

KOKKUVÕTE

Aasta-aastalt suurenev inimese E-hepatiidi viirusesse (HEV) nakatunute arv arenenud maades annab märku selle haigustekitaja esilekerkimisest neis maades. Uurimisandmed näitavad, et HEV genotüüp 3, mis on tunnistatud zoonootiliseks patogeeniks, on Euroopas valdav. Samas, HEV genotüüp 1 juhud ei ole sellele piirkonnale endeemilised, olles pigem seotud inimeste reisimisega viiruse endeemilistesse levikupiirkondadesse. Eesti Tervise Arengu Instituudis uuriti aastail 2011–2016 HEV-spetsiifiliste antikehade suhtes 168 kahtlusalust Eestist pärit patsienti. Võetud 168 proovist 16 (9.5%) olid positiivsed HEV antikehade suhtes: neist 2 ainult IgG suhtes, 6 ainult IgM suhtes, 8 proovi olid positiivsed mõlema antikeha suhtes. HEV RNA-d leidis 8 proovis, neist 6 sekveneeriti edukalt HEV ORF2 piirkonna järgi.

Fülogeneetiline analüüs näitas, et kolm sekventsist vastasid HEV genotüübile 1, näidates samas tugevat sarnasust Nepaalis 2014. aastal haiguspuhangu põhjustanud tüvega. Selgus, et patsient 1 oli viibinud reisil Indias ja patsient 2 oli pärit Bangladeshist. Patsiendi 3 epidemioloogilised andmed olid küll piiratud, kuid uuringu leiud lubasid eeldada eelmistega sarnast kliinilist haiguslugu. Ülejäänud sekventsid kuulusid kolmandasse genotüüpi, kusjuures igäüks neist moodustas individuaalse klasteri. Kaks sekventsist ilmutasid tugevat idententsust Prantsuse-Hispaania piirilal leitud tüvedega. Viimane sekvents leiti olevat sarnane sigadel esineva hepatiidi tüvedega Jaapanist ja Ungarist, kus need pärinesid vastavalt kodusigadelt ja inimeselt.

Antud töös sooritati esimene (täielik) HEV avatud lugemisraami sekveneerimine E-hepatiiti nakatunud Eesti sealt. Tulemus näitas tüve 84,9% idententsust Kõrgõzstanis 1987.–1989. aasta haiguspuhangul saadud sekventsiga.

Need esimesed tulemused E-hepatiiti haigestunute uurimisel Eestis annavad vihje nakkusjuhtude päritolu kohta, rõhutavad vajadust ettevaatuseks E-hepatiidi endeemilistel aladel ning kõrgendatud tähelepanuks teatud toitumisharjumustega (vähe kuumutatud liha, maksa jms söömine) seonduvate riskide suhtes. HEV genoomi sekveneerimise protokollide väljaarendamine oli vajalik samm, et saada andmeid HEV genoomi evolutsiooni veelgi täpsemateks uuringuteks ning olulist teavet tundlikumate diagnostikamenetluste arendamiseks.