



Resumen #251

Screening de Bocavirus humanos 2, 3 y 4 en pacientes pediátricos con infección respiratoria aguda baja.

¹Vaca AM, ¹Ghietto LM, ¹Adamo MP

¹Instituto de Virología "Dr. J.M. Vanella", Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

Área:

Epidemiológica / Salud Pública

Resumen:

Las infecciones respiratorias agudas (IRA) bajas son una de las primeras causas de mortalidad en la infancia en países en desarrollo. Los virus son los agentes etiológicos predominantes en la IRA, entre los que se incluye al Bocavirus Humano (HBoV), descubierto en el año 2005 a partir de aspirados nasofaríngeos de niños hospitalizados con neumonía. Estudios filogenéticos han demostrado la existencia de otras especies: HBoV2, HBoV3 y HBoV4, asociados con infección del tracto gastrointestinal. HBoV2 y 3 también han sido reportados con baja frecuencia en la vía respiratoria. Argentina, y específicamente Córdoba, cuenta con datos sobre la circulación de HBoV1 en pacientes hospitalizados por IRA baja, con prevalencias de 16 al 22,7% entre 2007 y 2009 (Ghietto y col. Braz. J. Infect. Dis. 2012, 16:38-44), pero aún no se han estudiado las otras especies de HBoV. En este trabajo se investigó la presencia de HBoV2-4 en niños menores de 5 años hospitalizados con bronquiolitis y neumonía en Córdoba entre 2007 y 2009. Se realizó un screening molecular por PCR sobre 395 muestras clínicas respiratorias (aspirados e hisopados nasofaríngeos), empleando primers pan-bocavirus diseñados para la detección del genoma de HBoV2, 3 y 4. Del total de muestras analizadas, 9 presentaron bandas del tamaño esperado (924-939nt). Estas muestras habían resultado negativas para HBoV1 en el estudio previo. Además, 13 muestras también previamente negativas para HBoV1 mostraron una banda de menor tamaño al esperado (600pb). A continuación se obtuvieron productos de PCR (incluyendo bandas de 900pb y 600pb) para los ensayos de secuenciación y posterior análisis nucleotídico a fin de corroborar el genotipo. Las secuencias resultantes presentaron la menor distancia genética con cepas de referencia de HBoV1 y agruparon en este cluster en el árbol filogenético. Estos datos indican que sólo HBoV1 estaría implicado en la patología respiratoria aguda grave en la población estudiada, habiendo sido el único detectado de las 4 especies circulantes a nivel mundial. Por otra parte, las muestras positivas en este estudio catalogadas previamente como negativas indican que la prevalencia de HBoV1 en la IRA sería más alta que lo estimado en estudios anteriores.

Palabras Clave:

Bocavirus humanos, Infecciones respiratorias agudas, screening, pacientes pediátricos

Screening of human bocaviruses 2, 3 y 4 in pediatric patients with acute respiratory infection of Córdoba, Argentina.

¹Vaca AM, ¹Ghietto LM, ¹Adamo MP

¹Instituto de Virología "Dr. J.M. Vanella", Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

Abstract:

Acute respiratory infections (ARI) are one of the leading causes of child mortality in developing countries. Viruses are the predominant etiological agents in ARI and among them Human bocavirus (HBoV) is currently included. HBoV was discovered in 2005, in nasopharyngeal aspirates from children hospitalized with pneumonia. Phylogenetic studies have demonstrated the existence of other related species: HBoV2, HBoV3, and HBoV4, which are associated with infection of the gastrointestinal tract. HBoV2 and 3 have also been reported with low frequency in the airway. Published data on the circulation of HBoV (now named HBoV1) in Argentina, and specifically in Córdoba, shows high prevalence (16-22.7%) in children hospitalized with ARI (Ghietto et al. *Braz. J. Infect. Dis.*, 2012, 16 38-44), but the other species of HBoV have not been studied. In this work we investigated the local presence of HBoV2-4 in children less than 5 years old hospitalized with bronchiolitis or pneumonia, from 2007 to 2009. Molecular PCR screening of 395 clinical respiratory samples (nasopharyngeal swabs and aspirates) was carried out using pan-bocavirus primers designed to detect HBoV2, 3 and 4 genomes. Of the total sample analyzed, nine showed bands of the expected size (924-939nt); these samples were negative for HBoV1 in the previous study. In addition, 13 samples which were also previously negative for HBoV1 detection-showed a band smaller than expected (600bp). The PCR products obtained (including bands of 900bp and 600bp) were then used for nucleotide sequencing assays and further analysis to confirm the genotype. The resulting genetic sequences had the smallest distance compared to reference HBoV1 strains and grouped in this cluster in the phylogenetic tree. These data indicate that only HBoV1 would be involved in severe acute respiratory disease in the population studied, such being the only detected of the four species circulating worldwide. Moreover, the positive samples in this study, previously classified as negative for HBoV1, indicate that the prevalence of the respiratory bocavirus would be higher than estimated before.

Keywords:

Human Bocavirus, acute respiratory infections, screening, children hospitalized