วัตถุประสงค์ของการศึกษาครั้งนี้เพื่อวิเคราะห์รูปแบบของจีโนไทป์และลักษณะทางพันธุกรรมของยีนฮีแมกกลูตินิน (HA) ของไวรัสไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ที่คัดแยกได้จากการระบาดในปี พ.ศ. 2547- 2548 ในประเทศไทย ด้วยวิธีการการหาลำดับของนิวคลีโอไทด์ของยีน HA จำนวนทั้งสิ้น 50 ตัวอย่าง ผลจากการศึกษาพบลักษณะการจัดเรียงตัวของชนิดกรดอะมิโนที่ HA cleavage site เป็นแบบ Polybasic amino acid ซึ่งพบสองรูปแบบคือ PQRERRRKKR และ PQREKRRKKR โดยรูปแบบแรกนั้นเป็นลักษณะที่เป็น Wild type คิดเป็นร้อยละ 86 นอกจากนี้แล้ว บริเวณกรดอะมิโนตำแหน่ง ที่ 154-156 ซึ่ง Glycosylation site พบว่ามีการจัดเรียงตัวของชนิดกรดอะมิโนคือ N-S-T (Asparagine-Serine-Threonine) สำหรับตำแหน่งของกรดอะมิโนที่มีความสัมพันธ์กับส่วนที่เป็น Receptor binding site ได้แก่กรดอะมิโนตำแหน่งที่ 222 และ 224 พบชนิดของกรดอะมิโนคือ Glutamine (Q) และ Glycine (G) ตามลำดับซึ่งเป็นรูปแบบที่พบในกลุ่มของไวรัสไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีก ในการศึกษาครั้งนี้พบความเหมือนกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอยู่ในช่วงร้อยละ 91.8 ถึง 99.9 และเมื่อเปรียบเทียบกับข้อมูลในฐานข้อมูล GenBank พบว่าร้อยละของความเหมือนกันของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนที่ได้ อยู่ในช่วง 98.3 ถึง 99.4 และ 97.8 ถึง 99.4 ตามลำดับ ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการพบว่ายีน HA ที่ทำการศึกษานั้นมีความสัมพันธ์กัน นอกจากนี้แล้วในการวิเคราะห์ความผันแปรของยีน HA นั้นจะขึ้นอยู่กับค่าอัตราส่วนของ non-synonymous กับ synonymous โดยได้ทำการเปรียบเทียบในยีน HA พบว่า HA1 มีค่าเท่ากับ 0.37 ขณะที่ยีน HA2 มีค่าเท่ากับ 0.35 ซึ่งจะเห็นได้ว่ายีน HA นั้นในส่วนของ HA1 subunit มีความผันแปรทางพันธุกรรมอยู่ในระดับที่สูงกว่า HA2 อยู่เพียงเล็กน้อย

The purpose of the study was to analyze genetic characterization of hemagglutinin gene of avain influenza viruses (H5N1) isolated from 2004-2005 outbreaks in Thailand in by nucleotide sequencing. At HA cleavage site, all isolates contained polybasic amino acid as PQRERRRKKR and PQREKRRKKR. Eighty-six percent of isolates are PQRERRKKR. The amino acid at 154-156 were N-S-T (Asparagine-Serine-Threonine), which is glycosylation site. All isolates had a Glutamine (Q) at position 222 and Glycine (G) at position 224, which are related to receptor binding site specific for α2,3 NeuAcGal found in cell membrane of avian species. In this study showed similarity percentage varied from 91.8 to 99.9 and 91.0 to 99.8, respectively. Comparison of the nucleotide and amino acid sequences of the hemagglutinin (HA) genes of 50 samples and the hemagglutinin (HA) genes of influenza viruses isolated in Thailand from the GenBank database showed similarity percentage varied from 98.3 to 99.4 and 97.8to 99.4, respectively. Phylogenetic analysis illustrated that the hemagglutinin (HA) genes in this study were very closely related in the same clade. In addition, they were also closely related to the hemagglutinin (HA) gene of influenza viruses isolated from avian and mammal species in from the same time to outbreak in Thailand.