

Jelizaveta Štšennikova

## **Eesti süstivatel uimastitarvitajatel 2014 ja 2017 aastal levinud C-hepatiidi viiruse tüvede fülogeneetiline analüüs**

Bakalaureusetöö

Juhendajad: Maria Cecilia Sarmiento, TTÜ Keemia ja biotehnoloogia instituut, vanemteadur, dotsent;

Irina Rešetnjak, TAI Viroloogia ja Immunoloogia osakond, nooremteadur

### Lühikokkuvõte

Maailmas HCV nakatusega elab 71 miljonit inimest, moodustades 1% elanikkonna.

C-hepatiidiviirus on üks kõige levinud põhjus, mille pärast võivad tekkida kroonilised maksa haigused. HCV ülekande allikad mõjutavad tegevusi, mis hõlmavad kokkupuudet vere või veres sisalduvate kehavedelikega, näiteks tätoveerimine, akupunktuur ja muud bioloogiliselt usutavad ülekandemeetodid. Uute HCV-infektsioonide peamine põhjus on süstitav narkootikumide tarvitamine, mis põhjustas 2015 aastal 1,75 miljonit uut infektsiooni. Eestis nakatumise riskirühmaks on olnud ning peamine levikutee narkootiliste ainete süstimine süstlade-nõeltega. C-hepatiidi viiruse uuringud uimastitarbijate hulgas on väga vajalikud, selleks et jälgida viise, kuidas teatud tüved nakatavad inimesi.

HCV tüved klassifitseeritakse seitsmest tunnustatud genotüübist (1-7) täielike viirusgenoomide fülogeneetilise ja järjestuse analüüsi põhjal. Ülemaailmsel tasandil domineerib genotüüp 1. Kõige sagedasemad HCV genotüübid Eestis on 1a, 1b, 2 ja 3.

HCV sõeluuringu ja diagnoosi esialgne test on seroloogiline ensüümi immunoloogiline analüüs. HCV-nakkuse virooloogiline diagnoos põhineb kahel laboratoorse testide rühmal, nimelt seroloogilisel analüüsil, mis tuvastab HCV spetsiifilise antikehaga ja testid, mis võimaldavad tuvastada, kvantifitseerida või iseloomustada HCV viiruse osakesi, nagu HCV RNA ja tuumantigeen.

Uimastitarbijate hulgas genotüüpide jaotus muutnud. Aastal 2014 oli kõige levinud 1b genotüüp ja aastal 2017 oli kõige levinum 1a genotüüp. Patsientide hulgas Eestis kõige levinum on 3 genotüüp. 450 kogutud seerumi proovist süstivatest narkomaanidest Narvas aastal 2014 ja Tallinnas aastal 2017 oli tuvastatud 45 % aHCV positiivsuse suhtes.

Aktiivse HCV infektsioon oli tuvastatud Narva 2014 proovidest 70,7 % juhtudes ja Tallinn 2017 proovidest 58 % juhtudest.

Meie 1a genotüübid on sarnased varem tuvastatud Eestis tüvedega, veel nad on sarnased Ameerika Ühendriigi, Iraani, Austraalia, Küprosi ja Itaalia tüvedega.

3a genotüübid on sarnased Venemaa, Inglismaa, Prantsusmaa, Hispaania, Aserbaidžaan, Leedu, Jaapani ja Austraalia tüvedega.

1b genotüübid on sarnased Kanada, Ameerika ühendriigi, Iirimaa, Inglismaa ja varem Eestis leitud tüvedega.