

Cilvēka parvovīrusa B19 genoma sekvenču sastopamības biežums DNS paraugos no *post-mortem* indivīdiem ar neprecizētu encefalopātiju

Anda Vīlmane¹, Zaiga Nora-Krūkle¹, Santa Rasa¹,
Svetlana Čapenko¹, Silvija Roga², Modra Murovska¹

Rīgas Stradiņa universitāte, Latvija

¹ A. Kirhenšteina mikrobioloģijas un virusoloģijas institūts

² Patoloģijas katedra

Ievads. Encefalopātija ir sindroms, kam raksturīga vispārēja smadzeņu disfunkcija. Tai var būt dažādi cēloņi, tostarp vīrusu infekcija, tomēr daudzos gadījumos etiopatogēze ir neskaidra. Cilvēka parvovīruss B19 (B19V) ir nozīmīgs cilvēka patogēns vairāku slimību gadījumā, tomēr tā saistība ar dažādām neiroloģiskām patoloģijām joprojām ir neskaidra.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Darba mērķis ir noteikt B19V genoma sekvenču sastopamības biežumu audu DNS paraugos no *post-mortem* indivīdiem ar neprecizētu encefalopātiju.

Pētījumā iekļauti 22 smadzeņu autopsijas audu (pieres daivas un deniņu daivas) un perifēro asiņu paraugi no *post-mortem* indivīdiem ar neprecizētu encefalopātiju. Iekļaušanas kritērijs: dilatēti sānu vēderiņi un 3. vēderiņš. Izslēgšanas kritēriji: hemorāģiskas vai išēmiskas izmaiņas galvas smadzenēs, hemorāģiskas izmaiņas mīkstajos un cietajos smadzeņu apvalkos. DNS no smadzeņu audu un perifēro asiņu paraugiem izolēja ar fenola hloroforma metodi, un B19V NS1 gēna sekvenču klātbūtni DNS paraugos noteica, lietojot polimerāzes ķēdes reakciju ar iekšējo praimēšanu (*nPCR*). Vīrusa slodzi noteica ar reālā laika polimerāzes ķēdes reakciju (*qPCR*).

Rezultāti. B19V NS1 gēna sekvenču atrada 10 no 22 (45,45%) DNS paraugiem, kas iegūti no *post-mortem* indivīdiem ar neprecizētu encefalopātiju. Trīs no 10 (30%) indivīdiem vīrusa sekvenču bija visos trijos DNS paraugu veidos (perifērajās asinīs, pieres un deniņu daivā), diviem no 10 (20%) indivīdiem – pieres un deniņu daivā, trīs no 10 (30%) indivīdiem – vienā no smadzeņu daivām, vienam indivīdam – DNS, kas izolēta no perifērajām asinīm un pieres daivas un vēl vienam indivīdam – tikai DNS, kas izolēta no perifērajām asinīm. Piecos no astoņiem pieres daivas DNS paraugiem, kuros detektēta B19V NS1 gēna sekvenču, vīrusa slodzes mediāna bija 16,88 kopijas/μg DNS (no 3,32 līdz 31,44 kopijām/μg DNS), bet trijos DNS paraugos vīrusa slodze bija zem noteikšanas līmeņa. Četros no sešiem deniņu daivas DNS paraugiem B19V slodzes mediāna bija 38,59 kopijas/μg DNS (no 3,59 līdz 60,69 kopijām/μg DNS). Savukārt trijos no pieciem asiņu DNS paraugiem, kuros detektēta vīrusa genoma sekvenču, vīrusa slodze attiecīgi bija 29,74, 61,77 un 910,31 kopijas/μg DNS, bet divos DNS paraugos – zem noteikšanas līmeņa.

Secinājumi. Iegūtie rezultāti liecina, ka B19V genoma sekvenču ir sastopama audu DNS paraugos no *post-mortem* indivīdiem ar neprecizētu encefalopātiju, tādēļ pētījums tiek turpināts, palielinot pētāmās un kontroles grupas indivīdu skaitu, kā arī nosakot B19V antigēnu lokalizāciju smadzeņu audos no pieres un deniņu daivas.

Projekts LV-LT-TW/2016/13 "Cilvēka parvovīrusa B19, bokavīrusa un parvovīrusa 4 iesaistes pētīšana iekaisīgās neiroloģiskās slimībās, lietojot starpdisciplināru pieeju".