

ÚJ ÉS ÚJONNAN FELBUKKANÓ VÍRUSOK

EMERGING AND REEMERGING VIRUSES

Takács Mária¹, Barcsay Erzsébet², Szomor Katalin³

¹PhD, habil, szaktanácsadó, címzetes egyetemi tanár,
Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ Virologiai Laboratóriumi Osztály, Budapest,
Semmelweis Egyetem Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Budapest

²MD, osztályvezető, Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ, Virologiai Laboratóriumi Osztály, Budapest

³PhD, referencialaboratórium-vezető, Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ Virologiai Laboratóriumi Osztály,
Budapest

ÖSSZEFOGLALÁS

A vírusok fontos szerepet játszanak az emberi fertőző megbetegedések kialakulásában. A közlemény a vírusok keletkezésének főbb elméleteit, a vírusok változékonyságának okait (mutáció, rekombináció, reasszortáció) tekinti át, példákat hoz ismert vírusok megjelenésére új földrajzi területen és szokatlan terjedési módokra is. Az oltásellenesség terjedése miatt olyan járványok is kialakulhatnak, amelyek ellen létezik hatásos oltás. Az Egészségügyi Világszervezet (WHO) közzétette, hogy mely betegségek jelentik a legnagyobb közegészségügyi kockázatot. Ezek mind zoonózisok, vagyis állatról emberre terjedő betegségek (eltekintve eddig még esetleg ismeretlen betegségektől). A vírusok kutatása jelentős szerepet játszik az ismeretlen eredetű járványok megfékezésére való felkészülésben.

ABSTRACT

Viruses play an important role in the evolution of human infectious diseases. The article summarizes the main theories of viral origin, the causes of viral variability (mutation, recombination, and reassortment), and also provides examples of the emergence of known viruses in new geographical areas and unusual modes of transmission. The spread of anti-vaccine activism can lead to epidemics for which effective vaccines exist. The World Health Organization (WHO) has published a list of diseases that pose the greatest threat to public health. These are all zoonoses, i.e. diseases that can be transmitted from animals to humans (with the exception of diseases that may not yet be known). Viral research has an important role to play in preparing for the control of epidemics of unknown origin.

Kulcsszavak: vírusok keletkezése és felfedezése, változékonyság, zoonózis, közegészségügyi kockázat

Keywords: emergence and discovery of viruses, variability, zoonosis, public health concern

BEVEZETÉS

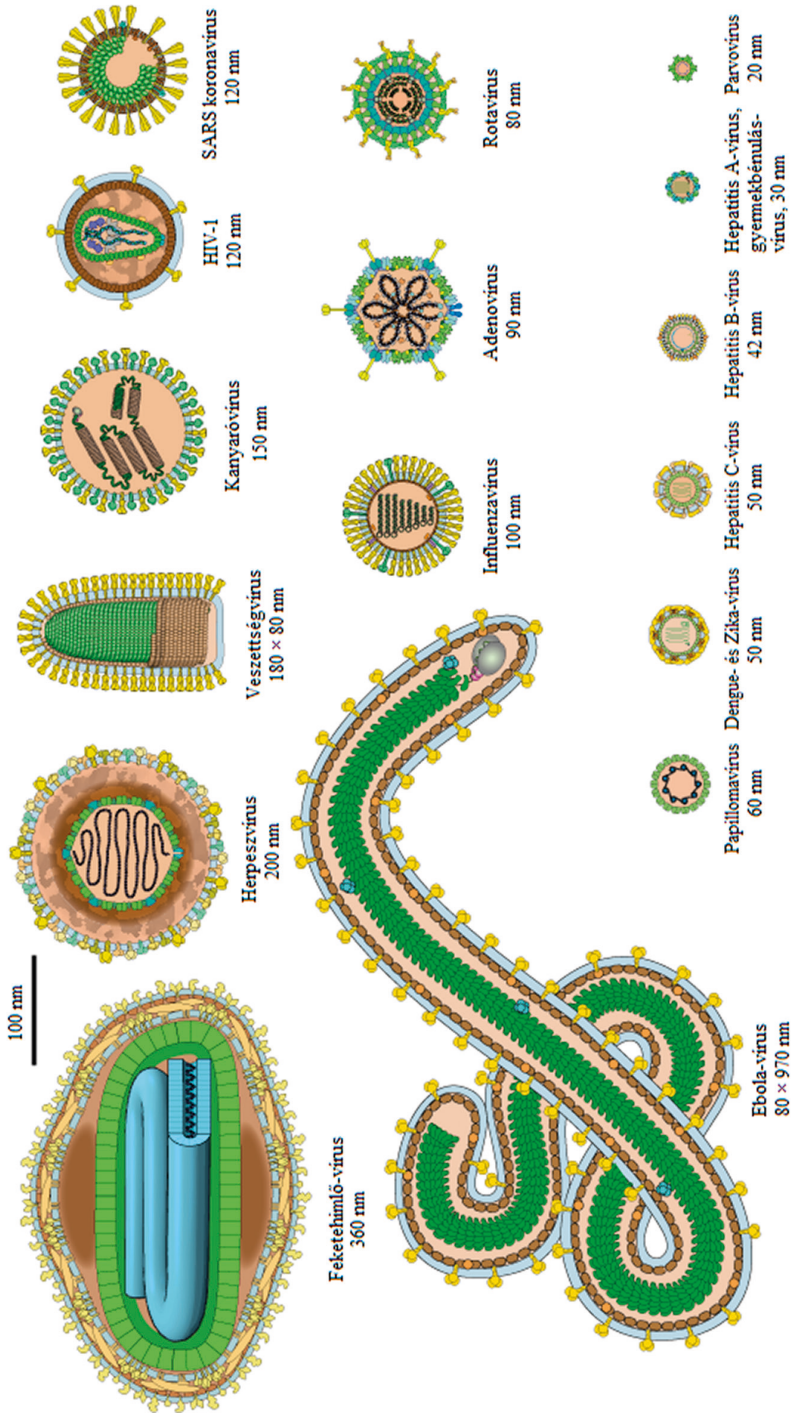
A fertőző betegségek meghatározó szerepet játszottak az emberiség történetében. Gondoljunk csak a pestis-, spanyolnátha- és feketehimlő-járványokra, amelyek az egész akkor ismert világon végigsöpörtek, és az érintett lakosság számottevő része halt bele a fertőzésekbe. A fekete himlőben mintegy 300 millióan haltak meg csak a 20. században. A gyermekkori fertőzések is sok áldozatot szedtek. Az átlagéletkor részben azért volt sokkal alacsonyabb, mint napjainkban, mert a gyermekkori fertőzésekben a gyermekek jelentős része meghalt.

A védőoltások és az antibiotikumok alkalmazása a 20. század hetvenes éveire már általánossá vált. A WHO (World Health Organization, Egészségügyi Világszervezet) és a CDC (Centers for Disease Control and Prevention, Amerikai Betegségmegelőzési és Járványügyi Központ) oltási kampányának köszönhetően 1980-ra a fekete himlőt teljesen eradikálták, vagyis a betegség többé nem fordul elő a Földön.

A védőoltások és az antibiotikumok alkalmazásának jótékony hatásai miatt sokan hihették azt, hogy a fertőző betegségek teljesen legyőzhetők, azonban 1983-ban egy új vírust, a humán immundeficiencia vírust (HIV) azonosították egy addig ismeretlen eredetű megbetegedés hátterében, amely pánikot okozott az egész világon. A vírus által okozott betegséget – melynek késői stádiuma az AIDS – kezdetben egyáltalán nem lehetett gyógyítani, és abban az időben minden esetben halálos kimenetellel végződött. Ekkor vált talán mindenki számára világossá, hogy az évezredes küzdelem a kórokozók ellen nem ért véget, és új, eddig ismeretlen vírusok jelenhetnek meg.

A vírusok által okozott kórképek már régen is ismertek voltak. Arisztotelész már az időszámításunk előtti 4. században tudományos alapossággal írta le a veszettség tüneteit. Kicsiny méretük miatt azonban sokkal később fedezték fel a vírusokat, mint a parazitákat, baktériumokat. Dmitrij Joszifovics Ivanovszkij orosz tudós 1892-ben írta le először, hogy vannak fénymikroszkóppal nem látható kórokozók.

A vírusok csak élő sejtben képesek szaporodni. A többi kórokozótól nemcsak méretükben különböznek, hanem abban is, hogy nem sejt szerkezetűek, a megfertőzött sejt alkotóelemeit, enzimszisztémáját és energiaforrásait használják fel arra, hogy szaporodjanak. Alapvetően mindössze örökítőanyagból (nukleinsav) és azt körülvevő fehérjéből (kapszid) állnak. A kapszidon belül tartalmazhatnak még néhány fehérjét, például a szaporodáshoz szükséges enzimeket is. A vírusok egy részében található még egy, a kapszidon kívüli burok is. A vírusok sokféleségét az *1. ábra* mutatja.



1. ábra. Az embert megfertőző vírusok mérete és morfológiája

Forrás: ViralZone (URL), CC BY 4.0 licenc, a szerzők fordításával

HOGYAN KELETKEZTEK A VÍRUSOK?

A vírusok keletkezése még nem tisztázott. Eredetükre több elmélet született, amelyek a következők:

1. A *progresszív vagy menekülési hipotézis* azt állítja, hogy a vírusok olyan genetikai elemekből keletkeztek, amelyek képessé váltak a sejtek közötti mozgásra. E hipotézis szerint a vírusok egy fokozatos folyamat révén keletkeztek. A mobil genetikai elemek, a genetikai anyagnak a genomban mozgásra képes darabjai képessé váltak arra, hogy az egyik sejtől kilépve egy másikba kerüljenek. Bizonyos vírusok és az emberi genomban előforduló vírusszerű retrotranszpozonok genetikai szerkezete valóban figyelemre méltó hasonlóságot mutat. Ezek a mobil genetikai elemek a humán genomnak több mint 40%-át alkotják.
2. A *regresszív vagy redukciós hipotézis* szerint a vírusok a sejtés organizmusok maradványai. E szerint az elmélet szerint a létező vírusok összetettebb, szabadon élő organizmusokból fejlődhettek ki. Eredetileg nagyobb sejteket fertőztek meg, ezért a parazita életmód miatt egy idő után elvesztették azokat a géneiket, amelyekre nem volt szükségük. Vagyis a vírusok tulajdonképpen degenerált sejtek.
3. A *vírusok önálló entitások hipotézis* (vagy *virus-first* hipotézis) szerint a vírusok léteztek először (az előző két hipotézis feltételezi, hogy a sejtek már a vírusok előtt is léteztek). Ezek az egységek idővel szervezettebbé és összetettebbé váltak, végül a membránok és sejtfalak szintézisére szolgáló enzimek fejlődtek ki, ami a sejtek kialakulásához vezetett. Előfordulhat, hogy az első sejt kialakulása előtt létező RNS-molekulák fejlesztették ki azt a képességet, hogy megfertőzzék az első sejteket, és a ma létező egyszálú RNS-vírusok ezeknek a sejtek előtti RNS-molekuláknak a leszármazottai.
4. A *koevolúciós hipotézis* azt feltételezi, hogy a vírusok egyidejűleg keletkeztek a gazdaszervezetekkel, és velük együtt fejlődtek.

További elméletek is ismeretesek, de egyelőre egyik hipotézis sem bizonyosodott be (Wessner, 2010).

ÚJ VÍRUSOK FELFEDEZÉSE

Egészen a közelmúltig új vírusokat a tünetekből kiindulva lehetett felfedezni, azonosítani. Azokat a vírusokat, amelyek nem okoztak megbetegedést, tüneteket, csak ritkán, jobbra a véletlennek köszönhetően fedeztük fel. A most már rendelkezésre álló új módszerekkel (metagenom-szekvenálással) gyakorlatilag

minden, az emberi szervezetben jelen lévő vírust ki lehet mutatni, ezek összességét viromnak nevezik (Bhagchandani et al., 2023). Jelen írásnak a kórokozó vírusok ismertetése a célja; a virom tárgyalása, áttekintése ezen keretek között nem lehet cél.

Teljesen új patogén (kórokozó) vírusokat ritkán lehet felfedezni, de a humán immundeficiencia vírus (HIV) ilyen volt. Különböző fajú majmok (például: csimpánz, kormos mangábé) immundeficiencia vírusa – valószínűleg több alkalommal – képes volt megfertőzni az embert valamikor a 20. század első harmadában. Így egy új emberi vírus, a humán immundeficiencia vírus alakult ki, amely képes emberről emberre terjedni. A SARS-CoV-2 is hasonló módon, gazdaváltással került át állatról emberre 2019-ben. Nincs rá bizonyíték, hogy korábban szerepet játszott volna emberi fertőzésben.

RÉGEBB ÓTA FERTŐZŐ VÍRUSOK FELFEDEZÉSE

Sokkal gyakoribb az, hogy az új vírus felfedezésekor kiderül, hogy már *régebb óta* fertőzi az embereket, és a régen ismert betegség kórokanak azonosítása történik meg (kórokozó–betegség/tünet összekapcsolása). A hepatitisz C-ről (felfedezése: 1989) nem tudjuk, mikor keletkezhetett, csak azt, hogy mikortól tudtuk elkülöníteni mint a májgyulladás egyik fontos kórokozóját. Amíg ez nem tisztázódott, több vírussal együtt ezt is non-A-non-B hepatitis-vírusnak nevezték.

Érdekes történet az Egyesült Államokban egy nagyon súlyos betegség, a mai nevén hantavírus tüdőszindróma kórokozójának esete. A megbetegedés lázzal, izomfájdalmakkal, köhögéssel, akut légzési elégtelenséggel jár, a halálozás elérheti az 50%-ot. 1993-ban több súlyos megbetegedés történt az ún. „Four corners” régióban, ahol négy államnak van közös határa (Colorado, Utah, Arizona és New Mexico) (Levy, 1995). A vírust ezért Four Corners-hantavírusnak nevezték el. Ezen a területen több ismert, nagy látogatottságú nemzeti park van, például a Grand Canyon is itt található. Az új betegség hírére a következő évben sokkal kevesebb turista látogatta meg a vidéket, ezért turisztikai megfontolásból a „Sin Nombre” (név nélküli) vírusnak nevezték át. Később bebizonyították, hogy néhány, korábban ismeretlen eredetű halálos tüdőszindrómánál is ez a vírus játszott szerepet (Zaki et al., 1996).

Vannak olyan vírusok, melyek általában nem okoznak betegséget egészséges emberekben, így sokáig nem fedezik fel őket. Ha azonban egy ilyen vírus csökkent immunválaszra képes (immunkompromittált) embert fertőz meg, már okozhat tüneteket és megbetegedést. Így fedezték fel egy vesetranszplantált beteg mintájából kimutatva a 35-ös típusú adenovírust (Stalder et al., 1977).

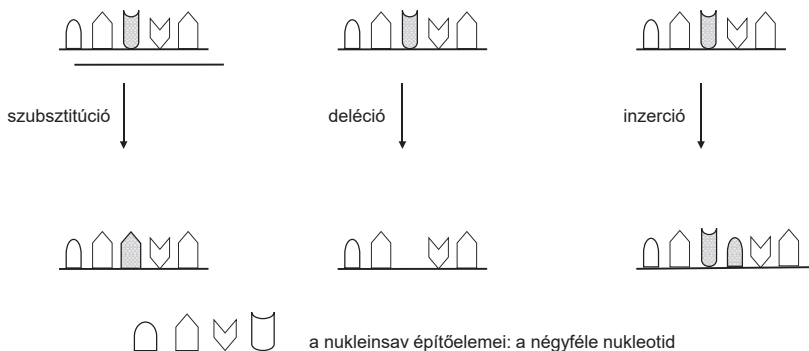
A VÍRUSOK VÁLTOZÉKONYSÁGA

A vírusok változnak, és így új tulajdonságokat szerezhetnek. A vírusgenomok a leggyorsabban változó entitások a biológiában, mivel rövid a replikációs (szaporodási) idejük, és a replikációs ciklusonként kibocsátott utódok száma nagy (akár több ezer vírus is keletkezhet egyetlen sejtben egyidejűleg). Az evolúció többféle mechanizmuson keresztül történik. Az is előfordulhat, hogy bizonyos okok miatt egyes vírusok új földrajzi területen vagy szokatlan körülmények között bukkannak fel. Ezeket a lehetőségeket vesszük sorra a továbbiakban.

Példák mutációval átalakult vírusokra

A vírusok változásának legismertebb módja a mutáció. Minden szaporodásra képes szervezet, így a vírusok tulajdonságait is a bennük lévő örökítőanyag, a nukleinsav határozza meg. A vírusokon kívül az összes élőlény örökítőanyaga a kétszálú DNS, míg a vírusok különlegesen abban, hogy esetükben ez az örökítőanyag lehet RNS vagy DNS. Míg a DNS másolásakor hibajavító mechanizmus biztosítja, hogy ne vagy csak minimális legyen az eltérés az eredeti és az új szál között, az RNS másolásakor ez a hibajavító mechanizmus általában nincs jelen. Ezért az RNS-vírusok (például az influenzavírus, norovírus, hepatitisz C-vírus) sokkal változékonyabbak, mint a DNS-vírusok (ahol szintén előfordulnak természetes hibák, a hibajavítás ellenére is). Mutációk keletkezhetnek akár külső hatásra (sugárzás, karcinogén vegyszerek) is bekövetkező nem pontos másolás eredményeként. Egy nukleotid helyett beépülhet egy másik nukleotid (szubsztitúció), de lehet más változás is, például egy/több új nukleotid beépülése (inzerció) vagy egy vagy több nukleotid kihagyása másolásakor (deléció), lásd 2. ábra.

A mutációk leggyakoribb típusai:



2. ábra. A mutáció leggyakoribb típusai

Forrás: a szerzők szerkesztése

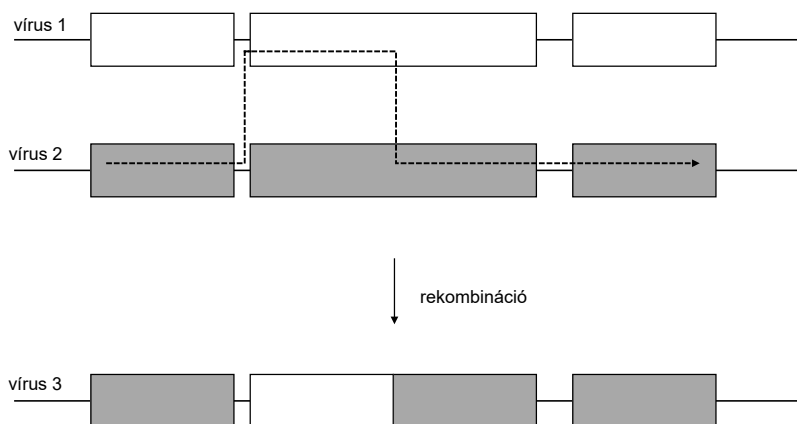
Ha a mutáció a vírus működését, szaporodását akadályozza, akkor nem is szerzünk róla tudomást. De ha a változás valamiért hasznos a vírusnak, például jobban tud a gazdasejthez kötődni, akkor a mutálódott változat terjed el. Ez történik a SARS-CoV-2 járvány kapcsán is. Az eredeti vírus állati sejtekhez tudott jól kötődni, így azokat tudta megfertőzni. Egy kis genomváltozás és a körülmények módosulása következtében a vírus „megtanult” az emberi sejtekhez is hozzákapcsolódni. A további mutációkkal olyan variánsok keletkeztek, amelyek egyre jobban illeszkedtek az emberi sejt azon receptorához, amelyen keresztül a SARS-CoV-2 bejut a sejtbe. Amelyik vírus jobban kapcsolódik a sejthez, az nagyobb hatékonysággal tud terjedni, fertőzni. Így az újabb variánsok folyamatosan kiszorítják a régebbieket. Az omikron variáns ráadásul több módon tud bejutni a sejtbe (fúzióval és endocitózissal is), szemben a korábbi (kizárólag fúzióval sejtbe jutó) variánsokkal szemben.

A DNS-vírusok mutációjára példa a hepatitisz B-fertőzöttek hosszú távú kezelése során megjelenő gyógyszerrezisztens vírusvariánsok. Kezdetben a májgyulladást okozó hepatitisz B-vírus-fertőzés esetén alkalmazott antivirális szerek hatására igen gyakori volt a rezisztens vírusváltozatok megjelenése. A lamivudin esetében öt év után a betegek akár 80%-ánál is hatástalanná vált a terápia. Ma már olyan antivirális szereket használnak, amelyek ellen nagyon kis százalékban jelenik meg rezisztencia.

A rekombináció szerepe az új tulajdonságok kialakításában

A rekombináció gének cseréjét jelenti. Ehhez két, genetikailag rokon vírusnak kell egy sejtben jelen lennie. A szaporodás során az egyik vírus felveheti a másik egy vagy több génjét (lásd 3. ábra). Alapvetően is megváltozhat egy vírus bizonyos tulajdonsága a rekombináció során. Például a humán immundeficiencia vírus a nagy mutációs ráta mellett gyakran rekombinálódik is, és így újabb és újabb tulajdonságú vírusok tudnak kialakulni, ami evolúciós előnyt jelent az immunrendszerrel szemben. A HIV esetében a mutációk gyakran okoznak gyógyszerrezisztenciát is (Kemal et al., 2012). A különböző gyógyszerrezisztenciával rendelkező vírusok egyetlen sejtben történő szaporodásakor a rekombináció potenciálisan elősegítheti a multidrog-rezisztencia kialakulását azáltal, hogy egyetlen vírusgenomban egyesíti a különböző vírusokban korábban már kialakult rezisztenciamutációkat. A mechanizmus által sokkal veszélyesebb vírusok jöhetnek létre.

Rekombinációval *mesterségesen* is elő lehet állítani új vírusokat. Ezt a technikát használják például a vírusvektorok előállításához. A vírusvektorokat régebben is használták különböző víruskutatásokhoz, diagnosztikához, vakcinák előállításához. A Covid19-járvány idején lettek széles körben ismertek, hiszen az új típusú koronavírus ellen használt védőoltások közül a Gam-COVID-Vac (Szputnyik) és a Vaxzevria (AstraZeneca) is vektoralapú vakcina.



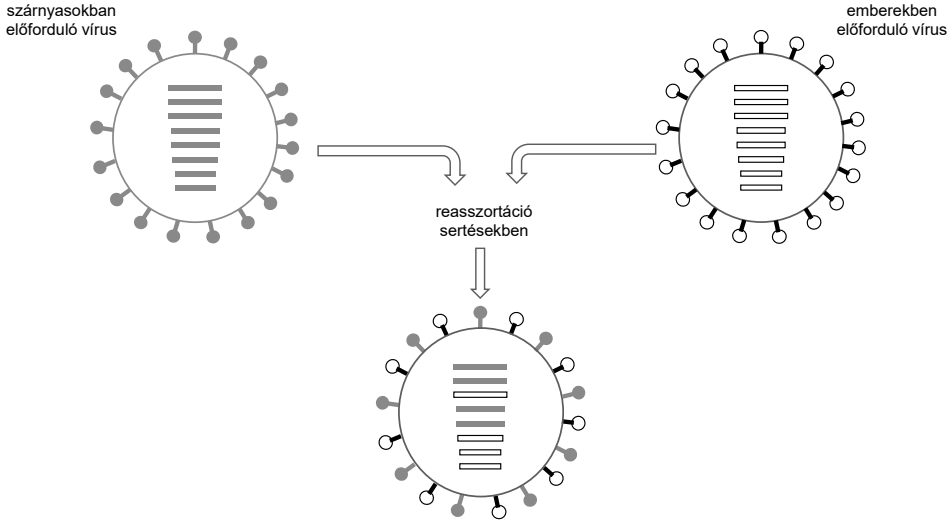
3. ábra. Rekombináció

Forrás: a szerzők szerkesztése

Reasszortáció – az influenza-világjárványok oka

Vannak olyan vírusok, amelyek örökítőanyaga nem egyetlen nukleinsavlánc, hanem több szegmensből áll. Egy-egy szegmens több gént is hordozhat. Ha két azonos fajú vírus jut egy sejtbe, akkor ezek a szegmensek keveredhetnek. Természetesen ebben az esetben előfordulhat, hogy a vírus nem lesz életképes, vagy kevésbé tud terjedni, mint az eredeti vírus – ekkor nem okoz problémát. De ha a vírus olyan tulajdonsághoz jut a reasszortáció során, amellyel fertőzőképessége megnövekszik (virulensebbé válik), vagy súlyosabb betegséget okoz, esetleg teljesen új tulajdonságot hordoz, akkor egy új vírusvariáns komoly járványok kiindulópontja lehet. Az új tulajdonsággal rendelkező reasszortáns vírusokkal szemben az emberiség még nem védett, ami szintén – akár világméretű – járványokhoz vezethet. A reasszortáció folyamatát a 4. ábra szemlélteti.

A legismertebb, reasszortációra képes vírus az influenzavírus. Az influenzavírusok nemcsak az embert, hanem sokféle állatfajt is képesek megfertőzni. Az új, reasszortált, embert fertőző vírusok kialakulása szempontjából legjelentősebb fajok a vadmadarak és a sertés. A vándorló vadmadarak vándorlás közben terjesztik a vírust. A madárinfluenza-vírus más receptoron (olyan sejt felszíni fehérje, melyhez kapcsolódva a vírus be tud jutni a sejtbe) keresztül jut be a sejtbe, mint az emberi influenzavírus, ezért a madárinfluenza-vírus közvetlenül nagyon nehezen tudja megfertőzni az embert. A sertésben azonban mindkét (az emberi sejtbe és a madársejtbe is jellemző) receptor megtalálható. Így, ha egy sertés egyazon sejtjébe kerül egy emberi, illetve egy madárinfluenza-vírus, akkor az örökítőanyag-szegmensek kicserélődhetnek, létrehozva ezzel egy új antigén tulajdonságú vírust.



4. ábra. Reassortáció

Forrás: a szerző szerkesztése

Az 1918–19-es spanyolnátha egy új típusú influenzajárvány volt. A járványt okozó vírus eredetileg egy sertéspatogén vírus volt madár eredetű szekvenciák beépülésével. Az akkori járvány a becslések szerint 50–100 millió halálessellett járt, ami több, mint az első világháború áldozatainak száma. További reassortáció miatt kitört nagy világgárványok (pandémiák): 1957: ázsiai influenza; 1968: Hong Kong-i influenza; 1977: orosz influenza; 2009: új influenza (eredetileg sertésinfluenzának nevezték, de nem csak sertéseket fertőz meg, ezért változtatták meg a nevét). Ezek az influenzapandémiák már jóval alacsonyabb halálozással jártak, mint a spanyolnátha, részben a már rendelkezésre álló vakcinák, részben a bakteriális szövődeményeket kezelni képes antibiotikumok általános hozzáférhetősége miatt.

ISMERT VÍRUSOK MEGJELENÉSE ÚJ FÖLDRAJZI TERÜLETEN

A globalizáció miatt napjainkban sokkal hamarabb jut el egy kórokozó egy hagyományosan endémiás (ahol egy kórokozó gyakran előfordul, megbetegedéseket okoz) területről újabb, nem endémiás területekre. Ehhez hozzájárul az éghajlatváltozás (például az átlaghőmérséklet és a csapadékmennyiség változása), az ökológiai változások, az emberi viselkedés, a közegészségügyi helyzet is. A vírusok egy részét ízeltlábúak (például szúnyogok, kullancsok, legyek) terjesztik. Ha a megváltozott klimatikus körülmények kedveznek az ízeltlábúak más területre

történő eljutásához, esetleg megtelepedéséhez, akkor viszik magukkal az általuk hordozott, terjesztett vírusokat is.

Példaként említhetjük a nyugat-nílusi láz vírusát (West Nile-vírus), amelyet számos szúnyogfaj hordoz. A vírus Uganda West Nile nevű tartományáról kapta a nevét, mivel itt mutatták ki először egy lázas nő véréből, 1937-ben. Az emberi fertőzések nagy része tünetmentes. A fertőzöttek kb. 20%-ánál enyhébb lázas, kiütéses tünetek alakulnak ki, 1%-nál pedig idegrendszeri érintettség (agyhártyagyulladás, agyvelőgyulladás, heveny petyhüdt bénulás) tapasztalható.

A vírus először az 1999–2000-es New York-i nyugat-nílusi-láz-járvány kapcsán okozott pánikot Amerikában, amikor hirtelen megugrott az agyvelőgyulladások száma. Utólagos vizsgálatok kiderítették, hogy a vírust hordozó szúnyog egy Nyugat-Afrikából érkező repülőgéppel juthatott be az országba. Az ezt követő években a vírus gyorsan elterjedt az észak-amerikai kontinensen, több ezer emberi és állati (például lovak, madarak) megbetegedést okozva. Mára a vírus világszerte előfordul. Európában elsősorban a középkeleti és déli térségekben telepedett meg, de már Németországban és Hollandiában is igazoltak helyi eredetű megbetegedéseket. Magyarországon a 2000-es évek elejétől rendelkezünk emberi megbetegedésekre vonatkozó adatokkal, azelőtt csak állatokban mutatták ki a vírust hazánkban. 2018-ban szokatlanul megemelkedett a nyugat-nílusi vírus okozta megbetegedések száma egész Európában, így hazánkban is. 2018-ban több nyugat-nílusi vírus okozta megbetegedés volt Magyarországon, mint az addigi összes megbetegedés száma. Ez a járvány valószínűleg a megváltozott klimatikus tényezőkre vezethető vissza: számos időjárási faktor, mint például a kora tavaszi nagyobb csapadékmennyiség vagy magasabb hőmérséklet kedvezhetett a vírust terjesztő szúnyogok korai terjedésének (Nagy et al., 2019).

Nagy figyelmet kapott 2015-ben a Zika-vírus elterjedése. Ezt a vírust szintén Ugandában, a Ziika-erdőben mutatták ki először, 1947-ben. Évtizedekig a szűk egyenlítői régióban – Afrikában és Ázsiában – okozott kisszámú megbetegedést a helyi lakosság körében. A Zika-vírus-fertőzések 75–80%-a tünetmentesen zajlik, és a tünetes megbetegedések nagy része is enyhe formában jelentkezik. 3–12 napos lappangási idő után enyhe láz, esetenként bőrkiütések, izom- és ízületi fájdalom jelentkezik. Ritkán idegrendszeri komplikáció is kialakulhat. Várandós nők fertőződése során többek között spontán vetélés vagy mikrocefália (kisfejűség) alakul ki. Magát a vírust elsősorban az *Aedes* szúnyogok terjesztik, de terjed várandósról a születendő magzatra vagy szexuális úton, illetve transzfúzióval is. A vírus 2007-ben „vándorútra” indult. 2007-ben Mikronéziában, 2013-ban Francia-Polinéziában okozott jelentős számú megbetegedést, majd Brazíliába érkezett. 2015-ben az ország északkeleti államaiban szokatlan, jelentős emelkedést tapasztaltak a mikrocefáliás újszülöttek számában, emiatt Brazília egészségügyi vészhelyzetet hirdetett. A Zika-vírus miatt várandósok utazása Zika-vírusral fertőzött területekre nem javasolt.

A magyar lakosságot kevésbé érinti, de szintén egészségügyi vészhelyzet volt a 2014–2016-os Ebola-vírus-járvány. Az ebola súlyos, erős vérzéssel és magas lázzal járó betegség, a fertőzöttek 25–90%-ánál halálos kimenetelű. Az Ebola-vírusnak a denevérek a rezervoárjai (bennük él a vírus), és sok emlőst megfertőzhetnek. Az emberek a denevérekkel vagy egyéb fertőzött állatokkal kapcsolatba kerülve betegedhetnek meg, illetve megfertőzhetik egymást is.

2014-ig az Ebola-vírus csak kisszámú fertőzést okozott, elsősorban közép-afrikai országokban. Egy-egy járványban maximum ötszáz fő fertőződött meg, és a megbetegedett falubeliek felgyógyulása vagy halála után a járvány nem terjedt tovább. 2014-ben az Ebola-vírus eljutott Nyugat-Afrikáig, ahol mások a társadalmi viszonyok, mint Közép-Afrikában. Többet utaznak az emberek, nagyobb távolságokat tesznek meg, így a beteg, tünetes személy könnyen tovább tudja adni a fertőzést. A nyugat-afrikai járvány során több mint 30 000 személy fertőződött meg, akik közül majdnem 12 000-en meghaltak. Elkerülhetetlen volt, hogy ebolás személy Nyugat-Afrikán kívülre utazzon; szerencsére azoknak a nagy része, akik behurcolták a fertőzést a fejlett országokba, túlélte a fertőzést. Mivel a tünetek megjelenése előtt az Ebola-vírus nem fertőz, ezért járvány sem alakult ki Afrikán kívül (URL2).

VÍRUSOK TERJEDÉSE SZOKATLAN MÓDON

Ha egy vírus szokatlan módon fertőz, nagy járvány nem szokott kitörni, mégis érdekes ezeket az eseteket is áttekinteni. Az alábbiakban néhány példán mutatjuk be ezt a jelenséget.

A *kullancsencephalitisz-vírus*ról mindenki tudja, hogy kullancscsípéssel terjed. De nem csak úgy! Minden évben van néhány olyan eset, amikor nyers tej fogyasztásakor fertőződik a beteg. Nyers (forralatlan) tejként leginkább a kecsketejet fogyasztják, mert a kecsketej hipoallergén összetétele kedvezőbb, mint a tehéntejé. Fontos azonban tudni, hogy a nyers tej fogyasztásával számos baktérium okozta betegségen kívül a kullancsencephalitisz-vírus is terjed. Ha a tejet adó kecskét fertőzött kullancs csípi meg, a tejében egy idő után megjelenhet a vírus. Maga a kecske nem lesz beteg, így a gazda nem is gondolja, hogy kecskéje betegséget terjeszt. A legnagyobb ilyen magyarországi járványban huszonöten kaptak agyvelőgyulladást (Balogh et al., 2010). A tej felforralásával a vírus elpusztul.

A *majomhimlő* (új nevén *mpox*) régóta ismert betegség, Afrikában okoz szórónyos megbetegedéseket. A majomhimlő zoonózis, vagyis olyan betegség, amely állatokról emberre terjed, és az esetek gyakran a trópusi esőerdők közelében fordulnak elő, ahol a vírust hordozó állatok élnek. A betegség emberről emberre is átterjedhet a testnedvekkkel, a bőrön vagy belső nyálkahártya-felületeken, például

a szájban vagy a torokban lévő elváltozásokkal, cseppfertőzéssel és szennyezett tárgyakkal való érintkezés útján. Az első emberi megbetegedést 1970-ben azonosították, de 2022-ig csak nemzetközi utazásokhoz köthető esetek fordultak elő, nagyobb járványok nem. 2022 májusa óta az afrikai régió kivül olyan országokból is jelentettek eseteket, ahol korábban nem dokumentálták a majomhimlő terjedését. Csaknem százezer megbetegedés történt. A járvány kitörésének hátterében a fertőzött emberekkel való szoros érintkezés útján történő, emberről emberre terjedés állt. Az esetek többsége a férfiakkal szexuális kapcsolatot létesítő férfiak (MSM) körében fordult elő (URL3).

VÍRUS SZÉLES KÖRŰ ELTERJEDÉSE A VÍRUS VÁLTOZÁSA NÉLKÜL

Régen ismert, rettegett vírusok is tudnak – akár változás nélkül – ismét nagy járványokat okozni. Ilyen például a kanyaróvírus, amely ellen hatásos oltással rendelkezünk. Ha az oltási hajlandóság lecsökken, akkor ismét sokkal többen fertőződnek meg, sőt a kanyaró következtében halálesetek is előfordulhatnak. Az oltásokról szóló álhírek miatt néhány fejlett országban is előfordul, hogy a szülők nem engedik gyermekeiket beoltani. 2023-ban világszerte ismét megemelkedett a kanyarós esetek száma. Ha ugyanis a beoltott gyermekek aránya 95% alá csökken, akkor a „nyájjimmunitás” már nem véd. Ez alapján 2024 tavaszán is több európai országban kanyarójárványt lehetett prognosztizálni (URL4), ami be is következett.

A JÖVŐ

Az Egészségügyi Világszervezet (World Health Organization, WHO) listát vezet arról, hogy mely betegségek jelentik a legnagyobb közegészségügyi kockázatot járványveszélyük miatt, vagy azért, mert nem állnak rendelkezésre megfelelő ellenintézkedések (URL5). Ezek a következők: Covid19, krími–kongói láz, Ebola- és Marburg-vírus, Lassa- és Rift-völgyi láz, MERS-, SARS-, Nipah- és a henipavírusok által okozott megbetegedések, Zika-láz és „X-disease” (vagyis bármi más, amit esetleg nem is ismerünk).

A konkrétan megnevezett vírusok mindegyike zoonózis, vagyis állatról emberre tud terjedni. Számos tényező járulhat hozzá egy új zoonótikus betegség megjelenéséhez. Ezek közé tartozik a vírusok evolúciós fejlődése, az emberi demográfiai és viselkedésbeli változások, az emberek és állatok mobilitásának drámai növekedése, valamint környezeti, például ökológiai és klimatológiai tényezők. Az, hogy lesz-e és mikor lesz a közeli vagy távoli jövőben ismét a spyolnáthához vagy a Covid19-hez hasonló világjárvány, nem lehet megjósolni.

KONKLÚZIÓ

A vakcinák és az antimikrobiális gyógyszerek kifejlesztése, valamint a fekete himlő felszámolása reményt keltett arra, hogy a fertőző betegségek kordában tarthatók, sőt, akár meg is szüntethetők, eradikálhatók. A tények azonban azt mutatják, hogy a fertőző betegségek továbbra is megjelennek, akár ismert, akár újonnan kialakult kórokozóról van szó. Ez kiemeli a mikrobiológiai kutatások fontosságát. A kutatás magában foglalja mind az alapkutatást – amely arra irányul, hogy alaposabban megértsük, hogyan okoznak ezek a kórokozók betegséget, és hogyan reagál az emberi immunrendszer ezekre a fertőzésekre –, mind pedig a vakcinák és más, a kórokozók által okozott fertőzések megelőzésére szolgáló eszközök kifejlesztésére és értékelésére irányuló munkát. Emellett tanulmányozni kell azokat a mechanizmusokat, amelyek révén a kórokozók a használt gyógyszerek ellen rezisztenciát szerezhetnek, valamint a gyógyszerrezisztens fertőzések elleni küzdelem módjait.

IRODALOM

- Balogh Zsuzsanna – Ferenczi Emőke – Széles Klára et al. (2010): Tick-Borne Encephalitis Outbreak in Hungary Due to Consumption of Raw Goat Milk. *Journal of Virological Methods*, Feb; 163, 2, 481–485. DOI: 10.1016/j.jviromet.2009.10.003, <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S016609340900442X?via%3Dihub>
- Bhagchandani, Tannu – Singh, Nikita – Verma, Anjali et al. (2023): Exploring the Human Virome: Composition, Dynamics, and Implications for Health and Disease. *Current Microbiology*, 81, 1, 16. DOI: 10.1007/s00284-023-03537-0, https://www.researchgate.net/publication/375914222_Exploring_the_Human_Virome_Composition_Dynamics_and_Implications_for_Health_and_Disease
- Kemal, Kimdar S. – Ramirez, Christina M. – Burger, Harold et al. (2012): Recombination between Variants from Genital Tract and Plasma: Evolution of Multidrug-Resistant HIV Type 1. *AIDS Research and Human Retroviruses*, 28, 12, 1766–1774. DOI: 10.1089/aid.2011.0383, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3505048/>
- Levy, David L. (1995): Hantavirus Pulmonary Syndrome. Outbreak of a New Disease Caused by a New Virus. *Postgraduate Medicine*, 97, 3, 127–130., 133–134., 139. DOI: 10.1080/00325481.1995.11945974
- Nagy Anna – Mezei Eszter – Nagy Orsolya et al. (2019): Extraordinary Increase in West Nile Virus Cases and First Confirmed Human Usutu Virus Infection in Hungary. *Eurosurveillance*, 24, 28, 1900038. <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.28.1900038>
- Stalder, Hans – Hierholzer, John C. – Oxman, Michael N. (1977): New Human Adenovirus (Candidate Adenovirus Type 35) Causing Fatal Disseminated Infection in a Renal Transplant Recipient. *Journal of Clinical Microbiology*, 6, 3, 257–265. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC274749/>
- Wessner, David R. (2010): The Origins of Viruses. *Nature Education*, 3, 9, 37. <https://www.nature.com/scitable/topicpage/the-origins-of-viruses-14398218/>

Zaki, Sherif R. – Khan, Ali S. – Goodman, Richard A. et al. (1996): Retrospective Diagnosis of Hantavirus Pulmonary Syndrome, 1978–1993: Implications for Emerging Infectious Diseases. *Archives of Pathology & Laboratory Medicine*, 120, 2, 134–139.

URL1: ViralZone: <https://viralzone.expasy.org/5216>

URL2: Centers for Disease Control and Prevention: *Ebola Disease Outbreak Locations*. <https://www.cdc.gov/ebola/outbreak-map/index.html>

URL3: European Centre for Disease Prevention and Control: *Mpox (Monkeypox)*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/mpox-monkeypox>

URL4: European Centre for Disease Prevention and Control: Communicable Disease Threats Report, 14-20 January 2024, week 3. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/communicable-disease-threats-report-14-20-january-2024-week-3>

URL5: World Health Organization: *Prioritizing Diseases for Research and Development in Emergency Contexts*. <https://tinyurl.com/mt29a38e>