

# ***Újabb veszély, H7N9?***



***Szalka András***

***Szent Imre Kórház, Budapest***

**Semmelweis Egyetem Egészségtudományi Kar**

**III. Infekciókontroll Munkanapja**

***„Közös dolgaink”***

**című tudományos ülése**

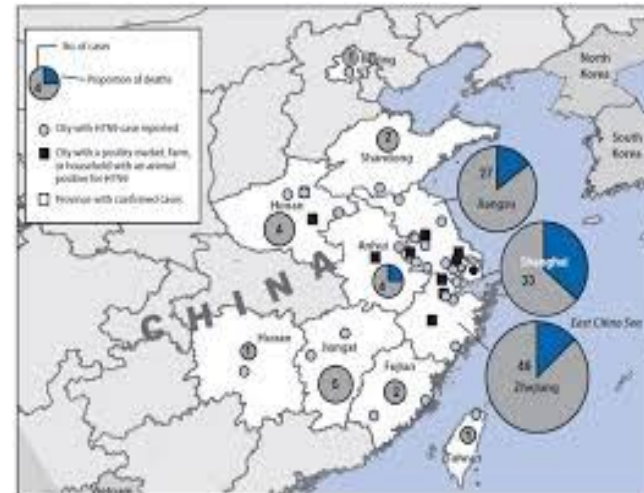
**2013. június 13.**

# ***A tények. Mi történt?***

***2013 június 7.-ig (WHO jelentés) 132 laboratóriumiilag igazolt emberi fertőzést diagnosztizáltak. 131 esetet a China National Health and Family Planning Commission és 1 esetet pedig a Tapei CDC jelentett. 37 megbetegedett halt meg.***

# ***A fertőzések csak Kínában fordultak elő***

***Az infekciók csak Kína keleti részére lokalizálódtak. Az egy tajvani eset kórelőzményében Jiangsuban történt utazás szerepel***



*„Közös dolgaink”*

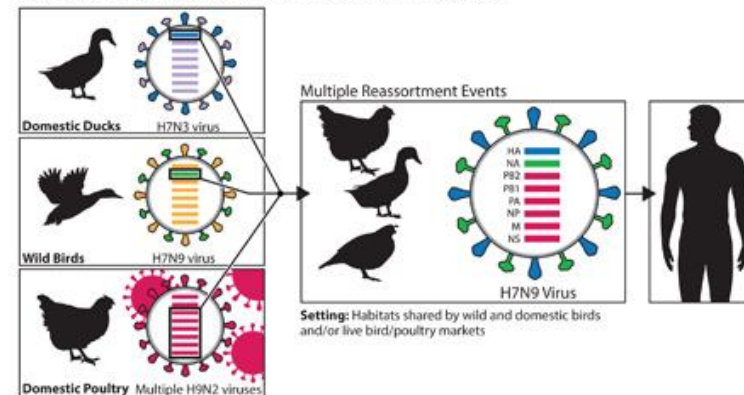
# ***Az emberi megbetegedések forrása***

- ***A legtöbb megbetegedés sporadikus volt***
- ***Az epidemiológiai vizsgálatok azt mutatták, hogy sok esetben bizonyítható volt a kapcsolat baromfifélékkel, ill. ürülékkel fertőzött környezettel***
- ***E madárinfluenza-virust csak az érintett területeken szárnyasokból és élő baromfikat áruló piacokon találták meg***

# A madárinfluenza- vírus, H7N9

- ✿ **Új vírus!**
- ✿ **4 különböző avian influenza vírusból képződhetett**
- ✿ **H7N3 (házi kacsa) - HA**
- ✿ **H7N9 (vad madár) - NA**
- ✿ **2 különböző csirkéből - H9N2 (különböző belső gének)**

Genetic Evolution of H7N9 Virus in China, 2013



The eight genes of the H7N9 virus are closely related to avian influenza viruses found in domestic ducks, wild birds and domestic poultry in Asia. The virus likely emerged from "reassortment," a process in which two or more influenza viruses co-infect a single host and exchange genes. This can result in the creation of a new influenza virus. Experts think multiple reassortment events led to the creation of the H7N9 virus. These events may have occurred in habitats shared by wild and domestic birds and/or in live bird/poultry markets, where different species of birds are bought and sold for food. As the above diagram shows, the H7N9 virus likely obtained its HA (hemagglutinin) gene from domestic ducks, its NA (neuraminidase) gene from wild birds, and its six remaining genes from multiple related H9N2 influenza viruses in domestic poultry.



„Közös dolgaink”

# ***H5N1 avian-vírus összehasonlítása a H7N9-el***

## ***H5N1***

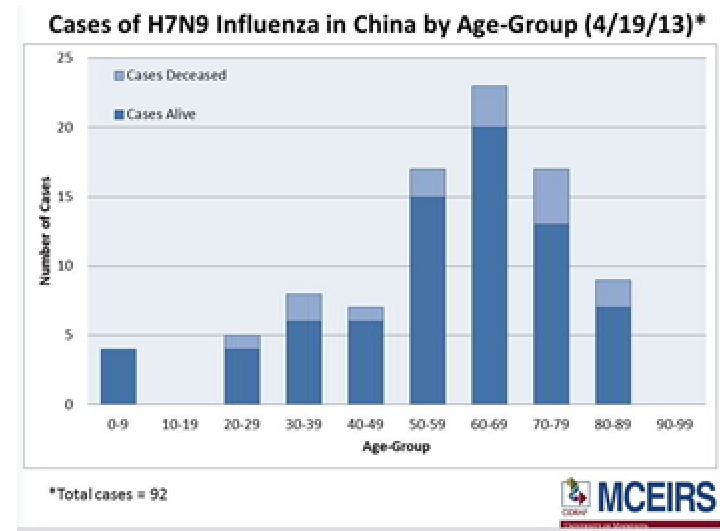
***A korábbi H5N1  
járványokban és  
sporadikus  
esetekben a  
szárnyas  
állományban történő  
súlyos  
megbetegedések  
figyelmeztető  
voltak az emberek  
számára***

## ***H7N9***

***Ebben a H7N9 okozta  
járványban a  
szárnyasokon nem  
lehetett észrevenni,  
hogy fertőzöttek  
lettek volna!!  
Korábbi A (H7)  
infekcióban ez nem  
volt tapasztalható***

# Emberi megbetegedések

- **Az átlag életkor (111 beteg) 61 év**
- **42,3% - 65 éven felül**
- **31,5% nő**
- **61,3%-nak legalább 1 rizikótényezője, ill. megbetegedése volt**



**N Engl J Med 2013. május 22.**

*„Közös dolgaink”*

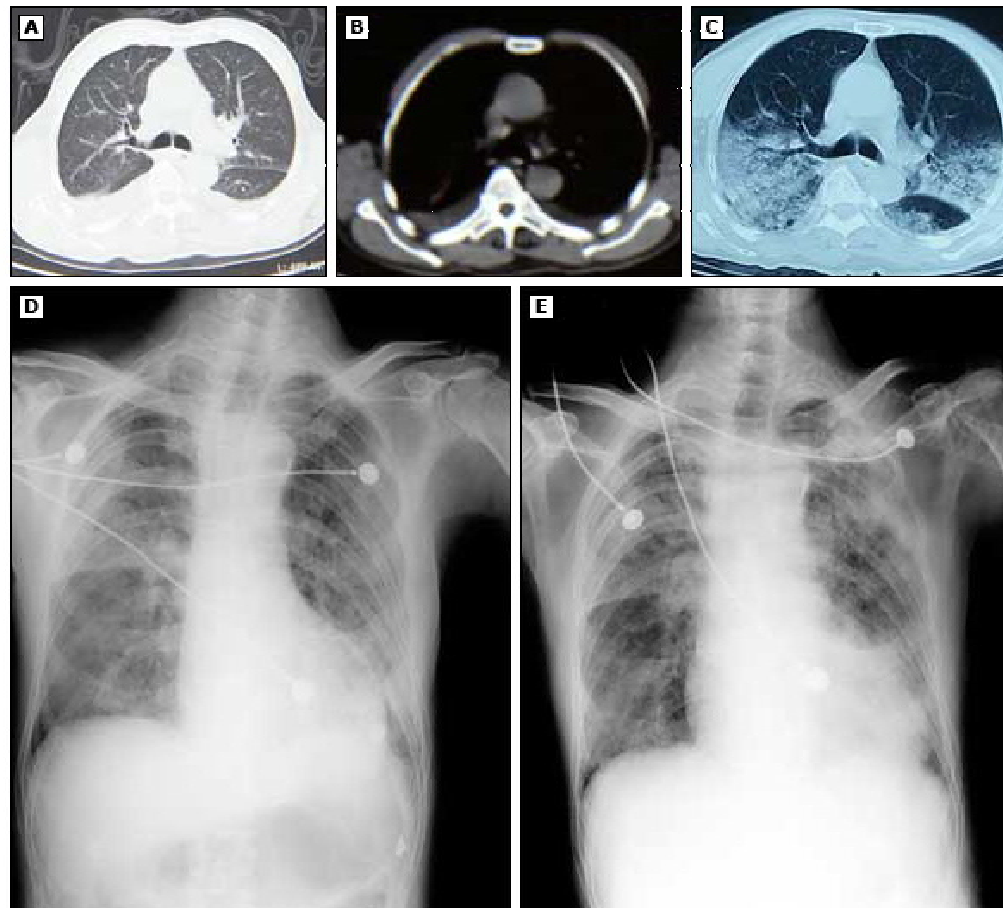
# ***Emberi megbetegedések***

- ***Láz és köhögés volt a leggyakoribb tünet/panasz***
- ***108 beteg (97,3%) bilaterális pneumonia felvételkor***
- ***Lymphopenia 88,3%-ban, thrombocytopenia 73%***

***N Engl J Med 2013. május 22.***



## Chest CT and x-ray images of a patient with avian influenza A H7N9 virus infection



Images were taken 1, 5, 7, and 11 days after illness onset.

(Panels A and B) CT scan images on day 1, showing bilateral pleural effusion but no obvious lesions.

(Panel C) CT scan image on day 5, showing extensive ground-glass opacity and consolidation.

(Panels D and E) X-ray images on days 7 and 11, respectively, showing reduced light transmittance on both sides of the lung.

CT: computed tomography.

Reproduced from: Lu S, Zheng Y, Li T, et al. Clinical findings for early human cases of influenza A (H7N9) virus infection, Shanghai, China. *Emerg Infect Dis* 2013. DOI: 10.3201/eid1907.130612.

# **Emberi megbetegedések**

- ✦ **Négy kis csoportra vonatkozó vizsgálat alapján kimondható, hogy **nincs evidencia hosszan tartó ember-ember átkerülésre!****
- ✦ **Kontaktok (>2000) igen kevés fertőzés**
- ✦ **>20000 ILI március-április között csak 6 esetben H7N9 infekció, 1 eset májusban került diagnosztizálásra (enyhe esetek nagy számban nem fordulnak elő!)**

# ***Emberi megbetegedések***

- ➔ ***Szérum minták vizsgálata 2012.  
január-2012. november között  
(összegyűjtött minták szárnyasokkal  
foglalkozóktól – 1544)***
- ➔ ***HA titer 7 esetben,  
mikroneutralizációs titer 0***
- ➔ ***Ez azt mutatja, hogy nem fordult elő  
kelet Kínában H7N9 2012.  
novembere előtt e dolgozóknban***

# ***Emberi megbetegedések***

- ***A már korábban részletezett betegek (111 H7N9 infekció) 108 fertőzött (97,3%) részesült antivirális kezelésben***
- ***Átlagban a betegek (első tünet → adekvát terápia) 7. napon (1-23) kaptak antivirális terápiát, 9,9%-ban 48 órán belül***
- ***17 beteg kapott antivirális terápiát a kórházi felvétel előtt (15,3%)***
- ***14 vizsgált törzs között 3 oseltamivir rezisztenszt találtak (ezek közül 1 kezelés közben vált rezisztenssé!)***

***N Engl J Med 2013. május 22.***

***„Közös dolgaink”***

# Kérdések

- ❖ **WHO minősítése:  
„Unusually  
dangerous”**
- ❖ **A halálozás  
magasabb, mint a  
2009-es H1N1  
járványban**
- ❖ **A betegek >50%-  
a intenzív  
osztályos  
kezelést igényelt**

**Miért okozott a  
H7N9 ilyen súlyos  
fertőzéseket?**

# ***Kérdések***

- ❖ ***Az első súlyos, pneumoniával járó esetek Kína keleti részében, Shanghai környékén***
- ❖ ***Később több eset több száz kilométerre innen***

***Hogyan került a vírus szóródásra?***

***Miért csak Kína keleti részében volt járvány?***

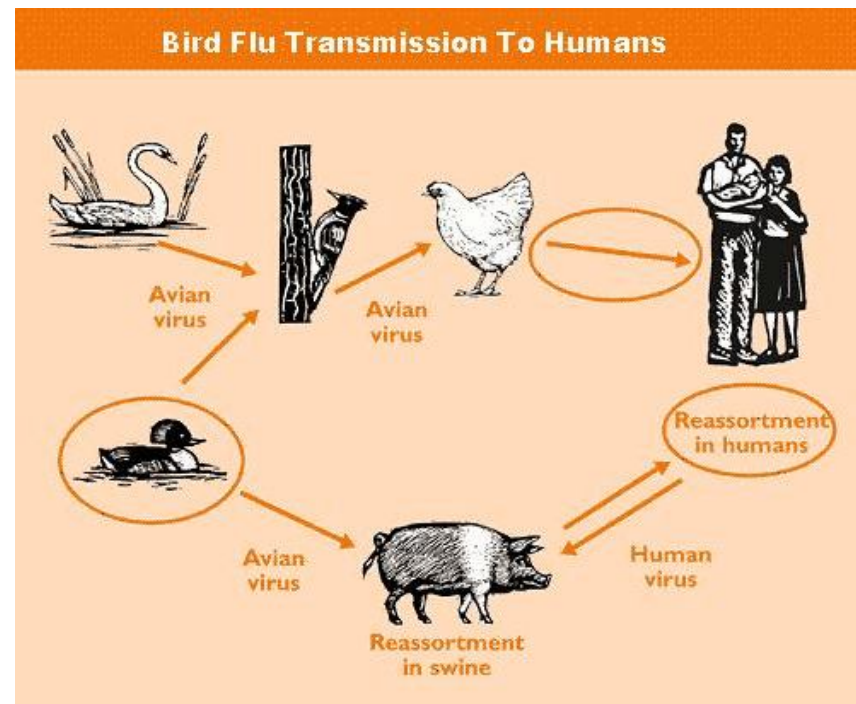
# ***Kérdések***

- ***Csak a piacokon található élő állatokban találták meg a vírust***
- ***A területeken levő nagy farmokon negatív vizsgálati eredmények***

***Mi a magyarázata ennek? Egyéb tényezők szerepe?***

# Kérdések

- **A vírusban kacsza, csirke, galamb elemek**
- **Nem találtak ezen állatok és az emberek között ún. „intermediate host, such as pigs”**



„Közös dolgaink”



# ***Kérdések***

- ***Súlyos emberi megbetegedések, aszimptomatikus infekciók az állatokban***
- ***H5N1 tünetek az állatokban***

***Hogyan lehet korán védekezni?***

# **Kérdések**

- **Nincs evidencia arra vonatkozólag, hogy a H7N9 emberhez adaptálódott volna**
- **Humán-humán transzmisszió: 0**

**Hogyan jöhet létre adaptáció? Van-e erre lehetőség?  
Válhat-e pandémiás törzssé?**

# The world waits for H7N9 to yield up its secrets

***Whether or not H7N9 turns out to be the next big pandemic, there seems to be a growing consensus that zoonotic infections are on the increase. From HIV and ebola to SARS, „if you look at the number of zoonotic infections and massive outbreaks that have occurred over the past few decades, it seems like the frequency of these outbreaks is increasing” says Fouchier.***

***The Lancet Infectious Diseases 2013. június***

*„Közös dolgaink”*

# The world waits for H7N9 to yield up its secrets

***A bigger population with an increasing demand for food, rapid long-haul transit, and the increasing exploitation of remote ecosystem for mining, fossil fuel exploration, and farming are all modern factors that amplify the risk of animal viruses making the jump to humans, and then spreading rapidly from person to person. „There are clear trends”, note Fouchier. „Some might be explained by better detection, but others are certainly related to a changing world”***

*The Lancet Infectious Diseases 2013. június*

*„Közös dolgaink”*