



Figure 1. Analysis of phylogenetic relationships between HIV-1 sequences, providing evidence that the sequence from Botswana (indicated by a filled diamond) clusters with HIV-1 subtype C references in *gag* (A), *pol* (B), and *env* (C) with high bootstrap values. Neighbor-joining trees are presented. Bootstrap values ≥ 80 are shown.

To address the potential uniqueness of the patient's virus, we performed sequence analysis across structural viral proteins to determine the HIV-1 subtype and to confirm or exclude recombination across the viral genome. The *gag*, *pol*, and *env* genes were sequenced from the earliest available specimens from the time of referral. A total of 1358 bp was analyzed in *gag*; 1302 bp in *pol*, encoding the entire protease and 435 amino acids of the N-terminal reverse transcriptase; and 1182 bp in *env*, encoding the C2-V5 region of gp120. Phylogenetic analysis

demonstrated that the query sequence clustered with HIV-1 subtype C reference sequences within *gag*, *pol*, and *env* (figure 1). The patient's virus was a typical subtype C virus, which diverged within the expected range from the subtype C consensus and/or ancestral sequence. Detailed sequence analysis did not suggest lack of cross-reactivity between the antigens in the ELISA or Western blot kits. The phylogenetic data provided evidence that a potential mismatch between the HIV-1 antigens in diagnostic kits and in patient's virus is unlikely to account

for the observed seronegativity in the clinical case described here.

Recombinant analysis using the RIP 3 package [16] did not reveal any breakpoints across the analyzed sequences in *gag*, *pol*, and *env* (data not shown). Viral quasispecies were analyzed in *gag* and *env* by single genome sequencing, a new method developed in our laboratory based on a recent report by Palmer et al. [17]. The mean value of *gag* quasispecies nucleotide distance was 6.1% to both HIV-1 subtype C consensus and ancestral sequences. The mean value of *env* quasispecies nucleotide distance was 9.6% to HIV-1 subtype C consensus sequence and 9.9% to HIV-1 subtype C ancestral sequence. Analysis of inpatient viral diversity revealed a mean value of 0.25% and a median diversity of 0.15% in *gag* and a mean value of 0.6% and a median diversity of 0.55% in *env*. The data obtained strongly suggest that the patient had nonrecombinant HIV-1 subtype C infection with a relatively low level of viral inpatient diversity at the time of analysis.

In summary, we report the first case, to our knowledge, of antibody-negative HIV-1 subtype C infection. Although the exact time and source of HIV-1 subtype C infection is unknown, it is likely that infection occurred >1 year before death. Repeated tests for HIV-1 antibodies consistently yielded negative results, including rapid and regular ELISA and Western blot. The levels of IgG and IgM were within the normal range, whereas the IgA level was slightly elevated, which excludes agammaglobulinemia as a cause of antibody-negative HIV infection. The nonrecombinant HIV-1 subtype C infection was confirmed by viral genotyping within the *gag*, *pol*, and *env* genes. The period between referral of the patient in a clinically stable condition and AIDS-related death was ~3 months.

This is the first documented case of seronegative HIV-1 subtype C infection. Our findings indicate the importance of future studies to identify the prevalence of seronegative HIV infection in the subtype C epidemic in southern Africa to determine whether viral nucleic acid testing should be introduced in the algorithm of routine HIV-1 screening.

Acknowledgments

We thank the Tebelopele staff at Gaborone, Botswana, for their ongoing support and collaboration; Erin McDonald, Melissa Ketunuti, and Gasebologe Mothowaeng, for dedicated clinical support; Busisiwe Mlotshwa, Lemme Kebaabetswe, Simani Gaseitsiwe, Caitlin Bonney, and Michaela Herzig, for excellent laboratory assistance; and Lendsey Melton, for outstanding editorial help.

Financial support. National Institutes of Health (AI057027-02).
Potential conflicts of interest. All authors: no conflicts.

References

1. Sullivan PS, Schable C, Koch W, et al. Persistently negative HIV-1 antibody enzyme immunoassay screening results for patients with HIV-1 infection and AIDS: serologic, clinical, and virologic results. *Seronegative AIDS Clinical Study Group*. *AIDS* 1999;13:89-96.
2. Padeh YC, Rubinstein A, Shliozberg J. Common variable immunodeficiency and testing for HIV-1. *N Engl J Med* 2005;353:1074-5.
3. Reimer L, Mottice S, Schable C, et al. Absence of detectable antibody in a patient infected with human immunodeficiency virus. *Clin Infect Dis* 1997;25:98-100.
4. Martin-Rico P, Pedersen C, Skinhoj P, Nielsen C, Lindhardt BO. Rapid development of AIDS in an HIV-1-antibody-negative homosexual man. *AIDS* 1995;9:95-6.
5. Soriano V, Dronda F, Gonzalez-Lopez A, et al. HIV-1 causing AIDS and death in a seronegative individual. *Vox Sang* 1994;67:410-1.
6. Michael NL, Brown AE, Voigt RF, et al. Rapid disease progression without seroconversion following primary human immunodeficiency virus type 1 infection—evidence for highly susceptible human hosts. *J Infect Dis* 1997;175:1352-9.
7. Montagnier L, Brenner C, Chamaret S, et al. Human immunodeficiency virus infection and AIDS in a person with negative serology. *J Infect Dis* 1997;175:955-9.
8. Cardoso AR, Goncalves C, Pascoalinho D, et al. Seronegative infection and AIDS caused by an A2 subtype HIV-1. *AIDS* 2004;18:1071-4.
9. Hamano T, Matsuo K, Hibi Y, et al. Replication-defective HIV isolated from seronegative individuals at high risk for HIV infection. *Nucleic Acids Symp Ser (Oxf)* 2005;99-100.
10. Hamano T, Matsuo K, Hibi Y, et al. A single-nucleotide synonymous mutation in the *gag* gene controlling human immunodeficiency virus type 1 virion production. *J Virol* 2007;81:1528-33.
11. Candotti D, Adu-Sarkodie Y, Davies F, et al. AIDS in an HIV-seronegative Ghanaian woman with intersubtype A/G recombinant HIV-1 infection. *J Med Virol* 2000;62:1-8.
12. DeSimone JA, Pomerantz RJ, Babinchak TJ. Inflammatory reactions in HIV-1-infected persons after initiation of highly active antiretroviral therapy. *Ann Intern Med* 2000;133:447-54.
13. Carini C, D'Amelio R, Mezzaroma I, Aiuti F. Detection and characterization of circulating immune complexes in HIV-related diseases. *Diagn Clin Immunol* 1987;5:135-9.
14. Carini C, Mezzaroma I, Scano G, D'Amelio R, Matricardi P, Aiuti F. Characterization of specific immune complexes in HIV-related disorders. *Scand J Immunol* 1987;26:21-8.
15. Mayer-Siuta R, Keil LB, DeBari VA. Autoantibodies and circulating immune complexes in subjects infected with human immunodeficiency virus. *Med Microbiol Immunol* 1988;177:189-94.
16. Los Alamos National Laboratory. HIV sequence database: recombinant identification program: RIP 3.0. Available at: <http://www.hiv.lanl.gov/content/hiv-db/RIP3/RIP.html>. Accessed 15 February 2007.
17. Palmer S, Kearney M, Maldarelli F, et al. Multiple, linked human immunodeficiency virus type 1 drug resistance mutations in treatment-experienced patients are missed by standard genotype analysis. *J Clin Microbiol* 2005;43:406-13.

医薬品 研究報告 調査報告書

識別番号・報告回数			報告日	第一報入手日 2007. 9. 20	新医薬品等の区分 該当なし	機構処理欄
一般的名称	解凍人赤血球濃厚液				公表国	
販売名(企業名)	解凍赤血球濃厚液「日赤」(日本赤十字社) 照射解凍赤血球濃厚液「日赤」(日本赤十字社) 解凍赤血球-LR「日赤」(日本赤十字社) 照射解凍赤血球-LR「日赤」(日本赤十字社)		研究報告の公表状況	Editorial team. Euro Surveill. 2007 May 24;12(5):E070524.5.	ヨーロッパ	
研究報告の概要	<p>○ヨーロッパにおける供血者のHIV陽性率のモニタリング AIDS最新号において、LikataviciusらはEuroHIV surveillance network (http://www.eurohiv.org/)によるヨーロッパの供血血液のHIV陽性率についての14年間のモニタリングデータを提示した。この分析は、1990年～2004年までのWHO欧州各国のデータが網羅され、西ヨーロッパ(西欧)、中央ヨーロッパ(中欧)、東ヨーロッパ(東欧)の3地域におけるデータが示されている。2000年～2004年については、1年以上にわたるデータが49カ国から得られた。データの得られた直近の年における平均HIV陽性率は10万供血あたり8.7であり、地域によって大きなばらつきがあった。10万供血あたりの陽性率は、西欧では1.7、中欧では3.4、東欧では36.7であった。スクリーニングを行った供血血液の全てがHIV陰性であったのは11カ国だった。7カ国では、10万供血あたりのHIV陽性率が10以上となった。最も陽性率が高かったのはウクライナで、10万供血あたり128.4だった。経時的な分析によると、供血者のHIV陽性率は1990年以降、西欧で着実に低下し、中欧で横ばい状態であったが、東欧では急激な上昇が認められた(1995年は0.6/10万供血、2004年は40.3/10万供血)。ウクライナでは1995年には陽性率が他国を上回り、2004年まで陽性率は最も高いままだった。この傾向は、これらの地域でのHIV流行を反映しており、東欧の多くの国で特に静注薬物使用者の間でHIVが伝播し、供血を行う可能性のある未診断の新規感染者が多数いることを示している。初回供血者と再来供血者を比較すると、HIV陽性者は供血から除外されるため、一般的に初回供血者の方がHIV陽性率が高いことが、西欧及び中欧20カ国から得られたデータにより示された。供血者集団のHIV陽性率が高い国々における血液供給の安全性が懸念される。当該調査で認められた傾向は、HIVハイリスク者の供血延期や定期供血者プールを維持する等の公衆衛生手段を緊急に実施する必要がある地域を浮き彫りにした。</p>					使用上の注意記載状況・その他参考事項等
						解凍赤血球濃厚液「日赤」 照射解凍赤血球濃厚液「日赤」 解凍赤血球-LR「日赤」 照射解凍赤血球-LR「日赤」 血液を介するウイルス、細菌、原虫等の感染 vCJD等の伝播のリスク
報告企業の意見			今後の対応			
ヨーロッパの供血血液のHIV陽性率についての14年間のモニタリングデータによると、陽性率は西欧、中欧、東欧の順に高くなり、1990年以降の変化では、西欧で低下、中欧で横ばい、東欧では急激な上昇が認められたとの報告である。			日本赤十字社では、HIVについて20プールNATを含むスクリーニングを行い、陽性血液を排除している。国内外のHIV感染、AIDS発生の動向やHIV感染に関する新たな知見等について今後も情報の収集に努める。次世代NAT試験薬についての評価、検査方法の改良に向けた開発・検討を進める。			

83



Monitoring HIV prevalence in blood donations in Europe

Editorial team (eurosurveillance@ecdc.europa.eu), Eurosurveillance editorial office

In a recent issue of the journal AIDS, Likatavicius *et al.* present data covering 14 years of monitoring the HIV prevalence in blood donations in Europe by the EuroHIV surveillance network (<http://www.eurohiv.org/>) [1].

The analysis covers data from countries of the World Health Organization (WHO) European Region collected between 1990 and 2004, and presented within three geographic areas: the West, the Centre, and the East*.

For the most recent period, 2000-2004, data for at least one year was provided by 49 countries. In the most recent year with data available, the average HIV prevalence was 8.7 per 100,000 blood donations, with considerable variations between geographical areas and individual countries. The average prevalence in the West was 1.7, in the Centre - 3.4, and in the East - 36.7 per 100,000 blood donations.

In 11 countries, all screened donations tested negative for HIV. In seven countries, the HIV prevalence was more than 10 per 100,000. The highest prevalence was noted in Ukraine, with 128.4 per 100,000 donations that tested positive for HIV.

Analysis of prevalence over time revealed a striking trend: while the prevalence of HIV among blood donations decreased steadily since 1990 in the West and remained stable in the Centre, a dramatic increase was observed in the East, where the prevalence rose from 0.6/100,000 in 1995 to 40.3/100,000 in 2004. In Ukraine, the prevalence exceeded that of the remaining countries already in 1995 and continued to do so until 2004.

This trend is a reflection of the development of the HIV epidemic in those regions, with many countries in the East experiencing high ongoing transmission of HIV, in particular among injecting drug users [2], and a large pool of newly infected potential blood donors that have not yet been diagnosed.

The paper also compares first-time donors and repeat donors. Relevant data available from 20 countries in the West and the Centre showed that HIV prevalence among first-time donors was generally higher than among regular blood donors, due to the exclusion of HIV-positive individuals from further donations.

The authors see cause for concern about the safety of the blood supply in countries with a high HIV prevalence among the donor source population. The observed trends highlight areas with an urgent need to implement public health measures such as deferring individuals at high risk of HIV from donating blood and maintaining a pool of regular donors.

* Geographic areas adopted:

- The West: Austria, Belgium, Denmark, Finland, France (including data from Andorra), Germany, Greece, Iceland, Ireland, Israel, Italy, Luxembourg, Malta, Monaco, Netherlands, Norway, Portugal (data from three centres only), San Marino, Spain, Sweden, Switzerland, United Kingdom
- The Centre: Albania, Bosnia and Herzegovina, Bulgaria, Croatia, Cyprus, Czech Republic, Hungary, Macedonia FYR, Poland, Romania, Serbia and Montenegro (excluding data from Kosovo), Slovakia, Slovenia, Turkey
- The East: Armenia, Azerbaijan, Belarus, Estonia, Georgia, Kazakhstan, Kyrgyzstan, Latvia, Lithuania, Republic of Moldova, Russian Federation, Tajikistan (no data available for 2000-2004), Turkmenistan (no data available for 2000-2004), Ukraine, Uzbekistan

References:

1. Likatavicius G, Hamers FF, Downs AM, Alix J, Nardone A. Trends in HIV prevalence in blood donations in Europe, 1990-2004. *AIDS* 2007;21(8):1011-8.
2. Hamers FF, Downs AM. HIV in central and eastern Europe. *Lancet* 2003;361:1035-44.

[back to top](#)

医薬品 研究報告 調査報告書

識別番号・報告回数			報告日	第一報入手日 2007. 9. 20	新医薬品等の区分 該当なし	機構処理欄
一般的名称	解凍人赤血球濃厚液				公表国	
販売名(企業名)	解凍赤血球濃厚液「日赤」(日本赤十字社) 照射解凍赤血球濃厚液「日赤」(日本赤十字社) 解凍赤血球-LR「日赤」(日本赤十字社) 照射解凍赤血球-LR「日赤」(日本赤十字社)	研究報告の公表状況	百瀬俊也. 第31回日本血液事業学会総会; 2007 Oct 3-5; 高松.		日本	
研究報告の概要	<p>○感染症リスクと安全対策の取り組み 日本赤十字社血液事業本部が関わる安全対策の取り組みと感染症リスクについて報告する。 平成16年から18年までの3年間に全国の医療機関から日赤血液センターに報告された輸血関連感染症(疑い症例を含む)の報告数は749例であり、その内訳はHBV47.0%、HCV27.6%、細菌21.0%で95.6%を占め、以下、HIV、HEV、ヒトパルボウイルスB19、CMV、HTLV-1、真菌、HAV、単純ヘルペスウイルスと続く。このうち輸血用血液製剤との因果関係が高いと評価した症例は、HBV:37例、HCV:2例、HEV:4例、B19:4例、細菌:3例であった。HBVの37例の内訳は、自発報告19例、遡及調査12例、追跡調査6例であり、HCVの2例は遡及調査で個別NAT陽性となった50プールNATウィンドウ期の血液による感染症例であった。HEVについては、4例中3例は北海道で研究的に実施しているHEV-NATにより明らかになった症例である。 一方、献血者の陽性検査結果から始まる遡及調査については、平成11年4月～平成19年3月までの集計で、対象献血件数25,212件の個別NATを実施し、陽性となったのはHBV369件、HCV4件、HIV1件であった。その情報を元に得られた受血者状況は、原疾患等による死亡152件、非陽転80件、陽転22件(内訳:HBV19、HCV2、HIV1)であった。献血後情報の処理件数の9割以上は英国1泊渡航歴によるもので、最盛期(平成17年8月)1,974件/月であったが、平成19年は約350件/月と減少している。遡及調査及び感染症報告の解析を基礎としたHBVの感染リスクの推計値(年間13～17例)と比較し、過去3年間のHBV感染症例の平均値は12.3例とこれをやや下回る数値となった。日赤の安全対策の実施によりHBV、HCV及びHIVの感染リスクは減少し、安全性は高くなった。しかし、HCV及びHIVも含め遡及調査の実施により確認された感染症例も少なくない。今後、稀な感染症も視野に入れヘモビジュランスを推進し、感染拡大を防止するための安全対策を引き続き講じていく必要がある。</p>					使用上の注意記載状況・その他参考事項等 解凍赤血球濃厚液「日赤」 照射解凍赤血球濃厚液「日赤」 解凍赤血球-LR「日赤」 照射解凍赤血球-LR「日赤」 血液を介するウイルス、細菌、原虫等の感染 vCJD等の伝播のリスク
	報告企業の意見 日本赤十字社血液事業本部が関わる安全対策の取り組みと感染症リスクについての報告である。	今後の対応 日本赤十字社では、HBV、HCV、HIVについて20プールでスクリーニングNATを行い、陽性血液を排除している。また、「血液製剤等に係る遡及調査ガイドライン」(平成17年3月10日付薬食発第0310009号)に基づき、輸血感染症の調査を行っている。輸血感染症に関する新たな知見等について今後も情報の収集に努める。次世代NAT試薬についての評価、検査方法の改良に向けた開発・検討を進める。				

87



シンポジウム4-2

感染症リスクと安全対策の取り組み

日本赤十字社血液事業本部

百瀬俊也

血液事業本部安全管理課が関わる安全対策の取り組みと感染症リスクについて報告する。

平成16年から18年までの3年間に全国の医療機関から日赤血液センターに報告された輸血関連感染症（疑い症例を含む）の報告数は749例であり、その内訳はHBV47.0%、HCV27.6%、細菌21.0%で95.6%を占め、以下、HIV、HEV、ヒトパルボウイルスB19、CMV、HTLV-1、真菌、HAV、単純ヘルペスウイルスと続く。このうち輸血用血液製剤との因果関係が高いと評価した症例は、HBV：37例、HCV：2例、HEV：4例、B19：4例、細菌：3例であった。HBVの37例の内訳は、自発報告19例、遡及調査12例、追跡調査6例であり、HCVの2例は遡及調査で個別NAT陽性となった50プールNATウィンドウ期の血液による感染症例であった。HEVについては、4例中3例は北海道で研究的に実施しているHEV-NATにより明らかになった症例である。

一方、献血者の陽性検査結果から始まる遡及調査については、平成11年4月～平成19年3月までの集計で、対象献血件数25,212件の個別NATを実施し、陽性となったのはHBV369件、HCV4件、HIV1件であった。その情報を基に得られた受血者状況は、原疾患等による死亡152件、非陽転80件、陽転22件（内訳：HBV19、HCV2、HIV1）であった。

献血後情報の処理件数の9割以上は英国1泊渡航歴によるもので、最盛期（平成17年8月）1,974件/月であったが、平成19年は約350件/月と減少している。

遡及調査及び感染症報告の解析を基礎としたHBVの感染リスクの推計値（年間13～17例）と比較し、過去3年間のHBV感染症例の平均値は12.3例とこれをやや下回る数値となった。日赤の安全対策の実施によりHBV、HCV及びHIVの感染リスクは減少し、安全性は高くなった。しかし、HCV及びHIVも含め遡及調査の実施により確認された感染症例も少なくない。今後、まれな感染症も視野に入れへモニタリングを推進し、感染拡大を防止するための安全対策を引き続き講じていく必要がある。

医薬品 研究報告 調査報告書

識別番号・報告回数		報告日	第一報入手日 2007. 8. 24	新医薬品等の区分 該当なし	機構処理欄
一般的名称	新鮮凍結人血漿	研究報告の公表状況	CDC Press Release, 2007 Aug 22.	公表国	
販売名(企業名)	新鮮凍結血漿「日赤」(日本赤十字社) 新鮮凍結血漿-LR「日赤」(日本赤十字社)			米国	
研究報告の概要	<p>○CDCの研究者がマールブルグウイルスの感染源と考えられる動物を発見—アフリカフルーツコウモリの感染を特定 米国疾病対策予防センター(CDC)と協力施設の科学者がよく見られるアフリカフルーツコウモリ的一种におけるマールブルグウイルスの感染を特定することに初めて成功した。マールブルグウイルスは、ヒトや霊長類に重篤で死に至ることも多い出血熱を引き起こす。コウモリがマールブルグウイルスを保有することが疑われていたが、これまで感染原因となる証拠は検出されていなかった。</p> <p>「この発見はウイルスと戦う助けになる」とCDCのDr. Julie Gerberdingは話している。「感染経路の特定は一つの課題だった。この研究は、マールブルグウイルスの伝播についてより理解し、ヒトにおける感染拡大を予防・減少させる助力になるだろう」</p> <p>研究は、ガボン共和国のFrancevilleにある国際医学研究センター(CIRMF)及び開発研究所と共同で行われ、ウイルスの遺伝物質と特異抗体によって特定の種のコウモリにおけるマールブルグウイルス感染が確認された。これは、野生の非霊長類におけるマールブルグウイルス感染の証拠を確認した最初の研究であり、ガボンにおけるこのウイルスの存在を示す最初の報告でもある。この研究では、異なる10種のコウモリ1,100匹以上を検査した。アフリカフルーツコウモリの1種類だけ(<i>R. aegyptiacus</i>)がマールブルグウイルス感染陽性となり、他の種からは感染の証拠は見つからなかった。さらに、感染したコウモリから得られたウイルスの遺伝子シーケンスはこれまでに知られている動物やヒト由来のウイルスシーケンスとは異なっていた。このアフリカフルーツコウモリはサハラ以南のアフリカ地域全土で見られる。</p>				使用上の注意記載状況・ その他参考事項等
報告企業の意見		今後の対応			
CDCの研究者がよく見られるアフリカフルーツコウモリ的一种におけるマールブルグウイルスの感染を特定することに初めて成功したとの報告である。		日本赤十字社では、輸血感染症対策として問診時に海外渡航歴の有無を確認し、帰国後4週間は献血不適としている。今後も引き続き、新興・再興感染症の発生状況等に関する情報の収集に努める。			



[CDC Home](#) > [Media Relations](#) > [Release](#) > August 22, 2007

- [Email this page](#)
- [Printer-friendly version](#)

Press Release

For Immediate Release:
Thursday, Aug. 22, 2007

Contact: CDC Division of Media Relations
(404) 639-3286

CDC Researchers find possible animal source for Marburg virus

Identification of infection in a common African fruit bat

Scientists at the Centers for Disease Control and Prevention and their collaborators have for the first time successfully identified Marburg virus infection in a common species of African fruit bat (*Rousettus aegyptiacus*). Marburg virus causes severe, often fatal, hemorrhagic fever in people and non-human primates. Bats have been suspected of carrying the virus, but until now, evidence of Marburg virus infection in bats had not been detected. These research results were published Wednesday in the open access journal PLoS ONE (www.plosone.org).

"This groundbreaking discovery aids us in our efforts to combat a virus that causes very severe illness," said Dr. Julie Gerberding, CDC director. "One of the challenges has been identifying how people get infected. This research brings us closer to understanding the transmission of Marburg virus and hopefully will help advance our efforts to prevent or reduce the spread of the virus to people. There is much more that we need to learn about hemorrhagic fever viruses, but this is an important step forward."

The work, done in collaboration with the International Center for Medical Research (CIRMF) and the Institute for Research and Development, both in Franceville, Gabon, represents the first time in which Marburg virus genetic material and specific antibodies have both confirmed Marburg infection in a specific bat species. There has been much speculation and scientific investigation of potential reservoirs for Marburg virus, but this is the first study to definitively document evidence of the virus in wild non-primates. It is also the first study to document evidence of Marburg virus in the Central African country of Gabon.

In this study, more than 1,100 bats representing 10 different species were tested. Only one species of African fruit bat (*R. aegyptiacus*), tested positive for Marburg virus infection. No evidence of Marburg virus was identified in the other species of insect-eating or fruit bats tested. Further, viral genetic sequences obtained from the infected bats in this study were unique when compared to other known Marburg virus sequences from animals or humans. This species of African fruit bat is found throughout sub-Saharan Africa.

Marburg virus and the related Ebola virus have caused outbreaks of disease in both people and non-human primates (e.g., African green monkeys), and these outbreaks may result in the death of 80 to 90 percent of those infected. With no vaccine or drug therapy available, outbreaks of Marburg often start abruptly and spread from person-to-person until infection control measures can be implemented. Reports of Marburg hemorrhagic fever are rare, with recent occurrences limited to countries in sub-Saharan Africa.

The publication of this research coincides with a recent investigation of Marburg infection among miners in Uganda. CDC recently deployed a six-person team to investigate the source of the infection, help identify and find people who may have been exposed to the virus or to infected people, and offer guidance on infection control. The team is also working to determine if the same bat species (*R. aegyptiacus*) or other species of bats might be the source of the infection among the Ugandan miners, and potential routes of transmission between the bats and humans.

"This recent discovery is helping to guide our current outbreak investigation in Uganda," said Dr. Jonathan Towner, lead author of the publication and a member of CDC's Ugandan investigation team. "We're trapping bats that live in the mine to test them for evidence of Marburg virus infection. If infected bats are found, we'll be looking at how they could have transmitted the virus to the miners."

To learn more about Marburg virus please visit: www.cdc.gov/marburg

###

DEPARTMENT OF HEALTH AND HUMAN SERVICES

Content Source: Office of Enterprise Communication

Page last modified: August 22, 2007

Page Located on the Web at <http://www.cdc.gov/od/oc/media/pressrel/2007/r070822.htm>

DEPARTMENT OF HEALTH AND HUMAN SERVICES
CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION
SAFER • HEALTHIER • PEOPLE™

