



CSICSAY ALAJOS

MIÉRT NYUGTALANÍTANAK BENNÜNKET A VÍRUSOK?

A mikroorganizmusok kutatása, főképpen a kórokozóké, olyan izgalmas eseményekkel van teli, akár a kalandregények. A mikrobák megismeréséhez vezető utaknak is megvannak a maguk kacskaringói, zsákutcái, de még a csapdái is. Az előző fejezetben már utaltam rá, kik és miként hozták létre az első elektronmikroszkópot, ám tévedés lenne azt hinni, hogy azzal mindjárt sikerült meglátni a legkisebb vírusokat is.

A kórokozókat (baktériumok, vírusok) az emberek már sajnos akkor felhasználták háborús, de akár köznap büncselekmények elkövetésére, amikor még csak annyit tudtak róluk, hogy gyilkolni is lehet velük. E parányi szervezetek annyiban különböznek tőlünk, emberektől, hogy nekik fogalmuk sincs róla, hogy létevékenységeiknek a többi élőlényre vonatkozóan milyen következményei vannak. Csupán azt teszik, amire a kiszámít-

hatatlanul működő filogenezis determinálta őket, míg az embert ugyanez a mechanizmus tudatos, illetve pszichikai lényé formálta, akinek tudnia kell, hogy mit miért tesz.

Már a korábban felvázoltak alapján emlékezhetünk rá, hogy az eredményes víruskutatás első alanya egy növényparazita, a dohánymozaik vírus volt. Abban is első lett, hogy 1914-ben őt sikerült először kristályosítani, amiről röntgenfelvételeket is készítettek. Ennek alapján mindjárt arra következettek, hogy a vírusok átmenetet képeznek az élő és az élettelen „anyagok” között. Emlékszem, egyik főiskolai tanárom az 1960-as évek elején e „világnézeti szempontból fontos tény” előszeretettel hangoztatta. Később, amikor a nukleinsavak (DNS, RNS) kerültek az érdeklődés középpontjába – bár 1869-ben már felismerték a létezésüket –, sokáig tartotta magát az állítás, hogy a vírusok is az RNS bázis-

sok szekvenciái, sőt kizárólag RNS gének, illetve az is, hogy mivel nincs sejt szerkezetük, semmilyen biológiai rendszerbe nem lehet besorolni őket. Csakhogy ez utóbbi álláspontba a víruskutatók nem tudtak belenyugodni. Már csak azért sem, mert egyre több és többféle vírust találtak. Azt gondolták, ha elfogadjuk, hogy a vírusokat élőlényeknek kell tekintenünk (lásd az előbbi fejezetet), akkor fel kell építeni a rájuk vonatkozó taxonómiai rendszert, amit 1962-ben három mikrobiológus meg is tett. Azt javasolták, hogy Linné rendszerezése szerint törzsekbe, osztályokba, rendekbe, családokba és fajokba kell őket is ranglistáznunk. Ezt az ICTV *International Committee on Taxonomy of Viruses* (Nemzetközi Vírustaxonómiai Bizottság) el is fogadta, kivéve a törzs és az osztály kategóriákat, mert „a vírusgenomok kis mérete és magas mutációs rátája miatt nem lehetséges megbízhatóan meg-

állapítani a rokonsági fokot a rendek szintje felett. (...) A 2013-as ICTV taxonómiai 7 rendet ismer: Caudovirales, Herpesvirales, Ligamenvirales, Mononegavirales, Nidovirales, Picomavirales és Tymovirales rendeket. A családok száma 104 (és ebből 78 nincs besorolva rendbe), az alcsaládoké 22, a nemeké 455. 2827 vírusfaj van leírva, és több mint 4000 besorolatlan faj vár osztályozásra (Wikipédia). Okkal állíthatjuk, hogy 2013 óta megnövekedett az ismert fajok száma, és az újakat is sikerült rendszerbe iktatni.

A fent leírtakból kiindulva *David Baltimore* (1938) amerikai molekuláris biológus és virológus 1971-ben állította össze az egyik általánosan alkalmazott vírusrendszert, amiért 1975-ben két társával együtt megosztva orvosi Nobel-díjban részesült.

Baltimore rendszere az mRNS szintéziséből indul ki, miszerint a vírusfajokat 7 nagy csoportba sorolja, melyek a következők: 1. kettős szá-lú DNS-vírusok (pl. adonevírusok, herpeszvírusok, himlővírusok), 2. egyszálú DNS-vírusok (pl. parvovírusok), 3. kettős szá-lú RNS-vírusok (pl. reovírusok), 4. (+) egyszálú RNS-vírusok (pl. picomavírusok, togavírusok), 5. (-) egyszálú orthovírusok, rhabdovírusok). 6. egyszálú RNS-reverz transzkripció-s vírusok (pl. retrovírusok), 7. kettős szá-lú DNS-reverz transzkripció-s vírusok (pl. hepadnavírusok) (Wikipédia).

A molekuláris biológusok tehát létrehozták a vírusok rendszertanát, amelyet nemzeti nyelveken, így magyarul is fölöttébb nehéz népszerűsíteni. Ugyanis majdnem fölösleges volt Linné kettős nevezéktanát mintául venni, mert azt a vírusokra nem lehet alkalmazni, mivel a vírusfajok tudományos neve több tagból álló, összetett, hosszú angol megnevezések, amelyek általában magukba foglalják a faj rendszertani besorolását, a gazdaszervezetet, amelyik reprodukálni képes őket, és egyben a megtámadott szervezetnek a kórtüneteit. E nehézségek miatt terjedt el a vírusnevek rövidített használata, mint például a HIV-1, HIV-2 retrovírusok okozta AIDS *Acquired Immune Deficiency Syndrome* (nemi úton szerzett, de nem csupán így terjedő immunhiányos tünetcsoport), SARS *Severe Acute Respiratory Syndrome* (súlyos akut légzőszervi szindróma). Az *akut* és a *szindróma* orvosi szakkifejezések, melyek azt jelentik, hogy hirtelen fellépő,

súlyos, válságos, gyors beavatkozást igénylő tünetegyüttesekről van szó. Ellentétben a *cronichus* (krónikus) kifejezéssel, ami magyarul *idült*, lassú lefolyású, hosszú kezelést igénylő betegségét jelent.

A biológiában, még inkább a biokémiában és a molekuláris biológiában sok olyan szakkifejezés használatos, melynek nincs magyar megfelelője, vagy ha lefordítjuk, a magyar (általában a nemzeti) megnevezés (fogalom) nem ugyanazt jelenti, mint a nemzetközileg elfogadott. Sok esetben sajnos, ha akad magyar szakkifejezés, azt is meg kell magyaráznunk. Például mit jelent az, hogy egyszálú vagy kettős szá-lú DNS és RNS? Előbb azonban tisztáznunk kell, mi különbség van a két nukleinsav, azaz a DNS (*deoxiribonukleinsav*) és az RNS (*ribonukleinsav*) között. (Helyesebb lenne a tisztázás szó helyett felidézést mondani, mivel ezek már régóta a középiskolai tananyag részei.) Tudva levő tehát, hogy mind a két nukleinsav négyféle *heterociklikus* (zártlancú vagy gyűrűs vegyületekből) *nukleotid*ből (*nukleinbázis*ból) épül fel, amelyeknek a neve és a jele: *citozin C*, *guanin G*, *adenin A*, és *timin T*. Azonban az RNS molekulákban a timint *uracil U* helyettesíti. A köztük való eligazodás érdekében érdemes összevetni egymással a *szerkezeti képlet*üket. Hát ez még nem olyan bonyolult dolog. Az teszi azzá, ha belegendolunk, hogy a DNS molekulák két egymás köré csavarodó vékonyka szá-lból, vagyis kettős spirálból állnak. A spirálszá-lakat alkotó fent felsorolt bázisok pontos sorrendje határozza meg minden sejtben az összes örökletes információt, ami egyedenként (egyénenként) némileg eltér egymástól. Ezért nincs fajkon belül két egyforma egyed. Hát nem csodálatos? Naponta hallhatjuk, hogy a DNS molekulák (mondhatunk akár géneket is, bár a kettő nem ugyanaz) lemásolják önmagukat. Köznapi értelemben ezt nevezzük öröklődésnek, és még sincs a világon, és nem is volt soha, genetikailag hajszá-lpontosan két egyforma egyed, legyen az bármilyen növény vagy állatfaj: kutya, macska, elefánt, fűzfa, de akár egy bolyhoz tartozó hangya egyed is. Az emberek, rasszokon belül is hiába hasonlítanak oly nagyon egymáshoz, küllemre is láthatóan jól megkülönböztethetőek egymástól. De még a mumifikálódott és a megkövesedett maradványaik is.

A *gén* fogalommal úton-útfélen találkozunk, de kérdés, valójában, mit nevezünk géneknek. Nagyon leegyszerűsítve: „olyan nukleinsav-szakaszokat a DNS-ben vagy az RNS-ben, amelyek a szervezet működését és növekedését befolyásoló fehérjék előállításához szükséges információkat tartalmazzák. Az élő szervezetekben 20-féle (proteinogén) fehérjealkotó aminosav variálódik.”

A DNS-molekula (információs anyag a testben) milliányi atomot tartalmaz. Két egymás köré csavarodó vékony szá-lból, úgynevezett kettős spirálból (*helix*ből) áll. A szá-lakat a fentebb felsorolt bázisok alkotják, melyeket kémiai kötések tartanak össze. A bázisok sorrendje határozza meg az összes információt minden sejtben. S ez, mint ahogy előbb említettem, egyénenként némileg eltér egymástól. „A test valamennyi sejtje teljes DNS-molekulakészletet tartalmaz a kromoszómának nevezett fonalszerű képletekbe csomagolva.”

Az RNS szerepe egészen más. Mondhatnánk, ez a „fehérje készítéshez szükséges információt tartalmazó nukleinsav. Az RNS-nek három fő típusa ismert. A *hírvivő* (*messenger*) RNS-be vagy *mRNS*-be másolódik át a DNS szá-lban tárolt információ egy része. Ezt a folyamatot *átírásnak* (*transzkripciónak*) nevezzük. A *szállító* (*transzfer*) RNS-ek vagy *tRNS*-ek összegyűjtik a fehérjeszintézishez szükséges aminosavakat, s oda szállítják a *riboszómális RNS*-t vagy *rRNS*-t tartalmazó riboszómához (sejtmagon kívüli sejtszervecskéhez), amely leolvassa az *mRNS*-ben levő üzenetet. Ez a folyamat a *lefordítás* (*transzláció*).” (David Burne: *Az emberi test enciklopédiája*, Budapest, Talentum Kft, 1996).

Gondolom, e bonyolultnak tűnő, de figyelmesen elolvasott szövegből kikövetkeztethető, hogy a szervezetek DNS-einek és RNS-einek, valamint a vírusok genetikai információkat hordozó *vironjainak* a felépítése között elvileg semmi különbség sincs. Illetve csak annyi van, hogy egymástól teljesen idegenek. Merész hasonlattal azt mondhatnánk, úgy viszonyulnak egymáshoz, mint az egymástól idegen vércsoportok. Ha valamilyen vírus megfertőz egy sejtet, nukleinsava részévé válik a sejt kémiai folyamatainak. A sejt gyártani kezdi a vírus másolatait, azt is mondhatnánk, átprogramozza a sejtben működő természetes genetikai folyamatot, aminek következtében

megindul az élet-halál harc a szervezet immunrendszere és a szövetek sejtjeibe behatoló vírusok között. Még egy felidézés, ami egyszerű alapiskolai (régiesen elemi iskolás) tananyag: Minden élő szervezet alapegysége a sejt. (Legalábbis így tanítottuk). A sejtek szöveteket, a szövetek szerveket, a szervek szervrendszereket, s a szervrendszerek egymással szorosan együttműködve alkotják a legfejlettebb szervezete(ke)t. Miért fontos ezt felidézni? Mert a kórokozók, így a vírusok is, fajoként általában egy-egy szervrendszert támadnak meg, sok esetben olyannyira, hogy végül az egész organizmust (szervezetet) legyengítik, azaz elpusztíthatóvá teszik.

Mielőtt az ICTV által kanonizált (szentesített) taxonómiát, vagyis a vírusok rendszerezését elfogadták volna, a biológusok aszerint csoportosították őket, hogy mely élőlénycsoportoknak az élősködői. Inkább eszerint szokás (még ma is) megkülönböztetni őket, miszerint vannak baktériumokat fertőző, *bakteriofág* vagy csak *fág*, valamint *növényi* és *állati* vírusok. Az utóbbiak között tartják számon az emberi vagy *humán kórokozó vírusokat* is. Lássunk közülük néhányat: *ebola* (vérzésekészítés), *AIDS*

(*HIV* vírus), *SARS*, illetve *COVID-19*, *rhinitis* (nátha), *influenza* (náthaláz), *mumpsz* (járványos nyálmirigygyulladás), *variola* (fekete himlő), *varicella* (bárányhimlő), *rubeola* (rózsahimlő), *morbilli* (kanyaró), *rabiess lyssa* (veszettség), *poliomyleitis* (járványos gyermekparalízis, más szóval gyermekbénulás), *encephalitis* (agyvelőgyulladás), *meningitis* (agyhártyagyulladás), *verruca vulgaris* (vírusos szemölcs), *hepatitis* (májgyulladás különböző típusai), *HSV-1*, *HSV-2* (herpesz vírusok okozta sömörök). Régóta tudott, hogy sok vírus okozta betegség átterjed állatokról emberre és fordítva. Ilyen többek között a *HPAI highly pathogenic avian influenza*, magyarul a *madárinfluenza* is.

Azonban ha ennyire veszedelmesek, mi alapján feltételezhetik, hogy szerepük lehet az élővilág filogenezisében (törzsfajlásában)? Mi több, a földi élet kialakulásában? Kezdjük az utóbival.

„Koevolúciós elmélet szerint a vírusok az élet hajnalán egy időben alakultak ki a sejtés életformákkal és több milliárd éve együtt élnek. A fehérjeburok nélküli, vírusoknál egyszerűbb életciklusukhoz az ő segítésüket igénylő parazita szervezetek

szolgáltatnak példát a korai formákra. Az ilyen szubvirális organizmusokra példák a növénypatogén viroidok, a hepatitisz delta vírus, amely a hepatitisz B vírusától kölcsönzi a proteinköpenyt és nélküle szaporodásképtelen, ...” (Wikipédia). Talán a szaporodásképtelen szó helyett pontosabb lenne fertőzőképtelen szót használni. Az evolúciós szerepük arra épül, hogy az általuk megtámadott gazdaszervezetek genomjai, miután lemásolták őket, kiszabadulva a gazdasejtek genomjából magukkal visznek egy-egy „darabot”. Ezzel lehetővé teszik a fajok közötti géncserét, az úgynevezett *horizontális géntranszfert*. Lehet, hogy így van. Azonban ahhoz, hogy evolúciós folyamatok révén új, sejtes fajok jöjjenek létre, bármilyen egyszerűek legyenek is, ki tudná megmondani, hogy ehhez mennyi időre lehet szükség? Annyit tudhatunk, hogy az RNS-vírusoknál, akárcsak a nukleinsavaknál, sokszor előfordulnak másolási hibák, ezért szinte hetente értesülhetünk új vírusmutációk felbukkanásáról. Ez pedig óhatatlanul előfordult, mégpedig folyamatosan az elmúlt évmilliárdok során. Ezek lennének talán a törzsfajlásnak az első lépései? Megint csak azt mondhatjuk, ki a csoda tudhatná?

