

## Kokkuvõte

Antud töö peamiseks eesmärgiks oli uurida Puumala viiruse esinemist ja valdavust Eesti viiest maakonnast pärit leethiirtes ning uurida leitud viiruste geneetilist ja fülogeneetilist sarnasust.

Uuringusse võeti 447 leethiirt, ELISA analüüsiga tuvastati hantaviirusvastaste antikehade esinemine 96-l (21,5%) uuritud närilisel. 67 (70%) närilise kopsuproovides tuvastati hantaviiruse RNA. Töö tulemusena leiti, et kõigi tuvastatud hantaviiruste RNA vastas Puumala viirusele. Geneetiliseks ja fülogeneetiliseks analüüsiks võeti 53 sekveneeritud Puumala viiruse järjestused. Geneetilise ja fülogeneetilise analüüsi peamiseks tulemuseks on Puumala viiruse lokaalsete tüvede detekteerimine, mida näitab see, et ühest maakonnast saadud järjestused on geneetiliselt väga sarnased ning neil on ka fülogeneetiliselt ühine eellane. Leiti, et Lätist ja Eestist detekteeritud viirusetüvede sarnasus on 91% (nukleotiidsel järjestuse alusel). Fülogeneetiline analüüs näitas, et Baltimaade Puumala viirusetüvedel ja Venemaa viirusetüvedel on ühine eellane, mis tõestab, et need viirusetüved sattusid oma territooriumidele näriliste migreerimise tagajärjel pärast viimast jääaega.

Töö teiseks eesmärgiks oli hantaviirusvastaste spetsiifiliste IgM ja IgG positiivsete ning neerusündroomiga hemorraagilist palavikku põdevate patsientide vereseerumi analüüs Puumala ja Saaremaa viiruse RNA detekteerimiseks. Analüüsitud 23 seropositiivse patsiendi vereseerumist 9 juhul (39%) tuvastati Puumala viiruse RNA. Saaremaa viiruse RNA mittedekteerimise põhjus võib olla seotud lühema vireemia kestvusega ning käesolevas töös saadud negatiivsest tulemusest ei saa järeldada, et Saaremaa viirus ei põhjusta NSHP-d, vaid seda, et vajalikud on täiendavad ja põhjalikumad uuringud.