

Szennyvíz alapú epidemiológia

2024. év 39. heti eredmények

Mi a szennyvíz alapú epidemiológia?

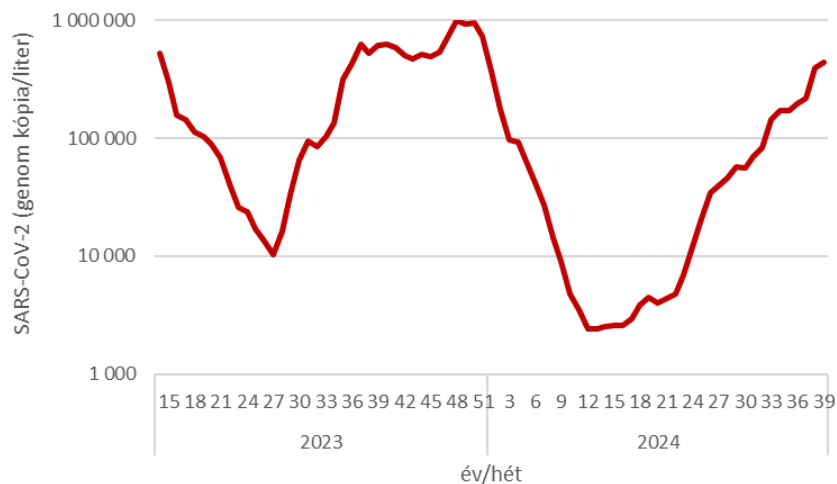
A szennyvíz alapú epidemiológia segítségével a lakosság egészségi állapotára vonatkozó információkat nyerhetünk a szennyvíz vizsgálatával. Olyan kórokozók is vizsgálhatók ezzel a módszerrel, amelyek nem képesek szennyvíz közvetítésével terjedni, mint pl. a SARS-CoV-2 vagy az influenza vírus. Nemzetközi tapasztalatok mellett már hazai eredmények is bizonyítják, hogy a szennyvízvizsgálatok eredményei előre jelezhetnek tendenciákat az emberi megbetegedésekben, így hatékonyan egészíthetik ki az egy egyéb járványkövetési rendszereket a koronavírus járványra, szezonális influenzajárványra, vagy egy esetleges újabb világgárványra vonatkozó terjedési információkkal. Ez lehetővé teszi, hogy mind a szakemberek, mind a lakosság felkészülhessen a járványhelyzet változására.

SARS-CoV-2

A 39. naptári héten a szennyvízben mért SARS-CoV-2 örökítőanyag koncentrációja országos szinten emelkedést mutat (1. ábra), a települések zöménél a koronavírus mennyisége eléri az emelkedett koncentráció-tartományt. Emelkedő tendencia tapasztalható 9 vizsgálati helyszínen, Budapest Központi Szennyvíztisztító Telep ellátási területén, Kecskeméten, Pécsen, Salgótarjánban, Szegeden, Székesfehérváron, Szekszárdon, Szombathelyen és Tatabányán. A többi helyszínen stagnáló tendencia jellemző (2. ábra).

A SARS-CoV-2 örökítőanyag koncentrációváltozását az egyes településeket ellátó szennyvíztisztítókra vonatkozóan – egy éves időszakban – a 3. ábra szemlélteti.

A közeljövőben a COVID-19 esetszámok növekedése várható.

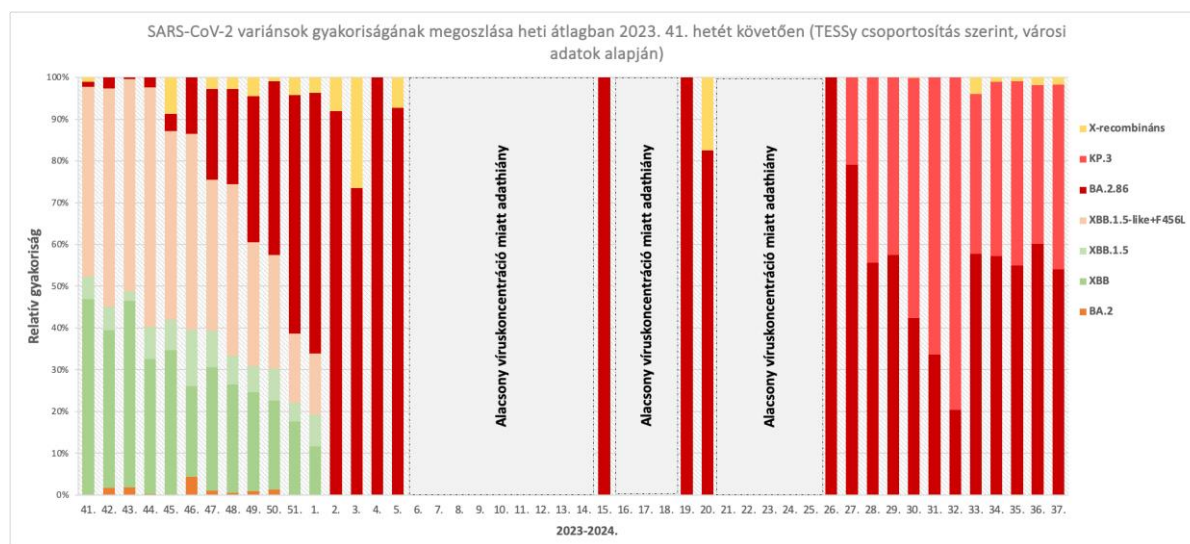


1. ábra A szennyvízben mért SARS-CoV-2 kópiaszám országos, lakosságarányos súlyozott átlaga. A véletlenszerű ingadozások hatásának kiszűrése érdekében az adatpontokról 3 pontos mozgóátlagot számolnak, majd ezeket összesítik, figyelembe véve az egyes szennyvíztisztítók által ellátott összes lakosságszámot.

SARS-CoV-2 variánsok

A szennyvíz mintákban országos átlagot tekintve 2024 januárjában szinte kizárólagossá vált a JN.1 variáns (a BA.2.86 alvariánsa), ezzel párhuzamosan az egyéb leszármazási vonalak örökítőanyaga a minták többségében a kimutatható szint alá csökkent. Az azonos időszakban vizsgált szennyvíz minták variáns megoszlása jó egyezést mutat a klinikai mintákban tapasztalt aránnyal.

Februártól (2024. év 6. hetétől) a SARS-CoV-2 örökítőanyag koncentrációjának folyamatos csökkenése miatt a szennyvíz minták már nem bizonyultak alkalmasnak variánsvizsgálatra, a variánsok relatív gyakoriságának megállapításához. Egy új módszer bevezetésével lehetőség nyílt az alacsony koncentrációjú mintákból történő variáns-elemzésre, ezáltal sikerült kimutatni szennyvízmintából a KP.2 (FLiRT) koronavírus alvariánst a 20. naptári hét mintáiból. Az elmúlt hetekben tapasztalható emelkedő tendenciának köszönhetően ismét alkalmasak lettek a minták a variánsok vizsgálatára. Továbbra is a JN.1 leszármazási vonal különböző alvariánsai dominálnak, elsősorban a KP.3, amelyet az európai surveillance rendszer (TESSy) is külön egységként tart nyilván. Az elmúlt hetek vizsgálatai alapján nyomon követhető, ahogy a KP.3 alvariáns dominánssá válik hazánkban is. Kisebb arányban megjelent a KP.4 és KP.5, valamint jelen van még a KP.2 variáns is. A különböző KP. variánsok a BA.2.86 variánsból fejlődött vonalak, amelyek nem okoznak a korábbi változatoknál súlyosabb, vagy eltérő kórképekkel járó betegséget. A 35. héttől hazai szennyvizekben is kimutatható a világszerte terjedő XEC alvariáns is, amely az ábrán az X-rekombináns csoport tagjaként szerepel.



4. ábra A szennyvízben kimutatható SARS-CoV-2 variánsok megoszlása az európai surveillance rendszer (TESSy) csoportosítása alapján. A variáns vizsgálatok a hazai nagyvárosok szennyvíz mintáiból készülnek, amennyiben a minta SARS-CoV-2 örökítőanyag koncentrációja eléri a vizsgálatra alkalmas szintet. A vizsgálatok alapját az alacsony koncentráció-értékek miatt – a 27. hétig több helyszínen egyesített mintája képezte a 28. héttől már az egyedi minták eredményei láthatók. A variánsok azonosítása a mennyiségi meghatározásnál jóval hosszadalmasabb és költségesebb vizsgálat, emiatt a mérések havonta történnek.

A SARS-CoV-2 kimutatásának módszere

Az új koronavírus szennyvízből történő kimutatását 2020 júliusa óta végzi a Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ (NNGYK). A mintavételi helyek kiválasztása olyan megfontolás alapján történt, hogy a minták a lakosság minél nagyobb részét és lehetőség szerint az ország minden földrajzi területét reprezentálják. Így esett a választás a vármegyeszékhelyekre, a Budapest teljes területét és az agglomeráció egy részét ellátó három szennyvíztelepre, valamint öt további agglomerációs településre, amelyek szennyvizét egyesített mintaként vizsgálják. A vírusok egyenetlen eloszlása a szennyvízben kisebb települések esetén nagy mintavételi hibát okoz, és megnehezíti az eredmények értékelését, ezért is indokolt nagyobb létszámú lakosságot ellátó szennyvíztelepeket mintavételi helyszíneknek választani. Fontos kiemelni, hogy a szennyvíztelepek által ellátott terület leggyakrabban nem esik egybe egy-egy település közigazgatási határával, a legtöbb telep jellemzően több települést lát el (az ellátott településeket a 2. ábra szemlélteti). A vizsgálatok így a hazai lakosság több mint 40%-át fedik le.

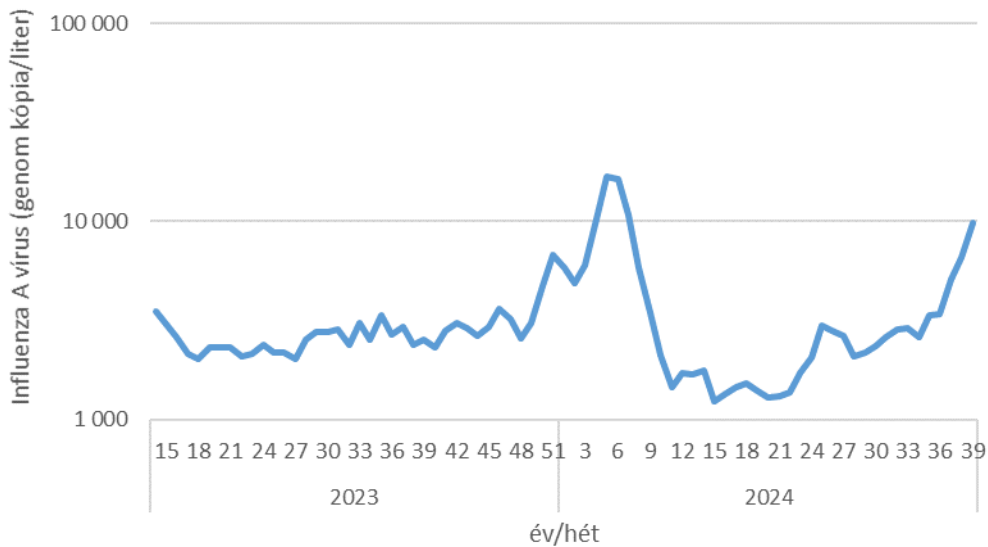
A szennyvíz mintákat a szennyvíztelepek üzemeltetői veszik, majd a vármegyei kormányhivatalok Népegészségügyi Főosztályainak munkatársai szállítják a NNGYK laboratóriumába. A vizsgálatok a mintavételt követő 48 órán belül kezdődnek el. A mintákból az ülepedő szennyeződések eltávolítása után ultraszűrővel koncentrálnak a vírusrészecskéket, azután a koncentráció mérése a tisztított nukleinsavból digitális PCR technológiával történik. A módszerről részletesebb leírás található a Kutatási jelentésben: <https://www.mnk.gov.hu/index.php/kozegeszseguyi-laboratoriumi-foosztaly/kornyezetegeszseguyi-laboratoriumi-osztaly/vizhigienes-laboratorium/szennyvizvizsgalatok/szennyviz-koronavirus-monitorozas-kutatasi-jelentes>

A variánsok meghatározása újgenerációs szekvenálás módszerével történik, amelyet az adatok bioinformatikai elemzése követ.

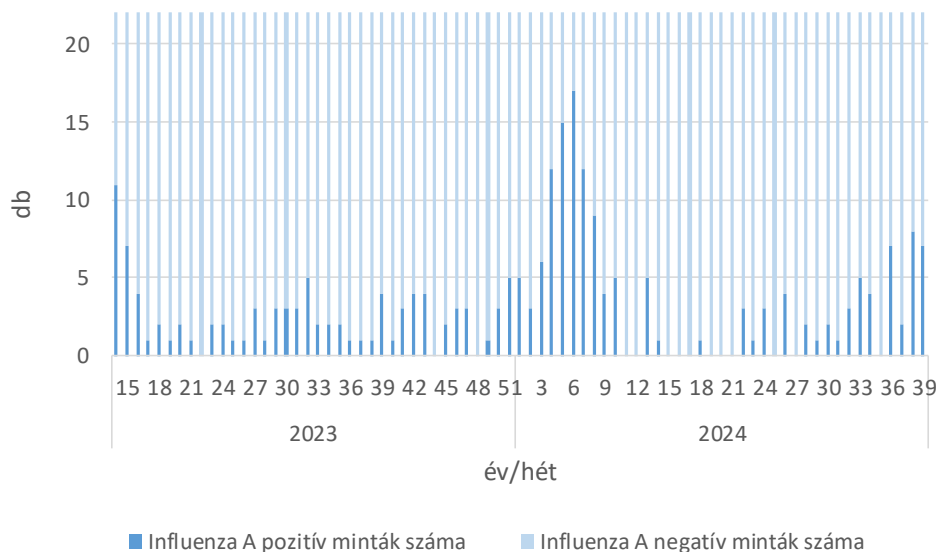
Influenza A

Az Influenza A örökítőanyag szennyvízben mért országos átlagkoncentrációja emelkedik. A 39. naptári héten 7 vizsgálati területen – Békéscsabán, Budapest Észak-pesti és Dél-pesti Szennyvíztisztító Telep ellátási területén, Debrecenben, Egerben, Győrben és Székesfehérváron – volt az Influenza A vírus örökítőanyag kimutatási szint felett (5. és 6. ábra).

A közeljövőben az influenza esetszámok emelkedése várható.



5. ábra A szennyvízben mért SARS-CoV-2 kópiaszám országos, lakosságárányos súlyozott átlaga. A véletlenszerű ingadozások hatásának kiszűrése érdekében az adatpontokról 3 pontos mozgóátlagot számolnak, majd ezeket összesítik, figyelembe véve az egyes szennyvíztisztítók által ellátott összes lakosságszámot.



6. ábra Influenza A vírusra pozitív szennyvíz minták száma, heti bontásban. Az Influenza A vírus a SARS-CoV-2-nél jelentősen alacsonyabb kópiaszámban mutatható ki a szennyvíz mintákban, így az eredmények is nagyobb szórást mutatnak. Az eredmények az egyes mintavételi helyek szerinti bontásban így a tapasztalatok szerint kevésbé reprezentatívak, az eredmények országos összesítésben értelmezhetőek.

Az Influenza A kimutatásának módszere

Az Influenza A vírus szennyvízből történő kimutatását 2023 januárja óta végzi az NNGYK. A mintavételi helyek megegyeznek a SARS-CoV-2 kimutatásnál bemutatott nagyvárosokkal, így a vizsgálatok ebben az esetben is a hazai lakosság több mint 40%-át fedik le.

A szennyvíz mintákat a szennyvíztelepek üzemeltetői veszik, majd a vármegyei kormányhivatalok Népegészségügyi Főosztályainak munkatársai szállítják az NNGYK laboratóriumába. A vizsgálatok a mintavételt követő 48 órán belül kezdődnek el. A mintákból az ülepedő szennyeződések eltávolítása után ultraszűréssel koncentrálják a víusrészecskéket, azután a koncentráció mérése a tisztított nukleinsavból digitális PCR technológiával történik. A folyamat azonos reakcióterben zajlik a SARS-CoV-2 kimutatással (multiplex PCR).