# توصيف ميكروبيوم الأمعاء المحتوي على عائلة البكتيريا المعوية المقاومةللكاربابينيم في مرضى العناية المركزة


إعداد

سارة السيد


الرسالة مقدمة كمتطلب جزئي للحصول على درجة الماجستيرفي العلوم (أحياء-وراثة)

تحت إشراف

د.نسرين طاشكندي


كلية العلوم

جامعة الملك عبد العزيز

جدة-المملكة العربية السعودية



١٤٤٤هـ٢٠٢٢م

# المستخلص

ركزت هذه الدراسة على تحليل البكتيريا الموجودة في عينات البراز المأخوذة من مصابين بعدوى عائلة البكتيريا المعوية المقاومة للكاربابينيم. كانت الفرضية العامة التي تم اختبارها هي أنه سيكون هناك تعقيد مختلف للأنواع الموجودة وبعض المؤشرات الحيوية لاستعمار الأمعاء عند تقييمها باستخدام طرق بيولوجية جزيئية غير مزرعية مقارنةً عند تقييمها بطرق التحليل الميكروبيولوجي التقليدية غير المزرعية. في الجزء الأول من هذه الدراسة، تم الحصول على ٢٠ عينة براز من مرضى وحدة العناية المركزة بمستشفى جامعة الملك عبد العزيز بجدة. و تم اجراء استخلاص الحمض النووي من عينات البراز واستخدامها كقالب في تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) المصممة لتضخيم منتجات PCR للجين 16S rRNAبين المجموعات البكتيرية . تسلسل ٢٠ من منتجات PCR المشتقة الإيجابية والسلبية للعدوى تم باستخدام Illumina MiSeq .أظهرت نتائج الدراسة أن الغزارة البكتيرية كانت متشابهة بين المجموعتين تحت استخدام المضادات الحيوية. أظهر التنميط للقراءات البكتيرية في المتوسط أربع شعب وهي *Firmicutes* و *Proteobacteria*و *Bacteroidetes*و *Actinobacteria* في المجموعتين. كانت أعضاء بكتيريا *Pseudomonadaceae*و *Enterobacteriaceae* أعلى في مجموعة المصابين بعدوى عائلة البكتيريا المعوية المقاومة للكاربابينيم، مقارنه مع نوعين *Bifidobacteriaceae*و *Sphingomonadaceae*الموجوده في مجموعة غير المصابين بعدوى عائلة البكتيريا المعوية المقاومة للكاربابينيم.

**الكلمات المفتاحية: عائلة البكتيريا المعوية المقاومة للكاربابينيم، ميكروبيوتا الأمعاء، جين 16S rRNA ،مرضى وحدة العناية المركزة ، مقاومة الاستعمار.**

# PROFILING OF GUT MICROBIOME CONTAINING CARBAPENEM-RESISTANT ENTEROBACTERIACEAE IN INTENSIVE CARE UNIT PATIENTS

**By**

**Sarah Alsayed**

**A thesis submitted for the requirements of the degree of Master of Science [Biology-Genetics]**

**Supervised by**

**Dr. Nisreen Tashkandy**

**FACULTY OF SCIENCES**

**KING ABDULAZIZ UNIVERSITY**

**JEDDAH –SAUDI ARABIA**

**1444H –2022G**

# Abstract

This study focused on the bacterial analysis in the stool samples of hospitalized patients suffering from carbapenem-resistant *Enterobacteriaceae* (CRE) infection. The overall hypothesis was to achieve a different complexity of species and certain biomarkers of gut colonization using culture-independent molecular biological approaches in comparison to conventional culture-based microbiology methods. Initially, 20 stool samples were obtained from the patients in the intensive care unit of King Abdulaziz University Hospital, Jeddah. DNA was extracted from stool samples that served as a PCR template to amplify phylogenetically informative 16S rRNA gene across the Domain Bacteria. PCR products were detected in all the studied cases. 20 CRE-positive and negative PCR products were sequenced by using Illumina MiSeq. The results demonstrated a similar bacterial richness between the two groups under antibiotic regimen. The operational taxonomic units (OTUs) reads profiling showed an average of four phyla (*Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes*, and *Actinobacteria*) in both groups. The presence of *Enterobacteriaceae* and *Pseudomonadaceae* members was higher in the CRE-positive group whereas *Bifidobacteriaceae* and *Sphingomonadaceae* were commonly detected in the CRE-negative group.



**Keywords: CRE, gut microbiota, 16s rRNA gene, ICU patients, Colonization resistance.**