

## Cilvēka bokavīrusa klātbūtne bērniem ar akūtām elpceļu infekcijām stacionārā

*Inga Ziemele<sup>1,2</sup>, Santa Rasa<sup>3</sup>, Sabīne Grāvelsiņa<sup>3</sup>,  
Reinis Balmaks<sup>1,2</sup>, Irina Ribakova<sup>1,2</sup>, Zaiga Nora-Krūkle<sup>3</sup>,  
Modra Murovska<sup>3</sup>, Dace Gardovska<sup>1,2</sup>*

<sup>1</sup> Rīgas Stradiņa universitāte, Pediatrijas katedra, Latvija

<sup>2</sup> Bērnu klīniskā universitātes slimnīca, Bērnu slimību klīnika, Latvija

<sup>3</sup> Rīgas Stradiņa universitāte, A. Kirhenšteina Mikrobioloģijas un virusoloģijas institūts, Latvija

**Ievads.** Cilvēka bokavīruss (HBoV) ir ar patoloģiskām izmaiņām saistīts parvovīruss, kas pirmo reizi tika izdalīts 2005. gadā Zviedrijā no nazofaringeāla aspirāta (NFA) paraugiem. Līdz šim ir izolēti četri atšķirīgi HBoV tipi. Šobrīd ir zināma cēloņsakarība starp HBoV 1. tipa (HBoV1) klātbūtni elpceļu paraugos un elpceļu slimībām, tādām kā saaukstēšanās jeb gripai līdzīgais sindroms, akūta sēkšana, bronhiolīts, pneimonija un akūts vidusauss iekaisums. Ņemot vērā bērnu augsto saslimstību Latvijā ar akūtām elpceļu slimībām, ir būtiski izvērtēt HBoV iespējamo nozīmi elpceļu infekciju etioloģijā.

**Darba mērķis.** Noskaidrot HBoV genoma secību klātbūtni DNS paraugos, kas izdalīti no to zīdaiņu un bērnu līdz sešu gadu vecumam NFA paraugiem, kuri ar akūtas elpceļu infekcijas simptomiem hospitalizēti Bērnu klīniskajā universitātes slimnīcā.

**Materiāls un metodes.** Pētījums tika sākts 2012. gada novembrī, un tā populācijas pacientu atlase tika veidota no divām sadaļām. Prospektīvās pētījuma sadaļas ietvaros septiņu mēnešu laikā tika iesaistīti 39 pacienti, no kuriem tika iegūti NFA paraugi. Iegūtais materiāls nekavējoties tika iesaldēts un uzglabāts -70 °C temperatūrā. Retrospektīvās pētījuma sadaļas ietvaros tika izmantoti 32 NFA paraugi, kas glabājās laikposmā no 2009. gada jūlija līdz 2012. gada jūnijam veiktā kohortu pētījuma kolekcijā. No iegūtajiem NFA paraugiem, izmantojot fenola-hloroforma metodi, tika izdalīta DNS un, izmantojot polimerāzes ķēdes reakciju (PĶR) ar praimeru pāri 188F un 542R, tika noteikta NP-1 gēna secības klātbūtne.

**Rezultāti.** No iegūtā 71 NFA parauga tika izdalīta DNS, un, izmantojot PĶR, HBoV genoma secības klātbūtne tika konstatēta 28 (39%) no 71 parauga. HBoV pozitīvo pacientu skaits prospektīvajā un retrospektīvajā pētījuma sadaļā bija vienāds, attiecīgi katrā sadaļā HBoV genoma secības klātbūtni DNS, kas izdalīta no NFA paraugiem, konstatēja 14 pacientiem. Visvairāk HBoV pozitīvo pacientu tika atrasti bērniem vecumā no 6 līdz 12 mēnešiem, attiecīgi 10 pacienti (10/19). Otra biežākā vecuma grupa, kurā konstatēts HBoV, bija bērni vecumā no 12 līdz 24 mēnešiem, attiecīgi deviņi pacienti (9/22). Vidējais pētījumā iesaistīto pacientu vecums bija 12,7 (SD ± 11,4) mēneši.

Analizējot citu respiratoro vīrusu klātbūtni pacientiem ar pozitīvu HBoV, tie tika konstatēti trijos (11%) gadījumos, no kuriem divos tika atrasts respiratorais sincitiālais vīruss, bet vienā – cilvēka metapneimovīruss.

**Secinājumi.** Neskatoties uz to, ka kvalitatīvās PĶR pozitīvā rezultāta dēļ nav iespējams izdarīt secinājumu par HBoV tiešu etioloģisko nozīmi saslimšanā, veicot pētījumu, esam konstatējuši vīrusa cirkulāciju Latvijā bērnu populācijā un tā saistību ar akūtām elpceļu infekcijām agrīnā vecumā.