تنميط وراثي جزيئي لفيروس انفلونزا الطيور(H5N1) للسلالات المتواجدة بالمملكة العربية السعودية

الطالب : نجلاء بنت سعود بن عبد العزيز آل سعود

المشرف الرئيسي : أ.د. فهد بن عبد الرحمن الفاسي

المشرف المساعد : أ.د. علي زين العابدين عبد السلام

المستخلص العربى

يتعرض الإنسان بصورة دورية للإصابة بسلالات من فيروس أنفلونزا الطيور لها صفات مناعية جديدة مما قد يتسبب فى حدوث وباء عالمى له قدرة عالية على إحداث وفيات بين البشر . كما أن انتقال سلالات الفيروس بين الثدييات يزيد من فرص تطورها الى سلالات جديدة لها القدرة على الانتقال من الإنسان وإحداث العدوى به وذلك من خلال زيادة فرص حدوث الطفرات التى تؤدى الى تغيير اجزاء كاملة من الجينوم الفيروسى بأخرى من نفس النوع ،وكنتيجة لذلك فإنه يتحتم وضع خطط واستراتيجيات على مستوى العالم لمواجهة هذا الوباء ، هذه الخطط الإستراتيجية يجب أن تتضمن تطوير طرق مناسبة لاكتشاف وتحديد هذه السلالات الطافرة فى وقت قياسى بالإضافة الى تجهيز الأدوية والأمصال الفيروسية المناسبة وفى هذا الإطار فقد وضعت منظمة الصحة العالمية دعم أنشطة البحث العلمى فى مجال تطوير وتحسين المجموعات التشخيصية اللازمة لاكتشاف وتحديد الأمراض المعدية على رأس أولوياتها العشرة للبحوث والتطوير بالإضافة لذلك فإن وسائل التشخيص الوراثية الجزيئية المستخدمة حالياً تفصل بين تشخيص الفيروس واكتشاف السلالات الطافرة الجديدة وهو ما يزيد من مخاطر ظهور نتائج سلبية غير صحيحة ناتجة عن تحور السلالات الحالية من الفيروس الى سلاله أخرى وليس لعدم وجود الفيروس. نتيجة لكل هذه الأسباب فإن هذه الدراسة تهدف الى تطوير طريقة جديدة ذات قيمة مضافة لتشخيص له صفات Nuclopprotein (NP(بناء على أن الجين)N1 and NP(وقد تم اختيار الجينين H5Nفيرس أنفلونزا الطيور)Nuraminidase (1N1 فى حين أن الجين الآخر A مميزة لكل السلالات من النوع Highly conserved وراثية محافظة له قابلية عالية للطفور وهو ما أدى لنشوء تحت الأنواع الأخرى . ومن المأمول أن يؤدى هذا التطوير المقترح الى إعطاء قيمة مضافة لوسائل تشخيص فيروس أنفلونزا الطيور وذلك من خلال اكتشاف الفيروس ومتابعة تطور السلالات الجديدة من الفيروس وتحديد الصفات المناعية لها وهو ما يعطى فرصة للاستجابة السريعة للحالات الوبائية الناشئة عن انتشار تلك السلالات الطافرة وبالتالى يزيد من فرص النجاح فى احتواء الوباء قبل أن يتسبب في حدوث كارثة عالمية.

Molecular Genetic Typing of Avian Influenza Virus(H5N1) for Saudi Arabia Viral Strains

Najla Bint Saud Bin Abdulaziz AAl - Saud

Supervised by

Prof. **Fahad A. Al - Fassi**

Prof. **Aly Zain Elabidin Abdel salam**

ABSTRACT

Periodically, a complete novel antigenic subtypes of influenza viruses have been introduced in the human population, causing large-scale global outbreaks with high death tolls. The most devastating influenza pandemic in modern recorded history, known as the "Spanish flu", occurred in 1918–1919, killing up to 100 million people worldwide. In November 2007, Saudi Arabia's Agriculture Ministry announced that it had culled 50,000 birds after a deadly H5N1 strain of bird flu was detected at a poultry farm in Al-Kharj, 150 kms south of Riyadh tests were carried out after 1,500 birds died in the farm, which had a total of 50,000 birds. As a consequence of all this, pandemic preparedness has become an important issue worldwide. This pandemic preparedness plans should include early recognition of novel influenza viruses and stock-piling of antivirals and candidate vaccines.Therefore, this study aimed at the development of a value-added molecular genetic approach for the diagnosis of H5N1 virus. This shall be done through the development of a Reverse Transcriptase – Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) protocol to detect the Neuraminidase (N1) and Nucleoprotein (NP) genes specific for the H5N1 Saudis Arabian epidemic strains. This objective has been achieved through design oligonucleotide primers specific to the H5N1 KSA strain and establish a polymerase chain reaction protocols either in the classical or real time format in addition to test both specificity and sensitivity of the developed protocols. The results of this study showed that the designed oligonucleotide primers that are specific for the KSA H5N1 strains have a better sensitivity compared to the other primers that have been previously to detect a wide range of H5N1 strains. Therefore, these results recommends the implementation of the described protocols to detect the H5N1 KSA strains as a routine test.