

prof. dr hab. ROBERT KOSIŃSKI
dr inż. ANDRZEJ GRABOWSKI
Centralny Instytut Ochrony Pracy
– Państwowy Instytut Badawczy

Modelowanie epidemii

Jak epidemie się szerzą i jak im przeciwdziałać

W artykule przedstawiono zagadnienia dotyczące modelowania matematycznego i badań symulacyjnych procesu rozprzestrzeniania się epidemii w populacji ludzkiej. Opisane zostały najważniejsze właściwości sieci kontaktów interpersonalnych, które są główną drogą szerzenia się epidemii. Omówiono podstawowe wady i zalety komputerowych badań symulacyjnych. Przedstawiono najważniejsze metody przeciwdziałania epidemii oraz najważniejsze zasady zachowania się w czasie epidemii na przykładzie epidemii grypy A(H1N1).

Epidemic modeling. Epidemic spreading, prevention and control

In the paper mathematical modeling and computer simulations of epidemic spreading in human populations are presented. Epidemic spreads mainly through interpersonal contacts, therefore basic properties of social networks are presented. The pros and cons of computer simulations are discussed. Basic methods of epidemic control measures and personal protective measures for reducing transmission of human influenza using the example of A(H1N1) are described.

Wstęp

Epidemie towarzyszą ludzkości od zarania dziejów [1]. Niektóre z nich wywołały wielkie straty, zwłaszcza wówczas, gdy w populacji pojawiał się patogen, który wcześniej w niej nie występował. Tak było np. w przypadku dżumy – epidemii pochodzącej z Azji Środkowej: tzw. czarna śmierć w latach 1347-1352 spustoszyła ówczesną Europę, powodując drastyczne zmiany społeczne, ekonomiczne i kulturowe (m.in. przyspieszyła upadek systemu feudalnego i rozwój reformacji). Podobnie było w XVI wieku w Ameryce Południowej, kiedy znaczna część populacji Indian wymarła z powodu epidemii ospy, na którą miejscowa ludność nie była uodporniona, gdyż przed przybyciem Europejczyków ospa nie występowała na tym kontynencie.

Również w czasach nam współczesnych epidemie stanowią poważne zagrożenie. Tylko w ubiegłym wieku wystąpiły trzy pandemie grypy (czyli epidemie o zasięgu globalnym). Pierwsza z nich wywołana przez szczep H1N1 (tzw. hiszpanka) pochłonęła w latach 1918-19 większą liczbę ofiar niż I wojna światowa. Dwie kolejne, z lat 1957-58 (*Asian Influenza*, szczep H2N2) oraz z lat 1968-69 (*Hong Kong Influenza*, szczep H3N2) były mniej tragiczne w skutkach (szacuje się, że każda z nich spowodowała śmierć od 1 do 4 mln osób). Podobnie w XXI wieku ciągłym zagrożeniem jest pojawianie się nowych chorób odzwierzęcych, takich jak SARS (zespół ostrej ciężkiej niewydolności oddechowej) oraz nowe szczepy grypy: H5N1, tzw. ptasia grypa, oraz szczep A(H1N1), tzw. świńska grypa (fot., str. 4.).

Epidemie, a zwłaszcza pandemie, są wydarzeniami, które wywierają olbrzymi negatywny wpływ na rozwój cywilizacji. Z tego względu ludzie starali się rozpoznać, jakie są przyczyny ich powstawa-

nia i opracować najlepsze metody walki z nimi. Niewątpliwie przełomem w tych badaniach było odkrycie w roku 1676 przez Leeuwenhoek'a bakterii, a potem w roku 1896 przez Beijerinck'a wirusów – patogenów, które są najważniejszym źródłem zakaźnych chorób szybko rozprzestrzeniających się w społeczeństwie. Starano się również opisać proces rozprzestrzeniania się epidemii, co miało pomóc w przewidywaniu bieżącego zagrożenia w funkcjonowaniu społeczeństwa i skutków epidemii.

Modelowanie epidemii

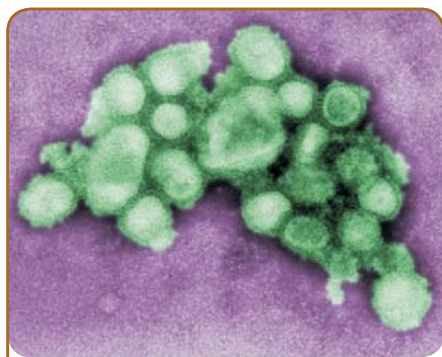
Pierwszy opis matematyczny procesu rozprzestrzeniania się epidemii zaprezentował w roku 1760 Akademii Francuskiej fizyk Daniel Bernoulli. Opis ten oparty był na równaniach różniczkowych, w których współczynniki charakteryzowały właściwości choroby zakaźnej. Od tamtego czasu nastąpił znaczny rozwój matematycznych metod opisu procesów szerzenia się epidemii różnego rodzaju, z uwzględnieniem rozmaitych dróg rozprzestrzeniania się patogenów. Do lat 70. XX wieku badania te prowadzone były głównie metodami analitycznymi wykorzystującymi równania różniczkowe [2]. Rozwój komputerów w następnych latach umożliwił przeprowadzanie złożonych obliczeń numerycznych i badań symulacyjnych, co spowodowało bardzo znaczny jakościowy postęp w tych badaniach.

W przypadku wielu typów chorób zakaźnych rozprzestrzenianie się epidemii w społeczeństwie polega na zakażeniu osoby zdrowej przez osobę chorą, co jest związane z przekazywaniem patogenu, jakim jest bakteria czy wirus. Opisuje to znany w epidemiologii model *SIR* (*Susceptible* – podatny, *I* – chory, *Removed* – odporny lub zmarły, rys. 1., str. 4.) [2]. Człowiek chory zaraża innego zdrowego człowieka, z którym

ma kontakt, z pewnym prawdopodobieństwem (zależnym od jego odporności i rodzaju patogenu), a sam po pewnym czasie zdrowieje, nabierając odporności na daną chorobę (lub z pewnym prawdopodobieństwem umiera). Tak więc sieć kontaktów interpersonalnych między ludźmi w danej społeczności ma zasadniczą rolę w rozprzestrzenianiu się epidemii. Wiedzy o strukturze tych kontaktów dostarczają badania o sieciach złożonych i tu tematyka ściśle medyczna, jaką jest epidemiologia, spotyka się z socjologią, a także z fizyką. Należy nadmienić, że wcześnie modele matematyczne epidemii nie uwzględniały struktury kontaktów interpersonalnych, z tego względu ważnym wydarzeniem w badaniach nad rozprzestrzenianiem się epidemii było wykorzystanie koncepcji sieci złożonych [3].

Jeszcze w drugiej połowie XX wieku podstawowym modelem sieci społecznych był graf przypadkowy, który charakteryzuje się tym, że prawdopodobieństwo wystąpienia połączenia jest takie samo dla każdej pary węzłów i stanowi parametr kontrolny modelu. Jednakże intensywne badania dotyczące sieci złożonych (rozpoczęte głównie w latach 90. ub. wieku) wykazały, że rzeczywiste sieci społeczne mają zupełnie inną strukturę, która znacząco wpływa na dynamikę procesu rozprzestrzeniania się epidemii w populacji.

Cechą charakterystyczną większości sieci rzeczywistych, w tym sieci kontaktów interpersonalnych, jest potęgowa postać rozkładu prawdopodobieństwa. Prawdopodobieństwo, że losowo wybrany węzeł posiada k połączeń z innymi węzłami wynosi $P(k) \sim k^{-\gamma}$ (typowe wartości wykładnika γ znajdują się w zakresie $2 < \gamma < 4$). Tego typu sieci nazywa się sieciami bezskalowymi (*scale-free networks*) [3]. Różnice pomiędzy rozkładem właściwym dla rzeczywistych sieci społecznych, a rozkładem klasycznego grafu przypadkowego pokazuje rys. 2. (str. 4.). Trzeba podkreślić, że cechą charakterystyczną sieci społecznych (w których węzłem jest każda osoba) jest relatywnie duża liczba osób mających (np. ze względu na wykonywany zawód) wiele połączeń, czyli kontaktów interpersonalnych. Obecność takich osób istotnie wpływa na dynamikę procesu rozprzestrzeniania się epidemii, gdyż kontaktują się one z bardzo dużą liczbą innych osób, często znajdujących się przestrzennie daleko od siebie. Osoby te są nazywane w epidemiologii *superspreaders*. Znaczenie takich osób podkreśla fakt, że w odróżnieniu od innych typów sieci (np. technicznych, biologicznych), w sieciach społecznych osoby o dużej liczbie połączeń

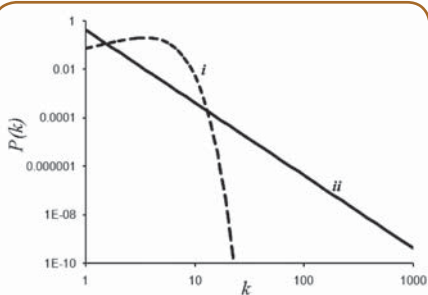


Fot. Wirus A(H1N1)
Fot. A(H1N1) virus



Rys. 1. Schemat modelu SIR. Stan jednostki podatnej (S) zmienia się na skutek kontaktu z patogenem na stan (I). Następnie jednostka chora (I) przechodzi do stanu (R). Prawdopodobieństwa przejścia pomiędzy poszczególnymi stanami zależne są m.in. od typu patogenu i struktury sieci społecznej

Fig. 1. A scheme of the SIR model. The state of a susceptible individual (S) changes to state (I) as a result of infection. Next the state of an individual changes from (I) to (R). The probability of transition between states depends on the type of the pathogen and the structure of the social network



Rys. 2. Porównanie rozkładów prawdopodobieństwa, że dany węzeł posiada k połączeń dla grafu przypadkowego (i) oraz sieci bezskalowej z rozkładem $P(k) \sim k^{-\gamma}$, $\gamma=3$ (ii). Rozkład liczby połączeń w grafie przypadkowym można przybliżyć za pomocą rozkładu

$$P(k) = \frac{e^{-\langle k \rangle} \langle k \rangle^k}{k!} \text{ Poissona. Średnia wartość liczby połączeń } \langle k \rangle \text{ w obu przypadkach jest taka sama}$$

Fig. 2. Degree distribution for a random graph $P(k) = \frac{e^{-\langle k \rangle} \langle k \rangle^k}{k!}$ (i) and a scale-free network $P(k) \sim k^{-\gamma}$, $\gamma=3$ (ii). The average degree $\langle k \rangle$ is the same in both distributions

często są w kontakcie pomiędzy sobą [4, 5] (rys. 3.). Inną cechą charakterystyczną sieci rzeczywistych jest to, że występuje duże prawdopodobieństwo tego, że „przyjaciół mojego przyjaciela jest również moim przyjacielem”. Ścisłe oznacza to, że jest wysoka wartość współczynnika klasteryzacji [3].

Większość sieci rzeczywistych, w tym sieci społeczne, posiada topologię połączeń typu *małego świata* (small world networks), która charakteryzuje

się tym, że dwa dowolne węzły można połączyć stosunkowo krótką drogą (przy czym droga jest to odległość między dwoma węzłami, jaką należy przejść wzdłuż połączeń w sieci; np. droga między węzłami 2. i 4. na rys. 3. wynosi 2, a droga między węzłami 2. i 5. – 1). Cecha ta jest wynikiem przypadkowo rozłożonych w sieci bezpośrednich kontaktów interpersonalnych między odległymi przestrzennie osobami. W sieci społecznej odpowiadają temu np. kontakty osobiste między daną osobą a rodziną zamieszkałą w innym mieście lub kraju. Szacuje się, że w populacji Ziemi średnia wartość drogi pomiędzy dwiema dowolnymi osobami w przybliżeniu wynosi 6, co jest wartością niezwykle małą w porównaniu z liczebnością populacji $N \approx 6 \times 10^9$.

Właściwości sieci społecznych powodują, że wyeliminowanie nawet znacznej liczby połączeń (np. przez zastosowanie znaczących restrykcji dotyczących transportu międzynarodowego) może co najwyżej opóźnić, ale nie zahamować w pełni pandemii. Z tego względu 1 maja 2009 r. Światowa Organizacja Zdrowia (WHO) wydała oświadczenie, dotyczące wirusa grypy A(H1N1), w którym nie zaleca stosowania ograniczeń w transporcie jako środka przeciwdziałającego rozprzestrzenianiu się epidemii. Koszty takich restrykcji byłyby wielokrotnie większe niż ewentualne korzyści wynikające z ich zastosowania.

Najnowsze badania dotyczące sieci złożonych oraz modelowania epidemii dotyczą uwzględnienia sieci transportowych (np. sieci połączeń lotniczych [6]), praw skalowania zaobserwowanych w danych dotyczących mobilności ludzi [7] oraz dynamiki ludzkich zachowań (np. częstości i intensywności kontaktów interpersonalnych) [8, 9].

Komputerowe modelowanie rozprzestrzeniania się epidemii pozwala na monitorowanie przebiegu jej rozwoju w danej populacji, co stanowi bardzo przydatne narzędzie dla służb medycznych i centrów zarządzania kryzysowego. Obliczenia numeryczne pozwalają m.in. określić w przybliżeniu liczbę nowych zachorowań w jednostce czasu, zasięg epidemii, liczbę zmarłych w kolejnych dniach itp. Pozwala to na oszacowanie środków medycznych potrzebnych na poszczególnych etapach do walki z epidemią, a także opracowanie całego scenariusza walki z epidemią i ewentualnego określenia części populacji, którą trzeba izolować.

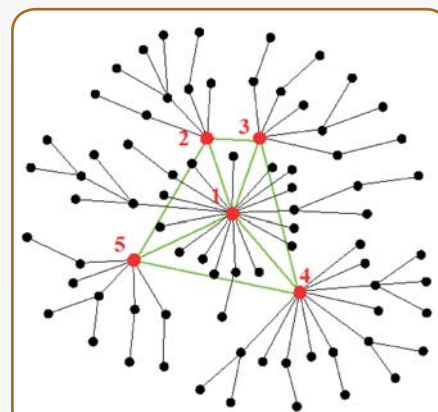
Dla zilustrowania omawianej metody na rys. 4. przedstawiono wyniki uzyskane z symulacji przeprowadzonych na podstawie uproszczonego modelu rozprzestrzeniania się epidemii typu SEIR, w niewielkiej populacji 4900 osób, co umożliwia dobrą wizualizację procesu [10]. Warto zaznaczyć, że symulacje tego typu na podstawie realistycznych modeli sieci społecznych prowadzi się również dla populacji ludzkich rzędu milionów jednostek. Przyjęto, że populacja jest prezentowana siecią kwadratową, tzn. każdej kratce odpowiada jeden człowiek. Komórka zielona oznacza człowieka podatnego (*Susceptible*), czerwona zarażonego (*Exposed*), żółta chorego (*Ill*), granatowa i czarna odpowiednio uodpornionego i zmarłego (*Removed*). Rozprzestrzenianie się epidemii spowodowane jest kontaktami jednostki chorej z najbliższymi sąsiadami w sieci i kontaktami dalekozasięgowymi typowymi dla sieci „małych światów”. Ponadto przyjęto, że początkowym ogniskiem epidemii jest jednostka chora umieszczona w środku populacji.

Na rys. 4. przedstawiono stan populacji w dwóch chwilach czasowych. Jak widać, możliwe jest np. określenie liczby osób chorych czy liczby osób uodpornionych w danym czasie. Na rys. 4a) widoczne jest pierwotne ognisko epidemii, na rys. 4b) pokazano dodatkowo dwa ogniska wtórne, wywołane przez kontakty dalekozasięgowo.

Metody tłumienia epidemii

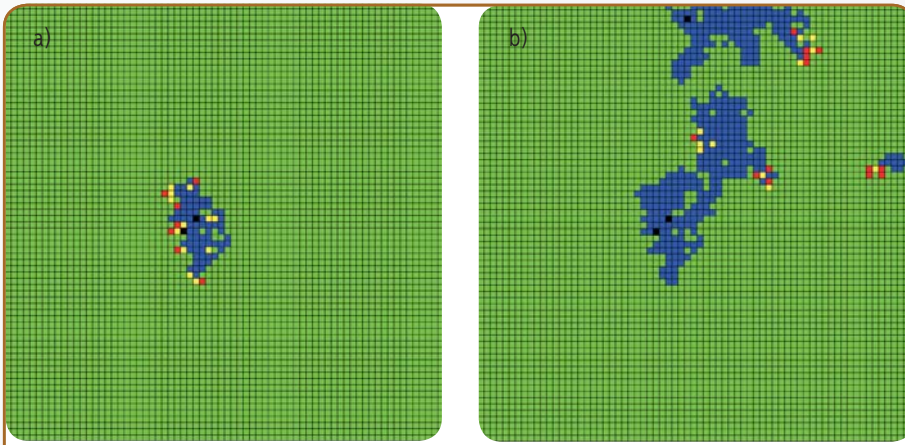
Do głównych metod przeciwdziałania rozprzestrzenianiu się epidemii należy przeprowadzanie szczepień ochronnych (przy czym mogą być różne strategie przeprowadzenia szczepień) i wykorzystanie terapii lekami przeciwwirusowymi. **Opracowanie odpowiednich szczepionek i leków jest jednak procesem długotrwałym – w przypadku szybkozmiennych patogenów nie jest możliwe przeprowadzenie szczepień ze względu na brak szczepionek. Ponadto, należy pamiętać o tym, że uzyskanie odporności po zaaplikowaniu szczepionki również wymaga czasu. Z tego względu ważną i zawsze dostępną metodą walki z epidemią jest izolowanie osób chorych, które polega na eliminacji jak największej liczby kontaktów interpersonalnych, jakie tworzy osoba chora w społeczeństwie.** Umieszczenie w szpitalu ogranicza kontakty interpersonalne do kontaktów z nielicznym personelem medycznym, natomiast izolowanie osób chorych w domu ogranicza kontakty interpersonalne do domowników. Osoby czynne zawodowo w przypadku wystąpienia objawów choroby powinny otrzymać zwolnienia lekarskie, co powoduje eliminację ich kontaktów interpersonalnych (o charakterze małych światów) ze współpracownikami.

W przypadku znanej skutecznej szczepionki na dany patogen modelowanie epidemii dostarcza skutecznego narzędzia do badania efektywności szczepień ochronnych. Zaszczepienie wszystkich ludzi (tak, aby uzyskać odporność całej populacji) może być zbyt kosztowne, albo może zabrać zbyt wiele czasu. Z kolei zaszczepienie zbyt małej liczby osób prowadzi do wymknięcia się epidemii spod kontroli i wzrostu



Rys. 3. Przykład sieci bezskalowej. Węzły o dużej liczbie połączeń (*superspreaders*) zaznaczone są kolorem czerwonym, natomiast połączenia pomiędzy nimi kolorem zielonym

Fig. 3. An example of a scale-free network. Nodes with large degree (*superspreaders*) are denoted with red dots and the connections between them with green lines



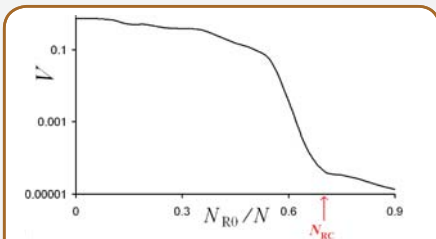
Rys. 4. Przykład symulacji rozprzestrzeniania się epidemii w uproszczonym modelu populacji (kontakty interpersonalne nie są pokazane). Epidemia rozpoczęła się od jednego chorego umieszczonego w środku populacji. Na rys. a) widoczne jest źródło pierwotne, na rys. b) oprócz źródła pierwotnego widoczne są dwa źródła wtórne, które powstały na skutek dalekosięgowych kontaktów interpersonalnych o charakterze „małych światów”

Fig. 4. An example of a computer simulation of an epidemic spreading in a simplified model of population (interpersonal contacts are not shown). The initial source of epidemic was located in the middle of the lattice (a). Two secondary sources of the epidemic were created as result of long-range connections, which are characteristic for small-world networks (b)

zachorowań. Symulacje komputerowe oparte na modelach matematycznych pozwalają oszacować niezbędną część populacji, której szczepienie będzie wystarczające do tłumienia epidemii.

W celu zbadania wpływu szczepień profilaktycznych na proces rozprzestrzeniania się infekcji, w chwili $t = 0$ przyjmuje się, że N_{r0} losowo wybranych jednostek jest w stanie R (removed). Wraz ze wzrostem liczby osób szczepionych profilaktycznie N_{r0} , maleje tempo rozprzestrzeniania się infekcji. Dzieje się tak, ponieważ w obecności jednostek zaszczepionych infekcja nie może się swobodnie rozprzestrzeniać. Jednakże, dla krytycznej wartości $N_{r0} = N_{rc}$ obserwowany jest gwałtowny spadek zasięgu epidemii (rys. 5.) – rozwój epidemii zostaje powstrzymany. Takie zjawisko, występujące w szczepionych profilaktycznie populacjach, zostało opisane w odniesieniu do wielu różnych chorób i jest znane jako odporność gromadna (herd immunity) [11] oraz może być traktowane jako przemiana fazowa typu perkolacyjnego [12].

Trzeba jednak pamiętać o ograniczeniach matematycznych metod modelowania epidemii. Warunkiem zastosowania takich metod jest znajo-



Rys. 5. Wpływ liczby profilaktycznie zaszczepionych jednostek N_{r0} na zasięg epidemii V . Na ilustracji zaznaczona jest krytyczna wartość poziomu szczepień profilaktycznych N_{rc} zapewniających samotłumienie epidemii

Fig. 5. The influence of the number of preventively vaccinated individuals N_{r0} on the magnitude of epidemic V . For a critical value N_{rc} there is an abrupt decrease in the magnitude of epidemic V – the epidemic is suppressed

mość parametrów charakteryzujących przenoszenie się danego patogenu. Muszą one być określone w wyniku badań mikrobiologicznych, a otrzymanie takich wyników przy dużej zmienności patogenu jest bardzo trudne. Modelowanie populacji we współczesnej aglomeracji miejskiej za pomocą sieci złożonych jest też przybliżone. Ponadto, na rozprzestrzenianie się patogenów wpływ mają zmieniające się warunki meteorologiczne, co jest trudne do ilościowego uchwycenia w modelu.

Jednak, mimo swych wad, **matematyczne modelowanie epidemii i obliczenia symulacyjne stanowią narzędzie przydatne w pracy i szkoleniu służb medycznych oraz różnego rodzaju centrów zarządzania kryzysowego. Współczesny rozwój technik komputerowych umożliwia powstawanie rozwiązań, w których modelowanie takie obejmuje miliony jednostek, wykorzystuje szczegółowe plany rozmieszczenia przestrzennego i ruchu ludności w ciągu doby oraz ukształtowania terenu na obszarach konkretnych metropolii miejskich** [13]. Można za ich pomocą badać rozmaite scenariusze rozprzestrzeniania się epidemii. Oprócz monitorowania rozwoju już powstałych epidemii odpowiednie oprogramowanie umożliwia trening jednostek medycznych i innych służb miejskich w walce z różnymi rodzajami epidemii i ich tłumieniem.

Zachowanie się w czasie epidemii

W połowie kwietnia br. WHO (www.who.int) ogłosiła zagrożenie pandemią wirusa grypy A(H1N1), która opanowuje coraz nowe kraje. Jest to spowodowane faktem, że wirus A(H1N1) powstały w organizmie świnia jest mutacją wirusów grypy ludzkiej i ptasiej i może przenosić się z człowieka na człowieka. W Polsce pierwszy przypadek zachorowania potwierdzono 6 maja 2009. Warto w związku z tym przedstawić najważniejsze zalecenia dotyczące zachowania się w czasie epidemii tego typu grypy.

Osoby przebywające na obszarze, gdzie stwierdzono występowanie grypy typu A(H1N1) lub w przypadku kontaktu z osobami, które przebywały

na takim obszarze, u których pojawiły się objawy towarzyszące zachorowaniu na zwykłą gripę, tzn. gorączka, bóle mięśni, bóle gardła, katar, mdłości, wymioty, biegunka powinny skontaktować się z lekarzem, w celu określenia, jakie leczenie jest niezbędne. Lekarz powinien wydać zwolnienie z pracy, co umożliwi pozostanie chorego w domu i jest skuteczną metodą eliminacji dalekosięgowych kontaktów interpersonalnych [14]. Przebywając na zwolnieniu lekarskim, należy maksymalnie ograniczyć kontakty z innymi ludźmi (nie spotykać się ze znajomymi i nie odwiedzać kin, kawiarni, restauracji itp.), aby nie rozprzestrzeniać wirusa. Są to zalecenia publikowane przez Państwowy Zakład Higieny (www.pzh.gov.pl), WHO oraz ECDC (European Center for Disease Prevention and Control; ecdc.europa.eu).

Szczególny niepokój powinny wzbudzać następujące objawy: duszność, krótki oddech, ból i ucisk w klatce piersiowej, nagła senność, dezorientacja, nagłe wymioty. W przypadku dziecka takimi objawami są: szybki oddech, kłopoty z oddychaniem, zasinienie skóry, gorączka z wysypką, powracające objawy zwykłej grypy.

Przebywając w domu, należy pić jak najwięcej płynów. Usta i nos trzeba wycierać jednorazowymi chusteczkami. Gdy mamy w domu chorego, by uniknąć zarażenia trzeba: ułożyć go, o ile to możliwe, w oddzielnym pokoju, ograniczyć kontakt z chorym i myć ręce po każdym kontakcie z nim oraz często wietrzyć pokój, w którym przebywa.

Należy podkreślić, że większość tych zaleceń ma znaczenie uniwersalne i znajduje zastosowanie w przypadku zagrożenia ze strony innych patogenów.

PIŚMIENNICTWO

[1] K. F. Kiple (red.) *Wielkie epidemie w dziejach ludzkości*. Oficyna Wydawnicza Atena, 2002

[2] R. M. Anderson, R. M. May. *Infectious Diseases of Humans: Transmission and Control*. Oxford University Press, 1991

[3] S. N. Dorogovtsev, J. F. F. Mendes *Evolution of networks*. Oxford University Press, 2003

[4] M. E. J. Newman *Mixing patterns in networks*. "Phys. Rev." E 67, 026126, 2003

[5] A. Grabowski, R. Kosiński *Mixing Patterns in a Large Social Network*. "Acta Physica Polonica" B, 39, 1291 (2008)

[6] V. Colizza, A. Barrat, M. Barthélemy, A.-J. Valleron, A. Vespignani *Modeling the Worldwide Spread of Pandemic Influenza: Baseline Case and Containment Interventions*. "PLoS Medicine" 4(1): e13 (2007)

[7] M. C. González, C.A. Hidalgo, A.-L. Barabási *Understanding individual human mobility patterns*. "Nature" 453, 779-782, 2008

[8] A. Vazquez, B. Rácz, A. Lukács, A.-L. Barabási *Impact of Non-Poissonian Activity Patterns on Spreading Processes*. "Phys. Rev. Lett." 98, 158702 (2007)

[9] A. Grabowski, N. Kruszewska, R. Kosiński *Dynamic phenomena and human activity in an artificial society*. "Phys. Rev." E 78, 066110 (2008)

[10] R. A. Kosiński *Cellular Network with complex Connections for the modeling of Epidemic Spreading*. WSEAS Trans. on Systems, 3, 2651-2656 (2004)

[11] P. Fine *Herd Immunity: History, Theory, Practice*. "Epidemiol. Rev." 15, 265-302 (1993)

[12] D. Stauffer, A. Aharony *Introduction to percolation theory*. Taylor&Francis, London, 1992

[13] S. Eubank i in. *Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks*. "Nature", 429: pp. 180-184, 2004

[14] A. Grabowski, M. Rosińska *The SIS Model for Assessment of Epidemic Control in a Social Network*. "Acta Physica Polonica" B, 37, 1521 (2006)

Półmaski do ochrony przed bioaerozolem

– wirus A(H1N1)

Drobnoustroje, powszechnie obecne w środowisku pracy i życia, odgrywają fundamentalną rolę w obiegu pierwiastków, żyzności gleby, procesach trawiennych, produkcji żywności i farmaceutyków oraz biodegradacji odpadów, jednak flora patogenna jest przyczyną wielu ciężkich schorzeń zarówno wśród ludzi jak i zwierząt. Dlatego też z punktu widzenia ochrony zdrowia ważne jest ograniczanie populacji drobnoustrojów do poziomu nie stwarzającego zagrożenia, a gdy to rozwiązanie nie jest możliwe stosowanie odpowiednio skutecznych środków ochrony.

W przypadku chorób zakaźnych, wywoływanych przez taki nieznaną patogen, jak np. wirus **A(H1N1)** istnieje konieczność podejmowania natychmiast wszelkich możliwych działań w celu zmniejszenia rozprzestrzeniania się choroby. Jednym ze sposobów jest ograniczanie kontaktów między ludźmi. Istnieją jednak sytuacje, w których konieczny jest kontakt z osobą zarażoną lub kontakt ten jest wysoce prawdopodobny i wówczas niezbędne jest stosowanie środków ochrony indywidualnej. Ich wybór zależy od dróg rozprzestrzeniania się choroby zakaźnej.

W przypadku wirusa grypy typu A(H1N1) podstawowa **droga zakażenia to droga kropelkowa** oraz bezpośrednia przez dotyk zainfekowanych przedmiotów oraz części ciała. Podstawowe znaczenie w profilaktyce ma w tym przypadku zastosowanie środków ochrony układu oddechowego. Jednak nie wszystkie dostępne na rynku środki w jednakowym stopniu ograniczają przenikanie zanieczyszczeń przez barierę ochronną. Decyduje o tym jedynie klasa ochronna, podana przez producenta w instrukcji użytkowania danego sprzętu, pozwala bowiem na stwierdzenie czy środek ten w odpowiedni sposób zapewnia ochronę przed spodziewanym zagrożeniem. Na przykład półmaski filtrujące bez klasy ochronnej mogą nie stanowić wystarczającego zabezpieczenia przed wirusem grypy.

W przypadku człowieka narażonego na czynnik biologiczny, u którego wywołanie choroby przez ten czynnik jest mało prawdopodobne, a także istnieje możliwość skutecznego leczenia, uzasadnione jest stosowanie półmaski o najniższej skuteczności ochronnej (P1). Jednakże, gdy w środowisku życia występuje czynnik biologiczny, który wywołuje ciężki przebieg choroby i stanowi duże ryzyko dla zdrowia konieczne jest stosowanie najskuteczniejszych rozwiązań (P3).

Oznakowanie półmasek przeznaczonych do ochrony przed szkodliwym działaniem bioaerozoli, łącznie ze znakiem CE powinno być wyraźne i trwałe.

Oznakowanie powinno zawierać:

- nazwę, znak fabryczny lub inne cechy identyfikujące producenta np. logo
- numer identyfikacyjny (nazwę handlową lub kod – identyfikator)
- numer normy lub symbol innego dokumentu, którego wymagania spełnia półmaska; w przypadku półmasek filtrujących powszechnego użytku jest to EN 149: 2001 *Sprzęt ochrony układu oddechowego. Półmaski filtrujące do ochrony przed cząstkami. Wymagania, badanie, znakowanie*

– symbol odpowiedniej klasy ochronnej oznaczający: FFP1 – najniższy poziom ochrony, FFP2 – średni poziom ochrony, FFP3 – najwyższy poziom ochrony (PN-EN 149: 2001).

Każde opakowanie jednostkowe półmasek filtrujących dostępne w handlu powinno być zaopatrzone w instrukcję użytkowania producenta – w języku polskim, która co najmniej zawiera: zakres stosowania, przeciwwskazania użytkowania, informację czy jest to sprzęt jednorazowego, czy wielokrotnego użytku, sposób zakładania, dopasowywania oraz przechowywania, a także termin przydatności do stosowania.

Dobór środków ochrony układu oddechowego należy rozpocząć od rozpoznania zagrożeń. Wobec braku udokumentowanych wartości NDS bioaerozoli opracowano wytyczne doboru klasy ochronnej półmasek stosowanych do ochrony przed bioaerozolem w zależności od wielkości cząstek i grupy ryzyka zawodowego (dyrektywa 2000/54/WE z dnia 18 września 2000 r. dotycząca ochrony pracowników przed ryzykiem związanym z narażeniem na działanie czynników biologicznych, wprowadzona w Polsce na mocy rozporządzenia ministra zdrowia z dnia 22 kwietnia 2005 r. (Dz.U. nr 81, poz. 716). Według tych wytycznych w przypadku bioaerozolu:



fot. Filter-Service

Półmaska filtrująca o najwyższej P3 klasie ochronnej

- zaliczanego do 1. grupy ryzyka, którego cząstki mają wielkość powyżej 1 µm – stosuje się półmaski o niskiej skuteczności – FFP1
- zaliczanego do 1. lub 2. grupy ryzyka, którego wielkość cząstek zawiera się w przedziale 0,5 – 1 µm – stosuje się półmaski o średniej skuteczności – FFP2
- zaliczanego do 3. grupy ryzyka, którego wielkość cząstek zawiera się w przedziale 0,3 – 0,5 µm – stosuje się sprzęt o wysokiej skuteczności – FFP3.

Do powszechnego stosowania w profilaktyce zakażenia wirusem grypy typu A(H1N1) zaleca się półmaski filtrujące o najwyższej klasie ochronnej P3. Wynika to z grupy ryzyka, z wysokiej skuteczności włókniny filtracyjnej, stanowiącej materiał bazowy tych półmasek oraz z konstrukcji czaszy, która zapewnia szczelne dopasowanie do twarzy, minimalizując tę drogę przenikania patogenów. Wartość wskaźnika dopasowania, określana w PN-EN 149:2001 jako tzw. całkowity przeciek wewnętrzny, zależy od klasy ochronnej sprzętu. Im klasa ochrony wyższa, tym wskaźnik ten wybiera niższą wartość, zwiększając tym samym bezpieczeństwo.

Do profesjonalnych zastosowań, np. podczas kontaktów personelu medycznego z osobami zakażonymi może być konieczne użycie sprzętu filtrującego z wymuszonym przepływem powietrza, który zapewnia dodatkową wysoką skuteczność ochronną i szczelność przez zastosowanie nadciśnienia pod częścią twarzową, np. lekkim kapturem.

Zasady wprowadzania na rynek środków ochrony indywidualnej stosowanych do ochrony przed czynnikami biologicznymi reguluje dyrektywa 89/686/EWG z dnia 21 grudnia 1989 r. w sprawie ujednolicenia przepisów prawnych państw członkowskich dotyczących środków ochrony indywidualnej (Official Journal of the European Communities, L399, 30.12.1989), wdrożona w Polsce rozporządzeniem ministra gospodarki z dnia 21 grudnia 2005 r. w sprawie zasadniczych wymagań dla środków ochrony indywidualnej (Dz.U. nr 259, poz. 2173).

W zależności od poziomu ryzyka, przed którym chronią na stanowiskach pracy środki ochrony indywidualnej, dzielimy je na **3 kategorie: 1., 2. lub 3.** Ocenę typu WE wyrobów 2. i 3. kategorii przeprowadza jednostka notyfikowana w zakresie wymienionej dyrektywy, a ponadto środki ochrony indywidualnej kategorii 3. jako przeznaczone do ochrony przed zagrożeniami, które mogą powodować ciężkie i nieodwracalne uszkodzenia ciała lub zmiany chorobowe, podlegają szczególnemu nadzorowi podczas ich produkcji. Środki ochrony indywidualnej przed wirusem grypy typu A(H1N1) należą właśnie do 3. kategorii. W myśl postanowień wymienionych aktów prawnych oznakowanie takie powinno zawierać m.in. znak CE, numer jednostki notyfikowanej, która sprawuje nadzór nad stabilnością ich produkcji, a także posiadać deklarację zgodności z typem WE.

dr inż. Katarzyna Majchrzycka
Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy

Uprzejmie informujemy naszych Czytelników, że na stronie internetowej
<http://www.ciop.pl/8181.html>

są dostępne „Wykazy certyfikatów oceny typu WE dla środków ochrony indywidualnej wydanych przez CIOP-PIB” oraz „Wykazy certyfikatów oceny typu WE dla środków ochrony indywidualnej unieważnionych przez CIOP-PIB” w latach 2004 – 2008.