انتشار فيروسات الأنفلونزا A (H1N1) في الجمال العربية المستوردة بالمملكة العربية السعودية

عبد العزيز علي احمد الغامدي

المستخلص

تسبب فيروسات الانفلونزا التهابات شديدة العدوى في الجهاز التنفسي. حيث تمثل فيروسات الإنفلونزا من نوع (A) تحديًا عالميًا كبيرًا لصحة كل من البشر والحيوانات حيث ترتبط بالأوبئة المنتظمة والاوبئة العرضية بسبب تغيرات في المستضدات ومجموعة واسعة من المضيفين. على الرغم من أن الاهتمام بالإبل العربية قد زاد بعد ظهور متلازمة الشرق الأوسط التنفسية-فيروس كورونا (MERS-CoV)، إلا أن العديد من جوانب صحتهم لم تتم دراستها بعد. وبالنظر إلى أن المملكة العربية السعودية تؤوي آلاف من الإبل وتستورد عدة آلاف أخرى من إفريقيا كل عام، فإنني هنا، أقوم بالتحقيق في احتمال انتشار (IAV) في الإبل الموجودة في المملكة العربية السعودية وتمييز الفيروسات المحددة وراثياً. تم جمع ما مجموعه ٦٦٥ مسحة من الأنف (٥٢٠ من الإبل المستوردة و١٤٥ من الإبل المحلية) من الإبل السليمة (بدون مرض علني) في المملكة العربية السعودية بين عامي ٢٠١٧ و٢٠١٨. كانت إحدى عشرة عينة (١ .٧ ٪) إيجابية لـ (IAV)وتم اختبارها عن طريق تفاعل البلمرة التسلسلي (PCR) وتم اكتشافها فقط في الجمال المستوردة. علاوة على ذلك، اقترح تسلسل الجينوم الجزئي وجود علاقة وثيقة بين الفيروسات المكتشفة وفيروس أنفلونزا الخنازير (A H1N1) المعزول من بلدان مختلفة بين عامي٢٠٠٩ و٢٠١٨. علاوة على ذلك، تم الكشف عن تسلسل جزئي متطابق للعينات المتعددة التي تم الحصول عليها من الإبل التي وصلت على نفس الشحنات وعدم التجانس بين التسلسلات من الإبل المستوردة على نقاط زمنية مختلفة إلى أن الإبل يمكن أن تكون مضيفًا متساهلاً غير معترف به لفيروس الأنفلونزا (A). تسلط هذه الدراسة الضوء بوضوح على الحاجة إلى تعزيز المراقبة لفيروسات الإنفلونزا وكذلك العوامل الممرضة الأخرى في الإبل العربية لفهم بيئة علم الإنفلونزا وعلم الأوبئة في هذه الحيوانات بشكل أفضل وتقييم دورها في ظهور الأنفلونزا.

تحت إشراف
أ.د. عصام إبراهيم أزهر
د. أنور محمد هاشم

Circulation of Influenza A H1N1 Viruses in Imported Dromedary Camels in Saudi Arabia.

Abdulaziz Ali Ahmed Alghamdi

Abstract

Influenza viruses cause highly contagious respiratory tract infections. Influenza A viruses (IAV) represent a major global challenge to the health of both humans and animals as they are associated with regular epidemics and occasional pandemics due to their antigenic changes and wide host range. While interest in dromedary camels have increased after the emergence of the Middle East Respiratory Syndrome-Coronavirus (MERS-CoV), many aspects of their health have not been studied yet. Given that Saudi Arabia harbors thousands of camels and imports several other thousands from Africa every year, Herein, this research, investigate the possible circulation of IAV in dromedary camels in Saudi and genetically characterize identified viruses. A total of 665 nasal swabs (520 from imported camels and 145 from domestic camels) were collected from healthy (no overt illness) dromedary camels in Saudi Arabia between 2017 and 2018. Eleven specimens (1.7 %) were positive by real time PCR for IAV which were detected in imported camels only. Furthermore, partial genome sequencing suggested close relationship of detected viruses to human and swine influenza A H1N1 virus isolated from different countries between 2009 and 2018. Furthermore, detection of identical partial sequences of multiple samples obtained from camels arriving on the same shipments and the heterogeneity between sequences from camels imported on different time points suggest that camels could be unrecognized permissive host for influenza A virus. This study clearly highlights a need for enhanced surveillance for influenzas viruses as well as other pathogen in dromedary camels to better understand influenza ecology and epidemiology in these animals and evaluate their role in influenza emergence.

Supervised By

Prof. Esam Ibraheem Azhar

Dr. Anwar Mohammed Hashem