تحديد سلالات فيروسات الإنفلونزا باستخدام تقنية الأحياء الجزيئية في عينات مرضى الإنفلونزا المؤكدة مخبريا بمدينة جدة، المملكة العربية السعودية بين عامي ٢٠١٧ و٢٠١٨

منيرة صالح السعيد

إشراف

أ.د. عصام بن إبراهيم أزهر

د. شريف بن علي الكفراوي

المستخلص

فيروسات الأنفلونزا من نوعي "A" و "B" التي تنتشر في المجتمعات البشرية تتسبب في العديد من الفاشيات والأوبئة الموسمية التي ترتفع فيها معدلات الاعتلال والوفيات في جميع أنحاء العالم. لذا فإن تحديد سلالات فيروسات الانفلونزا يعد أمرًا بالغ الأهمية لتقييم ورصد ظهور السلالات المتغيرة المسببة للأمراض الجديدة ومن ثم صياغة تدابير مكافحة فعالة لها. ونظرًا لأن مدينة جدة هي البوابة الرئيسية التي تستقبل الحجاج من جميع أنحاء العالم على مدار العام مما يزيد من فرصة ظهور سلالات جديدة متغيرة من الإنفلونزا والتي قد تسبب تهديدًا كبيرًا للمجتمع. تهدف هذه الدراسة إلى تحديد سلالات فيروسات الإنفلونزا في ٧٣٧ عينة تم جمعها من المرضى المصابين بالأنفلونزا المؤكدة مخبرياً في مستشفى مدينة الملك عبد العزيز الطبية بين عامي ٢٠١٧ و٢٠١٨ في جدة، المملكة العربية السعودية باستخدام تفاعل الوقت الحقيقي لتفاعلات البلمرة التسلسلي المتعدد وفقا لبروتوكولات منظمة الصحة العالمية المعتمدة لهذه الفحوصات. لوحظ أن ٥٣٨ (73%) عينة كانت إيجابية لفيروس انفلونزا من نوع "A"في حين ان ١٩٩ (٢٧,٠٪) عينة كانت إيجابية لفيروس انفلونزا من نوع "B". تم تحديد السلالة الفرعية H1N1 في ٣١٠ (٥٧,٦٪) من عينات النوع "A" بينما تم تحديد السلالة الفرعية H3N2 في ٢٢٨ (42.4%) من النوع نفسه. في العينات الإيجابية لفيروس انفلونزا "B"، سلالة ياماغاتا كانت غالبة وتم تحديدها في ١٤٤ (٧٢,٤٪) عينة بينما سلالة فيكتوريا تم تحديدها في ٥٢ (٢٦,١٪) من العينات. اثنان من المرضى ظهرت لديهم عدوى مشتركة لسلالتي ياماغاتا وفيكتوريا. وعينة واحدة من عينات النوع "B"كانت غير قابلة لتحديد نوع السلالة فيها. تم اكتشاف ان غالبية حالات الإصابة بالأنفلونزا حدثت بين المرضى البالغين الذين تتراوح أعمارهم بين ١٩ و٦٠ عاما (٥٤٪، p values 0.018, 0.005). طيلة موسمي الدراسة، كان للفئة العمرية ٥-١٠ ارتباط أعلى مع الانفلونزا A غير H1N1مع نسبة ترجيح ١,٩٤ (٩٥٪ معامل ثقة: 1.01-3.75 ونسبة ترجيح ٢,٠ (٩٥٪ معامل ثقة: 1.11-3.59) في حين أن الفئة من ١٩-٦٠ عاما كان لها ارتباط أعلى مع سلالة H1N1مع نسبة ترجيح 2.27 (٩٥٪ معامل ثقة: 1.18-4.3) ونسبة ترجيح 3.62(٩٥٪ معامل ثقة: 1.46-8.99)، والفئة العمرية ٦-١٨ سنة كان لها ارتباط أعلى مع عدوى الإنفلونزا B مع نسبة ترجيح 2.64 (٩٥٪ معامل ثقة: 1.25-5.590) ونسبة ترجيح 2.82(٩٥٪ معامل ثقة: 1.26-6.30). وقد كانت السلالة الفرعيةH1N1 مسؤولة عن دخول المستشفيات في عام ٢٠١٧ (ع=٥٤، ٥٢,٠٪) في حين أن السلالة الفرعية H3N2 كانت مسؤولة عن ذلك في عام ٢٠١٨ (ع=٤٠، ٤٥٪) تظهر النتائج أعلاه أن المتابعة المستمرة لسلالات الأنفلونزا ورصدها يعد أمرا حاسما لفهم توزيع السلالات الفرعية للإنفلونزا في مجتمعنا والمساعدة على السيطرة على العدوى من خلال برامج المكافحة الفعالة.

Molecular Typing of Influenza Viruses Collected from Laboratory Confirmed Influenza Patients in Jeddah, Saudi Arabia between 2017 and 2018

Moneerah Saleh Alsaeed

Supervised By

Prof. Esam Ibraheem Azhar

Dr. Sherif Ali El-Kafrawy

Abstract

Influenza A and B viruses are known to be circulating in the human population causing pandemics and seasonal epidemics with high morbidity and mortality worldwide. Further molecular characterization of influenza subtypes or lineages is crucial to assess and monitor the emergence of new pathogenic variants and subsequently formulate effective control measures. Jeddah city is the main gateway receiving pilgrims from all over the world throughout the year increasing the chance of inter-lineage re-assortment among influenza viruses that may cause a major threat to the community. This study aimed at molecular characterization of influenza viruses' subtypes and lineages in 737 laboratory-confirmed influenza-positive patients at King Abdulaziz Medical City during the 2017–2018 seasons in Jeddah, Saudi Arabia using validated Real time RT-PCR assays following WHO protocols. A total of 538 (73%) patients had Flu A infections while the remaining 199 (27.0%) patients had Flu B infections. The H1N1 subtype was identified in 310 (57.6%) of the Flu A cases while the H3N2 subtype was identified in 228 (42.4%) samples. In Flu B cases, Yamagata lineage was dominated and identified in 144 (72.4%), while Victoria linage was identified in 52 (26.1%). 2 (1.0%) of patients showed a co-infection with both Victoria and Yamagata lineages. 1 (0.5%) Flu B sample was untypable. Most influenza infections occurred in adult patients between 19 and 60 years of age (54.0%, P= 0.018 and 0.005). In the two seasons of the study, 0-5 years age group had a higher association with the Flu A non-H1N1 (OR 1.94; 95% CI: 1.01-3.75 and OR 2.00; 95% CI: 1.11-3.59) while the age group 19-60 years had a higher association with the Flu A H1N1 infection (OR 2.27; 95% CI: 1.18-4.36 and OR 3.62 ; 95% CI: 1.46-8.99). The age group 6-18 years had a higher association with the Flu B infection (OR 2.64; 95% CI: 1.25-5.590 and OR 2.82; 95% CI: 1.26-6.30) in the two seasons of the study. H1N1 subtype was responsible for hospital admission in 2017 (n=54, 52.0%) while H3N2 was responsible for that in 2018 (n=40, 45%). The results show that continuous surveillance and monitoring of influenzas strains are crucial to understand the distribution of influenza subtypes and lineages in our community and help to control infections by effective control programs.