

**I. Środowisko bezpieczeństwa
zdrowotnego w stanie pandemii
COVID-19. Uwagi ogólne**



Aneta AFELT

Interdyscyplinarne Centrum Modelowania Matematycznego i Komputerowego,
Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska

Espace-DEV, IRD – Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, Francja

ORCID: 0000-0001-8744-2992

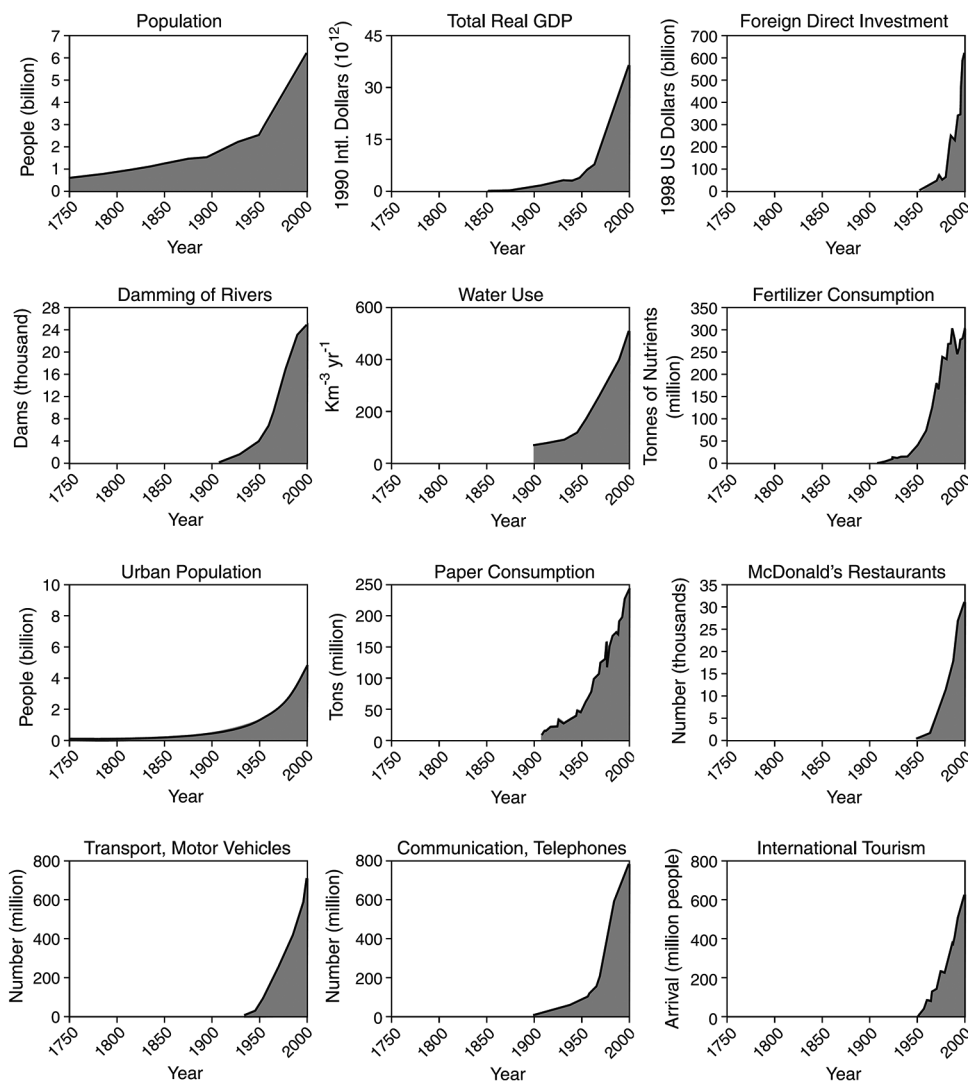
Pandemia SARS-CoV-2. Zagrożenie epidemiologiczne z perspektywy antropocenu

Streszczenie: Potencjał pandemiczny już poznanych wirusów odzwierzęcych oraz ryzyko pojawiania się nowych oceniany jest przez WHO jako jedno z największych zagrożeń dla ludzkości. Koronawirus odzwierzęcy SARS-CoV-2 jest już trzecim z tej dużej grupy wirusów, który pojawił się w XXI w., zaskakując swoją skutecznością transmisji oraz zdolnościami adaptacyjnymi w populacji ludzkiej. Tempo rozprzestrzenienia wirusa nie ma precedensu w historii ludzkości, zaś czynnikiem sprzyjającym temu jest nasze globalne usieciowienie – powiązania komunikacyjne skracające dystans geograficzny między regionami i kontynentami. Regionalnie, tempo kolonizacji lokalnych populacji przebiega zróżnicowanie, w zależności od cech demograficznych i uwarunkowań społeczno-ekonomicznych oraz prowadzonej strategii zarządzania w warunkach pandemicznych. W Polsce rozprzestrzenianie się zakażeń, udział poszczególnych wariantów w falach zakażeń są przesunięte o około jeden sezon w relacji do krajów Europy zachodniej, co jest typowe dla krajów Europy środkowej. Duże liczby zgonów notowane w Polsce, ale również generalnie w krajach Europy środkowej i wschodniej w trakcie epidemii wskazują na konieczność poprawy ochrony zdrowia w zakresie strategii dedykowanych zarządzaniu epidemiologicznemu w praktyce: przygotowania systemu ochrony zdrowia do reakcji na sytuacje kryzysowe, prowadzenia skutecznej polityki szczepień, opracowaniu dedykowanych programów ochrony grup społecznych szczególnie wrażliwych na skutki zakażenia.

Słowa kluczowe: SARS-CoV-2, pandemia, antropocen, zdrowie publiczne, nisza socio-ecosystemowa, monitoring epidemii, One Health

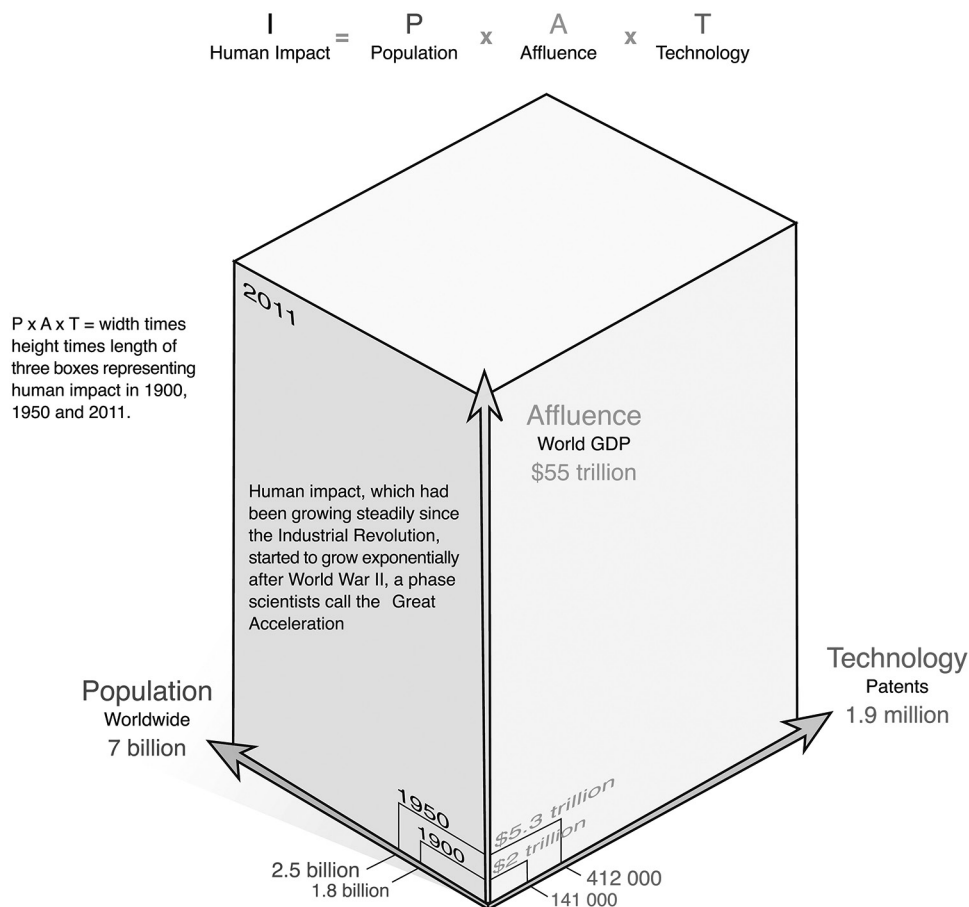
1. Wstęp

Zalasiewicz i in. (2011) stawia sprawy jasno – żyjemy w antropocenie, nowej epoce geologicznej. W tym samym czasie Steffen i in. (2011) diagnozuje konsekwencje globalizacji jako konieczność wprowadzenia gospodarki w skali planetarnej. Zmiany, jakie zachodzą na Ziemi w konsekwencji presji antropogenicznej skłaniają do konkluzji Steffen i in. (2004): „Działalność człowieka rozwinęła się (...) w ciągu ostatnich 250 lat z dramatycznymi konsekwencjami dla naturalnych systemów biofizycznych i ekologicznych Ziemi”. Skalę narastającej presji antropogenicznej celnie ilustruje zestawienie danych obrazujących globalną aktywność człowieka w okresie przemysłowym do roku 2000, zawarte u Steffen i in. (2004) (rys. 1). Sygnifikantny jest galopujący wręcz przyrost presji antropogenicznej w okresie po II wojnie światowej, określane mianem „wielkiego przyspieszenia” (ang. *Great Acceleration*, Hibbard i in., 2006) – kiedy globalna produkcja i konsumpcja wyprzedzają dynamikę przyrostu demograficznego (rys. 2).



Rys. 1. Presja antropogeniczna w zestawieniu od początku rewolucji przemysłowej do 2000 r., wg Steffen i in., 2004

Kolbert (2011) proponuje estymację ilościową globalnej presji na środowisko za pomocą wskaźnika **IPAT** (**I** – human impact [presja antropogeniczna], **P** – population [populacja], **A** – affluence [poziom zamożności, dochodów], **T** – technology [rozwój technologii, patentów]), w postaci ilorazu reprezentowanego przez objętość prostopadłościanu (rys. 2). Porównanie objętości prostopadłościanu z dwóch okresów – 1900–1950 i 1950–2011 znakomicie ilustruje zachwianie proporcji między dynamiką analizowanych składowych. Wynika z tego, że współcześnie dominującymi źródłami presji (ang. *drivers*) są: 1) coraz szybciej przyrastająca konsumpcja (często nadmierowe zapotrzebowanie na żywność, towary, usługi) oraz 2) rozwój technologiczny. Całość tworzy obraz społeczności globalnej o eksploatacyjnym charakterze działalności.



Rys. 2. Identyfikacja globalnej presji środowiskowej, wg Kolbert, 2011

Steffen i in. (2011) nieco górnolotnie pisze: „Jesteśmy pierwszym pokoleniem posiadającym wiedzę o tym, jak nasze działania wpływają na System Ziemi, a tym samym pierwszym pokoleniem posiadającym moc i odpowiedzialność, aby zmienić nasze relacje z planetą”. Globalna presja na środowisko, globalny obrót towarów i usług, usieciwienie transportowe przebiegają w warunkach o niespotykanym w historii zróżnicowaniu etapów rozwoju demograficznego, epidemiologicznego i ekonomicznego w poszczególnych regionach Świata (Vallin, Mesle, 2004; Bygbjerg, Meyrowitsch, 2007). Nieoczywistą konsekwencją globalizacji jest wzrost globalnego ryzyka zdrowotnego¹. Cliff i in. (2009) wyróżnia tu dwa globalnie rejestrowane trendy: 1) wznowienie zachorowań na grupy chorób zakaźnych, które w krajach gospodarczo rozwiniętych zostały stłumione w XX w. (ang. *re-emerging diseases*) oraz 2) ujawnianie się nieznanych dotąd chorób – dotyczy to praktycznie wszystkich regionów Świata, niezależnie od ich stopnia rozwoju gospodarczego (ang. *newly emerging diseases*).

¹ Ryzyko zdrowotne to prawdopodobieństwo wystąpienia negatywnych skutków zdrowotnych wywołanych danym zagrożeniem (czynnikiem ryzyka, ang. *risk factor*) (WHO, 2009).

Co istotne, większość chorób zakaźnych u ludzi ma pochodzenie odzwierzęce, są to tzw. zoonozy². Pickering i in. (2008) ocenia, że z dotychczas poznanych 1415 drobnoustrojów chorobotwórczych dla człowieka, aż 61% ma pochodzenie odzwierzęce, a drobnoustroje, które mają więcej niż jednego gospodarza są dwukrotnie częściej powiązane z chorobami zakaźnymi. Tylko w latach 1980–2003 stwierdzono u ludzi wystąpienie 35 nowych chorób zakaźnych, które w przewadze były zoonozami (Steinmuller i in., 2006).

Karesh i in. (2005) wskazuje generalnie trzy przyczyny pojawiania się nowych chorób (ang. *emerging diseases*) oraz ponownego zagrożenia chorobami znanymi (ang. *re-emerging diseases*):

- zmiany naturalnego środowiska, m.in. ekspansja na tereny dotychczas niezamieszkałe, przemysłowe procesy produkcji żywności, praktyki rolnicze (m.in. nadmierna chemizacja rolnictwa, masowa produkcja zwierząt) skutkujące przekształcaniem nisz ekologicznych³ w nisze socjo-ekologiczne i niwelowanie barier ekologicznych;
- zachowania ludzi, m.in. chęć posiadania zwierząt (w tym zwierząt egzotycznych), ryzykowne sposoby spędzania wolnego czasu (np. wyprawy typu survivalowego w odległych regionach świata), podróże na duże odległości, brak szczepień;
- światowy handel dzikimi zwierzętami lub pochodzącymi od nich produktami, w tym handel nielegalny.

Globalne skomunikowanie – rozwój w ostatnich 50. latach szybkiego transportu kontynentalnego i międzykontynentalnego, w połączeniu z globalnym gospodarowaniem zasobami Ziemi, sprawiają, że jesteśmy znakomicie usieciowieni. Usieciowienie, czyli wzajemne powiązanie członków społeczności oraz intensywna wymiana i obieg towarów na poziomie lokalnym, regionalnym, kontynentalnym i międzykontynentalnym tworzy strukturę, która znacząco ułatwia globalną propagację patogenów. Jak bardzo ułatwia i zwiększa ryzyko epidemiologiczne – udowodniła pandemia wirusa SARS-CoV-2. Jest to kolejny w XXI w. patogen szybko rozpowszechniony globalnie, dość tu wspomnieć epidemię SARS⁴ z 2002 r. czy rozprzestrzenienie się patogennego szczepu wirusa Ziki związane z mistrzostwami w piłce nożnej w Brazylii w czerwcu 2014 r. (za WHO, <https://www.who.int/emergencies/zika-virus/articles/one-year-outbreak/en/index2.html>).

² Zoonozy to choroby odzwierzęce występujące u ludzi, w UE Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) publikuje doroczny raport chorób odzwierzęcych u ludzi oraz ich czynników etiologicznych, zarówno u ludzi, jak i u zwierząt oraz w żywności (Osek, Wieczerek, 2013).

³ Nisza ekologiczna za Hutchinson (1957) jest definiowana jako region w wielowymiarowej przestrzeni czynników środowiskowych, które wpływają na dobrostan gatunków. Jest to zatem siedlisko życia organizmu w ekosystemie, zdefiniowane przestrzennie przez parametry zapewniające odpowiednie warunki do życia i rozwoju. Zmienne regulujące rozległość przestrzenną niszy ekologicznej oparte są na barierach ekologicznych – czynniku/czynnikach utrudniających lub uniemożliwiających osiągnięcie dobrostanu danego gatunku.

⁴ Według danych WHO, w trakcie epidemii ciężkiego zapalenia SARS listopad 2002–2003, na świecie wystąpiło ogółem 8422 przypadków SARS, w tym 916 było śmiertelnych, przenoszenie następuje drogą kropelkową, infekcja zaś rozprzestrzeniła się po świecie w wyniku podróży lotniczych.

2. SARS-CoV-2 – nowy ludzki koronawirus

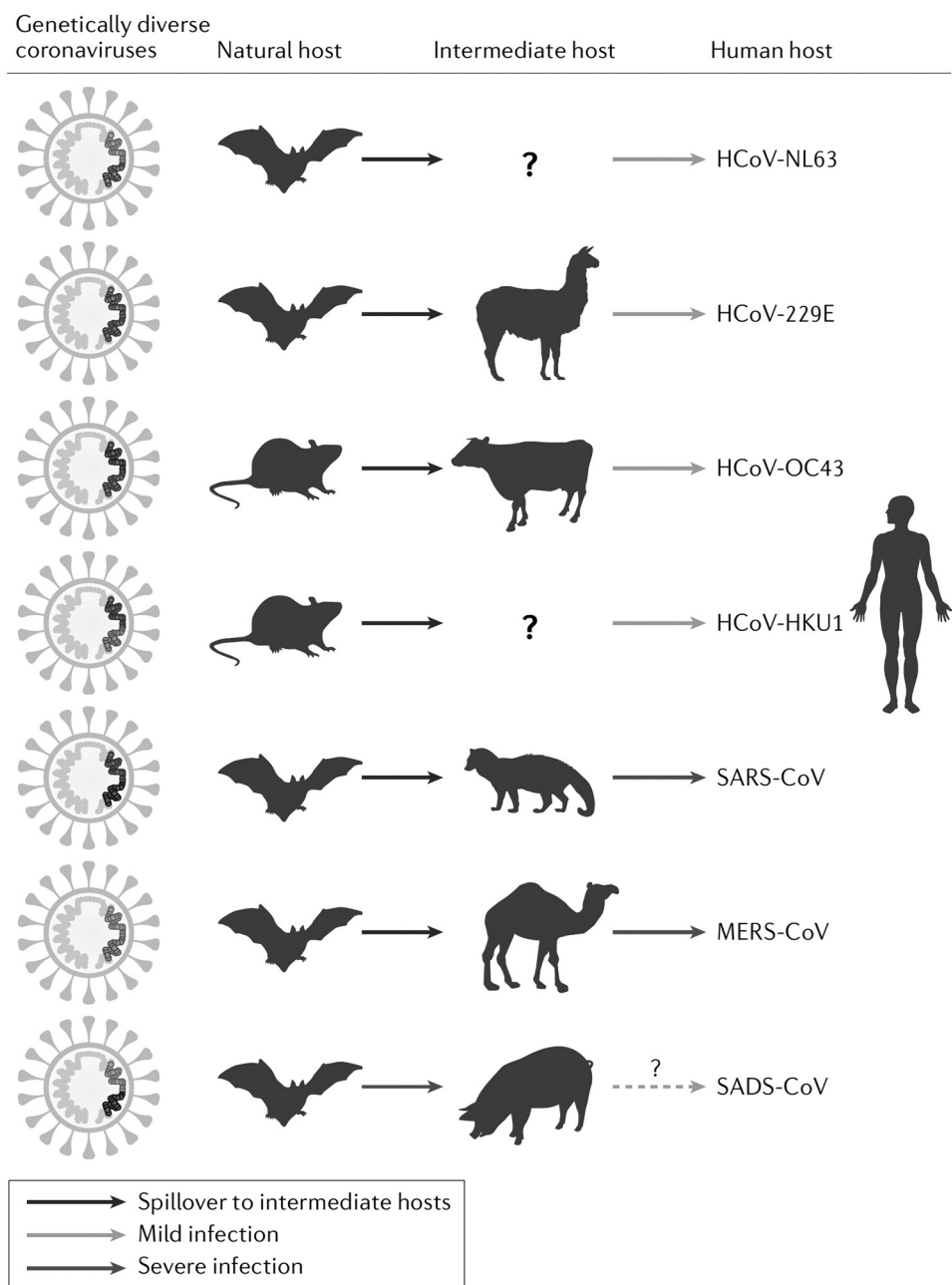
Z biologicznego punktu widzenia, pojawienie się nowego koronawirusa krążącego w populacji ludzkiej nie było zaskakujące. Procesy przełamań międzygatunkowych i międzyosobniczych są w warunkach środowiska przyrodniczego powszechne. Co więcej, relacja człowiek–zwierzęta chorobotwórczo nie jest jednokierunkowa, a humanozy (ang. *humanosis*, opisywane również jako antropozozy, ang. *anthroponosis*)⁵ są sprawozdawanymi przypadkami (Olsen i in., 1993; Sjurseth i in., 2017).

Systematycznie, wirus SARS-CoV-2 jest typowym patogenem odzwierzęcym (Cui, Shi, 2019), zaliczanym do dużej sub-rodziny Coronavirinae, rodziny Coronaviridae, szeregu Nidovirales (International Committee on Taxonomy of Viruses). Wyróżnia się ich 4 rodzaje: Alpha- i Beta- (nosicielami są ssaki) oraz Gamma i Delta- (nosicielami są przeważająco ptaki, rzadko występuje również u nietoperzy). Przełamanie bariery międzygatunkowej człowieka nie jest również nowością XXI w. Cui i Shi w pracy przeglądowej z 2019 roku wymieniają znane przed SARS-CoV-2 ludzkie koronawirusy, w tym ze wskazaniem żywicieli naturalnych (pierwotnych) i pośrednich – gdzie następowała rekombinacja wirusa adaptująca go do nowych żywicieli (zwierzęta pośrednie i człowiek) (rys. 3) (Cui, Shi, 2019).

Z ekosystemowego punktu widzenia zwraca uwagę to, że przed epidemią SARS-CoV-2 znanych było 7 koronawirusów ludzkich pochodzących od zwierząt nieudomowionych, z którymi człowiek zasadniczo nie wchodzi w zamierzony, regularny kontakt (nietoperze, gryzonie), zaś żywiele pośrednie to często zwierzęta udomowione lub użytkowane przez człowieka (trzoda chlewna, bydło, wielbłądy, lamy) (Cui, Shi, 2019; Hu i in., 2021). Dyskusja co do pochodzenia żywiciela pierwotnego i pośredniego/pośrednich wirusa SARS-CoV-2 jest dobrze streszczona przez Frutos i in. (2020), Ghosh i Malik (2020), Zhou i in. (2020a, 2020b), Hul (2021). Afelt i in. (2018a, b, c), Frutos i in. (2021) zwracają uwagę na rolę antropopresji w kształtowaniu warunków środowiskowych o narastającym ryzyku transmisji koronawirusów, jako konsekwencji skrócenia dystansu geograficznego między gatunkami w obrębie niszy socjo-ekosystemowej. Potwierdzają to również bezpośrednio dane z jesieni 2020 r., kiedy wykryto transmisję „człowiek–zwierzęta hodowlane” na farmach zwierząt futerkowych w Europie. Te zarejestrowane epizody dowodzą, że właściwości wirusa umożliwiają mu wielokierunkową cyrkulację między gatunkami (Fenollar i in., 2021; Chandler i in., 2021). Zarys pełnego cyklu krążenia SARS-CoV-2 w ujęciu warunków środowiskowych i niszy socjo-ekosystemowej oraz konsekwencji epidemiologicznych prezentuje Afelt (2022).

Epidemiologicznie, pojawienie się trzeciej już po SARS (2002 r., prowincja Guangdong w Chinach) i MERS (2012 r., Półwysep Arabski) formy ludzkiego koronawirusa w XXI w., budzi duży niepokój. Afelt i in. (2018a) oraz Frutos i in. (2020) w wynikach badań prowadzonych w Azji południowo-wschodniej wskazują na presję antropogeniczną jako czynnik ryzyka epidemiologicznego. Laxroix i in. (2017) oraz Afelt i in. (2018b, c) dokumentują w regionie Azji południowo-wschodniej w okresie 2012–2016 zależność między stanem i tempem przekształcania środowiska przyrodniczego a obecnością koronawirusów wśród lokalnie odłowionych nietoperzy. Autorzy

⁵ Humanozy to choroby zazwyczaj typowe dla ludzi, które są przenoszone na zwierzęta.

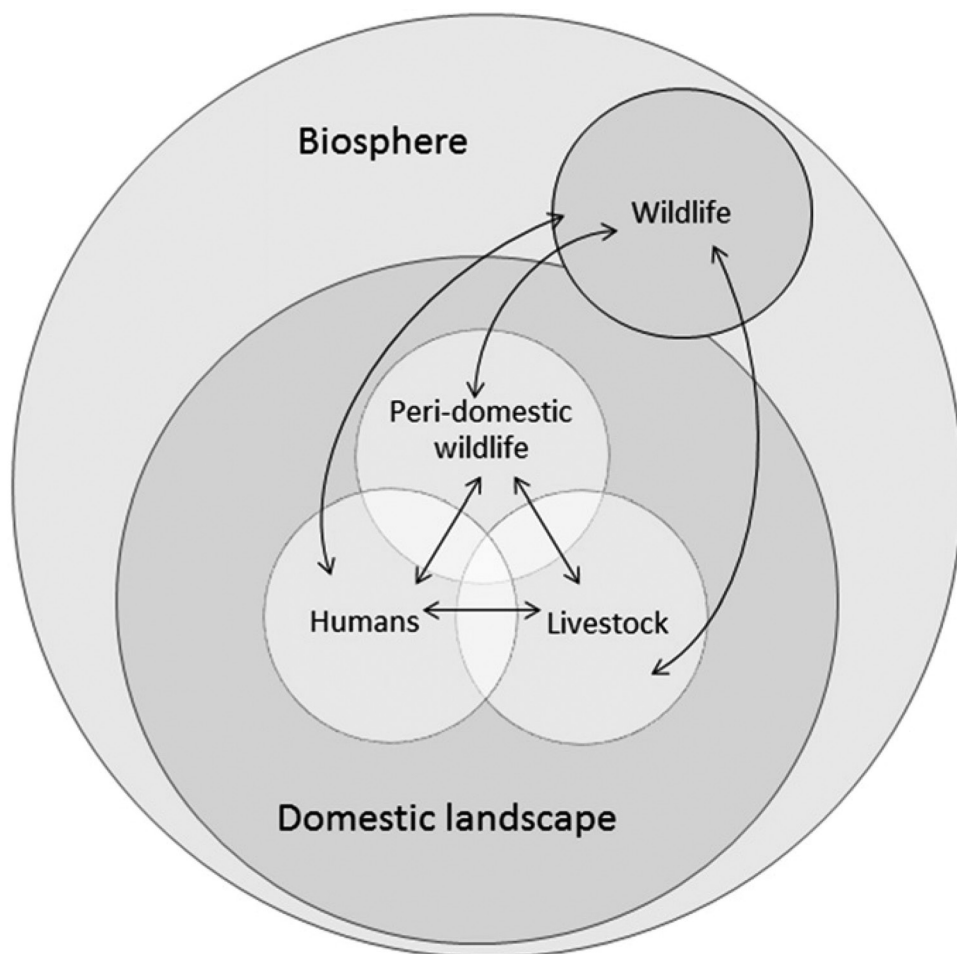


Rys. 3. Ludzkie koronawirusy znane przed SARS-CoV-2, wg Cui i in., 2018

stwierdzają m.in. na podstawie przeprowadzonych analiz, że agresywne eksploatowanie naturalnych zasobów nisz ekosystemowych na rzecz potrzeb ekonomicznych lokalnych społeczności prowadzi do ich szybkiego przekształcania w nisze socjo-ekosystemowe. Bazując na stopniu i tempie przekształcania środowiska przyrodniczego,

Grange i in. (2021) na 50 analizowanych wirusów, klasyfikują SARS-CoV-2 na 2 pozycji, po wirusie Lassa, jako patogen odzwierzęcy o wysokim potencjale ekspansji na poziomie niszy socjo-ekosystemowej.

Afelt i in. (2018a) diagnozuje, że procesowi temu sprzyja w szczególności regionalna presja demograficzna. W rezultacie nisza socjo-ekosystemowa zasiedlana jest przez całe spektrum dotychczasowych gatunków dzikich (w warunkach pierwotnych często naturalnie izolowanych od siebie preferencjami ekosystemowymi), udomowionych i człowieka, wraz ze wszystkimi konsekwencjami wielokierunkowych interakcji (Jones i in., 2013). Kontekst ekologiczny i kulturowy (tworzony przez człowieka) rozpatrywany jest w tych warunkach jako nierozdzielna całość – system podlegający całościowej ewaluacji jakościowej i ilościowej możliwego przemieszczania się patogenu, zgodnie z koncepcją One Health (Jones i in., 2013; Yamada i in., 2014; Jones i in., 2016; Rüegg i in., 2018; van Oudenhoven i in., 2018) (rys. 4).



Rys. 4. Możliwe drogi przemieszczania się patogenu w relacji <zwierzęta dzikie–zwierzęta domowe–człowiek> w obrębie biosfery, strzałki oznaczają możliwe kierunki bezpośredniego i pośredniego przekazania patogenu, za Jones i in. 2016

Globalny spadek bioróżnorodności, globalna tendencja do ujednociania profili bioróżnorodności nisz socjo-ekosystemowych oraz niwelowanie barier ekologicznych wpływają na ryzyko zdrowotne (Keesing i in., 2010; Steffen i in., 2011; Keesing, Ostfeld, 2021). Afelt (2022) zwraca uwagę na jeszcze jeden czynnik ryzyka zdrowotnego w antropocenie – skracanie dystansu geograficznego na każdym etapie obiegu patogenu, od krążenia w pierwotnej niszy socjo-ekosystemowej po globalne rozpowszechnienie w społeczności ludzkiej. Zatem, w warunkach antropocenu ryzyko zdrowotne powinno być rozpatrywane w skalach od lokalnej do globalnej, jako trzy filary zrównoważonego rozwoju (Whitmee i in., 2015; Rüegg i in., 2018): ekologiczny, społeczny i ekonomiczny.

3. Historia rozwoju pandemii

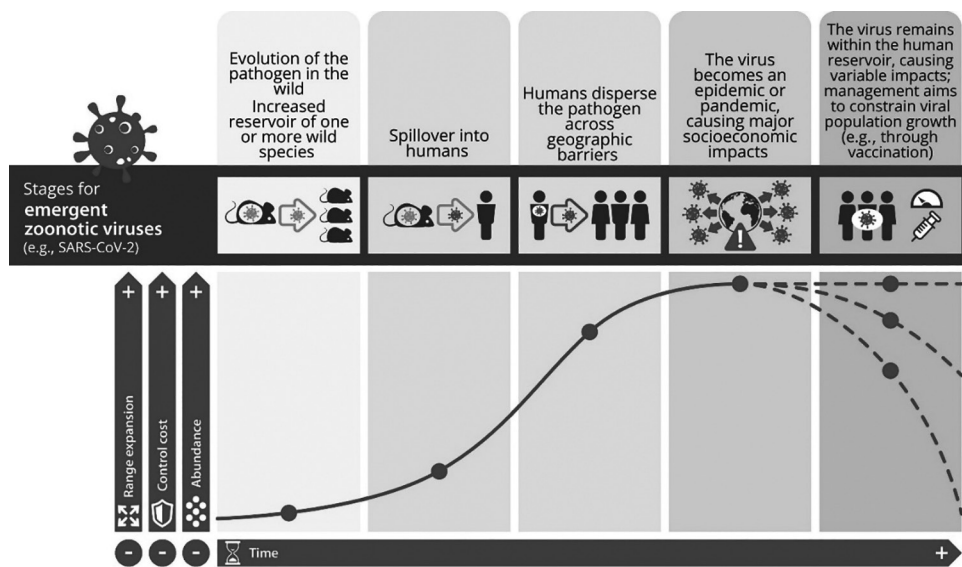
Pierwsze informacje z Chin o zidentyfikowaniu nowych, nietypowych objawów chorobowych powiązanych z zapaleniem płuc u pacjentów w aglomeracji Wuhan pojawiły się w mediach już późną jesienią 2019 r. Jedną z pierwszych charakterystyk epidemiologicznych i klinicznych 99 pacjentów z Wuhan została opublikowana w *Lancet* już w końcu stycznia 2020 r. O ówczesnej skali zachorowań świadczy to, że dane pochodziły tylko z jednego centrum medycznego Wuhan – Jinyintan Hospital, pacjentów zgromadzono między 1 a 20 stycznia 2020 r. (Chen i in., 2020).

Kalendarium początkowo epidemii, a następnie pandemii było bardzo dynamiczne (Chen i in., 2020):

- grudzień 2019 r.: identyfikacja patogenu odpowiedzialnego za wywoływanie skutków chorobotwórczych;
- 31 grudnia 2019 r.: oficjalne zgłoszenie Chin do WHO gwałtownego przyrostu częstości zachorowań na nietypowe zapalenie płuc w mieście Wuhan;
- 5 stycznia 2020 r.: zgłoszono oficjalnie 44 pacjentów sklasyfikowanych jako zakażonych nieznanym patogenem oraz ogłoszono pierwszy oficjalny raport o zagrożeniu epidemiologicznym – *First Disease Outbreak News* (WHO, 2020a);
- 7 stycznia 2020 r.: (bardzo szybka) identyfikacja nowego patogenu (WHO, 2020b);
- 12 stycznia 2020 r.: identyfikacja sekwencji genetycznej nowego patogenu (WHO, 2020);
- 11 lutego 2020 r.: nadanie przez International Committee on Taxonomy of Viruses nazwy dla nowego patogenu SARS-CoV-2 (WHO, 2020a);
- połowa lutego 2020 r.: informacje z wielu miejsc na świecie o pierwszych lokalnych (endemicznych) przypadkach zakażeń (13 lutego, Tajlandia) oraz zgonów (15 lutego, Francja);
- koniec lutego 2020 r.: w 11 krajach europejskich odnotowano przypadki zakażeń;
- 4 marca 2020 r.: oficjalnie pierwszy pacjent zidentyfikowany w Polsce, w Zielonej Górze, do połowy marca zdiagnozowano 50 przypadków krajowych (Chyż i in., 2020);
- 1 kwietnia 2020 r.: 1 000 000 zakażeń na świecie;
- 10 sierpnia 2020 r.: 1 000 000 zgonów na świecie w wyniku komplikacji po zakażeniu wirusem;

- koniec 2020 r.: wirus został stwierdzony w 221 krajach i terytoriach niezależnych, włącznie z Antarktydą.

Z punktu widzenia przebiegu pandemii, systematycznie można wyróżnić jej specyficzne etapy (Plowright i in., 2017; Nunez i in., 2020). Aktualnie jesteśmy jednocześnie na dwóch ostatnich etapach (rys. 5):

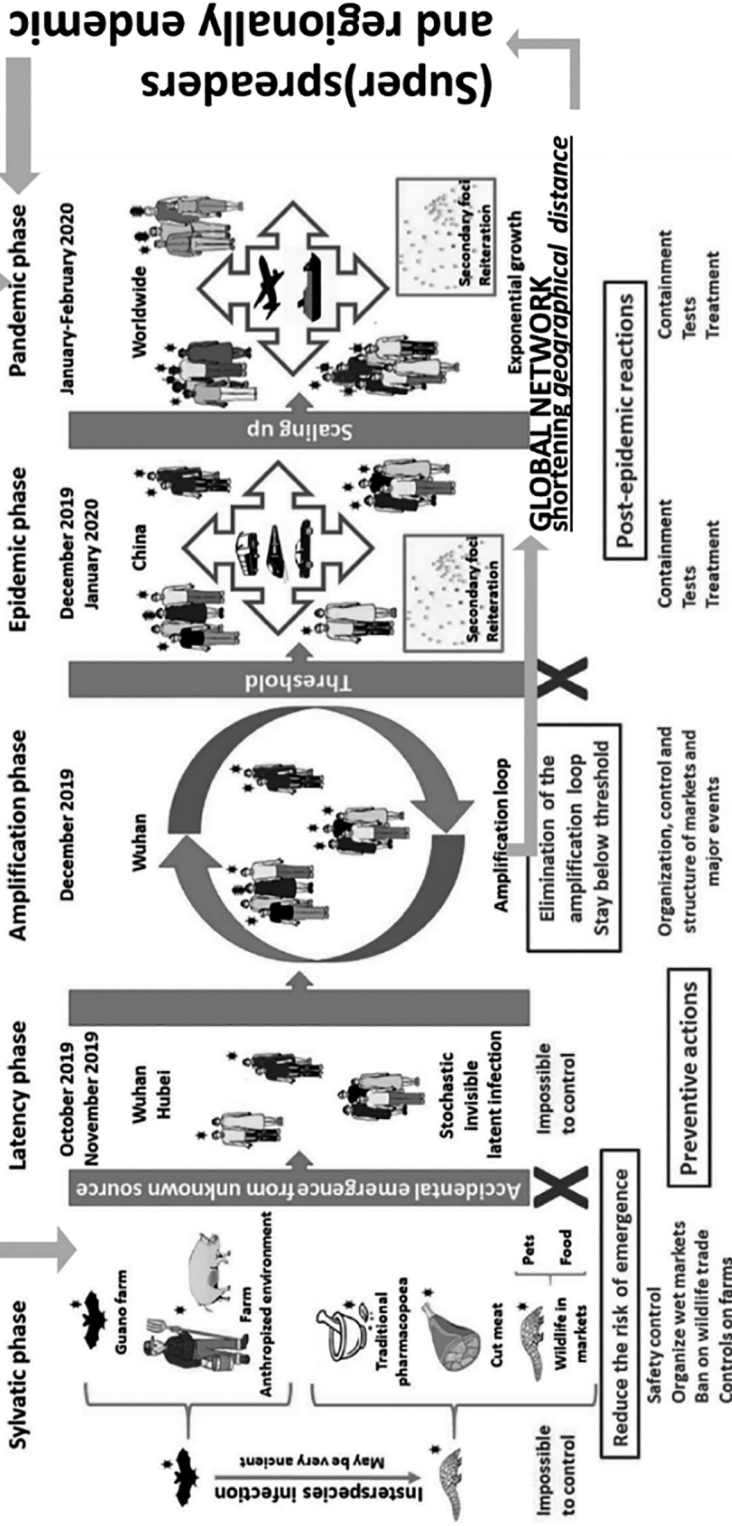


Rys. 5. Etapy ekspansji wirusa SARS-CoV-2, za Nunez i in. 2020

- po gwałtownym rozprzestrzenieniu międzykontynentalnym, wirus nabrał charakteru endemicznego, wywołując okresowo wzmożone liczby zakażeń o różnej czasowej dynamice w poszczególnych regionach;
- regionalnie zaawansowany jest proces szczepień umożliwiający wdrożenie strategii lokalnego ograniczenia cyrkulacji patogenu.

Próbę ujęcia systematycznego procesów składających się na końcowy wybuch pandemii w skali czasu, w podziale na poszczególne fazy przedstawia również Frutos i in. (2020) (rys. 6). To podejście jest najbliższe do socjo-ekosystemowego podłoża ryzyka przełamania międzygatunkowego (Afelt, 2022). Jednocześnie, w odróżnieniu od Plowright i in. (2017) punktem wyjścia ryzyka jest bezpośrednia presja antropogeniczna na środowisko przyrodnicze i wzrost prawdopodobieństwa ryzyka przełamania międzygatunkowego. Ze strategicznego punktu widzenia zarządzania zagrożeniem epidemiologicznym w dobie antropocenu, podejście Frutos i in. (2020) bardzo dobrze definiuje obszary monitoringu ryzyka: 1) stabilność nisz socjo-ekologicznych; 2) regionalne i globalne hot-spots mobilności; 3) usieciwienie kontaktów międzyludzkich.

**Lesson from SARS-CoV-2: Principle of epidemiology in anthropocene
the threat is global
 but the answer is local**



(Super)spreaders and regionally endemic phase

Rys. 6. Pojawienie się wirusa SARS-CoV-2 i jego pandemiczne rozprzestrzenienie, za Frutos i in. 2020, ze zmianami: na etapie niszy socjo-ekologicznej (sylvatic phase) dochodzi do przełamania międzygatunkowego i kolonizacji człowieka – miejsce i czas tego zdarzenia nie zostały dotychczas zidentyfikowane

4. Wirus SARS-CoV-2 w Polsce

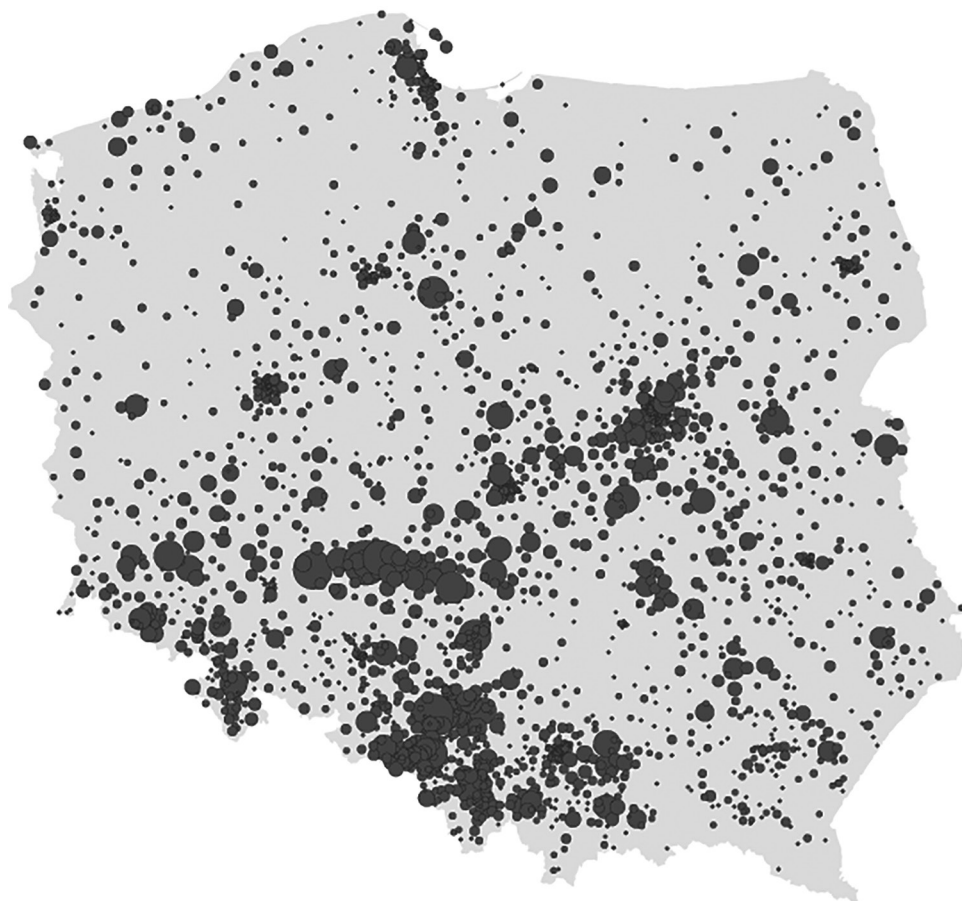
Epidemia wirusa SARS-CoV-2 rozpoczęła się w Polsce relatywnie późno w porównaniu z krajami UE. To przesunięcie wyniosło nawet ponad 30 dni w porównaniu do Włoch i Francji, oraz około 7 dni w stosunku do Niemiec (Duszyński i in., 2020). Opóźnienie rozpoczęcia epidemii należy wiązać ze słabym usieciowieniem kraju w ruchu międzynarodowym – polskie węzły transportowe nie odgrywają znaczącej roli w wymianie towarowej i ludności. Peryferyczność sprzyjała w tych okolicznościach bezpieczeństwu epidemiologicznemu pierwszych tygodni rozwoju epidemii w Europie. Pierwszy pacjent, oficjalnie zdiagnozowany jako zakażony, trafił do szpitala 4 marca, a w kolejnych 10 dniach liczba potwierdzonych przypadków wzrosła do 50 (Chyż i in., 2020). W przeważającej większości diagnozowani zakażeni byli uczestnikami indywidualnych i zorganizowanych przez rząd RP powrotów do kraju z zagranicy (m.in. akcja lotów czarterowych „Lot do domu”). Szczegółowa analiza dynamiki zakażeń oraz ich uwarunkowanie w Polsce wiosną 2020 r. zawarta jest u Afelt, Kursa (2021).

Polska była jednym z pierwszych krajów, które wprowadziły kontrolę epidemiologiczną (pomiar temperatury ciała) w ruchu granicznym lądowym i powietrznym, oraz jednym z pierwszych krajów, które zdecydowały się na całkowite zamknięcie granic (Duszyński i in., 2020). W konsekwencji wprowadzenia restrykcyjnych ograniczeń aktywności społecznej oraz prawdopodobnie społecznych obaw i niepewności związanej z nową sytuacją – liczba przypadków zakażeń i zgonów była stanowczo mniejsza niż w krajach Europy zachodniej (Włochy, Francja, Wielka Brytania, Niemcy) (ibidem). Na tym etapie – wiosna 2020 r. – epidemia w Polsce miała charakter endemiczny, ale lokalny. Jest to bardzo dobrze ilustrowane przez rozkład przestrzenny liczby oficjalnie potwierdzonych zakażeń z lokalizacją osób zakażonych w okresie marzec–czerwiec 2020 (rys. 7; ibidem; Afelt, Kursa, 2021).

Począwszy od 4 marca 2020 r. w kraju podejmowane były kolejne decyzje administracyjne mające na celu ograniczenie endemicznej transmisji wirusa oraz potencjalnego napływu osób zakażonych z zagranicy (Duszyński i in., 2020). Sytuacja niestety uległa diametralnej zmianie jesienią 2020 r., kiedy letnie rozluźnienie reżimu sanitarnego oraz powrót do pełnej aktywności społecznej (otwarcie szkół, usług, zakładów pracy) spowodowało gwałtowny przyrost liczby osób zakażonych, wymagających hospitalizacji i niestety również zgonów.

W sytuacji szczególnie trudnej epidemiologicznie znalazły się osoby w zaawansowanym wieku (65+). Zagrożenie zdrowia i życia w tej grupie wiekowej skutkowało koniecznością wyłączenia seniorów z aktywności w przestrzeni społecznej oraz wprowadzenia zmian organizacyjnych w funkcjonowaniu skierowanej *stricte* dla tej grupy społecznej pomocy socjalnej. Problematyce tej poświęcone było XXV Forum Ratownictwa Medycznego w Inowrocławiu, w październiku 2021 r., zaś międzynarodową i krajową perspektywę seniorów w pandemii prezentują Afelt i Kursa (2021).

Szczegółowe dane o przebiegu epidemii wraz z prognozami jej rozwoju były sukcesywnie publikowane m.in. przez Zespół dr Franciszka Rakowskiego z ICM UW w ramach projektu „Model epidemiologiczny ICM” (<https://covid-19.icm.edu.pl/opis-modelu/>), zespół z Wydziału Matematyki i Informatyki UW (<https://covid19.mimuw.>



Rys. 7. Koncentracja przestrzenna potwierdzonych przypadków zachorowań na COVID-19, stan dla 19.000 zdiagnozowanych przypadków, czerwiec 2020

Źródło: Opracowanie na podstawie danych PZH-PIB, M. Kursa, A. Afelt, ICM UW, za Duszyński i in. 2020.

edu.pl/index.html) oraz grupę MOCOS (MOdelling Coronavirus Spread) z Politechniki Wrocławskiej (<https://mocos.pl/pl/index.html>). Ponadto Małopolskie Centrum Biotechnologii prowadzi monitoring zmienności genetycznej wirusa SARS-CoV-2, publikując wyniki badań na stronie <https://sarswpolsce.pl/>. Główny Urząd Statystyczny na stronie <https://stat.gov.pl/covid/opracowania-covid-19/> publikuje bieżące dane dotyczące sytuacji ekonomicznej i demograficznej w kraju w trakcie epidemii. Z kolei Zespół ds. COVID-19 przy Prezesie PAN przygotowuje rekomendacje na czas epidemii, publikując je na stronie <https://informacje.pan.pl/>.

Aktualnie – na koniec sierpnia 2021 r., stan epidemiologiczny w kraju można scharakteryzować następująco:

- jesienią 2020 r. oraz wiosną 2021 r. doszło do masowej ekspozycji na naturalne zakażenie wirusem SARS-CoV-2, nie ma zgody co do tego, jaki odsetek Polaków został zakażony, wyniki symulacji przeprowadzone przez ICM UW oraz monitoring OBSER-CO prowadzony przez Narodowy Instytut Zdrowia Publiczne-

- go PZH-PIB (<https://www.pzh.gov.pl/projekty-i-programy/obserco/>) sugerują duże zróżnicowanie w zależności od grupy wiekowej;
- jako przyczyny fal zakażeń należy wskazać odnowienie sieci kontaktów społecznych oraz pojawienie się wariantu Alfa wirusa (tzw. brytyjskiego);
 - wysoka liczba zgonów spowodowanych zakażeniem wirusem oraz tzw. zgonów nadmiarowych sugeruje, że rzeczywista liczba osób po naturalnym kontakcie z wirusem jest zdecydowanie wyższa niż wynika to z oficjalnych statystyk (liczba osób dotychczas zakażonych wg Ministerstwa Zdrowia: 2 888 670 na dzień 31.08.2021);
 - od końca grudnia 2020 r. trwa narodowy Program Szczepień, stan na 31.08.2021 r. wskazuje, iż w pełni zaszczepionych jest 48,8% populacji osób dorosłych i nastolatków (dzieci w wieku 12–18 lat);
 - aktualnie dominującym w kraju wariantem wirusa jest B.1.617.2, AY.X (Delta), za <https://sarswpolsce.pl/>;
 - z dużym prawdopodobieństwem, ze względu na niski odsetek osób zaszczepionych, niewystarczający odsetek osób po naturalnym zakażeniu wirusem oraz dominujący – wysoce zakaźny wariant Delta, jesienią 2021 r. należy spodziewać się po raz kolejny gwałtownego przyrostu zakażeń i zachorowań na COVID-19.

5. Strategie kontroli pandemii

Początkowo, w pierwszych miesiącach epidemii w Chinach i na świecie szczególnie emocje wzbudzało powinowactwo nowego koronawirusa z wykrytym w 2020 r. wirusem SARS (79% pokrewieństwa genetycznego, wskaźnik zgonów na poziomie 11%) oraz z wirusem MERS wykrytym w 2012 r. (50% pokrewieństwa genetycznego, wskaźnik zgonów 35%) (Machhi i in., 2020; Hu i in., 2021). Wysokie wskaźniki śmiertelności blisko spowinowaconych koronawirusów oraz kropelkowa droga transmisji SARS-CoV-2 budziły obawę o potencjalne skutki społeczne i gospodarcze szybko rozprzestrzeniającego się globalnie wirusa.

Pierwszy okres próby ograniczenia globalnego rozpowszechnienia wirusa należy ocenić jako dość chaotyczny. Początkowe niewiadome związane z warunkami propagacji wirusa sprzyjały powstaniu wielu luk w ograniczeniu jego globalnej transmisji (Duszyński i in., 2020):

- zróżnicowany osobniczo czas między zakażeniem a wystąpieniem objawów;
- nieznanym początkowo odsetek osób zakażonych niewykazujących objawów zakażenia – czyli nosicieli utajonych;
- niejasny okres najwyższej zakaźności osób zakażonych objawowo i bezobjawowo.

Pierwszą i aż do wprowadzenia powszechnych szczepień z końcem 2020 r., jedyną dostępną strategią ochrony przed zakażeniem były jedynie środki biernej ochrony epidemicznej – maseczka, dystans, dezynfekcja oraz ograniczenie aktywności społecznej. Większość krajów wprowadziła również strategię „Zostań w domu”. Przy braku środków farmakologicznych zapobiegających zakażeniu lub je hamujących, wciąż stosowana jest głównie strategia izolacji osób zakażonych i podejrzanych o zakażenie.

Działania ograniczające ekspansję wirusa są regionalnie zróżnicowane. W zależności od podjętych na szczeblach rządów poszczególnych krajów decyzji strategicznych, działania te można podzielić na następujące kategorie:

- izolacja kraju od napływu z zewnątrz osób potencjalnie zakażonych: stosowanie restrykcyjnej kwarantanny dla własnych obywateli wracających do kraju oraz ograniczenie napływu osób bez obywatelstwa (Tajwan, Singapur, Australia, Wietnam);
- bierna ochrona epidemiologiczna, czyli ograniczenie aktywności społecznej i zawodowej, zalecane lub prawnie wprowadzone nakazy noszenia maseczki, dystansu społecznego, dezynfekcji dłoni (większość krajów europejskich);
- stosowanie restrykcyjnego ograniczenia aktywności społecznej w warunkach wzrostu liczby zakażeń (Chiny, Niemcy, Wietnam, Polska), w tym narzędzi takich jak bezpośredni nadzór epidemiologiczny nad osobami zakażonymi i z kontaktu, wprowadzanie rozwiązań informatycznych śledzenia kontaktów (np. ProteGo w Polsce czy TousAntiCovid we Francji);
- wprowadzenie programu powszechnie dostępnych, ale nieobowiązkowych szczepień bez ograniczania aktywności osób niezaszczepionych w przestrzeni publicznej (kraje UE, większość krajów wysoko rozwiniętych ekonomicznie);
- restrykcje w dostępie do usług, przestrzeni publicznej (np. transportu) i wymiany międzynarodowej dla osób niezaszczepionych i/lub nie posiadających aktualnego negatywnego wyniku testu genetycznego na obecność koronawirusa w organizmie (Francja, Niemcy);
- łączenie wymienionych rozwiązań.

Działania w ramach wewnątrz krajowej kontroli epidemii, poza klasyczną organizacją systemu opieki medycznej, obejmują z reguły również monitoring i prognozowanie dynamiki epidemii. Te działania są z reguły koordynowane na szczeblu rządowym, a realizowane przez instytucje i zespoły naukowe. W skład podstawowego monitoringu epidemii wchodzi standardowo następujące działania:

- gromadzenie i przetwarzanie danych epidemiologicznych o zakażeniach i pochodnych danych medycznych, w tym o szczepieniach;
- badania populacyjne obejmujące analizę stopnia penetracji populacji przez wirusa (np. OBSER-CO, NIZP PZH-PIB);
- monitoring genetyczny wirusa, w tym w rozkładzie reprezentacji geograficznej (Long i in., 2020);
- różnoczasowe prognozowanie dynamiki zakażeń z wykorzystaniem zaawansowanych modeli matematycznych wykorzystujących dane przestrzennie rozłożone (Rakowski i in., 2010; Venkatramanan i in., 2018; Hunter i in., 2019);
- modelowanie matematyczne optymalnych strategii zarządzania epidemią (m.in. efektywności contact-tracing, kwarantanny ect. (Aleta i in., 2020);
- monitoring obecności wirusa w ściekach, którego efektem jest często wyprzedzenie informacji o ognisku zakażenia (La Rosa i in., 2020).

Napływające dane o transmisji wirusa SARS-CoV-2 o kierunku człowiek-zwierzęta będzie wymagać w najbliższym czasie uzupełnienia klasycznego monitoringu populacji ludzkiej o monitoring zwierząt, zarówno udomowionych, jak i dzikich. Jedne z pierwszych doniesień w tym zakresie przedstawia Monastiri i in. (2021).

6. Podsumowanie

Cywilizację europejską pod koniec XX w. charakteryzował optymizm epidemiologiczny. Rozwój medycyny, skuteczne leki, system szczepień stanowiły częstą podstawę do wypowiedzi takich jak Burnet i White (1973): „najbardziej prawdopodobną prognozą dotyczącą przyszłości chorób zakaźnych jest to, że będzie bardzo nudna”. Ten punkt widzenia zaczął się raptownie zmieniać z początkiem XXI w., wraz z pojawieniem się serii chorób zakaźnych: SARS (2003), H1N1 (2009), Ebola (2014) i Zika (2016). Dziś chyba możemy powiedzieć o rzeczywistości wiele, tylko nie to, że jest nudna epidemiologicznie.

Marani i in. (2021) analizując częstość występowania epidemii nowych chorób zakaźnych począwszy od 1600 r. wskazują, że ze statystycznego punktu widzenia mieliśmy pecha – pandemia SARS-CoV-2 wybuchła „za wcześniej”. Z ekologicznego punktu widzenia, stanu jakości środowiska naturalnego – pandemia nie była zaskoczeniem, była wieszczona przez wielu badaczy, włączenie z wprowadzeniem przez WHO w 2018 r. terminu „Disease X”. Termin ten oznacza istnienie/reprezentowanie wiedzy o zagrożeniu przez nieznaną jeszcze chorobę, która może być spowodowana przez patogen niepowodujący jeszcze zachorowań wśród ludzi (www.ecohealthalliance.org/2018/03/disease-x). Wyniki badań naukowych w obszarze środowiskowych uwarunkowań ryzyka nowych chorób odzwierzcących od co najmniej dwóch dekad nie pozostawiają wątpliwości co do relacji między presją antropogeniczną, wywieraną na naturalne zasoby ekosystemów, a ryzykiem epidemii nowych chorób.

Z punktu widzenia rozpowszechnienia koronawirusów oraz naturalnego cyklu obiegu patogenów w środowisku przyrodniczym, pojawienie się nowej formy ludzkiego koronawirusa nie było zaskakujące jako zjawisko. Z holistycznego punktu widzenia koncepcji One Health, człowiek jest elementem systemu przyrodniczego – funkcjonuje we wzajemnej współzależności z otaczającym środowiskiemżywionym i nieożywionym, zatem ekspozycja na nowy wirus jest naturalną konsekwencją naszego istnienia. Interdyscyplinarne badania i próby modelowania procesów epidemiologicznych zachodzących w obrębie nisz socjo-ekosystemowych również prezentowały jasne przesłanki ryzyka pojawienia się nowej formy koronawirusa odzwierzcącego.

SARS-CoV-2 zawdzięcza również swój sukces błyskawicznego rozpowszechnienia przedziałowi historii ludzkości, w której się pojawił. Globalne powiązania ekonomiczne i transportowe tworzą gęstą sieć połączeń międzyludzkich, co skutkuje skróceniem dystansu geograficznego. Nasze usieciowienie stwarza dla wirusa idealne warunki dystrybucji, która nastąpiła globalnie nieomal jednocześnie – w przedziale około 6 miesięcy zarejestrowano obecność wirusa praktycznie rzecz biorąc we wszystkich ekumenach oraz wielu sub-ekumenach, jak dla przykładu wśród badaczy na Antarktydzie.

Aktualnie sytuacja cyrkulacji wirusa rozwija się w dwóch kierunkach:

- 1) trwa kolonizacja społeczności ludzkiej – regionalnie zróżnicowany jest odsetek osób po naturalnym kontakcie z patogenem, trwa proces ewolucji wirusa dążący do optymalizacji mechanizmu zakażenia gospodarzy, stąd pojawiają się regionalne warianty SARS-CoV-2 (CDC, 2021);
- 2) trwa proces tworzenia przez wirusa SARS-CoV-2 jego lokalnych enklaw wśród zwierząt (udomowionych, hodowlanych i dzikich) na drodze transmisji człowiek–zwierzęta (Chandler, 2021; Fenollar, 2021; Hobbs, Reid, 2021).

Trwa poszukiwanie skutecznych preparatów leczniczych, które umożliwiłyby ochronę przed zakażeniem i/lub skutkami zakażenia.

Na obecnym etapie rozwoju pandemii jasne jest to, że naturalne zakażenie wirusem SARS-CoV-2 stwarza zagrożenie dla ludzkiego zdrowia i życia. CDC oraz WHO na bieżąco publikują dostępne i potwierdzone naukowo wyniki badań, niemniej za wcześnie jest na ocenę długoterminowych, wieloletnich skutków przejścia zakażenia wirusem w kontekście populacyjnej kondycji zdrowotnej. Biorąc pod uwagę regionalne zróżnicowanie: 1) ekonomiczne, 2) krajowych polityk w zakresie zdrowia publicznego, 3) poziomu rozwoju opieki medycznej oraz 4) czynniki demograficzne, należy spodziewać się zróżnicowanej wrażliwości i podatności poszczególnych krajów na kryzys epidemiologiczny SARS-CoV-2 i jego skutki społeczno-ekonomiczne (Saito, Laques, Afelt, 2020).

Bibliografia

- Afelt A. (2022), *Pandémie du Covid-19 dans une perspective des sciences de la nature*, w: *L'Europe centrale face au Covid*, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego (w druku).
- Afelt A., Kurska M. (2021), *SARS-CoV-2 w Polsce – dynamika przestrzenna i ilościowa w 2020 r.*, w: *Bezpieczeństwo osób starszych w przestrzeni miejskiej. Analiza doświadczeń, wnioski i rekomendacje z uwzględnieniem okresu pandemii SARS-CoV-2*, Publisher: Wydawnictwo Naukowe FNCE.
- Afelt A., Frutos R., Devaux Ch. (2018a), *Bats, Coronaviruses, and Deforestation: Toward the Emergence of Novel Infectious Diseases?*, „Frontiers in Microbiology”, nr 9, s. 702. doi: 10.3389/fmicb.2018.00702.
- Afelt A., Lacroix A., Zawadzka-Pawlewska U., Pokojski W., Buchy P., Frutos R. (2018b), *Distribution of bat-borne viruses and environment patterns*, „Infection Genetics and Evolution”, nr 58, s. 181–191.
- Afelt A., Devaux Ch., Serra-Cobo J., Frutos R. (2018c), *Bats, Bat-Borne Viruses, and Environmental Changes*, w: *Bats*, IntechOpen, DOI: 10.5772/intechopen.74377.
- Aleta A., Martín-Corral D., Pastore y Piontti, Ajelli M., Litvinova M., Chinazzi M., Dean N. E., Halloran M. E., Longini Jr I. M., Merler S., Pentland A., Vespignani A., Moro E., Moreno Y. (2020), *Modelling the impact of testing, contact tracing and household quarantine on second waves of COVID-19*, „Nat Hum Behav” 4, s. 964–971, <https://doi.org/10.1038/s41562-020-0931-9>.
- Burnet M., White D. O. (1972), *Natural History of Infectious Disease*, CUP Archive.
- Bygbjerg Ch., Meyrowitsch W. (2007), *Global transition in health*, „Danish Medical Bulletin”, vol. 54, no. 1, s. 44–45.
- Centers for Disease Control and Prevention (2021) SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions, <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html>.
- Chandler J. C., Bevins S. N., Ellis J. W., Linder T. J., Tell R. M., Jenkins-Moore M., Root J. J., Lenocho J. B., Robbe-Austerman S., DeLiberto T. J., Gidlewski T., Torchetti M. K., Shriner S. A. (2021), *SARS-CoV-2 exposure in wild white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*)*, bioRxiv 2021.07.29.454326, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.07.29.454326>.
- Chen N., Zhou M., Dong X., Qu J., Gong F., Han Y., Qiu Y., Wang J., Liu Y., Wei Y., Xia J., Yu T., Zhang X., Zhang L. (2020), *Epidemiological and clinical characteristics of 99*

- cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study*, „The Lancet”, vol. 395, issue 10223, s. 507–513.
- Chyż B., Korzeniowska K., Pawłowska D. (2020), *Koronawirus w Polsce. Jak doszło do 50 pierwszych przypadków*, „Gazeta Wyborcza”, 13 marca 2020, <https://biqdata.wyborcza.pl/biqdata/7,159116,25784573,jak-rozchodzi-sie-koronawirus-w-polsce.html>.
- Cliff A. D., Smallman-Raynor M. R., Haggett P., Stroup D. F., Thacker S. B. (2009), *Emergence and Re-Emergence Infectious Diseases. A Geographical Analysis*, Oxford Geographical and Environmental Studies, Oxford University Press.
- Cui J., Li F., Shi Z. L. (2019), Origin and evolution of pathogenic coronaviruses, „Nat Rev Microbiol”, nr 17, s. 181–192, <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>.
- Duszyński J., Afelt A., Ochab-Marcinek A., Owczuk R., Pyrc K., Rosińska M., Rychard A., Smiatacz T. (2020), *Zrozumieć COVID-19*, Opracowanie zespołu ds. Covid-19 przy Prezesie Polskiej Akademii Nauk, PAN, Warszawa, Polska.
- Fenollar F., Mediannikov O., Maurin M., Devaux Ch., Colson P., Levasseur A., Fournier P-E., Raoult D. (2021), *Mink, SARS-CoV-2, and the Human-Animal Interface*, „Frontiers in Microbiology”, vol.12, DOI=10.3389/fmicb.2021.663815.
- Frutos R., Serra-Cobo J., Chen T., Devaux Ch. A. (2020), *COVID-19: Time to exonerate the pangolin from the transmission of SARS-CoV-2 to humans*, „Infection, Genetics and Evolution”, Vol. 84, <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104493>.
- Frutos R., Serra-Cobo J., Pinault L., Lopez R.M., Devaux Ch. A. (2021), *Emergence of Bat-Related Betacoronaviruses: Hazard and Risks*, „Frontiers in Microbiology”, vol. 12, DOI=10.3389/fmicb.2021.591535.
- Ghosh S., Malik Y. S. (2020), *Drawing Comparisons between SARS-CoV-2 and the Animal Coronaviruses*, *Microorganisms*” 8, 1840; doi:10.3390/microorganisms8111840.
- Grange Z. L., Goldstein T., Johnson Ch. K., Anthony S., Gilardi K., Daszak P., Olival K. J., O’Rourke T., Murray S., Olson S. H., Togami E., Vidal G., Panel E., PREDICT Consortium, Mazet J. A. K. (2021), *Ranking the risk of animal-to-human spillover for newly discovered viruses*, PNAS, vol. 118, no. 15, e2002324118, <https://doi.org/10.1073/pnas.2002324118>.
- Hibbard K. A., Crutzen P. J., Lambin E. F., Liverman D., Mantua N. J., McNeill J. R., Messerli B., Steffen W. (2006), *Decadal interactions of humans and the environment*, w: *Integrated History and Future of People on Earth. Dahlem workshop report 96*, red. R. Costanza, L. Graumlich, W. Steffen, MIT Press, Boston, MA, s. 341–375.
- Hobbs E. C., Reid T. J. (2021), *Animals and SARS-CoV-2: Species susceptibility and viral transmission in experimental and natural conditions, and the potential implications for community transmission*, *Transbound Emerg Dis.* 68, s. 1850–1867.
- Hu B., Guo H., Zhou P., Shi Z-L. (2021), *Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19*, „Nat Rev Microbiol” 19, s. 141–154, <https://doi.org/10.1038/s41579-020-00459-7>.
- Hul V., Delaune D., Karlsson E. A., Hassanin A., Tey P. O., Baidaliuk A., Gámbaro F., Tu V. T., Keatts L., Mazet J., Johnson Ch., Buchy P., Dussart P., Goldstein T., Simon-Lorière E., Duong V. (2021), *A novel SARS-CoV-2 related coronavirus in bats from Cambodia*, <https://doi.org/10.1101/2021.01.26.428212>, doi: bioRxiv preprint.
- Hunter E, Mac Namee B., Kelleher J. (2019), *An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks*, PLOS ONE 14(1), e0211245, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0211245>.
- Hutchinson G. E. (1957), *Concluding remarks*, „Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.” 22, s. 415–457.

- Jones B. A., Grace D., Kock R., Alonso S., Rushton J., Said M. J., McKeever D., Mutua F., Young J., McDermott J., Pfeiffer D. U. (2013), *Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change* *Proceedings of the National Academy of Sciences*, DOI: 10.1073/pnas.1208059110.
- Jones B., Bedson M., Pfeiffer D. U. (2016), *Eco-social processes influencing infectious disease emergence and spread*, Royal Veterinary College <http://dx.doi.org/10.1017/S0031182016001414>.
- Karesh W. B., Cook R. A., Bennett E. L., Newcomb J. (2005), *Wildlife trade and global disease emergence*, „Emerg Infect Dis.” 11(7), s. 1000–1002.
- Keesing F., Belden L. K., Daszak P., Dobson A., Harvell C. D., Holt R. D., Hudson P., Jolles A., Jones K. E., Mitchell Ch. E., Myers S. S., Bogich T., Ostfeld R. S. (2010), *Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases*, „Nature” 468, s. 647–652, <https://doi.org/10.1038/nature09575>.
- Keesing F., Ostfeld R. S. (2021), *Impacts of biodiversity and biodiversity loss on zoonotic diseases*, PNAS, vol. 118, no. 17, <https://doi.org/10.1073/pnas.2023540118>.
- Kolbert E. (2011), *Enter the Anthropocene: Age of man*, „National Geographic” 219, s. 60–77.
- Lacroix A., Duong V., Hul V., Sorn S., Holl D., Omaliss K., Chea S., Hassanin A., Theppangna W., Silithammavong S., Afelt A., Greatorex Z., Fine A., Goldstein T., Keatts L., Frutos R., Buchy P. (2017), *Genetic diversity of coronaviruses in bats in Lao PDR and Cambodia*, „Infection Genetics and Evolution”, 48 (2017), s. 10–18.
- La Rosa G., Iaconelli M., Mancini P., Ferraro G. B., Veneri C., Bonadonna L., Lucentini L., Suffredini E. (2020), *First detection of SARS-CoV-2 in untreated wastewaters in Italy*, „Science of The Total Environment”, vol. 736, <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139652>.
- Long S. W., Olsen R. J., Christensen P. A., Bernard D. W., Davis J. J., Shukla M., Nguyen M., Saavedra M. O., Yerramilli P., Pruitt L., Subedi S., Kuo H-C., Hendrickson H., Eskandari G., Nguyen, H. A. T., Long J. H., Kumaraswami M., Goike J., Boutz D., Gollihar J., McLellan J. S., Chou C-W., Javanmardi K., Finkelstein I. J., Musser J. M. (2020), *Molecular architecture of early dissemination and massive second wave of the SARS-CoV-2 virus in a major metropolitan area*, mBio 11:e02707-20, <https://doi.org/10.1128/mBio.02707-20>.
- Machhi J., Herskovitz J., Senan A. M., Dutta D., Nath B., Oleynikov M. D., Blomberg W. R., Meigs D. D., Hasan M., Patel M., Kline P., Chuen-Chung Chang R., Chang L., Gendelman H. E., Kevadiya B. D. (2020), *The Natural History, Pathobiology, and Clinical Manifestations of SARS-CoV-2 Infections*, „J. Neuroimmune Pharmacol” 15, s. 359–386.
- Marani M., Katul G., Pan W., Parolari A. (2021), *Intensity and frequency of extreme novel epidemics*, EGU General Assembly, online, 19–30 Apr 2021, EGU21-9227, <https://doi.org/10.5194/egusphere-egu21-9227>.
- Monastiri A., Martín-Carrillo N., Foronda P., Izquierdo-Rodríguez E., Feliu C., López-Roig M., Miquel J., Ar Gouilh M., Serra-Cobo J. (2021), *First Coronavirus Active Survey in Rodents From the Canary Islands*, „Front. Vet. Sci.” 8:708079, doi: 10.3389/fvets.2021.708079.
- Nunez M., Pauchard A., Riccardi A. (2020), *Invasion Science and the Global Spread of SARS-CoV-2*, „Trends in Ecology and Evolution”, vol. 35, issue 8, s. 642–645.
- Olsen B., Bergström S., McCafferty D. J., Sellin M., Wiström G. (1996), *Salmonella enteritidis in Antarctica: zoonosis in man or humanosis in penguins?*, „Lancet”, 348(9037), s. 1319–20.

- Osek J., Wieczorek K. (2013), *Zoonozy i ich czynniki etiologiczne w Europie – raport Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA) za 2011 r.*, „Życie Weterynaryjne”, 88(5), s. 365–373.
- Plowright R. K., Parrish C. R., McCallum H., Hudson P. J., Ko A. I., Graham A. L., Lloyd-Smith J. O. (2017), *Pathways to zoonotic spillover*, „Nature reviews. Microbiology”, 15(8), s. 502–510, <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.45>.
- Pickering L. K., Marano N., Bocchini J. A., Angulo F. J. (2008), *Exposure to Nontraditional Pets at Home and to Animals in Public Setting: Risks to Children*, „Pediatrics”, vol. 122, no. 4, American Academy of Pediatrics (AAP).
- Rakowski F., Gruziel M., Bieniasz-Krzywiec Ł., Radomski J. P. (2010), *Influenza epidemic spread simulation for Poland – a large scale, individual based model study*, „Physica A: Statistical Mechanics and its Applications, Elsevier”, vol. 389(16), s. 3149–3165.
- Rüegg S. R., Häslér B., Zinsstag J. (red.) (2018), *Integrated approaches to health. A handbook for the evaluation of One Health*, Wageningen Academic Publishers.
- Saito C. H., Laques A-E., Afelt A. (2020), *The world after Covid-19: vulnerabilities, uncertainties, and socio-environmental challenges*, „JUSTIÇA DO DIREITO”, vol. 34, no. 2, s. 52–104.
- Sjurseth S. K., Gjerset B., Bragstad K., Hungnes O., Wisloff H., Er Ch., Valheim M., Lotvedt S. M., David B., Hanssen S. A., Hauge S. H., Hofshagen M. (2017), *Human to animal transmission of influenza A(H1N1)pdm09 in a turkey breeder flock in Norway*, „Infection Ecology & Epidemiology”, 7:1, DOI: 10.1080/20008686.2017.1416249.
- Steffen W., Persson A., Deutsch L., Zalasiewicz J., Williams M., Richardson K., Crumley C., Crutzen P., Folke C., Gordon L., Molina M., Ramanathan V., Rockström J., Scheffer M., Schellnhuber H. J., Svedin U. (2011), *The anthropocene: from global change to planetary stewardship*, „Ambio”, 40(7), s. 739–761.
- Steffen W., Sanderson A., Tyson P. D., Jager J., Matson P. M., Moore B., Oldfield F., Richardson K., Schellnhuber H. J., Turner B. L., Wasson R. J., (2004), *Global change and the Earth system: a planet under pressure*, Springer-Verlag, New York, USA.
- Steinmuller N., Demma L., Bender J. B., Eidson M., Angulo F. J. (2006), *Outbreaks of enteric disease associated with animal contact: not just a foodborne problem anymore*, „Clinical Infect. Dis.” 43(12), s. 1596–1602.
- Vallin J., Mesle F. (2004), *Convergences and divergences in mortality. A new approach to health transition*, „Demographic Research” – Special Collection 2, s. 11–44, DOI: 10.4054/DemRes.2004.S2.2.
- van Oudenhoven A. P. E., Martín-López B., Schröter M., de Groot R. (2018), *Advancing science on the multiple connections between biodiversity, ecosystems and people*, „International Journal of Biodiversity Science, Ecosystem Services & Management”, 14:1, s. 127–131, DOI: 10.1080/21513732.2018.1479501.
- Venkatramanan S., Lewis B., Chen J., Higdon D., Vullikanti A., Marathe M. (2018), *Using data-driven agent-based models for forecasting emerging infectious diseases*, „Epidemics”, vol. 22, s. 43–49, doi.org/10.1016/j.epidem.2017.02.010.
- Whitmee S., Haines A., Beyrer C., Boltz F., Capon A. C., de Souza Dias B. F., Ezeh A., Frumkin H., Gong P., Head P., Horton R., Mace G. M., Marten R., Myers S. S., Nishtar S., Osofsky S. A., Pattanayak S. K., Pongsiri M. J., Romanelli C., Soucat A., Vega J., Yach D. (2015), *Safeguarding human health in the Anthropocene epoch: report of The Rockefeller Foundation-Lancet Commission on planetary health*, „Lancet”, 386, s.1973–2028.
- World Health Organization Report: Global health risks: mortality and burden of disease attributable to selected major risks* (2009), Department of Health Statistics and Informatics

- in the Information, Evidence and Research Cluster of the World Health Organization, Geneva, Switzerland.
- World Health Organization (2020a), *WHO Timeline-COVID-19*, <https://www.who.int/news-room/detail/27-04-2020-who-timeline%2D%2D-covid-19>.
- World Health Organization (2020b), *Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports*, <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports/>.
- Yamada A., Kahn L. A., Kaplan B., Monath T. P., Woodall J., Conti L. (2014), *Confronting Emerging Zoonoses. The One Health Paradigm*, Springer.
- Zalasiewicz J., Williams M., Haywood A., Ellis M. (2011), *The Anthropocene: a new epoch of geological time? Introduction*, „Philosophical Transactions of the Royal Society Series A Mathematical Physical and Engineering Sciences” 369, s. 835–841.
- Zhou P., Yang X-L., Wang X-G., Hu., Zhang L., Zhang W., Si H-R., Zhu Y., Li B., Huang Ch-L., Chen H.-D., Chen J., Luo Y., Guo H., Jiang R-D., Liu M-Q., Chen Y., Shen X-R., Wang X., Zheng X-S., Zhao K., Chen Q-J., Deng F., Liu L-L., Yan B., Zhan F-X., Wang Y-Y., Xiao G-F., Shi Z-L. (2020), *A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin*, „Nature” 579, s. 270–273, doi:10.1038/s41586-020-2012-7.
- Zhou H., Chen X., Hu T., Li J., Song H., Liu Y., Wang P., Liu D., Yang J., Holmes E. C., Hughes A. C., Bi Y., Shi W. (2020), *A Novel Bat Coronavirus Closely Related to SARS-CoV-2 Contains Natural Insertions at the S1/S2 Cleavage Site of the Spike Protein*, „Curr. Biol.” 30, 3896, doi:10.1016/j.cub.2020.09.030.

Epidemiological threat from the perspective of the Anthropocene

Summary

The pandemic potential of already known zoonotic viruses and the risk of emergence of new ones is estimated by WHO as one of the major threats to humanity. The zoonotic coronavirus SARS-CoV-2 is already the third of this large group of viruses to emerge in the 21st century, surprising the human population with its transmission efficiency and adaptability. The rate of virus spread is unprecedented in human history, and a contributing factor is our global networking – transport connections that shorten the geographical distance between regions and continents. Regionally, the rate of spread of local populations varies, depending on demographic and socio-economic characteristics and the pandemic management strategy pursued. In Poland, the spread of infections, the contribution of individual variants in waves of infections are shifted by about one season in relation to Western European countries, which is typical for Central European countries. Large numbers of deaths recorded in Poland, but also in general in Central and Eastern European countries during epidemics indicate the need to improve health care in terms of strategies dedicated to epidemiological management in practice: preparing the health care system to respond to crisis situations, conducting an effective vaccination policy, developing dedicated programmes to protect social groups particularly vulnerable to the effects of infection.

Key words: SARS-CoV-2, pandemic, anthropocene, public health, socio-ecological niche, epidemiological monitoring, One Health