جامعة الموصل

كلية الطب البيطري

الكشف الجزيئي لبعض جينات السموم المعوية في جراثيم المكورات العنقودية الذهبية المعزولة من الحيوانات المذبوحة في مسالخ مدينة الموصل

رنا ميسر داؤد سليمان

رسالة ماجستير

الطب البيطري / الصحة العامة البيطريَّة

بإشراف

الأستاذ الدكتور

رعد عبد الغني السنجري

محرم/ 1447 هـ

تموز/ 2025 م

الخلاصة

تسبب الجراثيم الممرضة المنقولة بالغذاء عدة مشاكل صحية عالمية وخاصةً جراثيم المكورات العنقودية الذهبية (*Staphylococcus aureus*) ، التي تعد من أهم مسببات الأمراض المنقولة بالغذاء. هدفت الدراسة الى عزل هذه الجراثيم من لحوم الحيوانات المختلفة (الابقار والاغنام والماعز)، ودراسة خصائصها الظاهرية والوراثية من لحوم الحيوانات المذبوحة في مسالخ مدينة الموصل خلال الفترة من 26 آب إلى 20 تشرين الثاني /2024. أظهرت نتائج كشف التشخيص الميكروبيولوجي التقليدي للمكورات العنقودية الذهبية في لحوم الحيوانات المذبوحة في مسالخ الموصل عزل 131 عينة من أصل 270 عينة، بنسبة عزل إجمالية بلغت 48.5% من جميع عينات اللحوم. فقد كانت نسبة عزل جراثيم المكورات العنقودية من ذبائح الحيوانات في مسلخي الجانب الايمن والايسر من مدينة الموصل 39.32 % و55.56% على التوالي، ولم تظهر النتائج المذكورة أية فروقات معنوية بينها على مستوى المناطق المختلفة من جسم الذبيحة للحيوانات المدروسة ما عدا وجود فرق معنوي لذبائح الماعز بين مسلخي الجانب الأيمن والأيسر من المدينة لمنطقة الخاصرة من الذبيحة.

أظهرت نتائج استخلاص الدنا من عزلات جراثيم المكورات العنقودية الذهبية تراكيز متفاوتة من الدنا المستخلص لهذه العزلات إذ تراوحت بين 20.25-253.54 مايكرغرام/ مل في حين كانت نقاوة الدنا المستخلص من عزلات جراثيم المكورات العنقودية الذهبية بين 1.75-1.87. استُخدمت تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل لغرض تأكيد العزلات على أنها جراثيم المكورات العنقودية الذهبية باستخدام جين *nuc* وكذلك لإجراء الكشف عن جينات السموم المعوية لهذه العزلات. طُبقت هذه التقنية على 46 عينة عشوائية لتحديد بعض جينات السموم المعوية لجراثيم المكورات العنقودية الذهبية (جينات *sea* و*seb* و*sec* و*sed* و*see* و*tst*) وقد أسفرت النتائج عن نتائج إيجابية لجينات *sea* و*seb* و*sec* و*tst* بأوزان جزيئية 219 و478 و257 و559 زوجًا قاعديًا على التوالي، باستثناء جيني *sed* و*see* ، اللذين لم يتم اكتشافهما في هذه الدراسة فضلا عن ذلك، حملت بعض العزلات جينًا واحدًا أو أكثر من جينات السموم المعوية وكان أعلى معدل (80.4٪) لجينات السموم المعوية لهذه الجرايثم في عينات اللحوم هو *sea* بينما أقل معدل كان لجين *sec* إذ بلغ (34.8٪). كان النمط الجيني الأكثر شيوعًا لعزلات المكورات العنقودية الذهبية هو المجموعة الأولى (*sea* و*seb* و*sec* و*tst*) بنسبة 46/29 (63٪)، وكان النمط الجيني الثاني (*sea* و*seb* و*tst*) بنسبة

46/10 (21.7٪)، وكان النمط الجيني الثالث (*sea* و*seb*) بنسبة 46/5 (10.9٪)، وكان النمط الجيني الرابع (*sea*) بنسبة 2 (4.4٪).

كما أكدت نتائج التحليل الجزيئي لجينات الضراوة تسجيل عزلات المكورات العنقودية الذهبية التي تمتلك جينات ضراوة في بنك الجينات وأظهر التحليل التطوري للتشابه الجيني بين العزلات تشابهًا تامًا مع العزلات المسجلة عالمياً ، و تم إيجاد نسبة التطابق لعزلات المكورات العنقودية الذهبية المسجلة في بنك الجينات مع باقي العزلات العالمية لكل من الجينات *seb* و*tst* وأظهرت نسبة تطابق 100% للجين *seb* والمسجلة في بنك الجينات مع بعض العزلات من ألمانيا واليابان وبلجيكا وأمريكا، أما بلنسبة الى *tst* أعطت تطابقاً 100% مع عزلات في كل من إيطاليا وفرنسا والمملكة المتحدة في حين كانت بنسب اقل لكل من ألمانيا والهند. وأظهرت شجرة التطور الوراثي ان العزلات كانت متشابهة فيما يخص كونها من المكورات العنقودية الذهبية التي تحمل الجين *seb* والجين *tst* مما يشير إلى أن أصل العزلات يمثل تنوعًا في مصادر اللحوم ، وربما يأتي من مصادر عالمية مختلفة. كشفت النتائج أن تلوث اللحوم في المسالخ ناتج عن عدم كفاية المعرفة بممارسات الصحة الأساسية، فضلاً عن عدم تطبيق الشروط الصحية في المسالخ، مما يعرض المستهلكين للعدوى المنقولة باللحوم والتسمم الغذائي.

يُوصى بمراقبة الأنشطة في المسالخ وتنظيمها من قِبل الجهات المختصة وهيئات الصحة العامة لضمان الالتزام بالمعايير المعتمدة والمقبولة للحد من تلوث اللحوم التي تصل في النهاية إلى المستهلك، مما قد يُعرّض المستهلكين للعدوى المنقولة باللحوم والتسمم الغذائي.

University of Mosul

College of Veterinary Medicine

Molecular detection of some enterotoxins genes in *staphylococcus aureus* isolated from slaughtered animals in Mosul city slaughter houses

Rana Moyassar Dawood Suleyman

MSc/Thesis

Veterinary Medicine / Veterinary Public Health

Supervised by

Professor

Dr. Raad Abdulghany Alsanjary

2025 A.D **1447 A.H**

Abstract

Foodborne pathogens are a global health problem, particularly *Staphylococcus aureus*, which is considered one of the most important foodborne pathogens. This study aimed to isolate these bacteria from the meat of various animals and to study their phenotypic and genetic characteristics in slaughtered meat in Mosul abattoirs during the period from August 26 to November 20, 2024. Conventional microbiological diagnosis of *Staphylococcus aureus* from meat in Mosul abattoirs revealed the isolation of 131 samples out of 270, representing an overall isolation rate of 48.5% of all meat samples. The isolation of *Staphylococcus aureus* from animals carcasses (cattle, sheep, and goats) in the abattoirs on the right and left sides of Mosul city was 39.32% and 55.56% respectively. The results did not reveal any significant differences between them across the different regions of the carcass of the studied animals, except for a significant difference in the flank area of the carcass of goats between the two sides of the city abattoirs. The results of the isolation and extraction of DNA from *Staphylococcus aureus* isolates showed varying concentrations of extracted DNA from these isolates, ranging from 20.25 to 253.54 µg/ml, while the purity of ranged from 1.75 to 187. Polymerase chain reaction technique (PCR) was used to confirm the isolates as *Staphylococcus aureus* using the *nuc* gene, as well as to detect the enterotoxin genes of these isolates. This technique was applied to 46 random samples to determine some enterotoxins of *Staphylococcus aureus* (*sea, seb, sec, sed, see, and tst* genes). The results yielded positive results for *sea, seb, sec,* and *tst* genes with molecular weights of 219, 478, 257, and 559 base pairs, respectively, except for *sed* and *see* genes, which were not detected in this study. Moreover, some isolates carried one or more enterotoxin genes. The highest rate (80.4%) of enterotoxins for this bacterium in meat samples was

sea, while the lowest rate was for *sec* (34.8%). The most common genotype of *Staphylococcus aureus* isolates was group I (*sea, seb, sec,* and *tst*) with a percentage of 29/46 (63%), and the second genotype *(sea, seb,* and *tst*) with a percentage of 10/46 (21.7%). The third genotype (*sea* and *seb*) accounted for 5/46 (10.9%), and the fourth genotype (*sea*) accounted for 2 (4.4%). The results of molecular analysis of enterotoxins genes confirmed the registration of the staphylococcal isolates registered in the GenBank. The evolutionary analysis of genetic similarity between the isolates showed complete similarity with the isolates registered globally. The percentage of identity of the *Staphylococcus aureus* isolates registered in the GenBank with the rest of the global isolates was found for both the *seb* and *tst* genes. A hundred percentage identity percentage was shown for the *seb* gene registered in the GenBank with some isolates from Germany, Japan, Belgium and the USA. As for *tst*, it gave a 100% identity with isolates from Italy, France and the United Kingdom, while it was at lower rates for Germany and India. The phylogenetic tree showed that the isolates were similar in terms of being *Staphylococcus aureus* carrying the *seb* and *tst* genes, indicating that the origin of the isolates represents a diversity in meat sources, and may come from different global sources. The results revealed that meat contamination in abattoirs results from insufficient knowledge of basic hygiene practices, as well as unsanitary operations in abattoirs, exposing consumers to meat-borne infections and food poisoning. It is recommended that activities in abattoirs be monitored and regulated by the relevant authorities and public health authorities to ensure adherence to approved and accepted standards. This will reduce meat contamination that ultimately reaches the consumer, potentially exposing consumers to meat-borne infections and food poisoning.