

วัตถุประสงค์ของการศึกษาค้นคว้าเพื่อวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของยีน NS1 ของไวรัสไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ที่แยกได้จากการระบาดในปี พ.ศ. 2547- 2548 ในประเทศไทย โดยวิธีการหาลำดับของนิวคลีโอไทด์

ในทุกตัวอย่างพบลักษณะการขาดหายไปของ กรดอะมิโน 5 ตัว ในตำแหน่งที่ 80 ถึง 84 ของยีน NS1 ซึ่งเป็นลักษณะของ genotype Z ในทุกตัวอย่างยังพบกรดอะมิโน aspartic acid ที่ตำแหน่ง 92 ของยีน NS1 ซึ่งเป็นลักษณะของเชื้อไวรัสที่มีความรุนแรงต่ำ นอกจากนี้ยังพบลำดับกรดอะมิโน ESEV ที่ปลายด้าน C ของ NS1 ซึ่งเป็นส่วนที่จับกับ PDZ domain ซึ่งมีบทบาทที่สำคัญใน signaling pathway ถูกพบในทุกตัวอย่างที่ศึกษา การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนที่ได้จากการอนุมานของยีน NS1 ในการศึกษาครั้งนี้พบร้อยละของความเหมือนกันอยู่ในช่วง 99.26 ถึง 100 และ 98.23 ถึง 100 ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้กับข้อมูลในฐานข้อมูล GenBank พบร้อยละของความเหมือนกันของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนที่ได้จากการอนุมานของยีน NS1 อยู่ในช่วง 98.67 ถึง 100 และ 97.34 ถึง 100 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการพบว่ายีน NS1 ที่ทำการศึกษามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดอยู่ในกลุ่มความสัมพันธ์เดียวกัน และยังมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากสัตว์ปีกและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมในประเทศไทย

The purpose of the study is to analyze genetic variation of the NS1 genes of avian influenza viruses (H5N1) isolated from the 2004-2005 outbreaks in Thailand by nucleotide sequencing.

Deletions of five deduced amino acid residues at the position of 80-84 of the NS1 genes were found in all samples which one of the characteristics of the genotype Z. Aspartic acid at the position of 92 of the NS1 were found in all samples which is the characteristics of low pathogenic strains of the viruses. ESEV sequences at C-terminal of the NS1, a binding site of PDZ domain which plays an important role in key signaling pathways, were also deduced from the nucleotide sequences in all of the specimens. Analysis of the nucleotide and deduced amino acid sequences of the NS1 genes in this study showed similarity percentage varied from 99.26 to 100 and 98.23 to 100, respectively. Comparison of the nucleotide and deduced amino acid sequences of the NS1 genes in this study and the NS1 genes of influenza viruses isolated in Thailand from the GenBank database showed similarity percentage varied from 98.67 to 100 and 97.34 to 100, respectively.

Phylogenetic analysis illustrated that the NS1 genes in this study were very closely related in the same clade. In addition, they were also closely related to the NS1 genes of influenza viruses isolated from avian and mammal species in Thailand.