الكشف عن بعض أنواع البكتيريا المقاومة للمضادات الحيوية وبعض الجينات المسئولة عن تلك المقاومة

إعداد

مدى صائل فواز الحارثي

قدمت هذه الرسالة استكمالا لمتطلبات درجة الماجستير في العلوم قسم علم الوراثة والتقنية الحيوية

إشراف

أ.د صباح محمود محمد حسن

د. عبدالقادر محمد شيخ عمر

قسم علم الوراثة والتقنية الحيوية-كلية العلوم

جامعة الملك عبدالعزيز

جدة- المملكة العربية السعودية

١٤٣٨هـ - ٢٠١٧

المستخلص

تعتبر البكتريا السبب الرئيسي للأمراض المعدية عبر التاريخ البشري. كان من المعتقد أن تختفي تلك المشكلة مع تناول المضادات الحيوية. في حين أنه اتضح أن الإفراط في استخدام المضادات الحيوية يؤدي إلى تطوير آليات جديدة للمقاومة للمضادات الحيوية في البكتيريا. وقد تحولت ظاهرة المقاومة للمضادات الحيوية أخطر مشكلة تهدد صحتنا، حيث أصبحت الإصابة من البكتيريا المقاومة شائعة جدا الآن، وقد تطورت بعض أنواع البكتيريا المسببة للأمراض وأصبحت مقاومة لأنواع متعددة من المضادات الحيوية. ولهذا استهدفت الدراسة الحالية دراسة مدى انتشار تلك الظاهرة.تم أُجراء اختبار الحساسية للمضادات الحيوية على سبعة سلالات بكتيرية موجبة جرام: *Bacillus cereus, Enterococcus faecalis Micrococcus luteus, Staphylococcus aureus, Staphylococcus capitis, Staphylococcus haemolyticus* and *Staphylococcus saprophyticus*. وستة سلالات بكتيرية سالبة جرام: *Klebsiella pneumoniae, Pseudomonas aeruginosa, Escherichia coli, Escherichia coli normal, Salmonella typhi, Shigella sonnei*، باستخدام ستة عشر نوعاً مختلفاً من المضادات الحيوية. أظهرت جميع السلالات البكتيرية المستخدمة في الدراسة الحالية تقريباً زيادة في عدد المضادات الحيوية المقاومة لها بالإضافة إلى مستويات عالية من المقاومة للمضادات الحيوية مقارنة بمقاومتها التي أظهرتها الدراسات السابقة، حيث أصبحت سلالات متعددة المقاومة للأدوية وبالتالي يطلق عليها اسم الجرثومة الخارقة. أثبت التحليل الوراثى الجزيئى باستخدام تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) وجود بعض جينات المقاومة للمضادات الحيوية مثل *ampR, blashv-12, penA1, penA2,*

ampC1, *ampC2*, *aac4A-cr*, *vanR* على البلازميدات أو الكروموسومات البكتيرية أو على الإثنين.

Detection of some Antibiotic-Resistant Bacterial Species and some of their Resistance Genes

By

Mada Sail Fawaz Al-Harthi

A thesis submitted for the requirements of the degree of Master of Science

[Department of Genetics and Biotechnology]

Supervised By

Prof. Dr. Sabah Mahmoud Mohamed Hassan

Dr. Abdulqader Mohamed Shaikh Omar

FACULTY OF SCIENCE
KING ABDULAZIZ UNIVERSITY
JEDDAH – SAUDI ARABIA
1438 H - 2017G

Abstract

Bacteria were the leading causes of the infectious diseases through the human history. This problem was expected to disappear by using antibiotics. The disproportionate use of antibiotics leads to the development of antibiotic resistance mechanisms in bacteria. Antibiotic resistance turn out to be one of our most serious health threats. Some pathogenic bacteria developed resistance to multiple classes of antibiotics. Therefore, the current study aimed to study the prevalence of this phenomenon. Disk-diffusion susceptibility test was carried out on seven Gram-positive (*Bacillus cereus, Enterococcus faecalis, Micrococcus luteus, Staphylococcus aureus, Staphylococcus capitis, Staphylococcus haemolyticus* and *Staphylococcus saprophyticus* and five Gram-negative (*Klebsiella pneumoniae, Pseudomonas aeruginosa, Escherichia coli*, *Escherichia coli normal, Salmonella* Typhi and *Shigella sonnei)* species using 16 different antibiotics. Almost all bacterial strains used in the current study employed increased resistance to more antibiotics, in addition to high levels of antibiotic resistance compared to their previously mentioned resistance reports. They become multidrug resistant (MDR) strains, thus, they are referred to as "superbugs". Molecular genetic analysis using Polymerase chain reaction (PCR) confirmed the presence of some of the tested antibiotic resistance genes, such as

ampR, *blashv-12*, *penA1*, *penA2*, *ampC1*, *ampC2*, *aac4A-cr*, and *vanR* on plasmids, bacterial chromosomes or on both.