التوصيف الجزيئي لمقومة المضادات في أنواع إنتيروكوكاس المعزولة من المجتمع المحلي ومرضى المستشفيات

الاسم: محمد فرمان

المشرف: د. رشاد الهندى

المستخلص

التوصيف الجزيئي لجينات مقاومة المضادات الحيوية في إنتيروكوكاس فيكاليس و إنتيروكوكاس فيسيم المعزولة من مرضى مستشفى جامعة الملك عبدالعزيز محمد فرمان جنات مير تحت إشراف أ.د. رشاد رزق الهندي أ.د. عصام إبراهيم أزهر تعتبر المقاومة للمضادات الحيوية مشكلة صحية جادة والتي تتصاعد سريعا في جميع أنواع الكائنات الدقيقة بين أفراد المجتمع ومرضى المستشفى في أنحاء العالم بما في ذلك المملكة العربية السعودية. ويحتمل أن تقيد فعالية عديد من الأدوية المضادة للبكتيريا المستخدمة على نطاق واسع. ومن أكثر البكتريا مقاومة للعديد من الأدوية هي البكتيريا الموجبة لجرام المقاومة للميثيسيلين (ستافيلوكوكاس أوريوس). وبالرغم من ذلك ، فإن مقاومة الميكروبات للمضادات الحيوية بين مجموعات أخرى من البكتيريا ، بما في ذلك أنواع إنتيروكوكاس تزداد و تؤدي الى مشاكل علاجية كبيرة في نظام الرعاية الصحية في المملكة العربية السعودية. ولتحقيق فهم أفضل، فمن الضروري إجراء مسح جزيئي لمقاومة الميكروبات للمضادات الحيوية للكشف عن المقاومة الناشئة ودعم إدارة العدوى في المستشفيات. تم في هذه الدراسة إنشاء برنامج لعلم الأوبئة الجزيئي لرصد اتجاهات مقاومة المضادات الحيوية في المكورات المعوية. تم زراعة السلالات المستهدفة من عينات سريرية تم الحصول عليها من مستشفى جامعة الملك عبد العزيز .تم تعريف العزلات بواسطة جهاز MALDI-TOF عالي الإنتاجية باستخدام نظام .VITEK-MS تم التنميط الجيني لعزلات إنتيروكوكاس باستخدام PFGE في جهاز CHEFDR II. تم استخلاص الحمض النووي الجينومي من عزلات E. faecalis باستخدام أطقم عزل ال DNA، تم إعداد المكتبات الجينومية باستخدام أطقم إعداد المكتبة Nextera XT DNA وتم عمل التسلسل باستخدام V3، 2 × 300 bp chemistry على منصة MiSeq (Illumina). تم بإستخدام البريمرات تضخيم الجينات المسؤولة عن AMR للفانكومايسين ، أمينوغليكوزيد ، وكوينولونات من عزلات إنتيروكوكاس المقاومة للمضادات الحيوية. تم تعريف الجينات المقاومة للمضادات الحيوية باستخدام ResFinder3.1 و ARG-ANNOT و قاعدة بيانات مقاومة المضادات الحيوية الشاملة. تم استخدام تحليل MLST.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF ENTEROCOCCUS SPP. ISOLATED FROM THE LOCAL COMMUNITY AND HOSPITAL PATIENTS

Name: Mohammed Farman
Supervised by : Dr. Rashad Al Hindi

Abstract

Molecular characterization of antibiotics resistance genes of E. faecalis and E. faecium isolated from King Abdulaziz University hospital patients MUHAMMAD FARMAN JANNAT MIR Supervisors: Dr. Rashad Rizq Al-Hindi Dr. Esam I. Azhar Antimicrobial resistance is a serious health problem that is rapidly escalating in all kinds of microorganisms among community and hospitalized patients across the world including Saudi Arabia. It potentially confines the effectiveness of many widely used antibacterial drugs. The most widespread multidrug-resistant bacteria are the Gram- positive methicillin resistant Staphylococcus aureus (MRSA). However, antimicrobial resistance among other groups of bacteria, including Enterococcus spp. is growing and pose significant treatment problems in the health care system of Saudi Arabia. Study of molecular surveillance for antimicrobial resistance is necessary to detect emerging resistances and to support management of infections in hospitals. In this study, a molecular epidemiology program was established to monitor the trends of antibiotic resistance in Enterococcus spp. The target strains were cultured from clinical specimens obtained from large tertiary-care hospital of King Abdulaziz University hospital (KAUH). Isolates were identified by high-throughput MALDI-TOF using a VITEK- MS (bioMérieux, France)

system and genotyping of the enterococcal isolates was performed using PFGE in a CHEFDR II apparatus (Bio-Rad, USA). Genomic DNA was extracted from E. faecalis isolates using 130 UltraClean® Microbial DNA isolation kit (MO BIO Laboratories, Inc. USA). Genomic libraries were prepared using Nextera XT DNA library preparation kit (Illumina, Inc. USA) and sequencing was performed using V3, 2×300 bp chemistry on a MiSeq platform (Illumina, Inc., USA). Genes responsible for AMR to vancomycin, aminoglycoside, and quinolones were amplified from the phenotypically resistant enterococcal isolates using primers. ARGs were identified using ResF