

التشخيص الجزيئي لجرثومة *Yersinia enterocolitica* ذات السمية المعويه والمعزولة من الحليب الخام والاجبان في البصرة، جنوب العراق

ملخص الرسالة أو الأطروحة

الخلاصة

تم جمع 300 عينة من الاسواق في محافظة البصرة من شهر تشرين الاول 2017 الى شهر شباط 2018 تضمنت العينات 150 عينة حليب (50 كل من حليب بقر و جاموس و غنم) و 150 عينة اجبان كل من (جبين بقر و جاموس و غنم). نقلت هذه العينات الى وسط تريبتون سويابروث و فوسفيت بفر سلاين لتنشيط البكتيريا بشكل عادي وتنشيطها بالتبريد ايضا. أخذت مسحة من وسط التنشيط وزرعت بالتخطيط على وسط انتقائي لليرسينيا *Yersinia selective agar* اظهر التنشيط بوسط تريبتون سويابروث نسب عالية من عزلات *Y. enterocolitica* المتوقعة. 12 عزلة من حليب البقر كانت النسبة (24%)، 11 عزلة من حليب الجاموس (22%) و 6 عزلات من حليب الغنم (12%)، 11 عزلة من جبين البقر (22%)، 10 عزلات من جبين الجاموس (20%) و 8 عزلات من جبين الغنم (12%)، في المقابل كان التنشيط بالفوسفيت بفر سلاين انتقائيه افضل للبكتيريا وذلك عن طريق تقليل اعداد عزلات المتوقع انها *Y. enterocolitica*. والنتائج تشير ان هنالك 7 عزلات من حليب البقر (14%)، 4 عزلات من حليب الجاموس (8%)، عزله واحده من حليب الغنم (2%)، 8 عزلات من جبين البقر (22%)، 9 عزلات من جبين الجاموس (20%) و 7 عزلات من جبين الغنم (16%). لقد كانت المستعمرات المتوقعة تنمو على الوسط الانتقائي وتمتلك مظهر شبيه بعين الثور (bull's eye appearance) اجري عليها اختبارات بايوكيميائية مثل اختبار الكتلينز، اختبار الاوكسيديز، اختبار الحركة، واختبار كليكليز ايرون اكار، واختبار اندول و اظهرت هذه الاختبارات نتائج متطابقة ل *Y. enterocolitica*. اظهرت نتائج الحليب ان البقر و الجاموس ملوث بجرثومة *Y. enterocolitica* بنسبه 8% يتبعها حليب الغنم بنسبه 4%. و اظهرت نتائج عينات الجبن ان البقر و الجاموس ملوثه بالبكتيريا بنسبه 8% و 7% على التوالي و الغنم مصاب بنسبه 4%. كانت النسبة الكلية لعزل هذه البكتريا من جميع الحيوانات (الغنم و البقر و الجاموس) كانت بنسبه 6.33%. فحصت الحساسيه الدوائية خمس عشرة عزله من مختلف المصادر باستخدام 10 اقراص مضادات حيويه. وكانت اكثر حساسيه دوائية كانت للمضاد الحيوي الستريبتومايسين و الازيثرومايسين و الجينتاماميسين وكانت النسبه 100% لكل منها يتبعها السايبرين و فلووكسين و الكلورومفيليكول 93.3% لكل منها. كانت اقل حساسيه وجدت باتجاه فايكوماميسين 6.66% يتبعها الكلوكسلين 33.3%. لقد تم اختبار تفاعل سلسلة البوليميريز (PCR) لكل العزلات بواسطة استخدام 16s rDNA اشارت النتائج ال (PCR) على ان كل العزلات تحمل الجين وكانت بحجم 1500bp. اختبرت ثلاث عزلات عشوائياً لغرض فحص تتابع القواعد دنا (DNA sequance) اظهرت هذه العزلات تشابه 100% مع عزلات موصوفة في بنك الجينات. وتم عمل محاذات تتابع القواعد النتروجينية لهذه العزلات الثلاث (DB30, DB34, DB37) مع تتابع عزلتين في البنك الجيني تحت الرقمين JX855135.1, JX424036.1 و اظهرت النتائج بوجود تغير واحد في نتائج القواعد في موقع 764 كذلك تم رسم الشجرة التطورية للعزلات المحلية لليرسينيا القولنية مع عزلات مسجله سابقاً وكانت عزلاتنا اقرب الى عزلات مسجله في الصين. و اظهرت نتيجة ال PCR لجينات الضراوه للجرثومة تحتوي على (inv) جين الاختراق، جيني الالتصاق (yadA) و (ail). كل سلالات الجرثومه *Y. enterocolitica* تمتلك جين ال inv بنسبه 100% بالمقابل جين (ail) كانت سلاله واحده بنسبه 5.2% و ال yadA بنسبه 26.3%. اما جينات انتيرو توكسين فكانت نسبة تواجدها 21% لجين YstA و 0% لجين YstA.

College: Colleg of Veterinar

Dep.: Microbiology

Certificatte: master

Titel of Thesis

Name of Student: duaa Merdan KHalad

Name of Supervisor: basil A. abas

Specialization: Microbiology

Molecular Identification of Enterotoxigenic *Yersinia enterocolitica* Isolated from Raw Milk and Cheese in Basrah, South of Iraq

Abstract of Thesis

Summary

Three hundred samples were collected from several markets in Basrah province between October 2017 to February 2018. Sample included one hundred fifty milk sample 50 from each cow, buffalo and sheep and 150 total cheese sample 50 from each cow, buffalo and sheep. The sample transferred to TSB (Tryptone soya broth) and PBS (Phosphate buffer saline) for enrichment and cooled enrichment respectively. A loopful of culture was streaked on *Yersinia* Selective agar (YSA) plates. TSB enrichment showed high percentage of suspected *Yersinia* isolation. Twelve isolates from cow milk (24%), 11 isolates from buffaloes milk (22%), 6 isolates from sheep milk (12%), 11 isolates from cow cheese (22%), 10 isolates from buffaloes cheese (20%) and 8 isolates from sheep cheese (12%). In contrast PBS enrichment showed better selectivity to reduce bacterial number other than suspected *Yersinia enterocolitica* isolates. The results indicate that there were seven isolates from cow milk (14%), 4 isolates from buffaloes milk (8%), 1 isolate from sheep milk (2%), 8 isolates from cow cheese (22%), 9 isolates from buffaloes cheese (20%) and 7 isolate from sheep cheese (16%). The suspected colonies that grow on selective agar having bull eye appearance were subjected to biochemical identification (catalase test, oxidase test, motility test, Kligler Iron Agar test, indole test). The results of milk showed that cows and buffaloes milk contaminated with *Y. enterocolitica* at the percentage of 8% followed by sheep milk at the percentage of 4%. The results of cheese samples showed that cow's and buffaloes cheese were contaminated with this bacterium at the percentage of 8% and 6% respectively. Sheep cheese was contaminated with *Yersinia enterocolitica* at the percentage of 4%. The results of total animal samples showed that cow and buffaloes were contaminated with this bacterium at the percentage of 8% and 7% respectively. Sheep were contaminated with *Yersinia enterocolitica* at the percentage of 4%. The total percentage of isolation of this bacterium from all animals was 6.33%. Fifteen isolates from different source in current study were examined for their susceptibility to 10 antibiotics. The high susceptibility was found toward streptomycin, azithromycin and Gentamycin, 100% for each, followed by Ciprofloxacin and Chloramphenicol, 93.3% for each. The low susceptibility was found toward vancomycin (6.66%) followed by Cloxacillin (33.3%). All strains were subjected to PCR analysis using 16S rDNA. The PCR result indicated in all strains with a band size 1500 bp. Three strains of *Yersinia enterocolitica* above were selected randomly for DNA sequencing which showed a 100% homology with that registered in GenBank. The results of Multiple sequence alignment of three strains of present study (DB30, DB34 and DB37) with two sequences of GenBank (JX855135.1 and JX424036.1) showed that there is a one change between the sequences at the locus 764. The phylogenic neighboring tree of local isolate of *Yersinia enterocolitica* with previously registered isolates of *Yersinia enterocolitica* are closely related to that one of china. The result of polymerase chain reaction (PCR) for virulence genes was conducted including invasion (*inv*) gene, *Yersinia* adhesion A (*yadA*) and attachment invasion locus (*ail*) and enterotoxin genes *YstA* and *YstB*. All *Yersinia enterocolitica* strains having *inv* gene at the percentage of 100%. In contrast *ail* gene was found in one strain only at the percentage 5.2% while *yad* gene appears in 26.3% of the investigated strains. Enterotoxin genes present in strain at the percentage 21% for *YstA* and 0% for *YstA* gene.