مراقبة جراثيم أمعاء الأسماك في المنطقة الملوثة في البحر الأحمر

إعداد الطالب

سالم بن محمد الزهراني

بحث مقدم لنيل درجة الماجستير في العلوم (الكيمياء الحيوية)

إشراف

د. عثمان أبوبكر باعثمان

أ.د.ابوبكر محمود جمعة

كلية العلوم

قسم الكيمياء الحيوية

جامعة الملك عبدالعزيز

جده – المملكة العربية السعودية

رمضان ١٤٤٠ - مايو ٢٠١٩ م

المستخلص

تشكل تريليونات من البكتيريا علاقة تكافلية مع الجهاز الهضمي للثدييات، وكذلك في الحيوانات البحرية والحيوانية حيث تلعب دوراً رئيسياً في الصحة والمرض. هذه البكتيريا المعروفة باسم "الميكروبيوتا"، وظيفتها ليس فقط للمساعدة في الهضم، ولكن أيضا لإنتاج أنواع معينة من الفيتامينات و لتدمير السموم والتأثير على الجهاز المناعي للمضيف. هذه الوظائف يمكن أن تتأثر بالمضيف وعوامل غير المضيف مثل الإجهاد. تهدف هذه الدراسة إلى تقييم التحليل الميتاجينومي القائم على تسلسل الحمض النووي للمجتمعات الميكروبية المرتبطة بالإجهاد التأكسدي في الأسماك التي تم الحصول عليها من المناطق الملوثة مقابل المناطق النظيفة من ساحل البحر الأحمر في مدينة جدة بالمملكة العربية السعودية وربط ذلك التباين في التنوع الميكروبي بالأنشطة الأنزيمية المضادة للأكسدة مقارنة للإشارة عينات مجهولة. تم التعرف وتحديد الميكروبات في القناة الهضمية للاسماك المختارة، حيث أظهرت النتائج أنه في حين تم تخفيض مستويات انزيمات مضادات الاكسدة ديسموتاز سوبروكسيدي والكاتالاز في المناطق الملوثة؛ لوحظ ارتفاع كبير في تلك الانزيمات في المنطقة النظيفة اضافة الى التنوع والثراء البكتيري مقارنةً بالمنطقة النظيفة. كذلك كشف التحليل الميتاجينومي عن الأجناس السائدة التي ترتبط باظروف الإجهاد التأكسدي، ونتيجة لذلك، تم الحصول على على اكثر من اربعائة الف تسلسلًا للعشرين عينة من الاسماك تم تحديدها في عشرة أنواع وتسعة وسبعون جنساً حيث كانت شعبة بكتيريا *فيرميكيوتس* هي السائدة في كلا المنطقتين وبلغ عدد الوحدات التصنيفية التشغيلية لذوي الاصناف المتشابهة ٢٢١ وحدة لكل من العينات النظيفة والملوثة. وكشفت النتائج أن ميكروبات الأمعاء تأثرت بحالة الإجهاد التأكسدي مما أدى إلى حدوث تحول في الإجهاد التأكسدي من أجل القدرة على البقاء في الظروف القاسية. تحت ظروف الإجهاد البيئي، يُعتبر جنس المكورات المهبلية اللبنية المهيمنة على الملبنة اللبنية المغايرة. هذا ما يفسر ظاهرة التخمر المتجانس للبكتريا *فاكوكوكس* التي تنتج كمية من حمض اللبن والطاقة من الجلوكوز أكبر من التخمر غير المتجانس لبكتريا *اللاكتوبسلس* من أجل التغلب على ظروف الإجهاد الناجم عن التلوث.

Monitoring of gut microbiota of fish in polluted area in Jeddah coast

By

Salem Mohammed AL Zahrani

A thesis submitted in partial fulfillment of the requirements for the degree of Master of Science in Biochemistry

Supervised By

Dr. Othman A. Baothman
Assistant professor of Biochemistry, Faculty of Science
King Abdulaziz University

Prof. Abu-Bakr M. Gomaa
Professor of Biochemistry, Faculty of Science
King Abdulaziz University

FACULTY OF SCIENCE
BIOCHEMISTRY DEPARTMENT
KING ABDULAZIZ UNIVERSITY
JEDDAH-SAUDI ARABIA
Ramadan 1440H- May 2019G

Abstract

Trillions of bacteria form a symbiotic relationship with the digestive system of mammals, as well as in marine and aquatic animals, play a major role in health and disease. These bacteria are known as" gut microbiota," their function not only to aid in digestion but also to produce certain types of vitamins to destroy toxins and to affect the immune system of the host. These functions could be affected by the host and non-host factors such as stress. The present study aimed to assess Next Generation Sequencing-based metagenomic analysis of microbial communities associated with oxidative stress in fish obtained from polluted (PO) versus unpolluted reference (CR) areas from the Red Sea coastal of Jeddah city in Saudi Arabia. Oxidative stress biomarkers were investigated, and gut microbiota was identified. The results showed that while superoxide dismutase (SOD) and catalase (CAT) levels were reduced in the PO site; significant elevation ($P < 0.05$) were observed at CR site. The decline in the relative abundance of specific dominant genera was observed between PO and CR sites. Diversity and bacterial richness had been observed in the PO site compared to the CR site. Metagenomic analysis revealed dominant genera, which were correlated with stress conditions. As a result, 429,346 sequences respectively for PO and CR were obtained from 20 samples identified into ten phyla and 79 genera in which *Firmicutes* was dominant in both PO and CR sites. The number of common OTUs (operational taxonomic units) was 221 for both CR and PO samples. The results revealed that gut microbiota was influenced by stress condition leading to shifting in oxidative stress for the survival ability in extreme conditions. Under the stressed environmental condition, homo-lactic *Vagococcus* genus is dominant over the hetero-lactic *Lactobacillus genus.* This explains the homofermentation phenomenon of the *Vagococcus* sp., which produces more lactic acid and energy from glucose than heterofermentation of the *Lactobacillus* sp. to overcome pollution-induced stress conditions.