الاختلافات الجينية لفيروسات انفلونزا الخنازير (H1N1) المعزولة من المرضى المصابين في منطقة مكة المكرمة

نورة بنت عبدالحميد هائل عثمان

تحت إشراف

أ.د. إبراهيم حسن كمال
د. عصام إبراهيم أزهر

المستخلص

فيروس الأنفلونزا H1N1، هو الوباء الناشئ حديثا في الإنسان، وهو فيروس انفلونزا أ الذي يرتبط ارتباطا وثيقا بعدد من الفيروسات المنتشرة التي تصيب الخنازير في السلاسله الكلاسيكية بأمريكا الشمالية والسلالة الأوربأسيوية لسلالة فيروس أنفلونزا الخنازير. ومنذ التقارير الأولى من اصابة الفيروس في الانسان في ابريل 2009، انتشر فيروس H1N1 إلى 168 بلدا وإقليما. شهدت المملكة العربية السعودية أيضا الفيروس الوبائي H1N1 مع نسبة كبيرة من الأمراض والوفيات في أجزاء مختلفة بدءا من يونيو 2009. هدف هذه الدراسة هو التشخيص الجزيئي والكشف عن تنوع فيروس أنفلونزا الخنازير في العزلات المختلفة من المصابين في منطقة مكة المكرمة. تم جمع عينات انفلونزا الخنازير خلال شهر يوليو 2009 إلى نوفمبر 2010 وتشخيصها من خلال تفاعل الوقت الحقيقي لتفاعلات البلمرة التسلسلي RT-PCR بعد عزل الفيروس. تم استخلاص الحمض النووي الرنا لتفاعل البلمرة التسلسلي وتفاعل التسلسل النيكلوتيدي. أظهرت النتائج ان تسلسل القطع الجينية الكاملة لكلا من الهيماقلوتينين و النوراميديز كان عالى التماثل في السلالات المعزولة في منطقة مكة المكرمة بنسبة ٪99 وتماثل بدرجة كبيرة مع غيرها من فيروسات انفلونزا الخنازير المنتشرة في كثير من الدول. وكانت قطعة التسلسل الجيني الهيوماقلوتينين مشابهه لسلالة انفلونزا الخنازير في نيويورك، جاكرتا، وا سكتلندا. ولوحظ تشابه ايضا لكل من مونقوا وتشيلي وهليسنكي لقطعة تسلسل النوراميديز. والسبب في ذلك قد يرجع إلى أن منطقة مكة المكرمة قد تتعرض لهذا الفيروس خلال فترة الحج والعمرة وأيضا من خلال الرحلات السياحية للخارج والعمالة الوافدة.

Diversity of Swine Flu A (H1N1) Isolated from Human in Makkah Region

Presented by

Noorah Abdulhamed Hael Othman

Supervised By

Prof. Dr. Ibrahim Hassan Kamal

Dr. Esam Ibraheem Azhar

Abstract

The H1N1 pandemic virus is a newly emergent human influenza A virus that is closely related to a number of currently circulating pig viruses in the 'classic North American' and 'Eurasian' swine influenza virus lineages. Since the first reports of the virus in humans in April 2009, H1N1 virus has spread to 168 countries and overseas territories. Saudi Arabia also witnessed severe H1N1 pandemic virus epidemic with considerable morbidity and mortality in different parts starting from June 2009. The objective of this study is molecularly diagnosis and detect the diversity of human swine influenza virus in different isolates. Our sample collected from Makkah region during July 2009 to November 2010 was confirmed through real time RT-PCR after isolation. Positive samples were further processed for RT-PCR and sequencing. The retrieved sequence aligned with the

GeneBank® data to detect the variation in the sequence of swine flu different isolates. As a result, full HA and NA segments sequencing of our H1N1 isolates revealed highest homology (99%) and a good homology with other circulating novel swine flu viruses. The HA segment sequence phylogeny revealed the circulation belonging to New York, Jakarta and Scotland. The NA segment was homologous to Monagua, Chile and Helsinki. The reasons behind this homology may be cause of mixed genogroups of S-OIV in Saudi Arabia during Hajj and Umrah seasons and the presence of unidentified carriers from different countries.