

A vektor-közvetítette fertőzésekkel kapcsolatban alapvető azok, illetve vektoruk földrajzi elterjedtségének ismerete. Klinikai szempontból ez információt szolgáltat az orvosnak vagy állatorvosnak arra vonatkozóan, hogy egy adott páciens esetén milyen fertőzésekre kell gondolnia. Epidemiológiai szempontból pedig a kiterjedt védekezés, megelőzés végrehajtásában, megtervezésében szükséges. **Az epidemiológia a betegségek, egészséggel kapcsolatos események populációkban való előfordulásával, az azt meghatározó tényezők vizsgálatával foglalkozik. A kulcszó a populáció.**

Az ízeltlábú vektorok poikilotherm élőlények, vagyis életfolyamataikat a külső hőmérséklet (és egyéb környezeti tényezők) alapvetően befolyásolja. Mivel ezen tényezők földrajzi heterogenitást mutatnak, ezért természetes, hogy a vektorok földrajzi elterjedtségében is jelentős különbségek adódnak. Az elterjedtség bemutatásában, modellezésében megkezdhetetlenek az epidemiológia olyan alapvető fogalmai, mint az incidencia és a prevalencia. **Incidenciának nevezük egy adott populációban, adott időszakban előforduló új esetek számát. A prevalencia a populáció érintett (fertőzött, beteg) hányadát jelenti, más megfogalmazás szerint annak a valószínűségét, hogy a populációból véletlenszerűen kiválasztott egyed érintett.** Adott populációra vonatkozóan minták gyűjtésével tudunk információhoz jutni egyes fertőzések előfordulásával kapcsolatban. A minták gyűjtése során alapvetően fontos kérdés, hogy a populáció mekkora hányadából kell mintát venni, illetve egy adott földrajzi területről hány mintát kell összegyűjtenünk. A mintavételezés történhet esetlegesen, vagy rendszerszerűen. A rendszeres mintavételezéseknek az állatorvosi epidemiológiában két lényegileg eltérő rendszerét szokták megkülönböztetni, a monitoring és a surveillance rendszereket. **Monitoringon a betegséggel, fertőzöttséggel, termelékenységgel kapcsolatos rutinszerű információgyűjtést, adatfeldolgozást értünk. A surveillance rendszerek esetén nem csak információkat gyűjtünk, elemzünk, hanem ezek eredményeitől függően intézkedéseket is foganatosítunk.**

Censusnak nevezzük, amikor a populáció minden

egyedéről gyűjtünk adatokat. Azonban ez az eljárás költséges és nem nyújt jelentősen több információt a populáció fertőzöttségére vonatkozóan, mint egy olyan jól megtervezett mintavételezés, amely során csak a populáció egy részéből veszünk mintát. Az ilyen, csak a populáció egy részét érintő mintavételezés esetén matematikai statisztikai módszerekkel, mintaszám becsléssel határozzuk meg azon egyedek számát, amelyekből mintát kell venni.

A minták értékelése során figyelembe kell venni, hogy a diagnosztikai eljárások (pl. szerológiai tesztek) bizonyos hibával rendelkeznek. Ez azt jelenti, hogy valóban pozitív mintákat negatívként, valóban negatív mintákat pozitívként azonosítanak. Ezt a hibás besorolást a diagnosztikai eljárások klasszifikációs, besorolási hibájának nevezzük. Ez a kvalitatív diagnosztikai módszerekre vonatkozik alapvetően. Azonban, mivel a kvantitatív diagnosztikai módszerek esetén is valamilyen határértéket szokás használni az osztályba (pl. negatív, pozitív) sorolás céljából, azoknál is figyelembe kell venni. A besorolási hiba mértékének számszerűsítésére a szenzitivitás és a specificitás mértékeket használjuk. **A szenzitivitás annak a valószínűsége, hogy egy valóban fertőzött egyed a diagnosztikai eljárás fertőzöttnak határoz meg. A specificitás annak a valószínűsége, hogy egy valóban nem fertőzött egyed a diagnosztikai módszer nem fertőzöttként határoz meg.** A jól megtervezett epidemiológiai vizsgálatoknál mind a mintaszám becslésnél, mind pedig a prevalencia becslésénél figyelembe veszik az alkalmazott diagnosztikai módszer szenzitivitását és specificitását.

Ahhoz, hogy az összegyűjtött minták alapján a vektor, illetve az általa terjesztett fertőzés földrajzi elterjedtségére vonatkozóan képet alkothassunk, a térbeli epidemiológia eszközeit használjuk. A leg egyszerűbb megközelítésben az adatainkat térképezük, ez alapján már lehet bizonyos nem kvantitatív képet alkotni az elterjedtségre vonatkozóan. **A betegség-térképezés pont alapú, choropleth vagy isopleth szokott lenni. Az elsőnél a megfigyeléseinket egy adott földrajzi ponthoz rendelve ábrázoljuk. Choropleth térképezés esetén a megfigye-**

lési adatainkat aggregáljuk valamely földrajzi egységre (pl. megye, kistérség) vonatkoztatva. *Isopleth* térképezés esetén azon pontok alapján, amelyekről van információnk, olyan pontokra is adunk becsléseket, amelyekről nincsen mérésből származó ismeretünk.

Az egészséggel kapcsolatos információk térbeli elemzésének következő lépése azok mintázatának kvantitatív elemzése. A számos megközelítés közül az állatorvosi parazitológiai, epidemiológiai szakirodalomban legtöbbször használt a térbeli klaszterelemzés. **A klaszternek nevezzük az egészséggel kapcsolatos események rendkívüli halmozódását térben és/vagy időben.** Ezen elemzések célja, hogy felderítse, ha az esetek, pozitív vagy negatív minták, egyedek, csapdák, települések földrajzilag egymáshoz közel esnek, halmozódnak. Ezt természetesen a térképre nézve is elvégezhetné a vizsgáló személy, azonban ez a kvalitatív módszer nagyon félrevezető lehet, számos torzító tényező befolyásolhatja (pl. a térkép nagyításának mértéke). A kvantitatív klaszterelemzés lehet globális, lokális vagy fókuszált. **A globális módszerek csak arra vonatkozóan nyújtanak információt, hogy a vizsgált területen van-e halmozódás, de nem azonosítják a halmozódás helyét. Ez utóbbira a lokális klaszter tesztek használhatók. A fókuszált klaszterezés során pedig nem arra keressünk választ, hogy bárhol a térben hol van halmozódás, hanem arra, hogy egy előre meghatározott pont környékén van-e halmozódás (pl. mocsaras terület környékén magasabb prevalenciájú települések vannak-e).**

A humán és állatorvosi parazitológiai, epidemiológiai szakirodalomban számos térbeli klaszterezési eljárást használnak. Az előadásokon bemutatott példákban a globális eljárások közül *Moran-féle I-t* használtak a Nyugat-Virginiában előfordult La Crosse vírus fertőzöttség, illetve *Cuzick-Edwards-féle k-adik* legközelebbi szomszéd tesztet kaliforniai prérifarkasok *Yersinia pestis* fertőzöttségének vizsgálatában. A klaszterek lokalizálására mindkét tanulmányban a *Kulldorff-féle* térbeli scan statisztikát használták. Ugyancsak *Kulldorff-féle* módszert használtak lokális klaszterezésre szarvasmarha hypodermosis érin-

tettséggel, humán granulocytás ehrlichiosis, illetve *Plasmodium falciparum* fertőzöttség térbeli elemzésében. A nyugat-nílusi láz előfordulásának térbeli mintázat vizsgálata során a *Kulldorff-féle* módszer mellett a *Lokális Moran I-t* is alkalmazták a halmozódások helyének azonosításában.

Amennyiben azonosíthatóak területek, ahol a vizsgált (egészséggel kapcsolatos adatok) halmozódnak, klasztereket képeznek, míg más helyeken ilyeneket nem tapasztalunk, akkor ennek a földrajzi heterogenitásnak az okát célszerű valamilyen környezeti tényezőtől való függésében tovább vizsgálni.

**A fertőzöttség, vektorok előfordulásának környezeti tényezőktől való függését különböző környezet-epidemiológiai modellezési eljárásokkal szokás vizsgálni. A modellek bizonyos számszerűsíthető következtetések levonását teszik lehetővé, amelyek további vizsgálatok alapját képezhetik. Másik eredménye az ilyen jellegű modelleknek, hogy lehetővé teszi a földrajzi elterjedtségre vonatkozó predikciók végzését, a vizsgált környezeti tényezők alapján.** Ez utóbbira egy szematikus példa az lehetne, hogy megfelelően sok pontról gyűjtünk adatokat egy vektor vagy egy fertőzöttség előfordulására vonatkozóan. Ugyanezekről a pontokról lényeges környezeti változókra (pl. klíma, felszínborítottság, vegetáció) vonatkozóan szintén gyűjtünk adatokat. Az előfordulási és környezeti adatok között valamely statisztikai módszer segítségével kapcsolatot állítunk fel (pl. a vizsgált kullancs előfordulása hogyan függ a csapadéktól, a növényzet jellegétől). A szakirodalomban leggyakrabban regressziós modelleket (pl. logit, probit), illetve klasszifikációs (pl. neurális hálózatok, SVM, random forest) eljárásokat használnak. Ezek után olyan pontokra vonatkozó környezeti adatokat gyűjtünk, amelyekre nincsen ismeretünk a vektor (vagy fertőzöttség) előfordulásának tekintetében. Ezen adatok, valamint a környezet és előfordulás kapcsolatát leíró modell segítségével minden pontra prediktálni tudunk előfordulási valószínűségeket. Így, habár a földrajzi pontoknak (állattartó telep, csapdázási pont, település, stb.) csak egy részéről volt mintánk az előfordulásra vonatkozóan, a vizsgált terület egészére kapunk információt.

Az utóbbi évtizedben egyre többet foglalkoznak a vektorok földrajzi elterjedtségének változásaival, aminek a hátterében a klímaváltozás áll. **Az éghajlat változásának számos következménye van az emberek és állatok egészségére.** A közvetett következmények egyike az, hogy kórokozókat terjesztő vektorok számára kedvező életfeltételek alakulnak ki olyan földrajzi területeken, ahol korábban nem tudtak megtelepedni, szaporodni. Számos példa mutatja, hogy már megfigyelhetők elterjedtségi változások. Svédországban és Kanadában megfigyelték, hogy északabbi, illetve magasabban fekvő területeken is előfordulnak kullancsok, amelyek korábban nem voltak jelen. Csehországban szintén megfigyelték a magasabb területeken való megjelenésüket. A *Leishmania* fajokat terjesztő lepkeszúnyogok európai elterjedtségében szintén látható a növekedés.

A klímaváltozással kapcsolatos vektor-elterjedtségi változások egyik fő kérdése, hogy milyen új fertőzésekre lehet számítani a közeljövőben. Ennek megválaszolására az epidemiológiai szakirodalomban számos megközelítés született. Habár

vannak kvalitatív, szakértői véleményeken alapuló tanulmányok is, azért a fő irány a statisztikai modellezésen alapuló kvantitatív predikciók alkalmazása. Természetesen a jövőbeli környezeti tényezőkre vonatkozóan nem rendelkezünk mérési adatokkal. Azonban különböző klímaszcenáróknak megfelelő, modelleken alapuló éghajlati projekciók állnak a kutatók rendelkezésére. A klíma szcenáriók projekciói lényegileg két elemen nyugszanak: a globális cirkulációs modellek (GCM) a légkör fizikai rendszerét írják le; míg az emissziós szcenáriók (SRES) az üveghatású gázok kibocsátásnak mértékét adják meg.

Az előadásokon a *Schistosoma japonicum* vektorának, az *Oncomelania hupensis*-nek, valamint a Lyme-kór vektorának várható jövőbeli elterjedtségére vonatkozó, klímaszcenárók felhasználásával végzett modellezési példákat mutattunk be. Míg jelenre, múltira vonatkozó környezeti tényezőket felhasználó tanulmányok eredményeit a leishmaniózis kulumbiai, illetve a malária szomáliai elterjedtségének témakörében.