Journal of Medical Council of Iran, Volume 44, Issue 3, 2026
https://doi.org/10.22034/44.3.40

Review

Bundibugyo Virus Disease in 2026: An Overview of Epidemiology, Diagnosis, Treatment, Prevention, and Health System Preparedness

Abstract

Background: Bundibugyo virus (BDBV) is one of the pathogenic species of the genus Orthoebolavirus that can cause severe disease and substantial mortality. Despite its public health importance, this virus has been less studied compared with Zaire ebolavirus. The absence of specific vaccines and treatments, diagnostic limitations, and the risk of regional spread have increased the need for preparedness to address this pathogen. The present study aimed to comprehensively review the epidemiology, clinical features, diagnosis, treatment, vaccines, prevention, and control of BDBV disease, with a focus on evidence related to the 2026 outbreak.

Methods: This study employed a narrative-analytical research design. Relevant scientific literature and authoritative reports were systematically searched and reviewed using keywords related to Bundibugyo virus (BDBV), Ebola virus disease, outbreaks, epidemiology, diagnosis, treatment, vaccination, prevention, infection control, and cross-border transmission. Selected sources included review studies, modeling studies, observational studies, clinical and policy reports, and risk assessments. Following screening, 12 articles were included as the main sources for analysis, and the findings were thematically synthesized and interpreted.

Results: The results showed that the BDBV outbreak in 2026 was associated with challenges including delayed diagnosis, limited laboratory capacity, under-detection of cases, and difficulties in contact tracing. The absence of approved specific vaccines and treatments for BDBV highlights the importance of supportive care and the evaluation of treatments and vaccines under development. Insecurity, population displacement, social mistrust, weak health infrastructure, and cross-border population movements have also complicated outbreak control. Epidemiological and modeling evidence emphasized the possibility of substantial underreporting of cases and the need to strengthen regional surveillance. Effective disease control requires a combination of rapid diagnosis, isolation, contact tracing, infection prevention and control, safe burial practices, active community engagement, and cross-border coordination.

Conclusion: The BDBV outbreak revealed existing gaps in global preparedness to address less-studied filoviruses. Strengthening pan-filovirus diagnostic capacity, developing broadly protective vaccines and treatments, investing in health and laboratory infrastructure, and establishing community-based and coordinated cross-border response systems are essential to reduce the risk of future outbreaks.

Keywords: Bundibugyo virus, Disease outbreaks, Ebolavirus disease, Epidemiology, Filoviruses

Arasb Dabbagh Moghaddam[1]*, Hossein Salehi[2], Masoumeh Ahmadi[2], Mohammad Hassan Kazemi Galougahi[3], Ghazal Golalizadeh[4]

[1] Assistant Professor of Public Health and Food Safety, Infectious Diseases Research Center, Department of Public Health and Military Nutrition, Faculty of Medicine, Aja University of Medical Sciences, Invited Scholar of Academy of Sciences of IR of Iran, Tehran, Iran
[2] Department of Health in Disasters and Emergencies, Aja University of Medical Sciences, Tehran, Iran
[3] Assistant Professor, Infectious Diseases Research Center, Department of Social Medicine, Faculty of Medicine, Aja University of Medical Sciences, Tehran, Iran
[4] DVM, Research Department, Deputy of Research and Education, Islamic Republic of Iran Medical Council, Tehran, Iran

*** Corresponding Author**
Infectious Diseases Research Center, Department of Public Health and Military Nutrition, Faculty of Medicine, Aja University of Medical Sciences, Tehran, Iran
Email: Dr.arasb@ajaums.ac.ir

Received: Aug 16 2026
Accepted: Sep 16 2026

Citation to this article
Dabbagh Moghaddam A, Salehi H, Ahmadi M, Kazemi Galougahi MH, Golalizadeh Gh. Bundibugyo Virus Disease in 2026: An Overview of Epidemiology, Diagnosis, Treatment, Prevention, and Health System Preparedness. *J Med Counc of Iran.* 2026;44(3):40-54.

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

Copyright 2026, Journal of Medical Council of Iran.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution–NonCommercial 4.0 International License.

مقاله مروری
Journal of Medical Council of Iran, Volume 44, Issue 3, 2026
https://doi.org/10.22034/44.3.40

بیماری ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶: مروری بر اپیدمیولوژی، تشخیص، درمان، پیشگیری و آمادگی نظام سلامت

آراسب دباغ مقدم[۱]*، حسین صالحی[۲]، معصومه احمدی[۲]، محمد حسن کاظمی گلوگاهی[۳]، غزال گل علیزاده[۴]

[۱] استادیار بهداشت عمومی و ایمنی مواد غذایی، مرکز تحقیقات بیماری های عفونی، گروه بهداشت و تغذیه نظامی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی آجا، عضو مدعو فرهنگستان علوم ج.ا. ایران، تهران، ایران
[۲] گروه سلامت در بلایا و فوریت‌ها، دانشگاه علوم پزشکی آجا، تهران، ایران
[۳] استادیار، مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی، گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی آجا، تهران، ایران
[۴] دکترای حرفه ای دامپزشکی، واحد پژوهش، معاونت آموزشی و پژوهشی، سازمان نظام پزشکی جمهوری اسلامی ایران، تهران، ایران

* نشانی نویسنده مسئول:
مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی، گروه بهداشت و تغذیه نظامی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی آجا، تهران، ایران
نشانی الکترونیک:
Dr.arasb@ajaums.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۵/۲۵
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۶/۲۵

چکیده

زمینه: ویروس بوندیبوگیو (Bundibugyo virus; BDBV) یکی از گونه‌های بیماری‌زای جنس Orthoebolavirus است که می‌تواند موجب بیماری شدید و مرگ‌ومیر قابل‌توجه شود. با وجود اهمیت بهداشت عمومی، این ویروس در مقایسه با ویروس ابولای زئیر کمتر مورد مطالعه قرار گرفته است. نبود واکسن و درمان اختصاصی، محدودیت‌های تشخیصی و خطر گسترش منطقه‌ای، ضرورت آمادگی برای مقابله با این پاتوژن را افزایش داده است. مطالعه حاضر با هدف بررسی جامع اپیدمیولوژی، ویژگی‌های بالینی، تشخیص، درمان، واکسن، پیشگیری و کنترل بیماری ناشی از BDBV، با تمرکز بر شواهد مرتبط با همه‌گیری سال ۲۰۲۶، انجام شد.

روش کار: این مطالعه یک مرور روایتی ـ تحلیلی از شواهد منتشرشده و گزارش‌های معتبر درباره بیماری ناشی از ویروس بوندیبوگیو، با تمرکز بر همه‌گیری سال ۲۰۲۶ است. منابع علمی و گزارش‌های معتبر با استفاده از کلیدواژه‌های مرتبط باBDBV، بیماری ویروس ابولا، همه‌گیری، اپیدمیولوژی، تشخیص، درمان، واکسن، پیشگیری، کنترل عفونت و انتقال فرامرزی، جست‌وجو و بررسی شدند. منابع منتخب شامل مطالعات مروری، مطالعات مدل‌سازی، مطالعات مشاهده‌ای، گزارش‌های بالینی و سیاستی و ارزیابی‌های خطر بودند. پس از غربالگری، ۱۲ مقاله به‌عنوان منابع اصلی وارد تحلیل و یافته‌ها به‌صورت موضوعی تلفیق و تفسیر شدند.

یافته‌ها: نتایج نشان‌داد که همه‌گیری BDBV در سال ۲۰۲۶ با چالش‌هایی شامل تشخیص دیرهنگام، محدودیت ظرفیت آزمایشگاهی، کم‌تشخیصی موارد و دشواری ردیابی تماس همراه بوده است. نبود واکسن و درمان تأییدشده اختصاصی برایBDBV، اهمیت مراقبت‌های حمایتی و ارزیابی درمان‌ها و واکسن‌های در حال توسعه را برجسته می‌کند. ناامنی، آوارگی جمعیت، بی‌اعتمادی اجتماعی، ضعف زیرساخت‌های بهداشتی و تحرکات فرامرزی نیز کنترل همه‌گیری را پیچیده‌تر ساخته‌اند. شواهد اپیدمیولوژیک و مدل‌سازی بر احتمال کم‌گزارشی قابل‌توجه موارد و ضرورت تقویت نظارت منطقه‌ای تأکید داشتند. کنترل مؤثر بیماری نیازمند ترکیبی از تشخیص سریع، ایزوله‌سازی، ردیابی تماس، پیشگیری و کنترل عفونت، تدفین ایمن، مشارکت فعال جامعه و هماهنگی فرامرزی است.

نتیجه‌گیری: همه‌گیری BDBV شکاف‌های موجود در آمادگی جهانی برای مقابله با فیلوویروس‌های کمتر شناخته‌شده را آشکار کرد. تقویت ظرفیت تشخیص پان‌فیلوویروس، توسعه واکسن‌ها و درمان‌های با پوشش گسترده، سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌های بهداشتی و آزمایشگاهی و ایجاد نظام‌های پاسخ جامعه‌محور و هماهنگ فرامرزی برای کاهش خطر همه‌گیری‌های آینده ضروری است.

کلمات کلیدی: اپیدمیولوژی، بیماری ویروس ابولا، همه گیری بیماری، فیلوویروس‌ها، ویروس بوندیبوگیو

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]
[DOI: 10.22034/44.3.40]

Copyright 2026, Journal of Medical Council of Iran.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution–NonCommercial 4.0 International License.

مقدمه

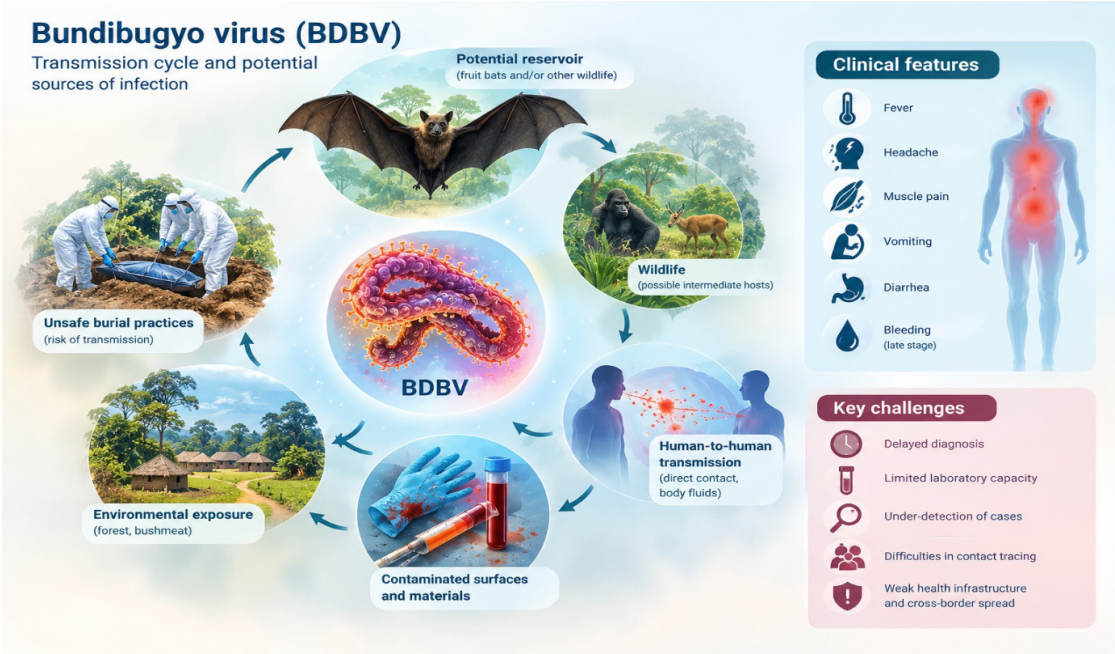
بیماری‌های ناشی از ویروس‌های جنس Orthoebolavirus از مهم‌ترین عفونت‌های ویروسی نوپدید با ظرفیت ایجاد طغیان‌های شدید و مرگ‌ومیر قابل‌توجه محسوب می‌شوند. با وجود تنوع ژنتیکی و آنتی‌ژنی در میان گونه‌های این جنس، بخش عمده دانش موجود درباره بیماری ویروس ابولا (Ebola virus disease; (EVD)، و ابولا ویروس زئیر [(Zaire ebolavirus (EBOV)] از جمله توسعه واکسن‌ها و درمان‌های اختصاصی، متمرکز بوده است. شناسایی Bundibugyo ebolavirus (BDBV) در سال ۲۰۰۷ نشان داد که طیف عوامل بیماری‌زای انسانی در میان ابولاویروس‌ها گسترده‌تر از گونه‌های شناخته‌شده پیشین است و ضرورت توجه به تفاوت‌های زیستی و اپیدمیولوژیک میان این ویروس‌ها را مطرح کرد (۱).

BDBV نخستین بار در جریان یک طغیان بیماری تب‌دار و خونریزی‌دهنده در منطقه Bundibugyo در غرب اوگاندا شناسایی شد. بررسی‌های مولکولی و فیلوژنتیک نشان داد که عامل این طغیان از نظر توالی ژنومی با ابولاویروس‌های شناخته‌شده تفاوت قابل‌توجهی دارد و در نتیجه به‌عنوان یک گونه جدید از جنس Ebolavirus معرفی شد (۲). در نخستین گزارش توصیفی، ویروس جدید از نظر ژنتیکی حدود ۳۲ درصد در سطح نوکلئوتیدی با EBOV تفاوت داشت؛ میزانی از واگرایی که در آن زمان آن را از نظر ژنتیکی متمایز از سایر اعضای شناخته‌شده جنس قرار می‌داد (۱). این یافته نه‌تنها تنوع تکاملی ابولاویروس‌ها را آشکار کرد، بلکه نشان داد که ظهور یک گونه جدید می‌تواند پیامدهای مستقیمی برای شناسایی آزمایشگاهی و طراحی ابزارهای اختصاصی پیشگیری و درمان داشته باشد (۳).

طغیان اولیه BDBV از اواسط سال ۲۰۰۷ تا اوایل سال ۲۰۰۸ ادامه یافت و در مجموع ۱۹۲ مورد مشکوک، محتمل یا تأییدشده در بررسی‌های اپیدمیولوژیک شناسایی شد. از میان این موارد، ۴۲ مورد از نظر آزمایشگاهی مثبت بودند و میزان کشندگی (Case Fatality Rate (CFR در موارد تأییدشده و محتمل حدود ۳۴ درصد برآورد شد (۲). اگرچه این میزان در مقایسه با برخی طغیان‌های پیشین ناشی از EBOV پایین‌تر بود، اما مطالعه MacNeil و همکاران روی موارد تأییدشده نشان داد که عفونت BDBV همچنان می‌تواند با بیماری شدید و مرگ‌ومیر قابل‌توجه همراه باشد؛ در این مطالعه، ۲۲ مورد از ۵۶ بیمار مبتلا فوت کردند و میزان کشندگی حدود ۴۰ درصد گزارش شد (۳). تفاوت در برآوردهای میزان کشندگی میان مطالعات، در کنار ناهمگونی شدت بیماری، اهمیت تفسیر دقیق داده‌های بالینی BDBV را نشان می‌دهد.

از نظر بالینی، بیماری ناشی از BDBV طیفی از علایم سیستمیک و گوارشی را ایجاد می‌کند و در مراحل اولیه لزوماً از سایر بیماری‌های تب‌دار شایع در مناطق اندمیک قابل افتراق نیست. در بررسی سالهای ۲۰۰۸-۲۰۰۷، تب، ضعف، سردرد، درد عضلانی، استفراغ و اسهال از تظاهرات شایع بودند و تظاهرات خونریزی‌دهنده فقط در بخشی از بیماران مشاهده شد (۲,۴). این الگوی بالینی، در کنار نبود ویژگی بالینی اختصاصی، می‌تواند شناسایی زودهنگام موارد را دشوار کند و اهمیت وجود نظام‌های تشخیصی و مراقبتی متناسب با زمینه اپیدمیولوژیک را افزایش دهد (۴).

تجربه طغیان نخستین BDBV همچنین نشان داد که انتقال این ویروس در سطح جامعه و مراکز درمانی می‌تواند تحت تأثیر الگوهای تماس انسانی قرار گیرد. در مطالعه Wamala و همکاران، تماس با افراد مبتلا و به‌ویژه تماس محافظت‌نشده با اجساد با انتقال بیماری ارتباط داشت (۲). از سوی دیگر، تأخیر در شناسایی و تأیید آزمایشگاهی طغیان، امکان تداوم انتقال پیش از اجرای کامل اقدام های کنترلی را فراهم کرد (۲). این یافته‌ها اهمیت آمادگی تشخیصی



شکل ۱. مسیرهای انتقال و چالش های تشخیص و کنترل بیماری BDBV

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

و اپیدمیولوژیک را در مناطقی که سابقه قبلی BDBV در آنها محدود است، برجسته می‌کند.
با وجود شناسایی BDBV از بیش از یک دهه پیش، شواهد اختصاصی درباره این ویروس همچنان در مقایسه با EBOV محدود است. همین محدودیت سبب شده است که بخش قابل‌توجهی از دانش مورد استفاده برای پیش‌بینی رفتار ویروس، ارزیابی پاسخ‌های ایمنی و طراحی مداخلات، از مطالعات انجام‌شده بر سایر Orthobolavirus حاصل شود. ازاین‌رو، شباهت‌های موجود میان BDBV و EBOV نباید به‌عنوان معادل‌بودن کامل ویژگی‌های زیستی، ایمنی‌شناختی یا پاسخ به مداخلات در نظر گرفته شود. این موضوع به‌ویژه در زمینه واکسن اهمیت دارد؛ زیرا در حالی که واکسن‌های دارای مجوز علیه EBOV در دسترس هستند، واکسن اختصاصی دارای مجوز برای BDBV وجود ندارد (۵،۶).
اهمیت این شکاف علمی و عملیاتی در سال ۲۰۲۶ بیش از گذشته آشکار شده است. طغیان جاری BDBV در جمهوری دموکراتیک کنگو و اوگاندا، توجه دوباره‌ای را به این ویروس جلب کرده و هم‌زمان محدودیت‌های موجود در زمینه واکسن و درمان اختصاصی را برجسته ساخته است (۵،۶). گزارش‌های جدید همچنین نشان می‌دهند که تجربه این طغیان فرصتی برای تولید داده‌های اختصاصی درباره BDBV فراهم کرده است؛ داده‌هایی که می‌توانند درک موجود از ویژگی‌های بالینی، انتقال، تشخیص و پاسخ به مداخلات را فراتر از آنچه از طغیان سال ۲۰۰۷ آموخته شده بود، گسترش دهند (۶).
در مجموع، BDBV نمونه‌ای مهم از پاتوژن‌هایی است که اهمیت آن‌ها فقط به توانایی ایجاد بیماری شدید محدود نمی‌شود، بلکه از تعامل میان تنوع ویروسی، محدودیت شواهد اختصاصی و ظرفیت نظام سلامت برای شناسایی و پاسخ به یک عامل بیماری‌زای کمتر شناخته‌شده ناشی می‌شود. تجربه طغیان‌های گذشته و شواهد حاصل از رویداد ۲۰۲۶ بر ضرورت تقویت دانش اختصاصی درباره این ویروس تأکید دارند. بر همین اساس، مطالعه حاضر با هدف بررسی جامع اپیدمیولوژی، ویژگی‌های بالینی، تشخیص، درمان، واکسیناسیون، پیشگیری و راهبردهای کنترل بیماری ناشی از BDBV و با تمرکز بر شواهد موجود و یافته‌های حاصل از طغیان ۲۰۲۶ انجام شده است.

روش کار

این مطالعه یک مرور روایتی ـ تحلیلی از شواهد منتشرشده و گزارش‌های معتبر درباره بیماری ناشی از ویروس بوندیبوگیو، با تمرکز بر همه‌گیری سال ۲۰۲۶ است که با هدف بررسی جامع اپیدمیولوژی، تشخیص، درمان، واکسیناسیون، پیشگیری و کنترل بیماری ابولا ناشی از ویروس بوندیبوگیو (BDBV) در جریان همه گیری سال ۲۰۲۶ انجام شد. همچنین، چالش‌های نظام سلامت و عوامل مؤثر بر گسترش بیماری، از جمله تشخیص دیرهنگام، ضعف زیرساخت‌های بهداشتی، ناامنی، آوارگی جمعیت، بی‌اعتمادی اجتماعی و خطر انتقال فرامرزی مورد بررسی قرار گرفتند. این رویکرد با ماهیت منابع مورد استفاده در مقاله، که شامل مرورهای روایتی و ساختارمند، مطالعات مدل‌سازی، مطالعات مشاهده‌ای، گزارش‌های سیاستی و ارزیابی‌های خطر است، مطابقت دارد.
در تفسیر یافته‌ها، شواهد اختصاصی BDBV از شواهد مربوط به سایر گونه‌های Orthoebolavirus تفکیک شد و یافته‌های حاصل از سایر گونه‌ها فقط در مواردی برای تبیین اصول عمومی آمادگی، پیشگیری و کنترل مورد استفاده قرار گرفت.

راهبرد جست و جو

برای گردآوری شواهد، جست‌وجوی منابع علمی و گزارش‌های معتبر درباره همه‌گیری بیماری ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ و همچنین مطالعات مرتبط با اپیدمیولوژی و کنترل ابولا انجام شد. کلیدواژه‌های اصلی مورد استفاده شامل ترکیبی از واژه‌های زیر بودند: "Bundibugyo virus", "Bundibugyo Ebolavirus disease", "BDBV", "Ebola", "Ebola outbreak", Ebola outbreak", "DR Congo", "Uganda", "Epidemiology", "Diagnosis", "Treatment", "Vaccine", "Prevention", "Infection control", "Preparedness" و "Cross-border transmission".
جست‌وجو بر اساس ترکیب واژه‌های مرتبط با بیماری، عامل ویروسی، محل همه گیری و موضوع مورد بررسی انجام شد.

منابع جست و جو

منابع مورد استفاده شامل مقالات منتشرشده در مجلات علمی معتبر و همچنین گزارش‌های سازمان‌های بین‌المللی و نهادهای بهداشت عمومی بود. پایگاه‌های مورد استفاده در این جست و جو شامل Pubmed, Scopus و موتور جست و گر Google Scholar بوده است. از جمله منابع مورد استناد در مقاله می‌توان به The Lancet, Lancet Infectious Diseases, Journal of Infectious Diseases, International Journal of Infectious Diseases, MMWR و Journal of the Royal Society Interface اشاره کرد. همچنین گزارش‌ها و ارزیابی‌های سازمان جهانی بهداشت (WHO) و مراکز کنترل و پیشگیری از بیماری‌ها (CDC) برای بررسی وضعیت همه گیری، خطر انتقال و راهبردهای پاسخ مورد استفاده قرار گرفتند.

معیارهای ورود به مطالعه

منابعی وارد مطالعه شدند که یکی از شرایط زیر را دارا بودند:
به همه‌گیری بیماری ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ پرداخته بودند؛ اطلاعات اپیدمیولوژیک مربوط به موارد، مرگ‌ومیر، میزان کشندگی یا روند زمانی همه‌گیری ارایه کرده بودند؛ به تشخیص، تأخیر تشخیصی یا محدودیت‌های آزمایشگاهی مرتبط با BDBV پرداخته بودند؛ شواهدی درباره درمان‌های موجود یا در دست بررسی و واکسن‌های در حال توسعه ارایه کرده بودند؛ راهکارهای پیشگیری، کنترل عفونت، ردیابی تماس و مشارکت جامعه را بررسی کرده بودند؛ خطر انتقال فرامرزی یا آمادگی نظام‌های سلامت را ارزیابی یا مدل‌سازی کرده بودند؛ پیامدهای روانی و اجتماعی همه‌گیری را بررسی کرده بودند.
برای مثال، در منابع انتخاب‌شده مطالعاتی درباره ۳۵ همه‌گیری تاریخی ابولا، ارزیابی خطر ورود ویروس به ایالات متحده،

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]
[DOI: 10.22034/44.3.40]

پیامدهای روانی بیماری در کودکان و مطالعات مدل‌سازی اندازه همه‌گیری و خطر سرایت فرامرزی وجود داشت.

معیارهای خروج منابع

مطالعاتی که فاقد ارتباط مستقیم با موضوع پژوهش بودند، اطلاعات کافی درباره BDBV یا همه‌گیری مورد بررسی ارایه نمی‌کردند، یا فقط به بیماری‌های دیگر بدون ارتباط با موضوع اصلی مقاله می‌پرداختند، از تحلیل نهایی کنار گذاشته شدند. همچنین اطلاعات تکراری میان منابع مختلف، حذف و در صورت وجود چند گزارش درباره یک موضوع، منبع معتبرتر و جامع‌تر در تحلیل نهایی مورد استفاده قرار گرفت.

استخراج داده‌ها

پس از انتخاب منابع، اطلاعات اصلی هر مطالعه در یک چارچوب از پیش تعیین‌شده استخراج و دسته‌بندی شد. متغیرهای استخراج‌شده شامل نام نویسنده، سال انتشار، نوع مطالعه، محل مطالعه، موضوع اصلی، یافته‌های اپیدمیولوژیک، تعداد موارد و مرگ‌ها، میزان کشندگی، چالش‌های تشخیصی، روش‌های درمانی، واکسن‌های در حال توسعه، اقدامات پیشگیری و کنترل، خطر انتقال فرامرزی و پیامدهای اجتماعی و روانی بود. مطالعات انتخاب‌شده از نظر نوع طراحی ناهمگون بودند و شامل مرورهای روایتی و سیستماتیک، مدل‌سازی ریاضی و تصادفی، مطالعات مورد–شاهدی، گزارش‌های سیاستی و ارزیابی خطر بودند؛ ازاین‌رو داده‌ها به‌صورت تلفیقی و با توجه به نوع شواهد تحلیل شدند.

روش تحلیل

تحلیل داده‌ها به‌صورت توصیفی ـ تحلیلی و بر اساس محورهای موضوعی انجام شد. یافته‌ها در شش محور اصلی سازمان‌دهی شدند:

اپیدمیولوژی و روند همه‌گیری؛ تشخیص و شکاف‌های تشخیصی؛ درمان و مراقبت حمایتی؛ واکسن‌ها و اقدامات پیشگیرانه؛ پیشگیری و کنترل عفونت و پاسخ به همه گیری؛ چالش‌های عملیاتی، انتقال فرامرزی و پیامدهای روانی ـ اجتماعی.

در بخش اپیدمیولوژی، روند موارد و مرگ‌ومیر در مقاطع مختلف زمانی، میزان کشندگی و اختلاف میان موارد گزارش‌شده و برآوردشده بررسی شد. همچنین نتایج مطالعات مدل‌سازی، از جمله مدل‌های SEIRD[1] و مدل‌های برآورد اندازه همه‌گیری، به‌صورت جداگانه تفسیر شدند و با آمار رسمی یکسان فرض نشدند. در منابع بررسی‌شده، برای مثال، برآوردهای مدل‌سازی نشان‌دهنده وجود شکاف قابل‌توجه میان موارد گزارش‌شده و اندازه احتمالی واقعی همه‌گیری بوده است.

ارزیابی و تفسیر شواهد

با توجه به ناهمگونی طراحی مطالعات، نتایج بر اساس نوع شواهد و سطح اتکاپذیری آنها تفسیر شدند. یافته‌های حاصل از مطالعات مدل‌سازی به‌عنوان برآورد و پیش‌بینی و نه آمار قطعی در نظر گرفته شدند. همچنین نتایج مطالعات مربوط به درمان‌ها و واکسن‌های در حال توسعه به‌عنوان شواهد اولیه یا گزینه‌های تحت بررسی گزارش شدند و از تعمیم اثربخشی اثبات‌نشده آنها به بیماران خودداری شد.

یافته‌ها

بعد از غربالگری مطالعات، تعداد ۱۲ مقاله به عنوان مقالات اصلی وارد مطالعه شدند. یافته‌های کلیدی مطالعات انجام شده استخراج و یافته‌های کلیدی مقالات موجود بعد از تحلیل به صورت خلاصه بیان گردید. (جدول ۱)

جدول ۱. خلاصه مقالات استخراج شده در رابطه با بیماری ابولا ناشی از ویروس بوندیبوگیو

ردیف	عنوان مقاله	نویسندگان	مجله	سال	نوع مطالعه	یافته های کلیدی
۱	Ebola: What you need to know and what to do about suspected cases	Katharine Lang	BMJ	۲۰۲۶	راهنمای بالینی	این مقاله راهنمای گام‌به‌گام برای پزشکان ارایه می‌دهد و تأکید می‌کند که در مواجهه با بیماران دارای سابقه سفر به مناطق درگیر و علایم تب، سردرد و خونریزی، ایزوله‌سازی فوری و هماهنگی با مقامات بهداشتی ضروری است. همچنین به بررسی درمان‌های در دست بررسی از جمله رمدسیویر، MBP۱۳۴ و اوبلدسیویر پرداخته و واکسن‌های در حال توسعه مانند ChAdOx۱ [با زمان آمادگی ۲ تا ۳ ماه) و rVSV [با زمان آمادگی ۷ تا ۹ ماه) را معرفی می‌کند. نویسنده تأکید دارد که در غیاب واکسن و درمان اختصاصی، مراقبت‌های حمایتی سنگ‌بنای مدیریت بیماران محسوب می‌شود.

1. Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered-Died

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

ادامه ی جدول ۱.

۲	The DRC Ebola outbreak has exposed the consequences of global health underfunding	Daniela Manno, Bikioli-Bolombo Fredd	BMJ	۲۰۲۶	تحلیل انتقادی	این مقاله به بررسی پیامدهای کمبود بودجه در حوزه سلامت جهانی می‌پردازد و نشان می‌دهد که چگونه سرمایه‌گذاری جهانی به طور عمده روی واکسن ویروس زئیر متمرکز شده در حالی که ویروس بوندیبوگیو به دلیل نادر بودن، نادیده گرفته شده است. نویسندگان به «تناقض عمیق» در آنها تأکید می‌کنند و به مشارکت سامانه ی آمادگی جهانی اشاره می‌کنند: «سازمان بهداشت جهانی از یک سو انتظار واکنش سریع به همه گیری‌ها را دارد، اما از سوی دیگر با کاهش بودجه‌های بلندمدت، زیرساخت‌ها و نیروی متخصص موردنیاز برای آمادگی پایدار را تضعیف می‌کند. جوامع محلی به عنوان شریک در طراحی و اجرای پاسخ، به اندازه واکسن در کنترل همه گیری اهمیت دارد».
۳	The Multiple Origins of Ebola Disease Outbreaks	Seth D. Judson, Vincent J. Munster	J Infect Dis	۲۰۲۳	مرور سیستماتیک	این مطالعه با تحلیل ۳۵ همه گیری ابولا از سال ۱۹۷۶ تا ۲۰۲۲، دو منشأ اصلی را شناسایی کرده است: سرایت از حیات وحش (اکثریت همه گیری‌ها) و بازپدیدی از بازماندگان (حدود ۲۵/۹ درصد از همه گیری‌های ناشی از ویروس ابولا). همچنین نشان داده شده که انتقال بیمارستانی در ۸۰/۶ درصد از همه گیری‌ها و تدفین ناایمن در ۴۵.۱ درصد از همه گیری‌ها نقش داشته است. نویسندگان بر اهمیت تشخیص سریع و شناسایی گروه‌های در معرض خطر بازپدیدی تأکید می‌کنند.
۴	Assessment of Risk to the U.S. Population from the Ebola Disease Outbreak Caused by Bundibugyo Virus, ۲۰۲۶	Danielle M. Richard et al	MMWR	۲۰۲۶	ارزیابی ریسک	مرکز کنترل و پیشگیری از بیماری‌های ایالات متحده آمریکا خطر کلی همه گیری را برای جمعیت این کشور، پایین ارزیابی کرده است، با احتمال ورود فقط ۱/۳ درصد. این ارزیابی بر اساس ظرفیت بالای سامانه ی بهداشت عمومی آمریکا در شناسایی سریع موارد، ایزوله‌سازی و ردیابی تماس انجام شده است. با این حال، در صورت ورود ویروس، تأثیر آن «بالا» ارزیابی شده زیرا درمان اختصاصی وجود ندارد و کنترل هر مورد هزینه و منابع زیادی می‌برد.
۵	Ebola Virus Disease and Pediatric Mental Health: Long-Term Mediating Effects of Caregiver Mental Health	Thomas M. Crea et al	JAACAP	۲۰۲۶	مطالعه مورد-شاهدی	این مطالعه روی ۶۶۳ کودک در سیرالئون نشان داد که کودکان مبتلا به ابولا و همچنین کودکانی که در خانواده‌ای با بیمار ابولا زندگی کرده‌اند (حتی خودشان بیمار نشده‌اند)، تا ۱۰ سال بعد دچار مشکلات رفتاری می‌شوند. نکته مهم این است که کودکان تحت تأثیر (غیرمبتلا) به اندازه کودکان مبتلا آسیب می‌بینند، اما حمایت کمتری دریافت می‌کنند. همچنین مشخص شد که افسردگی و اضطراب مراقبان، تأثیر مستقیم و معناداری بر سلامت روان کودکان دارد.

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

ادامه ی جدول ۱.

۶	The ۱۷th Ebola outbreak in the Democratic Republic of the Congo: a syndemic challenge	Serge Tonen-Wolyec, Laurent Bélec	The Lancet	۲۰۲۶	گزارش میدانی	بر اساس مشاهده های میدانی در شهر بونیا، نویسندگان کشف مهمی را گزارش کرده‌اند: بیماران منطقه مونگوالو همزمان به سه بیماری مبتلا بودند (ویروس ابولا، سپسیس باکتریایی و مالاریا) که آن را حالت سیندمیک نامیده‌اند. این تعامل مرگبار پاتوفیزیولوژیکی باعث مرگ‌ومیر بالاتر از حد انتظار می‌شود، مستقل از حدت ذاتی ویروس. همچنین مشکلات منطقه شامل ناامنی مزمن، آوارگی گسترده، بی‌اعتمادی به پزشکان و کمبود تجهیزات حفاظت فردی، مهار همه گیری را با چالش جدی مواجه کرده است.
۷	WHO and Africa CDC declare the ۲۰۲۶ Ebola disease outbreak a public health emergency	Ngashi Ngongo et al	The Lancet	۲۰۲۶	گزارش سیاستی	سازمان بهداشت جهانی در ۱۷ مه ۲۰۲۶ و مراکز کنترل و پیشگیری از بیماری‌های آفریقا در ۱۸ مه ۲۰۲۶ همه گیری را به ترتیب به عنوان وضعیت اضطراری بهداشت عمومی با نگرانی بین‌المللی و وضعیت اضطراری بهداشت عمومی با امنیت قاره‌ای اعلام کردند. چارچوب هماهنگی یک تیم، یک برنامه، یک بودجه برای یکپارچه‌سازی دولت‌ها، موسسه های فنی و سازمان‌های غیردولتی طراحی شده است. شش اولویت کلیدی شامل تشخیص زودهنگام، ایزوله‌سازی، کنترل عفونت، تدفین ایمن، مشارکت جامعه و توسعه سریع واکسن و درمان می‌باشد.
۸	Ebola outbreak caused by Bundibugyo virus: challenges and priorities for epidemic preparedness and response	Jean B Nachega et al	The Lancet	۲۰۲۶	مرور جامع	این مقاله موانع کنترل همه گیری را در شش حوزه شناسایی کرده است: بی‌اعتمادی جامعه، ناامنی و درگیری (با ۶/۹ میلیون آواره داخلی)، تشخیص دیرهنگام، سامانه های بهداشتی شکننده، نبود واکسن اختصاصی و کمبود بودجه. با وجود این چالش‌ها، نکته مثبت این است که تیم‌های علمی در جمهوری دموکراتیک کنگو و اوگاندا توانستند ژنوم کامل ویروس را در عرض ۴۸ ساعت توالی‌یابی کنند که نشان‌دهنده پیشرفت ظرفیت‌های علمی آفریقا است. نویسندگان هشدار می‌دهند که اگر سرمایه‌گذاری فقط روی پاتوژن‌های مسئول آخرین بحران متمرکز شود، برای بحران بعدی ناآماده خواهیم بود.
۹	Beyond past Ebola outbreaks: delayed detection, preparedness gaps, and the vaccine race during the ۲۰۲۶ Bundibugyo virus outbreak	Najmul Haider et al	IJID	۲۰۲۶	تحلیل انتقادی	این مطالعه نشان می‌دهد که آزمایش GeneXpert که برای تشخیص ویروس زئیر طراحی شده، قادر به شناسایی ویروس بوندیبوگیو نبوده و این امر منجر به ۶ هفته تأخیر در تشخیص و انباشته شدن ۲۵۰ مورد مشکوک قبل از اعلام همه گیری شده است. میزان مثبت ۴۶ درصد نشان‌دهنده کم‌گزارشی قابل توجه است. همچنین سه واکسن در حال توسعه معرفی شده‌اند؛ اما زمان آمادگی آنها برای تأثیرگذاری بر همه گیری فعلی دیرهنگام است.
۱۰	Estimation of the Ebola outbreak size in the Democratic Republic of the Congo	Ruth McCabe et al	Lancet Infect Dis	۲۰۲۶	مدل سازی	محققان با استفاده از دو روش مستقل، اندازه همه گیری را برآورد کرده‌اند: روش اول (بر اساس مرگ‌ومیر) بین ۳۰۶ تا ۲/۵۲۱ مورد و روش دوم (بر اساس موارد وارداتی به اوگاندا) بین ۲۸۲ تا ۱/۳۴۵ مورد را نشان می‌دهد. همگرایی نتایج از دو روش مستقل نشان می‌دهد که همه گیری حداقل ۲ تا ۲/۵ برابر بزرگ‌تر از آمار رسمی است و کم‌تشخیصی قابل توجهی وجود دارد که حاکی از انتقال گسترده‌تر در جامعه می‌باشد.

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

ادامه ی جدول ۱.

۱۱	Size of the ۲۰۲۶ Ebola outbreak and risk of cross-border spillover from Bundibugyo virus in Ituri Province, DR Congo	Dick Chamla et al	Lancet Infect Dis	۲۰۲۶	مدل‌سازی تصادفی	این مطالعه با استفاده از یک مدل تصادفی SEIRD (Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered, Dead) که روی ۵۹۸ مورد تأییدشده آزمایشگاهی در ۸ ژوئن ۲۰۲۶ کالیبره شده، به برآورد مسیر کوتاه‌مدت همه گیری و احتمال سرایت فرامرزی ویروس بوندیبوگیو پرداخته است. بر اساس مدل سناریوی مرکزی (۱/۷۱ = R_0) میانه ۹۹۰ مورد تجمعی تأییدشده و ۱۷۴ مرگ را تا هفته ۱۲ (۲۴ ژوئن ۲۰۲۶) پیش‌بینی کرده است. خطر سرایت به کشورهای همسایه به شرح زیر برآورد شده: اوگاندا ۹۴/۲ درصد، سودان جنوبی ۶۹/۳ درصد، رواندا ۸/۶ درصد و بوروندی ۲/۰ درصد. فاصله ۶ هفته‌ای بین مورد شاخص (۱ آوریل) و تأیید آزمایشگاهی (۱۵ مه) به عنوان عامل اصلی بزرگ شدن مخزن عفونی شناسایی شده است. همچنین مشخص شد که مسیر موارد تأییدشده بیشترین سازگاری را با سناریوی مرکزی دارد.
۱۲	Reducing transmission in multiple settings is required to eliminate the risk of major Ebola outbreaks	Abbie Evans et al	J R Soc Interface	۲۰۲۵	مدل سازی	این مطالعه با مدل‌سازی انتقال در سه محیط (جامعه، تدفین و مراکز درمانی) نشان داده که حذف انتقال در تدفین، احتمال همه گیری گسترده را از ۴۱ درصد به ۶/۶ درصد کاهش می‌دهد. با این حال، هیچ راهکاری به تنهایی نمی‌تواند خطر را به صفر برساند و فقط ترکیب تدفین ایمن، رعایت شیوه نامه‌های کنترل عفونت در مراکز درمانی و مشارکت جامعه می‌تواند خطر همه گیری گسترده را از بین ببرد. همچنین مشخص شده که در مناطق روستایی، تدفین ایمن، اولویت دارد در حالی که در مناطق شهری، کنترل انتقال در بیمارستان‌ها اولویت بیشتری دارد.

بحث

همه‌گیری بیماری ویروس ابولای بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ در جمهوری دموکراتیک کنگو و اوگاندا، یکی از پیچیده‌ترین و چالش‌برانگیزترین بحران‌های بهداشت عمومی در تاریخ آفریقا محسوب می‌شود. این همه گیری در منطقه‌ای با درگیری‌های مسلحانه طولانی مدت، آوارگی گسترده جمعیت (۶/۹ میلیون نفر)، بی‌اعتمادی عمیق به نظام سلامت، و نبود واکسن و درمان اختصاصی رخ داده است. تحلیل جامع مقالات منتشرشده در مجلات معتبر، ابعاد مختلف اپیدمیولوژیک، تشخیصی، درمانی، واکسن ها و راه‌های پیشگیری را آشکار می‌سازد.

بررسی اپیدمیولوژی

آمار همه گیری

همه گیری فعلی از اوایل آوریل ۲۰۲۶ (تخمین مورد شاخص در ۱ آوریل (۱۲ فروردین ۱۴۰۵) در استان ایتوری آغاز شد و تا ۱۵ ماه می ۲۰۲۶ (۲۵ اردیبهشت ۱۴۰۵) به تأیید آزمایشگاهی رسید. این فاصله ۶ هفته‌ای امکان انباشته شدن زنجیره‌های انتقال را قبل از هرگونه واکنش فراهم کرد. جدول شماره ۲ روند اپیدمیولوژیک بیماری ناشی از ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ بر اساس گزارش های سازمان بهداشت جهانی تا زمان نگارش مقاله (۱۰ سپتامبر ۲۰۲۶ برابر با ۱۹ شهریور ۱۴۰۵) را نشان می‌دهد (۷،۱۰،۱۶،۱۷). این جدول نشان‌دهنده شروع سریع اپیدمی ابولای بوندیبوگیو با افزایش موارد از ۳۳ به ۱۰۴۸ مورد در کمتر از پنج هفته است. این جدول، الگوی اولیه گسترش بیماری را از استان ایتوری به مناطق همجوار و حتی اوگاندا ترسیم می‌کند و میزان کشندگی اولیه را حدود ۲۵/۵ درصد نشان می‌دهد. این جدول نشان می‌دهد که همه گیری ابولای بوندیبوگیو در کشور جمهوری دموکراتیک کنگو نه‌تنها متوقف نشده، بلکه به یکی از بزرگ ترین طغیان های ویروس بوندیبوگیو تبدیل شده است. یادآور می شود که سازمان جهانی بهداشت آمار را به صورت مرتب، به روزرسانی می کند. در گزارش ۱۰ سپتامبر ۲۰۲۶ (۱۹ شهریور ۱۴۰۵) سازمان جهانی بهداشت، در مجموع ۷۰۴۳ مورد تأییدشده بیماری ناشی از ویروس بوندیبوگیو در جمهوری دموکراتیک کنگو، اوگاندا و فرانسه گزارش شده است که شامل ۷۰۲۲ مورد در جمهوری دموکراتیک کنگو، ۲۰ مورد در اوگاندا و یک مورد در فرانسه بوده است. تا این زمان، در مجموع ۳۴۰۰ مرگ گزارش شد. آخرین موارد اوگاندا و فرانسه وارداتی از جمهوری دموکراتیک کنگو بودند و انتقال پایدار خارج از جمهوری دموکراتیک کنگو گزارش نشده است. سازمان جهانی بهداشت، توضیح داده که افزایش اعداد فقط ناشی از انتقال جدید نیست و ممکن است تا حدی ناشی از تقویت نظام مراقبت (Surveillance) و گزارش دهی دقیق تر بیماری، افزایش آزمایش‌ها، بهبود ظرفیت تشخیص و به روز رسانی و گزارش داده‌های معوق نیز باشد.

در اوگاندا، همه‌گیری به طور عمده با موارد وارداتی مرتبط با جمهوری دموکراتیک کنگو و انتقال ثانویه در میان تماس‌ها و کارکنان سلامت

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

جدول ۲. روند اپیدمیولوژیک بیماری ناشی از ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ بر اساس گزارش‌های سازمان جهانی بهداشت

تاریخ گزارش توسط WHO	کشور/منطقه	موارد تأییدشده	مرگ‌های تأییدشده	CFR (میزان کشندگی) موارد تأییدشده	موارد بهبودیافته	مناطق بهداشتی درگیر
۲۱ May ۲۰۲۶	DRC + Uganda	۸۵	۱۰	-	-	-
۱۷ Jun ۲۰۲۶	DRC	۸۹۶	۲۳۲	٪۲۶/۰	-	-
۱۵ Jul ۲۰۲۶	DRC	۲,۱۲۴	۸۲۸	٪۳۹/۰	۳۹۰	۴۶
۲۶ Aug ۲۰۲۶	DRC	۵,۷۹۴	۲,۷۸۶	٪۴۸/۱	۱,۲۹۳	۶۰
۶ Sep ۲۰۲۶	DRC	۶,۶۸۶	۳,۲۲۶	٪۴۸/۳	-	۶۱
۷ Sep ۲۰۲۶	DRC	۶,۷۵۷	۳,۲۶۷	٪۴۸/۳	۱,۵۹۰	۶۱
۱۰ Sep ۲۰۲۶	DRC	۷,۰۲۲	۳,۳۹۸	≈٪۴۸/۴	۱,۶۷۱	۶۱

همراه بود. تا ۲۱ ژوئن ۲۰۲۶ (۳۱ خرداد ۱۴۰۵) آخرین مورد تأییدشده شناسایی شد و سازمان جهانی بهداشت تا آن زمان انتقال مستند در جامعه را گزارش نکرد. این الگو، در کنار شناسایی و پیگیری موارد وارداتی و تماس‌های آنان، اهمیت شناسایی سریع موارد، ردیابی تماس‌ها، کنترل عفونت و همکاری فرامرزی را در محدود کردن گسترش بیماری نشان می‌دهد.

آمار کشندگی متناقض و الگوی اندمیک

یکی از تناقض‌های اپیدمیولوژیک کلیدی همه گیری فعلی، میزان کشندگی گزارش‌شده است که به طور قابل‌توجهی بالاتر از برآوردهای تاریخی برای ویروس بوندیبوگیو است. این تناقض نشان‌دهنده وجود حالت سیندمیک است که شامل عفونت‌های هم‌زمان (بوندیبوگیو، مالاریا و سپسیس باکتریایی) است که مرگ‌ومیر را به طور مستقل از شرایط ذاتی ویروس افزایش می‌دهد (۱۸).

اگرچه ویروس بوندیبوگیو از لحاظ تاریخی با میزان کشندگی پایین‌تری (۶۳–۱۴ درصد) نسبت به ویروس ابولا–زئیر (۸۷–۶۳ درصد) همراه بوده است، اما مشاهدات میدانی به طور متناقضی میزان مرگ‌ومیر هشداردهنده‌ای را نشان می‌دهند و تا تاریخ ۱۸ می ۲۰۲۶ (۲۸ اردیبهشت ۱۴۰۵)، بیش از ۹۰ مرگ مشکوک ثبت شده است. بر اساس مشاهدات میدانی در بونیا، آزمایش‌های تشخیصی نشان دادند که کشت خون از نظر میکروبی، هم در شرایط هوازی و هم بی‌هوازی، مثبت و همچنین با انگل‌های مالاریا همراه بود که نشان‌دهنده حالت سیندمیک شامل عفونت ویروسی خونریزی‌دهنده، سپسیس باکتریایی برق‌آسا، و مالاریای شدید است (۱۸).

بر اساس داده‌های ۳ ژوئن ۲۰۲۶، ۳۴۴ مورد بیماری تأییدشده و ۶۰ مرگ در جمهوری دموکراتیک کنگو و ۱۵ مورد تأییدشده و ۱ مورد مرگ در اوگاندا گزارش شده است که میزان کشندگی در جمهوری دموکراتیک کنگو حدود ۱۷/۴ درصد و در اوگاندا حدود ۶/۷ درصد را نشان می‌دهد. این تفاوت قابل‌توجه نشان‌دهنده تأثیر کیفیت سامانه های بهداشتی بر پیامدهای بالینی است (۱۵).

این تفاوت در میزان کشندگی گزارش‌شده (از ۱۱/۷ درصد در موارد تأییدشده تا ۴۸/۴ درصد) نشان‌دهنده عواملی مثل تشخیص ناقص، عفونت‌های هم‌زمان، تفاوت در کیفیت مراقبت، و تغییر در نسبت موارد مشکوک به تأییدشده است. میزان پایین‌تر کشندگی در اوگاندا (۶/۷ درصد) در مقایسه با جمهوری دموکراتیک کنگو (۴۸/۴ درصد) نشان‌دهنده تأثیر کیفیت سامانه‌های بهداشتی بر پیامدهای بالینی است (۱۵).

طبق آمار مندرج در جدول شماره ۲، بررسی روند همه گیری ابولا بوندیبوگیو از ۲۱ ماه می (۳۱ اردیبهشت ۱۴۰۵) تا ۱۰ سپتامبر ۲۰۲۶ (۱۹ شهریور ۱۴۰۵) نشان‌دهنده تبدیل یک اپیدمی محدود به یکی از بزرگترین همه گیری‌های ویروس Bundibugyo در تاریخ است. به‌طور کلی، این روند صعودی هشداردهنده، همراه با افزایش میزان مرگ‌ومیر، حاکی از شکست نسبی اقدامات اولیه کنترلی و نیاز فوری به مداخلات مؤثرتر، به‌ویژه در مناطق درگیر و پرتراکم است (۱۵ و۱۸ و۲۰).

افزایش میزان کشندگی (CFR) از ۲۶ درصد در ژوئن (خرداد) به حدود ۴۸ درصد در سپتامبر (شهریور) لزوماً به معنای افزایش ذاتی کشندگی ویروس نیست و باید در زمینه زمان تشخیص، تأخیر در مراجعه و درمان، گسترش ظرفیت تشخیصی، ترکیب موارد شناسایی‌شده و تغییرات نظام مراقبت (Surveillance) تفسیر شود.

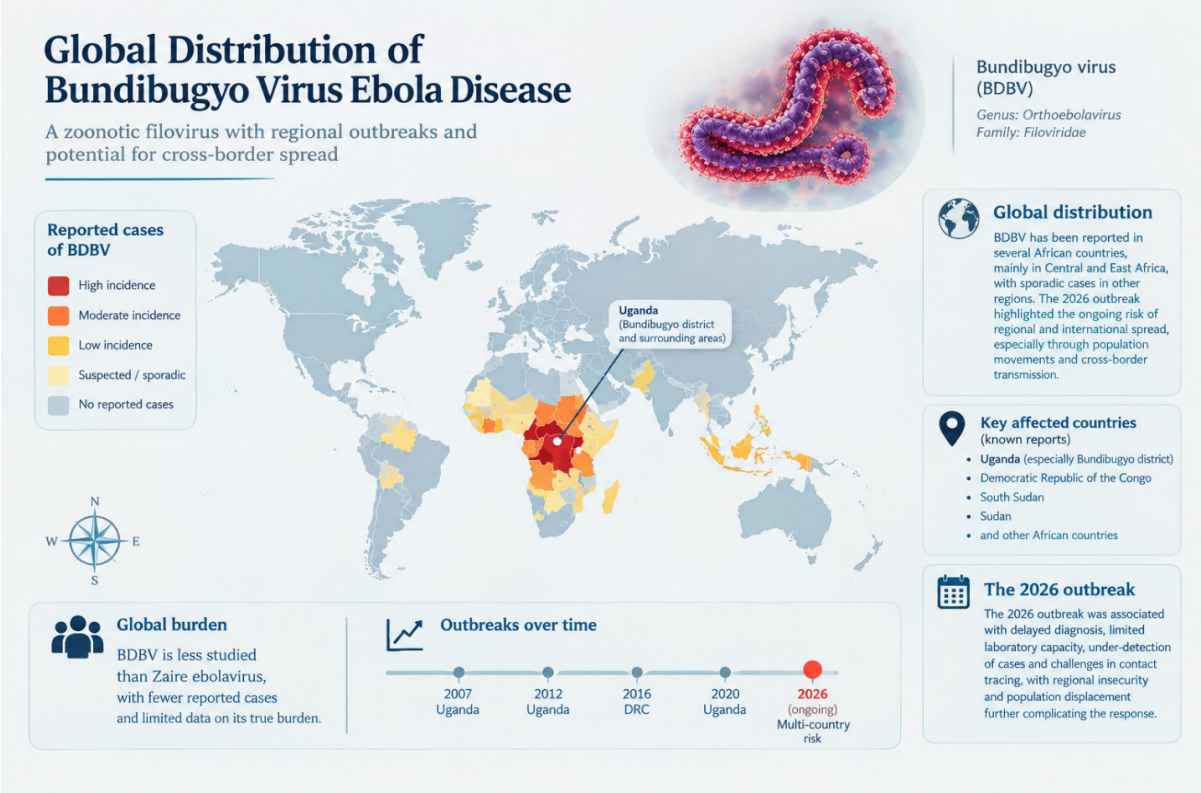
اشکال در گزارش دهی و شکاف بین موارد گزارش‌شده و واقعی

یکی از مهم‌ترین یافته‌های اپیدمیولوژیک، شکاف قابل‌توجه بین موارد گزارش‌شده و برآوردهای مدل‌سازی از اندازه واقعی همه گیری است. این شکاف به طور عمده به محدودیت‌های تشخیصی، میزان پایین ردیابی تماس، و تظاهرات بالینی غیراختصاصی نسبت داده می‌شود.

با استفاده از دو روش مستقل (محاسبه معکوس مبتنی بر مرگ‌ومیر و مدل گسترش جغرافیایی مبتنی بر موارد وارداتی)، برآورد شده است که تا تاریخ ۲۷ می ۲۰۲۶ (۶ خرداد ۱۴۰۵)، تقریباً ۲۸۰ تا ۲۵۲۰ مورد بیماری ویروس بوندیبوگیو ممکن است در جمهوری دموکراتیک کنگو رخ داده باشد (محدوده ۳۰۶–۲۵۲۱ با مدل محاسبه معکوس و ۲۸۲–۱۳۴۵ با مدل گسترش جغرافیایی). این در حالی است که موارد گزارش‌شده در همان تاریخ، ۱۰۳۱ مورد مشکوک بود. همگرایی گسترده برآوردها از دو روش مستقل، این

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]



شکل ۲. پراکندگی جهانی و خطر گسترش فرامرزی BDBV

نتیجه را پشتیبانی می‌کند که کم‌تشخیصی قابل توجهی از موارد وجود داشته و احتمال انتقال گسترده‌تر وجود دارد (۱۴).

در مطالعات آمده است که مقامات جمهوری دموکراتیک کنگو فقط قادر به انجام ردیابی تماس برای ۲۱ درصد از تماس‌های شناخته‌شده تا ۲۱ می ۲۰۲۶ (۳۱ اردیبهشت ۱۴۰۵) بودند و میزان مثبت بودن گزارش‌شده توسط مقامات جمهوری دموکراتیک کنگو که به ۴۶ درصد نزدیک می‌شود، نشان‌دهنده کم‌گزارشی قابل توجه موارد است. موارد مشکوک اولیه در ۲۶ می ۲۰۲۶ (۵ خرداد ۱۴۰۵) به اوج ۱۰۷۷ نفر رسید و سپس به طور قابل‌توجهی توسط طبقه‌بندی مجدد آزمایشگاهی به سمت پایین بازبینی شد که نشان‌دهنده مشکل در تشخیص افتراقی اولیه است (۱۰).

شکاف قابل‌توجه بین موارد گزارش‌شده و برآوردشده (تا ۲/۵ برابر) و میزان پایین ردیابی تماس (۲۱ درصد) نشان‌دهنده گزارش دهی کم سیستماتیک است که ناشی از محدودیت‌های تشخیصی، تظاهرات بالینی غیراختصاصی، و ظرفیت محدود نظارت می‌باشد. این شکاف، برنامه‌ریزی پاسخ و تخصیص منابع را با چالش جدی مواجه می‌کند.

گسترش جغرافیایی

در مطالعه چاملا و همکاران با استفاده از مدل تصادفی SEIRD[2]، احتمال ورود ویروس به کشورهای همسایه را برآورد کردند. اوگاندا: ۹۴/۲ درصد (تا ۲۲ ژوئن ۲۰۲۶ (اول تیر ۱۴۰۵): ۲۰ مورد تأییدشده)، سودان جنوبی: ۶۹/۳ درصد، رواندا: ۸/۶ درصد و بوروندی: ۲/۰ درصد برآورد شده است. الگوی گسترش سه مرحله‌ای نشان‌دهنده خطر قابل‌توجه سرایت منطقه‌ای است (۷). ریچارد و همکاران از CDC[3] نیز خطر نسبی ورود به ایالات متحده را ۱/۳ درصد برآورد کردند (۱۷). بر اساس مدل‌سازی، خطر نسبی ورود به ایالات متحده آمریکا در مقایسه با سایر مکان‌ها ۱/۳ درصد برآورد شد. اگر ویروس بوندیبوگیو وارد ایالات متحده شود، بر اساس مشاهده های تاریخی و اپیدمیولوژی شناخته شده از BVD[4]، به دلیل ظرفیت بالای بهداشت عمومی ایالات متحده آمریکا، انتقال ثانویه احتمالاً حداقل خواهد بود (۱۷).

گسترش عفونت از جمهوری دموکراتیک کنگو به اوگاندا در همسایگی این کشور، نشان داد که انتقال بیماری به اوگاندا نه فقط یک تغییر جغرافیایی، بلکه یک جهش در سطح پیچیدگی عملیاتی است و شکاف‌های ساختاری در سامانه‌های نظارت منطقه‌ای را به‌وضوح نمایان ساخت، به‌گونه‌ای که نظارت بر مرزها، ردیابی تماس‌های بین‌المللی، همراه با ایزوله‌سازی ناقص و پاسخ‌های غیرهماهنگ، نه تنها روند مهار بیماری را مختل کرد، بلکه بستر را برای جهش‌های احتمالی ویروس و ظهور سویه‌های جدید هموار ساخت (۱۰).

تشخیص دیرهنگام و شکاف‌های تشخیصی: وابستگی به فناوری‌های قدیمی

همه گیری سویه جدید ابولا به دلیل وابستگی سامانه های تشخیصی به پلتفرم‌های طراحی‌شده برای ویروس زئیر مانند (GeneXpert) با

2. Susceptible Exposed Infectious Recovered Dead

3. Centers of Disease Control

4. Bundibugyo Virus Disease

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

تأخیر قابل‌توجهی شناسایی شد. این تأخیر ۶ هفته‌ای از (۱ آوریل (۱۲ فروردین) تا ۱۵ می (۲۵ اردیبهشت) ۲۰۲۶) به زنجیره‌های انتقال بیماری اجازه داد تا قبل از هرگونه واکنش، به طور بی‌صدا انباشته شوند (۷).

نمونه‌های اولیه از همه گیری، با روش تشخیصی GeneXpert منفی بودند، در دسترس بودن محدود کیت‌های PCR اختصاصی ویروس بوندیبوگیو، زیرساخت‌های ضعیف آزمایشگاهی، و ظرفیت محدود نظارت، به تشخیص دیرهنگام همه گیری و انتقال تشخیص‌داده‌نشده کمک کردند (۱۰). بیشتر آزمایش‌های مولکولی برای تشخیص ویروس ابولا–زئیر طراحی شده‌اند و ممکن است BDBV را به طور قابل اعتماد تشخیص ندهند (۱۵) که این موضوع، یعنی فاصله ۶ هفته‌ای بین مورد شاخص (۱ آوریل؛ ۱۲ فروردین) و تأیید آزمایشگاهی (۱۵ می؛ ۲۵ اردیبهشت)، به طور قابل‌توجهی مخزن عفونی موجود برای سرایت را قبل از هرگونه واکنش افزایش داد (۷).

وابستگی به فناوری‌های تشخیصی قدیمی و عدم سرمایه‌گذاری در تشخیص‌های پان–فیلوویروس، یک آسیب‌پذیری ساختاری در سامانه‌های آمادگی جهانی ایجاد کرد. تأخیر ۶ هفته‌ای، امکان انباشته شدن مخزن عفونی را فراهم کرد و برنامه‌های پاسخ را با چالش جدی مواجه ساخت.

چالش‌هایی در مناطق درگیر، ناامنی، آوارگی و بی‌اعتمادی

همه گیری در شرق جمهوری دموکراتیک کنگو، درمنطقه‌ای که با دهه‌ها درگیری مسلحانه، ۶/۹ میلیون آواره داخلی، و بی‌اعتمادی عمیق به مقام ها و تیم‌های واکنش، رخ داده است که تلاش‌های کنترل را به شدت مختل کرده است. این عوامل، ردیابی تماس‌ها، تدفین ایمن، و دسترسی بشردوستانه را با چالش جدی مواجه کرده‌اند. درگیری مسلحانه مرتبط با دهه‌ها ناامنی و رقابت بر سر منابع معدنی، همراه با آوارگی جمعیت، سامانه‌های بهداشتی شکننده، و تحرک فرامرزی شدید بین شرق جمهوری دموکراتیک کنگو و کشورهای همسایه، تلاش‌های کنترل همه گیری را پیچیده می‌کند. جمهوری دموکراتیک کنگو حدود ۶/۹ میلیون نفر آواره داخلی دارد که بیشتر آنها در استان‌های شرقی تحت تأثیر درگیری‌های مکرر و تهدیدهای همه‌گیری ساکن هستند (۱۵).

شورش در نورث کیوو، ردیابی تماس‌ها و انتقال ایمن نمونه‌ها را پیچیده می‌کند. تراکم بالای اردوگاه‌های آوارگان داخلی در اطراف بونیا، همراه با تحرکات فرامرزی شدید در مرز نفوذپذیر با اوگاندا، محیطی پرخطر برای انتشار منطقه‌ای ویروس ایجاد کرده است. انتقال بیمارستانی و افزایش مرگ‌ومیر میان کارکنان بهداشتی، ترس از بیمارستان را دامن زده است و به غیبت کارکنان پزشکی و ترک مراکز درمانی انجامیده است (۱۸). در همه گیری ۲۰۲۲–۲۰۱۸ در شرق جمهوری دموکراتیک کنگو، بی‌اعتمادی به مقامات و تیم‌های واکنش، ردیابی تماس‌ها و واکسیناسیون را مختل کرد. مردم ممکن است به دلیل ترس از ایزوله‌سازی، جدایی از خانواده، یا تجربه‌های منفی قبلی، به جای مراکز بهداشتی به شفا دهندگان سنتی یا شبکه‌های خانوادگی مراجعه کنند (۱۳).

مداخلات پزشکی به‌تنهایی، در غیاب دسترسی امن تیم‌های درمانی و اعتماد مردم به سامانه سلامت، کارایی لازم را ندارند. در مناطق درگیر، دسترسی بشردوستانه، تضمین عبور ایمن کارکنان سلامت و امکان انتقال ایمن بیماران و نمونه‌ها از پیش‌شرط‌های مهم اجرای مؤثر اقدامات کنترل عفونت است. در شرایط کنونی، هم‌زمانی سه عامل ناامنی پایدار، آوارگی گسترده و بی‌اعتمادی ریشه‌دار، یک بحران پیچیده ایجاد کرده که کنترل اپیدمی را با چالش‌های بی‌سابقه‌ای مواجه ساخته است.

راه های تشخیص

در مطالعه ناچگا و همکاران (۲۰۲۶) بر ضرورت سرمایه‌گذاری در آزمایش‌های پان–ارتوابولا یا حتی پان–فیلوویروس تأکید شده است. این آزمایش‌ها قادر به شناسایی طیف وسیعی از ویروس‌های خانواده فیلوویروس هستند و می‌توانند از تکرار مشکلات تشخیصی مشاهده‌شده در همه گیری فعلی که ناشی از وابستگی به آزمایش‌های اختصاصی سویه زئیر بود، جلوگیری کنند. اولویت‌های تشخیصی شامل گسترش تشخیص‌های مولکولی غیرمتمرکز نزدیک به بیمار است تا امکان شناسایی سریع موارد در سطوح محلی فراهم شود و نیاز به ارسال نمونه‌ها به آزمایشگاه‌های مرکزی که مستلزم صرف زمان طولانی است، کاهش یابد. تقویت سامانه‌های حمل نمونه برای انتقال سریع و ایمن نمونه‌ها از مناطق دورافتاده به آزمایشگاه‌های مرجع، یکی دیگر از اولویت‌های کلیدی محسوب می‌شود که می‌تواند تأخیرهای تشخیصی را به حداقل برساند. حمایت از شبکه‌های آزمایشگاهی منطقه‌ای نیز از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است تا ظرفیت تشخیصی در سطح منطقه تقویت شده و وابستگی به آزمایشگاه‌های خارج از منطقه کاهش یابد (۱۵). هایدر و همکاران نیز بر توسعه آزمایش‌های پان–فیلوویروس که قادر به شناسایی همه گونه‌های ویروس ابولا هستند، تأکید کرده‌اند تا سامانه‌های تشخیصی برای مواجهه با هر گونه ی جدیدی آماده باشند. در نهایت، یکپارچه‌سازی نظارت ژنومی در سامانه‌های تشخیصی به عنوان یک راه‌حل بلندمدت مطرح شده است که امکان شناسایی سریع جهش‌های ویروسی و تطبیق راهبردهای تشخیصی و درمانی را فراهم می‌آورد (۱۰).

بیماری اولیه ابولا می‌تواند شبیه مالاریا، تب تیفوئید، وبا، تب لاسا، و سایر بیماری‌های تب‌دار بومی باشد؛ بنابراین، پزشکان باید آزمایش مالاریا را انجام دهند، احتمال عفونت هم‌زمان را مد نظر داشته باشند و از الگوریتم ACDP[5] (چک لیست ارزیابی ریسک بیماران مشکوک به تب‌های خونریزی‌دهنده ویروسی (VHF) مانند ابولا) برای ارزیابی خطر استفاده کنند (۱۲).

درمان و واکسن

هیچ درمان تأییدشده‌ای برای ویروس بوندیبوگیو وجود ندارد. آنتی‌بادی‌های مونوکلونال تأییدشده توسط FDA (مانند Ebanga) که برای ویروس زئیر طراحی شده‌اند، در برابر ویروس بوندیبوگیو مؤثر نیستند؛ زیرا به آن متصل نمی‌شوند یا آن را خنثی نمی‌کنند

5. Advisory Committee on Dangerous Pathogens

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

جدول ۳. داروهای در حال بررسی

دارو	نوع	وضعیت
(Remdesivir) رمدسیویر	ضدویروس وسیع‌الطیف	مورد استفاده در کووید-۱۹ و همه‌گیری‌های قبلی ابولا
MBP۱۳۴	آنتی‌بادی مونوکلونال	شواهد مثبت در آزمایش‌های حیوانی
(Maftivimab) مافتیوی‌ماب	آنتی‌بادی مونوکلونال	WHO توصیه شده برای ارزیابی توسط
(Obeldesivir) اوبلدسیویر	ضدویروس خوراکی	(WHO) اولویت برای پروفیلاکسی پس از مواجهه

جدول ۴. واکسن های در حال توسعه برای سویه جدید ابولا

نام واکسن در حال مطالعه	پلتفرم	وضعیت	شواهد
ChAdOx-IBDBV	ChAdOx۱	در حال توسعه	در دست بررسی
rVSV-BDBV	rVSV	در حال توسعه	در دست بررسی
mRNA-BDBV	mRNA	در حال توسعه	پیش بالینی/مراحل اولیه تولید

(۱۰). ریچارد و همکاران (۲۰۲۶) از CDC نیز تأکید کرده‌اند که یک واکسن مجاز و دو محصول آنتی‌بادی مونوکلونال که برای زئیر استفاده شده‌اند، اثربخشی نامشخصی در برابر BVD دارند (۱۷).
درمان‌هایی مانند رمدسیویر (ضدویروس وسیع‌الطیف که در کووید–۱۹ و همه‌گیری‌های قبلی ابولا استفاده شده است)، MBP۱۳۴ (آنتی‌بادی مونوکلونال با شواهد مثبت در آزمایش‌های حیوانی)، مافتیوی‌ماب (آنتی‌بادی مونوکلونال توصیه‌شده برای ارزیابی توسط سازمان بهداشت جهانی)، و اوبلدسیویر (ضدویروس خوراکی با اولویت برای پروفیلاکسی پس از مواجهه) در حال بررسی هستند (۱۲). سازمان بهداشت جهانی در ۲۸ می ۲۰۲۶، سه درمان MBP۱۳۴، مافتیوی‌ماب و رمدسیویر را توصیه کرده است. یک کوکتل آنتی‌بادی مونوکلونال پان–ابولا برای ارزیابی نیز در حال توسعه، اما اثربخشی و ایمنی آن هنوز نامشخص است (۱۰و۱۲). جدول شماره ۳ داروهای در دست بررسی را نشان می دهد. داروهای اختصاصی برای BDBV هنوز تأیید نشده‌اند و چند گزینه درمانی در قالب مطالعات و کارآزمایی‌های بالینی در حال ارزیابی هستند.
در غیاب درمان اختصاصی، مراقبت‌های حمایتی برای مدیریت بیماران انجام می‌شود که شامل کنترل علایم (تب، درد، تهوع)، جایگزینی مایعات و الکترولیت‌ها، مدیریت عوارض [خونریزی، نارسایی اندام‌ها)، و مراقبت‌های ویژه در صورت نیاز است (۱۲).
آنتی‌بادی‌های مونوکلونال تأییدشده توسط FDA (مانند Ebanga) که برای ویروس زئیر موجود هستند، در برابر ویروس بوندیبوگیو مؤثر نیستند؛ زیرا به آن متصل نمی‌شوند یا آن را خنثی نمی‌کنند (۴). اگرچه یک کوکتل آنتی‌بادی مونوکلونال پان–ابولا در حال توسعه است، اثربخشی و ایمنی آن هنوز نامشخص است. برای BVD هیچ واکسن تأییدشده‌ای در دسترس نیست. یک واکسن مجاز و دو محصول آنتی‌بادی مونوکلونال که برای زئیر استفاده شده‌اند، اثربخشی نامشخصی در برابر BVD دارند (۱۷).
شواهد ایمنی‌شناختی اخیر، با وجود محدودیت‌ها، چشم‌انداز جدیدی را مطرح کرده‌اند. مطالعه‌ای روی نمونه‌های سرمی حاصل از کارآزمایی PREVAC نشان داد که واکسن‌های rVSVΔG-ZEBOV-GP و Ad26.ZEBOV/MVA-BN-Filo می‌توانند پاسخ‌های آنتی‌بادی واکنش متقاطع قابل‌اندازه‌گیری علیه BDBV ایجاد کنند؛ با این‌حال، شدت این پاسخ‌ها به‌طور قابل‌توجهی پایین‌تر از پاسخ علیه آنتی‌ژن همولوگ EBOV بود (۵). پژوهشگران تأکید کردند که این یافته‌ها شواهدی از واکنش متقاطع پاسخ آنتی بادی Cross-Reactive Antibody Responses فراهم می‌کنند، اما ارزش حفاظتی مستقیم این آنتی‌بادی‌ها در برابر بیماری ناشی از BDBV هنوز مشخص نیست (۵). بنابراین، این شواهد بیش از آنکه جایگزینی برای واکسن اختصاصی BDBV باشند، اهمیت بررسی امکان ایجاد ایمنی هترولوگ و توسعه واکسن‌های با پوشش گسترده‌تر در برابر فیلوویروس‌ها را مطرح می‌کنند (۵).
در مطالعه لانگ (۱۲) و هایدر و همکاران (۱۰) سه واکسن معرفی شده است. هایدر و همکاران (۲۰۲۶) تأکید کرده‌اند که سه توالی ژنومی کامل از ویروس بوندیبوگیو توسط مقامات جمهوری دموکراتیک کنگو در ۱۷ می ۲۰۲۶ و شش توالی اضافی تا ۲۱ می ۲۰۲۶ به Pathoplexus[۶] ارسال شد و سازمان بهداشت جهانی یک مشاوره تخصصی اضطراری برای ارزیابی واکسن‌ها و درمان‌های منتخب برای استقرار احتمالی در طول همه گیری تشکیل داد. جدول شماره ۴ واکسن های در حال توسعه برای این سویه از ابولا را نشان می دهد.
مانو و فردی در تحلیل انتقادی خود، سوالی مطرح کرده اند که ابولا

۶. پایگاه داده تخصصی و منبع‌باز با مدیریت کنسرسیوم بین‌المللی و دفتر مرکزی در بازل، سوئیس، که امکان اشتراک‌گذاری سریع توالی‌های ژنومی در زمان همه گیری بیماری‌ها فراهم می‌کند.

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]
[DOI: 10.22034/44.3.40]

برای دهه‌ها شناخته شده است، چرا هنوز برای همه ویروس‌های ابولا واکسن نداریم؟ (۱۳).
نخستین و شاید مهم‌ترین چالش، فقدان انگیزه اقتصادی برای سرمایه‌گذاری در توسعه واکسن این ویروس است. همه گیری‌های نادر و کوچک ویروس بوندیبوگیو، برخلاف ویروس ابولا–زئیر که همه‌گیری‌های گسترده‌ای ایجاد کرده است، توجیه اقتصادی کافی برای شرکت‌های داروسازی برای سرمایه‌گذاری در تحقیق و توسعه ایجاد نمی‌کند و این امر سبب می‌شود که این ویروس‌های نادر در اولویت‌بندی‌های جهانی قرار نگیرند (۱۳). دومین چالش، زمان‌بر بودن فرایند توسعه، کارآزمایی و تأیید واکسن است که دست کم ۲ تا ۹ ماه به طول می‌انجامد و این مدت زمان برای تأثیرگذاری بر یک همه گیری در حال وقوع بسیار طولانی محسوب می‌شود (۱۲). موانع نظارتی نیز به عنوان سومین چالش مطرح هستند؛ صدور مجوز و استقرار سریع واکسن‌های جدید در طول همه گیری، فرایندی پیچیده و زمان‌بر است که نیازمند هماهنگی بین نهادهای نظارتی مختلف در سطح ملی و بین‌المللی می‌باشد (۱۳). در نهایت، تأخیر در تأثیرگذاری به گونه‌ای است که واکسن‌های در حال توسعه، حتی در صورت موفقیت، برای مهار همه گیری فعلی دیرهنگام خواهند بود و این امر نشان می‌دهد که نظام فعلی توسعه واکسن برای پاسخ به همه گیری‌های ناگهانی پاتوژن‌های نادر کارآمد نیست (۱۰).

پیشگیری و کنترل

اقدام های پیشگیری و کنترل عفونت

اقدام های کلیدی پیشگیری و کنترل عفونت، در سه حوزه اصلی مراکز درمانی، جامعه و نظارت اولویت‌بندی شده است. در مراکز درمانی، تریاژ و ایزوله‌سازی سریع بیماران مشکوک به عنوان اولین گام اساسی مطرح است که باید با تأمین تجهیزات حفاظت فردی کافی برای کارکنان بهداشتی همراه شود (۱۲). بازآموزی مستمر در زمینه پیشگیری و کنترل عفونت، اجرای شیوه نامه‌های ایمن برای حمل نمونه‌ها و مدیریت بیماران، و ارایه خدمات حمایت روانی–اجتماعی به کارکنان بهداشتی که در خط مقدم مبارزه با بیماری قرار دارند، از دیگر اولویت‌های کلیدی محسوب می‌شوند (۱۵).
در سطح جامعه، تدفین ایمن با مشارکت فعال جوامع محلی در طراحی رویکردهای تدفین، شست‌وشوی منظم دست‌ها با آب و صابون، اجتناب از تماس مستقیم با افراد علامت‌دار و حیوانات بیمار یا مرده، و آموزش جامعه درباره علایم و روش‌های انتقال بیماری از اقدام های ضروری هستند (۱۵).
در حوزه نظارت و ردیابی تماس نیز تقویت نظارت برای شناسایی سریع موارد مشکوک، ردیابی تماس‌ها برای شناسایی و قرنطینه افراد در معرض خطر، و غربالگری مسافران در نقاط ورودی به عنوان اقدام های مکمل مطرح شده‌اند (۱۵).

هماهنگی فرامرزی

با توجه به خطر بالای سرایت فرامرزی، ناچگا و همکاران بر ضرورت هماهنگی فرامرزی جامع تأکید کرده‌اند که شامل تعاریف نظارت هماهنگ، قالب استاندارد و مشترک برای ثبت اطلاعات بیماران، گزارش‌دهی آزمایشگاهی قابل‌تعامل، ردیابی تماس مشترک، غربالگری هماهنگ در نقاط ورودی، و تبادل اطلاعات منظم بین کشورهای درگیر شامل جمهوری دموکراتیک کنگو، اوگاندا، رواندا، سودان جنوبی، و نهادهای بین‌المللی مانند سازمان بهداشت جهانی و Africa CDC می‌باشد. این هماهنگی می‌تواند از گسترش فرامرزی بیماری جلوگیری کرده و واکنش به همه گیری را کارآمدتر سازد (۱۵).

مشارکت جامعه

مشارکت جامعه به عنوان یکی از مهم‌ترین عوامل موفقیت در کنترل همه گیری شناسایی شده است. مشارکت جوامع محلی به عنوان شریک در طراحی و اجرای پاسخ، به اندازه واکسن در کنترل همه گیری اهمیت دارد. جوامع محلی نباید به عنوان گیرنده منفعل مداخلات باشند بلکه باید به عنوان شریک در طراحی و اجرای پاسخ درگیر شوند. ارتباط مؤثر با جامعه و پیام‌رسانی بهداشتی باید حساسیت فرهنگی داشته باشد و با کمک رهبران مورد اعتماد جوامع توسعه یابد؛ و ترس از ایزوله‌سازی، جدایی از خانواده، و تجربه‌های منفی قبلی در طراحی مداخلات مد نظر قرار گیرد (۱۳). آتش‌بس بشردوستانه، عبور ایمن برای همه بیماران، کارکنان بهداشتی، آمبولانس‌ها، تیم‌های تدفین، نمونه‌های آزمایشگاهی، و تجهیزات فراهم میکند؛ چرا که بدون ایجاد فضای امن برای تیم‌های امدادی، کنترل همه گیری در مناطق درگیر غیرممکن خواهد بود (۱۹).

مداخلات ترکیبی مبتنی بر شواهد

اوانس و همکاران با مدل‌سازی ریاضی نشان دادند که هیچ مسیر انتقالی به تنهایی نمی‌تواند خطر همه گیری گسترده را به صفر برساند و فقط ترکیبی از مداخلات، مؤثر واقع می‌شود. بر اساس این مدل‌سازی، حذف انتقال در تدفین، احتمال همه گیری گسترده را از ۴۱ درصد به ۶/۶ درصد کاهش می‌دهد که معادل کاهش ۸۴ درصدی است. ترکیب پرستاری با مانع (با ۹۰ درصد کاهش در انتقال به کارکنان بهداشتی) و کاهش بیش از ۶۵/۱ درصدی در تدفین ناایمن می‌تواند خطر همه گیری گسترده را به صفر برساند. همچنین مشخص شده است که در مناطق روستایی با دسترسی محدود به مراقبت‌های درمانی، تدفین ایمن اولویت دارد، در حالی که در مناطق شهری با دسترسی خوب به مراقبت، کنترل انتقال عفونت در بیمارستان‌ها در اولویت قرار می‌گیرد (۹).

اقدام های بین‌المللی

در واکنش به خطر بین‌المللی، برخی کشورها اقدام های غربالگری، مراقبت مرزی و محدودیت‌های موقت مرتبط با سفر را اجرا کردند؛ با این حال، سازمان بهداشت جهانی بر تقویت نظام مراقبت (Sur-veillance)، تشخیص و همکاری فرامرزی به‌جای محدودیت‌های گسترده سفر تأکید کرده است (۱۲).

چالش های عملیاتی و راه حل های آن

همه‌گیری ابولا ناشی از ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶ با

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]
[DOI: 10.22034/44.3.40]

مجموعه‌ای از چالش‌های عملیاتی پیچیده مواجه بوده است که مهار آن را به یکی از دشوارترین بحران‌های بهداشت عمومی در تاریخ آفریقا تبدیل کرده است. شش حوزه چالش برانگیز در این شرایط شامل موارد ذیل بوده است:

۱- بی‌اعتمادی جامعه به نظام سلامت که با اطلاعات نادرست، مقاومت در برابر ایزوله‌سازی و تدفین ایمن را ایجاد نموده است؛

۲- نا امنی و درگیری‌های مسلحانه که با وجود ۶/۹ میلیون آواره داخلی و فعالیت گروه‌های مسلح، دسترسی تیم‌های امدادی را با مشکل مواجه کرده است؛

۳- تشخیص دیرهنگام ناشی از وابستگی به پلتفرم GeneXpert و کمبود کیت‌های تشخیصی اختصاصی؛

۴- سامانه‌های بهداشتی شکننده با کمبود تجهیزات و نیروی انسانی ناکافی؛

۵- فقدان واکسن و درمان اختصاصی برای ویروس بوندیبوگیو؛

۶- کمبود بودجه بین‌المللی در مقایسه با اپیدمی‌های پیشین که توانایی پاسخ‌گویی را به شدت کاهش داده است (۱۸و۱۵و۱۳).

اولویت‌های فوری و اولویت های بلندمدت

اولویت‌های فوری برای کنترل همه گیری شامل تقویت مشارکت جامعه مبتنی بر اعتماد، حفاظت از کارکنان و مراکز بهداشتی از مسیر تأمین تجهیزات حفاظت فردی و آموزش، گسترش تشخیص‌های مولکولی غیرمتمرکز برای شناسایی سریع موارد، تقویت ظرفیت‌های تریاژ و ایزوله‌سازی در مراکز درمانی، تسریع نظارت ژنومی و تحقیقات عملیاتی برای درک بهتر پویایی‌های انتقال، و تأمین مالی پایدار برای پاسخ فعلی می‌باشد؛ و در بلندمدت، راه‌حل‌های ساختاری شامل ایجاد سامانه‌های آمادگی جامعه‌محور که اعتماد و کرامت را در اولویت قرار می‌دهند، توسعه سامانه‌های نظارت منطقه‌ای مقاوم در برابر بحران‌ها، سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌های آزمایشگاهی و تشخیصی، ادغام پیشگیری و کنترل عفونت در راهبردهای تقویت سامانه بهداشتی، تقویت ظرفیت‌های تحقیق و توسعه به رهبری آفریقا برای تولید واکسن‌ها و درمان‌های اختصاصی، و ایجاد ساز و کارهای تأمین مالی پایدار برای آمادگی در برابر همه گیری‌های آینده توصیه می‌شود (۱۵).

پیامدهای بلندمدت ویروس ابولا بر سلامت روان

مطالعه کریا و همکاران با استفاده از طراحی مورد-شاهدی روی ۶۶۳ کودک (۱۰ تا ۱۷ سال) و مراقبان آن‌ها در سیرالئون، به بررسی پیامدهای بلندمدت سلامت روان ناشی از ابولا پرداخته است. یافته‌های این پژوهش نشان داد که عواقب روانی ویروس ابولا، نه تنها برای کودکانی که خود به این بیماری مبتلا شده‌اند، بلکه برای کودکانی که مبتلا نشده‌اند اما در کنار یک فرد مبتلا در یک خانوار زندگی می‌کرده‌اند (گروه تحت‌تأثیر)، طولانی‌مدت و پایدار می‌باشد (۸).

این مطالعه نشان داد که پاسخ به همه گیری‌های عفونی نباید فقط به مهار فوری بیماری محدود شود؛ بلکه باید در نظر داشت که پیامدهای طولانی‌مدت سلامت روان برای بازماندگان و خانواده‌هایشان، نیازمند برنامه‌های حمایتی پایداراست که هم برای کودکان مبتلا و هم برای کودکان تحت تأثیر، و همچنین برای مراقبان، خدمات روانی - اجتماعی فراهم کند.

نتیجه‌گیری

همه گیری ابولا ناشی از ویروس بوندیبوگیو در سال ۲۰۲۶، ابعاد مختلفی از چالش‌های بهداشت عمومی را آشکار ساخته است که هر یک نیازمند توجه فوری و راه‌حل‌های ساختاری هستند. از منظر اپیدمیولوژیک، میزان کشندگی گزارش‌شده در طول همه‌گیری تغییر قابل‌توجهی داشته و در گزارش‌های اخیر سازمان جهانی بهداشت (۱۰ سپتامبر ۲۰۲۶؛ ۱۹ شهریور ۱۴۰۵)، حدود ۴۸ درصد بوده است. میزان کشندگی بالاتر از حد انتظار ناشی از حالت سیندمیک، عفونت‌های همزمان (ویروس بوندیبوگیو، مالاریا، سپسیس باکتریایی) و شکاف‌های تشخیصی است. شکاف ۲/۵ برابری بین موارد گزارش‌شده و برآوردشده، برنامه‌ریزی پاسخ و تخصیص منابع را با چالش جدی مواجه کرده است. خطر بالای سرایت فرامرزی به اوگاندا (۹۴/۲ درصد) و سودان جنوبی (۶۹/۳ درصد) ضرورت هماهنگی منطقه‌ای فوری را نشان می‌دهد. از دیدگاه تشخیص، وابستگی به GeneXpert که برای تشخیص ویروس زئیر طراحی شده، منجر به ۶ هفته تأخیر در تشخیص و انباشته شدن موارد پیش از اعلام همه گیری شد. از نگاه درمان و واکسن، هیچ واکسن یا درمان اختصاصی برای ویروس بوندیبوگیو وجود ندارد و سه واکسن در حال توسعه برای تأثیرگذاری بر همه گیری فعلی، دیرهنگام هستند. مراقبت‌های حمایتی به عنوان سنگ‌بنای مدیریت بیماران در غیاب درمان اختصاصی مطرح است. راه‌حل‌های پیشنهادی شامل سرمایه‌گذاری در تشخیص‌های پان-فیلوویروسی برای کاهش وابستگی به فناوری‌های اختصاصی، توسعه واکسن‌ها و درمان‌های اختصاصی برای همه گونه‌های ارتوابولا ویروس، ادغام دیپلماسی سلامت در پاسخ به همه گیری، تقویت هماهنگی فرامرزی، توسعه برنامه‌های حمایتی روانی-اجتماعی پایدار برای کودکان و مراقبان که تا سال‌ها پس از همه گیری دچار مشکلات روانی می‌شوند، اجرای مداخلات ترکیبی شامل تدفین ایمن، پرستاری با مانع و مشارکت جامعه می باشد.

طغیان ۲۰۲۶ ابولا ناشی از ویروس بوندیبوگیو نشان داد که سامانه های سلامت در هنگام ورود پاتوژن‌های نوپدید، یعنی زمانی که تشخیص به درستی انجام نمی شود و درمانی وجود ندارد، و بیماری وارد جمعیت های متاثر از درگیری و نزاع می گردد که دچار جا به جایی ناخواسته گسترده نیز هستند، چقدر می تواند آسیب پذیر باشد.

ملاحظات اخلاقی

از آنجا که این پژوهش یک مطالعه مروری مبتنی بر منابع منتشرشده است و هیچ‌گونه مداخله مستقیم روی انسان یا جمع‌آوری اطلاعات فردی و محرمانه انجام نشده است، داده‌های مورد استفاده از منابع عمومی و علمی استخراج شدند و نام و مشخصات منابع در بخش مراجع مقاله بیان شده است. همچنین تصاویر به کار رفته در این پژوهش با کمک ابزارهای هوش مصنوعی مولد (AI) تولید و سپس

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]

ویرایش شده اند. این تصاویر فقط برای اهداف تصویری و کمک به ارایه بهتر مفاهیم مورد استفاده قرار گرفته اند و هیچگونه داده، نتیجه یا یافته پژوهشی را ایجاد، تغییر یا تحریف نکرده اند. نویسندگان مسئولیت کامل صحت علمی محتوای مقاله و تصاویر ارایه شده را بر عهده دارند.

محدودیت‌های مطالعه

از محدودیت‌های اصلی این مطالعه می‌توان به ناهمگونی روش‌شناختی منابع، تفاوت در زمان گردآوری داده‌ها، تغییر سریع آمار همه گیری در طول اپیدمی و احتمال کم‌برآوردی موارد واقعی به دلیل محدودیت‌های تشخیصی و نظارتی اشاره کرد. همچنین برخی یافته‌ها بر اساس مدل‌سازی یا برآوردهای آماری بوده و نمی‌توان آنها را معادل آمار قطعی موارد دانست. وجود اختلاف میان آمار رسمی و برآوردهای مدل‌سازی‌شده نیز در منابع مورد بررسی گزارش شده است. بنابراین، یافته‌های این مقاله باید در چارچوب شواهد موجود تا زمان انجام بررسی، تفسیر گردد و با توجه به پویایی سریع همه گیری، احتمال تغییر در آمار و شواهد جدید در آینده در نظر گرفته شود.

با توجه به تمرکز قابل‌توجه شواهد موجود بر EBOV و محدود بودن مطالعات اختصاصی BDBV، بخشی از تفسیرها بر اساس شواهد غیرمستقیم از سایر گونه‌های Orthoebolavirus انجام شده است.

تشکر و قدردانی

از آقایان محمد زارعی و سید آیت میر نوالهی که در نگارش متن اولیه مقاله نقش داشتند، تقدیر و تشکر می‌شود.

منابع

1. Towner JS, Sealy TK, Khristova ML, Albariño CG, Conlan S, Reeder SA, et al. Newly discovered ebola virus associated with hemorrhagic fever outbreak in Uganda. PLoS Pathog. 2008;4(11):e1000212.

2. Wamala JF, Lukwago L, Malimbo M, Nguku P, Yoti Z, Musenero M, et al. Ebola hemorrhagic fever associated with novel virus strain, Uganda, 2007-2008. Emerg Infect Dis. 2010;16(7):1087-92.

3. MacNeil A, Farnon EC, Wamala J, Okware S, Cannon DL, Reed Z, et al. Proportion of deaths and clinical features in Bundibugyo Ebola virus infection, Uganda. Emerg Infect Dis. 2010;16(12):1969-72.

4. Roddy P, Howard N, Van Kerkhove MD, Lutwama J, Wamala J, Yoti Z, et al. Clinical manifestations and case management of Ebola haemorrhagic fever caused by a newly identified virus strain, Bundibugyo, Uganda, 2007-2008. PLoS One. 2012;7(12):e52986.

5. Lhomme E, Wiedemann A, Ayouba A, Ben-Farhat S, Thaurignac G, Roy C, et al. Cross-Reactive Bundibugyo Antibody Responses after Receipt of Licensed Ebola Vaccines. N Engl J Med. 2026;395(6):612-5.

6. Sullivan NJ. Bundibugyo Virus Disease in 2026 - Clinical and Public Health Responses. N Engl J Med. 2026;395(3):278-9.

7. Chamla D, Belizaire MRD, Co IF, Jinadu A, Mamadu I, Atagbaza AO. Size of the 2026 Ebola outbreak and risk of cross-border spillover from Bundibugyo virus in Ituri Province, DR Congo, and its implications for preparedness: a recalibrated stochastic modelling study. Lancet Infect Dis. 2026:S1473-3099(26)00320-8.

8. Crea TM, Okunoren O, Klein EK, Collier KM, McTernan M, Sevalie S, et al. Ebola Virus Disease and Pediatric Mental Health: Long-Term Mediating Effects of Caregiver Mental Health. J Am Acad Child Adolesc Psychiatry. 2026;65(1):56-65.

9. Evans A, Hart W, Longobardi S, Desikan R, Sher A, Thompson R. Reducing transmission in multiple settings is required to eliminate the risk of major Ebola outbreaks: a mathematical modelling study. J R Soc Interface. 2025;22(224):20240765.

10. Haider N, Khan RA, Rahman KM. Beyond past Ebola outbreaks: delayed detection, preparedness gaps, and the vaccine race during the 2026 Bundibugyo virus outbreak. Int J Infect Dis. 2026;170:108843.

11. Judson SD, Munster VJ. The Multiple Origins of Ebola Disease Outbreaks. J Infect Dis. 2023 Nov 13;228(Suppl 7):S465-S473.

12. Lang K. Ebola: What you need to know and what to do about suspected cases. BMJ. 2026;393:e166095.

13. Manno D, Freddy BB. The DRC Ebola outbreak has exposed the consequences of global health underfunding. BMJ. 2026;393:e678216.

14. McCabe R, Ebbarnezh L, Okware S, Fotsing R, Koua E, Mbaka P, et al. Estimation of the Ebola outbreak size in the Democratic Republic of the Congo. Lancet Infect Dis. 2026;26(7):e279-e280.

15. Nachega JB, Mbala-Kingebeni P, Mulangu S, Ndembi N, Preiser W, Skinner D, et al. Ebola outbreak caused by Bundibugyo virus: challenges and priorities for epidemic preparedness and response. Lancet. 2026;407(10547):2474-8.

16. Ngongo N, Belizaire MR, Mercy K, Dereje N, Hall S, Otim P, et al. WHO and Africa CDC declare the 2026 Ebola disease outbreak a public health emergency. Lancet. 2026;407(10547):2497-8.

17. Richard DM, Routledge I, Koeller S, Ghinai I, Hsu CH, Chatham-Stephens K, et al. Assessment of Risk to the U.S. Population from the Ebola Disease Outbreak Caused by Bundibugyo Virus, 2026. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2026;75(22):290-2.

18. Tonen-Wolyec S, Bélec L. The 17th Ebola outbreak in the Democratic Republic of the Congo: a syndemic challenge. Lancet. 2026;407(10546):2369-70.

19. André E, Ssengooba W, Berner-Rodoreda A, Bahizire E, Skordis J, Ngabonziza JS, et al. Urgent call for an Ebola truce in DR Congo. Lancet. 2026;407(10547):2498-9.

20. Herriman R. Ebola in DRC: More than 6,000 confirmed cases in 3 1/2 months. 2026. Available at: https://outbreaknewstoday.substack.com/p/ebola-in-drcmore- than-6000-confirmed.

[Downloaded from jmciri.ir on 2026-10-23]

[DOI: 10.22034/44.3.40]