

Norovirus strains among children aged 0–18 years hospitalized with acute gastroenteritis in Estonia 2015–2016

Kadri Kõivumägi^{1,2} | Julia Geller³ | Karolin Toompera⁴ | Hiie Soeorg¹ | Eveli Kallas¹ | Ene-Ly Jõgeda¹ | Kristi Huik⁵ | Irja Lutsar¹

Noroviiruse tüved Eestis 2015–2016 ägeda gastroenteriidiga hospitaliseeritud lastel vanuses 0–18 aastat

Taust

Noroviirus on peamine nakkusliku gastroenteriidi puhangute põhjustaja maailmas. Igal aastal esineb üle ilma ligikaudu 684 miljonit haigus- ja 212 000 surmajuhtu, viimastest hinnanguliselt 70 000 alla 5aastaste laste seas. Pärast rotaviirusvaktsiini kasutuselevõttu on vaksineerimisega suure hõlmatus saavutanud riikides noroviirus peamine ägeda gastroenteriidi põhjustaja.

Töö eesmärk oli kindlaks teha enam levinud noroviiruse genotüübid Eestis noroviirusliku gastroenteriidiga hospitaliseeritud lastel vanuses 0–18 aastat vahetult pärast rotaviirusvaktsiini lisamist riiklikku immuniseerimiskavasse, mille järel täheldati noroviirusliku gastroenteriidiga seotud hospitaliseerimiste olulist sagedamist.

Meetodid

Eestis levivate noroviiruse genotüüpide kirjeldamiseks korraldati ajavahemikul 01.02.2015–30.08.2016 prospektiivne uuring seitsmes Eesti

haiglas: Tartu Ülikooli Kliinikum, Ida-Viru Keskhaigla, Tallinna Lastehaigla, Lääne-Tallinna Keskhaigla, Pärnu Haigla, Kuressaare Haigla ja Lõuna-Eesti haigla. Uuringusse kaasati 2249 ägeda gastroenteriidi kriteeriumidele vastanud hospitaliseerimist vajanud last vanuses 0–18 aastat, kellelt koguti hospitaliseerimise ajal väljaheiteproov edasiseks RNA eraldamiseks ja noroviiruse genotüpiseerimiseks.

Tulemused

Hospitaliseeritud laste keskmine vanus oli 2 aastat (kvartiilihaare (IQR) 1–5). Noroviiruslik gastroenteriit diagnoositi 325 (14,5%) patsiendil. RNA eraldamiseks ja genotüpiseerimiseks andis väljaheiteproovi 280 (86%) patsienti (2015 n = 91; 2016 n = 189).

Noroviiruse kapsiidi tüüp oli tuvastatav 210-l (75%) ja noroviiruse RNA polümeraasi tüüp 215 (77%) juhul.

Kokku tuvastati 10 noroviiruse kapsiidi tüüpi, millest enam levinud olid GII.4 (n = 134; 6,8%), GII.3 (n = 32; 15,2%), GII.17 (n = 14; 6,7%), GII.6 (n = 11; 5,2%). Erinevaid noroviiruse RNA polümeraasi tüüpe esines 11, millest levinumateks osutusid GII. P31 (n = 110; 51,1%), GII.P21 (n = 38; 17,7%), GII.P4 (n = 24; 11,2%) ja GII. P7 (n = 14; 6,5%).

Mõlemad regioonid olid tüpiseeritavad 189 juhul (67%). Sage- dasemad noroviiruse genotüübid olid GII.4Sydney_2012[P31] (n = 92; 48,7%), GII.3[P21] (n = 29; 15,3%), GII.4Sydney_2012[P4] (n = 11; 5,8%) ja GII.17[P17] (n = 11; 5,8%). Simpsoni mitmekesisuse indeks näitas olulist erinevust vanuserühmade 1–4 ja 5–9 vahel: D 0,64 (95% uv 0,55–0,73) ja *versus* D 0,83 (95% uv 0,81–0,86) (p = 0,03). Uuringuaastate vahel erinevust ei leitud: 2015 D 0,69 (95% uv 0,58–0,78) *versus* 2016 0,68 (95% uv 0,62–0,74) (p = 0,9)

Järeldused

Noroviiruslik gastroenteriit on kuni 5aastaste laste hospitaliseerimise sage põhjus. Esimest korda Eestis läbiviidud noroviiruse genotüüpide uuring näitas, et alla 18aastaste laste haiglaravi põhjustanud noroviiruse tüvede spekter Eestis sarnaneb teiste Euroopa riikide uuringutes leitudga (domineerib GII tüüp). See toetab üleeuroopaliste vaktsiinipoliitika otsuste võimalikkust tulevikus.

Samas täheldati Eestis koostirkuleerivate noroviiruse tüvede suurt genotüübilist mitmekesisust ja genotüüpide seire on ülioluline, et saada kriitilist teavet geneetilise mitmekesisuse ja vaktsiini kasutamise võimaluste kohta tulevikus.

* Tegu on pilditõmmisega artikli päisest.

¹ Tartu Ülikooli bio- ja siirdemeditsiini

instituudi mikrobioloogia osakond,

² Tartu Ülikooli kliinilise meditsiini instituut,

³ Tervise Arengu Instituut,

⁴ Tartu Ülikooli peremeditsiini ja

rahvatervishoiu instituut,

⁵ USA riiklik terviseinstituut