: ogółem (B16; B18.0-1)	typu C: ogółem (B17.1; B18.2)							
POLSKA	2123	-	117	2	72	92	1833	-	930	4314	1017	18	387
Dolnośląskie	187	-	6	-	2	12	213	-	29	544	83	1	35
Kujawsko-Pomorskie	151	-	13	-	10	9	88	-	146	148	55	-	37
Lubelskie	109	-	10	-	5	2	75	-	28	-	76	1	46
Lubuskie	36	-	-	-	-	-	139	-	8	2	21	1	27
Łódzkie	148	-	6	-	7	21	55	-	79	120	121	2	24
Małopolskie	156	-	10	-	4	2	156	-	59	4	53	1	17
Mazowieckie	183	-	15	1	13	5	81	-	59	2997	98	-	11
Opolskie	119	-	4	-	-	4	49	-	10	13	43	-	7
Podkarpackie	88	-	-	-	6	-	119	-	33	3	31	7	31
Podlaskie	85	-	5	-	1	-	158	-	73	5	52	-	24
Pomorskie	95	-	6	-	2	5	258	-	25	29	71	-	8
Śląskie	319	-	25	-	5	9	134	-	158	42	144	3	24
Świętokrzyskie	140	-	3	-	5	5	24	-	104	49	33	2	37
Warmińsko-Mazurskie	72	-	3	1	2	-	146	-	62	-	34	-	8
Wielkopolskie	163	-	3	-	7	14	91	-	17	286	52	-	9
Zachodniopomorskie	72	-	8	-	3	4	47	-	40	72	50	-	42

Chorzy nowo zarejestrowani w poradniach gruźlicy i chorób płuc w II kwartale 2003 roku

(dane Instytutu Gruźlicy i Chorób Płuc)

Województwo	Wszystkie postacie gruźlicy			
	ogółem	w tym dzieci i młodzież		w tym BK+
		0-14	15-19	
POLSKA	2464	18	49	1420
1. Dolnośląskie	134	1	1	83
2. Kujawsko-Pomorskie	120	-	4	88
3. Lubelskie	211	-	3	123
4. Lubuskie	39	-	-	17
5. Łódzkie	235	1	5	119
6. Małopolskie	142	1	3	110
7. Mazowieckie	349	10	10	195
8. Opolskie	64	1	2	44
9. Podkarpackie	163	-	5	104
10. Podlaskie	71	-	-	52
11. Pomorskie	173	-	1	70
12. Śląskie	313	3	3	171
13. Świętokrzyskie	117	-	3	58
14. Warmińsko-Mazurskie	110	-	3	49
15. Wielkopolskie	129	1	3	88
16. Zachodniopomorskie	94	-	3	49

Aktualizacja nazewnictwa genetycznej charakterystyki dzikich szczepów wirusa odry: nowe genotypy i szczepy referencyjne

Molekularna charakterystyka izolowanych wirusów odry stanowi ważny element nadzoru, usprawniając zarówno nadzór nad zakażeniami jak i umożliwiając w trakcie dochodzenia epidemiologicznego identyfikację źródła zakażenia i śledzenie dróg transmisji wirusów. Szczególne znaczenie ma ta metoda w sytuacji zmiany genotypu występującego na danym terenie ponieważ pozwala na zaobserwowanie przerwania transmisji endemicznej odry. Molekularna charakterystyka wirusów odry staje się tym samym bezcennym narzędziem oceny skuteczności kontroli odry i programów jej eliminacji. Światowa Organizacja Zdrowia rekomenduje prowadzenie jej podczas wszystkich etapów nadzoru nad odrą.

W 1998 r. Światowa Organizacja Zdrowia opublikowała wytyczne do ujednoczenia nazewnictwa izolowanych dzikich szczepów wirusa odry i ich charakterystyki genetycznej.¹ Dokument ten dostarczał też wskazówek metodycznych dla laboratoriów prowadzących charakterystykę genetyczną izolowanych szczepów wirusa odry. Minimalnym wymaganiem jest określenie sekwencji 450 nukleotydów nukleoproteiny (N; sekwencja 150 C - końcowych aminokwasów jest minimalną wielkością wymaganą dla określania genotypu wirusa odry). Sekwencjonować można zarówno izolowanego wcześniej wirusa jak i genom wirusa odry obecny w klinicznym materiale. Pełna sekwencja genu hemaglutyniny (H; 1854 nukleotydów) powinna być określana ze szczepów reprezentatywnych dla danych krajów lub w trakcie dużych epidemii. W przypadku podejrzenia występowania nowego genotypu zawsze należy izolować wirusa oraz określić sekwencje nukleotydów nukleoproteiny i hemaglutyniny.

Światowa Organizacja Zdrowia zaleca odniesienie wyni-

ków sekwencjonowania każdego izolowanego czy obecnego w materiale klinicznym wirusa odry do standardowych szczepów. W 2001 r. zalecenia te zostały zaktualizowane w skutek identyfikacji nowych genotypów.^{2,3} W tej aktualizacji znajduje się rekomendacja, by nowe genotypy określać jako "proponowane" do momentu uznania ich przez ŚOZ. Proponowane genotypy powinny być wprowadzane na listę szczepów odniesienia pod odpowiednim kodem (np. g3). Doniesienia o rozpoznaniu nowych genotypów odry są recenzowane przez wyspecjalizowane laboratoria, regionalne laboratoria referencyjne i banki informacji genetycznej wskazane przez ŚOZ. Celem tego działania jest aktualizacja listy rozpoznanych genotypów odry. Spowodowało one wzrost liczby genotypów z 20 do 22.

W klasyfikacji genotypów dzikich wirusów odry obowiązują określenia: genotyp oznaczany literą alfabetu łacińskiego oraz warianty w obrębie genotypu (*clade*) oznaczanych przez dodanie liczby do litery określającej dany genotyp. Dla celów molekularnej epidemiologii genotyp jest podstawową jednostką taksonomiczną, podczas gdy warianty wskazują na pokrewieństwo i pochodzenie szczepów w obrębie genotypu.

Na podstawie dotychczasowych dostępnych informacji (opublikowanych i nieopublikowanych) wyróżniono 22 warianty genotypów zgrupowanych w osiem głównych grup: A-H (tab. 1). Dla niektórych genotypów czy wariantów występują więcej niż jeden szczep referencyjny.

Z wyjątkiem genotypu F, wszystkie genotypy mają ustalone szczepy referencyjne spośród izolowanych wirusów. Szczepy te zostały wybrane tak by reprezentować najwcześniejszą izolację wirusa z każdego genotypu. Podstawą do wprowadzenia nowych genotypów są sekwencje izolowanych szczepów dzikiego wirusa odry a nie wyniki sekwencjonowania genomów z materiału klinicznego.

Aktualna lista genotypów przedstawiona jest w tabeli 1. Tabela zawiera nowe genotypy rozpoznane po 2001 r. - jak D9 i G3. Genotyp G3 - proponowany w 2001 r. - po raz pierwszy został stwierdzony w trakcie zachorowań na odrę importowanych do Australii z Wschodniego Timoru (teraz Timor-Leste) w 1999 r. Pierwotna sekwencja tego genotypu została zaproponowana na podstawie badania sekwencji genomu wirusa w klinicznym materiale i genotyp G3 został zaproponowany bez podania szczepu referencyjnego. Izolacje wirusa o tym genotypie przeprowadzono we Wschodniej Jawie (Indonezja), a wirus MVi/Gresik.INO/17.02, jako pierwszy wyizolowany wirus odry genotypu G3, stał się dla danego genotypu szczepem referencyjnym. Sekwencje genów N i H szczepu MVi/Gresik.INO/17.02 są dokładnie ustalone i porównane z sekwencją otrzymaną w Australii - MVs/Victoria.AUS/24.99 (w przybliżeniu 0,8% różnic w nukleotydach).

Ostatnim zidentyfikowanym przez nadzór wirusologiczny jest genotyp D9, z Indonezji. Szczepem referencyjnym dla genotypu D9 jest szczep MVi/Victoria.AUS/12.9 izolowany z przypadku odry importowanej do Australii z Bali. Wirusy odry o genotypie D9 były izolowane na Jawie (Indonezja), a także od chorych na odrę w czasie epidemii w Wenezueli w latach 2001-2002.

Wskazówki dla wyodrębnienia nowych genotypów zostały zaktualizowane przez ŚOZ w 2001 r. Jednym z wymagań przy uznaniu wirusa za nowy genotyp jest różnica sekwencji genów co najmniej 2,5% w genie N i 2,0% w genie H. O ile sekwencje genu N genotypów D9 i G3 spełniają to wymaganie, sekwencja genu H wirusów reprezentatywnych dla

Tabela 1. Szczepy referencyjne dzikich wirusów odry dla celów genotypowania izolowanych wirusów - 2003 rok

Genotyp	Status ^a	Szczep referencyjny (MVi) ^b	Kod genu H	Kod genu N
A	Aktywny	Edmonston-wt.USA/54	U03669	U01987
B1	Nieaktywny	Yaounde.CAE/12.83 "Y-14"	AF079552	U01998
B2	Nieaktywny	Libreville.GAB/84 "R-96"	AF079551	U01994
B3	Aktywny	New York.USA/94 Ibadan.NIE/97/1	L46752 AJ239133	L46753 AJ232203
C1	Aktywny	Tokyo.JPN/84/K	AY047365	AY043459
C2	Aktywny	Maryland.USA/77 "JM" Erlangen.DEU/90 "WTF"	M81898 Z80808	M89921 X84872
D1	Nieaktywny	Bristol.UNK/74 (MVP)	Z80805	D01005
D2	Aktywny	Johannesburg.SOA/88/1	AF085198	U64582
D3	Aktywny	Illinois.USA/89/1 "Chicago-1"	M81895	U01977
D4	Aktywny	Montreal.CAN/89	AF079554	U01976
D5	Aktywny	Palau.BLA/93 Bangkok.THA/93/1	L46757 AF009575	L46758 AF079555
D6	Aktywny	New Jersey.USA/94/1	L46749	L46750
D7	Aktywny	Victoria.AUS/16.85 Illinois.USA/50.99	AF247202 AY043461	AF243450 AY037020
D8	Aktywny	Manchester.UNK/30.94	U29285	AF280803
D9	Aktywny	Victoria.AUS/12.99	AY127853	AF481485
E	Nieaktywny	Goettingen.DEU/71 "Braxator"	Z80797	X84879
F	Nieaktywny	MVs/Madrid.SPA/94 SSPE	Z80830	X84865
G1	Nieaktywny	Berkeley.USA/83	AF079553	U01974
G2	Aktywny	Amsterdam.NET/49.97	AF171231	AF171232
G3	Aktywny	Gresik.INO/17.02	AY184218	AY184217
H1	Aktywny	Hunan.CHN/93/7	AF045201	AF045212
H2	Aktywny	Beijing.CHN/94/1	AF045203	AF045217

(a) Za aktywne uznaje się genotypy izolowane w ciągu ostatnich 15 lat. (b) Nazwa szczepu wg SOZ. Nazwy zwyczajowe spotykane w piśmiennictwie w cudzośliwie.

genotypów D9 i G3 różni się mniej niż 2.0% (odpowiednio 1,7% i 1,8%). Mimo to, te nowe genotypy pomogły opisać genetyczne właściwości dzikich typów wirusów odry na terenach endemicznych zakażeń odry i ustalić czynniki ostatnich epidemii. Utrzymując więc nadal wytyczne co do minimalnej różnicy w sekwencjach wymaganej dla opisanego nowego genotypu, należy uwzględnić również przy ich opisie korzyści dla badań epidemiologicznych.

Lista genotypów wirusa odry nie jest zamknięta i jej aktualizowane dane są dostępne zarówno na internetowych stronach ŚOZ jak i CDC, gdzie znajduje się bank informacji genetycznej (szczegóły: www.cdc.gov/ncidod/dvrd/revb/measles). Informacje o europejskich genotypach można uzyskać ze strony internetowej sponsorowanej przez europejską Komisję dla Wzmocnienia Laboratoryjnego Nadzoru nad odry (www.elsm.net).

W przypadkach wyizolowania nowych wirusów czy otrzymania sekwencji wirusa odry z materiału klinicznego należy nawiązać kontakt z WHO i CDC i poinformować je o zaistniałym fakcie jeszcze przed opublikowaniem wyników. Kon-

sultacje te nie mają wpływu na oryginalność opublikowania danych. Pozwoli to uniknąć duplikacji genotypów i zamieszania w nazewnictwie. Internetowy adres do kontaktu: featherstoned@WHO.int.

(1) Wkly Epid.Rec. 1998,35,265-69 (2) Wkly Epid.Rec. 2001,32,242-47 (3) Wkly Epid.Rec. 2001,33,249-51

na podstawie "Wkly Epid.Rec." (2003,27,229-240) opracował Włodzimierz Gut, Zakład Wirusologii PZH (całość tekstu dostępna na: www.who.int/wer)

"Meldunki" udostępnione są w Internecie na stronie <http://www.pzh.gov.pl/epimeld>

Opracowuje zespół: Mirosław P. Czarkowski (kier. zesp.), Ewa Cielebąk, Barbara Kondej, Ewa Stępień - tel. (0-prefix-22): 84-97-702, 54-21-210; fax (0-prefix-22) 54-21-211; e-mail: epimeld@pzh.gov.pl, epimeld@medstat.waw.pl
Kierownictwo naukowe: prof. dr hab. Wiesław Magdzik