



Esa Riipän teos Hoitosuhde, vedos 1/74. Hankittu seuran kokoelmiin 4.3.2003. Teos on ollut sijoitettuna Kalevankatu 11:n toisen kerroksen toimistotiloihin.

Olli Vapalahti ja Tarja Sironen

Virukset ihmisen, eläinten ja luonnon vuorovaikutuksen globaalissa murroksessa

Kun evoluution alkuliemissä elämä ja ensimmäiset solun kaltaiset viritykset kehittyivät ehkäpä nelisen miljardia vuotta sitten, nukleiinihappojaan kopioivat myös jo varhaiset virukset. Ne ovat sittemmin kehittyneet hyödyntämään varhaisista soluista edelleen kehittyneiden bakteerien, arkkien ja aiotumallisten kuten kasvien ja eläinten biologiaa, kulkien usein isäntälajiensa mukana evoluutiossa mutta tilaisuuden tullen hypähdellen uuteen isäntälajiin. Lajihyppy onnistuu yleensä vain lähisukuiseen isäntään ja on useimmiten umpikuja virukselle tai isännälle, mutta silloin tällöin tartuntaketju pitenee, muuttuu pysyväksi ja johtaa evoluution pyrähdykseen ja kummankin sopeutumiseen.

Samat kolmisenkymmentä nisäkkäitä infektoivaa eri virusheimoa ovat evoluutiossa pysyneet hämmästyttävän samoina satoja miljoonia vuosia, kun hyvinkin etäisten isäntälajien virusten perusrakenteet muistuttavat edelleen toisiaan, vaikka niiden lukuisien virussukujen ja -lajien ominaisuudet ovatkin isäntää paljon ripeämmän muuntumisen kohteena. Tämä koskee erityisesti RNA-perimää hyödyntäviä viruksia, joille ominainen löperö kopiointi tekee yleensä ainakin yhden erheen joka kerta, kun niiden tyypillisesti kymmenen kiloemäksen perimää kopioidaan (ja kopiota voidaan työstää miljardeja kertoja päivässä).

Verrataanpa tätä ihmissoluun, jonka DNA:n replikaation virhetaajuus on 10^{-9} – 10^{-10} virheenkorjausmekanismien myötä. Yksittäisen virusmutaation saapumista ei siis tarvitse odotella, vaan se on yleensä jo valmiiksi olemassa ja valikoituu heti jatsoon, mikäli se osoittautuu hyödylliseksi. Lisäksi seksi (jos sillä tarkoitetaan kahden perimän sekoittumista) voi helpottaa joitakin virusheimoja muuntelemaan ja sopeutumaan vielä nopeammin rekombinaatioiden tai jaokkeisen perimän uudelleen järjestelyn kautta. Esimerkki jälkimmäisestä on A-influenssaperimän nopea sekoittuminen linnuissa.

Virusten monimuotoisuus on pääosin kartoittamatta

Ihmisen nykyiset virukset, luokittelun mukaan joitakin satoja lajeja, tunnetaan toki varsin hyvin, koti- ja tuotantoeläinten kohtalaisesti, mutta luonnonvaraisten eläinten heikokosti ja evoluutiohistoriallisestikin varhaisempien elämänmuotojen vielä niukemmin. Sekvensointikoneita ja viruksia tunnistavia algoritmeja on tosin viime vuosina yhä enemmän valjastettu virusmetsästykseen, ja jo sekvensoiduista tietokannoista on äskettäin julkaistu kymmeniätuhansia uusien virusten perimiä (1). Lähimpiä evoluutioserkkujamme – muita kädellislajeja – rystyskävelee planeetalla vain kourallinen, mutta vaikkapa ihmiselle – tai kesyttämillemme kymmenille eläimille – ”viruksenluovuttajaksi” ajoittain kelpaavia jyrsijälajeja vipeltää pari tuhatta ja lepakkolajeja asustaa tuhatkunta.

Kun joka lajilla on ehkäpä satoja viruksia, on yhä tuntemattomien virusperimienkin kirjo vielä ”lukematon” ja tuntematon (2). Viruksen perimän bongamisesta ja lukemisesta on myös pitkä matka siihen, että tiedettäisiin, minkälaisen epidemiariskin se muodostaa (kuinka se pärjää eri lajeissa ja eri kudoksissa, torjuu luontaista immunitettia ja mitä reseptoreja



KUVA 1. Helsingin yliopiston zoonoosivirussyksikön kenttätutkimusta viljeistä pikkunisäkkäistä yliopiston Taitan tutkimusasemalla Keniassa.

käyttöä), mutta lähivuosina tekoälypohjaiset analyysit voinevat arvuutella nopeammin näitä ominaisuuksia. Osa viruksista vaikuttaa kuitenkin olevan enemmän ”yleispetoja”, generalisteja, joille on yleisempää siirtyminen lajista toiseen ja ympäristön välityksellä epäsuorassa kontaktissa. Tällaisia ovat vaikkapa influenssa- ja koronavirukset.

Kontaktit ovat elinehto viruksille

Olivatpa virukset sitten vielä meille tuntemattomia tai perimältään jo luettuja, niiden leviämismahdollisuuksia määrittävät lajien sisäiset ja väliset tiheydet ja kontaktit. Nämä kaikki muuttuvat globalisaation sekä ympäristön, ilmaston, eläintenpidon ja maankäytön muutosten myötä. Jotkin tavat olla kontaktissa ja altistua luonnossa oleville viruksille voivat olla ikiaikaisia tai erikoisia, vaikkapa raa’an villieläinten veren tai virtsan juominen, joista ei kuitenkaan epidemioita ilmene tai päädy uutisiin. Suomessa hengitämme vahingossa sisätiloihin päässeiden metsämyyrien kuivuneita jätköksiä, ja muutama prosentti kansastamme on Puumala-viruksen infektoimaa, mutta sekään ei tartu eteenpäin.

Vuosikymmeniä sitten lepakoista siirtyi MERS (Middle East respiratory syndrome) -koronaviruksen esiaste kameleihin, kameli-kauppa Afrikasta levitti sen ympäri Lähi-itää, ja siellä kaikki nuoret kamelit saavat sen nyt äidinmaidossaan. Kameleiden massiivinen kasvatus ”harrastuskäyttöön”, muun muassa kauneus- ja juoksukilpailuihin, on luonut uudenlaisen kontaktipinnan, joka ajoittain kamelien vieroitusaikaan keväällä on johtanut ihmisten yksittäisin vakaviin keuhko-oireisiin. Näiden potilaiden korkeapainehoito puutteellisella suojauksella höystettynä taas on johtanut leviämiseen sairaaloissa ja inkubaatioaikana matkustamisen myötä myös toisiin maanosiin, ensi kerran vuonna 2012, jolloin virus löydettiin (3), ja vuonna 2018 laajempaan ryppäänä Etelä-Koreassa.

MERS-koronaviruksen R0- eli tartuttavuusluku on kuitenkin onneksi alle yhden ihmisväestössä, ja epidemiat ovat hiipuneet. Oppi tästä koronavirusryppästä auttoi osaltaan Etelä-Korean viranomaisia toimimaan koordinoitusti SARS-koronaviruspandemian puhjetessa (4).

Kontaktit villieläimiin ja niiden välillä ovat muutoksessa, osin lisääntyneet, jotkin vähentyneet. Eksoottisten eläinten kauppa eläintoreilla ja netissä on kuitenkin edelleen hyvää bisnestä ja valtaisa zoonoosiriski, kuten SARS-epidemia vuonna 2002 ja COVID-pandemia osoittivat (5,6). Hedelmälepakot Intian maaseudulla käyvät maistelemassa palmuista kerättävää mahlaa, jota tuoreeltaan juodaan tai josta valmistetaan myös olutta, mikä saa ajoittain aikaan tappavia nipah-paramyxoviruksen tartuntaketjuja lepakosta ihmiseen ja ihmisestä toiseen (7). Näin on ollut varmaan kauan, mutta nyt tämäkin virus osataan tunnistaa ja infektiot nimetä, ja toisaalta valistuneissa paikoissa peittää keräysastiat niin että lepakot eivät kontaminoi niitä.

Olennaista tartuntaketjujen kehittymiselle on, että ihmispopulaatiot ovat lisääntyneet ja ihmiset matkustavat nopeasti asutuskeskuksiin, metropoleihin ja maasta ja maanosasta toiseen mahdollisine mikrobeineen. Sataviisikymmentä vuotta sitten Jules Verne hämmästytti tarinallaan maailman kiertämisestä 80 päivässä, ja

TAULUKKO. Uusien ja uhkaavien virusten aiheuttamia pandemioita ja epidemioita.

Vuosi	Tauti tai virus	Arvio kuolemantapauksien määrästä
1918	Espanjantauti	Noin 50 miljoonaa
1957	Aasialainen influenssa	1–4 miljoonaa
1968	Hongkongilainen influenssa	Noin miljoona
1976	Ebola	Noin 15 000
1981	HIV ja AIDS	Noin 37 miljoonaa
2002	SARS	774
2003	Lintuinfluenssa H5N1	463
2009	Sikainfluenssa	Noin 300 000
2012	MERS	Noin 900
2015	Zikavirus	Noin 1 000
2020	COVID-19	Yli 7 miljoonaa
2022	M-rokko	236

nyt kuka tai mikä tahansa on toisella puolella maapalloa vuorokaudessa. Niin myös virus tai viruksen vektorilaji, vaikka yleensä jälkimmäiset matkaavatkin hitaammin rahtikonteissa.

Trooppisia virustauteja levittävä Aasian tiikeriähtynyt tuli suljettuun kommunistiseen Albaniaan jo vuosikymmeniä sitten Kiinasta. Orjalaivojen myötä tullut keltakuumevirus, keltakuumeähtynyt ja dengue olivat vanhas-taan Etelä-Amerikassa. Viime vuosikymmenellä tarvittiin vain vireemisiä ihmisiä tuomaan len-tokoneilla chikungunyavirus Aasiasta ja sitten zikavirus Tyynenmeren saarilta aloittamaan val-tavat ähtysvälitteiset epidemiat Etelä-Amerikan immuuteitiltaan naiivissa väestössä.

Muutokset rajapinnoissa ja kontaktiver-kostoissa tarjoavat siis uusia mahdollisuuksia epidemioille (8). Pikkunisäkkäistä lienevät pe-räisin vaikkapa lajimme juurtunut vihurirok-kovirus ja useampana erillisenä siirtymänä iso-rokkovirus, jonka eradikoiminen rokotuksin ja niiden lopettaminen jätti ihmiskunnan alttiiksi sen sukulaisviruksille – COVID-19-pandemian jälkeen on jo saatukin todistaa useita erilaisia, edelleen jatkuvia m-rokon (apinarokkoviruk-sen) tartuntaketjuja ja epidemioita.

Kongon demokraattisen tasavallan (DRC) kaoottisessa tilanteessa näiden tai siellä myös esiintyvän ebolan tartuntaketjujen hallinta on hankalaa, ja nyt vuoden jatkunut Pohjois-Ki-vun konfliktialueelta lähtenyt tartuntaketju on levinnyt DRC:n naapurimaihin ja uhkaa levi-

tä laajemmaksi ilman päättäväisiä vastatoimia. Myös HIV-1 on tehnyt useamman lajisiirtymän apinoista ihmiseen. Joissakin tapauksissa seu-rauksena on ollut vain yksittäisiä tai kylällinen tartuntoja, mutta yksi ketju selvisi suurkaupun-kiin DRC:ssä ja maailmalle ja aiheutti AIDS-pandemian, johon on kuollut jo noin 37 mil-joonaa ihmistä (**TAULUKKO**).

Tuotantoeläimet välittävät viruksia ihmisiin

Yksi virusepidemioiden synnyn kasvulle otol-linen entistä suurempi hautomo ja reitti ihmi-siinkin ovat tuotantoeläimet. Sikatilojen määrä alkoi 1960-lukuun mennessä jyrkästi vähentyä niin Euroopassa kuin Yhdysvalloissakin sa-malla kun tilojen yksikkökoko alkoi jatkuvasti suurentua. Samalla viime vuosikymmeninä si-koihin on siirtynyt villeistä nisäkkäistä lukuisia uusia viruksia, jotka ovat kehittyneet edelleen niille patogeenisemmiksi. Sika toimii myös hy-vänä sekoitusalusena influenssaviruksille, on-han sian saama infektio varsin lievä, ja sialla on reseptorit sekä lintujen että ihmisen viruksille.

Viimeisin influenssapandemia alkoi 15 vuot-ta sitten Meksikossa lintujen, sikojen ja ihmis-ten influenssaviruksien sekoituksesta. Kana on suurenevalle ihmispopulaatiolle myös yhä tärkeämpi proteiinin lähde. Influenssavirukset ovat kautta aikain joskus siirtyneet sorsista ka-noihin ja tiheässä kanapopulaatiossa muuttu-



KUVA 2. Helsingin yliopiston zoonoosiviruksikön kenttätutkimusta tuotantoeläimistä Suomessa.

neet ”korkeapatogeenisiksi”. Toisin sanoen niiden pintaproteiini hemagglutiniiniin pilkkomiskohtaan on kertynyt emäksisiä aminohappoja, mikä saa aikaan sen, että myös furiinin kaltaiset entsyymit kypsyttävät viruksen lisääntymään tehokkaasti myös syvällä kudoksissa.

Jättimäinen siipikarjantuotanto ja yhteydet villilintuihin Etelä-Kiinassa muodostivat 1990-luvun puolivälissä alustan, jossa tällainen muuntunut H5-influenssavirus ensi kertaa siirtyi takaisin villilintuihin – tappoi toisia lintulajeja ja levisi toisissa. Tuolloin maailmassa syötiin vielä 15 miljardia kanaa vuodessa, nyt 30 miljardia. Tällä välin virus on pyyhkäissyt läpi maapallon, Suomenkin turkistarhojen, ja löytänyt tiensä Antarktikselle asti. Yhdysvalloissa se levisi tänä vuonna vielä lehmien maitorauhaasiin, joissa se kaikkien virologienkin hämmästykseksi kasvaa paremmin kuin laboratoriossa soluviljelmissä. Tämä lintujen pandemia uhkaa monia luonnonvaraisia lajeja ja populaatioita, sen taltuttamiseksi osataan tehdä enää kovin vähän. Edes siipikarjatuotannon lopettaminen saman tien ei enää vaikuttaisi sen kuluun.

Pandemioiden ajurit muutoksessa

Vaikka pandemioita ja uusia eläinperäisiä infektioita on siirtynyt ihmiskuntaan aina, uusien virusinfektioiden esiinmarssi on viime aikoina tihentynyt. Tihenemisen ajurit näyttävät liitty-

vän suurenevaan ihmis- ja tuotantoeläinpopulaatioon, maapalloistuvaan maailmaan, jossa kaikki ovat yhteydessä nopeasti kaikkialle, sekä maankäytön, ympäristön ja ilmaston muutoksiin. Unohtaa ei sovi lääketieteen ja median osuuttakaan, sillä lisääntyvä immuunipuutteen väestö muodostaa oikotien virusten sopeutumiseksi ihmisiin ja muuntumiseen (vaikkapa SARS-CoV-2:n alfa- ja omikronvarianttien arvellaan kehittyneen immuunivasteeltaan heikentyneissä potilaissa), ja toisaalta diagnostiikan kehitys mahdollistaa uusien uhkien nopean nimeämisen ja tunnistamisen. Mediakin raportoi näistä meille ahkerasti.

Suomen ilmasto lähenee tällä vuosisadalla äskettäistä Pohjois-Saksan ilmastoa. Sen myötä vaikkapa puutiaisaivokuume näyttäisi meillä lisääntyvän (*Borrelia*-infektioita näyttäisi vastata-ainetutkimusten mukaan olleen Suomessa enemmän 1970-luvulla kuin nykyään) (9) ja infektioaine trooppisille tai subtrooppisille infektioille yleistyneen Etelä- ja Keski-Euroopassa. Monen infektion osalta ymmärrys siitä, miten viruksen, sen vektorien ja isäntien kierto ylipäänsä riippuu ympäristöstä ja ilmastosta, on kuitenkin kovin vajavainen, jotta osataisiin arvuutella kovin perustellusti, mitä tapahtuu, kun pitkälle tuntemattomat oletusasetukset muuttuvat. Biodiversiteetinkään suhde infektiopaineeseen ei ole suoraviivainen.

Maailman väkiluku suurenee lähivuosikym-

meninä kymmeneen miljardiin. Kiivainta väestönkasvu lienee enää Afrikassa, jossa myös infektiopaine luonnosta on suurempi ja joidenkin maiden yhteiskunnalliset katastrofit ja toisten elintason nousu ja maankäytön muutokset voivat samalla muuttaa rajapintoja eri lajien infektiolle. Näyttäisi kuitenkin siltä, että muutaman kymmenen vuoden päästä maapallon väkiluku alkaisi ripeästikin vähetä. Laajoja urbaaneja keskittyimiä, jotka ovat tiiviisti yhteydessä keskenään, riittänee silti jatkossakin.

Miten zoonoottisia pandemioita voidaan ehkäistä?

Voimme kaikki vaikuttaa ilmeisiin pandemioiden ja epidemioiden ajureihin: vähemmän ja hitaampaa matkustamista, ympäristö- ja ilmastoystävällistä kuluttamista, erityisesti lihan osalta (vaikka onpa kalojenkin massakasvatus johtanut lukuisiin virusepidemioihin, kyseiset virukset eivät vain tartu ihmisiin). Nämä ovat myös toimia, jotka voivat keventää vyötäröä mutta lihottaa kukkaroa. Jos sijoittelee omaisuuksia tai vaikuttaa politiikkaan tai terveydenhuoltoon, voi suosia ratkaisuja, joissa paitsi otetaan ympäristö huomioon saadaan myös diagnosointia, rokotteita ja hoitoja luotettavasti tarjolle – niin

kansallisilla kuin globaaleillakin katvealueilla.

Me virologit voimme kartoittaa yhdessä muiden alojen kanssa lisää maailman viruskaikkeutta, jotta seuraavat ihmisten viruskuokavieraat olisivat vähemmän tuntemattomia, ja kehittää niitä vastaan jäljitys-, lääke- ja rokoteaihoita. Ja vaikka COVID-19-pandemian haluamme jo unohtaa ja m-rokkokin ehti sen jälkeen asettua ihmiskuntaan, ehkäpä seuraavaa ”odottamatonta” odottaessamme ehdimme valmistautua ennen kuin se kolkuttaa ovelle. ■

OLLI VAPALAHTI, LT, zoonoosivirologian professori
Helsingin yliopisto ja HUS Diagnostiikkakeskus

TARJA SIRONEN, FT, uhkaavien infektioautien apulaisprofessori
Helsinki One Health -verkoston johtaja, Helsingin yliopisto



Olli Vapalahti on kliinisen mikrobiologian erikoislääkäri, joka on ryhmineen tutkinut eläimistä ihmisiin tarttuvien virusten epidemiologiaa ja tautiassoosiaatioita sekä kehittänyt niiden diagnostiikkaa.



Tarja Sirosen monitieteinen tutkimusryhmä Helsingin yliopistossa tutkii uusien infektioautien ilmaantumista ja taudinpurkausten syntyä käyttäen One Health -lähestymistapaa.

KIRJALLISUUTTA

1. Harvey E, Holmes EC. Diversity and evolution of the animal virome. *Nat Rev Microbiol* 2022;20:321–34.
2. Hou X, He Y, Fang P, ym. Using artificial intelligence to document the hidden RNA virosphere. *Cell*, julkaistu verkossa 3.10.2024. DOI:10.1016/j.cell.2024.09.027.
3. Zaki AM, van Boheemen S, Bestebroer TM, ym. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *N Engl J Med* 2012;367:1814–20.
4. Cho SY, Kang JM, Ha YE, ym. MERS-CoV outbreak following a single patient exposure in an emergency room in South Korea: an epidemiological outbreak study. *Lancet* 2016;388:994–1001.
5. Crits-Christoph A, Levy JI, Pekar JE, ym. Genetic tracing of market wildlife and viruses at the epicenter of the COVID-19 pandemic. *Cell* 2024;187:5468–82.e11.
6. Morens DM, Fauci AS. Emerging pandemic diseases: how we got to COVID-19. *Cell* 2020;182:1077–92.
7. Gurley ES, Hegde ST, Hossain K, ym. Convergence of humans, bats, trees, and culture in Nipah virus transmission, Bangladesh. *Emerg Infect Dis* 2017;23:1446–53.
8. Carlson CJ, Alberty GF, Merow C, ym. Climate change increases cross-species viral transmission risk. *Nature* 2022;607:555–62.
9. Cuellar J, Dub T, Sane J, ym. Seroprevalence of Lyme borreliosis in Finland 50 years ago. *Clin Microbiol Infect* 2020;26:632–6.