

انتشار المكورات العنقودية الذهبية المقاومة للميثيسيلين بين البالغين الأصحاء في مدينة جدة، المملكة العربية السعودية

محمد سعيد عبد الغني عبده

المستخلص

المقدمة

المكورات العنقودية الذهبية المقاومة للميثيسيلين المرتبطة بالمجتمع (CA-MRSA) هي أحد مسببات الأمراض الرئيسية. وقد زادت نسبة الامراض المرتبطة بهذا النوع من البكتيريا على مستوى العالم في السنوات الأخيرة. وفي المملكة العربية السعودية، توجد دراسات قليلة جداً تعني بانتشار CA-MRSA في المجتمع.

الهدف من الدراسة

تحديد نسبة النقل الأنفي لبكتيريا CA-MRSA والانماط الجينية الخاصة بها بين الأشخاص الأصحاء في مدينة جدة باستخدام طرق التشخيص التقليدية والجزئية المختلفة.

المواد والطرق

تم جمع عينات مسحات الأنف من أفراد المجتمع الذين كانوا موجودين في مراكز التسوق المختلفة في مختلف مناطق جدة في ديسمبر ٢٠١٨. تم تعريف بكتيريا CA-MRSA باستخدام الطرق الروتينية لتعريف هذا النوع من البكتيريا مثل استخدام البيئات الانتقائية وكذلك استخدام اختبار التخثر Coagulase latex. تم عمل اختبار تأكيدي باستخدام تقنية تفاعل البوليمراز المتسلسل PCR الذي يستهدف الجينات الرئيسية بما في ذلك *coa*، *mecA* و PVL. كما تم استخدام تقنية التمييز SmaI-multiplex (SMT) لتحديد الأنماط الجينية الأكثر شيوعاً.

النتائج

تم جمع ما مجموعه ٤٨٥ مسحة من البالغين الأصحاء. من إجمالي العينات التي تم جمعها، كانت ٧,٤٪ (٤٨٥/٣٦) إيجابية لـ CA-MRSA، وكانت من ضمنها لشخصان فقط (٠,٤٪) إيجابية لجين الضراوة (PVL). بناءً على الأنماط الجينية باستخدام تقنية SMT، أظهرت تلك العزلات تنوعاً جينياً عالياً نسبياً، ومعظم العزلات أظهرت انماط SMT أكثر ارتباطاً بـ CA-MRSA كما أظهرت ٩ عزلات فقط نمط SMT مطابق للنمط البريطاني (EMRSA-15) HA-MRSA-15. أظهرت ثلاث عزلات من أحد المشاركين نمط SMT مشابه للسلاسل المعروفة المكتسبة من المجتمع (MSSA476 (CA-MSSA [MSSA476 (CA-MSSA) and MW2(CA-MRSA)]. لم تظهر ثلاث عشر عزلة أي أنماط تعريف SMT ولم تكن قابلة للتعريف باستخدام SmaI-multiplex PCR.

خاتمة

تؤكد هذه الدراسة بوضوح وجود CA-MRSA في مجتمع جدة. ومع ذلك، لا يمكن الكشف عن اسهامها بشكل مباشر كمسببات للأمراض في هذه المرحلة. ولعل عدم وجود دراسات مماثلة لمقارنة نتائج هذه الدراسة هي إحدى معوقات هذه الدراسة. وبناء عليه فان هناك حاجة ماسة الى اجراء المزيد من الدراسات لتحديد انتشار CA-MRSA في جدة وغيرها من المدن الرئيسية. وعلى حد علمنا فان هذه الدراسة هي الأولى من حيث معرفة انتشار CA-MRSA والانماط الجينية الخاصة بها في المملكة العربية السعودية.

The Prevalence of Nasal Carriage of Community-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Among Healthy Adults in Jeddah Population

Mohammed Saeed Abdoh

Abstract

Introduction

Community Associated Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (CA-MRSA) is a major problematic pathogen. The morbidity associated with this pathogen has increased globally in recent years. In Saudi Arabia, very few studies have investigated the prevalence of CA-MRSA within the community.

Aim of the study

To determine the nasal carriage of CA-MRSA among healthy people in the city of Jeddah using different molecular and phenotypic methods.

Materials and Methods

Nasal swabs of community members who were present in different malls across Jeddah were collected in December 2018. Routine laboratory protocols were used for bacterial identification. CA-MRSA was confirmed using coagulase latex agglutination test and PCR targeting key genes (including *coa*, *mecA*, and PVL). *SmaI*-multiplex typing (SMT) was also used to determine the most common genotypes.

Results

A total of 485 nasal swabs were collected from healthy adults. Out of the total collected samples, 7.4% (36/485) participants were positive for CA-MRSA, and only two of them (0.4%) were positive for Panton-Valentine leukocidin (PVL) virulence gene. Based on SMT profiles, the genetic variations among the isolates were relatively high and most of the isolates exhibited SMT profiles that are more related to CA-MRSA. Only 9 isolates showed SMT profile that is identical to UK epidemic HA-MRSA-15 (EMRSA-15) profile. Three isolates recovered from one participant showed a similar *SmaI*-profile to well-known community-acquired strains [MSSA476 (CA-MSSA) and MW2(CA-MRSA)]. Thirteen isolates did not show any *SmaI*-profiles or were not-typeable with *SmaI*-multiplex PCR.

Conclusion

This study clearly confirms the presence of CA-MRSA in Jeddah community. However, its pathogenic involvement at this stage cannot be detected. The lack of similar studies to compare this study findings might be considered as a limitation. More studies are inevitably needed to determine the common spreading clones of CA-MRSA in Jeddah as well as other major cities. To the best of our knowledge, this is the first study that focuses on CA-MRSA prevalence and genotyping in Saudi Arabia.