

# التنوع الوراثي لفيروسات الرينوالمعزولة من جدة، بالمملكة العربية السعودية

إعداد

إسراء حسن منصور الأحمدى

إشراف

دكتورة لينا حسين ميسري باجرى

## المستخلص

تعد فيروسات الأنف البشرية (HRVs) أكثر التهابات الجهاز التنفسي الفيروسية شيوعاً (VRTI) والسبب الرئيسي لنزلات البرد. يمكن أن يسبب مضاعفات خطيرة عند الإصابة ، خاصةً للأشخاص المعرضين للمضاعفات. تشمل HRVs ثلاثة أنواع A ، B و C معاً حوالي ١٦٠ نوعاً فرعياً معروفاً. في المملكة العربية السعودية ، معدل الإصابة أخذ في الارتفاع بسبب بعض العوامل المؤثرة. في هذا البحث وصفنا الخصائص الجينية لفيروسات الأنف البشرية (HRVs) من خلال تقنيات معملية ستساعد في المستقبل في إعطاء صورة أكبر عن كيفية مقاومة هذا الفيروس للحفاظ على الصحة العامة.

في دراستنا ، خضعت 34 عينة سريرية إيجابية من HRVs لاستخراج الحمض النووي خماسي السكر ، وتم نسخ المنتجات إلى cDNA باستخدام SuperScript TM Reverse Transcriptase ، متبوعاً بتضخيم PCR باستخدام بادئات معينة لـ PCR الأول والمتداخل. تم تحليل المنتجات التي تم تضخيمها وتنقيتها ، ثم تسلسلها باستخدام جهاز التسلسل الجيني ABI 3500. تم إجراء تجميع الجينوم وتحليل النشوء والتطور باستخدام برنامج MEGA11 و Geneious R09. كان ظهور أنواع HRVs في هذه الدراسة المقدمة على أن HRV-A هو الأكثر شيوعاً يليه HRV-C أخيراً HRV-B (%41.17 ، %١٤.٧٠ ، على التوالي) ، كانت HRV-A و C هي السائدة على غرار الدراسات السابقة. كشف التحليل الجيني عن عشرة أنواع فرعية من HRV-A وثلاثة من HRV-B وأربع عشر من HRV-C من بين ٣٤ عينة من HRVs ، حيث تتجمع معظم الأنواع الفرعية لـ HRVs مع الولايات المتحدة الأمريكية والصين وأستراليا.

يتطلب التغيير في النمط الجيني مراقبة مستمرة للتوصيف الوراثي للـ HRVs لتوجيه تنفيذ الاستراتيجيات الوقائية للحفاظ على الصحة العامة.

# **Genetic Diversity of Human Rhinoviruses (HRVs) Isolated from Jeddah, Saudi Arabia**

**By**

**Esraa Hassan Mansour Alahmadi**

**Supervised by:**

**Dr. Leena Hussein Mayssari Bajrai**

## **Abstract**

**Human Rhinoviruses (HRVs) are the most common Viral Respiratory Tract Infections (VRTI) and the primary cause of the common cold. It can cause serious complication upon infection, especially to people who are prone to complication. HRVs include three species A, B and C joining are approximately 160 known subtypes. In Saudi Arabia, the rate of infection is raising due to some influencing factors. In this research we described the genetic characteristic of HRVs by laboratory techniques that will help in the future in giving a bigger image on how to resist this virus to maintain the general health of the public.**

**In this study, A total of 34 clinical HRVs positive samples was subjected to RNA extraction, products were revers transcribed to cDNA using SuperScript™ III Reverse Transcriptase, followed by PCR amplification using particular primers for first and nested PCR. The amplified products were analyzed and purified, then sequenced on ABI 3500 Genetic Analyzer sequencer. Genome assembly and phylogenetic analysis was performed using Geneious R09 software and MEGA11. The occurrence of HRVs types in this study presented as HRV-A was the most common followed by HRV-C lastly HRV-B (44.11%, 41.17% and 14.7% respectively), HRV-A and C were the predominant as similar to previous studies. Genetic analysis revealed 10 HRV-A subtypes, 3 HRV-B and 14 HRV-C among 34 HRVs samples, where most of the HRVs subtypes clustered with USA, China and Australia.**

**The change in genotype requires constant surveillance for genetic characterization of HRVs to guide for the implementation of preventive strategies to maintain the general health of the public.**