

© Колектив авторів, 2015  
 УДК 616.9:616-032.22  
 DOI 10.11603/1681-2727.2015.4.5520

Л.О. Панченко, С.І. Васіна, І.Н. Звягольська, Н.Г. Попова, Ю.В. Копча

## ЕМЕРДЖЕНТНІ І РЕ-ЕМЕРДЖЕНТНІ ВІРУСНІ ІНФЕКЦІЇ: ГЛОБАЛЬНА ПРОБЛЕМА ХХІ СТОЛІТТЯ

ДЗ «Інститут мікробіології і імунології ім. І.І. Мечникова НАМН України» (м. Харків),  
 ВДУЗ «Українська медична стоматологічна академія» (м. Полтава),  
 ДУ «Тернопільський державний медичний університет ім. І.Я. Горбачевського»

*Натепер розглядається три основних чинники виникнення і розповсюдження емерджентних інфекцій: біологічні, зоогеографічні та соціально-економічні.*

*Наведені короткі дані про найбільш важливі емерджентні і ре-емерджентні інфекції вірусної природи, що створили надзвичайні епідемічні ситуації у світі з високою захворюваністю і смертністю. Для успішної боротьби з ними необхідне створення ефективної системи моніторингу, спрямованої на виявлення нових збудників і тих, що знову повертаються в людську популяцію. Проблема емерджентних і ре-емерджентних інфекцій має глобальне значення, у зв'язку з чим для її оперативного і результативного вирішення необхідна також міжнародна співпраця.*

**Ключові слова:** емерджентні і ре-емерджентні вірусні збудники, епідемії і пандемії, система моніторингу і боротьби з особливо небезпечними інфекціями.

Початок ХХ сторіччя ознаменувався значними успіхами в галузі боротьби з багатьма інфекційними захворюваннями людини. Завдяки вакцинопрофілактиці і прогресу в інших різних напрямках медичної науки вдалося в глобальному масштабі ліквідувати натуральну віспу і в багатьох країнах світу – поліомієліт, намітилося істотне зменшення частоти виникнення і розповсюдження багатьох інфекційних захворювань [1].

Проте з кінця 70-х років минулого століття надзвичайно важливою проблемою стала поява у світі нових, раніше невідомих медичній науці і охороні здоров'я у край небезпечних інфекційних захворювань з високою смертністю. Вони отримали назву емерджентних (від англ. *emergens* – раптовість, непередбаченість), що створюють надзвичайні епідемічні ситуації локального або міжнародного характеру [2].

В інфекційній патології людини також намітилася тенденція до збільшення частоти виникнення давно відомих захворювань в нових змінених формах або

вони перейшли на новий вид і почали розвиватися в невластивих для них нозоареалах [2].

До ре-емерджентних (від англ. *re-emergens* – повторне повернення емерджентних захворювань) віднесені старі, раніше «переможені» і контрольовані інфекційні захворювання, які знову набули несподіваного розповсюдження і боротьба з якими, особливо на початковому етапі їх виникнення, є у край важкою або навіть неможливою через блискавичне їх розповсюдження та атипичний перебіг [3].

Ідентифіковані з 1973 р. минулого століття збудники вірусних інфекцій і їх таксономічне положення, а також захворювання, що спричиняються ними, представлені в таблиці 1.

Особливого значення набуває проблема використання збудників емерджентних і ре-емерджентних інфекцій в забезпеченні біобезпеки населення планети, оскільки їх застосування як біологічної зброї може стати одним з потенційних факторів масового ураження населення.

У наш час встановлено, що основними чинниками виникнення і розповсюдження емерджентних інфекцій можуть бути:

1. Фактори біологічної природи – генетична мінливість вірусів (мутація), яка є фундаментальною властивістю вірусних патогенів. Як відомо, вона допомагає збудникові уникати відповіді імунної системи хазяїна, збільшувати свою вірулентність та індукувати резистентність до антивірусних препаратів. Формування персистенції збудника в організмі сприяє збереженню його в природі як біологічного виду, постійно бере участь в активації патогена з можливістю виникнення чергових епідемічних або пандемічних процесів.

2. Зоогеографічні фактори – почастищення контактів людини з птахами і тваринами створюють оптимальні умови для непередбачуваного пасирування в їх організмі з можливістю посилення вірулентності, а також генетичних рекомбінацій як між генами самих вірусів, так і між генами вірусів і клітин хазяїна.

Основні емерджентні вірусні збудники, відкриті наприкінці 70-х років ХХ і на початку ХХІ століття

№	Назва вірусу	Рік відкриття	Таксономічне положення вірусів		Вірусна інфекція
			Родина	Рід	
1	<i>Rotavirus</i>	1973	<i>Reoviridae</i>	<i>Rotavirus</i>	Ротавірусний гастроентерит
2	<i>Ebola virus</i>	1976	<i>Filoviridae</i>	<i>Ebola-like</i>	Хвороба, спричинена вірусом Ебола
3	<i>Hantaan virus</i>	1977	<i>Flaviviridae</i>	<i>Hantavirus</i>	Геморагічна гарячка з нирковим синдромом
4	<i>Hepatitis A virus</i>	1979	<i>Picornaviridae</i>	<i>Hepatovirus</i>	Гепатит А
5	<i>Human T-lymphoto-tropic virus 1 type</i>	1980	<i>Retroviridae</i>	<i>Gamma-retrovirus</i>	Т-клітинна лейкемія людини 1 типу
6	<i>Human T-lymphoto-tropic virus 2 type</i>	1980	<i>Retroviridae</i>	<i>Deltaretrovirus</i>	Т-клітинна лейкемія людини 2 типу
7	<i>Human immunodeficit virus 1 type, 2 type</i>	1983 1986	<i>Retroviridae</i>	<i>Lentivirus</i>	ВІЛ-1 інфекція ВІЛ-2 інфекція
8	<i>Human herpesvirus-6</i>	1986	<i>Herpesviridae</i>	<i>Roseolovirus</i>	Висип субитум (розеола інфантум)
9	<i>Hepatitis C virus</i>	1989	<i>Flaviviridae</i>	<i>Hepacivirus</i>	Гепатит С
10	<i>Aichi virus</i>	1989	<i>Picornaviridae</i>	<i>Kobuvirus</i>	Гастроентерит, пов'язаний з вживанням устриць
11	<i>Guanarito virus</i>	1990	<i>Flaviviridae</i>	<i>Flavivirus</i>	Венесуельська геморагічна гарячка
12	<i>Human herpesvirus-7</i>	1990	<i>Herpesviridae</i>	<i>Roseolovirus</i>	Вірогідна причина синдрому хронічної втоми (СХУ)
13	<i>Human herpesvirus-8</i>	1994	<i>Herpesviridae</i>	<i>Rhadinovirus</i>	Саркома Капоші
14	<i>Avian Influenza A/H5N1</i>	1997	<i>Orthomyxoviridae</i>	<i>Influenza virus A</i>	Пташиний грип людей
15	<i>Enterovirus 71</i>	1998	<i>Picornaviridae</i>	<i>Enterovirus</i>	Ентеровірусне захворювання рота, рук і ніг (ЗРРН)
16	<i>SARS-CoV</i>	2002	<i>Coronaviridae</i>	<i>Coronavirus</i>	«Атипова пневмонія»
17	<i>Influenza A/California/04/09 virus</i>	2009	<i>Orthomyxoviridae</i>	<i>Influenza virus A</i>	Пандемічний грип, потрійний реасортант (людина, птах, свиня)

Загально визнаним є факт, який підтверджує, що багато інфекційних хвороб спочатку було передано людині від тварин. Адже тривалий час ми живемо в природі, що оточує нас, разом з тваринами, і багато інфекційних захворювань тварин міцно увійшли до людської популяції й набули характеру антропозоонозних інфекцій. Цей процес має двоступінчастий характер. Першим кроком є інтродукція збудника в людську популяцію, що в більшості випадків веде до інфікування, і надалі – до трансмісії, тобто передачі «нового» патогена з розвитком захворювання серед інших членів популяції. Важлива роль при цьому відводиться зміні ареалів розповсюдження особливо небезпечних інфекцій – геморагічних гарячок, що спричинені вірусами Ебола, Західного Нілу, геморагічної гарячки з нирковим синдромом та ін. [2].

3. Соціально-економічні фактори є значущою причиною виникнення і розповсюдження емерджентних і ре-емерджентних інфекцій. Відмічено, що епідемічний ризик розвитку захворювань багато в чому пов'язаний

з рівнем соціально-економічного становища в країні. Найбільш небезпечні і тяжкі інфекційні захворювання, як правило, частіше виникають в країнах із високою щільністю і низьким рівнем життя населення. Важливо відзначити при цьому, що перераховані чинники виникнення і розповсюдження емерджентних і ре-емерджентних інфекцій серед населення планети були викладені J.A. Miller ще в 1989 р. [4]. Натепер вони підтверджені й значно доповнені багатьма зарубіжними і вітчизняними дослідниками [1-3].

Можливість появи ще грізніших збудників масових інфекційних захворювань пов'язана з великими успіхами біотехнології щодо створення штучних патогенів, у т.ч. вірусної природи [5].

Як видно з представлених у таблиці даних, у другій половині ХХ століття було виділено та ідентифіковано велику кількість збудників вірусних захворювань людини, що належать до різних родин і родів. Багато з перерахованих збудників вже добре вивчені й пред-

ставлені в багатьох наукових роботах і монографіях. До таких всебічно вивчених до теперішнього часу вірусів належить SARS-CoV і ряд інших важливих вірусних патогенів (збудники пташиного і пандемічного грипу А та ін.), причетних до тяжких масових інфекційних уражень населення планети. Короткі дані про деякі збудники і спричинені ними емерджентні та ре-емерджентні захворювання, що є причинами епідемій і пандемій початку XXI століття, викладаються далі.

У зв'язку з появою й активацією емерджентних і ре-емерджентних природних збудників, а також можливістю штучного створення збудників небезпечних вірусних патогенів і їх використання міжнародними терористами як біологічної зброї, пріоритетним напрямом медичної науки і охорони здоров'я повинне стати епідеміологічне навчання широких верств населення (працівників різних підприємств, учнів шкіл, студентів та інших громадян України) [6]. Це багато в чому сприятиме істотному зниженню розповсюдження інфекційних захворювань, у тому числі й тих, які, як відомо, часто залежать від поведінки (*behavior induced diseases*) людей у суспільстві [6].

**Тяжкий гострий респіраторний синдром (Severe Acute Respiratory Syndrome).** Це одна з пандемій, що виникла на початку XXI століття. Перші випадки нової вірусної інфекції були зареєстровані в середині листопада 2002 р. в провінції Гуаньджоу (КНР). Захворювання незабаром досягло Гонконгу і потім (липень 2003 р.) розповсюдилося в 32 країни світу з найбільшою кількістю хворих в КНР, Гонконзі, Тайвані, Сінгапурі, Канаді, США [7, 8].

Всього за період SARS-пандемії захворіло 8 460 осіб, у т.ч. в 799 випадках з летальним вислідом. Перші випадки SARS були описані вченим ВООЗ Карло Урбані, який помер від «атипової пневмонії». Враховуючи внесок ученого у вивчення SARS, експерти ВООЗ привласнили цьому інфекційному захворюванню назву «Хвороба Урбані», а штаму збудника SARS – «штам Урбані» [9].

Перший штам збудника захворювання – коронавірус SARS-CoV родини *Coronaviridae*, був виділений від вівери цибетової (*Viverra Zibet*) – тварини з родини котячих, таких, що мешкають в Гімалаях. У Китаї їх розводять для ресторанів екзотичної східної кухні, де їх м'ясо має великий попит. У даний час тільки в спеціалізованих господарствах їх налічується більше 40 тисяч особин. Скільки особин вівер налічується у власних господарствах, а також скільки їх мешкає в дикій природі Китаю, невідомо [10, 11].

Цей вид тварин і кажани, від яких також були ізольовані коронавіруси, в даний час розглядаються як природні хазяї SARS-CoV. Через біологічні взаємозв'язки між вірусами людини і тварин вони становлять епідемічну небезпеку як для тварин, так і для людини [12].

Важливо відзначити, що хоча серед 3 основних атипичних груп коронавірусів родини *Coronaviridae* існують біологічні взаємозв'язки, новий вірус (SARS-CoV) не є спорідненим жодному з відомих штамів [13]. Але, на думку більшості учених, коронавірус атипичної пневмонії на підставі даних секвенування геному найближчий до бичачого коронавірусу [14].

**Пташиний грип А (H1N1).** У медичній літературі минулого століття наведено багато даних про появу в людській популяції нових штамів вірусів грипу типу А і значні генетичні зміни, що відбуваються в них, результатом чого були глобальні пандемії з високою летальністю серед хворих. Найспустошливіша пандемія грипу А, що забрала в могилу 20 млн життів, була в 1918-1919 рр. З'явившись у 1918 р., вірус грипу А до виникнення пандемії виконав виражений дрейф, а схожі віруси грипу А (HswN1) і кінцеві H1N1 його антигенні варіанти розглядають у наш час як шифтові віруси грипу А [15].

У роботі J.K. Tanbenberger et al. (2006) показано, що всі 8 генів вірусу грипу А (H1N1) мають більше схожості з варіантами «пташиного» вірусу, ніж людського. Це підтверджує важливий висновок про здатність вірусу грипу птахів безпосередньо інфікувати людину, минаючи проміжного хазяїна, тобто передаватися від людини до людини. Таким чином, сучасні дослідження показують, що віруси грипу птахів є високоактивними в появі нових реасортантних високопатогенних «людських» вірусів грипу з пандемічним потенціалом [16]. Механізм походження пандемічних штамів грипу в даний час добре відомий. Він складається з 2 складових: 1) реасортації генів між вірусами тварин/птахів і людини і 2) адаптації вірусу грипу тварин/птахів до людини [17].

Вірус пташиного грипу А (H1N1) у людини характеризується надзвичайно високою мутагенною активністю через сегментований геном і здатністю до реасортації з утворенням нових штамів. Вірус грипу А як причина гострої зоонозної інфекції уражає, головним чином, епітеліальні клітини кишечника кур, качок і гусей із високою у них летальністю – від 80 до 100 %. Найбільш вірулентними вважаються віруси грипу А підтипів А (H5N1) і А (H7N7). Перші документально підтверджені випадки пташиного грипу А (H5N1) у людини належать до 1997 р. (Гонконг) з високою летальністю (33,3 %). Під час наступного спалаху грипу (2003 р.), пов'язаного з пташиним вірусом грипу А (H7N1) у людини, кількість хворих людей на кінець 2010 р. склала 516 осіб, з яких 306 (59,3 %) померли [17].

Великий внесок у боротьбу з пташиним грипом у людей зробили харківські учені Б.Т. Стегній, А.П. Герілович та ін., які не тільки всебічно вивчили структуру високопатогенного пташиного вірусу грипу А, але й виготовили вакцину для боротьби з захворюваннями, що ним спричиняються [18].

Таким чином, у даний час завдяки результатам вітчизняних і зарубіжних дослідників підтверджена здатність вірусів грипу птахів до подолання міжвидових бар'єрів не тільки серед природних сприйнятливих хазяїв – птахів (кури, качки, гуси), але й серед людей, свиней, собак і т. д. із розвитком грипозного процесу з високою летальністю.

**Пандемічний грип, спричинений новим вірусом A/California/04/09.** До типових емерджентних вірусних інфекцій належить грип А, спричинений новим штамом вірусу грипу A/California/04/09. Вивчення цього штаму, що спричинив пандемію в 2009 р., показало, що він є потрійним реасортантом, у структуру якого входять гени свинячого, пташиного і людського грипу [19]. Циркуляція нового вірусу грипу A/California/04/09 почалася з території Мексики і надалі він розповсюдився на інші континенти (крім Африки і Антарктиди). За даними ВООЗ, на грип, що отримав назву A/California/04/09 H1N1, на 12 травня 2009 р. в 43 країнах світу захворіло більше 12 тис. людей, з яких 91 особа померла. Це послужило оголошенню ВООЗ пандемії, особливістю якої було переважне залучення до епідемічного процесу людей молодого віку і дітей до 5 років з швидким, протягом 2-3 діб, ураженням легень, центральної нервової і серцево-судинної систем, розвитком дистрес-синдрому і летальним вислідом.

Крім порушення вказаних функцій організму, у 25-38 % хворих новий збудник грипозної пандемії спричиняв діарейний синдром, що дозволило розглядати можливість репродукції патогену в двох системах організму (легенях і кишечнику) з двома механізмами передачі: аерозольним і фекально-оральним [15].

Вивчення структури геному пандемічного вірусу грипу A/California/04/09 H1N1 показало, що із 8-ми сегментів геному збудника п'ять походять від вірусу свинячого грипу, два – від пташиного і один – від вірусу грипу А людини. Це дозволило розглядати новий вірус A/California як реасортант свинячого вірусу грипу А, що містить гени людини, свині й птиці [15, 17, 19].

Таким чином, було доведено, що збудником пандемії грипу А 2009 р. став новий вірус грипу А (H1N1) складної генної структури з генами із чотирьох різних джерел: генів свинячого грипу, що уражає свиней Північної Африки; генів свинячого грипу, що уражають свиней Європи й Азії; генів пташиного грипу і генів людського грипу. Як відомо, для вірусів грипу А характерні висока частота виникнення реасортантів через сегментований геном при змішаному інфікуванні й часті мутації, особливо в гені гемаглютиніну. При формуванні нового пандемічного варіанту вірусу грипу створюються умови для поголового інфікування і захворюваності населення через відсутність до нього імунітету [15].

У виникненні надзвичайних епідемічних ситуацій важливе значення мають арбовіруси, що передаються людині і тваринам через укуси комарів і кліщів. Збудники тяжких геморагічних гарячок належать до родини *Flaviviridae* (вірус жовтої гарячки, вірус гарячки Денге, віруси гарячки Західного Нілу, Омської геморагічної гарячки).

**Геморагічна гарячка Денге – *Dengue haemorrhagic fever (DHF)*** – (назва захворювання походить від англ. слова *dengue* – гарячка). Це природно-осередкова трансмісивна інфекція, резервуаром вірусу якої є мавпи, лемури, білки. Переносники захворювання – комарі роду *Aedes*. Захворювання виникає при укусі інфікованого комара. Основними мішенями для вірусів гарячки Денге є клітини крові (моноцити, макрофаги) і клітини печінки. Захворювання розповсюджене в багатьох частинах Південно-Східної Азії і з 1990-х років як ре-емерджентна інфекція в деяких країнах Американського континенту. Тяжкий DHF спалах був на Кубі в 1981 р. Протягом 1995-1997 рр. спостерігалися також епідемії захворювання в 24 країнах Центральної і Південної Америки з високою летальністю (до 30-50 %).

**Жовта гарячка – *Yellow fever (YF)*.** Збудник родини *Flaviviridae*, рід *Flavivirus* був ізольований в 1927 р. Ареал вірусу жовтої гарячки – тропічні регіони південної Америки і Африки. Резервуаром і джерелом збудника є примати. Механізм передачі захворювання від інфікованих тварин до людини – трансмісивний. Переносники – комарі родів *Aedes* *Haemagogus*. У даний час летальність від жовтої гарячки складає 5 % [2]. У боротьбі з цією недугою є вакцина, яка застосовується в ендемічних регіонах. Вакцинації підлягають також особи, які прямують в зони ризику з YF. Передбачається, що загроза розвитку YF існує для 33 країн Африки і 8 країн півдня Америки. З 1980-х років минулого століття постійно збільшувалося число випадків YF (до 5 300 в рік у світі), але передбачається, що справжня кількість випадків захворювань значно більша, оскільки YF вважається типовою хворобою тропічних лісових місць, де вірус зберігається в організмі мавп. Завдяки існуючому «*Mosquito vector*» вірус може швидко розповсюджуватися аж до урбанізованих місць й уражати як сільське, так і міське неімунне населення і бути для них надзвичайно небезпечним [2].

**Омська геморагічна гарячка.** До родини *Flaviviridae* також належить вірус омської геморагічної гарячки, який вперше був відкритий відомим російським вірусологом М.П. Чумаковим ще у 1947 р. Це природно-осередкове захворювання, при якому резервуаром вірусу є водні щури, ондатри та інші гризуни. Існують два механізми передачі збудника: 1) трансмісивний, переносники – іксодові кліщі; 2) контактано-побутовий (при контакті з ондатрами). Осередки захворювань описані в Омській,

Новосибірській, Тюменській, Курганській, Оренбурзькій областях і на півночі Казахстану. Вірус уражає ендотелії капілярів шкіри, слизових оболонок з крововиливами в різні органи. Летальність не перевищує 1 %. Специфічна профілактика здійснюється шляхом застосування інактивованих культуральних вакцин, а терапія – специфічним імуноглобуліном [20].

**Гарячка долини Ріфт (Rift Valley fever – RVF)** є типовим зоонозом, що уражає овець і телят в Африці. Переносниками інфекції серед тварин і людей є москіти (комарі), збільшення популяції яких часто пов'язане з будівельними проектами (будівництво гребель та інших подібних споруд). Комарі спричиняють серед населення тяжкі геморагічні гарячки.

**Гарячка Західного Нілу (ГЗН).** Збудник належить також до родини *Flaviviridae*, роду *Flavivirus*. Вперше вірус ГЗН був ізольований від хворого в Уганді (Африка) в 1937 р. ГЗН поширена в Африці, Азії, Середземномор'ї, в Європі (Франції, на Кіпрі, Португалії, Румунії, Болгарії та ін.). Зареєстрована також в Росії (Волгоградська, Астраханська області, Краснодарський край), в Україні – в Одеській області. Резервуар і джерело збудника – птахи водного і навколводного екологічного комплексу (качки, голуби), миші і рідше – людина. Механізм передачі збудника від птахів до людини і від хворої людини здоровій – трансмісивний (переносники – комарі).

Захворювання характеризується гарячкою, геморагічними висипаннями, артралгіями, жовтяницею, розвитком менінгіту і менінгоенцефаліту. В 1999 р. в Росії була зареєстрована епідемія ГЗН з кількістю хворих більше 150 тис. з незвично високою смертністю – близько 10 %. Інтродукція вірусу ГЗН відбувається з птахами під час їх сезонних міграцій з подальшим включенням у циркуляцію вірусів місцевих популяцій птахів і комарів. Під час епідемії ГЗН в Астраханській області (2001 р.) було виділено ряд вірусів від птахів і зібраних з них кліщів [3].

У випадках інтродукції і трансмісії збудників особливо небезпечних інфекцій (ОНИ) в людську популяцію відмічено, що клімато-географічна і фауно-флористична територія України є високим ризиком для розвитку епідемічного процесу [21, 22].

Так встановлено, що територія України є ендемічною для деяких збудників гострих вірусних гарячкових захворювань з геморагічним синдромом [23]. Значне місце серед них займає вірус **Крим-Конго геморагічної гарячки (ККГГ)**, який був виділений в 1945 р. академіком М.П. Чумаковим з крові хворих і також з кліщів. У 1956 р. ідентичний за антигенним складом вірус був виділений з крові хворого з гарячкою у Конго (Африка). Досить інтенсивна циркуляція ККГГ в природних резервуарах і у переносників (іксодових кліщів) встановлена у ряді областей України (Луганська, Донецька, Черкаська,

Івано-Франківська, Закарпатська і Львівська області).

Вірус ККГГ є представником родини *Bunyviridae*, рід *Nairovirus*. Цей особливо небезпечний вірус належить до першої групи безпеки мікроорганізмів (ДСП 9.9.5-99). Джерелом збудника є домашні й дикі тварини (корови, вівці, кози, зайці та ін.), переносниками захворювань є близько 20 видів кліщів [23, 24]. Смертність при ККГГ складає 10-50 % [23].

У роботі О.С. Друль (2010) наведені дані клінічного і епідеміологічного аналізу 13 ретроспективно виявлених захворювань ГЗН на території чотирьох областей України [25]. Найбільша кількість (7 випадків) була встановлена в Донецькій обл., одиничні захворювання в інших областях України: Харківській (1), Миколаївській (3) і Київській (2). Методом імуноферментного аналізу в сироватці крові обстежених пацієнтів з підозрою на ГЗН був встановлений високий рівень специфічних IgM до вірусу. Привертає увагу те, що у 8 пацієнтів рівень IgM досягав титрів 1:1600 і вище, решти – не перевищував 1:800. В анамнезі всіх хворих були вказівки на укуси комарів у весняно-літній період року, тобто під час високої активності кровосисних переносників вірусу ГЗН. Таким чином, це особливо небезпечне захворювання, що викликається вірусом ГЗН, було підтверджене лабораторно.

На основі даних сероепідеміологічного моніторингу був показаний рівень поширеності збудника і високий ступінь активності іншого особливо небезпечного природно-осередкового зооантропонозу – патогену геморагічної гарячки з нирковим синдромом (ГГНС), в осіб, які проживають на ендемічних територіях західних областей України (у Закарпатті і на Волині) [26, 27]. Встановлена висока частота ГГНС у структурі станів у людей з гарячкою, обумовленою моно- і мікст-інфікуванням різними видами гантавірусів. При обстеженні з використанням ІФА і ПЛР хворих з гарячкою невстановленої етіології у 24,2 % випадків збудниками захворювань виявилися різні види гантавірусів: *Hantaan* – 30,3 % і *Puumala* – 9,7 %, у т.ч. з одномоментним ураженням обома вірусами – 17,8 %. Виявлена інфікованість гризунів – резервуарів вірусів *Hantaan* і *Dobrova/Belgrade*. За даними ПЛР, польова миша (*Apodemus agrarius*) виявилася інфікованою двома видами вірусів, що є свідченням можливості міжвидового переходу вірусу *Dobrova/Belgrade*, для якого єдиним можливим резервуаром раніше вважалася тільки жовтогогорла миша (*Apodemus flavicollis*). Неідентифіковані до виду випадки ГГНС можуть бути свідченням циркуляції на території Закарпаття і Волині інших видів гантавірусів.

Таким чином, спорадичні захворювання ГГНС, зареєстровані в західних областях України протягом останніх

десятиліть, і дослідження, виконані під керівництвом професора Н.А. Виноград, роблять значний внесок у вирішення важливої медико-соціальної проблеми в боротьбі з особливо-небезпечними геморагічними гарячками, спричиненими гантавірусами [26, 27].

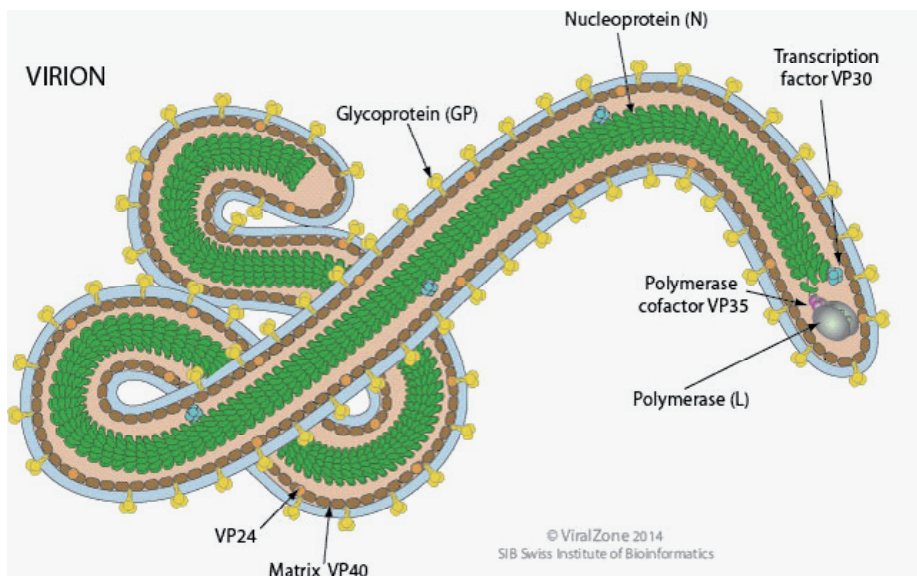
У 2014 р. світова громадськість була приголомшена повідомленням ВООЗ про виникнення надзвичайної епідемічної ситуації у ряді країн Західної Африки (Гвінеї, Ліберії, Сьєрра-Леоне) – розвитком епідемії високо контагіозної геморагічної гарячки, яка отримала назву хвороби, спричиненої вірусом Ебола (ХСВЕ) [28].

У зв'язку з цим в Україні, як і в інших країнах, були підвищені заходи, спрямовані на запобігання завезенню вірусу Ебола на територію країни [29].

Перше повідомлення ВООЗ про спалах хвороби, спричиненої вірусом Ебола в Гвінеї, було в березні

2014 р., пізніше хвороба розповсюдилася на сусідні країни (Сьєрра-Леоне, Ліберію і потім Нігерію). Число хворих за станом на 26 вересня 2014 р. складало 6 574 із летальним вислідом у 3 091, тобто майже у половині хворих. Ці дані виявилися зіставними з кількістю постраждалих в 1976 р. у Судані і Заїрі, тобто в рік відкриття вірусу Ебола [30]. Хронологія епідемій ХСВЕ в різних країнах і їх характеристика наведені у ряді досліджень, в яких з 1976 р. вказана кількість випадків захворювань і смертності, відсоток летальності в різних країнах Африки, спричинених різними підтипами вірусу Ебола [31]. Представлені результати є підтвердженням ре-емерджентного характеру хвороби Ебола.

В даний час добре вивчена структура віріону Ебола (мал. 1), який є членом родини *Filoviridae* і входить в рід *Ebolavirus*.



Мал. 1. Структура віріону Ебола ([http://viralzone.expasy.org/all\\_by\\_species/23.html](http://viralzone.expasy.org/all_by_species/23.html)).

Розрізняють 5 видів вірусу Ебола: Zaire, Sudan, Reston, Cote d'Ivoire і Bundibugyo. Їх характеристика, клінічні особливості захворювань, що спричиняються ними, питання діагностики, лікування і профілактики широко висвітлені вітчизняними і зарубіжними ученими [31-39].

Таким чином, викладені дані свідчать про те, що проблема боротьби з особливо небезпечними емерджентними і ре-емерджентними інфекціями на сучасному етапі має бути однією з пріоритетних для збереження здоров'я населенні Планети.

### Література

1. Centers for Disease Control and Prevention. Preventing emerging infectious disease: a strategy for the 21<sup>st</sup> century [Electronic

resources] / J.M. Hughes. – Access mode: [www.cdc.gov/mmwr/PDF/rr/rr4715.pdf](http://www.cdc.gov/mmwr/PDF/rr/rr4715.pdf).

2. Актуальность эмерджентных инфекций / Т.А. Ачкасова, С.В. Цилько, Т.В. Думова, Ю.Н. Ачкасова // Ученые записки Таврического нац. ун-та им. В.И. Вернадского. – Серия: Биология, химия. – 2012. – Т. 25(64), № 1. – С. 21-28.

3. Львов Д.К. Значение вновь возвращающихся инфекций в биобезопасности / Д.К. Львов // Вопросы вирусологии. – 2002. – № 5. – С. 4-7.

4. Miller J.A. Diseases for our future. Global ecology and emerging viruses / J.A. Miller // Bioscience. – 1989. – Vol. 39, N 8. – P. 509-518.

5. Андрейчин М.А. Биотероризм: медична протидія / М.А. Андрейчин, В.С. Копча. – Тернопіль: Укрмедкнига, 2005. – 298 с.

6. Широка цілеспрямована епідеміологічна підготовка населення України – важливий фактор щодо посилення біологічної безпеки / [В.П. Непорада, В.В. Кононенко, А.Ю. Волянський та ін.] // Аналі Мечниковського інституту. – 2008. – № 1. – С. 47-49.

7. Severe acute respiratory Syndrome (SARS) [Electronic resources] / WHO: Weekly Epidem. Rec. – 2003. – Vol. 78, N 12. – P. 81-83.
8. Виноград Н.О. Тяжкий гострий респіраторний синдром – перше нове інфекційне захворювання XXI сторіччя / Н.О. Виноград // Інфекційні хвороби. – 2003. – № 2. – С. 5-10.
9. Coronavirus never before seen in humans is the cause SARS [Electronic resources]. – Access mode: <http://www.who.int/csr/sars/epicurve/200503epicurves.pdf>.
10. Holmes E.C. Evolutionary genetics and emergence of SARS coronavirus / E.C. Holmes, A. Rambaut // SARS. – 2005. – P. 16-24.
11. Тяжёлый острый респираторный синдром (ТОРС), вызываемый коронавирусом. Литературный обзор [Электронный ресурс] / [С.В. Нетёсов, В.М. Блинов, Т.Ю. Иванькина и др.]. – Режим доступа: <http://27.rospotrebnadzor.ru/documents/ros/ukaz/152/print>
12. Панченко Л.А. Биологические взаимосвязи между коронавирусами человека и животных / Л.А. Панченко, Л.Г. Грунтовская, С.И. Вовк // Вопросы вирусологии. – 1991. – Т. 36, № 1. – С. 4-6.
13. Jernigan J.A. Combining clinical and epidemiological features for early recognition of SARS / J.A. Jernigan, D.E. Low, R.F. Helfand // Emerg. Infect. Dis. – 2004. – Vol. 10. – P. 327-333.
14. The genome sequence of the SARS-associated coronavirus / [M.A. Marra, S.J. Jones, C.R. Astell et al.] // Science. – 2003. – Vol. 300. – P. 1399-1404.
15. Фролов А.Ф. Молекулярная эпидемиология вирусных и прионных инфекций / А.Ф. Фролов, В.И. Задорожная. – К.: ДИА, 2010. – 280 с.
16. Taubenberger J.K. 1918 influenza: the mother of all pandemics / J.K. Taubenberger, D.M. Morens // Emerg. Infect. Dis. (CDC). – 2006. – Vol. 12, N 1. – P. 9-15.
17. Грипп А/Н1N1 как типичная эмерджентная инфекция (вирусологические, клинико-эпидемиологические особенности, вопросы терапии и профилактики) / [О.И. Киселев, В.П. Малый, В.В. Зарубьев и др.] [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.medi.ru/doc/a21022601.htm>.
18. Високопатогенний грип птиці / [Б.Т. Стегній, А.П. Герілович, Л.В. Коваленко та ін.]. – Харків, 2006. – 124 с.
19. Antigen and genetic characteristics of swine-original 2009 A(H1N1) influenza virus circulating in humans / [R. Garten, C. Davis, C. Russel et al.] // Science. – 2009. – Vol. 325. – P. 197-204.
20. Медицинская вирусология / под ред. Д.К. Львова. – М.: Медицинское информационное агентство, 2008. – 656 с.
21. Виноград Н.О. Клиніко-патогенетичні особливості геморагічної гарячки з нирковим синдромом / Н.О. Виноград, Л.П. Козак, Т.В. Буркало // Інфекційні хвороби. – 2007. – № 1. – С. 5-9.
22. Виноград Н.О. Алгоритм вірусологічної діагностики геморагічної гарячки з нирковим синдромом / Н.О. Виноград, Л.П. Козак // Біоресурси і віруси: Мат. V Міжнар. наук.-практ. конф. – Київ, 2007. – С. 114.
23. Федорук В.І. Крим-Конго геморагічна гарячка в Україні / В.І. Федорук, І.М. Лозинський, О.С. Друль // Сучасні проблеми епідеміології, мікробіології та гігієни: матер. наук.-практ. конф. – Вип. 8. – Львів: ЛНДІЕГ, 2011. – С. 157-159.
24. Здійснення заходів з санітарної охорони території України / [Ю.О. Новохатній, О.Є. Руденко, Л.П. Нестеренко та ін.] // Сучасні проблеми епідеміології, мікробіології та гігієни: матер. наук.-практ. конф. – Вип. 8. – Львів: ЛНДІЕГ, 2011. – С. 125-128.
25. Клиніко-епідеміологічний аналіз випадків захворювання на лихоманку Західного Нілу в Україні у 2010 році / [О.С. Друль, І.М. Лозинський, Г.В. Білецька та ін.] // Сучасні проблеми епідеміології, мікробіології та гігієни: матер. наук.-практ. конф. – Вип. 8. – Львів: ЛНДІЕГ, 2011. – С. 159-161.
26. Козак Л.П. Сучасні аспекти вірусологічної діагностики геморагічної гарячки з нирковим синдромом: автореф. дис. ... канд. мед. наук: 03.00.06 / Л.П. Козак; Нац. мед. ун-т ім. О.О. Богомольця. – К., 2008. – 23 с.
27. Васишин З.П. Лабораторна діагностика кліщового енцефаліту та іксодового кліщового бореліозу серед населення ендемічних територій: автореф. дис. ... канд. мед. наук: 03.00.06 / З.П. Васишин; Нац. мед. ун-т ім. О.О. Богомольця. – К., 2007. – 24 с.
28. ВОЗ (2014). ВОЗ публикует «дорожную карту» для расширения масштабов международных ответных действий на вспышку Эбола в Западной Африке [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.who.int/mediacentre/news/statements/2014/ebola-roadmap/ru>.
29. МОЗ України (2014). В Україні посилено заходи з попередження завезення вірусу Ебола на територію країни [Електронний ресурс]. – Режим доступа: [http://www.moz.gov.ua/ua/portal/pre20140821\\_e.html](http://www.moz.gov.ua/ua/portal/pre20140821_e.html).
30. WHO: Potential Ebola therapies and vaccines [Electronic Resource]. – Access mode: [http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/137590/1/WHO\\_EVD\\_HIS\\_EMP\\_14.1\\_eng.pdf](http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/137590/1/WHO_EVD_HIS_EMP_14.1_eng.pdf).
31. WHO: Ebola virus disease update – west Africa [Disease Outbreak News, 13 August 2014]. [Electronic resources]. – Access mode: [http://who.int/csr/don/2014\\_08\\_13\\_ebola](http://who.int/csr/don/2014_08_13_ebola).
32. Wilson J.A. Ebola virus: the search for vaccines and treatments / J.A. Wilson, C.M. Bosto, M.K. Hart // Cell. Mol. Life. Sci. – 2001. – Vol. 58, N 12-13. – P. 1826-1831.
33. WHO: Clinical Management of Patients with Viral Haemorrhagic Fever: A Pocket Guide for the Front-line Health Worker – 13 April 2014 [Electronic Resource]. – Access mode: [http://www.apps.who.int/iris/bitstream/10665/130883/2/WHO\\_HSE\\_PED\\_AIP\\_14.05.pdf](http://www.apps.who.int/iris/bitstream/10665/130883/2/WHO_HSE_PED_AIP_14.05.pdf).
34. WHO: Ebola Situation Report – 19 November 2014 [Electronic Resource]. – Access mode: [http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/144032/1/roadmapsitrep\\_19Nov14\\_eng.pdf](http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/144032/1/roadmapsitrep_19Nov14_eng.pdf).
35. Задорожна В.І. Емерджентні та реемерджентні вірусні інфекції сьогодення та патогенний потенціал їх збудників / В.І. Задорожна // Профілактична медицина. – 2014. – № 3-4 (23). – С. 54.
36. Задорожная В.И. Болезнь, вызванная вирусом Эбола: проблемы и перспективы / В.И. Задорожная, А.И. Гриневич, Л.М. Соломаха // Укр. мед. часопис. – 2014. – № 5(103). – С. 45-48.
37. Виноград Н.О. Епідеміологічні особливості хвороби, спричиненої вірусом Ебола / Н.О. Виноград // Профілактична медицина. – 2014. – № 3-4 (23). – С. 12-16.
38. Малый В.П. Болезнь, вызванная вирусом Эбола: клиника, диагностика, профилактика / В.П. Малый, Ж. Абду // Междунар. мед. журн. – 2014. – № 4. – С. 62-67.
39. Бондаренко А.В. Тактика медикаментозной терапии пациентов с болезнью, вызванной вирусом Эбола / А.В. Бондаренко, М.Г. Гвоздецкая, Я.В. Зоц // Аналіз Мечниковського інституту. – 2015. – № 2. – С. 38–41.

## THE EMERGENT AND RE-EMERGENT VIRAL INFECTIONS: GLOBAL CHALLENGE OF 21<sup>ST</sup> CENTURY

L.O. Panchenko, S.I. Vasina, I.N. Zvyagolska, N.H. Popova, Yu.V. Kopcha

**SUMMARY.** Currently, three main factors of occurrence and spreading of emergent infections are considered:

1. *Factors of biological nature – genetic variability of viruses (mutation), which is fundamental property of viral pathogens. As is generally known, it helps agent to avoid pathogen responses of the host immune system, increasing its virulence and induce resistance to antiviral medicines.*

2. *Zoogeographical factors – increasing quantity of human contacts with birds and animals create optimal conditions for virus evolution, unpredictable passaging in their organism with possibility of intensification their virulence and also genetic recombination both between genes of viruses and between the genes of viruses and host cells.*

3. *Socio-economic factors are essentially important reason for occurrence and spread of emergent and re-emergent diseases. It is noted that the epidemiological risk in many respects is connected to the level of socio-economic situation in the country. The most dangerous*

*and severe infectious diseases usually occur in countries with a high concentration and low living standards.*

*The article presents the summary of the most important emergent and re-emergent infection of viral nature, created exceptional epidemiological situation in the world with a high morbidity and mortality. To fight them, you need to create effective monitoring system identifying pathogens that are new or returning again into the human population. The problem of emergent and re-emergent infection is of global importance, and therefore for its prompt and effective solving we also need international cooperation.*

**Key words:** *emergent and re-emergent viral pathogens, epidemics and pandemics, system for monitoring and control of especially dangerous infections.*

Отримано 2.11.2015 р.