

# Zoonozy. Czy powinniśmy się bać?

Agnieszka Świątalska<sup>1</sup>, Magdalena Larska<sup>2</sup>

z Zakładu Higieny Weterynaryjnej w Gdańsku<sup>1</sup> oraz Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – Państwowego Instytutu Badawczego w Puławach<sup>2</sup>

## Zoonoses. Do we have to be afraid?

Świątalska A.<sup>1</sup>, Larska M.<sup>2</sup>, Veterinary Hygiene Facility in Gdańsk, National Veterinary Research Institute in Puławy

Emerging infectious diseases (EIDs), are an unintended consequence of what we did with our environment. Anthropogenic pressure and destruction of ecosystems promote the spread of diseases through the transfer of pathogens from animal reservoirs and vectors to humans. On the other hand, new behaviors, preferences, passions, political situation and technological achievements will make them to spread fast around the world. Emerging and endemic zoonotic diseases pose a threat not only to animal and human health, but also to global health security. It is estimated that 60 per cent of known infectious diseases and 75 per cent of new or emerging infectious diseases have zoonotic origin. The experts findings confirm the need to monitor the health status and potentially zoonotic pathogens in free-living animal populations. These diagnostic tests are among prognostic indicators for identifying future EIDs. Referring to the concept of „One Health”, which should be an interdisciplinary commitment, we must do everything to get an answer as quickly as possible to the question which and where the new epidemiological threat will emerge.

**Keywords:** emerging infectious diseases, zoonoses, diagnostics, control.

W 2018 r. Światowa Organizacja Zdrowia (WHO) postanowiła na pierwszym miejscu listy chorób zakaźnych umieścić tajemniczą chorobę X. Oznaczono ją „X” dlatego, że jest jeszcze nieznaną, ale z dużym prawdopodobieństwem pojawi się w postaci kolejnej ogólnoświatowej epidemii z milionami ofiar. Koncepcja zagadkowej choroby X nie miała na celu wywołania paniki, a jedynie uświadomienie zagrożenia i zainicjowanie postępowania w celu przygotowania się do niej. Rozpoczęcie ukierunkowanych działań ma służyć ograniczeniu strat zarówno w ludziach, jak i finansowych. Wstępnie oszacowany bilans pandemii COVID-19 znacznie przewyższa budżety przewidziane na zdrowie publiczne oraz badania naukowe w celu opracowania skutecznych działań profilaktycznych. O rosnącym zagrożeniu nową pandemią naukowcy ostrzegali na długo przed pojawieniem się koronawirusa SARS-CoV-2. Wirus, który wyrócił do góry nogami życie ludzi i unieruchomił ich w domach, na szczęście nie okazał się zbyt śmiertelny (wskaźnik śmiertelności oszacowano na poziomie 3%). Obecnie sytuację można uznać za opanowaną, 5 maja 2023 r. WHO ogłosiła oficjalnie koniec pandemii. Jednak eksperci są pewni, że pojawienie się kolejnego groźnego, a nawet groźniejszego patogenu, jest tylko kwestią czasu. Profesor J.J. Muyembe-Tamfum, który niemal 40 lat temu odkrył wirusa Ebola, jest pewien pojawienia się wkrótce kolejnego patogenu o niezwykle wysokim potencjale

pandemicznym. Wielu naukowców zaczyna bić na alarm, coraz więcej artykułów i wywiadów ukazuje się w celu nagłośnienia problemu. Dr T.A. Ghebreyesus (szef WHO) w wielu wystąpieniach podkreśla potrzebę przygotowania się do wybuchu choroby. W tym celu grono brytyjskich ekspertów rozpoczęło prace nad nowymi szczepionkami. Badania pod przewodnictwem Kate Bingham (przewodniczącej brytyjskiej grupy zadaniowej ds. szczepionek) ujawniły, że obecnie kontynuowane są prace nad zabezpieczeniem przed wirusem grypy ptasiej czy małpiej ospy. Skuteczność broni, jaką stanowią szczepienia w walce z patogenami w świecie medycznym, nie wymaga rekomendacji (25). To dzięki nim zwalczono wiele groźnych chorób. Szczepionki umożliwiły ograniczenie zasięgu pandemii COVID-19, uratowały wiele istnień i zagwarantowały ludziom możliwość powrotu do codziennych zajęć. Uchonorowaniem znaczenia szczepień było przyznanie w 2023 r. Nagrody Nobla w dziedzinie medycyny twórcom technologii mRNA, która wykorzystywana jest przy produkcji najnowocześniejszych szczepionek – dr Katalinie Kariko oraz prof. Drew Weissmanowi z Perelman School of Medicine (Pensylwania, USA). Pandemia COVID-19 dostarczyła dowodu na słuszność koncepcji „Jednego zdrowia”, czyli niezbędnego współdziałania nauki i praktyki przy równoczesnym uwzględnianiu roli środowiska i zwierząt (13). Zdaniem epidemiologów przyczyną kolejnej nieuniknionej, globalnej epidemii będzie zoonotyczny wirus, już znany lub zupełnie nowy (9, 24).

W ostatnim stuleciu zidentyfikowano wiele poważnych chorób, które udało się z powodzeniem zwalczyć. Poprzez wprowadzenie powszechnych szczepień uporano się z falą zachorowań wywołanych wirusem ospy prawdziwej. Marzenie Edwar-da Jennera spełniło się, w 1980 r. WHO uznało ją za całkowicie wygasłą. Skutkiem opracowania światowego programu zwalczania polio (GPEI, Global Polio Eradication Initiative) jest spadek zachorowań na świecie z 350 tys. w 1988 r. do 143 przypadków w 2019 r. (o 99,9%; 25). Ciekawostką jest fakt, że polio w Polsce zostało opanowane dzięki wprowadzeniu szczepień dla dzieci opracowanych przez naszego rodaka prof. Hilarego Koprowskiego w Instytucie Wistara w Filadelfii. W przypadku chorób odzwierzęcych zwalczanie tych zakażeń jest trudniejsze. W odróżnieniu do przykładu polio i ospy prawdziwej patogeny zoonotyczne mogą namnażać się poza organizmem człowieka u innych gatunków zwierząt domowych czy dzikich, co sprawia, że walka z nimi staje się bardziej skomplikowana, a ogniska chorób zoonotycznych są trudne do opanowania (3). Obecnie ok. 75% wszystkich ludzkich chorób

zakaźnych posiada rezerwuar zwierzęcy (1). Coraz częściej mówi się też o zooantroponozach czy chorobach odzwierzęcych odwróconych, jak to jest obserwowane w przypadku SARS-CoV-2 (norki, małpy i jelenie wirginijskie), czy gruźlicy (bydło, zwierzęta dzikie), których rezerwuarem jest obecnie głównie człowiek, od którego dochodzi do transmisji na zwierzęta (3). Niektóre z tych chorób znane są już bardzo długo, pomimo tego np. wścieklizna, choć bardzo dobrze poznana, cały czas stanowi poważne zagrożenie. W wyniku pogryzienia przez zwierzęta będące rezerwuarem wirusa rocznie na świecie umiera nawet do 70 tys. osób (16).

Wśród czynników etiologicznych ostatnich epidemii zdecydowanie dominują patogeny wirusowe, jak wirusy: Ebola, SARS, MERS, denga, Marburg czy Nipah. Wirusy mają prostą budowę, szybko się namnażają, są odporne na antybiotyki, potrafią być nieuchwytnie, nierzadko mają wysokie wskaźniki śmiertelności. Są one jedną z najliczniejszych grup taksonomicznych. Zdecydowana większość z nich należy do wirusów RNA. Wysoki wskaźnik mutacji, który w połączeniu z ogromną liczebnością populacji gwarantuje im błyskawiczną ewolucję, adaptację do zmian, nowych rezerwuarów i ucieczkę przed układem immunologicznym (tzw. mutanty ucieczki – escape mutants). Wirusy RNA bardzo szybko replikują w organizmach, tworzą w błyskawicznym tempie miliony kopii. Szybkie powielanie się skutkuje najczęściej gwałtownym przebiegiem zakażenia, co dalej umożliwia sprawne szerzenie się w środowisku i zdobywanie nowych gospodarzy. Zmienność wynikająca z tempa replikacji i wysokiego wskaźnika mutacji gwarantuje wirusom skuteczne dostosowywanie się do nowego otoczenia i gospodarza. Z drugiej strony wielu wirusologów potwierdza prawdopodobieństwo istnienia licznych wirusów jeszcze nieodkrytych, zasiedlających trudno dostępne nisze ekologiczne. Właściwości te są powodem utrudnionych dochodzeń epizootycznych i epidemiologicznych. Ustalenie ich rezerwuaru bywa trudne, jak to było w przypadku wirusa Ebola. Do dzisiaj nie udało się rozwiać kontrowersji wynikających z braku bezspornego dowodu na pochodzenie rezerwuaru. Ustalono, że gatunkami wrażliwymi na zakażenie są ludzie oraz małpy. Jednym z pierwszych objawów sugerujących wystąpienie ogniska Eboli są masowe padnięcia małp w lasach oraz równoczesne zgony ludzi. Po wielu badaniach udało się wstępnie ustalić, że rezerwuarem wirusa mogą być małpy i/lub nietoperze.

W przypadku pierwszej dwudziestki najniebezpieczniejszych chorób z listy WHO rezerwuarami zarazków w zdecydowanej większości są nietoperze, rzadziej gryzonie. Obie te grupy zwierząt można zaliczyć do superrezerwuarów o ogromnym potencjale zoonotycznym nowych epidemii. Nietoperze należą do rzędu Chiroptera, rękoskrzydłych, który obejmuje ok. 1300 gatunków, co stanowi ok. 1/4 wszystkich poznanych gatunków ssaków. Co ważne, należy uświadomić sobie, że są to zwierzęta posiadające zdolność lotu, więc może

skutecznie przemieszczać się na dalekie odległości. Nie bez wpływu jest też znaczna liczebność populacji i to, że coraz częściej przebywają one w sąsiedztwie siedlisk ludzkich. W kolonii nietoperzy może żyć nawet do miliona osobników, stłoczonych ciasno, w ograniczonych przestrzeniach, np. w jaskiniach. Nietoperze stanowią rezerwuar m.in. wirusów Marburg i Nipah (11). Próby ustalenia rezerwuarów patogenów wymagają często wieloletnich i ryzykownych badań. W przypadku wirusa Nipah jego ustalenie wymagało intensywnych analiz pojedynczych przypadków i dopiero wnikliwe badania (szczegółowe dochodzenie epizootyczne, wywiad), w trakcie których skorelowano zbieżność zakażeń z występowaniem w okolicy plantacji palmy daktylowej, nakierowało badaczy na powiązanie tych dwóch wątków. Okazało się, że większość osób, która uległa zakażeniu, spożywała świeży sok z palmy daktylowej. Napój ten piły również nietoperze gatunku rudawka wielka, które okazały się być rezerwuarem wirusa Nipah. Kolejnym ciekawym przykładem sukcesu dochodzenia epizootycznego było ustalenie rezerwuaru wirusa Hendra w Australii. W 1994 r. odnotowano śmiertelne zakażenie człowieka nieznanym patogenem. W niedługim czasie naukowcy z Australijskiego Laboratorium Zdrowia Zwierząt stwierdzili, że jest to ten sam wirus, który kilka dni wcześniej był przyczyną padnięcia koni. Udowodniono, że człowiek ten zakażył się od własnych zwierząt. Jednak niezrozumiałym był fakt, że równocześnie zaczęły chorować konie w innych stajniach Australii i to oddalonych od siebie o kilkadziesiąt kilometrów. To rozprzestrzenianie się wirusa na kolejne osobniki, które nie miały ze sobą kontaktu, sugerowało, że istnieje jakiś wektor, jak np. ptaki, nietoperze czy owady. W końcu wektorem i jednocześnie rezerwuarem wirusa okazały się nietoperze (6).

To, że eksperci wskazali wirusy jako najbardziej prawdopodobną przyczynę zagrożenia zdrowia ludzi, nie upoważnia do bagatelizowania innych zagrożeń. Pomimo wielu odkryć, które pozwalają nam czuć się bezpiecznie, pojawiają się stale zaskakujące zarówno lekarzy medycyny, jak lekarzy weterynarii powroty jednostek chorobowych i nowe patogeny (2). Zgodnie z raportem Państwowego Zakładu Higieny porównującym zachorowania na choroby zakaźne w Polsce w 2023 r. (w okresie od stycznia do września) do całego 2022 i 2021 r., znaczne zwiększenie występowania nastąpiło w przypadku: szkarlatyny – z 2649 przypadków w 2021 r. do 12 628 w 2022 r. i 31 968 w 2023 r.; boreliozy z 12 500 w 2021 r. do 17 338 w 2022 r. i 17 751 w 2023 r.; kleszczowego zapalenia mózgu z 210 w 2021 r. do 445 w 2022 r. i 415 w 2023 r.; bławicy z 26 w 2021 r. do 46 w 2022 i 2023 r.; malarii z 26 przypadków w 2021 r. do 28 w 2022 i 45 przypadków w 2023 r. (10). W ubiegłym roku pojawiła się w Polsce małpia ospa, zdiagnozowano 213 przypadków, w roku 2023 do końca września – 3 przypadki. Równocześnie istotnym problemem staje się antybiotykooporność drobnoustrojów (13, 17).

A jak nie wirus, to co? Jedną z najbardziej zagadkowych epidemii wywołał czynnik patogenny, którym jest zmienione białko prionowe, które występuje w komórkach nerwowych, szczególnie obficie w mózgu. Większość ze znanych wcześniej chorób prionowych miała podłoże genetyczne, natomiast w 1986 r. pojawiły się pierwsze przypadki gąbczastej encefalopatii bydła (BSE), które do czasu pandemii COVID-19 były najbardziej brzemiennie w skutki ekonomiczne w Europie. Coś, co miało być nowoczesnym osiągnięciem w intensyfikacji produkcji rolnej – używanie mączek mięsno-kostnych do żywienia zwierząt – wywołało chorobę podobną do kuru („śmiejące się śmierci”), którą Daniel C. Gajdusek opisał w Papui-Nowej Gwinei w 1957 r. u tubylczego ludu praktykującego kanibalizm. Prof. Gajdusek otrzymał nagrodę Nobla w 1976 r. za swoje osiągnięcia w badaniach nad prionami, wtedy nazywanymi „powolnymi wirusami”. Dopiero w 1982 r. prof. Stanley Prusiner sformułował hipotezę prionu, czynnika etiologicznego pasażowalnych (a nie zakaźnych z braku możliwości określenia takiego czynnika) gąbczastych encefalopatii. Szczyt przypadków BSE w Wielkiej Brytanii przypada na lata 1992–1993 i poprzedza pojawienie się pierwszych przypadków śmiertelnej choroby ludzi – wariantu choroby Creutzfelda-Jakoba. Choroba ta pojawiała się 10 lat później i związana była ze spożyciem produktów zwierzęcych pochodzących od krów z BSE, a ze względu na kilkuletni okres inkubacji widmo tej utajonej, ale nieuchronnej, zbliżającej się śmierci paraliżowało szczególnie mieszkańców Wielkiej Brytanii przez lata. Szczęśliwie, dzięki monitoringowi BSE wprowadzonemu w 2001 r. w Polsce, udało się uniknąć transmisji prionów na ludzi i zidentyfikować wszystkie przypadki rozwijającej się choroby u bydła.

Wielu ekspertów przyczyny kolejnej pandemii doszukuje się w zmianach klimatycznych, demograficznych i geopolitycznych. Kryzys klimatyczny jest to zjawisko obserwowane od dawna, jednak na przestrzeni ostatnich lat drastycznie przyspieszające. WHO szacuje, że zmiana klimatu bezpośrednio powoduje ponad 140 tys. zgonów rocznie, przede wszystkim w Afryce i w Południowo-Wschodniej Azji. Wedle szacunków do 2030 r. liczba ta wzrośnie o 250 tys. rocznie, a powodem zgonów będą m.in. stres cieplny, biegunka, niedożywienie oraz malaria. Znany jest szereg dowodów, że ocieplenie klimatu w ogromnym stopniu determinuje występowanie chorób zakaźnych. Naukowcy ustalili, że skrajne zjawiska pogodowe, takie jak huragany, powodzie, wielotygodniowe fale upałów czy susza, ułatwiają przenoszenie się wielu chorób, m.in. malarii czy cholery. Oznacza to, że zachorowalność na 2/3 znanych ludziom chorób zakaźnych wzrasta wraz z ocieplaniem się planety (27). Ustalono, że ulewy i powodzie prowadzą do wzrostu liczby zakażeń patogenami, których wektorami są szczury, kleszcze czy komary, z kolei ocieplające się morza, oceany i fale upałów wpływają na wzrost liczby zakażeń wirusowych, przenoszonych m.in. przez nietoperze. Zmiana klimatu prowadzi do rozszerzania się obszarów występowania chorób, szczególnie

wektorowych – trafnym przykładem są tu choroby odkleszczowe. Z uwagi na wzrost temperatury kleszcze mogą zasiedlać coraz bardziej rozległe rejony, kierując się na północ, która wcześniej była dla nich zbyt zimna. Między innymi z tego powodu rokrocznie rośnie liczba przypadków boreliozy, gorączki denga, kleszczowego zapalenia mózgu u ludzi i babeszjozy u zwierząt (18, 20, 29). W 2018 r. odnotowano w Czechach pierwszy przypadek śmiertelnej dengi u osoby, która nigdy nie wyjechała poza granice kraju. Z drugiej strony ze względu na ocieplenie i skracanie zim wydłuża się okres ich aktywności, co predysponuje do wyraźnego wzrostu i wydłużenia się okresu diagnozowanych zachorowań. Choroby wektorowe nabierają coraz większego znaczenia, stanowią już ponad 17% wszystkich chorób zakaźnych na świecie, powodując ponad 700 000 zgonów ludzi rocznie (28, 31).

Zmiana klimatu powoduje migrację gatunków, a te, przenosząc się na nowe obszary, wchodzi w kontakt z nowymi, podatnymi żywicielami. Sprzyja to tworzeniu nieznanym dotąd struktur ekologicznych, które zwiększają szanse przeniesienia chorób. Postępująca zmiana klimatu powoduje wzrost temperatury i zwiększenie liczby ciepłych dni. Stąd pojawiają się nowe zakresy temperatur korzystne dla migrujących zwierząt, które stają się kolejnymi gospodarzami patogenów (21, 22). Dobrym przykładem są również inwazyjne gatunki, które mogą być jednocześnie źródłem całkowicie nowych zakażeń i zarażeń dla ludzi, tj. glista szopia *Baylisascaris procyonis*, której żywicielem są szopy pracze coraz liczniejsze szczególnie w zachodniej Polsce. Gatunki inwazyjne mogą również poprzez negatywny wpływ na równowagę i różnorodność biologiczną ekosystemu spowodować wzrost populacji gatunków gryzoni, które są rezerwuarami niebezpiecznych dla ludzi patogenów – wirusa kleszczowego zapalenia mózgu, hantawirusa, *Borrelia burgdorferi* lub arenawirusa wywołującego gorączkę Lassa (34).

Szeroko rozumiana antropopresja odciska wyraźne piętno na współistniejących ekosystemach, jednocześnie dając wiele sposobności na skrócenie dystansu człowieka do dostępnych w środowisku patogenów (12). Wycinka lasów, stosowanie nawozów sztucznych, urbanizacja, zanieczyszczenia chemiczne, monokultury rolnicze trwają już bardzo długo. Należy jednak podkreślić kolosalną różnicę w naszych działaniach w porównaniu z naszymi przodkami – oni posługiwali się prymitywnymi narzędziami, my działamy na masową skalę, wykorzystując najnowsze technologie. Globalizacja powoduje, że problemy często rzadkich zakażeń lub inwazji na jednej półkuli mogą stać się w szybkim czasie problemem całego świata (5).

Kolejny czynnik zwiększającego się zagrożenia stanowi stale rosnąca populacja ludzi. W ciągu ostatnich 25 lat podwoiliśmy swoją liczebność. Na przestrzeni XX wieku populacja ludzi wzrosła z 1,6 do 6,1 mld, z przewidywanym kolejnym wzrostem do 9 mld w ciągu następnych 50 lat. Zwiększające się zaludnienie zwiększa ryzyko zetknięcia

z potencjalnymi patogenami. Najszybszy wzrost populacji dotyczy kontynentu afrykańskiego – prognozuje się, że do 2100 r. zwiększy się z ok. 1,2 mld do ok. 4,5 mld (28). Najbardziej zaludnionym kontynentem na Ziemi jest jednak Azja. W Chinach mieszka 18,25% ludności świata, a w Indiach 18,04%. Istotnym czynnikiem jest też zagęszczenie ludności – tu też połowa z pierwszej dwudziestki to kraje azjatyckie, np. w niewielkim Bangladeszu mieszka tyle samo ludzi, co w całej Rosji. To również predysponuje do bliższych kontaktów człowieka z człowiekiem, ale poprzez postępującą urbanizację środowiska również i z potencjalnym zwierzęcym rezerwuarem (32). Ważne, że wraz ze wzrostem liczby ludności (szczególnie kontynentach afrykańskim i Azji) zwiększa się liczba głodujących ludzi (ok. 800 mln, co stanowi 8% całej populacji globu; 23, 26). Część przedstawicieli gatunku *Homo sapiens* kontynuuje desperacko poszukiwania źródeł żywności i wody w coraz to dalszych zakątkach globu, korzystając z coraz szybszych środków transportu (15). Polska Agencja Żeglugi Powietrznej opublikowała dane dotyczące intensywnego wzrostu w ruchu lotniczym w polskiej przestrzeni powietrznej, gdzie odnotowano wzrost o ok. 27% w 2021 r. w porównaniu z rokiem 2020 i aż ponad 70% wzrost 2022 do 2021 r. Wraz z ludźmi podróżują patogeny. Wirus Marburg dotarł do Europy w 2008 r. razem z Astrid Joosten – holenderską dziennikarką, która wraz z mężem wybrała się na wyprawę trekkingową do Ugandy. Najprawdopodobniej zakaziła się, eksploatując jaskinię z nietoperzami. Była pierwszą ofiarą

wirusa Marburg na terenie Europy. Wirus Marburg został po raz pierwszy zidentyfikowany w 1967 r. u afrykańskich małp koczokodanów zielonych (*Chlorocebus aethiops*), które z Ugandy zostały wysłane do laboratoriów w Marburgu i we Frankfurcie w Niemczech.

Wraz ze wzrostem liczby Polaków wybierających wypoczynek i pracę w krajach egzotycznych rośnie liczba diagnozowanych w naszym kraju przypadków chorób tropikalnych, np. w 2022 r. stwierdzono 25 przypadki malarii, gorączka denga została zdiagnozowana u 36 pacjentów, a choroba wywoływana przez wirus Chikungunya u dwóch osób (10). Eksperti Instytutu Medycyny Morskiej i Tropikalnej w Gdyni z okazji Światowego Dnia Malaria 2023 r. ostrzegali przed możliwością powrotu na stałe *Plasmodium viviparum*. Przypominają, że choroba ta występowała już w Polsce (pierwsze wzmianki pochodzą z XV wieku), a ok. 100 lat temu odnotowano w kraju blisko 53 tys. zachorowań (30). Biorąc pod uwagę fakt, że rodzime gatunki komarów są zdolne do przenoszenia zarodźca malarii, to ocieplenie klimatu z pewnością jest czynnikiem predysponującym do ponownego rozprzestrzenienia się choroby (18, 19). Dodatkowo istnieje rosnąca presja migrujących z południa i wschodu inwazyjnych komarów egipskich i tygrysich, które są wektorami zarodźca malarii, oprócz już wspomnianych wirusów: dengi, Chikungunya, gorączki doliny Rift; Zachodniego Nilu, Sindbis, żółtej gorączki czy wirusa Zika. Warto też wspomnieć o aktualnej sytuacji geopolitycznej kraju i Europy, gdy dochodzi do migracji tysięcy czy

## Hematologia 5diff + retikulocyty + PLT optycznie

Retikulocyty z podziałem na 3 frakcje wiekowe

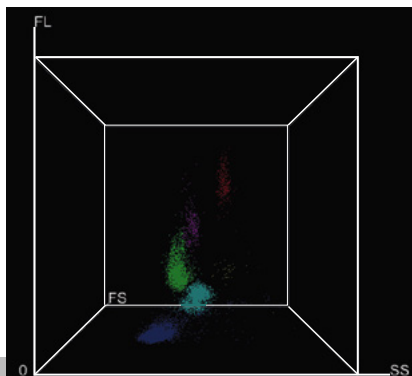
Możliwość badania krwi oraz płynów ustrojowych

Rozpuszczanie wiązań agregatów płytkowych

Eliminacja interferencji RBC <-> PLT

Laserowa cytometria + fluorescencja

Optyczny pomiar płytek



33 parametry

Transmisja do klinikiXP

5 populacji leukocytów

Informacja o NRBC, gran. pałeczkowatych, niedojrzałych, atypowych etc.

**mindray**  
animal care

**BC-60R VET**



Analizatory [Weterynaryjne.pl](http://Weterynaryjne.pl)

Zadzwoń po więcej informacji: Marek 601 845 055 Dominika 667 300 762

nawet milionów uchodźców, a do tego zmian w migracji zwierząt. To mogło stać się przyczyną wystąpienia epidemii grypy wywołanej przez ptasi szczep wirusa H5N1 u kotów w tym roku (35). Jako źródło zakażenia podejrzewano zakażone wirusem grypy mięso drobiowe, ale izolowany wirus podobny był również do szczepu izolowanego od bociana białego. Coraz intensywniej wpływamy na otaczające nas środowisko – karczujemy lasy tropikalne, tereny stanowiące siedliska licznych gatunków roślin i zwierząt lub wycinamy drzewa, zabijamy dziko żyjące zwierzęta, chwytamy je i umieszczamy na targowiskach. Niebezpieczny handel dzikimi zwierzętami i roślinami pozyskiwanymi w celach pokarmowych rozwija się lawinowo, łańcuchy dostaw okalają Azję, Afrykę i Oceanie. Działania te przyczyniają się do niszczenia ekosystemów, a przy okazji zawlekania wirusów z ich naturalnych rezerwuarów na cały świat.

Między innymi ze względu na powszechny i mający długoletnią tradycję w Azji handel w celach kulinarnych wolno żyjącymi zwierzętami kraje te wywołują szczególne zainteresowanie ekspertów. Do pojawienia się ognisk zoonoz najczęściej dochodzi na styku człowieka z dzikimi zwierzętami, które stanowią rezerwuary wirusów (7, 8). Jedną z teorii pochodzenia wirusa SARS-CoV-2 jest przeskok ze zwierzęcia na człowieka na rynku w Wuhan. To właśnie na tym chińskim targowisku sprzedawano, i jest to kontynuowane po tymczasowym zakazie obowiązującym podczas pandemii SARS, m.in. nietoperze, cywety, jeżozwierze, żółwie, szczury, węże i wiele innych wolno żyjących zwierząt. Inną teorią pojawienia się w Wuhan SARS-CoV-2 jest niezamierzone wydostanie się wirusa z tamtejszego Instytutu Wirusologii, który w swojej kolekcji mógł posiadać takiego mutanta koronawirusa. Wydostania się tego patogenu nie można traktować jako zamierzonego użycia go jako broni biologicznej ze względu na brak dowodów, jednakże to pokazuje, jak przez globalizację prosty błąd człowieka może doprowadzić do paraliżu prawie całego świata. Na mniejszą skalę obserwowano np. pojawienie się zwalczanej dawno w Europie pryszczycy pod Londynem w Wielkiej Brytanii w 2007 r., po wycieku wirusa z pękniętej rury ściekowej w instytucie w Pirbright. Wyniki badań naukowców z Zoological Society of London potwierdzają, że niemal 72% zoonoz zostało wywołane przez patogeny, których źródłem były zwierzęta dzikie. Dr Peter Daszak, który uczestniczył w licznych badaniach nad nietoperzami (m.in. nad SARS), badał związki między zdrowiem ludzi a zwierząt. Przebadał on kilka tysięcy mieszkańców prowincji Junnan w Chinach (ok. 400 mieszkańca w pobliżu jaskiń) i stwierdził przeciwnie do przeciwno koronawirusom u ok. 3% ludzi (24). W swoich publikacjach przedstawia wiele dowodów na to, że pojawienie się SARS-CoV-2 w Wuhanie nie jest niczym zaskakującym i nowym, stanowi jedynie ogniwo w łańcuchu powiązanych ze sobą zdarzeń.

Reasumując, większość procesów zwiększających szansę na pojawienie się kolejnej pandemii nie da się już cofnąć. Wydaje się, że tzw. choroby nowo

pojawiające się (EID, emerging infectious diseases) stanowią niezamierzone następstwo tego, do czego sami doprowadziliśmy (14). Zaostrzający się kryzys ekologiczny/klimatyczny wywołuje głębokie zaniepokojenie wśród naukowców dopatrujących się bezpośredniego ich skutku w zaostrzającym się kryzysie medycznym. Szeroko rozumiana antropopresja oraz wywoływane przez człowieka niszczenie i zaburzenia ekosystemów sprzyjają szerzeniu się chorób poprzez przechodzenie patogenów ze zwierzęcych rezerwuarów i wektorów na człowieka. Z drugiej strony nowe zachowania, upodobania, pasje oraz zdobycze technologiczne ułatwiają im rozprzestrzenianie się po świecie. Ustalenia ekspertów potwierdzają konieczność monitorowania stanu zdrowia i potencjalnie zoonotycznych czynników chorobotwórczych w populacjach zwierząt wolno żyjących. Badania te stanowią istotny wskaźnik prognostyczny umożliwiający identyfikację przyszłych nowo pojawiających się chorób. Powołując się na koncepcję „Jednego zdrowia”, która powinna być interdyscyplinarnym zobowiązaniem, musimy zrobić wszystko, aby jak najszybciej uzyskać odpowiedź, który patogen i skąd pochodzący ujawni się jako następny i jakie wywoła skutki?

## Piśmiennictwo

1. <https://vaccination-info.eu/>
2. Truszczyński M., Pejsak Z.: „Jedno zdrowie” – koncepcja łącząca działalność naukową i praktyczną z zakresu ochrony zdrowia człowieka i zwierząt. *Życie Wet.* 2015, 90(5), 280–283.
3. Boaz N.: *Evolving health: the origins of illness and how the modern world is making us sick.* Wiley, 2002.
4. Quammen D.: We made the Coronavirus Epidemic. *New York Times*, 2020.
5. Antia R., Regoes R., Koella J., Bergstrom C.: The role of evolution in the emergence of infectious diseases. *Nature* 2003, 426, 658–661.
6. Filho W., Ternova L., Parasnis S., Kovaleva M., Nagy G.: Climate Change and Zoonoses: A review of concepts, definitions, and bibliometrics. *Int. J. Environ. Res. Publ. Health* 2022, 19(2), 893.
7. Gliński Z., Kostro K., Swoboda-Mazurek M.: Zoonozy XXI wieku. *Med. Weter.* 2002, 58(1), 18–22.
8. Calisher Ch., Childs J., Field H.E., Holmes K.V., Schountz T.: Bats: Important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin. Microbiol. Rev.* 2006, 19(3), 531–545.
9. Halpin K., Young P.L., Field H.E., Mackenzie J.S.: Isolation of Hendra virus from pteropid bats: a natural reservoir of Hendra virus. *J. Gen. Virol.* 2000, 81, 927–932.
10. Giusti M., Barbato D., Lia L., Calamesta V., Lombardi A., Cacchio D., Villari P., Torre G.: Collaboration between human and veterinary medicine as a tool to solve public health problems. *Lancet Planet Health* 2019, 3(2), 64–65.
11. Zachorowania na wybrane choroby zakaźne w Polsce od 1 stycznia do 31 grudnia 2022 r. oraz w porównywalnym okresie 2021 r., *PZH-PIB*, 2023.
12. Osek J., Wieczorek K.: Zoonozy i ich czynniki etiologiczne w Europie – raport Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności EFSA za 2011r., *Życie Wet.* 2013, 88(5), 365–373.
13. Błażejczyk K., Baranowski J., Błażejczyk A.: Wpływ klimatu na stan zdrowia w Polsce: stan aktualny oraz prognoza do 2100 roku, SEDNO Wydawnictwo Akademickie, 2015.
14. Aktualne zagrożenia zdrowotne na świecie, <https://medycynatropikalna.pl/zagrozenia-zdrowotne>
15. Research Priorities for Zoonoses and Marginalized Infections, <https://www.who.int>
16. Pancer K., Szkoda M., Gut W.: Zawleczenia zakażeń wirusem dengi w Polsce i ich rozpoznanie, *Przegl. Epidemiol.* 2014, 68, 747–750.
17. Michalak W.: Wpływ zmiany klimatu na zdrowie ludzi, [www.journals.pan.pl](http://www.journals.pan.pl)
18. Kuhn K., Campbell-Lendrum D., Haines A., Cox J.: Using climate to predict infectious disease epidemics, *WHO Report*, 2005.
19. Environment and One Health, <https://www.who.int>
20. A health perspective on the role of the environment in One Health, <https://www.who.int> 2022

21. Chinchio E., Crotta M., Romeo C., Drewe J.A., Guitian J., Ferrari N.: Invasive alien species and disease risk: An open challenge in public and animal health. *PLoS Pathog.* 2020, **16** (10): e1008922.
22. Daszak P., Cunningham A.A., Hyatt A.D.: Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife, *Acta Trop.* 2001, **78**(2), 103–116.
23. Baker R.E., Mahmud A., Miller I., Rajeev M., Rasambainarivo F., Rice B., Takahashi S., Tatem A., Wagner C., Lin-Fa W., Wesolowski A., Metcalf C.J.: Infectious disease in an era of global change, *Nat. Rev. Microbiol.* 2022, **20**(4), 193–205.
24. www.statista.com
25. <https://raportsdg.stat.gov.pl/>
26. WHO: World hunger again on the rise, driven by conflict and climate change, new UN report says, [www.who.int/mediacentre/news/releases/2017/world-hunger-reports](http://www.who.int/mediacentre/news/releases/2017/world-hunger-reports), 2017.
27. Nowicki J., Mamzer H.: Pandemia COVID-19 a dobrostan psów jako zwierząt towarzyszących w kontekście koncepcji „Jednego zdrowia”, *Życie Wet.* 2023, **98**(7), 424–430.
28. Dźbeński T. H.: Sytuacja epidemiologiczna malarii w Polsce – obecnie i w przyszłości, *Wiad. Parazyt.* 2008, **54** (3), 205–211.
29. Światowy Dzień Malaria 2023 w IMMiT GUMed – Materiały konferencyjne.
30. Domańska-Blicharz K., Świętoń E., Świątalska A., Monne I., Fusaro A., Tarasiuk K., Wyrostek K., Styś-Fijoł N., Giza A., Pietruk M., Zechchin B., Pastori A., Adaszek Ł., Pomorska-Mól M., Tomczyk G., Terregino C., Winiarczyk S.: Outbreak of highly pathogenic avian influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4b virus in cats, Poland, June to July 2023. *Euro Surveill.* 2023, **28** (31): 2300366.
31. Karesh W. B., Cook R. C., Bennett E., Newcomb J.: Wildlife Trade and Global Disease Emergence, *Emerging Infectious Diseases* 2005, **11**(7), 1000–1002.
32. Buttke D.E., Decker D.J., Wild M.A.: The role of one health in wildlife conservation: a challenge and opportunity, *J. Wildlife Dis.* 2015, **51**(1), 1–8.
33. Wijaszka T., Truszczyński M.: Zagrożenia zdrowia człowieka ze strony drobnoustrojów zoonotycznych, *Nauka* 2010, **4**, 61–67.
34. Metcalf C.J.E., Birger R. B., Funk S., Kouyos R.D., Lloyd-Smith J. O., Jansen V. A. A.: Five challenges in evolution and infectious diseases, *Epidemics.* 2015, **10**, 40–44.
35. Messenger AM, Barnes AN, Gray GC. Reverse zoonotic disease transmission (zooanthroponosis): a systematic review of seldom-documented human biological threats to animals. *PLoS One.* 2014, **9**(2): e89055.

---

Lek. wet. Agnieszka Świątalska,  
e-mail: koagi@o2.pl