الكشف الجزيئي والتصنيفي للمجموعة أ لفيروس الروتا لدى الأطفال المنومين في مستشفيات مكة

اعداد الطالبه
نوره عبدالرؤوف القايدي

إشراف
أ.د.طه بن عبدالله قمصاني
د. عصام بن ابراهيم ازهر

مستخلص

فيروس الروتا المجموعة (أ) هو السبب الرئيسي للإسهال الحادة في جميع أنحاء العالم في مرحلة الطفولة، مما أدى إلى ~ 600000 حالة وفاة سنويا في الأطفال أقل من 5 سنوات من العمر .يعتبر فيروس الروتا شديد العدوى وتصعب السيطرة عليه .الوسيله الوحيده للحد من انتشار الفيروس والتقليل من الاصابه هي عن طريق استخدام اللقاح ولذلك لابد من معرفه التنوع الوراثي لسلالات فيروس الروتا قبل واثناء وبعد التطيم . في هذه الدراسه تم كشف والتنميط الجيني لسلالات الفيروس المدور المجموعة (أ) من عينات البراز في الأطفال الصغار المصابين بالإسهال في منطقه مكه ، تم فحص 173 عينه باستخدام التشخيص المناعي والذي يعتمد على الكشف عن وجود أجسام مضادة واستخدام اختبار البلمره التسلسليلمعرفه الانواع الجينيه المنتشره .75 من مجموع العينات اعطي نتيجه ايجابيه. وكان نوع G1 الأكثر المجموعات شيوعا (54 %) ، تليها G2 (14.67 %) ، G9(%6.6)،G3(2.6٪)، G4(1.33%) ، G8(1.33%). بينما كان النوع P8الاكثر شيوعا (53.3 ٪)، يليها P6(%14.6)،P4(10.6 %). وتبين وجود الانماط المصليه Gو P متحده علي النحو التالي G1P[8] (46.6 ٪)، تليها G9P[8] (10.6 %)، G12P[8] (% 8)، G2P[6] (% 8)، G2P[4] (% 6)، G1P [6] (% 8)، G1P [4] (% 8)، G8P [8] (% 8)، G3P [8] (% 8)، G2P [8] (% 8) واخيرا G4P [8] (% 8).

Molecular Detection and typing of group A rotavirus among hospitalized children in Makkah

By
Norah Abdulraouf AL-kaiedi

Supervised By
Prof.Taha A. kumosani
Dr. Esam I. Azhar

ABSTRACT

Group A Rotavirus is the leading cause of severe childhood diarrhea worldwide, resulting in ~ 600,000 deaths annually in children <5 years of age. Rotavirus infection is highly contagious and not easily controlled by improvements in hygiene and sanitation, as evidenced by similar incidence rates in developed and developing nations. The only control measure likely to have a significant impact on the incidence of severe disease is vaccination, but circulating rotaviruses are antigenically and genotypically diverse. The genotypic diversity of circulating rotavirus strains needs to be assessed before, during, and after vaccination of populations. Detection and genotyping of group A rotavirus strains from stool samples in young children with diarrhea in Makkah were examined using ElISA and genotyping by reverse transcription-nested multiplex PCR. Total Of 173 stool specimens, 75 samples was rotavirus positive. G1 type was the most common G-type (46.6%), followed by G2 (14.67%) ,G9 (6.6%), G3 (62.6%) G4 (1.3%) and G8 (1.3%). P[8] was the most common P-type (53.3%), followed by P[6] (14.6%) and P[4] (10.6%) .The prevalence of G-P combination type was genotype G1P[8] (46.6%), followed by G9P[8] (10.6%), G12P[8] (8%), G2P[6] (8%) G2P[4] (6%) G1P[6] (8%) G1P[4] (8%) G8P[8] (8%) G3P[8] (8%) G2P[8] (8%) G4P[8] (8%).