

Respiratorā sincitiālā vīrusa molekulārā epidemioloģija triju sekojošu sezonu laikā

*Irina Ribakova^{1,2}, Reinis Balmaks^{1,2}, Ilze Grope^{1,2},
Dace Gardovska^{1,2}, Andris Kazāks³*

¹ Bērnu Klīniskā universitātes slimnīca, Latvija

² Rīgas Stradiņa universitāte, Pediatrijas katedra, Latvija

³ Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs

Ievads un darba mērķis. Raksturot respiratorā sincitiālā vīrusa (RSV) A un B ģenētisko grupu prevalenci bērniem ar dziļo elpceļu infekcijām triju sekojošu sezonu laikā VSIA "Bērnu Klīniskajā universitātes slimnīcā" (BKUS).

Materiāls un metodes. Pētījumā tika iekļauti 2–24 mēnešus veci, iepriekš veseli bērni, kuri laikposmā no 2009. gada jūlija līdz 2012. gada jūnijam tika stacionēti BKUS ar dziļo elpceļu infekcijām. RSV tika detektēts nazofaringeālajā aspirātā, izmantojot apgrieztās transkripcijas polimerāzes ķēdes reakciju. Pozitīvie paraugi tika diferencēti galvenajās ģenētiskajās grupās (A un B), ar grupu specifisku PCR amplificējot G gēna otro variablu rajonu. Šie fragmenti tika sekvencēti, un iegūtās sekvences izkārtotas kopā ar iepriekš publicētām RSV G gēna sekvencēm filoģenētiskai analīzei.

Rezultāti. No 207 paraugiem RSV specifiska RNS tika detektēta 88 (43%) paraugos. Augstākā RSV aktivitāte bija novērojama laikposmā no februāra līdz aprīlim. Bērni ar RSV dziļo elpceļu infekciju bija būtiski jaunāki (mediānais vecums 6 mēneši; $p < 0,001$). No RSV pozitīvajiem paraugiem 53 (60%) piederēja A grupai, bet 35 (40%) B grupai. A grupas vīrusi dominēja 2009./2010. un 2010./2011. sezonā (attiecīgi, 65 un 74%), kamēr B grupas vīrusi prevalēja 2011./2012. sezonā (63%). Klīniski salīdzinot abu grupu izraisītās infekcijas, statistiski ticamas atšķirības slimības smagumā un hospitalizācijas ilgumā netika atrastas. Filoģenētiskā analīze uzrādīja, ka 2009./2010. sezonas visi celmi piederēja vienam genotipam katras grupas ietvaros – GA2 (A) un BA-IV (B).

Secinājumi. RSV ikgadējo epidēmiju laikā izraisīja līdz pat 90% dziļo elpceļu infekciju. Trīs sekojošu sezonu laikā paralēli cirkulēja abas RSV ģenētiskās grupas ar mainīgu prevalenci. Visi Latvijas B grupas izolāti piederēja nesen globālu izplatību ieguvušajai BA apakšgrupai.