

Eestis aastatel 2020-2022 eraldatud *Helicobacter pylori* tüvede genotüübilise varieeruvuse kirjeldav analüüs

H. pylori on inimese mao patogeen, kellega on nakatunud rohkem kui 50% maailma elanikkonnast. Infektsioon põhjustab mao limaskestast põletikku ehk gastriiti, mis võib progresseeruda tõsisteks maohaigusteks, sealhulgas ka maovähiks. Seetõttu on *H. pylori* klassifitseeritud esimese klassi kartsinogeeniks. Lisaks kõrgele esinemissagedusele on *H. pylori*-le iseloomulik suur geneetiline mitmekesisus, mis võimaldab bakteritüved jagada kindlatele geograafilistele piirkondadele iseloomulikesse populatsioonidesse. Nakatumise tagajärge ja maovähi kujunemise riski mõjutavad oluliselt bakteri virulentsusfaktorid, mille genotüübid võimaldavad hinnata bakteri patogeensust. Eestis on varasemalt tuvastatud väga kõrge (82.5%) *H. pylori*-ga nakatumise tase, kuid siin levivat bakteripopulatsiooni ei ole põhjalikult kirjeldatud. Seetõttu on informatsioon Eestis ringlevate *H. pylori* tüvede fülogeneetilise päritolu ja patogeensuse kohta väga limiteeritud. *H. pylori* infektsiooni tõsiste tagajärgede ennetamiseks kasutatakse antibiootikumide kolmikravi, kuid üha sagedamini esinev antibiootikumiresistentsus põhjustab ravi ebaõnnestumist.

Sellest tulenevalt oli käesoleva magistritöö eesmärk Eestis ringleva *H. pylori* populatsiooni täisgenoomide kirjeldamine ning virulentsusfaktorite ja antibiootikumiresistentsust põhjustavate geenide genotüüpiseerimine. Töö tulemusel saadi esmakordselt 43 Eestis eraldatud *H. pylori* tüve täisgenoomide järjestused, mis liigitati fülogeneetilise analüüsi tulemusel alampopulatsioonidesse *hspNEurope* ja *hspEurasia*. Virulentsusfaktorite genotüüpiseerimisest selgus, et Eestis ringlev *H. pylori* populatsioon on väga mitmekesine ja patogeensemaid virulentsusfaktorite genotüüpe esines rohkem kui pooltel uuritud tüvedel. Antibiootikumiresistentsuse tekkepõhjus kinnitati vaid klaritromütsiini puhul, kuid amoksitsilliini, levofloksatsiini ja metronidasooli resistentsuse tekkepõhjusteid käesolevas töös ei tuvastatud.

Käesolev töö on esimene, mis kirjeldab Eestis eraldatud *H. pylori* tüvede täisgenoome ja nende fülogeneetilist päritolu. Lisaks on võimalik käesolevas töös kirjeldatud täisgenoomide järjestusi veel põhjalikumalt uurida ning kaasata neid ülemaailmsetes *H. pylori* populatsiooni uuringutes. Töö tulemusel valmis põhjalik ülevaade Eestis ringleva bakteripopulatsiooni virulentsusfaktorite genotüüpidest, mis võimaldas hinnata populatsiooni patogeensust ja ohtu Eesti rahva tervisele.