النمط الجيني ومقاومة العقاقير المضادة للفيروسات القهقرية فى فيروس نقص المناعة البشرية -1 في جازان، المملكة العربية السعودية

اعتزاز بنت عبدالشكور احمد زكي

المستخلص العربي

المقدمة: يعتبر فيروس نقص المناعة البشرية مشكلة صحية رئيسية. التصنيف الجيني لفيروس HIV-1واختبار مقاومة مضادات الفيروسات القهقرية هو دليل هام لإدارة أفضل لعلاج الحالات المرضية. اختبار مقاومة مضادات الفيروسات القهقرية قبل بدء العلاج يؤدي إلى استجابة الفيروسات للعلاج بطريقة أفضل. يعتمد انتشار مقاومة الادوية المضادة للفيروسات القهقرية المنقولة في المرضى على انتشار مقاومة العلاج في المجتمع. حيث تتوفر بيانات شحيحة حول هذا الموضوع في المملكة العربية السعودية.

الهدف: كان الهدف من هذه الدراسة هو تحديد الأنماط الجينية لفيروس HIV-1 و التعرف على الطفرات المضادة للفيروسات القهقرية الأكثر شيوعا بين مرضى HIV-1 فى جازان بالمملكة العربية السعودية.

الطريقة: تم جمع 57 عينة من المرضى الجدد بعيادة HIV فى مستشفى الملك فهد بجازان، المملكة العربية السعودية. تم فحص جميع العينات للأجسام المضادة و العدد الكمى لفيروس HIV-1. تم تحديد الأنماط الجينية للفيروس بالتسلسل الجيني للفيروس واختبار مقاومة مضادات الفيروسات القهقرية.

النتائج: في العينات التي شملتها الدراسة، كانت الانواع الجينية للفيروس كالتالى:

C:38; D:6; G:5; B:4; CRF01_AE:2; A, CRF02_AG:1. اظهرت 78.9% قابلية مضادة للفيروسات القهقرية للفئات الثلاث الرئيسية لمضادات الفيروسات القهقرية، في حين أن 10.5% كانت لديهم طفرات معروفة تمنح مقاومة عالية المستوى لواحد أو أكثر من NRTI، واحتوت 1.8% من الحالات على الطفرات المعروفة التي تسبب درجة عالية من المقاومة ل PI. فيما احتوت 10.5% من الحالات على الطفرات التي تسبب درجة منخفضة من المقاومة لواحد أو أكثر من NRTI، مع احتواء 1.8% من الحالات على الطفرات المعروفة التي تسبب درجة منخفضة من المقاومة ل NNRTI و PI. احتوت 3.5% من الحالات على الطفرات المعروفة التي تسبب احتمالية درجة منخفضة من المقاومة ل NNRTI. و شملت الطفرات المرتبطة بمضادات الفيروسات القهقرية:

M184V, VI79DV, E138A, V82A+I84IV, L33LF, L89LMV, L10F+Q58E, L10FV, L10F+V82Y.

الاستنتاج: أظهرت هذه الدراسة أن نسبة انتشار طفرات المقاومة المضادة لفيروس HIV-1 هي 21.1% فى المجموعة المدروسة مما قد يبرر اختبار مقاومة الأدوية المضادة للفيروسات القهقرية قبل العلاج لمساعدة وتوجيه الأطباء لاختيار نظام العلاج المناسب لمرضى HIV-1.

اسم الطالبة: اعتزاز عبدالشكور زكي

المشرف: البروف عصام ابراهيم ازهر

Genotype and antiretroviral drug resistance of human immunodeficiency virus-1 in Jazan, Saudi Arabia

Eitezaz Abdulshakoor Zaki

Abstract

Introduction: HIV is a major public health problem. HIV genotyping and antiretroviral resistance testing is an important guide for better management of treatment-naive. Antiretroviral resistance testing before starting of treatment regimen leads to better virological response. The prevalence of transmitted antiretroviral drug resistance in treatment-naive individuals is dependent on the prevalence of drug resistance in the community. Scarce data are available on this subject in Saudi Arabia.

Aim: Determine the HIV-1 genotypes and identify the most common HIV-1 antiretroviral mutations among HIV patients in Jazan, Saudi Arabia.

Methods: A total of 57 samples were collected from the HIV clinic at King Fahd Hospital, Jazan, Saudi Arabia from treatment-naive patients. All samples were screened for HIV-1 antibodies and viral load. HIV-1 genotypes were tested by sequencing and antiretroviral resistance testing.

Results: In the studied population, HIV-1 genotypes were as follows: C:38, D:6, G:5, B:4, CRF01_AE:2, A and CRF02_AG:1. Of the recruited subjects, 78.9% showed antiretroviral susceptibility to all 3 major classes of antiretroviral: Protease Inhibitor (PI), Nucleoside reverse transcriptase inhibitor (NRTI) and Non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NNRTI) ;while 10.5% had mutations known to confer high-level resistance to one or more of NRTI. Mutations known to confer high-level resistance to PI were detected in 1.8% of the cases. Low-level resistance mutations to one or more of NRTI were detected in 10.5% of cases, with 1.8% had mutations known to confer low-level resistance to both NNRTI and PI. Mutations known to confer potential low-level resistance to NNRTI were detected in 3.5% of cases. Antiretroviral associated mutations included: M184V, VI79DV, E138A, V82A+I84IV, L33LF, L89LMV, L10F+Q58E, L10FV, and L10F+V82Y.

Conclusion: The prevalence of HIV-1 antiretroviral resistance mutations is 21.1% in the studied population which might justify for antiretroviral drug resistance testing prior treatment to aid and guide the physicians for the proper HIV treatment.

Student Name: Eitezaz Abdulshakoor Zaki

Advisor**:** Prof. Esam Ibraheem Azhar