التوصيف الجزيئي والتحت النوعي لـ(جين) بكتيريا المكورات العنقودية المقاومة للمضاد الحيوي (ميثيسيلين)

ياسر عبدالله صالح الحجاج

إشراف

أ.د. صالح بن عبد الله كابلي **أ.د. صالح بن محمد القرني**

المكورات العنقودية الذهبية هي كائنات حية دقيقة انتهازية، موجودة بشكل طبيعي على الجلد والغشاء المخاطي في حوالي٢٠ ٪ من الأشخاص الأصحاء، وتعتبر من اهم الكائنات الممرضة للإنسان و تسبب في العديد من الأمراض الموضعية والجهازية مثل التهابات الجلد والأنسجة الرخوة والتهاب المسالك البولية وعدوى العظام فضلا عن الأمراض الانتهازية التي تتسبب بها. اما المكورات العنقودية الذهبية المقاومة للميثيسيلين (MRSA) فتحدث التهابات خطيرة في المرضى المنومين في المستشفيات، وفي الآونة الأخيرة انتشرت خارج المستشفى، بين السكان الأصحاء. انتقال MRSA يحدث داخل قطاع الرعاية الصحية كعدوى في المستشفيات من خلال العاملين في الرعاية الصحية أو بين المرضى المنومين ويكون عادة عن طريق الجلد واليدين أو باستخدام الأجهزة الطبية الملوثة أونظام غسيل الكلى. لذلك ، هدفت الدراسة الحالية إلى تقييم التشابه الوراثي لبكتيريا MRSA التي تم عزلها من المرضى المنومين ومرضى العيادات الخارجية الذين زاروا مراكز الرعاية الصحية المختلفة التي تقع في جدة بالمملكة العربية السعودية. في هذا البحث تم عزل ٢٠٠ سلالة MRSA من كل من المرضى داخل المستفشيات وخارجها وكانت منها ١٠٥ عزلات لذكور و ٩٥ عزلة لإناث ، من عدة مستشفيات في جدة في الفترة من مارس ٢٠١٨ إلى يونيو ٢٠١٩ .ثم تم توصيف سلالات MRSA المعزولة على أساس المظاهر الشكلية والنمطية والوراثية ثم الحصول على بصمة سلالات MRSA من أنواع عديدة من المجموعات العنقودية وفقًا للجينات الموجودة في هذه السلالات.

كانت سلالات MRSA المعزولة من الجهاز التنفسي ٨٧ عزلة تشكل نسبة (٤٣,٥٪) ، يليها من الجلد والجروح ٦٦ عزلة (٣٣,٥٪) ثم من البول ١٥ عزلة (٧,٣٪) ثم العين ١١ عزلة (٥,٤٪) ثم الدم ٩ عزلات (٤,٧٪) ثم الأذن ٥ عزلات (٢,٢٪) والأنسجة الأخرى كانت ٧ عزلات (٣,٤٪). ثم تم إجراء توصيف السلالات المجمعة باستخدام كل من الطرق التقليدية والجزيئية. وأظهرت النتائج أن معظم السلالات كانت MRSA بنسبة ٩٢,٥٪. في حين تم تحديد ٧,٥٪ المكورات العنقودية الذهبية الحساسة للميثيسيلين (MSSA) وايضا تم الكشف عن جين *PVL*في ٣٢٪ من العينات بمافيها MRSA و MSSA. وقد أظهر التصنيف الجزيئي والتحت نوعي لعنصر *SCCmec*أن النوع السائد كان النوع الثالث (٦١,٦٪) يليه النوع الرابع الفرعي IVa و IVb و IVd و IVc على التوالي. وتجدر الإشارة إلى أنه لم تظهر أي من العزلات للنوع الأول والثاني والخامس بين السلالات الموجبة للجين *mecA*. كشفت العلاقة الوراثية بين MRSA المأخوذة من العيادات الخارجية والمرضى المنومين بواسطة تقنية RAPD عن مجموعتين رئيسيتين دون تمييز، بينما كشفت بصمات الأصابع للسلالات التي تم فحصها باستخدام الرحلان الكهربائي للهلام النبضي PFGE عن أربع مجموعات رئيسية ، تحتوي المجموعة الأولى على ثلاث مجموعات (١٦ سلالة تنتمي جميعها إلى سلالات من داخل المستشفى)، وتحتوي المجموعة الثانية على مجموعتين (١٢ سلالة)، بينما أظهرت المجموعتان الثالثة والرابعة مجموعة واحدة (٦ سلالات وخمس سلالات على التوالي) جميعها أخذت من مرضى العيادات الخارجية .

Molecular Characterization and Subtyping of Staphylococcal Cassette Chromosome *mec* Types in Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*

Yasser Abdullah Al-Hajjaj

Supervised by

Prof. Saleh Abdullah Ali Kabli **Prof. Saleh Mohammed Saleh Al-Garni**

Transmission of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) occur inside the healthcare sector as nosocomial infection through healthcare workers or between admitted patients through skin, and hands, or by using the contaminated medical devices and dialysis system. Therefore, the current study was aimed to evaluate the genetic similarity of the MRSA recovered from inpatients and outpatients who visited a different health cares located in Jeddah A total of 200 (MRSA) strains were isolated from both inpatient and outpatient of which 105 (52.4%) were males and 95 (47.6%) were female from several popular hospitals located in Jeddah, during period of March 2018 to June 2019. The MRSA strains were isolated from respiratory tract 87 (43.5%), followed by skin and wound 66 (33.5%), urine 15 (7.3%), eye swab 11 (5.4%), blood 9 (4.7%), ear 5 (2.2%) and other tissues 7 (3.4%) respectively. Characterizations of the recovered strains had been carried out using both conventional and molecular methods. The results showed the most strains were identified as S. aureus and 92.5%. were detected as MRSA, while 7.5% were identified MSSA. *PVL* gene was detected in 32% of the samples including MRSA and MSSA. The typing and subtyping of *SCCmec* element revealed that the predominant type was type III (61.6%) followed by subtype IVa, IVb, IVd, and IVc respectively. Noteworthy, none of the isolates are showed type I, II and V among the *mecA* gene positive strains. The genetic relatedness among MRSA recovered from outpatients and inpatients clinics by RAPD-PCR revealed two main clusters without differentiation without differentiation between the outpatient and the inpatient strains. Fingerprinting of the examined strains with pulsed field gel electrophoresis revealed four major clusters, the first cluster contains three groups (16 strains all of them belonging to hospital acquired strains), these strains were isolated from patients suffered from respiratory and soft tissue infection and its of value to said that some of such strains were identical to each other with similarity index up to 100% indicating the same strain harbored in such hospitals. The second clusters contain two groups (12strains) also all of them recovered from in patients suffering from respiratory, soft tissue infections and urinary tract infections some of such strains also showed identical chromosomal patterns. Both the third and fourth clusters showed one group (6 strains and five strains respectively,) all of them recovered from outpatient's clinics.