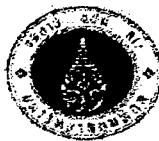


**ผศ.ดร.มนต์ ธรรมอ่อง  
มหาวิทยาลัยมหิดล**

งานสารสนเทศงานวิจัย กองบริหารงานวิจัย  
สำนักงานอธิการบดีมหาวิทยาลัยมหิดล  
โทร. ๐๒-๘๔๙-๖๒๔๑-๖ โทรสาร ๐๒-๘๔๙-๖๒๔๗  
E-mail : drcopra@mahidol.ac.th



**มหาวิทยาลัยมหิดล**  
**นักวิจัย@มหาดิน**

**การศึกษาความหลากหลายของ receptor-binding domain ของไวรัสไข้หวัดนก และ การคาดการณ์ถึงความสำคัญของความหลากหลายโดยใช้ molecular dynamic simulation**

การกลยุทธ์ของไวรัสไข้หวัดนกทำให้ได้สายพันธุ์ใหม่เกิดขึ้นซึ่งอาจจะมีบทบาทต่อการระบาดจากนกหรือสัตว์ปีกเข้าสู่คนจนกลายเป็นปัญหาทางสาธารณสุข ในงานวิจัยนี้คณะผู้วิจัยทำการศึกษาการกลยุทธ์ในส่วนของยีนที่สร้างโปรตีนที่จับกับตัวรับบนผิวเซลล์โดยทำการแยกสายพันธุ์กรรมของไวรัสไข้หวัดนกจากอุจจาระของนกปากห่างที่คัดเข้าตามธรรมชาติ จากการศึกษาลำดับของนิวคลีโอไทด์พบอัตราการกลยุทธ์อยู่ในช่วง 0.3-0.6% ตัวอย่างไวรัสจากแต่ละตัวมี major population ของไวรัสเหมือนกันแต่มี minor population แตกต่างกันบ้างและเหมือนกันบ้าง และยังพบว่า major population ของไวรัสในปีระนาด 2004 ถูกถ่ายทอดมาอย่างปีระนาด 2005 โดยเพิ่มจากปี 2004 (39%) เป็น 45% ของประชากรไวรัส การคาดการณ์ถึงความสำคัญของการกลยุทธ์ที่พบโดยใช้ molecular dynamic simulation พนักงานรุ่นเยาว์แบบที่สำคัญคือ E218K/V248I, K140R/E218K/V248I และ Y191C/E218K/V248I ทั้งนี้ E218K/V248I จับกับตัวรับบนผิวเซลล์คนได้ดีขึ้นโดยที่ยังจับกับตัวรับบนผิวเซลล์นกได้ดีเช่นกัน ผลการทดลองนี้แสดง出แนวว่า การกลยุทธ์ที่ K140R และ Y191C อาจจะเป็นการกลยุทธ์ปัจจัยหนึ่งที่ทำให้ไวรัสข้ามสายพันธุ์จากสัตว์ปีกเข้าสู่คน

**ติดต่อขอรายละเอียดเพิ่มเติม**

หัวหน้าโครงการ	: รศ. ดร. ศุภชิตา อุบล
ที่อยู่	: ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
โทร	: ๐๒-๒๐๑-๕๖๗๔
e-mail	: scsul@mahidol.ac.th

**Mahidol University  
Research Excellence**

Research Management and Development  
Office of the President  
Tel : 02-849-6241-6 Fax : 02-849-6247  
E-mail : [dircopra@mahidol.ac.th](mailto:dircopra@mahidol.ac.th)



**MAHIDOL UNIVERSITY**  
*Wisdom of the Land*

## Intra-host diversities of the receptor-binding domain of stork faeces-derived avian H5N1 viruses and its significance as predicted by molecular dynamic simulation

Virus evolution facilitates the emergence of viruses with unpredictable impacts on human health. This study investigated intra-host variations of the receptor-binding domain (RBD) of the haemagglutinin (HA) gene of the avian H5N1 viruses obtained from the 2004 and 2005 epidemics. The results showed that the mutation frequency of the RBD ranged from 0.3 to 0.6 %. The mutations generated one consensus and several minor populations. The consensus population of the 2004 epidemic was transmitted to the 2005 outbreak with increased frequency (39 and 45 %, respectively). Molecular dynamics simulation was applied to predict the significance of the variants. The results revealed that the consensus sequence (E218K/V248I) interacted unstably with sialic acid (SA) with an a2,6 linkage (SAa2,6Gal). Although the mutated K140R/E218K/V248I and Y191C/E218K/V248I sequences decreased the HA binding capacity to a2,3-linked SA, they were shown to bind a2,6-linked SA with increased affinity. Moreover, the substitutions at aa 140 and 191 were positive-selection sites. These data suggest that the K140R and Y191C mutations may represent a step towards human adaptation of the avian H5N1virus.

### For More Information

Name PI	: Associate Professor Sukathida Ubol
Address	: Department of Microbiology, Faculty of Science Mahidol University
Tel	: 02-201-5674
e-mail	: <a href="mailto:scsul@mahidol.ac.th">scsul@mahidol.ac.th</a>