

# Hepatitida E: staré, nové onemocnění a situace v České republice

M. Kubánková, P. Vašíčková

Virová hepatitida typu E (HE) je celosvětově velmi aktuální téma. Je odhadováno, že jenom v samotné Indii ročně onemocní přes 2,2 milionů lidí. Ve vyspělých zemích, a to i v České republice, kde se v minulosti jednalo převážně o importované případy z rozvojových zemí s výskytem epidemií, je se zavedením diagnostických metod a díky většímu povědomí o tomto onemocnění zřejmý nárůst detekovaných lokálně získaných případů HE.

Poprvé byla HE popsána v 50. letech v Indii při rozsáhlých epidemiích čítajících desítky tisíc nemocných. Onemocnění bylo označováno jako hepatitida non-A, non-B. Původce byl popsán až v 80. letech a na začátku let devadesátých pojmenován jako virus hepatitidy E (HEV). Podle historických studií provedených v nedávné době, kdy za hlavní ukazatel epidemií HE byla brána vyšší letalita těhotných žen během epidemií hepatitid, byl možný výskyt HE zaznamenán již v 18. století v Německu. V 19. století a na začátku 20. století se epidemie vyskytovaly hlavně v západní Evropě a jejích koloniích. Pravděpodobně v souvislosti s postupným zavedením kanalizačního systému a ochrany zdrojů pitné vody se po konci druhé světové války výskyt epidemií posunul dále do východních částí Asie a do Afriky. Poslední velké epidemie proběhly v roce 2012 v Indii a v roce 2013 v Súdánu. Obě čítaly kolem čtyř až pěti tisíc nemocných.

HEV je společně s virem hepatitidy A řazen mezi hlavní původce perorálně přenosných hepatitid. Jedná se o RNA virus, který je taxonomicky řazen do čeledi Hepeviridae. V rámci čeledi bylo identifikováno velké množství kmenů HEV pocházející od lidí i rozmanitých druhů zvířat z třídy savců, ptáků a ryb. U zvířat byl poprvé HEV izolován v roce 1997 u prasat domácích v Americe, dále u jelena siky v roce 2003 a kura domácího v roce 2007. V dnešní době je HEV rozšířen v chovech prasat domácích i v populacích prasat divokých po celém světě.

Zatím jsou popsány čtyři genotypy HEV, které způsobují onemocnění člověka. Tyto genotypy se vyznačují rozdílnou etiopatogenezi v závislosti na geografické distribuci, rezervoáry a možným mezidruhovým přenosem. Epidemie HE jsou popisovány

zejména v rozvojových zemích Asie, Afriky a střední Ameriky v souvislosti s fekální kontaminací vody a nedostatečnými hygienickými podmínkami. Za tyto epidemie jsou zodpovědné genotypy 1 a 2, které jsou vázány výhradně na člověka. Vyspělé země patří mezi oblasti sporadického výskytu HE. Místně získané případy HE jsou způsobeny genotypy 3 a 4, které byly izolovány i od prasat (domácích i divokých) a jelenovitě zvěře. Vzhledem k sekvenci podobnosti lidských a zvířecích izolátů, ve spojení s epidemiologickými daty jsou genotypy 3 a 4 pokládány za zoonotické. Prasata (domácí i divoká) jsou považována za hlavní rezervoáry HEV a společně s jelenovitou zvěří mohou být zdrojem přenosu HEV na člověka, a to jednak po kontaktu s infikovanými zvířaty, či prostřednictvím kontaminovaného masa a vnitřností, které jsou konzumovány nedostatečně tepelně upravené. V zahraničí jsou takové případy popsány a zdroj onemocnění byl i přímo doložen (např. játra prasat divokých).

Ve Výzkumném ústavu veterinárního lékařství, v.v.i. je v rámci projektu Interní grantové agentury Ministerstva zdravotnictví monitorován výskyt HEV u obyvatel a u jednotlivých druhů zvířat v ČR. Hlavním cílem projektu je objasnění šíření a vzájemné vztahy HEV v ČR a možnosti zoonotického přenosu. Jako detekční metoda je použita reverzní transkripční polymerázová reakce v reálném čase (qRT-PCR), která umožňuje detekci dvou nezávislých oblastí genomu HEV. Tímto je zvýšena pravděpodobnost záchytu různých izolátů HEV ve vyšetřovaných matricích. Metoda také umožňuje kvantifikaci virové nálože v daných vzorcích. Následně je v rámci projektu sledována genetická variabilita izolátů HEV získaných od lidí i zvířat. U divoké zvěře volně žijící i chované v oborách byl zjištěn dominující výskyt HEV u prasat divokých (18,42 %) jako hlavních rezervoárů. HEV byl dále detekován u jelena lesního, srnce obecného a muflona obecného. U jatečných prasat domácích jsme zjistili prevalenci HEV 6 % u konvenčních chovů a 8,85 % u ekologického chovu. Rozdíl ve výsledcích mezi typem chovu prasat domácích může být zapříčiněn věkem prasat domácích při porážce, kdy je HEV detekována nejčastěji u jedinců 2-4 měsíců starých (tzn. ekologický chov). Při zaměření na masné výrobky různého stupně tepelného opracování (klobásy, ochucené mleté maso, játrová zavářka, tatarský biftek a čajovka) z tržní sítě, nebyl HEV detekován v žádném z 89 výrobků. Při zaměření na mleté vepřové maso z tržní sítě byl 1 vzorek pozitivní na přítomnost RNA HEV ze 100 vyšetřených.

Z výše uvedených výsledků je patrné, že HEV se vyskytuje v našich populacích prasat domácích i zvěře (prevalence srovnatelné s ostatními evropskými

zeměmi). Na základě analýzy sekvencí získaných izolátů byl u zvířat v České republice zatím prokázán pouze genotyp 3, zatímco v jiných evropských státech byl zjištěn také genotyp 4. Byla také zjištěna významná sekvenční podobnost českých izolátů od lidí a zvířat, což naznačuje možnost zoonotického přenosu v ČR. Obecně lze tomuto přenosu HEV předcházet dodržováním základních hygienických opatření a obezřetnosti při vyvrhování zvířat

nebo zpracování masa a vnitřností, zavedením postupů zamezujících křížovým kontaminacím při manipulaci se syrovým masem nebo vnitřnostmi a vyvarování se konzumace nedostatečně tepelně opracovaných masných výrobků.

*Výsledky projektu LO1218 byly získány za finanční podpory MŠMT v rámci programu NPU I a grantu MZ NT13884-4/2012.*