التنوع الجيني لبكتيريا الزائفه الزنجاريه المنتجه لإنزيمات الكاربابينيميز و المعزوله من مستشفيات مكه المكرمه , المملكه العربيه السعوديه

المستخلص

المقدمة: بشكل سنوي يقوم أكثر من ٦ ملايين زائر من أكثر من ١٤٠ دوله بزيارة المشاعر المقدسة في مكة المكرمة في المنطقة الغربية من المملكة العربية السعودية وذلك لأداء مناسك الحج والعمرة، وهذا العدد الهائل من الزوار يساهم في إنتشار العديد من البكتيريا متعددة المقاومة للمضادات الحيوية وكذلك انتشار سلالتها في مكة وفي كل المنطقة الغربية. لا يوجد اي برامج مراقبه او اي قواعد معلومات عن الخصائص الوبائية والسلالية للعديد من تلك البكتيريا ومن ضمنها بكتيريا الزائفه الزنجاريه المقاومة للكاربابينيمات في المنطقة الغربية.

أهداف الدراسة: الغرض من هذه الدراسة هو دراسة التنوع الجيني وأكثر السلالات شيوعاً لبكتيريا الزائفه الزنجاريه المقاومة للكاربابينيمات في مستشفيات مكه.

الطرق المستخدمه : تم جمع ٥٠ عينه من بكتيريا الزائفة الزنجاريه التي اظهرت مقاومة للكاربابينيمات من مستشفى مدينه الملك عبد الله الطبية في مكة المكرمة. استخدمت تقنيه كتابه التسلسل متعدد المواضع (MLST) لتحديد ومعرفه اكثر الانماط الجينية لبكتيريا الزائفة الزنجاريه انتشاراً في مستشفيات مكة المكرمة.

النتائج: معظم المرضى الذين عزلت منهم بكتيريا الزائفه الزنجاريه كانوا من النساء (٥١,٥%) وتراوحت اعمار المرضى من ٢١ سنه الى ٨٥ سنه. معظم المرضى كانوا في وحده العنايه المركزه واغلب السلالات المعزولة كانت مصدرها عينات بلغم بعدد ٢٨ عينه. تحليل نتائج التمنيط الجزيئي باستخدام كتابه التسلسل متعدد المواضع (MLST) أظهرت ان البكتيريات المعزولة تنتمي لتكتلان سلاليان و هما التكتل السلالي (CC235) والتكتل السلالي رقم (CC253) بالإضافة الى ١٧ سلاله منفرده. وقد وجد ان أكثر نمط تسلسلي انتشارا هو (ST235) والنمط (ST654) حيث وجدوا في ٦ سلالات لكل نمط. وخلال هذه الدراسة تم تعريف حوالي ١١ نمطاً تسلسلياً جديدا ليس موجودا في قاعدة بيانات التسلسل متعدد المواضع(MLST) وربما تكون انماط جديدة.

الخاتمة والتوصيات: هذه الدراسة قدمت اول معلومات عن انتشار بكتيريا الزائفه الزنجاريه المقاومة للكاربابينيمات وكذلك أكثر أنواع سلالاتها انتشارا في مكة، ولقد اظهرت هذه الدراسة ايضا ان هناك نسبه عالية من التنوع الجيني ضمن سلالات بكتيريا الزائفه الزنجاريه وهذا المستوى من التنوع الجيني قد يعزى الى ان مكة المكرمة يزورها سنويا ملايين المسلمين من جميع انحاء العالم والذي يساهم في انتشار العديد من السلالات البكتيرية في هذه المنطقة الجغرافية من العالم. ومن معوقات هذه الدراسة قلة الدعم المادي الذي حال دون جمع عدد كبير من سلالت بكتيريا الزائفه الزنجاريه من كل مستشفيات مكة وبالتالي فإنا نتائج هذه الدراسة توصي بضرورة وجود برنامج مسحي وطني لمراقبة جميع البكتيريا متعددة المقاومة للمضادات الحيوية ومن ضمنها بكتيريا الزائفة الزنجاريه المقاومة للعديد من المضادات الحيوية في المنطقة الغربية التي تستقبل اعداد كبيرة من الحجاج والمعتمرين كل عام.

الطالبه — المشرف

بشائر الاحمدي — د.ابراهيم الزهراني

The genetic diversity of carpabenemase-producing *Pseudomonas aeruginosa* isolated from Makkah hospitals, KSA

Abstract

Background: The Islamic holy places in Makkah, the Western region of Saudi Arabia, are visited annually by more than six million Muslims from about 140 countries for Umrah and Pilgrim. This huge number of people can contribute in the spread of many bacterial pathogens and their clones in the whole Western region. There is no surveillance program or any information about the epidemiology and clonality of many bacterial pathogens including carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* (CRP) in the Western region.

Aims: The aim of this study was to identify the genetic diversity and the most common clones of CRP in Makkah hospitals.

Methods: Fifty *P. aeruginosa* isolates that were resistant to carbapenems were collected from King Abduallah Medical City hospital (KAMC), in Makkah. Multilocus sequence typing (MLST) was used to identify the most common sequence types (STs) of CRP in Makkah.

Results: Majority of CRP patients were female (51.5%) and the age of the patients ranged from 21 to 85 years old. Most of the patients were in Intensive Care Unit (ICU) and the isolates were mostly recovered from sputum (n=28). The MLST analysis showed that the isolates belonged to two clonal complexes (CC235and CC253), and 17 singletons. The most common ST identified was ST235 and ST654 with 6 isolates each. Eleven isolates showed MLST profiles which were not found in MLST database and may be assigned as new STs.

Conclusion and recommendations: This study provided the first report about the most common clones of CRP in Makkah. The high level of genetic diversity among CRP isolates could be attributed to the fact that Makkah is visited yearly by millions of Muslims which may contribute to the spread of many CRP clones in this geographical region. The limited funds have prevented the collection of more CRP isolates from all Makkah hospitals. The findings suggest that in the Western region which affected by a huge number of visitors, surveillance program should be established to monitor the clonal dissemination of all multidrug-resistant (MDR) bacteria including CRP.

Student

Bashaer Al-Ahmadi

Supervisor

Dr.Ibrahim Al-Zahrani