التعريف الجزيئي للميكروبات في تجويف الفم البشري للأشخاص

إعداد الطالب

محمد إبراهيم أحمد العسيري

بحث مقدم لنيل درجة الدكتوراه في فلسفة العلوم(أحياء /علم الوراثة)

إشراف

أ. د. محمد مرسي أحمد

أ. د. محمد حامد زيني

قسم علوم الأحياء –كلية العلوم

جامعة الملك عبدالعزيز

جده – المملكة العربية السعودية

١٤٤٠هـ - ٢٠١٩م

المستخلص

يمكن أن يتعرض التجويف الفموي للإنسان لأنواع مختلفة من الكائنات الحية الدقيقة البيئية، والتي يتم استنشاقها عن طريق الهواء، وشرب الماء والأطعمة التي يتم تناولها ولفهم والحفاظ على التجويف الفموي ينبغي تحليل ودراسة الأحياء الدقيقة التي يتعرض لها . وتهدف هذه الدراسة إلى اكتشاف وتحديد الميكروبات في لعاب الإنسان باستخدام الأنماط الظاهرية وصبغة غرام والتقنيات الجزيئية باستخدام تسلسل الجينات للميكروبات. تم جمع مجموعه 100 عينة من طلاب وطالبات كلية الطب في جدة، المملكة العربية السعودية في مارس 2017 حيث كان مجموعة العينات البكتيرية من متطوعين مدخنين، مجابين بالأنفلونزا ومجموعة ضابطة غير مدخنين أو مجابين بالإنفلونزا ، وأظهرت النتائج تميز مجموعة متنوعة واسعة من البكتيريا، ممثلة باثنين وهما العنقودية (*Staphylococcus*) والبكتريا الكلبسيلية (*Klebsiella*) حيث مثلت العنقودية 30 ٪ ، تليها كلبسيلا 15 ٪ ، في حين أظهرت الأنواع غير القابلة للزراعة هيمنة 50 ٪ وكان هناك ارتباط بنسبة 100٪ من الأجناس كليبسيلا مع مجموعة المدخنين اختفت اجناس المكورات العنقودية التي كانت رائدة في المجموعة العادية والمجابة بعدوى الأنفلونزا تماماً في مجموعة المدخنين بمقارنة بيانات التشك التي لوحظت مع التسلسل الجيني، كانت النتائج متوافقة مع الاجناس المحددة وتشير دراستنا إلى أن التدخين يزيد من اكتساب البكتيريا واستعمارها الغشاء المخاطي للفم ويجعلها احد مسببات أمراض اللثة. يجب خلق وعي للجمهور بضرورة البعد عن التدخين والاهتمام بنظافة الفم.

MOLECULAR IDENTIFICATION OF MICROBIOTA IN HUMAN ORAL CAVITY

By

Mohammed Ibrahim Ahmed Alassiri

A thesis submitted for the requirements of the degree of Ph.D. of Sciences in Biology (Genetics)

Supervised By

Prof. Mohamed Morsi M. Ahmed

Prof. Mohammed Hamed Zainy

DEPARTMENT OF BIOLOGY
FACULTY OF SCIENCE
KING ABDULAZIZ UNIVERSITY
JEDDAH – SAUDI ARABIA

1440 H –2019 G

ABSTRACT

The oral cavity of human can be exposed to a different kind of environmental microorganisms, which is inhaled by air, drink water and ingested food. To understand how oral microbiota, maintain or dispose of health, one major tool is to analyze the microbial population. The present study aims to detect and identify microbes in human saliva microbiota using phenotypes, gram stain and molecular techniques using 16S rRNA gene sequencing. A total number of 100 samples were collected from medical school male students and employees' volunteers at Jeddah, Saudi Arabia in March 2017. The bacterial sources correlate species with health conditions, smokers (S), influenza-infected (I) and normal group (N). A broad diversity of bacteria was characterized, including representatives of two different bacterial phyla; Firmicutes such as *Staphylococcus*, Proteobacteria such as *Klebsiella* species. High dominance among the identified genera of *Staphylococci* 30%, followed by *Klebsiella* 15%, while unculturable species showed 50% dominance. There was 100% correlation of the genera *Klebsiella* with smokers' group. *Staphylococci* genera which were dominant in the normal and influenza-infected group disappeared completely in the smoker's group. Comparing the morphology data observed with molecular 16S rRNA identities, the results agreed with the genera identified. Our study suggests that smoking alters bacterial acquisition and oral mucosal colonization in favor of periodontal pathogens. Awareness should be created for the public on the health implication of smoking and poor oral practice.