التعرف على تنوع ميكروبات جلد الإنسان في منطقة مكة المكرمة

إعداد

حنان حميد القطان

بإشراف

أ.د. رشاد رزق الهندي

المستخلص

تم دراسة تنوع ميكروبيوم الجلد لأفراد ذكور وإناث سعوديين أصحاء مقيمين في محافظة جدة، منطقة مكة المكرمة، المملكة العربية السعودية. شملت الدراسة تحليل الحمض النووي الريبوزي 16S rRNA لميكروبيوم باطن الكوع للذراع الأيمن، بعد صدور الموافقة الأخلاقية واعتماد نموذج الموافقة المستنيرة من قبل الأفراد المشاركين. تم تنقية الحمض النووي DNA البكتيري لمسحات العينات وتم تضخيم مناطق V3-V4 من 16S rRNA. تم بعد ذلك إرسال ناتج هذه العينات إلى معهد بكين للجينوم بالصين لعمل التسلسل العميق لها وتحليل الميكروبيوم. أشار تحليل المعلوماتية الحيوية إلى أن متوسط طول التسلسل لكل قراءة 296 bp مخصصة إلى مجموعة ٢٨ وحدة تصنيفية تشغيلية (OTUs) عبر العينات. أظهرت مؤشرات شانون وسيمبسون من تنوع ألفا إلى عدم وجود فروق معنوية في ميكروبيوم جلد الأفراد السليمين، ذكورا أو إناثا. وأشار تحليل الإحداثيات الرئيسي (PCoA) إلى إنفصال تنوع ميكروبيوم الجلد في الذكور والإناث. وأشارت قياسات rarefaction إلى أن الحد الأقصى لعدد التتابعات الممكن استخدامها للتحاليل هو 73,000 قراءة. أظهرت شجرة القرابة وجود أربع شعب، *Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria*. وأشارت نتائج الوفرة النسبية إلى أنه عند مستوى الشعبة، ظهر أن Firmicutes كانت الأعلى في الوفرة، في حين Bacteroidetes كانت الأقل. وعند مستوى الجنس، كان *Staphylococcus* الأعلى في الوفرة، في حين *Enterococcus* كان الأقل. أما عند مستوى النوع، كانت *Bacillus cereus* الأعلى في الوفرة، في حين *Roseomonas mucosa* كانت الأقل. وأشارت تحليلات الوفرة العالية من الـ OTUs إلى وجود فرق كبير بين الذكور والإناث سواء على مستوى الأجناس أو الأنواع، منها *Staphylococcus* (spp.1 & spp.2) و *Erwinia* spp.1 و *Pseudomonas* spp.1 و *Sphingomonas* spp.1 و *Corynebacterium* spp.2 و *Propionibacterium acnes* و *Kocuria palustris* كانت أعلى في الذكور، بينما *Bacillus cereus* و *Bacillus* spp.1 و *Erwinia* spp.2 و *Corynebacterium* (spp.1 & spp.3) و *Micrococcus* spp.1 و *Pseudomonas* spp.2 كانت الأقل في الذكور. وفي الختام، قد تم في هذه الدراسة تسليط الضوء على ميكروبيوم جلد الأفراد السعوديين الأصحاء مع ظهور اختلافات بين الذكور والإناث.

Diversity profiling of human skin microbiome in Makkah Al-Mukarramah region

By

Hanan Hameed Alqattan

Supervised by

Prof. Dr. Rashad Rizq Al-Hindi

Abstract

The skin microbiome diversity of healthy Saudi male and female individuals resident in Jeddah, Makkah Al-Mukarramah region, Saudi Arabia was studied. The study involved analysis of 16S rRNA of the microbiome in inner elbow of the right arm after ethical approval is issued and an informed consent form is signed by participating individuals. Swab samples of bacterial DNAs were purified and the V3-V4 region of 16S rRNA was amplified. Amplicons were shipped to Beijing Genome Institute (BGI, China) for deep sequencing and microbiomes analysis. Bioinformatics analysis indicated an average sequence length per read of 296 bp assigned to a total of 28 operational taxonomic units (OTUs) across samples. Shannon and Simpson indices of alpha diversity indicated no significant differences between male and female microbiomes. Principal Coordinate Analysis (PCoA) plot indicated that the skin microbiome diversity of the two microbiomes are separated. The rarefaction measure indicated that the maximum number of sequences reads for subsequent analysis is 73,000. Phylogenetic tree indicated the existence of four phyla: Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes and Proteobacteria. The relative abundance indicated that at the phylum level, Firmicutes was shown to be the highest, while Bacteroidetes was the lowest. At the genus level, *Staphylococcus* was the highest, while *Enterococcus* was the lowest. At the species level, *Bacillus cereus* was the highest, while *Roseomonas mucosa* was the lowest. The analysis for the highly abundant OTUs indicated a dramatic difference between sexes referring to either genera or species of which *Staphylococcus* (spp.1 & spp.2), *Erwinia* spp.1, *Pseudomonas* spp.1, *Sphingomonas* spp.1, *Corynebacterium* spp.2, *Propionibacterium acnes, Kocuria palustris* are higher in males, while *Bacillus cereus*, *Bacillus* spp.1, *Erwinia* spp.2, *Corynebacterium* (spp.1 & spp.3), *Micrococcus* spp.1, *Pseudomonas* spp.2 are lower in males. In conclusion, this study shed light on microbiomes of the skin of healthy Saudi individuals with differences between males and females.