

## Cilvēka bokavīrusa 1. tipa genoma secības un specifisko IgM un IgG klases antivielu sastopamība bērniem ar akūtām elpošanas ceļu slimībām

Inga Ziemele<sup>1</sup>, Anda Vilmane<sup>2</sup>, Santa Rasa<sup>2</sup>, Lea Hedman<sup>3</sup>,  
Klausa Hedman<sup>3</sup>, Maria Söderlund-Venermo<sup>3</sup>, Zaiga Nora-Krūkle<sup>2</sup>,  
Dace Gardovska<sup>1</sup>, Modra Murovska<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bērnu klīniskā universitātes slimnīca, Bērnu slimību klīnika, Latvija

<sup>2</sup> Augusta Kirhenšteina Mikrobioloģijas un virusoloģijas institūts, Latvija

<sup>3</sup> Helsinku Universitāte, Virusoloģijas nodaļa, Somija

**Ievads.** *Parvoviridae* dzimtai piederīgais cilvēka bokavīrusa 1. tips (HBoV1) tiek minēts kā ceturtais biežākais patogēns, kas tiek izdalīts no respiratoriem sekrētiem bērniem ar akūtām elpošanas ceļu slimībām. HBoV1 infekcijas diagnostika bieži tiek balstīta uz vīrusa genoma secības noteikšanu respiratoro sekrētu paraugos. Tomēr precīzāki aktīvas infekcijas marķieri ir vīrusa genoma secības un HBoV1 specifisko IgM klases antivielu klātbūtne asinīs. Turklāt seroepidemioloģiskie pētījumi pierādījuši, ka inficēšanās ar HBoV1 biežāk notiek pirmsskolas vecuma bērniem.

**Darba mērķis, materiāls un metodes.** Šā pētījuma mērķis bija noteikt HBoV1 genoma secības un HBoV1 specifisko IgM un IgG klases antivielu sastopamību bērniem ar akūtām elpošanas ceļu slimībām vecumā no viena līdz 50 mēnešiem un analizēt citu respiratoro vīrusu klātbūtni respiratorā sekrētā.

HBoV1 specifiskās genoma secības klātbūtnes noteikšanai klīniskajos paraugos tika izmantota kvantitatīvā PĶR. Citu respiratoro vīrusu antigēnu klātbūtne tika noteikta ar tiešās imūnfluorescences metodi (IMAGENTM OXOID, UK). HBoV1 specifisko IgM un IgG klases antivielu klātbūtne tika konstatēta, lietojot *in-house* ELISA metodi.

**Rezultāti.** Pētījumā tika iekļauti 25 pacienti (15 zēni un 10 meitenes, vidējais vecums – 21 mēnesis). HBoV1 genoma secības klātbūtne tika atrasta 28% (7/25) pacientu. Biežāk HBoV1 tika konstatēts NFA paraugos, attiecīgi 24% (6/25) gadījumos. DNS paraugos, kas izdalīti no pilnām asinīm, HBoV1 genoma secības klātbūtni konstatēja 12% (3/25) pacientu, turklāt vienam pacientam tā vienlaikus atrasta arī no šūnām brīvā asins plazmā. No 21 pacienta DNS parauga, kas izolēts no fēcēm, HBoV1 genoma secības klātbūtne konstatēta 14% (3/21) gadījumos. HBoV1 genoma secības klātbūtne vienlaikus dažādos klīniskajos paraugos atrasta trim pacientiem, no tiem vienam pacientam vīruss konstatēts visos klīniskajos paraugos, otram pacientam HBoV1 atrasts trīs dažādos paraugos, bet trešajam pacientam attiecīgi NFA un fēcēs.

Citu respiratoro vīrusu klātbūtne konstatēta 36% (9/25) pacientu, no tiem biežāk atrasts RSV, attiecīgi 32% (8/25) gadījumos, vienam pacientam atrasts A gripas vīruss. HBoV1 pozitīvo pacientu grupā (n = 7) tikai vienā gadījumā konstatēta koinfekcija ar RSV. HBoV1 specifiskās IgM klases antivielas atrastas 20% (5/25) pacientu, bet IgG klases antivielas konstatētas 68% (17/25) gadījumos. Pacientu grupā ar HBoV1 genoma secības klātbūtni klīniskajos paraugos specifiskās IgM klases antivielas atrastas četriem pacientiem, no kuriem diviem HBoV1 genoma secība konstatēta pilnās asinīs, vienam – vienlaikus NFA un fēcēs, bet vienam pacientam tikai NFA.

**Secinājumi.** Šajā pētījumā bērniem ar akūtām elpošanas ceļu slimībām HBoV1 tika atrasts kā otrais – aiz RSV – biežāk sastopamais respiratorais vīruss. HBoV1 genoma secības un specifisko IgM klases antivielu konstatēšana asinīs pētījuma pacientiem liecina par aktīvu HBoV1 infekcijas norisi. Turklāt HBoV1 specifiskās IgG klases antivielas atrastas vairāk nekā pusei pacientu – tas apliecina HBoV1 infekcijas norisi agrīnā vecumā.

*Cilvēka bokavīrusa (HBoV) tipu epidemioloģija, patogenitāte un iespējamā asociācija ar dziļo elpceļu slimībām un akūtu gastroenterītu bērniem, RSU ZP 17/2013.*