

Cilvēka bokavīrusa pirmā tipa (HBoV1) klātbūtne un iesaiste akūtu dziļāko elpceļu slimību gadījumā hospitalizētiem bērniem

*Anda Vilmane¹, Inga Ziemele², Santa Rasa¹,
Zaiga Nora-Krūkle¹, Mārtiņš Kālis¹, Dace Gardovska²,
Modra Murovska¹*

Rīgas Stradiņa universitāte, Latvija

¹ Augusta Kirhenšteina Mikrobioloģijas un virusoloģijas institūts, Latvija

² Bērnu klīniskā universitātes slimnīca,

Bērnu slimību klīnika, Latvija

Ievads. Cilvēka bokavīruss (HBoV) ir atklāts 2005. gadā koncentrētos nazofaringeālo aspirātu (NFA) paraugos, kas iegūti no pacientiem ar akūtām elpceļu slimībām. Ir zināmi četri HBoV tipi, un pirmais tips (HBoV1) tiek saistīts ar akūtu dziļāko elpceļu slimību ierosināšanu bērniem. Tomēr pētījumos pierādīts, ka vīrusa izolēšana tikai NFA paraugos nav optimāla diagnostikas metode. Pētījumi par HBoV1 asociāciju ar dziļāko elpceļu slimībām bērnu populācijā joprojām ir aktuāli. Par akūtu HBoV1 infekciju liecina vīrusa klātbūtne serumā, kā arī augsta vīrusa slodze klīniskajos paraugos.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Šī pētījuma mērķis bija noskaidrot HBoV1 klātbūtni dažādos klīniskajos paraugos un tā iespējamo iesaisti akūtu dziļāko elpceļu slimību gadījumā bērniem vecumā no 1 līdz 60 mēnešiem, kuri hospitalizēti Bērnu klīniskajā universitātes slimnīcā.

Pētījumā iekļauti 33 bērni, kuri hospitalizēti ar neskaidras etioloģijas akūtu dziļāko elpceļu slimību un bija vecumā no diviem līdz 50 mēnešiem. No pacientiem tika iegūts pilns asins un NFA paraugs, turklāt 28 no 33 (84,85%) pacientiem bija pieejams fēču paraugs. DNS izolēšanai no pilnā asins parauga un NFA parauga izmantoja fenola-hloroforma metodi. DNS no fēcēm izolēja ar komerciāli pieejamu DNS izolēšanas komplektu. HBoV1 specifiskas vīrusa genoma sekvences noteikšanai izmantoja polimerāzes ķēdes reakciju (PĶR), lietojot HBoV01.2. un HBoV02.2. praimeru komplektu, kas komplementārs NS1 gēnam. Izmantojot reālā laika PĶR metodi, noteica HBoV1 slodzi paraugos.

Rezultāti. HBoV1 genoma sekvences klātbūtni konstatēja 10/33 (30,30%) pacientiem. 1/10 pacientiem HBoV1 genoma sekvences vienlaikus atrada DNS paraugos, kas izolēti no pilnā asins parauga, NFA un fēcēm. 2/10 pacientiem HBoV1 vienlaicīgi konstatēja NFA un fēcēs. 6/10 pacientiem HBoV1 genoma sekvenci atrada tikai DNS, kas izolēta no NFA, bet 1/10 pacientiem – tikai DNS, kas izolēta no pilnā asins parauga. DNS paraugos, kuros konstatēja HBoV1 genoma sekvences klātbūtni, noteica vīrusa slodzi. Vidējā HBoV slodze paraugos bija $4,01 \times 10^4$ kopijas mikrogramā DNS (no 62,47 kopijām līdz $44,56 \times 10^6$ kopijām mikrogramā DNS). Sekvencējot iegūtos PĶR produktus, noteica piederību HBoV1.

Secinājumi. Pētījumā iekļautajiem bērniem ar dziļāko elpceļu slimībām ir konstatēta HBoV1 infekcijas marķieru klātbūtne, kas atbilst literatūras datiem. Par akūtu HBoV1 infekciju liecina virēmija, kas atrasta 2/10 pacientiem, kā arī salīdzinoši augsta vīrusa slodze izmeklētajos paraugos.