

Prevaccination Prevalence of Type-Specific Human Papillomavirus Infection by Grade of Cervical Cytology in Estonia

Anneli Uusküla¹, Marek Oja^{2,3}, Sirli Tamm^{2,3}, Anna Tisler¹, Made Laanpere⁴, Lee Padrik⁴, Mari Nygard⁵, Sulev Reisberg^{2,3,6}, Jaak Vilo^{2,3}, Raivo Kolde²

Vaktsineerimiseelne tüübispetsiifiline inimese papilloomiviiruse levimus emakakaela tsütoloogilise uuringuleiu raskusastme järgi Eestis

Taust

HPV-nakkuse levimus ja tüübiline jaotus varieerub märkimisväärselt riikide ja emakakaela tsütoloogiliste muutuste raskusastmete vahel.

E-terviseandmete pideva lisandumisega tervishoius kasvab andmete kaevandamise (*data mining*, DM) ja tehisintellekti (*artificial intelligence*, AI) kasutamine kiirenevas tempos. Uuringu eesmärk oli DM-meetodit kasutades uurida e-terviseandmete põhjal HPV-tüübi spetsiifilist levimust emakakaela tsütoloogiliste muutuste raskusastme alusel Eesti naisrahvastikus. Lisaks hindasime HPV-vaktsiinide võimalikku mõju Eestis.

Meetodid

Uuringu juhuvalim hõlmas 10% Eesti naisrahvastikust. Kaasati 18aastased ja vanemad naised (n = 66 451). Iga naise kohta koguti andmed tervise infosüsteemist ja Tervisekassast (RHK-10 diagnoosid, HPV-testid ja

günekotsütoloogiline uuring (PAP-test) koos tulemuste ja kuupäevadega) 01.01.2012–31.12.2019. Teksti kaevandamise ja loomuliku keele töötamise tehnikaid rakendati PAP- ja HPV-testide tulemuste eraldamiseks e-terviseandmetest. Juht oli defineeritud kui naine, kellel oli tehtud HPV-test 9 kuud enne või pärast PAP-testi. Kasutati tarkvara tööriista ATLAS ja standarditud ühtset andmemudelit (*common data model*, CDM) formaadis. Andmed ühtlustati, seostati ja kaardistati OHDSI (*The Observational Health Data Sciences and Informatics*) ja OMOP (*The Observational Medical Outcomes Partnership*) ühtsesse andmemudeli versiooni 5.3.

Tulemused

Kõrge riskiga (hr) HPV üldine levimus oli 31,4% (95% uv 30,5–32,3%), ulatudes 21,3%-ni (95% uv 20,3–22,3%) naiste hulgas, kellel oli tsütoloogilise uuringu leid normis ehk NILM; kuni 40,0%-ni (95% uv 38,4–41,7%) LSILi (ASCUS, LSIL, AGC-NOS); 64,3%-ni (95% uv 61,3–67,2%) HSILi (ASC-H, HSIL, AGC-FN); ning 62,3%-ni (95% uv 49,0–74,4%) neil, kellel oli emakakaevandamine. Võrreldes NILM-tsütoloogiaga nais- tega esines hrHPV sagedamini neil,

kellel oli LSIL (OR 2,59; 95% uv 2,36–2,84%), HSIL (OR 7,14; 95% uv 6,20–8,25%) või emakakaevandamine (OR 7,28; 95% uv 4,31–12,57%). HPV 16 oli kõige sagedamini esinev tüüp LSIL- ja HSIL-juhtude korral, järgnesid 31 ja 52. Vähijuhtumite puhul domineeris samuti HPV 16, millele järgnesid tüübid 18 ja 33.

Vaktsiiniga kaetud HPV-tüüpide (HPV16, 18, 31, 33, 45, 52, 58) kõrvaldamine annaks normist kõrvale kalduva tsütoloogilise leiuga naiste arvu üldise hinnangulise vähenemise 33,1% (95% uv 31,7–34,5%).

Järeldused

hrHPV levimus suurenes emakakaela haiguse tõsidusega, mis kajastab hästi seost hrHPV ja emakakaevandamise riski vahel. Tulemuste kooskõla varasema teadmisega viitab rakendatud metoodika usaldusväärsusele. Hinnanguliselt on kõigist e-terviseandmetest umbes 80% struktureerimata formaadis. Rakendades andmekäve (DM) ja tehisintellekti (AI), saab vähendada digitaalset prügi.

Seda tööd on toetanud Eesti Teadusagentuur (grandid PRG1095 ja RITA1/02-96-11), Euroopa Regionaalarengu Fond (grandid EU48684 ja SLTAT16148T/TK148), Euroopa Sotsiaalfond IT Akadeemia programmi kaudu, Tartu Ülikool (EMP grant 416) ning Eesti Sotsiaalministeerium.

* Tegu on pilditõmmisega artikli päisest.

¹ Tartu Ülikooli peremeditsiini ja rahvatervishoiu instituut,

² Tartu Ülikooli arvutiteaduse instituut,

³ OÜ STACC,

⁴ Tartu Ülikooli naistekliinik,

⁵ Norra vähiregister,

⁶ OÜ Quretec