

Epidemia gorączki krwotocznej ebola powinna wskazać na możliwości zakażeń innymi wirusami wywołującymi gorączki krwotoczne. W 1993 r. pracownicy opieki zdrowotnej w rejonie Four Corners zostali skonfrontowani z **przerażającą epidemią** szybko postępującej, zwykle śmiertelnej choroby sercowo-płucnej u młodych dorosłych i nikt wówczas nie przewidywał, że odpowiedzialny za to jest bliżej nieznan „sierocy” hantawirus pochodzący od gryzoni. Wyizolowany dekadę wcześniej wirus nazywał się *Prospect Hill Virus*. Historia ta nie jest tak wyjątkowa, ponieważ tzw. sieroce wirusy mogą przeskakiwać z jednego gatunku (jakim w przypadku hantawirusów są zwykle gryzonie) na człowieka i wywoływać epidemie śmiertelnych chorób u nowego gospodarza. Groźny proces „przeskakiwania” między gatunkami został ponownie zaobserwowany w wyniku odkrycia odmiennych genetycznie hantawirusów u wielu gatunków ryjówek, kretów i owadożernych nietoperzy. Odkrycie to stanowiło wyzwanie dla klasycznego poglądu na zakres gatunków nosicieli hantawirusów i wzbudziło niepokój co do ich potencjału patogenetycznego. Aczkolwiek żadna choroba nie została dotychczas przypisana nowo opisanym hantawirusom, nowe badania są niezbędne do oceny etiologii, dynamiki transmisji i infekcyjności, zanim pojawi się nowa epidemia.

Naszym długoterminowym celem jest lepsze zrozumienie zakresu gatunków gospodarzy zakażonych hantawirusami, a następnie – poszukiwanie choroby człowieka związanej z tym zakażeniem (ten ostatni punkt nie jest jeszcze częścią tej aplikacji). **Podstawowym celem tego 3-letniego okresu jest wyjaśnienie ekologii i dynamiki zakażenia hantawirusów w Polsce. Ostatnio udało się nam wyizolować nowy hantawirus o pięknej nazwie Boginia.** Nasza główna hipoteza stanowi, że hantawirusy występują u różnych gospodarzy, z którymi dzielą ewolucyjnie odległą historię, i że rekombinacja genetyczna i zmiana gospodarza w odległej przeszłości jest odpowiedzialna za odmienną filogeografię i patogenność tej grupy wirusów. Bezpośredni wpływ takich badań to uzyskanie w przyszłości narzędzi diagnostycznych przy rozwoju zagrażających życiu epidemii.

W tym grancie wielospecjalistyczny i unikalny na skalę światową zespół zastosuje metody badań polowych oraz laboratoryjnych, aby osiągnąć następujące cele szczegółowych:

Cel szczegółowy 1.: Określenie przestrzennego i czasowego zróżnicowania oraz zależności filogenetycznych pomiędzy hantawirusami gatunków ryjówek, kreta i nietoperzy w Polsce.

Cel szczegółowy 2.: Ocena rozmieszczenia hantawirusowego RNA w tkankach i wydzielinach zainfekowanych ryjówek, kretów i nietoperzy w Polsce.

Cel szczegółowy 3.: Izolacja i scharakteryzowanie hantawirusów od zainfekowanych ryjówek, kretów i nietoperzy w Polsce oraz poszukiwanie osób zakażonych nowym hantawirusem.