
Update of standard nomenclature for wild-type rubella viruses, 2007

Introduction

Virological surveillance data on rubella viruses are used to track progress towards the goal of eliminating rubella, to help with case classification and to document transmission pathways.¹ In 2004, representatives from WHO's global measles and rubella laboratory network met to develop a standardized nomenclature for wild-type rubella viruses; they described 7 recognized genotypes and 3 provisional genotypes of wild-type rubella viruses.²

The current update of the nomenclature is presented here; it describes 3 additional provisional genotypes and the upgrading of 2 provisional genotypes, to give 9 recognized genotypes (1B, 1C, 1D, 1E, 1F, 1G, 2A, 2B, 2C)

¹ See No. 51/52, 2006, pp. 474–479.

² See No. 14, 2005, pp. 126–132.

Nomenclature normalisée des virus rubéoleux de type sauvage – mise à jour 2007

Introduction

Les données de la surveillance virologique des virus rubéoleux sont utilisées pour suivre les progrès réalisés en vue de l'objectif d'élimination de la rubéole, aider à la classification des cas et pour documenter les voies de transmission.¹ En 2004, les représentants du réseau mondial OMS des laboratoires d'études de la rougeole et de la rubéole se sont réunis pour élaborer une nomenclature normalisée des virus rubéoleux de type sauvage; ils ont décrit 7 génotypes établis et 3 génotypes provisoires pour les virus rubéoleux de type sauvage.²

On présente ici une actualisation de cette nomenclature; elle décrit 3 génotypes provisoires supplémentaires et l'élévation de 2 des génotypes provisoires antérieurs au statut de génotypes établis, ce qui donne 9 génotypes établis (1B, 1C, 1D, 1E, 1F, 1G,

¹ Voir N° 51/52, 2006, pp. 474-479.

² Voir N° 14, 2005, pp. 126-132.

and 4 provisional genotypes (1a, 1h, 1i, and 1j) (*Fig. 1*). The numbers refer to large distantly related groups of viruses designated as clade 1 and clade 2; letters represent genotypic groups within the clades with lower case letters representing provisional genotypes.

The nomenclature for wild-type rubella viruses facilitates virological surveillance by defining standard methods for the genetic characterization and naming of these viruses. The nomenclature system must be able to accommodate the discovery of new rubella viruses, the evolution of known viruses and periodic strain displacement. This flexibility is primarily obtained through the use of provisional genotype designations for virus groups that are small but diverse, for those that do not have the required reference viruses or for those where the relationship with other genotypes is unclear. The nomenclature is based on nucleotide sequences from recognized and provisional genotypes of rubella viruses.

Information about the global distribution of wild-type rubella viruses has been published.¹ This update of the nomenclature provides a summary of the classification of rubella viruses including those that have been identified and analysed since the report of the first meeting in 2004. The genotypes of some viruses described in that report have now been clarified by comparing their nucleotide sequences with the larger current data-set of sequences.³

Changes in standard data-set for phylogenetic analysis

Reference viruses for recognized genotypes are listed and accession numbers for the 3192 nucleotide sequences coding for the structural proteins from these viruses are given in *Table 1*. In addition, candidate reference viruses for provisional genotypes, and accession numbers for nucleotide sequences that are at least 739 nucleotides long, are listed for each virus. Until reference strains for provisional genotypes are accepted by WHO's rubella nomenclature working group, the sequences in the table should be considered to comprise the standard data-set to be used for phylogenetic analysis of new rubella sequences. Candidate reference strains in the table may be replaced in the future by strains whose sequences better represent the genotype.

This update retains the original system for naming viruses but adds a designation for vaccine viruses by adding "VAC" to their names. For example, the BRD2 vaccine strain will now be called RVi/Beijing.CHN/80[2A]VAC.

New provisional genotypes and changes in status

1G, 1h, 1i

Many viruses belonging to provisional genotype 1g were identified during 2004–2006. Based on the new sequence information from these viruses, 3 distinct subgroups and 1 virus from Israel (ISR), which is distantly related

2A, 2B, 2C) et 4 génotypes provisoires (1a, 1h, 1i et 1j) (*Fig. 1*). Les chiffres font référence à de grands groupes de virus présentant une parenté lointaine et classés dans les clades 1 et 2; les lettres représentent les groupes génotypiques au sein des clades, les lettres minuscules représentant des génotypes provisoires.

La nomenclature des virus rubéoleux de type sauvage facilite la surveillance virologique en définissant les méthodes standard de caractérisation génétique et de dénomination de ces virus. Le système de nomenclature doit être en mesure d'intégrer la découverte de nouveaux virus rubéoleux, l'évolution des virus connus et le remplacement périodique des souches. Cette souplesse est avant tout obtenue grâce au recours à des appellations provisoires pour des groupes de virus petits mais très divers, pour ceux qui ne possèdent pas les virus de référence nécessaires ou pour ceux dont les rapports avec les autres génotypes ne sont pas très clairs. La nomenclature est basée sur des séquences nucléotidiques de génotypes établis et provisoires des virus rubéoleux.

Des informations sur la répartition mondiale des virus rubéoleux de type sauvage ont été publiées.¹ Cette mise à jour de la nomenclature comprend un résumé de la classification des virus rubéoleux dans laquelle figurent ceux qui ont été identifiés et analysés depuis la publication du rapport de la première réunion en 2004. Les génotypes de certains virus décrits dans ce rapport ont désormais été précisés en comparant leurs séquences nucléotidiques avec l'ensemble des données actuelles sur les séquences, plus importantes.³

Modifications apportées à l'ensemble des données standard servant à l'analyse phylogénétique

Le *Tableau 1* énumère les virus de référence des génotypes établis et les numéros d'enregistrement des 3192 séquences nucléotidiques codant pour des protéines structurales de ces virus. En outre, les virus de référence candidats des génotypes provisoires et les numéros d'enregistrement des séquences nucléotidiques qui comportent au moins 739 nucléotides sont répertoriés pour chaque virus. En attendant que les souches de référence des génotypes provisoires soient acceptées par le groupe de travail de l'OMS sur la nomenclature des virus rubéoleux, les séquences figurant dans le tableau doivent être considérées comme comprenant l'ensemble des données standard à utiliser pour l'analyse phylogénétique des nouvelles séquences rubéoleuses. Les souches de référence candidates figurant dans ce tableau seront peut-être remplacées à l'avenir par des souches dont les séquences représentent mieux le génotype.

Cette mise à jour conserve le système original de dénomination des virus mais ajoute la mention «VAC» au nom des virus vaccins. Par exemple, la souche vaccinale BRD2 sera désormais appelée RVi/Beijing.CHN/80[2A]VAC.

Nouveaux génotypes provisoires et changements de statut

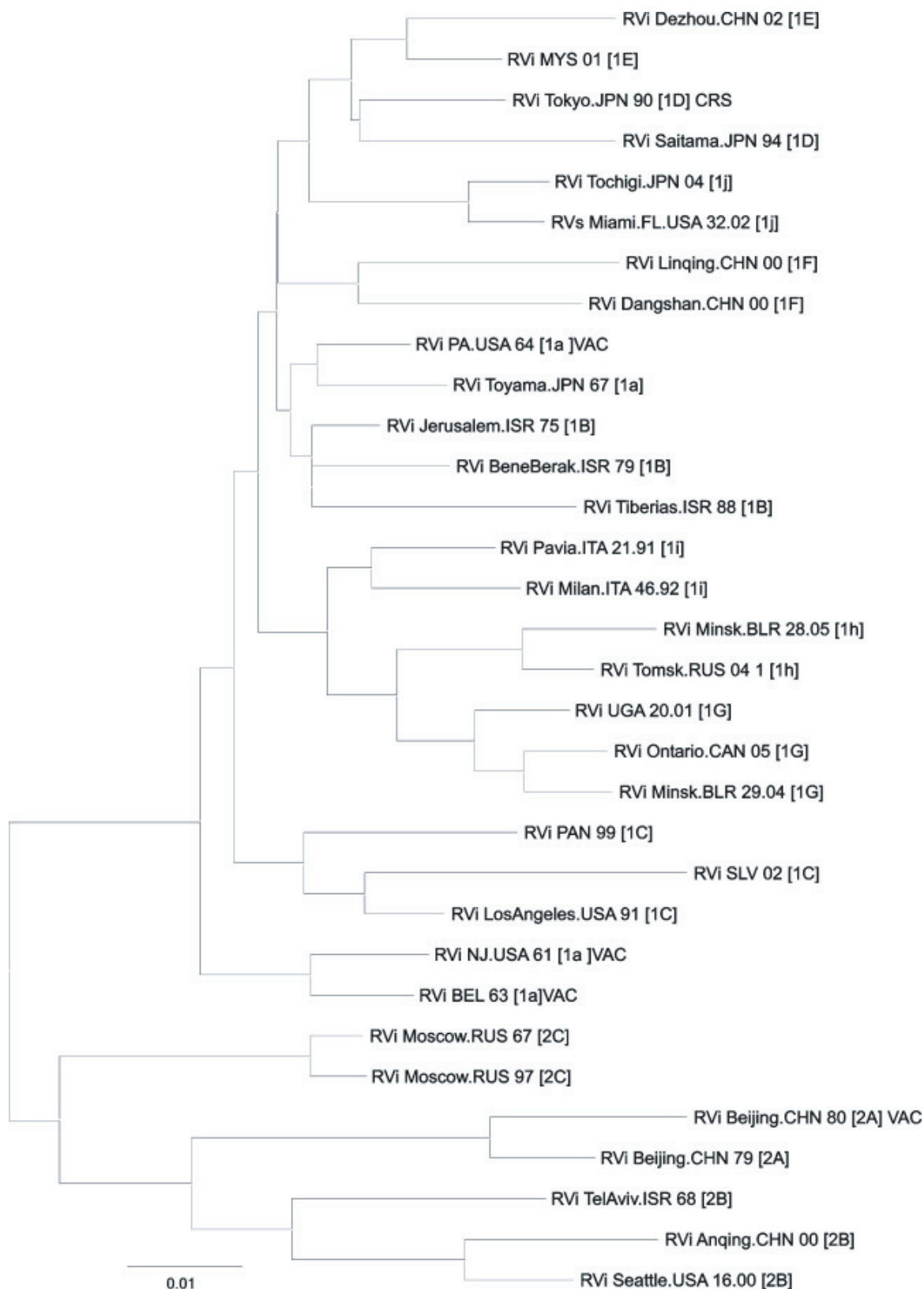
1G, 1h, 1i

De nombreux virus appartenant au génotype provisoire 1g ont été identifiés entre 2004 et 2006. On a identifié à partir des nouvelles données sur les séquences de ces virus 3 sous-groupes distincts et un virus provenant d'Israël (ISR), montrant une

³ See No. 44, 2005, p. 387.

³ Voir N° 44, 2005, p. 387.

Fig. 1 **Phylogenetic tree of rubella virus reference sequences listed in Table 1 using 739 nucleotides (numbers 8731–9469)**
 Fig. 1 **Arbre phylogénétique des séquences de référence du virus rubéoleux figurant dans le Tableau 1, établi à l'aide de 739 nucléotides (numéros 8731-9469)**



The tree was constructed using the minimum evolution algorithm of the Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) program, version 3. The 22 recognized reference viruses and 10 candidate reference viruses were included to represent both the recognized and provisional genotypes. – L'arbre a été construit à l'aide de l'algorithme d'évolution minimale du programme Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA), version 3. Les 22 virus de référence reconnus et les 10 virus de référence candidats ont été inclus afin de représenter les génotypes établis et les génotypes provisoires.

to 1 of the subgroups, were identified. The first subgroup, which comprises strains from Africa and Europe, has been upgraded to genotype 1G, since the criteria for a recognized genotype have been fulfilled.² Briefly, 3192 nucleotide sequences from 3 reference viruses in this genotype are available (*Table 1*). The intragenotype distances between these 3 reference viruses range from 1.7% to 3.4%, and the intraclade distances range from 3.6% to 6.7%. Both ranges are comparable with those observed among other clade 1 genotypes.

The second subgroup, comprising strains from Asia and Europe, has been given provisional genotype status (1h). The 3192 nucleotide sequence from 1 candidate reference virus has been obtained (AM258953), and it is anticipated that the 3192 nucleotide sequence from a second candidate reference virus (DQ454161) will be available soon. The 1h intraclade distances are similar to those for the 1G reference strains (3.9–6.6%). The intragenotype and intraclade distances, and the branching pattern observed for genotype 1h sequences, are in accordance with those of existing clade 1 genotypes.

The third subgroup, which contains strains from countries in Europe collected during 1986–1994, has been designated provisional genotype 1i. This provisional genotype shows a branching pattern consistent with a new genotype. Since 2 reference viruses are not available for 1h or 1i, both genotypes are classified as provisional. The distantly related Israel virus mentioned earlier in this section (RVi/EinVered.ISR/92, AY326339) differs from 1G reference viruses by 2.9–3.7%; identification of additional viruses will determine whether this virus is the first member of a new genotype. Updates of the global distribution of genotypes may require reclassification of some 1g viruses to 1h and 1i.

No viruses with the 1i genetic signature have been found for 12 years, thus this provisional genotype is considered inactive. However, rubella virological surveillance for rubella is poor in many regions and the virus may be circulating undetected.

1j

A total of 17 new viruses isolated in Japan during 2001–2004 were reported at the third global meeting of the laboratory network in 2005. Phylogenetic analyses reported at that meeting showed distances and a branching pattern consistent with a new provisional genotype related to – but distinct from – genotype 1D. Additional Japanese virus strains in this provisional genotype have been reported (AB238919, AB238920, AB238921). This new provisional genotype is not restricted to Japan: a 1j virus was imported into the United States from the Philippines in 2002 (RVs/Miami.FL.USA/32.02 (EF602117)). *Table 1* shows 2 candidate reference strains for 1j.

The former 1D reference virus (RVi/DalyCity.CA.USA/97) is genetically closer to provisional genotype 1j viruses than to the 2 reference viruses for genotype 1D shown in the table. Thus this virus will no longer be considered a 1D reference virus. However, since the sequence of this virus is distant from the 2 candidate reference viruses for 1j, comparisons of the Daly City sequence with sequences

parenté lointaine avec l'un des sous-groupes. Le premier sous-groupe, qui comprend des souches d'Afrique et d'Europe, a été élevé au rang de genotype 1G, puisque les critères correspondant à un genotype établi ont été satisfaits.² Brièvement, on dispose des séquences de 3192 nucléotides de 3 virus de référence de ce genotype (*Tableau 1*). Les distances intragénotypiques entre ces 3 virus de référence vont de 1,7% à 3,4% et les distances au sein d'un même clade («intraclade») de 3,6% à 6,7%. Ces éventails de valeurs sont comparables à ceux observés dans les autres genotypes du clade 1.

Le deuxième sous-groupe, comprenant des souches d'Asie et d'Europe, a reçu le statut de genotype provisoire (1h). La séquence de 3192 nucléotides d'un virus de référence candidat a été obtenue (AM258953) et l'on s'attend à ce que celle «intraclade» d'un deuxième virus de référence candidat (DQ454161) soit disponible prochainement. Les distances «intraclade» 1h sont analogues à celles de la souche de référence 1G (3,9%-6,6%). Les distances intragénotypiques et « intraclade », ainsi que le diagramme de ramification observé pour les séquences du genotype 1h sont conformes à ceux des genotypes existants du clade 1.

Le troisième sous-groupe, qui contient des souches de pays d'Europe recueillies entre 1986 et 1994, a reçu le statut de genotype provisoire 1i. Ce genotype provisoire montre un diagramme de ramification correspondant à un nouveau genotype. Comme on ne dispose pas de 2 virus de référence pour 1h ou 1i, ces deux genotypes sont classés comme provisoires. Le virus Israël ayant une parenté lointaine mentionné plus haut (RVi/EinVered. ISR/92, AY326339) diffère des virus de référence 1G de 2,9% à 3,7%; l'identification de virus supplémentaires permettra de déterminer si ce virus est le premier membre d'un nouveau genotype. Les mises à jour de la répartition mondiale des genotypes demanderont peut-être la reclassification de certains virus 1g en 1h et 1i.

Aucun virus comportant la signature génétique 1i n'a été trouvé depuis 12 ans, c'est pourquoi ce genotype provisoire est considéré comme inactif. Toutefois, la surveillance virologique de la rubéole est médiocre dans de nombreuses régions et il se peut que ce virus circule sans avoir été détecté.

1j

Dix-sept nouveaux virus au total, isolés au Japon entre 2001 et 2004, ont été notifiés lors de la troisième réunion mondiale du réseau de laboratoires en 2005. Les analyses phylogénétiques rapportées lors de cette réunion montrent des distances et un diagramme de ramification correspondant à un nouveau genotype provisoire apparenté au – mais distinct du – genotype 1D. Des souches virales japonaises supplémentaires ont été rapportées dans ce genotype provisoire (AB238919, AB238920, AB238921). Ce nouveau genotype provisoire ne se limite pas au Japon: un virus 1j a été importé aux Etats-Unis depuis les Philippines en 2002 (RVs/Miami.FL.USA/32.02 (EF602117)). Le *Tableau 1* montre 2 souches de référence candidates pour le genotype 1j.

L'ancien virus de référence 1D (RVi/Daly City.CA.USA/97) est génétiquement plus proche des virus du genotype provisoire 1j que des 2 virus de référence du genotype 1D figurant dans le tableau. Ce virus ne sera donc plus considéré comme un virus de référence 1D. Toutefois, comme la séquence de ce virus est distante des 2 virus de référence candidats pour 1j, la comparaison de la séquence Daly City avec les séquences des

Table 1 **Reference strains to be used for genetic analysis of wild-type rubella viruses, 2007**Tableau 1 **Souches de référence à utiliser pour l'analyse génétique des virus rubéoleux de type sauvage, 2007**

Genotype – Génotype	Current reference strains – Souches de référence actuelles	Previous reference strain names ^a – Noms et souches de référence antérieures ^a	Accession numbers – Numéros d'enregistrement
1a ^b	RVi/BEL/63[1a]VAC RVi/NJ.USA/61[1a]VAC ^c RVi/PA.USA/64[1a]VAC ^c RVi/Toyama.JPN/67[1a]	Cendehill BEL 63 HPV77 US 61 RA27/3 US 64 TO-336 WT JP 67	AF188704 M30776 L78917 ^d AB047330
1B	RVi/Jerusalem.ISR/75[1B] ^c RVi/Tiberias.ISR/88[1B] ^c RVi/BeneBerak.ISR/79[1B] ^c	I-9 IS 75 I-34 IS 88 I-13 IS 79	AY968207 AY968209 AY968208
1C	RVi/Los Angeles.USA/91[1C] RVi/SLV/02[1C] RVi/PAN/99[1C]	BUR US 91 QUI ELS 02 P-31 PAN 99	AY968212 AY968211 AY968217
1D	RVi/Tokyo.JPN/90[1D]CRS RVi/Saitama.JPN/94[1D]	NC JP 90 SAI-1 JP 94	AY968214 AY968216
1E	RVi/Dezhou.CHN/02[1E] ^c RVi/MYS/01[1E]	T14 CH 02 M-1 MAL 01	AY968210 AY968221
1F	RVi/Linqing.CHN/00[1F] ^c RVi/Dangshan.CHN/00[1F] ^c	TS10 CH 00 TS 38 CH 00	AY968213 AY968215
1G	RVi/UGA/20.01[1G] RVi/Ontario.CAN/27.05[1G] RVi/Minsk.BLR/29.04[1G]		EF588978 EF588970 AM258945
1h ^b	RVi/Minsk.BLR/28.05/2[1h] RVi/Tomsk.RUS/05[1h]		AM258953 DQ454161
1i ^b	RVi/Milan.ITA/46.92[1i] RVi/Pavia.ITA/21.91[1i]	4655 3988	AY161360 AY161352
1j ^b	RVs/Miami.FL.USA/32.02[1j] RVi/Tochigi.JPN/04[1j]	DRU FL 02	EF602117 AB238919
2A	RVi/Beijing.CHN/79[2A] RVi/Beijing.CHN/80[2A]VAC	BRD1 CH 79 BRD2 CH 80	AY258322 AY258323
2B	RVi/TelAviv.ISR/68[2B] RVi/Seattle.USA/16.00[2B] ^c RVi/Anqing.CHN/00/2[2B] ^c	I-11 IS 68 TAN IND 00 TS34 CH 00	AY968219 AY968220 AY968218
2C	RVi/Moscow.RUS/67[2C] RVi/Moscow.RUS/97[2C]	C4 C74	DQ388279 DQ085340

^a Strain names using old or previously published forms. – Noms des souches sous leurs formes anciennes ou publiées précédemment.

^b Candidate reference strains for provisional genotypes (at least 739 nucleotides). – Souches de référence candidates pour les génotypes provisoires (au moins 739 nucléotides).

^c Strain name contains additional information not available in previous reference-virus list. – Le nom de la souche contient des informations supplémentaires non disponibles dans la liste des virus de référence précédente.

^d The structural protein sequence identified by the US Centers for Disease Control and Prevention is 2 nucleotides different from this published sequence: nucleotide 9266 is changed from A to G, and nucleotide 9386 is changed from C to G. – La séquence de la protéine structurale identifiée par les United States Centers for Disease Control and Prevention diffère par 2 nucléotides de cette séquence publiée: le nucléotide 9266 montre le remplacement de A par G et le nucléotide 9386 de C par G.

of new viruses may be informative. The Daly City virus

nouveaux virus pourrait être instructive. Le virus Daly City a

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_29586

