جمهورية العراق

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

جامعة ديالى/كلية العلوم

قسم علوم الحياة

التحليل التطوري الوراثي لفيروس المليساء المعدية المعزولة من مناطق مختلفة من جسم الإنسان

رسالة مقدمة الى

مجلس كلية العلوم – جامعة ديالى

وهي جزء من متطلبات نيل درجة الماجستير في علوم الحياة

من قبل الطالب

سمير محمـد ذياب

بكالوريوس علوم حياة / جامعة بغداد (2004)

بإشراف

أ.م.د. زهراء جعفر جميل

1443هـ **2021 م**

Introduction

Molluscum contagiosum, often known as water warts, caused a benign skin disease. Molluscum contagiosumskin lesions are known as Mollusca. The most common type of lesion is dome-shaped, spherical, and pinkish purple in hue, multiple distinct nodules 2 to 5 mm in diameter, appear on the epidermis, and appearing everywhere on the body excluding the soles and palms, define infection (Burrell *et al.*,2017; Badri *et al.*,2021). The Molluscum contagiosum virus (MCV), a double-strand DNA virus belonging to the Poxviridae family, causes Pearl disease(Leung *et al*., 2017). Bateman was the first to describe it in 1817, and Paterson showed its contagiousness in 1841(Bateman, 1953).

Molluscum contagiosum is a kind of Molluscum that heals without leaving scars in the majority of individuals. The condition is benign, and spontaneous remission is the most common outcome, but it can take anywhere from 12 to 24 months. The lesions can last for 3-5 years in some people and can be disfiguring. One-third of patients had recurrences. The lesions are widespread in HIV patients or those who are immunocompromised, and they appear when CD4 levels are low. The lesions seldom resolve spontaneously in these people (vander Wouden *et al.*,2017).

The MCV has four subtypes: MCV-1 (which accounts for 98% of infections) is primarily seen in youngsters, whereas MCV-2 is predominantly responsible for skin lesions in Asia and Australia, MCV-3 and MCV-4 are also found (Peterson *et al.*,2019). Cultures of the MCV are currently unavailable. MC lesions are spread via direct contact or indirect contact through towels, underwear, toys, razors, tattoo and other fomites. skin-to-skin contact MCV can also spread to normal skin by autoinoculation

when patients scrape the molluscum. Transmission may occur in shared swimming pools and other moist situations. In utero and prepartum transmissions have been recorded, resulting in congenital Molluscum contagiosum or skin lesions in the first few months of life (Rosner *et al* ., 2018 ; Peterson *et al.*, 2019).

The MCV has a worldwide distribution. There were around 122 million cases in 2010. It can be found all throughout the world, although it appears to be more common in hot, humid climates. MC is most commonly found in children aged two to five years, although it can also be found in sexually active adolescents and adults, as well as immune compromised people (Leung *et al.*, 2017).

The viral DNA is similar to that of the vaccinia virus. Its total G+Ccontents around 60% (Riedel *et al.*, 2019). MC lesions were divided into six categories based on their clinical appearance:umbilicated nodular, big/giant, conglomerated, erythematous, inflamed, and ped unculated (Zloto&Rosner, 2015). It's possible that the incubation period last up to 6 months. Itchy lesions may lead to autoinoculation. The lesions may last up to two years before spontaneously regressing. The virus is a weak immunogen, with only approximately a third of patients developing antibodies against it (Riedel *et al.*, 2019).

In most situations, the clinical appearance of molluscum lesions is sufficiently distinctive to allow clinical diagnosis. If the cheesy material expressed from the lesion is studied using negative-stain transmission electron microscopy, brick-shaped virions are generally seen in huge numbers (Longnecker *et al.*, 2013). For a definitive diagnosis of MCV, PCR-based tests are the best option. The results of molecular diagnostics

also offer information on the genotyping of the infected MCstrain (Trama *et al.*, 2007).

Aims of the study:

The present study was conducted to achieve the following goals:

1- Molecular detection of MC133L, MC021L and MC002L genes of MCV by conventional PCR test from skin lesions of clinically suspected patients.

2- Exploration of the nucleotide sequence of MC133L and MC021L genes.

3- Investigation of the genetic variation among detected MCV strains with global isolated in NCBI.

4- Draw the phylogenetic tree for detected MCV isolates comparing with globalstrains in NCBI to figure out the relatedness of local isolates of MCV .

5-Determination the associated socio-demographic and clinical features risk factoer.

الخلاصة

فيروس المليساء المعدية (MCV) هو أحد أفراد عائلة الجدري الذي يصيب جلد الإنسان وهو شديد العدوى في جميع الأعمار ، ولكنه أكثر انتشارًا في الأعمار من (1-10) سنوات ، وكذلك المرضى الذين يعانون من ضعف المناعة مثل الأشخاص المصابون بفيروس نقص المناعة البشرية. تهدف الدراسة إلى الكشف الجزيئي عن MCV باستخدام تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) ، متبوعًا بتسلسل النوكليوتيدات الفيروسية وتحليل النشوء والتطور. أيضًا لاستكشاف العلاقة بين عدوى MCV وبعض عوامل الخطر الاجتماعية والديموغرافية والسريرية.

اجريت هذه الدراسة المقطعية لمحافظة ديالى للمدة الممتدة من 1 تشرين الاول2020 حتى 1 نيسان 2021. تمت الموافقة على الدراسة من قبل اللجنة العلمية في كلية العلوم واللجنة العلمية لدليل ديالى الصحي. تم تضمين ما مجموعه 101 مريض يشتبه سريريًا في إصابتهم بآفة MCV في أجزاء مختلفة من أجسامهم. تم تخصيصها من مستشفى بعقوبة التعليمي ، قسم الاستشارات ، وبعض مراكز الرعاية الصحية الأولية تابعة لدليل ديالى الصحي. تراوحت الأعمار من 5 شهور إلى 60 سنة من كلا الجنسين. تم جمع خزعات نسيج الآفة الجلدية باستخدام مكشطة الأنسجة بواسطة أطباء الأمراض الجلدية. تم إجراء تفاعل البوليميراز المتسلسل التقليدي باستخدام بادئات خاصة. تم إجراء التسلسل الجيني في كوريا وتم إجراء تحليل النشوء والتطور المؤقت. تم إجراء التحليل الإحصائي المؤقت باستخدام برنامج SPSS (الإصدار 27) واعتبرت قيم P أقل من 0.05 ذات دلالة.

كان معدل الكشف عن الجينات MC133L و MC021L و MC002L بين عينات الجلد 2.0% و 18.8% و 84.2% على التوالي.

اظهر تحليل التسلسل الزوج الأساسي 979 لجين MC021L في 6عزلات من MCV ، وعزلتان من MCV لجين MCI 3L مع 575 نقطة أساس عند مقارنة كل من هذه العزلات مع NCBI. فيما يتعلق بموضع MC021L gene ، أشارت النتائج إلى وجود 51 اختلافًا في الحمض النووي موزعة في جميع العينات التي تم فحصها تقريبًا. أظهرت غالبية الاختلافات المحددة في جين MC021L توزيعًا متساويًا تقريبًا بين العينات الفيروسية التي تم فحصها. أشارت نتائج الشجرة الشاملة إلى أن جميع العينات الفيروسية التي تم فحصها تنتمي إلى نوع فرعي جديد يقع بين كلا النوعين الفرعيين الأول والنوع الثاني. لم يتم تقييم هذا التوزيع الجديد الذي تشغله هذه العزلات