

A H5N1 baromfiinfluenza, azaz az influenza A vírus H5N1

The poultry flu H5N1 that is the influenza A virus H5N1

NECHAY GÁBOR

Az influenza A vírus H5N1 altípusa baromfipusztulást okozott 1996 végén, majd 1997-ben Dél-Kínában (Guang Dong tartomány, illetve Hong Kong). 18 ember is megbetegedett, közülük hat meghalt. Valamennyien szoros kapcsolatban voltak fertőzött baromfiállománnyal. 2003–2004-ben a járvány már Délkelet-Ázsia több országát érintette, az emberi megbetegedések és a halálos esetek száma is növekedett. Fennállt az emberről emberre terjedő forma kialakulásának veszélye. Egyidejűleg és 2005–2006-ban járványszerűen kiterjedt észak és nyugat felé: Mongólia, Oroszország, Kazahsztán, Azerbajdzsán, Ukrajna, Törökország, Románia, Magyarország, Európa és Afrika több pontjára. A madárvonulási útvonalakkal nem magyarázható ez a terjedés, az a nemzetközi forgalom és kapcsolatok fő irányával esett egybe. Mégis úgy a szakmai, mint a napi sajtóban magától értetődő módon használják a „madárinfluenza” elnevezést. Nem ez az egyetlen pongyolaság a másfél évtizede özönlő szakközleményekben és sajtóhírekben. A rádió, televízió, nyomtatott sajtó pl. gyakran emlegetett új vírust, holott H5N1 járvány volt már 1959-ben is. Kiirtották az állományt, és mára el van feledve, ahogy néhány más H5N1 eset is. Sok a következtetlenség, pontatlanság tehát. Ehelyütt az elnevezéssel kell foglalkoznom.

A Nemzetközi Vírus Taxonomiai Bizottság nevezéktani szabályai szerint (ICTVDB, 2006) az influenzavírus A (FLUAV) genusban egyetlen „faj” található: az influenza A vírus, amelynek egyes típusait, altípusait a felfedezés – azaz az izolálás – forrására (gazdafajcsoport), időpontjára, helyére, valamint a típus antigénszerkezetére utaló rövidítéssel kell leírni. Például: *A/Ck/HK/258/97(H5N1) [...]* (FLUAV), ahol az *A* influenza A-t, a *Ck* csirkét (chicken), a *HK* Hong Kongot, a *258* egy azonosítási számot, a *97* 1997-et, a *H5N1* pedig a vírus felületi fehérjéi alapján azonosítható típusát jelentik. Ezek a fehérjék a hemagglutinin (H) és a neuraminidáz (N) (ezekre HA, illetve NA rövidítést is használnak). Szögletes zárójelben egy, a genomszekvenciára utaló szám áll, zárójelben pedig az elfogadott rövidítés (FLUAV), amelyek jelentése az angol névből: influenza A vírus. Köznapi használatra az izolálás földrajzi helye vagy „gazdája” (az állat, amelyben megtalálták) volna használható, hiszen nem várható el, hogy mindig a nevezéktan szerinti pontossággal emlegessük. Régebben az elnevezés azon állat nevére utalt, amelyből az első izolálás történt. Ezért beszélünk ma is sertés (a H1N1, amely az először izolált influenza A vírus volt, és a rettegett spanyolnáthajárványt okozta 1918-ban) bánya, csirke, kutya, ló, sirály, illetve humán influenza A-ról. A jelenlegi nevezéktani szabályok szerint azonban egy vírus neve nem állhat csak a gazdanév+vírus összetételből. A „madárinfluenza” név tehát mindenképpen helytelen. Hibás azért is, mert az utóbbi évek intenzív monitorozása (pl. OLSEN *et al.*, 2006) sem igazolja, hogy általánosan elterjedt vírusról volna szó vadmadarak körében. Jól kifejezi ezt LOMNICZI (2006a–b): „...bizarrral dolognak tűnik madárinfluenzának elnevezni egy olyan fertőzést, amely a közel tízezer madárfajból mindössze néhány tucatban fordul elő, de ezekből is csak pár háziastított fajt, [...] tudott megbetegíteni.” (Lomniczi Béla kétrészes, egyedülálló, áttekintő írásának a BioScience vagy a Virology szakfolyóiratokban is ott volna a helye). Valóban bizarr, hogy e helytelen elnevezést (bird flu) vagy annak rövidítését (AI = avian influenza) használják még olyan szakmai intézmények is, amelyek vadon élő madarak védelmével (is) foglalkoznak. Így a Bonni Egyezmény vagy a Biodiverzitás Egyezmény H5N1-gyel foglalkozó munkacsoportjai, az egyezmények témáiban dolgozó civil szervezetek (pl. GRAIN, 2006), a tudományos közlemények sora, amelyek a H5N1 vadon élő madarakban történő előfordulását összegezik (pl. OLSEN *et al.*, 2006; FEARE & YASUÉ, 2006; YASUÉ *et al.*, 2006; GAUTHIER-CLERC *et al.*, 2007). Teszik ezt annak ellenére, hogy az utóbbi három közlemény talán a legalaposabb kritikáját is nyújtja a vadmadarokról történt izolálásoknak, sorolva a módszertani hibákat és az egyéb következtetlenségeket. OLSEN *et al.* (2006) áttekintéséből – ami a H5N1 előfordulásának nagy vizsgálati anyagon történt értékelése – pedig kiderül, hogy vad madarak között a H5N1 nem megbetegítő képességű, LP formája (LP = low pathogenic) fordul elő. A szerzők maguk is kiemelik, hogy a nagy megbetegítő képességű (HP = highly pathogenic) forma a baromfiban alakulhat ki, és a mostani „HPAI H5N1 törzs, ami baromfiból, Délkelet-Ázsiából származik, okozott mortalitást” csaknem 60 vadmadárfajnál is a délkelet-ázsiai „kitörést” követő években.

Miért általános ennek a helytelen elnevezésnek a használata? Választ ad – legalábbis a kételkedők megnyugtatóra vagy az állatorvosi szakma védelmére – HADARICS (2006): „Madárinfluenzának ma a nagy patogenitású, A típusú és H5 vagy H7 altípusú influenzavírusok által okozott megbetegedést nevezzük, ...”. Ezek veszélyesek ugyanis baromfira. Éspedig a HP H5N1, H5N2, H5N8, H5N9, H7N1, H7N3, H7N4, H7N7 altípusok. De akkor miért nem baromfiinfluenza a köznapi elnevezés?! A „madárinfluenza” név jogosságát firtató kérdésemre általában még influenzával foglalkozó szakemberek többségétől is azt a választ kapom, hogy azért mert eredetileg vad madarakban fordul elő. Újabb kérdésem, hogy akkor a H1N1 miért nem madárinfluenza néven fut (hanem sertésinfluenza vagy spanyolnátha) mindig zavart csend követi. Nekem kell elmondani, hogy az 1970-es, 1980-as években az influenza legtöbb típusát megtalálták főleg néhány vadkacsa- és partimadárfajban. Elsőként talán Robert G. Webster a 70-es években, aki ma megrögzötten hirdeti, hogy vadmadarak a szibériai „keverőedényben” találkozási pontjukon hordják szét a világban az új influenza mutációkat (WEBSTER *et al.*, 1974, 1978; WEBSTER, 1998; valamint a vele készült filmek, Magyarországon a Discovery és más csatornákon többször bemutatva). E néhány madárfaj bélszatornájában megbetegedést nem okozva tudnak szaporodni e vírusok LP formái, amelyek a vizes környezetbe ürülnek (ebben a közegben maradnak a leghosszabb ideig életképesek, a környezetben általában rövid életű influenzavírusok).

Elkerülhetetlen, hogy ne essék szó a vírusok természetéről. Szemben a tanultakkal, ma már tudjuk, hogy rendkívül elterjedtek a környezetben. Legtöbbjük „gazdái” mikroszervezetek, majd növények, és csak kis részük „parazitálja” az embert vagy a nagyobb állatokat. Egy liter tengervíz kb. 10 milliárd vírust tartalmaz. Ezek a vírusok globálisan 100 millió tonna mikroszervezetből „csinálnak” detrituszt percenként (SUTTLE, 2005; ROHRWEHR *et al.*, 2009). A vírusok egyetlen életjele, hogy szaporodnak. Átprogramozzák a gazdasejtet 'kiszívások' (virionok) termelésére. Ezek további sejteket képesek „támadni”. Kis részüknél sikeres a támadás, ezek tovább élnek. Többségük azonban az immunrendszer áldozatává válik, illetve megsemmisülnek a környezetben. A magasabb rendű élőlényekkel foglalkozó ökológiából kölcsönzött fogalommal: a vírusok igazi r-stratégisták. Ha nagy tömegben élő gazdát találnak, ráadásul zsúfolt körülmények között, az ideális helyzetet jelent HP formáik kialakulásra és fennmaradására. Például a „baromfigyárakban”, ahol ma világszerte sok milliárd baromfi él. A vírusok körében a legváltozékonyabbak közé számítanak az influenza A vírusok. Sokféle mutáns lehet megszámlálhatatlanul sok virion között. Ezek zöme rövid idő alatt elpusztul (50 °C felett, napfénynek kitett). Egy HP mutánsnak legnagyobb esélye a fennmaradásra és terjedésre a tömeges baromfitartás körülményei között van. Így is történt 1996-ban, majd a következő évtizedben a nagy baromfigyárak közötti kapcsolatokkal és a kereskedelmi útvonalakon terjedve. Egyetlen valóban tömeges vadmadárpusztulás történt: 2005-ben mintegy 3000 indiai lúd (*Anser indicus*) – és további 3000 más vízimadár, főleg barnafejű sirály (*Larus brunnecephalus*) és halászsirály (*L. ichthyaetus*) – hullott el május–júliusban a kínai Quinghai Hu tavon. Minden más vadon élő madár pusztulása szórványos esetnek tekinthető, amelyek a HP H5N1 expanzióját anélkül jelezték, hogy az egyértelmű összefüggésben

lett volna a madárvonulás útvonalával. Szibériai, orosz és ukrán lokalitásokon főleg vadkacsaelhullások jeleztek ezt, és jól látszott ez Európa-szerte, a Duna-deltától Angliáig, főleg tőkés réce (*Anas platyrhynchos*), bütykös hattyú (*Cygnus olor*) és sirályok (*Larus* sp.) urbanizálódott (hoozáteszem koprofág és hulladékéevő) egyes példányainak elhullásában. A vadmadárelhullásokról szóló vizsgálatok alapos kritikáját adják többek között YASHUE *et al.* (2006). A vonuló madarak terjesztő szerepének hangsúlyozása „mentőövként” állandóan felmerült és felmerül a szakmai és a média kommentárookban. Nigériában például egy 2003-as, majd egy 2006. januári H5N1-kitörést holland, illetve egyiptomi, orosz, török import (köztük naposcsibe is) okozott (GRAIN, 2006; CMS, 2007). Mégis felvetették a madárvonulás szerepét (NORMILE, 2006), pedig afrikai vízimadarak 5000-es mintájában nem volt kimutatható a HP H5N1 (CMS, 2007). Ugyancsak 2006. január–februárban a szentesi Lapis-tó mellett lévő libafarmon és egy kelet-angliai (Sussex) pulykafarmon egyidejűleg H5N1 járvány volt. Utóbbi tulajdonosa azonos a sárvári SáGa pulykafeldolgozó és takarmánygyár tulajdonosával. A Lapis-tótól 25 km-re, de Szarvason van az ország legnagyobb pulykafeldolgozó üzeme (Gallicoop), és Szentesen is van üzem, 3 km-re a Lapis-tótól. A két „kitörés” észlelése között csak egy hét volt a különbség, és a szerotípus ugyanaz volt. Nem lett volna szükség mesternyomozói munkára, hogy az üzleti, tárgyalási és egyéb kapcsolatokról kiderítse, mi vitte tőlünk Angliába a H5N1-et, vagy fordítva. Nem elegendő csak a virológiai és infektológiai kutatás és monitorozás. Szükség van olyan adalékok figyelésére is, amit pl. egy a mezőgazdasági biodiverzitás megőrzésével és fenntartható hasznosításával foglalkozó nemzetközi szervezet gyűjtött össze (GRAIN, 2006).

Summary

The outbreak of H5N1 started in southern China in 1996 and proved to be highly pathogenic (HP). In 1997, even six people died and 18 were infected. They worked with or were in close contact with infected person or poultry species. In 2003–2004 outbreaks were already recorded in several countries of South-East Asia, and more, slightly different genotypes of HP H5N1 circulated in the region. The number of human cases also increased. These genotypes evolved most probably in stocks of domestic species in poultry farms. In 2005–2006 H5N1 outbreaks were reported from the North (Mongolia, Russia, Korea, Japan) and from Kazakhstan, Azerbaijan, Ukraine, Romania, Turkey, Hungary and other Central European countries and also Africa. Chronology and time of events during the expansion did not back those up who laid the blame on bird migration and movements to be primarily the source. Directions of this spread coincided with the main routes of international traffic and trade, shipments of poultry industry products and bird markets. H5N1 is not a new disease. It was identified at an outbreak in poultry farm in the 1950s. Its re-emergence today is interrelated to the multiplication of factory farms and increased poultry production in China, South-East Asia, as well as in Africa, Asia Minor, Europe and other parts of the world (some 30 billion chickens). Data for example on egg and live chicken export and import within the area concerned is remarkable. There are also several examples of connections to backyard and free range poultry. People often prefer now high-yielding breeds of big farms, and give up their traditional local breeds. ‘Infiltration’ of eggs, chickens as well as factory feeds into back-yards is an everyday occurrence today. The similarity of the HP H5N1 genotype, which caused outbreaks in Hungary and in the UK in the end of January beginning of February 2007, clearly refers to the significance of technical, trade and all type of contacts of the poultry business in the spread of the virus. To reveal all aspects of this we would need a persistent work of a master detective. The use of names avian influenza, and bird flu is absolute wrong. As formulated by Lomniczi (2006): “it seems to be bizarre to call an infection avian influenza that occurred merely some dozens of more than ten thousand bird species and which was able, even from them, [...] to be taken ill only a few domesticated species” (in Hung. transl. G. Nechay). Certainly, and according to the International Committee on Nomenclature of Viruses a virus name can not be composed alone of the name of a host plus virus

Irodalom

- CMS STATEMENT:** New outbreaks of HPAI in Central Europe. Bonn, 2007 július 13. www.aiweb.info
- FEARE, CH. J. & YASUÉ, M.** (2006): Asymptomatic infection with highly pathogenic avian influenza H5N1 in wild birds: how sound is the evidence? *Virology Journal*, 3: 96.
- GAUTHIER-CLERC, M., LEBARBENCHON, C. & THOMAS, F.** (2007): Recent expansion of highly pathogenic avian influenza H5N1: a critical review. *Ibis*, 149: 202–214.
- GRAIN** (2006): Fowl play. The poultry industry’s central role in the bird flu crisis. *GRAIN Briefing*, 2006 február, <http://www.grain.org/briefings/?id=194>
- HADARICS T.** (2006): H5N1, avagy amit érdemes tudni a madárinfluenzáról. *Madártávlat*, 13(1–2): 4–9.
- ICTVDB** - The Universal Virus Database, version 4. (2006) [<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTVdb/ICTVdb>]
- LOMNICZI B.** (2006a): Mégis, kinek a vírusa? I. *Természet Világa*, 137(4): 146–150.
- LOMNICZI B.** (2006b): Mégis, kinek a vírusa? II. *Természet Világa*, 137(5): 196–200.
- NORMILE, D.** (2006): Evidence points to migratory birds in H5N1 spread. *Science*, 311: 1225.
- OLSEN, B., MUNSTER, B. J., WALLENSTEN, A., WALDENSTRÖM, J., OSTERHAUS, A. D. M. E. & FOUCHIER, R. A. M.** (2006): Global patterns of Influenza A Virus in wild birds. *Science*, 312: 384–388.
- ROHRWER, F., PRANGISHVILI, D. & LINDELL, D.** (2009): Role of viruses in the environment. *Environm. Microbiology*, 11: 2771–2774.
- SUTTLE, C. A.** (2005): Viruses in the sea. *Nature*, 437: 356–361.
- WEBSTER, R. G., ISACHENKO, V. A. & CARTER, M.** (1974): A new avian influenza virus from feral birds in the USSR: Recombination in nature? *Bulletin of the World Health Organisation*, 51: 325–332.
- WEBSTER, R. G., YAKHNO, M., HINSHAW, V. S., BEAN, W. J. & MURTI, K. C.** (1978): Intestinal influenza: Replication and characterization of influenza viruses in ducks. *Virology*, 84(2): 268–278.
- WEBSTER, R. G.** (1998) Influenza: an emerging disease. *Emerging Infectious Diseases*, 4(3): 436–440.
- YASUÉ, M., FEARE, CH. J., BENNUN, L. & FIEDLER, W.** (2006): The epidemiology of H5N1 avian influenza in wild birds: why we need better ecological data. *BioScience*, 56(11): 1–7.