

Uute nakkushaiguste epidemioloogia

Oskar Nõmm^{1, 2}

Eesti Arst 2021;
100(4):224–231

Saabunud toimetusse:
25.09.2020
Avaldamiseks vastu võetud:
29.01.2021
Avaldatud internetis:
26.04.2021

¹ Tervise Arengu Instituudi
epidemioloogia ja
biostatistika osakond,
² Tartu Ülikooli
rahvatervishoiu magistrant

Kirjavahetajaautor:
Oskar Nõmm
oskar.nommm@tai.ee

Võtmesõnad:
nakkushaigused, epideemia,
puhang

Uute, inimkonnale varem tundmatute nakkushaiguste (edaspidi uued nakkushaigused) esilekerkimine on tõestanud, et inimkonna võitlus nakkushaigustega ei ole kaugeltki läbi. Inimkonnale tõsist ohtu kujutavad uued ja taaslevivad nakkushaigused ning nende põhjustatud suremus, kaotatud tervena elatud eluaastad ning sotsiaal-majanduslikud tagajärjed on tõsiseks väljakutseks ühiskonna praegustele ja tulevastele põlvkondadele. Valdav osa uutest nakkushaigustest on zoonoosid (nt HIV/AIDS, Ebola-viirusnakkus ja COVID-19) ning nende ilmnemise põhjused on suuresti seotud viimase sajandi inimtegevuse intensiivistumisega. Lisaks tänapäeva tugevale seiresüsteemile võib bioloogiline mitmekesisus ja eluslooduse kaitsmine mängida olulist rolli inimeste kaitsmisel uute nakkushaiguste eest.

Nakkushaigused, sõjad ja nälg on läbi ajaloo olnud inimarengu ja ellujäämise peamised ohustajad (1). Ka eelmise sajandi 50. aastate optimism, et võitlus patogeenide ja nende põhjustatud haiguste vastu on peaaegu lõppenud ning võitja on inimkond, on osutunud põhjendamatuks (2). Veelgi enam, tänapäeval on mikroorganismide põhjustatud nakkushaiguste ohtu süvendamas uued, seni varem tundmatud nakkushaigused ja varem teadaolevate tõsiste nakkushaiguste taaslevimine (3). Valdav osa sellistest nakkushaigustest on zoonootilise päritoluga ehk liikidevahelise ülekande järel inimesi nakatavad loomade nakkushaigused (3, 4).

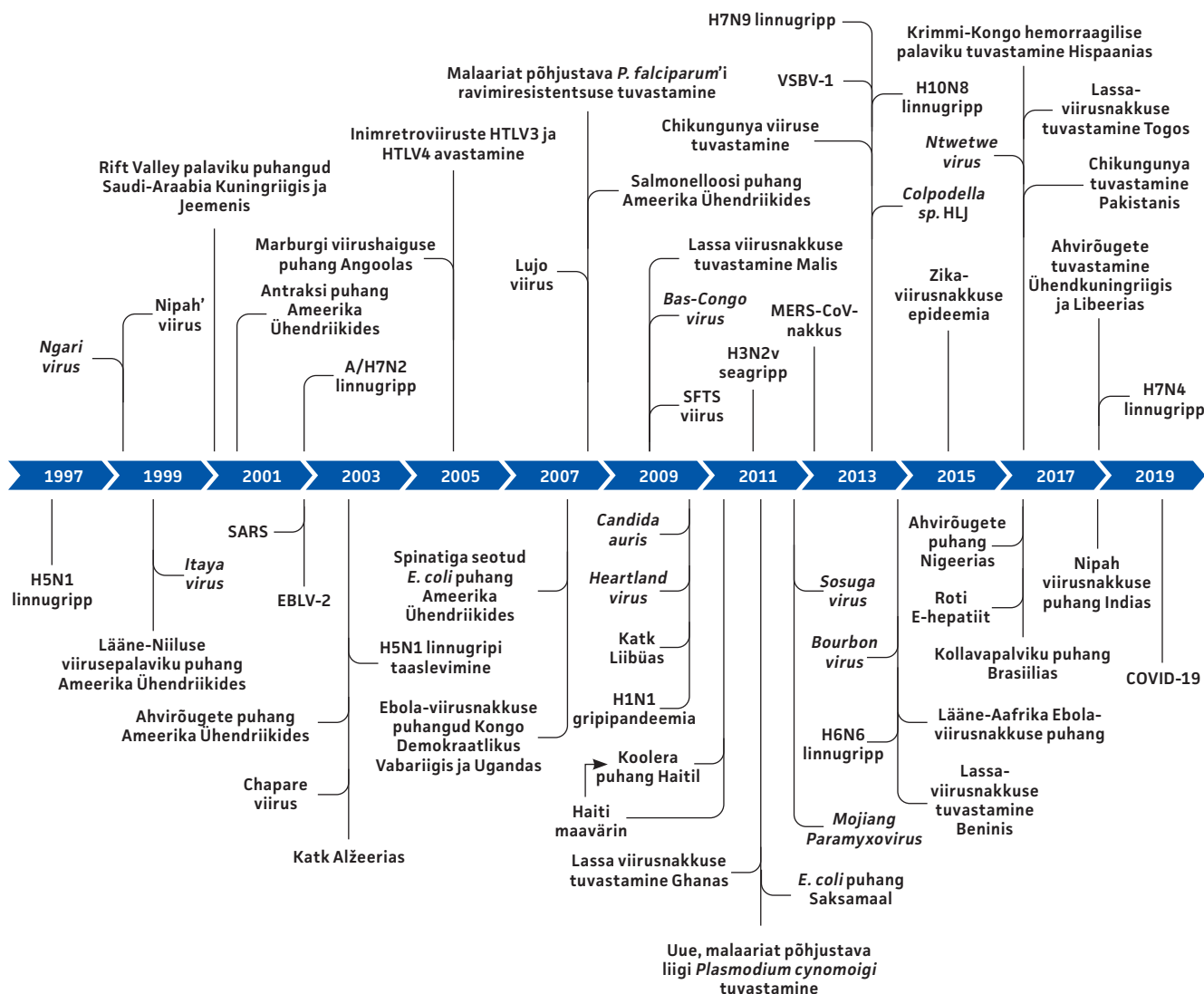
Uute patogeensete mikroorganismide põhjustatud haiguspuhanguid ja epideemiaid on inimajaloo vältel ilmnunud silmapaistvalt palju ning nad on tekitanud inimkonnale olulist kahju (2). Sellised nakkushaigused on maailmas ühed surmavamad: nende surmavusmäär varieerub 10–80% vahel (5). Täpsemalt jagunevad nad kahte kategooriasse: uued nakkushaigused (ingl *newly emerging infectious diseases*) ja taaslevivad nakkushaigused (ingl *re-emerging infectious diseases*) (3). Kui uued nakkushaigused on alles hiljuti tähelepanu pälvinud ning teadaolevalt varem tundmatu päritoluga (6), siis taaslevivad nakkushaigused on põhjustanud varem tuntud, kuid suureneva või suurenenud esinemissagedusega patogeenid (7, 8). Mõiste „uued nakkushaigused“ sai oma nimetuse 1987. aastal Joshua Lederbergi, Robert B. Shope'i ja Mary Wilsoni poolt (3).

Uued nakkushaigused sattusid ühiskonna tähelepanu keskmesse 1980. aastate suuremate epideemiate tulemusel (3). Selliste nakkushaiguste markantseks näiteks on 1980ndatel vallandunud inimese immuunpuudulikkuse viiruse (HIV) põhjustatud omandatud immuunpuudulikkuse sündroomi (AIDS) pandeemia (7). *Institute of Medicine* ehk IOM (uue nimetusega *National Academy of Medicine*) avaldas 1992. aastal aruande, milles on rõhutatud uute nakkushaiguste ohtlikku mõju rahvatervishoiule Ameerika Ühendriikides. See aruanne tõi uute nakkushaiguste uurimise erinevate riikide ning rahvusvaheliste organisatsioonide tähelepanu alla (3).

Lurie jt 2013. aastal *New England Journal of Medicine*'is avaldatud artiklis eristub lisaks teiste, rahvastiku tervist ohtu seadvate tegurite (nt sõjad ja looduskatastroofid) kõrval selgelt nakkushaiguste, sh eriti uute nakkushaiguste puhangute, epideemiate ja pandeemiate olulisus (9). Joonis 1 illustreerib inimestele ohtu kuulutatavate uute ja taaslevivate nakkushaiguste esinemisi viimase kahekümne aasta jooksul. Üks osa joonisel välja toodud nakkushaigustest (nt Ebola ja Lassa viirusnakkused ning SARS ja MERS-CoV-nakkus) kuuluvad ka nn kiiret uurimist ning teadus- ja arendustegevust vajavate nakkushaiguste loetelu hulka (10).

UUTE NAKKUSHAIGUSTE EPIDEMIOLOOGIA

21. sajandil on ilmnunud palju uusi, suurt tähelepanu pälvinud nakkushaigusi. Jonesi jt hinnangul on ajavahemikul 1940–2004



H5N1 – A-gripiviiruse alatüüp H5N1 (üks linnugripi viirustest); A/H7N2 – A-gripiviiruse alatüüp H7N2 (üks linnugripi viirustest); HTLV3, 4 – inimese T-lümfotroopse viiruse tüübid 3, 4 (*human T-cell lymphotropic virus type 3, 4*); EBLV2 – Euroopa nahkhiirte lüsaviruse tüüp 2 (*European bat lyssavirus type 2*); SFTS – trombotsütopeenilise kõrge palaviku sündroomi viirus (*Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome virus*); H1N1 – A-gripiviiruse alatüüp H1N1 (üks seagripi viirustest); H3N2v – inimestele nakkav A-gripiviiruse alatüüp H3N2 (üks seagripi viirustest); MERS-CoV – Lähis-Ida respiratoorse sündroomi koroonaviirus (*Middle East respiratory syndrome coronavirus*); VSBV – *Variiegated Squirrel Bornavirus*; H5N6 – A-gripiviiruse alatüüp H5N6 (üks linnugripi viirustest); H7N9 – A-gripiviiruse alatüüp H7N9 (üks linnugripi viirustest); HLJ – *Colpodella spp.* Heilongjiangi tüvi; COVID-19 – koroonaviirushaigus-19 (ägeda raske respiratoorse sündroomi koroonaviirus 2 ehk SARS-CoV-2 poolt põhjustatud haigus)

Joonis 1. Inimestele ohtu kujutavate uute ja taaslevivate nakkustehaiguste ning patogeensete mikroorganismide ilmnenemine, leviku ja puhangute ajakava maailmas 1997–2019 (9, 11).

teadaolevalt esile kerkinud 335 uut nakkushaigust, millest üle poole (54%) on põhjustanud bakterid. Ligikaudu 60% kõigist seni inimeste hulgas tuvastatud ja 75% viimase 30 aasta jooksul inimesi tabanud uutest nakkushaigustest on zoonootilise päritoluga. Enamiku (71%) zoonootiliste uute nakkushaiguste puhul paikneb patogeeni peremeesorganism või looduslik reservuaar varem inimeste poolt asustamata metsikutel loodusladel (4, 7). Metsikust loodusest

pärinevate uute nakkushaiguste levik on kasvuteel ning zoonootilise päritoluga nakkushaigused on üle maailma tõsiseks ohuks rahvatervishoiale (7). Siiski tuleb nentida, et enamik metsloomade hulgas levivatest patogeenidest ei ole võimelised põhjustama inimeste hulgas haigusi (12). Uued ja taaslevivad nakkushaigused kulgevad tavaliselt puhangutena (13), mis tähendab, et teatud ajaperioodil ületab haigusjuhtude esinemine oodatust kõrgema taseme (14).

Liigihüpe ehk liigibarjääri ületamine

Patogeeneid on arenenud täitma teatud ökoloogilist niši ning üldjuhul ei levi nad lihtsalt enda peamisest peremeesorganismist väljapoole. Liigibarjääri ületamist takistavad tõkked on olulised ning selleks, et patogeen jääks uues liigis püsima, peab see olema suuteline nakatama ja paljunema uues populatsioonis (15).

Eduka liikidevahelise ülekande toimumiseks on vajalik kokkupuude uue patogeeniga. Võrreldes patogeenide nakkavust haigusega kohanenud peremeespopulatsioonis ja uues populatsioonis, on patogeenid uute liikide suhtes üldjuhul vähem nakkavad. Uude peremeesorganismide liiki levimiseks ja esialgse nakkuse põhjustamiseks vajalik mikroobide hulk on üldjuhul kordades suurem nakkuse põhjustamisest patogeeniga kohanenud organismides. Järgmisena on oluliseks patogeeni ja uue organismi nn ühilduvuse tõenäosus, s.t patogeeni suutelisus tekitada uues organismis nakkust ning väga kriitiliseks patogeeni edasine levikusuutlikkus uue populatsiooni organismide vahel (16). Kui need protsessid on edukad, siis patogeen kohaneb ja areneb ning võib muutuda liigispetsiifiliseks. Ebaõnnestumise puhul sureb patogeen uues liigis välja (15). Seega võib nakkushaiguste teket käsitleda kahe-etapilise protsessina: patogeeni levimine uude populatsiooni ja kohanemine ning levik uue populatsiooni organismide vahel (8).

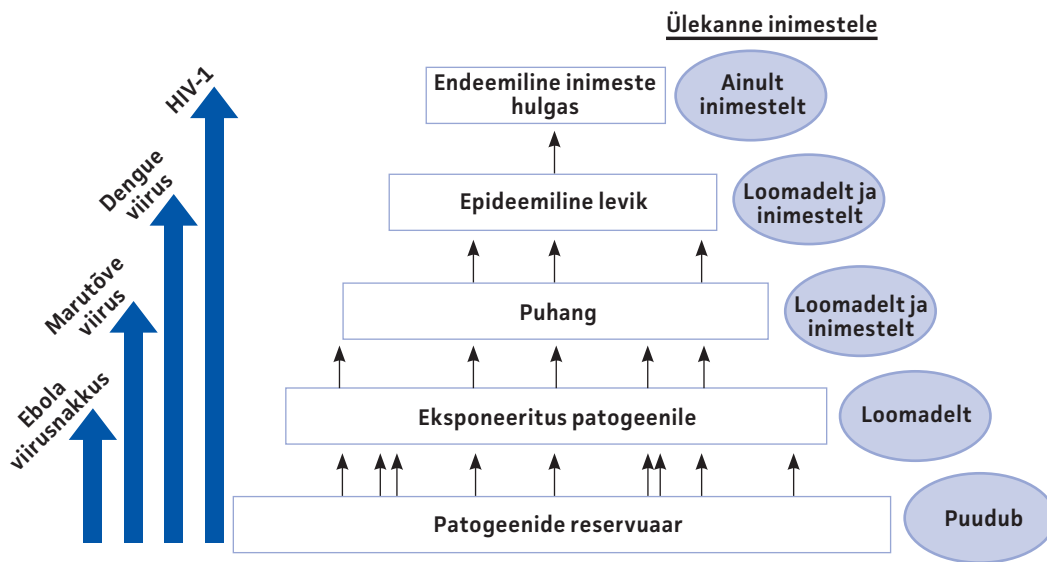
Patogeenide ülekandepotentsiaali saab väljendada ka nakatumiskordajaga (R_0). Uute nakkushaiguste põhjustatud puhangu eeldatav suurus sõltub esmastest nakkusjuhtudest ja patogeeni ülekandevõimekusest uues populatsioonis. Nakatumiskordaja väärtusest sõltuvalt saab uude populatsiooni sisenevad patogeenid jaotada kahte kategooriasse: piiratud levikuvõimekusega patogeenid ($R_0 < 1$) ja suurema epideemilise potentsiaaliga patogeenid ($R_0 > 1$). Peamine erinevus kahe eelneva uude populatsiooni sisenevate uute patogeenide mikroorganismide kategooria vahel seisneb nakatumiste päritolus: $R_0 < 1$ puhul toimub suurem osa patogeeni ülekannetest uude populatsiooni otse reservuaarist või läbi vahelülina käituvat organismi; $R_0 > 1$ puhul toimub suurem osa ülekannetest uue populatsiooni isendite vahel. Kui $R_0 = 1$ või on sellega ligilähedane, on puhangu suurus väga tundlik ülekandepotentsiaalis toimuvate väikeste muutuste suhtes (16).

Liigihüpe ehk liigibarjääri ületamine (ingl *cross-species transmission; spillover event*) illustreerib mitmete tingimuste tulemusel toimunud patogeeni edukat liikidevahelist ülekandumist (17), mille käigus on varem võõras mikroob kohanenud uues populatsioonis ja saavutanud levikuks vajaliku nakatamisvõime (18). Liigihüppe mõistmiseks tuleb arvesse võtta hüppega seonduvaid bioloogilisi protsesse (16). Kohanemist ja levikut mõjutavad mikroobides toimuvad spetsiifilised protsessid (nt geenimutatsioon ja geneetiline rekombinatsioon) (3), mikroobide ja keskkonna vahel toimuvad ökoloogilised protsessid (7), sotsiaal-majanduslikud ja demograafilised tegurid (8) ning inimorganismi geneetilised, füsioloogilised ja immunoloogilised omadused (18).

Uute nakkushaiguste tekke mõistmisel võib olla kasulikuks kontseptuaalseks raamistikuks mikroobide liikuvuse püramiid (vt joonis 2), kus iga tasand esindab erinevat koostoimet patogeenide ja inimeste vahel alates ekspositsioonist kuni epideemia tekke ja endeemilise levikuni. Mõned mikroobid suudavad liikuda tasandite vahel edasi, liikudes alumiselt tasandilt ülemisele (tähistatud nooltega) ning teiste puhul takistavad üleminekut bioloogilised või ökoloogilised tõkked (6).

Wolfe jt liigitasid inimestele üle kandunud zoonoosid oma ülekandevõimekuse tõttu viide kategooriasse, alustades n-ö surnud ringi (*dead end*) patogeenidest (vt joonis 2: 2. kast), kuni jõudsid inimestele üle kanduvate (3.–4. kast) ning ainult inimeste hulgas levivate patogeenideni (5. kast). Teise ja kolmandasse kasti kuuluvaid patogeene iseloomustab tõhusate ülekandemehhanismide puudulikkuse tõttu suutmatuse põhjustada inimeste hulgas järjepidevat nakatumist (19). Neli joonisel olevat näidet on progresseerumise protsessi käigus jõudnud eri etappidesse: näiteks marutõve viirus levib inimestele ainult loomadelt ($R_0 < 1$) ning HIV-1 peamiselt inimeselt inimesele ($R_0 > 1$) (6).

Patogeenid võivad levida ka inimeste tahtliku tegevuse tagajärjel. Selliste patogeenide kasutuse eesmärgistus on kahju tahtlik tekitamine: terroriseerimine või bioloogilise sõja pidamine (3). Näiteks II Hiina-Jaapani sõja ajal (1937–1945) pommitasid jaapanlased Hiina linnu muhkkatku tekitaja *Yersinia pestis*'ega. Relva katsetamiste ning pommitamiste tagajärjel tekkinud epideemiate nakatus ja hukkus tuhandeid tsiviilisikuid (21). Lisaks



Joonis 2. Patogeenide liikuvuse püramiid (6, 20).

toimus Ameerika Ühendriikides 2001. aastal esimene teadaolev bioloogiline rünnak, mille taga oli Siberi katku ehk antraksi põhjustava bakteri *Bacillus anthracis*'t sisaldavad postikirjad (22, 23).

Haiguste ilmnemise taga on keerukas terviklik süsteem, mis ei puuduta ainult eluslooduse ja inimeste vahelist suhet. Bioloogiline mitmekesisus on sotsiaalse ja ökoloogilise vastupidavuse lahutamatu osa. Loomadelt inimestele liigihüppe teinud patogeensete organismide levikusagedus on märkimisväärselt suurenenud tänapäeva maailmas loodusvarade kasvava jätkusuutmatu kasutuse ulatuse tõttu (24). Haiguste ilmnemist soodustavaks tõsiseks teguriks on kliima muutumise tagajärjel muutuvad kliimaatilised parameetrid, mis mõjutavad patogeenide, vektorite ja peremeesorganismide säilimist, paljunemist, arvukust ja nende levikut (24), ning muutused ökoloogilises keskkonnas, mille tõttu on suurenenud inimkokkupuude paljude patogeenide reservuaariks olevate närilistega (3).

Seega on võtmetähtsusega patogeenide, organismi ning keskkonna vaheline keeruline koostoime (3). Inimtegevuse tulemusel häirunud ökoloogiline keskkond võib suurendada kokkupuuteriski patogeenidega ning majandusest tingitud olud soodustavad inimeste ja töötajate massilist liikumist maapiirkondadest linnadesse (8). Nakkust põhjustava patogeeni esilekerkimine ja edasikandumine inimeste hulgas järgib kindlat rada, kus kokkupuudet patogeeni loodusliku

elupaiga (reservuaari) ja uue populatsiooni (allika) vahel soodustavad vektorid või vahelülidena käituvad organismid (3).

UUTE NAKKUSHAIGUSTE TEKET JA LEVIKUT MÕJUTAVAD TEGURID

Kui zoonootilise päritoluga metsikust loodusest pärinevate nakkushaiguste esinemissagedus on seotud inimasustuse tiheduse suurenemise, inimeste arvu kasvu, seni inimkasutuses mitte olnud uute alade hõivamise ning loodusliku liigirikkuse vähenemisega, siis ravimiresistentsete, geneetiliselt muundunud tüvedega patogeenide esinemissagedus on tingitud eelkõige sotsiaal-majanduslikest teguritest. Kokkuvõtlikult saab öelda, et uute nakkushaiguste esinemine on suuresti inimtekkeline (7).

Uute nakkushaiguste neli põhilist esinemist soodustavat tegurit on

- 1) inimasustuse tiheduse suurenemine;
- 2) uute inimeselualade hõivamine;
- 3) üleilmastumine (sh tootmise ja toiduturu üleilmastumine);
- 4) keskkonna saastatus (19).

Uute nakkushaiguste levikut võimaldavate tegurite hulka kuuluvad

- 1) rahvaarvu kasv;
- 2) levik tervishoiuasutustes;
- 3) vananev rahvastik;
- 4) rahvusvaheline reisimine;
- 5) vektorite levik ja elupaikade muutumine (19).

Patogeenide kohanemis- ja levimisvõime suurenemist soodustavate tegurite loetelu on pikk ning mitmekesine. Metsastunud ala vähenemine, põllumajanduse laienemine ning moderniseerumine, loodusõnnetused, asustustiheduse suurenemine, elatustaseme halvenemine, infrastruktuuri kehvenemine ning majanduse langus, reisimine, sõjalised konfliktid ning sotsiaalne ebastabiilsus võivad anda oma panuse muutuste tekkimisse mikroobsetes ökoloogilistes niššides, soodustades omakorda kohanemisvõimekust uutes organismides (3). Näiteks on Rift Valley palaviku viiruse leviku suurenemise põhjuseks põllumajanduse ja irrigatsioonisüsteemide laiendamine ning borrelioosi puhul inimasustatud elupiirkondade ümbruses taasmetsastumisega kaasnev patogeeni levitava vektori (puukide) ja seda edasi kandvate peremeesorganismide (näriliste) levimuse ja arvukuse suurenemine (8).

Üksikutes inimrühmades leviv, kuid isoleerituse tõttu märkamatuks jäänud lokaliseerunud nakkushaigus võib levida hõredamalt asustatud piirkonnast tihedamalt asustatud piirkondadesse rahvastiku liikumise tõttu. Ülekoormatud taristu ja ülerahvastatus kiiresti kasvavates linnades võib aeglustada rahvatervishoiu sekkumistrateegia rakendamist, muutes sisse toodud nakkushaiguse tuvastamise raskemaks. Tihedalt asustatud piirkonda sisse toodud nakkushaigus võib edasi kanduda teistesse tihedamalt asustatud piirkondadesse mööda linnadevahelisi transporditeid (maanteed, raudteed ja õhuteed). Dengueviiruse leviku suurenemise taga on kaubatransport, reisimine, migratsioon ning urbaniseerumine; B- ning C-hepatiidi viiruse ja HIVi puhul aga seksuaalkäitumine, vereülekanDED, elundi siirdamine ning süstitavate narkootikumide tarvitamine (8).

Inimeste arvu kasvuga kaasneb suurenev nõudlus valgurikkama toidu järele. Kasvav nõudlus loomset päritolu toiduainete järele stimuleerib põllumajanduse intensiivistumist ning karjakasvatust uute, tootlikumate, kuid geneetiliselt homogeensemate loomade aretamist. Selliste geneetiliselt homogeensete liikide hulgas on nakkushaiguste levimus suurem (24). Oluliseks on ka eksootiliste ja metsikute loomade jahtimine, nende liha ning muude saaduste tarbimine (3). Kui metsikute loomade jahtimine ja saaduste tarbimine on rikkama eliidi hulgas staatuse sümbol, siis vaesema elanikkonna

jaoks on sellise tegevuse eesmärk elatise teenimine või toitainete saamine (24). Kõik need tegurid soodustavad kontakti suurenemist patogeenidega ja selle tulemusel nakatumise tõenäosust (3). Mikroobivastaste ainete laialdase kasutamise tagajärjel tekkinud resistentsete mikroorganismide suurenenud levimus keskkonnas on hea evolutsiooniline näide mikrobioloogilise kohanemise suutlikkuse ja loodusliku valiku võimsuse kohta (8).

UUTE NAKKUSHAIGUSTE ENNETAMISE STRATEEGIAID

Vastutus zoonooside ennetamise ja kontrolli eest langeb mitmesse sektorisse: keskkond, põllumajandus, tervishoid, majandus ja kaubandus. Edu saavutamiseks tuleb tegeleda nakkushaiguste ilmnemist põhjustavate ja levikut soodustavate teguritega, mis omakorda nõuab inimeste ökosüsteemidega seonduva tegutsemise ja käitumise muutmist. Ühinenud Rahvaste Organisatsiooni (ÜRO) hiljuti avaldatud raportis „*Preventing the next pandemic*“ on kirjeldatud, kuidas praegu tegeletakse suuresti koroonaviiruse SARS-CoV-2 (COVID-19) pandeemia ja selle põhjustatud tagajärgede lahendamise ja kahjuks vähem uute zoonootiliste haiguste põhjustatud puhangute ennetamisega tulevikus. Ühe zoonootilise patogeeni põhjustatud haiguspuhang võib endaga kaasa tuua inimkannatusi ja majanduslikku kahju triljonites USA dollarites (24). Haiguste Ennetamise ja Tõrje Euroopa Keskuse (ECDC) 2020. aasta septembri lõpu andmete põhjal oli SARS-CoV-2 (COVID-19) pandeemia tõttu kaotanud elu peaaegu miljon ning haigestunud u 32 miljonit inimest (25). Arvestades uute nakkushaiguste puhangutega seotud suremust ning suurt majanduslikku kahju, on nende ennetamine märkimisväärselt kulutõhusam, kui seda on ainult puhangule reageerimine (24).

Uute nakkushaiguste ennetuse, tõrje ja patogeenide mikroorganismide põhjustatud kahjude vähendamise strateegiate hulka kuuluvad epideemilise või pandeemilise potentsiaaliga patogeenide varajane ja kiire tuvastamine, seire ning puhangu esinemiste ennustamine (12). 2015. aastal koostas ja avaldas ekspertidest koosnev Maailma Terviseorganisatsiooni töörühm loetelu kiiret reageerimist, teadus- ja arendustegevust vajavatest, pandeemilist ja rahvatervishoiule potentsiaalset ohtu kujutavatest nakkushaigustest, mille ennetamise meetmed ja ravi

on puudulikud või ebapiisavad. Loetelusse kuuluvad ka uute koroonaviiruste põhjustatud haigused MERS ja SARS (26).

Epideemilise või pandeemilise potentsiaaliga patogeene varajane ja kiire tuvastamine

Ellwanger jt on arutanud oma artiklis sihtühemite üle, kelle jälgimist ja testimist oleks liikidevahelise ülekande tuvastamise ja patogeene levimuse hindamiseks vaja prioriseerida. Uute, inimesi nakatavate ja loomade seas nakkushaigusi põhjustavate mikroorganismide tuvastamine loomade hulgas on uute nakkushaiguste vastases võitluses tuntud, kuid piiratud ressursside puhul oma kalliduse tõttu pigem ebatõhus strateegia. Nakkushaiguste tuvastamine, esinemise ennustamine ja puhangute prognoosimise muudab keeruliseks ja kohati ebatõhusaks loomade levivate mikroobsete patogeene mitmekesisus ja fakt, et valdav osa (mets)loomade seas ringluses olevaid patogeene ei suuda inimeste hulgas kunagi haigust põhjustada (12).

Inimestega tihedalt lähikontaktis ja nakkusahela vahelülina käituvate loomade testimise prioriseerimine võib eespool mainitud strateegiat tõhustada ja toimet soodustada (12). Näiteks kasutatakse uute nakkushaiguste tuvastamise analüüsi putukate ja putuktoiduliste väljaheidetest leitud patogeene fülogeneetilise analüüsi andmeid (27). Kuna vaktsineerimisel põhinevad nakkushaiguste kontrolli strateegiad on uute nakkushaiguste tõrjes puudulike vaktsiinide ja uute väljatöötamise ning efektiivsuse kinnitamise ajakulukuse tõttu ebaefektiivsed (13), võib tundmatu mikroorganismi genoomijärjestuse varasem kindlakstegemine aidata kaasa või kiirendada uute nakkushaiguste vastaste vaktsiinide või ravistrateegiatega väljatöötamist (12).

Seire

Piiratud ressursside korral on tõhusam uurida ja testida inim- ja loompopulatsioonides levivate ning varem liigibarjääri ületanud patogeensete mikroorganismide levimust. Lisaks on sellise seire tulemusena lihtsam ka ennustada, millal ja kus võivad selliste patogeene põhjustatud haiguspuhangud aset leida.

Tõhusaks strateegiaks on tihedalt loomadega kontaktis olevate sihtühemite (nt jahimehed, põllumehed ja veterinaararstid)

testimine ja seiramine. Sellised sihtühemid käituvad liigibarjääri ületavate nakkussündmuste puhul nn vahimeestena (ingl *sentinel*). Uuringus osalevate inimeste bioloogilistes proovides võib kohati leida väiksel arvul eduka liigihüppe sooritanud zoonootilisi patogeene. Vahimeeste seire tulemusena on võimalik varakult tuvastada liigihüppe sooritanud patogeene. Liigihüppe sooritanud ning varakult tuvastatud patogeene uurimise ja tundmaõppimise tulemusel on tulevikus võimalik ennetada sellise patogeene põhjustatud potentsiaalseid puhanguid.

Üldrahvastiku tasandil on üheks uute nakkushaiguste varajase tuvastamise strateegiliseks lähenemiseks rahvastiku sõeluuringud ning regulaarne diagnoosimine (12). Reoveeuuringud võivad tõhustada uude rahvastikku sisenenud patogeene varajast tuvastamist ning nakkushaiguste levimuse trendide jälgimist ajas (28). Hiljutises uuringus, kus uuriti COVID-19-pandeemia algjärgus SARS-CoV-2 levikut reovees kuue Hollandi linna ja ühe lennujaama näitel, tuvastati SARS-CoV-2 RNAd reovees kolm nädalat enne esimese COVID-19-sse haigestunu kinnitamist (29). Ellwanger jt on oma artiklis maininud, et „uute nakkushaiguste ennetamise arvelt ei saa tähelepanuta jätta vektorite olulisust puhangute püsibil ja patogeene edasikandumisel loomadelt inimestele“ (12). Selle tõttu on olulisel kohal ka vektoritõrje meetodid (2).

Uute nakkushaiguste esilekerkimise etteaimamatuse tõttu on otsustavaks strateegiaks varajane hoiatussüsteem, mille toimimise eelduseks on tugev ja hästi töötav ülemaailmne patogeene ja nende põhjustatud haiguste esinemise seire süsteem (5). Nakkushaiguste kiire tuvastamise ja hindamise tähtsust ei ole võimalik ülehinnata: sageli on epideemia ulatust mõjutav ainus suurim tegur reageerimise kiirus (16).

Viimasena, kuid üliolulisena tuleb rõhutada nõuetekohaste hügieeni- ja sanitaaringimuste tähtsust nakkushaiguste leviku pärssimisel (2). Igal aastal sureb puhta vee ja hügieenivõimaluste puudumise ning kanalisatsioonisüsteemide puudulikkuse tõttu madala ja keskmise sissetulekuga riikides u 827 000 inimest. 60% sellistest surmajuhitudest on seotud kõhulahtisuse põhjustavate patogeene (30). Vektorite kaudu levivate haiguste ennetamiseks on võimalik kasutada vektoreid tapvaid või levikut

takistavaid tõrjemeetmeid. Rahvatervishoiu sekkumised, mis hõlmavad nakkushaiguste leviku pärssimist patogeeni eemaldamise kaudu selle reservuaarist, on näiteks puhta vee tagamine, reovee puhastamine, toiduohutus ning loomade vaksineerimine (2). Maaailma Terviseorganisatsiooni andmetel puudub ligikaudu kahel miljardil inimesel ligipääs käimlale ning arvatavasti tarbib u 10% maailma rahvastikust heitveega kasvatatud toitu (30).

Uute patogeenide põhjustatud haiguste ilmnemist ennustavate meetmete väljatöötamisel on oluline rõhutada inimeste ja loomade vahelist kontakti suurendavate tegurite mõistmist. Puhangute vähenemisel võib mängida suurt rolli loodusala säilitamine ning aktiivse inimtegevuse vähendamine mitmekesiste ja liigirikaste loodusala läheduses (7). Suurem liigiline mitmekesisus võib tagada madalama nakatumise määra nakkusele vastuvõtlike organismide hulgas. Sellist efekti nimetatakse lahjendusefektiks (ingl *dilution effect*) (31). Lahjendusefekti tõttu võib olla patogeenide edasikandlus liigirohketes populatsioonides väiksem (24).

VÄLJAKUTSED JA SOOVITUSED

Nakkushaiguste ilmnemise vastu võitlemiseks vajalikud ning reaalseks kasutamiseks eraldatud ressursid on üle maailma halvasti jaotunud. Suurem osa teadusuuringutest toimub hea seire ning tugeva tervishoiusüsteemiga riikides, kust pärineb kõige väiksema tõenäosusega järgmine uute patogeenide mikroorganismide põhjustatud haiguspuhang (7). Ressursside puuduse tõttu on patogeenide põhjustatud uute nakkushaiguste mõju arengumaades suurim. Tugev rahvatervishoiusüsteem on üheks eelduseks patogeenide ja nende põhjustatud haiguste vastases võitluses. Samas võivad suuremad, epideemilist mõõtu puhangud koormata kergesti üle ka tugeva tervishoiusüsteemiga riigid. Sellepärast on hädavajalik tugevdada ja süsteemselt ette valmistada nakkushaiguste levikut pärssivaid süsteeme ning luua valmisolek nakkushaiguste põhjustatud haiguskoormuse vähendamiseks (4, 32).

Enamikul juhtudest on patogeenide põhjustatud haiguste vastu võitlemisel olemas välja töötatud vahendid (ravimid, vaktsiinid ning vektorite tõrje meetodid). Uute ja taaslevivate nakkushaiguste vastased

ravi- ja tõrjemeetodid on üldjuhul puudulikud või ebapiisavad (2). Erinevate viirusnakkuste ühiseid omadusi ärakasutavad nn laia toimespektriga viirusevastased ravimid (ingl *broad-spectrum antiviral agents*) võivad täiendada uute viirusnakkuste ravi võimalusi. Selliste ravimite baasist võib leida uute nakkushaiguste vastase kiiresti toimiva ravimi või ravimikombinatsiooni (33).

Kontrollistrateegiate väljatöötamisel on vaja tundma õppida nakkustsüklit, mille kaudu oleks võimalik tuvastada nakkusahela kõige kergemini mõjutatav lüli (2). Uute nakkushaiguste patogeneesi uurimine ja tulemuste kasutamine raviainete ja vaktsiinide kiireks arenguks on väga olulisel kohal (34). Selletõttu on teadustööl väga oluline koht nakkushaiguste vastases võitluses. Uute ennetusstrateegiate ja vastumeetmete väljatöötamine nõuab tugevdatud koostööd erinevate teadusarude vahel (1). Nakkushaiguste vältimise soovitusel üldsusele saavad võimalikuks alles pärast haiguse ilmnemist rakendatud sekkumismeetmete efektiivsuse tõendamist (2).

Oluline on tegeleda ka haiguspuhangu- tega kaasnevate või nende teket soodustavate struktuuriprobleemidega (nt vee- ja toidukvaliteet, inim- ja loomatervishoid ning puudulikud seiresüsteemid), mis põhjustavad loomade ja inimeste hulgas pandeemiade kordumist. Vaja on suuremat tuge vastupidavate, eluslooduse olulisi elupaiku kaitsvate ning toidu tootmisel looduslikku sünergiat ja bioloogilist mitmekesisust kasutavate agroökoloogiliste toidusüsteemide loomiseks (24). Looduskatastroofid ja rahvatervise hädaolukorrad on tihtipeale paratamatud. Uute katastroofide vältimise ja nendele kiiremat reageerimist soodustavate, teaduslikult tõestatud meetodite väljatöötamine ja rakendamine aga sihiteadlikud tegevused (9).

Patogeenid ja nende põhjustatud uued nakkushaigused kujutavad tänapäeval suurt ohtu rahvatervisele, sest nad on võimelised tekitama tõsise doominoefekti, mille tulemusel võivad üle maailma kannatada ühiskonna mitmed sektorid. Lisaks puhanguga kaasnevale haigestumusele ja suremusele toovad nakkushaiguste puhangute vastased meetmed endaga kaasa muud terviseprobleemid (nt isolatsioonist, karantiinist ja sotsiaalsest distantseerumisest tekkinud vaimse tervise häired). Tervishoiusüsteemi suurema koormuse puhul jäävad üldjuhul

varju ka muude, nii krooniliste kui ka ägedate haigustega inimesed.

TÄNUAVALDUS

Täna artikli valmimisele kaasaaitamise eest professor Tanel Tensonit, Maris Salekešinit ning Ruth Mägi ja professor Anneli Uusküla julgustamise, innustamise, tagasiside ning nõuannete eest.

VÕIMALIKU HUVIKONFLIKTI DEKLARATSIOON

Autoril puudub huvikonflikt seoses artiklis käsitletud teemaga.

SUMMARY

Epidemiology of new infectious diseases

Oskar Nõmm^{1,2}

Wars, famine and infectious diseases have endangered human progress and survival for centuries. The emergence of previously unknown infectious diseases have proved to unfound the optimism that the fight against pathogens and the diseases they cause is over. Most „new“ infectious diseases that have affected humans over the past 30 years are known to be of zoonotic origin. The causes of their occurrence are largely related to the intensification of human activity in the last century. The increase in the impact of human-made factors together with the ongoing evolution of viral and microbial variants suggests that new infectious diseases will continue to emerge. In addition to a modern effective monitoring system, biodiversity and protection of wildlife can play an important role in defending humans from emerging and re-emerging infectious diseases.

The aim of the article was to provide an overview of emerging and re-emerging infectious diseases, as well as to describe the epidemiological and ecological factors that affect their emergence.

KIRJANDUS / REFERENCES

1. Morens DM, Folkers GK, Fauci AS. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature* 2004;430:242–9.
2. National Institutes of Health. Understanding emerging and re-emerging infectious diseases. Bethesda; 2007. (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK20370/>).
3. Nii-Trebi NI. Emerging and neglected infectious diseases. Insights, advances, and challenges. *BioMed Res Int* 2017;2017:5245021.
4. World Health Organization. A brief guide to emerging infectious diseases and zoonoses. WHO Regional Office for South-East Asia; 2014. (<https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/204722/B5123.pdf?sequence=1&isAllowed=y>).
5. Spencer CT, Vasconcelos JR, Thornburg NJ, Zimmer SL. Editorial advances in emerging and neglected infectious diseases 2018;2018:4619282.
6. Woolhouse M, Scott F, Hudson Z, Howey R, Chase-Topping M. Human viruses: Discovery and emergence. *Philos Trans R Soc B Biol Sci* 2012;367:2864–71.

7. Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 2008;451:990–3.
8. Morse SS. Factors in the emergence of infectious diseases. *Emerg Infect Dis* 1995;1:7–15.
9. Lurie N, Manolio T, Patterson AP, Collins F, Frieden T. Research as a part of public health emergency response. *N Engl J Med* 2013;368:1251–5.
10. World Health Organization. WHO list of top emerging diseases likely to cause major epidemics. (<https://www.who.int/medicines/ebola-treatment/WHO-list-of-top-emerging-diseases/en/>) (10.05.2020).
11. Gov.UK. Emerging infections: how and why they arise. 2019. (<https://www.gov.uk/government/publications/emerging-infections-characteristics-epidemiology-and-global-distribution/emerging-infections-how-and-why-they-arise>) (10.08.2020).
12. Ellwanger JH, Kaminski V de L, Chies JAB. Emerging infectious disease prevention: Where should we invest our resources and efforts?. *J Infect Public Health* 2019;12:313–16.
13. Parrish CR, Holmes EC, Morens DM, et al. Cross-species virus transmission and the emergence of new epidemic diseases. *Microbiol Mol Biol Rev* 2008;72:457–70.
14. Centers for Disease Control and Prevention. Principles of Epidemiology in Public Health Practice: Third edition. Lesson 1 - Section 11: Epidemic Disease Occurrence. Division of Scientific Education and Professional Development; 2006. (<https://www.cdc.gov/csels/dsepd/ss1978/lesson1/section11.html>) (04.08.2020).
15. Seale J. Crossing the species barrier - viruses and the origins of AIDS in perspective. *J R Soc Med* 1989;82:519–23.
16. Woolhouse ME, Haydon DT, Antia R. Emerging pathogens: The epidemiology and evolution of species jumps. *Trends Ecol Evol* 2005;20:238–44.
17. Sansonetti P. Peut-on concrètement définir la notion de barrière d'espèce à la diffusion des pathogènes? [How to define the species barrier to pathogen transmission?]. *Bull Acad Natl Med* 2006;190:611–27.
18. Plowright RK, Parrish CR, McCallum H, et al. Pathways to zoonotic spillover. *Nat Rev Microbiol* 2017;15:502–10.
19. Petersen E, Petrosillo N, Koopmans M, et al. Emerging infections—an increasingly important topic: review by the Emerging Infections Task Force. *Clin Microbiol Infect* 2018;24:369–75.
20. Wolfe ND, Dunavan CP, Diamond J. Origins of major human infectious diseases. *Nature* 2007;447:279–83.
21. RAZilinskas. Yersinia pestis, Biological Warfare, and Bioterrorism. *CBW Magazine: Journal on Chemical and Biological Weapons* 2017;10:4–26.
22. Centers for Disease Control and Prevention. A history of anthrax. (<https://www.cdc.gov/anthrax/resources/history/index.html>) (16.05.2020).
23. Goel AK. Anthrax: A disease of biowarfare and public health importance. *World J Clin Cases* 2015;3:20.
24. United Nations Environment Programme. Preventing the next pandemic: Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission. 2020. (<https://wedocs.unep.org/bitstream/handle/20.500.11822/32316/ZP.pdf?sequence=1&isAllowed=y>) (07.07.2020).
25. European Centre for Disease Prevention and Control. COVID-19 pandemic. (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19-pandemic>) (25.09.2020).
26. World Health Organization. Blueprint for R&D preparedness and response to public health emergencies due to highly infectious pathogens. 2015.
27. German Center for Infection Research. Identifying unknown pathogens and outbreak management. <https://www.dzif.de/en/identifying-unknown-pathogens-and-outbreak-management> (10.08.2020).
28. Centers for Disease Control and Prevention. National wastewater surveillance system (NWSS): A new public health tool to understand COVID-19 spread in community. 2020. (<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/wastewater-surveillance.html>) (24.09.2020).
29. Medema G, Heijnen L, Elsinga G, Italiaander R, Brouwer A. Presence of SARS-Coronavirus-2 RNA in Sewage and Correlation with Reported COVID-19 Prevalence in the Early Stage of the Epidemic in The Netherlands. *Environ Sci Technol Lett* 2020;7:511–6.
30. World Health Organization. Sanitation. (<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/sanitation>) (24.08.2020).
31. Khalil H, Ecke F, Evander M, Magnusson M, Hörnfeldt B. Declining ecosystem health and the dilution effect. *Sci Rep* 2016;6:1–11.
32. World Health Organization. New, emerging and re-emerging infectious diseases: prevention and control. New Delhi: WHO Regional Office for South-East Asia; 1996. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/127542>.
33. Andersen PI, Ianevski A, Lysvand H, et al. Discovery and development of safe-in-man broad-spectrum antiviral agents. *Int J Infect Dis* 2020;93:268–76.
34. Klempner MS, Shapiro DS. Crossing the Species Barrier — One Small Step to Man, One Giant Leap to Mankind. *N Engl J Med* 2004;350:1171.

¹ Department of Epidemiology and Biostatistics, National Institute for Health Development, Tallinn, Estonia,
² Institute of Family and Public Health, University of Tartu, Estonia

Correspondence to: Oskar Nõmm
 oskar.nomm@tai.ee

Keywords: infectious diseases epidemic, outbreak