الكلية : كلية الطب البيطري
القسم : الأحياء المجهرية والطفيليات
التخصص : أحياء مجهرية بيطرية / فيروسات

اسم الطالب : محمد عاصي سمير فنخير
اسم المشرف : د.فراس طه منصور
الشهادة : ماجستير

عنوان الرسالة او الأطروحة

المسح الجزيئي والتحليل الجيني لفيروس أنفلونزا الطيور نوع(أ)في البصرة وواسط، العراق

ملخص الرسالة أو الأطروحة

يسبب فيروس الأنفلونزا نوع أ عدوى شديدة في الطيور وخاصة الدجاج مع خسائر اقتصادية كبيرة في العديد من البلدان حول العالم ، وفي بعض الأحيان يصيب الإنسان بدرجة متفاوتة في الشدة .وتعتبر الطيور المائية، ولا سيما البط البري، المستودع الرئيسي لجميع فيروسات الأنفلونزا نوع أ .الهدف من هذه الدراسة هو التحري عن هذا الفيروس في فروج اللحم والبط البري في مناطق جغرافية مختلفة في محافظتي البصرة وواسط، العراق .تم تحقيق هذا الهدف من خلال التحليل الجيني للفيروس وتصميم زوج من البريمرات الشاملة الجديدة للكشف عن جميع الأنواع الفرعية للأنفلونزا أ في تفاعل إنزيمي واحد عبر تضخيم منطقة شديدة التشابه من جين M الفيروسي .تم تحليل ما مجموعه 157 و 155 مسحة فموية بلعومية ومسحة مذرقية من فروج اللحم والبط البري، على التوالي .تم جمع العينات من أسواق الطيور الحية في أربع مناطق جغرافية مختلفة في البصرة 82 (فروج اللحم و 75 بطة برية)، وواسط 75 (فروج اللحم و 80 بطة برية .)أوضحت الدراسة أن فيروسات الإنفلونزا أ منتشرة في هذه الطيور في جميع المناطق الجغرافية مع نسبة أعلى بكثير في البط البري من فروج اللحم . أظهرت النتائج أن 157 / 92 عينة 75 / 54 (بطة برية و 82 / 38 فروج اللحم)و 155 / 96 عينة 75 / 38 (بطة برية و 80 / 58 فروج اللحم)في البصرة وواسط على التوالي ، كانت إيجابية للجين الفيروسي نوع . M بالإضافة إلى ذلك، لا يوجد فرق معنوي في انتشار الفيروس بين محافظتي البصرة وواسط . تعطي هذه النتائج صورة مهمة حول توزيع فيروسات الأنفلونزا في نوعين مختلفين من الطيور في مناطق جغرافية مهمة، وهو أمر مهم لمنع انتشار العدوى إلى الدواجن ، وفي النهاية يقلل من خطر الإصابة بالعدوى للانسان.

Name of student: Mohammed Assi Sami
Name of supervisor: Dr Firas Taha Mansour
Certificatte: Master Degree

College: College of Veterinary Medicine
Dep: Veterinary Microbiology and Parasitology
specialization: Veterinary Microbiology / Virology

Summery

Molecular surveillance and genetic analysis of avian influenza A viruses in Basrah and Wasit, Iraq

Influenza A virus causes severe infection in birds in particular chicken with economic losses in many countries around the world, and occasionally they infect human causing mild to severe illness. Waterfowls notably the wild ducks are considered the main reservoir for all influenza A virus subtypes. The aim of this study was to detect influenza A virus in broiler chicken and wild duck in different geographical regions of Basrah and Wasit provinces, Iraq. This study was authenticated by analyzing the viral genome and designing a set of novel universal primers for the detection of all influenza A subtypes in a single enzymatic reaction through the amplification of a highly conserved region of viral M gene. A total of 157 and 155 oropharyngeal and cloacal swabs from broiler chicken and wild duck, respectively, were analyzed. Samples were collected from live bird markets in four different geographical regions of Basrah (82 broiler chicken and 75 wild duck), and Wasit (75 broiler chicken and 80 wild duck). The study has shown that influenza A viruses is prevalent in these birds in all study regions with a significantly higher percentage in wild ducks than broiler chicken. The results showed that 92/157 samples (54/75 wild duck and 38/82 broiler chicken) and 96/155 samples (38/75 wild duck and 58/80 broiler chicken) in Basrah and Wasit, respectively, were positive to viral M gene. In addition, there was no significant difference in virus prevalence between Basrah and Wasit provinces. These findings obtain a primary picture about the distribution of avian influenza viruses in two different types of birds in two important provinces, which is important to prevent the spread of infection to poultry and eventually minimize the risk of acquiring infection to humans.