

**DEĐİŐEN BİYOÇEŐİTLİLİKTE SALGINLAR VE TEK
SAĐLIK TEHDİTLERİ**

**OUTBREAKS IN CHANGING BIODIVERSITY AND ONE
HEALTH THREATS**

Mehmet Ali ÖKTEM

DEĞİŞEN BİYOÇEŞİTLİLİKTE SALGINLAR VE TEK SAĞLIK TEHDİTLERİ

Mehmet Ali ÖKTEM

Dokuz Eylül Üniversitesi

Özet

Enfeksiyon etkenleri ve bunların ortaya çıkardığı salgınlar tarih boyunca insanlığı etkileyen sonuçlara neden olmuşlardır. Bu salgınların en son örnekleri COVID-19 pandemisi ve Maymun çiçek virüsü salgınıdır. Bu salgınlardaki etken virüsler ve başka pek çok salgın etkeninin kaynağı doğadaki hayvanlar ve/veya vektörlerdir. Bu nedenle salgınlarla başa çıkmak için sadece insan enfeksiyonlarını hedefe koymak yetersiz kalmaktadır. Tek sağlık yaklaşımı bu yetersizlik nedeniyle her geçen gün önem kazanmaktadır. Özellikle değişen biyoçeşitlilik ve doğadaki insan etkileri her geçen gün artarak insanlık ve gezegen için sağlık tehdidi oluşturmaktadır. Transdisipliner anlayışla gezegenin sağlığını bir bütün olarak ele alan tek sağlık yaklaşımı çeşitli çalışma örnekleri ile ele alınmıştır.

Anahtar Kelimeler

Biyoçeşitlilik, Salgın, Tek sağlık, COVID-19, Maymun çiçek virüsü

OUTBREAKS IN CHANGING BIODIVERSITY AND ONE HEALTH THREATS

Mehmet Ali ÖKTEM

Dokuz Eylül University

Abstract

Infectious agents, and the outbreaks they have caused, have historically resulted in significant consequences for humanity. The recent examples of these outbreaks are the COVID-19 pandemic and the Monkeypox epidemic. These viruses, along with many other infectious agents, originate from animals and/or vectors in nature. Therefore, targeting only human infections is insufficient to cope with outbreaks. The ‘One Health’ approach is becoming increasingly important due to this inadequacy. Particularly, the changing biodiversity and human impact on nature, are increasingly posing a health threat to humanity and the planet. The One Health approach, which takes a transdisciplinary understanding and addresses the health of the planet as a whole, has been discussed with various case studies.

Keywords

Biodiversity, Outbreak, One health, COVID-19, Monkeypox virus

1. Giriş

Salgınlar klasik terim olarak belirli bir zaman aralığında bir bölgede görülen olguların belirgin olarak beklenenden fazla artışı veya ilk defa ortaya çıkışı olarak tanımlanır (Reintjes & Zanuzdana, 2010). Bu tanım başlarda genel olarak sadece insan topluluklarını kapsayan bir bağlamda ele alınsa da “Tek Sağlık” kapsamında konuya bakıldığında salgınlar, gezegenimizde canlılığın varoluşundan bu yana ortaya çıkan türler arası sınırsız etkileşimlerin değişen çevresel koşullar, kritik genetik atlamalar (mutasyonlar), değişen popülasyon dinamikleri ve nüfus, değişen canlı hareketliliği, ani gezegen dışı veya içi felaketler (yanardağ patlamaları, gök taşı çarpmaları vb.), artan canlı toplulukları arasında veya içinde çıkan davranış ve etkileşim değişimleri gibi etkilere bağlı olarak ortaya çıkan patlama tarzında veya uzun süreli etkilere neden olarak toplum dinamiklerini etkileyen enfeksiyonlardır (Toph Allen, 2017).

Enfeksiyon etkenleri tarafından insan topluluklarını etki altına alan salgınlar, insanlık tarihi boyunca toplumların davranışları, kültürleri ve sosyal yapıları üzerinde derin etkiler oluşturmuş, önemli ve kalıcı değişikliklere neden olmuştur (Tekin, 2021). Doğadaki farklı türler, topluluklar veya bireyler arasındaki sonsuz etkileşimler ve süre giden dengelerin bozulması ile ortaya çıkan durum olarak salgınlar sıklıkla tek mikroorganizma etkisi ile gerçekleşir ve bir tür, alt tür veya varyant tarafından bölgenin istila edilmesi anlamını taşır.

2. COVID 19 Pandemisi'ne Tek Sağlık Bakış Açısı

İçinde bulunduğumuz COVID 19 pandemisi, SARS CoV 2 tarafından ortaya çıkan bir istila olup gezegenimizde şimdiye kadar eşi görülmemiş büyüklükte mikrobiyolojik, genetik, immünolojik, sosyolojik, ekonomik ve psikolojik etkiler yaratmıştır. Bu etkiler birey, aile, toplum, çevre ve ekosistem düzeyinde büyük bir çeşitlilik göstermekte ve halen süregitmektedir (Ben Hu, 2021).

Ocak 2023 itibarı ile Dünya Sağlık Örgütü (DSÖ) verilerine göre 664.873.023 olgu, 6.724.248 ölüm ve son 24 saat içinde 174.108 yeni olgu ile etkisini sürdürmektedir. Bu sayılar kanıt değeri yüksek yöntemlerle tanımlanarak istatistiklere dökülebilmemiş buz dağının görünen kısmı olmakla birlikte gerçek sayıların ve ortaya çıkan toplam etkinin bunun çok daha üzerinde olduğu herkes tarafından kabul gören bir gerçektir. Oysa Koronavirüsler milenyumdan önce kendi halinde üst solunum yolu enfeksiyonları yapan ve hafif atlatılan bir virüs grubu iken ne olmuştu da milenyumla birlikte önce 2002 yılında Çin'de SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome), ardından 2013 yılında Suudi Arabistan'da MERS (Middle East Respiratory Syndrome) adı verilen ve alışılmadık ölçüde yüksek öldürücülüğe sahip iki önemli salgın yapmıştı (Kirtupal, 2020). Bunlar yaklaşan büyük tehlikenin habercileri gibiydi ve sonunda Aralık 2019 sonunda Çin'de başlayan ve hızla tüm dünyaya yayılarak etkisi altına alan SARS CoV2'nin etken olduğu COVID-19 salgını bütün şiddetiyle başladı ve dünyayı yarattığı biyo/psiko/sosyolojik etki ile daha önce benzeri görülmemiş biçimde değiştirdi. Bu değişimin asıl sebebi neydi, bu pandeminin gerçek sorumlusu SARS CoV 2 miydi? Bu sorunun yanıtını vermeden önce koronavirüslerin

bazı önemli biyolojik özelliklerini gözden geçirmekte fayda vardır. İçinde SARS CoV2 virüsünün de bulunduğu bu virüs ailesi (Coronaviridae) biyolojik tür, alt tür, varyant ve konak çeşitliliği bakımından yani bir başka deyişle en genetik çeşitlilik bakımından en zengin virüs ailelerinden biridir. Virüsün genetik bilgisini kodlayan viral RNA'ya bağımlı RNA polimeraz enzimi biyolojisi gereği sık hata yapmakta ve yaptığı hataları düzeltmemektedir. Her ne kadar virüsün varlığını sürdürebilmesi adına yapılan genetik hatalarını düzeltebilme özelliği gösteren bir yapısal olmayan proteini olsa da bunun virüsün genetik çeşitlilik oluşturmaya etkisi sınırlı kalmaktadır. Bu genetik çeşitliliğe yakınlık sayesinde virüs doğada pek çok farklı canlıda enfeksiyon oluşturabilmekte ve çok farklı türde taşıyıcıları bulunmaktadır (Gerald, 2022).

Koronavirüs türleri taksonomik olarak dört cins altında toplanmışlardır. Bunlar Alfacoronavirus, Betacoronavirus, Gamacoronavirus ve Deltacoronavirus cinsleridir. Bu cinslerden ilk ikisine ait türler memelilerde enfeksiyon oluştururken diğerleri çok büyük oranda kuşlarda enfeksiyon etkeni olarak karşımıza çıkmaktadır (Yu Chen, 2020). Bunun tek bilinen istisnası ise *Beluga whale coronavirus SW1* olup balina suda yaşayan bir memeli olmasına rağmen bu virüs gamacoronavirus genusunda yer almaktadır (ICTV, 2022).

Memeli konakçıya sahip enfeksiyon etkeni olarak Alfacoronavirus ve Betacoronavirus genuslarında ise en önemli taşıyıcılar yarasalardır. Yarasalar memeliler içinde kemirgenlerden sonra en büyük tür çeşitliliğine sahip ailedir. Çok farklı yarasalar cinsleri tipik bazı ortak biyolojik özellikleri ile virüslerin kolayca bulaşıp, çoğalabilecekleri ve hatta aynı anda birden çok türe konak olarak virüslerin adeta harman olabilecekleri biyolojik ortamı sunmaktadır. Bu durumun nedeni yarasaların immünolojik yapılarından kaynaklanmaktadır. Diğer memelilerle karşılaştırıldığında kısıtlı bir enflamatuar yanıtı sahip olan yarasalar bu özellikleri sayesinde aynı anda birden çok virüsle enfekte olabilmektedir. Yine virüsle enfekte olan yarasalar kısıtlı enflamatuar yanıtı sayesinde çoğu kez bulgu veren hastalık geçirmemekte tam tersi asemptomatik kronik viral enfeksiyon ile virüsün doğal bir rezervuarı haline gelmektedir (Jie Cui, 2019). Doğada virüslerin denge sağlayıcı rolünü sürdürmesi bakımından yarasaların tek sağlık ölçeğinde anahtar bir rolü vardır ve bu milyonlarca yıldan günümüze sürmektedir. Oysa günümüzde her ne kadar kaynağı kesin olarak kanıtlanmamış olsa da genetik olarak SARS CoV 2 gibi virüslerin en yakın genetik akrabası olarak bulunan virüsler yarasalar korona virüsleridir. Bu virüslerin insanlar için salgın ve pandemi tehdidi oluşturması milyonlarca yıldır yarasalar toplulukları arasında dolaşan ve doğada kısıtlı sayıdaki tesadüfi konağa bulaşan bir denge konumunun yaban hayatında tarım alanlarının açılması, ormansızlaştırma, kentleşme, avcılık, gibi insan aktiviteleri ile derin yağmur ormanları veya yaban hayatı alanları içindeki bu rezervuarların insanlarla temaslarının artması sonucunda virüslerin doğada normal şartlar altında hiç temas etmemesi gereken insana bulaşma ihtimalini çok büyük oranda arttırmıştır. Bu durumdan da daha etkili bir diğer faktör ise günümüzde 8 milyarı geçerek devasa boyutlara ulaşan insan nüfusunun doğada oluşturduğu dengesizliktir (Spernovasilis, 2021). İnsan türü, filogenetik olarak kendine yakın primatlarla karşılaştırıldığında nüfus bakımından dünyadaki mevcut canlı türlerinin varlıkları için gerek yaşam alanlarının yok edilmesi gerek gıda, su,

oksijen gibi kaynakların tüketilmesi, gerekse ortaya çıkarılan yapay kirlilik ve sonucundaki iklim değişiklikleri gibi etkilere ciddi bir tehdit oluşturmaktadır. İnsanların geliştirdikleri ve günümüzde devasa boyutlara ulaşan seyahat, ticaret ve taşıma aktiviteleri bu tür salgınların devasa pandemiler haline dönüşmesinin yolunu açmaktadır. Dolayısı ile belki bundan 50 yıl önce Çin'in kırsalında, Hindistan'ın ya da Afrika'nın yağmur ormanlarının içindeki bir köyde ortaya çıkıp orada sınırlı kalacak bir salgın yukarıda belirtilen insan etkisi nedenler ile yine başta insanı etkileyen devasa bir pandemi haline dönüşmüştür. Sonuç olarak içinde bulunduğumuz Covid-19 pandemisinin sorumlusu SARS CoV 2 virüsü değil insan aktiviteleridir diye değerlendirmek tek sağlık açısından daha doğru ve gerçek bir tanım olacaktır (Spernovasilis, 2022).

3. Maymun Çiçek Virüsü Salgını

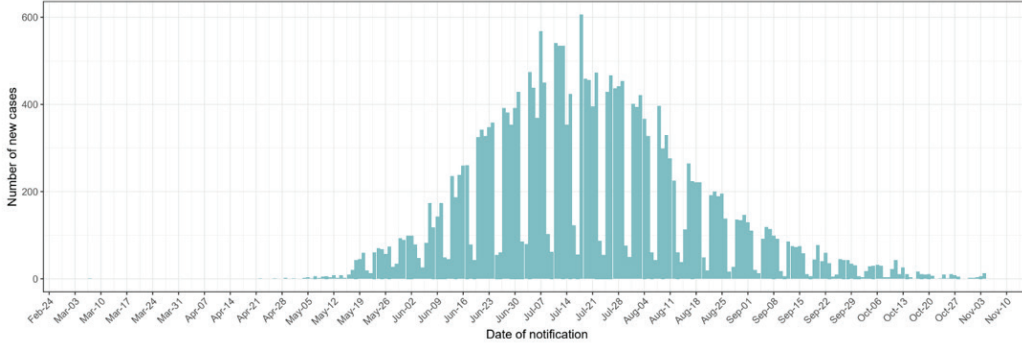
2022 yılının 18 Mayıs'ında önce Portekiz'den ardından birkaç gün içerisinde İspanya, Kanada, İsveç, Belçika, İtalya, Avustralya, İsviçre ve İsrail'den Maymun çiçeği hastalığı olguları giderek artan sayılarda bildirilmeye başlanmıştır. Öyle ki mayıs sonu geldiğinde dünyada 19 ülkeden maymun çiçeği olgularının varlığı bildirilmiş ve dünya üzerinde çok farklı bölgelerde yaygın bir maymun çiçeği salgınından söz edilir olmuştur (ICTV, 2022).

Oysa maymun çiçek virüsü yeni bir virüs değildi. İlk defa Danimarka'daki bir araştırma merkezinde deney hayvanı olarak kullanılmak amacıyla Singapur'dan getirilen maymunlardaki bir salgından izole edilmesi nedeniyle Maymun çiçek virüsü adını almıştır. Diğer çiçek virüs ailesi üyeleri gibi çift iplikli, zarflı bir DNA virüsü olan maymun çiçek virüsü de bir zoonotik yani hayvanda bulunan ve insana hayvandan bulaşan bir enfeksiyon etkeni olarak biliniyordu.

Maymun çiçek virüsü doğadaki asıl büyük rezervuarı tam olarak tespit edilemese de insan çiçek virüsünden farklı olarak maymunlar dışında çok geniş ve yaygın taşıyıcı tür çeşitliliğine sahip bir virüsdür. Temel olarak doğada virüsün taşıyıcısı olarak tespit edilen hayvanlar arasında Afrika sincapları ve keseli sıçanlar gibi kemirgenler, vervet maymunları, şempanzeler, babunlar gibi primatlar, Afrika filleri, düğmeli yaban domuzları ve antiloplar gibi diğer memeli hayvanlar bulunmaktaydı (Kumar, 2022).

Doğada ve Afrika kıtasındaki endemik bölgelerde kemirgenler, maymunlar ve insanlar arasında sıklıkla direk temas ve büyük damlacıkların solunması yoluyla bulaşan bu nedenle de çok geniş alanlarda değil daha çok taşıyıcı hayvanların bulunduğu bölgelerde yayılım gösteren bir enfeksiyondur (Kumar, 2022).

Bugüne kadar Orta ve Batı Afrika'nın Sahra altı bölgelerinde endemik olarak görünen ve zaman zaman salgınlar yapan Maymun çiçeği virüsü nasıl olmuş da bir anda dünya üzerinde farklı bölgelerde birçok insanda çok kısa bir zaman aralığında ortaya çıkmış ve hızla olgu sayıları artmıştı? (Şekil 1).



Şekil 1. Avrupa'daki maymun çiçek hastalığı salgınının olgu sayıları

Avrupa'dan başlayan ve kısa sürede dünyada yaygınlık gösteren bu salgının dinamikleri ve epidemiyolojik özellikleri incelendiğinde Afrika'da endemik bölgelerde görülen salgınlardan farklı olarak genel geçişin insandan insana olduğu, en çok etkilenen grubun erkek erkeğe cinsel ilişkide bulunanlar ve özellikle çok cinsel partnerliler olduğu, tipik lezyonların sıklıkla anal bölgelerde görüldüğü ve daha çok cinsel yolla bulaşan bir hastalık formunda olduğu saptanmıştır. Bu durum şimdiye kadar bilinen aynı etkenle Afrika'da ortaya çıkan Maymun çiçek hastalığı özelliklerinden çok daha farklı bir özellik gösterdiğini ortaya koyuyordu. Salgının epidemiyolojik özelliklerinin bu yöne doğru değişim göstermesinin nedeni ise pandemi döneminden çıkışta gerçekleştirilen insan sosyal aktivitelerinin bir sonucu olarak bulunmuştur (WHO, 2022).

Yani insan davranışları ve sosyal aktiviteleri orman içinde direk temas ve büyük damlacıklar yoluyla bulaşan, yaygınlığı dar alanda sınırlı bir etkeni birden dünya çapında yaygın ve cinsel yolla bulaşan bir salgın haline getirmiştir.

Her iki salgının da (COVID-19 ve Maymun Çiçek hastalığı) ortak yönü etken virüslerin yayılımlarının gezegen sağlığı ve doğal ortamın korunması ile dengeli bir etkileşimin sürdürülmesi durumunda son derece sınırlı ve az zararlı kalabilecek iken bozulan doğal denge ve artmış insan aktiviteleri ile çok daha yaygın ve geniş kitleleri etkiler hale gelmesidir (Aden, 2023).

İnsanların avcı-toplayıcılıktan tarım toplumuna geçmesi ile birlikte topluluklar arasında artan ticari aktiviteler, gerek hayvancılık gerekse yeni tarım alanlarının açılması sırasında artan insan-hayvan etkileşimleri zoonotik patojenlerin taşınması ve yayılmasını çok büyük oranda arttırmıştır.

Bu durumun sonucunda giderek genişleyen kentler, yaygınlaşan ticari alanlar, artan seyahat aktiviteleri, devasa boyutlara ulaşan insan nüfusu günümüze kadar hızla birikerek çok büyük gezegen sağlığı sorunları olarak karşımıza çıkmaktadır (Franklinos, 2019).

3. Çare Tek Sağlık Yaklaşımı

Öz bir tanımla tek sağlık yaklaşımı insan, hayvan ve çevre sağlığının korunması için yerel, bölgesel, küresel olarak konunun tüm paydaşları arasında eşit ve bütün olarak ele alınması, iletişim ve iş birliğinin geliştirilmesi, yaygınlaştırılması stratejisidir (Adisasmito, 2022).

Bu strateji insan, hayvan ve çevre sağlığını ayırmayan toplam gezegen sağlığını hedefleyen bir yaklaşımı işaret eder. Bunun için temel alınması gereken yaklaşım insanın ben merkezci düşünme tarzını bir kenara koyarak içinde bulunduğu gezegeni mevcut diğer türlerle dengeli oranda paylaşması gerektiğini içselleştirmektir (Adisasmito, 2022).

Bugün insan dar anlamda kendi kısa erimli konfor ve çıkar önceliklerini projelendirerek kendisi ile birlikte bu gezegeni paylaşma şanssızlığındaki diğer türleri benzeri görülmemiş bir hızla yok etmekte, yaşam alanlarını küçültmekte ve biyolojik çeşitliliğe benzeri görülmemiş ölçüde hasar vermektedir. Bunun sonucu pandemiler, salgınlar, küresel iklim değişiklikleri sonucunda oluşan doğal afetler, dünya üzerindeki okyanuslardan damarlarımızda dolaşan kana kadar tüm dış ve iç çevremizin mikro plastiklerle kirlenmesi olarak karşımıza çıkmaktadır (Sinclair, 2019).

Konunun önemi, sorunların büyüklüğü ve paydaşların organizasyonun gerekliliği nedeniyle 2022 yılında Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO), Dünya Sağlık Örgütü (WHO), Dünya Hayvan Sağlığı Örgütü (WAHO) ve Birleşmiş Milletler Çevre Programı'nın temsilcilerinin oluşturduğu, Tek Sağlık Yüksek Düzey Uzman Paneli "Tek Sağlık: Sağlıklı ve sürdürülebilir gelecek için yeni tanımlar" adı altında bir bildiri yayınlamıştır (Adisasmito, 2022).

Bu bildiri ile ortaya konan temel tanımlar içinde "Tek sağlık: İnsan, hayvan ve ekosistem sağlığının en uygun ve sürdürülebilir biçimde sağlanmasını hedefleyen bütüncül sağlık yaklaşımıdır. İnsan, evcil hayvan, yabani hayvan, bitki ve tüm ekosistemi içeren çevre sağlığının birbirine sıkı biçimde bağlı ve bağımlı olduğunu kabul eder. Toplumun çeşitli katmanlarındaki farklı disiplinleri, sektörleri ve toplulukları harekete geçirir. Sağlığın ve ekosistemin iyileştirilmesi ile tehdit (Adisasmito, 2022)lerin ortadan kaldırılması adına bunların bir arada ve uyum içinde çalışmasını teşvik eder" şeklinde özetlenebilir (Adisasmito, 2022).

4. Ülkemizde Tek Sağlık Yaklaşımı ile Gerçekleştirilen Zoonotik Enfeksiyon Saha Çalışmaları

Tek sağlık yaklaşımı ile zoonotik enfeksiyon saha çalışmaları salgın araştırmaları ve izlem çalışmaları olarak iki bölümde incelenebilir. Bunlardan salgın araştırmaları; bir salgında etken veya etkenlerin tanısı, salgının yayılmasında etkili vektör ve/veya rezervuarların belirlenmesi, enfeksiyonun yaygınlığının ve yayılımının belirlenmesi, etken, rezervuar ve çevre ilişkilerinin ortaya konması, risk faktörlerinin analizi, salgınla mücadele hedeflerinin belirlenmesi, önleyici stratejilerin belirlenmesini amaçlar (Öktem, 2014). İzlem çalışmaları ise; dünyada o zamana kadar bilinmeyen yeni etkenlerin veya potansiyel etkenlerin saptanması, araştırma bölgesi için o zamana dek varlığı bilinmeyen etkenlerin belirlenmesi, etkenlerin araştırma bölgesindeki yayılımlarının ve giriş yollarının belirlenmesi, etkenin rezervuar topluluklarındaki sıklığının ve yaygınlığının belirlenmesi, etkenin bilinen veya bilinmeyen yeni rezervuarlarının ve/veya vektörlerinin saptanması gibi bilgilerin ortaya konmasını hedefler.

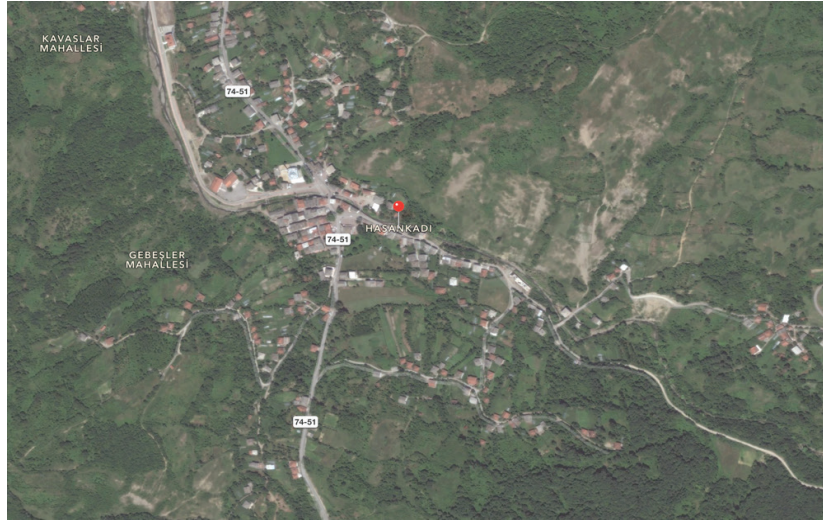
5. Zonguldak Bartın Hantavirüs Salgın Araştırmaları

2009 yılının Şubat ayında önce Zonguldak ardından Bartın illerinden yapılan olgu bildirimleri ve renal sendromlu kanamalı ateş ile kaybedilen insan olgularından sonra bu olguların laboratuvar tanısı konularak sahadan vakaların bildirilmesi devam edince, konunun paydaşları olan Dokuz Eylül, o zaman ki adıyla Zonguldak Karaelmas ve Niğde Üniversiteleri ile o zaman ki adıyla Refik Saydam Hıfzısıhha Enstitüsü, T.C. Sağlık Bakanlığı'nın önderliğinde toplanarak Tıbbi Mikrobiyoloji, Epidemiyoloji, Veteriner Mikrobiyoloji, Zooloji, Parazitoloji, Enfeksiyon Hastalıkları, Orman Mühendisi gibi konunun paydaşı olan farklı bilim alanlarındaki üyelerden oluşan ekipler oluşturularak saha çalışmalarını gerçekleştirmiştir. Bu çalışmalar sonucunda alanda etken olan Dobrava Belgrade ve Puumala virüsler olmak üzere iki ayrı Orthohantavirus türü, salgın etkeni olarak Türkiye'de ilk defa bir insan salgınında saptanmıştır. (Celebi, 2019) Bu virüsleri sırası ile bilinen rezervuarları olan *Apodemus flavicollis* ve *Myodes glareolus* türü kemirgenlerde olduğunun saptanmasının yanı sıra literatürde o güne dek ilk defa *Apodemus uralensis* adlı bir kemirgende de Dobrava belgrade virüsün taşındığı gösterilmiştir. Her iki virüs Refik Saydam Hıfzısıhha Enstitüsü'nün (Bu günkü adıyla T.C. Sağlık Bakanlığı Halk Sağlığı Genel Müdürlüğü) biyogüvenli düzeyi 3+ laboratuvarlarında izole edilmiş ve genetik olarak tanımlanmıştır. Virüsün bulunduğu bölgelere gidilerek salgın ile ilişkili risk analizleri yapılmıştır. Salgının kök nedeninin Hasankadı ve Akbaş köylerinde Orman ve yaban hayatı alanlarının içine tarla ve ahır alanları açılarak taşıyıcı kemirgenler ile insan teması olasılığının belirgin arttığı ve kemirgen topluluklarının birbirlerinin içine geçme ihtimalleri olarak saptanmıştır (Şekil 1). Bölgede ilgili enfeksiyonların kontrolüne yönelik risk grupları belirlenerek bunlara eğitim ve koruma programları verilmiştir. Sonuçta salgın kontrol altına alınarak söz konusu bölgelerde yeni vakaların ortaya çıkması engellenmiştir. Oysa ertesi yıl (2010) benzer dönemde Giresunda yeni bir Dobrava Orthohantavirus salgını ortaya çıkarken Bartın ve Zonguldak'tan yeni olgu bildirilmemiş ve aynı süreç Giresun bölgesi için de yinelenerek salgın kontrol edilmiştir (Oktem, 2014).

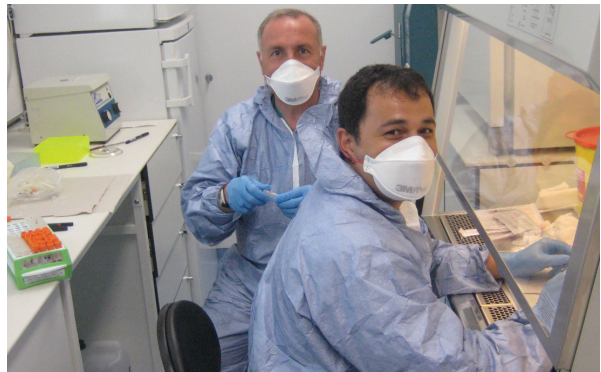
6. Orta Anadolu'nun Doğusu ve Doğu Anadolu Hantavirüs Taşıyıcısı Kemirgen İzlem Çalışmaları

Türkiye'nin Karadenize kıyıları olan Marmara ve Karadeniz bölgelerine toplanan verilerle Dobrava ve Puumala Orthohantavirus türlerinin varlığı gösterildikten sonra yapılan izlem çalışmalarının en önemlilerinden biri de Orta ve Doğu Anadolu bölgesinde gerçekleştirilmiştir. Bu çalışmalar sonucunda üç yıllık bir saha izlemi sonucunda özetle Sivas, Kars, Ardahan, Bingöl, Van ve Elazığ'da Tula Orthohantavirus varlığı ilk defa gösterilmiş ve bu illerde alandaki sıcak bölgeler tespit edilmiştir. İleride salgın çıkması potansiyeli olan riskli alanlar haritada yerleştirilmiştir.

Tek sağlık yaklaşımına uygun, disiplinler ötesi (Transdisipliner) saha ve laboratuvar çalışmaları Şekil 2 ve Şekil 3 de gösterilmiştir.



Şekil 1. Orman arazisine açılan tarlalar ve yapılaşma sonucunda artan doğal habitat, insan teması



Şekil 2. Çeşitli saha ve mobil laboratuvar çalışmalarından görüntüler



Şekil 3. Yüksek güvenli laboratuvar çalışmalarından görüntüler.

7. Sonuç

İnsan aktiviteleri ile bunların doğada oluşturdukları etkiler hem yerel hem de küresel ölçekte giderek sıklaşarak ve etki alanını genişleten yeni salgınlara yol açmaktadır. Ülkemizde görülen yeni ve yeniden önem kazanan enfeksiyon etkenlerinin yol açtığı salgınlarda da bu duruma rastlanmaktadır. Gerek salgınlara önlenmesi, potansiyel salgın etkenlerinin ve risklerinin belirlenmesi gerekse ortaya çıkan salgınlara baş edilmesinde tek başına insanı hedefleyen sağlık yaklaşımları ile sürdürülebilir bir başarı mümkün olmamaktadır. Bunun yerine disiplinler ötesi (transdisipliner) bir yaklaşımla verilerin ahenkli ve verimli bir biçimde elde edilmesi, değerlendirilmesi ve gerçekleştirilecek aksiyonların bu bağlamda yürütülmesi kalıcı ve tüm gezegeni gözetilen sonuçların elde edilmesine aracı olacaktır.

8. Kaynaklar / References

- Aden D, Z. S. (2023, April). Monkeypox (Mpox) outbreak during COVID-19 pandemic—Past and the future. *J Med Virol*, 95 (4), s. e28701. doi:10.1002/jmv.28701.
- Adisasmito WB, A. S. (2022, June 23). One Health: A new definition for a sustainable and healthy future. *PLoS Pathog*, 18 (6), s. 1-4.
- Ben Hu, H. G.-I. (2021). Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. *Nat Rev Microbiol*, 19 (3), s. 141-154. doi:10.1038/s41579-020-00459-7
- Celebi G, O. N. (2019, November). Dynamics of Puumala hantavirus outbreak in Black Sea Region, Türkiye. *Zoonoses Public Health*, 66 (7), s. 783-797. doi:10.1111/zph.12625.
- Franklinos LHV, J. K. (2019, September). The effect of global change on mosquito-borne disease. *Lancet Infect Dis*, 19 (9), s. e302-e312. doi: 10.1016/S1473-3099 (19) 30161-6.
- Gerald T Keusch, J. H. (2022, October 10). Pandemic origins and a One Health approach to preparedness and prevention: Solutions based on SARS-CoV-2 and other RNA viruses. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 119 (42), s. 1-11.
- ICTV, I. C. (2022, July 15). <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/> adresinden alındı
- Jie Cui, F. L.-L. (2019, March). Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol*, 17 (3), s. 181-192. doi:10.1038/s41579-018-0118-9.
- Kirtipal N, B. S. (2020, August 13). From SARS to SARS-CoV-2, insights on structure, pathogenicity and immunity aspects of pandemic human coronaviruses. *Infection, Genetic and Evolution*.
- Kumar N, A. A. (2022, July). The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus. *J Autoimmun*, 131, s. 102855. doi:10.1016/j.jaut.2022.102855.
- Morens David M, F. G. (2004, July 8). The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature*, s. 242-9. doi:10.1038/nature02759.
- Oktem I. Mehmet Ali, U. Y. (2014, Ocak). Dobrava-Belgrade Virus in Apodemus flavicollis and A. uralensis Mice, Türkiye. *Emerging Infectious Diseases*, 20 (1), s. 121-125. doi:doi: 10.3201/eid2001.121024
- Reintjes, R. &. (2010). Outbreak Investigations, Modern Infectious Diseases. *Epidemiology*, s. 159-176.
- Sinclair, J. (2019, May). Importance of a One Health approach in advancing global health security and the Sustainable Development Goals. *38 (1)*, s. 145-154. doi:10.20506/rst.38.1.2949.
- Spernovasilis N, M. I. (2021). Epidemics and pandemics: Is human overpopulation the elephant in the room? *Ethics Med Public Health.*, 19, s. 100728. doi: 10.1016/j.jemep.2021.100728
- Spernovasilis N, T. S. (2022). Emerging and Re-Emerging Infectious Diseases: Humankind's Companions and Competitors. *Microorganisms*, 10, s. 1-5.
- Tekin, A. (2021). Tarihten Günümüze Epidemiler, Pandemiler ve Ekonomik Sonuçları. *Süleyman Demirel Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü Dergisi*, 2 (40), s. 330-355.
- Toph Allen, K. A.-T. (2017). Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. *Nat Commun.*, 24 (8), s. 1-10.
- WHO. (2022, November). <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/monkeypox-response-in-europe> adresinden alındı
- Yu Chen, Q. L. (2020, April). Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. *J Med Virol*, 92 (4), s. 418-423. doi: 10.1002/jmv.25681.

Yazar Hakkında / About Author

**Prof. Dr. İ. Mehmet Ali ÖKTEM | Dokuz Eylül Üniversitesi |
ali.oktem[at]deu.edu.tr | ORCID: 0000-0002-3185-8355**

İ. Mehmet Ali Öktem, ilk, orta ve lise öğrenimini İzmir’de çeşitli okullarda tamamlamıştır. 1994 yılında İzmir Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesi’nden mezun olup aynı yıl tıpta uzmanlık sınavını kazanarak Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesi Mikrobiyoloji ve Klinik Mikrobiyoloji Anabilim Dalı’na tıpta uzmanlık öğrencisi olarak atanmıştır. 1998 yılında Mikrobiyoloji ve Klinik Mikrobiyoloji uzmanlığı öğrenimini tamamladıktan sonra aynı bölümde sırası ile araştırma görevlisi, yardımcı doçent olarak göreve devam etmiştir. 2009 yılında mikrobiyoloji ve Klinik Mikrobiyoloji Doçenti unvanını kazanmış ve 2014 yılında profesör kadrosuna atanmıştır. Çalışma alanları, tek sağlık, kemirgen kökenli viral ve bakteriyel zoonozlar, doğadaki potansiyel salgın etkenleridir.

**Prof. Dr. İ. Mehmet Ali ÖKTEM | Dokuz Eylül University |
ali.oktem[at]deu.edu.tr | ORCID: 0000-0002-3185-8355**

I. Mehmet Ali Öktem completed his primary, secondary, and high school education in various schools in Izmir. He graduated from İzmir Dokuz Eylül University Faculty of Medicine in 1994 and the same year passed the medical specialization exam, being appointed as a medical specialization student in the Department of Microbiology and Clinical Microbiology at İzmir Dokuz Eylül University Faculty of Medicine. After completing his specialization training in Microbiology and Clinical Microbiology in 1998, he continued his career in the same department as a research assistant and an assistant professor. In 2009, he obtained the title of Associate Professor in Microbiology and Clinical Microbiology and in 2014, he was appointed as a professor. His research areas include One Health, rodent-borne viral and bacterial zoonoses, and emerging infectious diseases in nature.