استمارة مستخلصات رسائل واطاريح الماجستير والدكتوراه في جامعة البصرة

الكلية: الطب البيطري **اسم الطالب: ونام عبد علي عبود**

القسم: احياء المجهريه **اسم المشرف: أ.د. بسام ياسين خضير**

التخصص: احياء المجهريه **الشهادة: الماجستير**

عنوان الرسالة أو الأطروحة

الكشف الجزيئي للجينات المقاومة للفانكومايسين والميثيسيلين في المكورات العنقودية الذهبية في البصرة , جنوب العراق

ملخص الرسالة او الاطروحة

الخلاصة

خلال الفترة تشرين الاول 2017 الى اذار 2018 . جمعت 245 عينة من مصادر مختلفة وقسمت العينات حسب مصادر جمعها الى 4 مجاميع كانت من (حليب البقر، حليب الجاموس، جبن البقر، وجبن الجاموس) جمعت من مناطق مختلفة من محافظة البصرة، و4 مجاميع جمعت من الانسان من مستشفى الموانئ في محافظة البصرة وكانت كما يلي (مسحات انف العاملين في المستشفى، مسحات البلعوم من مرضى الجهاز التنفسي، وعينات من الادرارمن المرضى الذين يعانون من التهابات المجاري البولية ومسحات من الجروح) للتحري عن المكورات العنقودية الذهبية وقد تم الحصول على 100 (40.81%) عزلة بكتيرية كانت مقسمة كالاتي 32/24 (75%) من مسحات البلعوم و 10/3 (30%) من الجروح 38/10 (26.32%) من عينات الادرار و 30/9 (23.33%) من مسحات الانف 32، بينما كانت 30/15 (50%) من جبن الجاموس و 37/15 (40.54%) حليب الجاموس و 38/14 (36.8%) حليب البقر و30/10 (33.33%) من جبن البقر. اختبرت حساسية 14 نوع من المضادات الحيوية تجاه 50 عزلة من المكورات العنقودية الذهبية حيث اظهرت المقاومة بنسبة 100% تجاه كلا من الامبسيلين والمثسيلين والاوكساسيلين والاموكسيسيلين كما ظهرت المقاومة بنسبة 30% تجاه التيكوبلانين و 26 % تجاه الارثرومايسين و 22 % تجاه الكانمايسين و 20% تجاه الفانكومايسين و 8% تجله كل من الكلورومفينيكول والجينتامايسين، بينما كانت عزلات المكورات العنقودية الذهبية حساسة بنسبة 100% تجاه كل من الكلندامايسين والتتراسايكلين و اللينيزولد. اختبرت 30 عزلة من المكورات العنقودية الذهبية تجاه المضاد الحيوي الفانكومايسين باختبار التركيز المثبط الادنى، 5 عزلات اظهرت مقاومة و 3 من هذه العزلات ظهرت بتركيز 512 mg/l. تم اختبار 100 عزلة اتجاه الجين 16S rRNA بتقنية تفاعل السلسلة المتبلمرة، 54 عزلة من الحيوان بينما 46 عزلة من الانسان، اظهرت 49 عزلة من الحيوان و37 عزلة من الانسان حزم واضحة بحجم 228 قاعدة نايتروجينية تقريبا اعتبرت عزلات المكورات العنقودية الذهبية. بينما 22 و24 عزلة من الحيوان والانسان على التوالي اظهرت حزم واضحة بحجم 310 قاعدة نايتروجينية اعتبرت عزلات مقامة للمثيسلين بواسطة الجين *mecA*. ثلاث عزلات من الانسان ابدت حزم واضحة بحجم 314 قاعدة نايتروجينية اعتبرت عزلات مكورات العنقودية الذهبية مقاومة للفانكومايسين بواسطة الجين *vanA* . عزلتين منهم كانت تحمل كل من الجينين *mecA* و *vanA* معا، هذه العزلتين كانت من القشع والانف. ارسلت ثلاث عينات اختيرت عشوائيا من المكورات العنقودية الذهبية من جين 16S rRNA للكشف عن تتابعات الجينات وتم تحليل النتائج وكانت مطابقة مع العزلات المسجلة في بنك الجينات وبارقام انضمام (LN929743.1)، (MK503460.1) و (LC462148.1). بينما ارسلت ستة عزلات من *mecA* حيث اظهرت تطابق مع العزلات المسجلة في بنك الجينات وبارقام انضمام (EF596937.1)، (EU790490.1)، (KY856919.1)، (KC243783.1)، (HQ686324.1) و(GU301104.1). تم دراسة محاذاة التسلسل المتعدد بين العزلات المحلية واظهرت وجود طفرات مختلفة ومتعددة. وصممت الشجرة الوراثية للعزلات المحلية للمكورات العنقودية الذهبية وبعض العزلات المسجلة في بنك الجينات حيث قسمت العزلات الى مجاميع نستنتج من ذلك ان معظم العزلات المحلية قد تكون سلالات جديدة

College: Colleg of Veterinar **Name of Student: Weam Abd Ali Aboud**

Dep.:Microbiology **Name of Supervisor: Bassam Yasein Khudaier**

Certificatte: master **Specialization: Microbiology**

Tital of Thesis

Molecular Detection of Vancomycin and Methihicillin-Resistant Gene in Staphylococcus aureus in Basrah, Southern Iraq

Abstract of Thesis

Summary

During the period (October 2017-March 2018), about of 245 tested samples (animal: cow's milk, buffalo's milk, cow's cheese, buffalo's cheese, human: nasal swab, sputum swap, wound swap and urine) were collected from different regions in Basrah province. 100 (40.81%) were found to be infected with *S. aureus*. The highest rate of *S. aureus* isolates was observed in human, sputum swab 24/32 (75%), wound 3/10 (30%), urine 10/38 (26.32%), nasal swab 9/30 (23.33%), and in animal, buffalo's cheese 15/30 (50%), buffalo's milk 15/37 (40.54%), cow's milk 14/38 (36.8%), and cow's cheese 10/30 (33.33%) of *S. aureus*. Antibiotic susceptibility test of 14 different antibiotics was done by disc diffusion method against 50 *S. aureus*. Ampicillin, Methicillin and Oxacillin, Amoxillin (100% resistant), Teicoplanin (30% resistant), Erythromycin (26% resistant), Kanamycin (22% resistant), Vancomycin (20% resistant), Chloramphenicol and Gentamycin (8% resistant) for each, while, Clindamycin, Tetracycline, Linezolid (100% sensitive) for each. 30 isolates were subjected for Minimum Inhibitory Concentration (MIC) towards vancomycin, fife isolates were VRSA, 3 of them were with concentration of 512 mg/l. 100 samples were tested for *16s rRNA* by PCR, 54 from different animal sources and 46 from humans. 49 animals and 37 human samples were demonstrated distinct bands with approximately 228bp corresponding for *S. aureus* species, while 22 and 24 isolates from animals and human respectively were demonstrated distinct bands with approximately 310bp corresponding Methicillin-Resistant *S. aureus* (MRSA) by *mecA* gene. Three isolates from human were demonstrated distinct bands with approximately 314bp corresponding Vancomycin-Resistant *S. aureus* (VRSA) by *vanA* gene. Two isolates from human samples were carried *mecA* and *vanA* genes together, these isolates were from sputum and nose, while no isolate from animal samples was harbored *vanA* gene. Three samples that were randomly selected from 16s rRNA gene for sequencing were identified with GeneBank accession number (LN929743), (MK503460) and (LC462148), while 6 samples from *mecA* gene were corresponding for methicillin resistance with those recorded in GeneBank in accession number (EF596937.1), (EU790490), (KY856919), (KC243783.1), (HQ686324.1) and (GU301104.1). Multiple Sequence alignment between the isolates showed that presence of several mutations in different types. Phylogenetic tree were separated the isolates into groups which concluded that the isolates could be mostly new strains.