

Román Zsuzsa

Budapest Főváros Kormányhivatala, Népegészségügyi Főosztály, Budapest / Department of Public Health, Government Office of the City of Budapest, Budapest

DOI: <https://doi.org/10.29179/EgTud.2022.2.4-11>

A *Hyalomma marginatum* kullancs és a krími-kongói vérzéses láz előfordulásának kockázata Magyarországon

Risk of the spread of *Hyalomma marginatum* tick and the Crimean-Congo haemorrhagic fever in Hungary

Összefoglalás

Az elmúlt években hazánkban és más, hasonló fekvésű európai országokban is szórványosan megjelent a *Hyalomma marginatum* kullancs, mely élőhelye az eredeti mediterrán, észak-afrikai és dél-ázsiai területekről megfigyelhetően északabbra tolódik. A kullancsfaj jelentőségét mutatja, hogy elsődleges terjesztője a krími-kongói vérzéses láznak, és ez a betegség, mint globális veszélyt jelentő, újonnan előforduló betegség 2018 óta szerepel az Egészségügyi Világszervezet dokumentumaiban. A *Hyalomma marginatum* változó elterjedése összefüggésbe hozható egyrészt az éghajlatváltozással, másrészt a globalizációval és az urbanizációval, illetve a növekvő nemzetközi kereskedelemmel és utazásokkal, az intenzív állattartással és a modern mezőgazdasági földhasználattal, a városokban növekvő peremkerületekkel. A téma népegészségügyi jelentőségét a betegség súlyossága és járványos terjedése adja. A betegség általában a fertőzött kullancsok csípésével, fertőzött vérrel vagy állati szövetekkel terjed. Nosokomiális átvitel történhet fertőzött vérrel vagy testnedvekkel való közvetlen érintkezés útján valamint kontaminált orvosi műszerekkel történő ellátás révén. A betegség megelőzése és a fertőzés terjedésének megakadályozása népegészségügyi feladat is.

Kulcsszavak: kullancs, *Hyalomma marginatum*, vírus, krími-kongói vérzéses láz, klímaváltozás

Abstract

In recent years, the *Hyalomma marginatum* tick has appeared sporadically in our country and in other European countries with similar latitudes, shifting its habitat from its original Mediterranean, North African and South Asian habitats to a more northerly position. The importance of this tick species is demonstrated by the fact that it is the primary vector of Crimean-Congo haemorrhagic fever, and this disease has been listed as an emerging global threat by the World Health Organization since 2018. The changing distribution of *Hyalomma marginatum* is associated with climate change, globalisation and urbanisation, as well as increasing international trade and travel, intensive livestock farming and modern agricultural land use, and growing peri-urbanisation. The public health importance of this topic is due to the severity and epidemic spread of the disease. The disease is usually transmitted by the bite of infected ticks, contaminated blood or animal tissues. Nosocomial transmission may occur through direct contact with infected blood or body fluids or through the use of contaminated medical instruments. Preventing the disease and stopping the spread of infection is also a public health responsibility.

Keywords: tick, *Hyalomma marginatum*, virus, Crimean-Congo haemorrhagic fever, climate change

EGÉSZSÉGTUDOMÁNY

2022;66(2): 4-11

HEALTH SCIENCE

Közlésre érkezett: 2022. július 6.

Submitted: 06 July 2022

Elfogadva: 2022. augusztus 25.

Accepted: 25 August 2022

Levelezési cím/Correspondence:

Dr. Román Zsuzsa

Budapest Főváros Kormányhivatala

E-mail: romanzs1105@gmail.com

1. ábra: *Hyalomma kullancs*Forrás: <https://www.rivm.nl/en/news/tick-found-in-drenthe-is-hyalomma-tick>**Bevezetés**

Meghökkenítő híreket olvashatunk az elmúlt években a *Hyalomma marginatum*-ról és a kullancsfaj közvetítésével okozott betegségekről, amelyek az éghajlatváltozás következtében nálunk is reális veszéllyé válhatnak. Ebben az összefoglalóban ismertetjük a legfontosabb tudnivalókat az ECDC cikke¹ alapján.

A klímaváltozás hatással van a hazánkban őshonos kullancsok, pl. az *Ixodes* fajok aktivitási periódusának hosszára és a szaporodására, így az általuk okozott betegségek is gyakoribbak lehetnek² (pl. agyhártya- és agyvelőgyulladás, Lyme-kór, valamint további betegségek³). Ugyan a bejelentett esetek száma Magyarországon ezt nem mindig tükrözi egyértelműen⁴, de a betegségek kialakulásának növekvő tendenciája már megfigyelhető⁵.

A klímaváltozás és a globalizáció együttes hatása azonban új kullancsfajok bevándorlásának is kedvez (1. ábra), mint például a *Hyalomma marginatum* megjelenésének. Ez a kullancsfaj a Földközi-tenger mentén, Észak-Afrikában és Ázsia déli részén őshonos, Magyarországra is behurcolhatják. Járványügyi szempontból kiemelkedő jelentőségű, mivel egy nagyon súlyos betegség kórokozójának, a krími-kongói vérzéseknek a potenciális terjesztője.

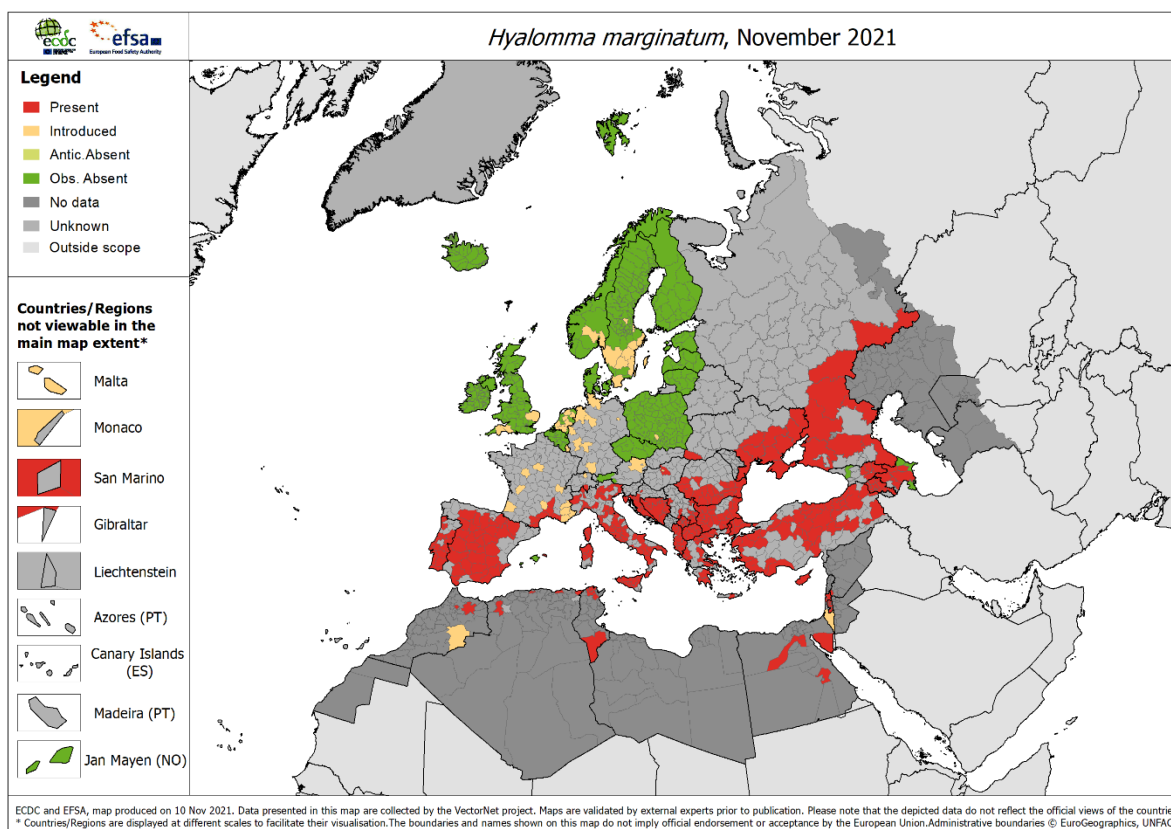
A kullancsfaj jelentősége

Az Egészségügyi Világszervezet (továbbiakban: WHO) 2015 óta évente rangsorolja⁵ a globális népegészségügyi veszélyt jelentő fertőző betegségeket. Ezek olyan járványos betegségek, amelyekkel szemben nem rendelkezünk megfelelő ellenintézkedésekkel, és ezen prioritások mentén lenne szükséges tervezni a védekezési módszerek kidolgozását szolgáló kutatásokat. A krími-kongói vérzések globális jelentőségét jelzi, hogy a 2018-as WHO-listán már szerepel⁶.

A kullancsfaj földrajzi elterjedtsége

A kullancsfajt jelentették Algériából, Örményországból, Azerbajdzsánból, Egyiptomból, Etiópiából, Grúziából, Iránból, Irakból, Izraelből, Marokkóból, Szudánból, Szíriából, Tunéziából és Törökországból.

Ami Európát illeti, a *Hyalomma marginatum* jelen van Dél- és Kelet-Európában, és előfordult Albániában, Bosznia-Hercegovinában, Bulgáriában, Horvátországban, Cipruson, Franciaországban, Görögországban, Olaszországban, Koszovóban, Macedóniában, valamint a volt Jugoszláv Köztársaságban, Moldovában, Montenegróban, Portugáliában, Romániában, Oroszországban, Szerbiában, Spanyolországban és Ukrajnában is (2. ábra).



2. ábra: A *Hyalomma marginatum* előfordulása (ECDC, 2021. novemberi adatok)

A betegség vektora vándormadarakkal, illetve importált állatállománnyal kerül behurcolásra, és nem ritka, hogy egy-egy nagytestű állaton akár 100 *Hyalomma* kullancsot is találunk.

Albániában jelentős e kullancsfaj jelenléte, egy 2010. és 2015. között végzett kutatásban⁷ azt találták, hogy a *Hyalomma marginatum* volt a domináns faj a szarvasmarhákban (32,8%) és a kutyákban (100%). Egy 2022-ben publikált cikk⁸ beszámol arról a kutatásról, mely a *Testudo hermanni boettgeri* teknősből, mint természetes gazdaszervezetben vizsgálta a kullancsok jelenlétét Közép- és Dél-Albániában. A szabadon élő 145 vizsgált Hermann teknősből 36 (24,8%) *Hyalomma* kullancssal fertőzöttnek bizonyult.

A vektorok elterjedését befolyásoló tényezők

Általánosságban elmondható, hogy a fertőző betegségek időnként, új vagy újból megjelenő betegségként fordulnak elő. Mielőtt kitörne egy járvány, a kórokozók különböző alkalmazkodási fázisokon men-

nek keresztül, hogy az új gazdaszervezetet meg tudják támadni. A kórokozók, a gazdaszervezetek és a klímaváltozás miatt bekövetkező környezeti hatások nagymértékben befolyásolják a fertőző betegségek megjelenését. Ezen kívül nem elhanyagolhatóak a társadalmi és demográfiai tényezők, mint például a népesség növekedése, az urbanizáció, a globalizáció, a kereskedelem és az utazás, valamint ezek hatásai. Az állattartás során az állatállománnyal való közvetlen érintkezés is jelentősen hozzájárul a vektorok által terjesztett betegségek megjelenéséhez. Más kutatások a kórokozók folyamatos evolúcióját, a rezervoárpulációk szaporodását hangsúlyozzák, és kiemelik az antibiotikum rezisztencia szerepét is a betegségek kialakulásában⁹.

A klímaváltozás, mint a vektorok elterjedésére ható tényező

Az éghajlatváltozás az időjárási körülmények hosszútávú változásait jelenti, továbbá extrém időjárási viszonyok előfordulásával is jár. Számos más tényezővel kölcsönhatásban befolyásolja⁹ a vektorok által terjesztett

fertőző betegségeket. A jelenség hatása komoly problémát jelent, mert megváltozik a betegségek incidenciája, szezonaritása, terjedési időszaka és előfordulásának időtartama.

A klímaváltozás egyrészt közvetlenül hat a kórokozókra, befolyásolva a túlélésüket, szaporodásukat és életciklusukat; másrészt közvetett hatást gyakorol a kórokozók környezetére vagy a jelenlévő más kompetitor kórokozókra, és így megváltozik az emberi szervezet és patogén kórokozóinak, illetve vektorainak mintázata.

A hőmérséklet direkt módon befolyásolja a kórokozók „külső” inkubációs idejét a rovarokban, és ezzel összefüggésben meghatározza a kórokozó túlélését, valamint direkt módon hat a szaporodásukra is.

Továbbá, az éghajlatváltozás indirekt módon is hatással van a kórokozókra, azzal, hogy hat az élőhelyekre és az ökoszisztémák változó folyamataira. A fokozódó emberi beavatkozás egyben korlátozza a biológiai sokféleséget, és ezáltal is befolyásolja a fertőző betegségek megjelenését és terjedését.

Egyéb befolyásoló tényezők

A klímaváltozáson túl, és azzal együtt, más tényezők is jelentősen befolyásolják⁹ a vektorok által terjesztett betegségek előfordulását. Ezek közül a legmeghatározóbbak a globalizáció és urbanizáció, a megnövekedett nemzetközi kereskedelem és a nemzetközi utazási kultúra, az intenzív állattenyésztés és a modern mezőgazdasági gyakorlat elterjedése, a rezervoár populációk számának növekedése és az antibiotikumok használata. A társadalmi-gazdasági faktoroknak, szociális helyzetnek is kiemelkedő a jelentősége, és a környezeti faktorokkal együtt komplex módon befolyásolják a vektorok által terjesztett betegségek előfordulását. Ezeknek a betegségeknek az előfordulása, illetve az újbóli megjelenése jól mutatja egyrészt a vidékről városba irányuló népességvándorlási folyamatokat, melyek zsúfolt városi peremkerületek kialakulásához, erdőirtáshoz, konfliktusokhoz vezetnek, mely a szociális hálót is rombolja.

Azon kívül, hogy változhatnak a környezet, illetve a gazdaszervezet jellemzői, maga a patogén kórokozó genomja is változhat, ez például kémiai anyagok és antibiotikumok hatására is bekövetkezhet, s így a rezisztens patogének megjelenése és szaporodása új betegségek kialakulásához vezethetnek.

A városok periferiáin a nagy szegénység miatt a vízminőség, szennyvízkezelés és szemétkelés nem megfelelő, és ez ideális élőhelyet biztosít a vektorok-

nak. Az ilyen körülmények nemcsak a patogének szaporodásának kedveznek, hanem a kórokozók fajok közötti vándorlásnak és a zoonózisoknak is.

A modern mezőgazdasági gyakorlat - az intenzív földhasználaton keresztül - is hozzájárul az új vagy visszatérő fertőzések megjelenéséhez.

A kullancsfaj sajátosságai

A *Hyalomma marginatum*nak nagy az „ökológiai plaszticitása”. Ez azt jelenti, hogy a kullancsok változatos hőmérsékleti tartományt és páratartalmat képesek elviselni. Alkalmazkodó képességük rendkívüli, például az éghajlati körülmények és a különböző élőhelyek széles skálájához tudnak adaptálódni, köztük a száraz és nyílt pusztákhoz, mocsári és bozotos élőhelyekhez is, és ez igen megnehezíti a kiirtásukat.

A kifejlett egyedek 12°C felett, a lárvák pedig 14-16°C között aktívak. A jelentések szerint a populációk Oroszországban akár -20 °C-os hőmérsékleten is túlélnek. A *Hyalomma* kullancsok jól fejlett szemmel rendelkeznek, amely a gazdaszervezetek és a rejtékhelyek gyors felkutatását teszi lehetővé. A lesben álló „passzív” kullancsokkal (például az *Ixodes* fajokkal) ellentétben nagy távolságokat képesek vízszintesen vándorolni. A *Hyalomma asiaticum* például egy hónap alatt akár 500 métert is képes vándorolni, de általában 80-100 méteres körzetben szóródnak szét.

A kullancsfaj által terjesztett betegségek

A *Hyalomma marginatum* a krími-kongói vérzések legfőbb vektorának számít Euráziában, de ezen kívül más mikrobákat is terjeszt, pl. a *Rickettsia aeschlimannii* baktériumot, mely a kiütések láz egyik típusát okozza, valamint a Dhori vírust, Bahig vírust és a Matruh vírust is hordozhatja a kullancsfaj, de ezekről a vírusokról még nem tudjuk egyértelműen, hogy mely betegségek okozói.

Az elmúlt két évtizedben a krími-kongói vérzések lázat növekvő problémaként ismerték fel Euráziában, több kelet-európai ország érintett, például Albánia, Bulgária, Koszovó és Oroszország is. Humán klinikai esetek jelentek meg Törökországban (2002), Görögországban (2008), Grúziában (2009) és Indiában (2010).

A szeroprevalencia-vizsgálatok Magyarországon, Portugáliában és Romániában is találtak bizonyítékot a vírus terjedésére. A krími-kongói vérzések láz vírusát közvetlenül kimutatták a Törökországban, Bulgáriában és Spanyolországban gyűjtött *Hyalomma marginatum*-ban.

A krími-kongói vérzéses láz vírusának (továbbiakban: CCHFV) sajátosságai¹⁰

A krími-kongói vérzéses láz vírusa arról a vérzéses betegségről kapta a nevét, melyet 11 év különbséggel két különböző helyen azonosítottak. 1945-ben a Krím-félszigeten és 1956-ban Kongóban kimutatott vírusok genetikai állományát nem lehetett megkülönböztetni¹¹. A vírus és vektorai szinte az egész világon elterjedtek, az endémiás góccok csak Észak-Amerikában, Dél-Amerikában és Ausztráliában nincsenek jelen. Mind a vírus és mind a vektorai dinamikusan terjednek, és újabb területeken fordulnak elő.

Az *Orthonairovirus* nemzetségbe és a *Nairoviridae* víruscsaládba tartozó CCHFV genomja három, negatív szálú és egyfonalú RNS-ből áll. A CCHFV rendelkezik a legnagyobb szekvencia-diverzitással az arbovírusok közül, 20%-os, 31%-os, illetve 22%-os eltéréssel a genom három része, az S, M és L szegmensek esetében¹². Az eltérések azonban kevésbé befolyásolják az aminosav szekvenciákat. Az újgenerációs szekvenálás (NGS, Next Generation Sequencing) kimutatta, hogy a CCHFV fajok diverzitása nagyobb a kullancsban, mint az emlős gazdaszervezetben, és az egyes nukleotid-variánsok eloszlása a genomban eltérő az emlős gazdaszervezetben és a kullancsban¹³. Meg kell azonban jegyezni, hogy az egér közvetítette vírus kevesebb variációt mutathat immunhiányos egerekben, de figyelemreméltóan nagymértékű variációkat mutat, amikor a kullancsba visszatelepítik.

A CCHFV kiterjedt szekvencia-változata egy adott területen növelheti a rekombináns vírustörzsek kialakulásának, adaptációjának és terjedésének valószínűségét, így a kórokozó könnyebben terjed új földrajzi régiókba. A CCHFV S-szegmensének filogenetikai elemzése arra enged következtetni, hogy a törzsek hét fő kládba csoportba oszthatók: I. klád (Afrika 2), II. klád (Afrika 1), III. klád (Afrika 2), III. (Európa 2), IV. klád (Afrika 3), V. klád (Európa 1), VI. klád (Ázsia 1) és VII. klád (Ázsia 2) (3. ábra).

A Kimura 2 paraméteres modell felhasználásával készült el filogenetikai fa a CCHFV S-szegmense alapján a Geneious V 11.0.5 szoftver segítségével. A bootstapek számát 1000 ismétlésben határozzák meg. A filogenetikai fa a CCHFV-törzsek klaszterizációját mutatja hét kládba (A). Az egy vagy több CCHFV-törzset tartalmazó országok a filogenetikai fa alapján vannak színezve. Azok az országok, amelyek a CCHFV vírusra szerológiai bizonyítékkal rendelkeznek, szürkére vannak színezve. Importált CCHF esetek nem endémiás európai országokba történő behozatalát repülőgép ikon jelzi (B).

A CCHFV vektorai¹⁰

A CCHFV vektorai főként a *Hyalomma* nemzetségbe tartozó kullancsok, melyek a kemény testű kullancsok *Ixodidae* családjába tartoznak¹⁴. A CCHFV-t azonban legalább 35 különböző kullancsfajból izolálták, köztük a lágytestű kullancsfajokból (*Argasidae* család) is. A legtöbb *Hyalomma* faj kétgazdás kullancs - a korai fejlődési szakaszában (lárvák és nimfák) ugyanazon gazdaszervezetből táplálkoznak, mielőtt kifejllett stádiumúvá válnának. A kifejllett alak viszont egy másik gazdaszervezetre vándorol, de megfigyeltek háromgazdás fejlődési módot is.

A vírus gazdaszervezete lehet számos házi és vadállat, például szarvasmarhák, juhok, kecskék, tevék, lovak, szamarak, sertések, orrszarvúak, zsiráfok, bivalyok és más emlősök (pl. sünök, nyulak, kutyák, egerek). A legtöbb vizsgált madárfaj szerológiailag negatív volt, míg a struccokban antitesteket találtak, csakúgy, mint a sisakos gyöngytyúkban, a szarkákban, a piros csőrű tokóban és a vörösvállú fényseregélyben (4. ábra).

A krími-kongói vérzéses láz tünetei és terjedése

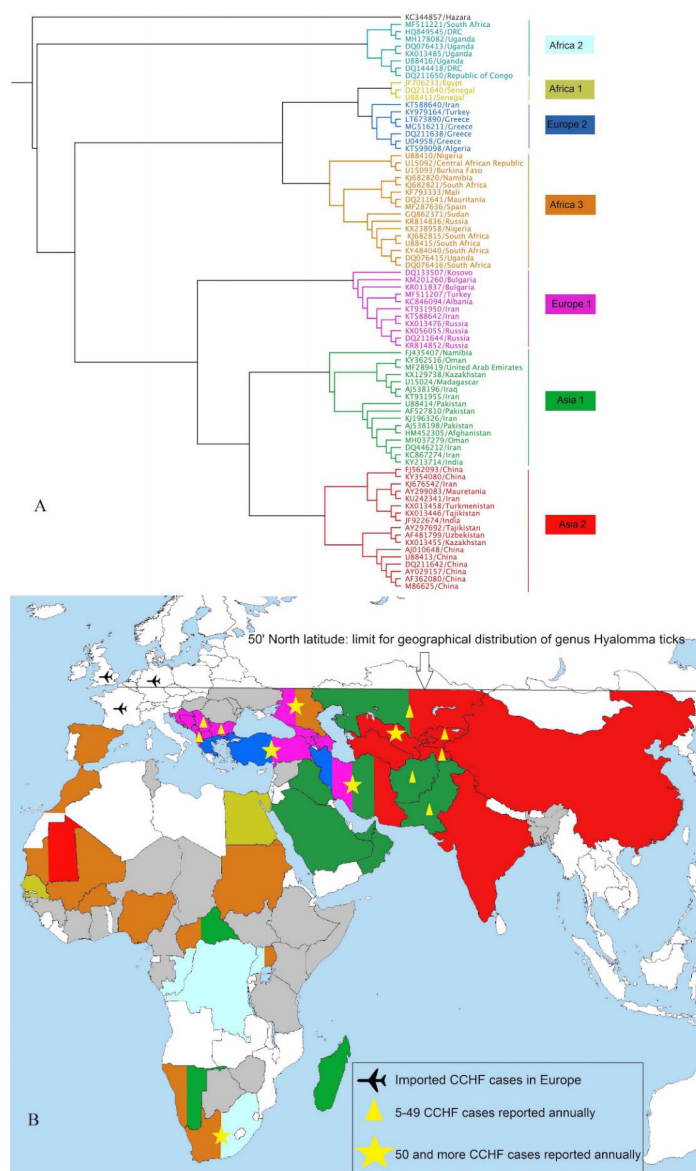
A betegség magas lázat, izomfájdalmat, szédülést, fényérzékenységet, hasi fájdalmat, vesetüneteket (véres vizelet) hányást és idegrendszeri tüneteket (zavarodottság, agresszivitás) okoz; egyes források szerint 30%-os¹⁵, más források szerint 5-40%-ban végzetes kimenetelű lehet¹⁶. A csípésen kívül megfertőződhetünk fertőzött vérrel vagy állati szövetekkel való érintkezés útján is.

A betegség terjedésére jellemző, hogy az emberek általában a fertőzött kullancsok csípésével, illetve a fertőzött vérrel vagy fertőzött állati szövetekkel való érintkezés útján kaphatják el a betegséget. Nozokomiális átvitel történhet fertőzött vérrel vagy testnedvekkel való közvetlen érintkezés útján vagy kontaminált orvosi műszerekkel történő ellátás révén. Az emberekben az anyáról gyermekre történő átvitelt is kimutatták^{17,18}. Cseppfertőzéssel nagy valószínűséggel nem terjed¹⁹. Az állatállomány fertőzöttségét általában tünetek nem jelzik, legfeljebb enyhe láz. Nem világos az, hogy az állatállományban az anyai antitestek védelmet jelentenek-e az utódnak, de azt kimutatták, hogy az állatok egész fiatal korban fertőződnek. Ez azt jelenti, hogy azok az állatgondozók, akik fiatal állatok vérével találkozhatnak munkájuk során, fertőződhetnek (például kasztráció, vakcináció, füljelző behelyezése során). Az emberbe feltehetően a sérült bőrön keresztül jut a fertőzés, ez a terjedési mód jellemző a nozokomiális fertőzések esetén az egészségügyi személyzet körében.

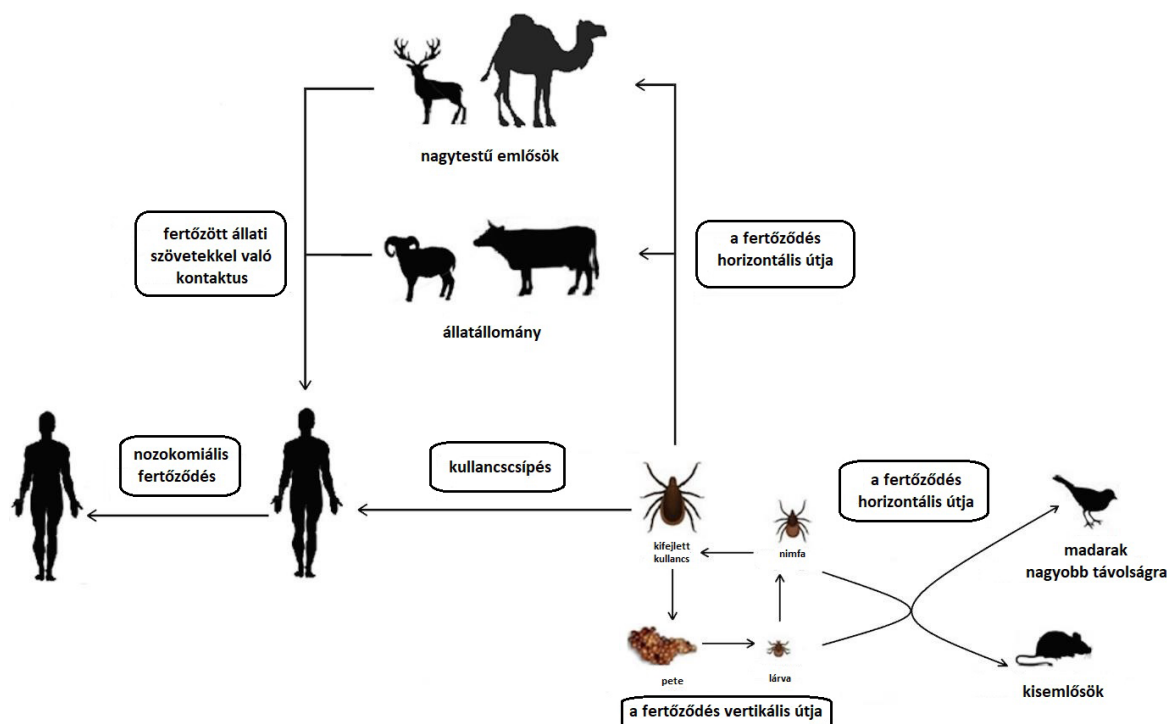
Az állatállomány fertőzöttsége csaknem lefedi a *Hyalomma kullancsok* előfordulási területeit, míg az emberi fertőzöttség ezeken a területeken jóval alacsonyabb. Annak ellenére, hogy az embereket megcsípi a kullancs, mégsem mi vagyunk a *Hyalomma kullancs* elsődleges áldozatai, mert a kullancsfaj sokkal inkább az állatállományt támadja meg. Ezen túlmenően jellemző, hogy az állatokban a virémia rövid ideig tart és alacsony intenzitású, és ez is csökkenti az állatról emberre történő „spillover” valószínűségét. Érdeemes továbbá azt is megjegyezni, hogy a CCHFV fertőzések jelentős része szubklinikus lehet.

Számos tanulmány a földrajzi terjedés északi határának az 50. szélességi fokot jelöli meg, hazánk is ezen a területen található meg. A klímaváltozásnak köszönhetően azonban ez a földrajzi határ még északabbra tolódhat.

Az állatkereskedelem is segíti a fertőzés terjedését, egyrészt a fertőzött állatok, másrészt az állatokon lévő kullancsok miatt. Ezt erősíti az a tény, hogy az állatgondozók és a vágóhídi dolgozók között nagyobb a kockázata a fertőzés előfordulásának. A terjedés útjainak részleteiben történő pontosítása azonban még további kutatásokat igényel.



3. ábra: Filogenetikai fa a CCHFV S-szegmense alapján és a vírus földrajzi előfordulása (N. Shahhosseini et al. cikke alapján)



4. ábra: A krími-kongói láz fertőzési ciklusa. A szövegdobozok a fertőződési utakat jelzik (N. Shahhosseini et al. cikke alapján)

Mit tehetünk a fertőzés megelőzéséért?

A kullancscsípés megelőzésére általános szabályok, míg az egészségügyi személyzetre, illetve az állatgondozókra speciális foglalkozás-egészségügyi szabályok is vonatkoznak.

A fertőzést megelőzhetjük²⁰ azzal, ha elkerüljük vagy csökkentjük a kullancsokkal való találkozást kullancsriasztó szerek alkalmazásával, védőruházat viselésével, a kullancsok korai és megfelelő eltávolításával. Azokon a területeken, ahol előfordul a fertőzés (endémiás területeken) végezhetnek az aljnövényzetben rovarirtást illetve még hatékonyabb módszer a kérődzőknél történő időszakos kullancsirtás. Az atkaölő szerek (akaricidek) hasznosak lehetnek a háziállatokon a vírussal fertőzött kullancsok ellen, ha 10-14 nappal a vágás előtt vagy az állatok élőhelyéről történő elhozatala előtt alkalmazzák őket.

Egyes tanulmányok¹⁰ szerint az akaricidek környezeti szempontból nem fenntarthatóak és nem hatékonyak, ezért kutatások folynak a helyettesítésükre. Addig, amíg nem találnak alternatív módszert a kullancsirtásra, mégis tanácsos az akaricidek használata. A fertőzés megelőzése érdekében részt vehetünk a lakossági megfigyelésben Magyarországon is, és ha *Hyalomma mar-*

marginatum gyanús kullancsot találunk, jelentsük az Eötvös Lóránd Kutatási Hálózat Ökológiai Kutatóközpont oldalán: <https://www.kullancsfigyelo.hu/>

A *Hyalomma marginatum* jelenleg már komoly veszélyt jelent a Balkán-félszigeten, azonban már megfigyelhető, hogy északabbra vándorol. Emiatt a krími-kongói hemorrhagiás láz is egyre inkább járványügyi kérdést jelenthet a közép-európai országokban, így hazánkban is.

Nyilatkozatok

A közlemény más folyóiratban korábban nem jelent meg, és máshová beküldésre nem került.

Anyagi támogatás

A közlemény elkészítése anyagi támogatásban nem részesült.

Szerzői érdekeltségek

A szerzőnek nincsenek a tartalmat érintő érdekeltségeik.

Irodalomjegyzék

1. <https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/tick-factsheets/hyalomma-marginatum> Victoria Cairns et al.: Incidence of Lyme disease in the UK: a population-based cohort study, BMJ Open, Volume 9, Issue 7. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2018-025916>
2. https://www.euro.who.int/__data/assets/pdf_file/0008/246167/Fact-sheet-Lyme-borreliosis-Eng.pdf (Utolsó letöltés: 2022.07.06.)
3. Trájer AJ; Bede-Fazekas Á; Hufnagel L, Bobvos J; Páldy A (2013) The paradox of the binomial Ixodes ricinus activity and the observed unimodal Lyme borreliosis season in Hungary. International Journal Of Environmental Health Research. <https://doi.org/10.1080/09603123.2013.807329>
4. https://www.hbcs.hu/uploads/jogszabaly/3063/fajlok/EMMI_szakmai_iranyelve_Lyme.pdf
5. Victoria Cairns et al.: Incidence of Lyme disease in the UK: a population-based cohort study, BMJ Open, Volume 9, Issue 7. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2018-025916>
6. Jonkmans N, et al. Scoping future outbreaks: a scoping review on the outbreak prediction of the WHO Blueprint list of priority diseases BMJ Global Health 2021;6:e006623. <https://doi.org/10.1136/bmjgh-2021-006623>
7. Përparim Kadriaj, Enkelejda Velo, Silva Bino (Infectious Disease Control Department, Institute of Public Health, Tirana, Albania): Entomological Study of Ticks in Albania during 2010-2015, International Journal of Science and Research (IJSR) ISSN (Online): 2319-7064, <https://www.ijsr.net/archive/v7i2/ART20179756.pdf>, <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101870>
8. Bejo Bizhga et al.: Hyalomma aegyptium the dominant hard tick in tortoises Testudo hermanni boettgeri found in different regions of Albania, Int J Parasitol Parasites Wildl. 2022 Feb 8;17:199-204., [doi: 10.1016/j.ijppaw.2022.02.002](https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.02.002). eCollection 2022 Apr.
9. Bayissa Chala, Feyissa Hamde: Emerging and Re-emerging Vector-Borne Infectious Diseases, Frontiers in Public Health, October 2021 | Volume 9 | Article 715759, <https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.715759>
10. Shahhosseini, N.; Wong, G.; Babuadze, G.; Camp, J.V.; Ergonul, O.; Kobinger, G.P.; Chinikar, S.; Nowotny, N. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Asia, Africa and Europe. Microorganisms 2021, 9, 1907. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091907>
11. Elevli, M.; Ozkul, A.A.; Civilibal, M.; Midilli, K.; Gargili, A.; Duru, N.S. A newly identified Crimean-Congo hemorrhagic fever virus strain in Turkey. Int. J. Infect. Dis. 2010, 14, e213–e216. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2009.07.017>
12. Bente, D.A.; Forrester, N.L.; Watts, D.M.; McAuley, A.J.; Whitehouse, C.A.; Bray, M. Crimean-Congo hemorrhagic fever: History, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. Antivir. Res. 2013, 100, 159–189. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.07.006>
13. Xia, H.; Beck, A.S.; Gargili, A.; Forrester, N.; Barrett, A.D.; Bente, D.A. Transstadial transmission and long-term association of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks shapes genome plasticity. Sci. Rep. 2016, 6, 35819. <https://doi.org/10.1038/srep35819>
14. Mehravaran, A.; Moradi, M.; Telmadarraiy, Z.; Mostafavi, E.; Moradi, A.R.; Khakifirouz, S.; Shahhosseini, N.; Varaie, F.S.R.; Jalali, T.; Hekmat, S. Molecular detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever (CCHF) virus in ticks from southeastern Iran. Ticks Tick-Borne Dis. 2013, 4, 35–38. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.06.006>
15. Epinfo, Johan Béla Országos Epidemiológiai Központ, 8. évfolyam, 23. szám, 2001. június 15. <https://epa.oszk.hu/00300/00398/00018/pdf/00018.pdf> (Utolsó letöltés: 2022.07.06.)
16. Annual Epidemiological Report 2019 – ECDC <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/crimean-congo-haemorrhagic-fever-annual-epidemiological-report-2019> (Utolsó letöltés: 2022.07.06.)
17. Saijo, M.; Tang, Q.; Shimayi, B.; Han, L.; Zhang, Y.; Asiguma, M.; Tianshu, D.; Maeda, A.; Kurane, I.; Morikawa, S. Possible horizontal transmission of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus from a mother to her child. Jpn. J. Infect. Dis. 2004, 57, 55–57. <https://doi.org/10.1525/fq.2004.57.4.55>
18. Pshenichnaya, N.Y.; Leblebicioglu, H.; Bozkurt, I.; Sannikova, I.V.; Abuova, G.N.; Zhuravlev, A.S.; Barut, S.; Shermetova, M.B.; Fletcher, T.E. Crimean-Congo hemorrhagic fever in pregnancy: A systematic review and case series from Russia, Kazakhstan and Turkey. Int. J. Infect. Dis. 2017, 58, 58–64. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2017.02.019>
19. Saleem, J.; Usman, M.; Nadeem, A.; Sethi, S.A.; Salman, M. Crimean-Congo hemorrhagic fever: A first case from Abbottabad, Pakistan. Int. J. Infect. Dis. 2009, 13, e121–e123. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2008.07.023>
20. <https://www.ecdc.europa.eu/en/crimean-congo-haemorrhagic-fever/facts/factsheet> (Utolsó letöltés: 2022.07.06.)