دراسات على محور ميكروبيوم القناة الهضمية-الجلد لمرضى الإكزيما

إعداد

هيثم عبدالرحمن المغرم الغامدي

المستخلص

يعتبر الميكروبيوم هو العضو الجديد بجسم الانسان. من المهم جدا دراسة الميكروبيوم والبحث فيها بتعمق لفهم العلاقة الرابطة بينها وبين الانسان في صحته ومرضه. في هذه الدراسة اثني عشر طفلاً، ستةً منهم مصابون بمرض التهاب الجلد إكزيما والستة الاخرون كمجموعة تحكم صحية، تم استقطابهم لدراسة تفسير محتمل لسبب نشوء ونطور المرض عندالمرضى منهم عن طريق مقارنة الميكروبات المعوية والاختلافات التي قد تكون موجودة في كل من المجموعتين. الدراسة تضمنت اتني عشرة طفلاً ، ستة منهم مرضى إكزيما والستة الآخرون مشاركون كتحكم صحي ؛ الفئة العمرية ما بين ٢ إلى ٧ سنوات. تم جمع عينة البراز وحفظها لاستخراج الحمض النووي DNA منها فيما بعد. بعد استخراج الحمض النووي DNA ، تم مضاعفة S rRNA١٦ (منطقة V3 – V٤) بواسطة PCR وإرسالها إلى منظمة BGI للتسلسل الجيني و اجراء التحليل المعلوماتي الحيوي لها. و بمجرد استلام النتيجة تم إجراء تحليل البيانات. أظهرت نتيجة الاحصاء البياني درجة من الاختلاف في كل عينة. وكما عرضت وحدة التصنيف التشغيلية (OUT) ٣٧١ نوعًا من البكتيريا و تبين أن أكبر ثلاث شعب وفرةً لكلتا المجموعتين هم: *Bacteroidetes* و *Firmicutes* و *Proteobacteria*. ومع ذلك ، أظهرة النتائج في عينات مجموعة مرضى الإكزيما أن لديهم وفرة أعلى بشكل ملحوظ في بعض الانواع البكتيرية ومنها أهما *Streptococcaceae* بما أنها مُيّزت على أنها قد تكون علامة حيوية لمرضى الاكزيما. كان من المتوقع أن نرى التكوين النموذجي البكتيري للأمعاء كما هو موضح في دراسات أخرى لهذه الفئة العمرية. ومع ذلك ، أظهرت المجموعتين اختلافات طفيفة جدا بينهما من حيث التنوع والوفرة. نوصي بأخذ عدد أكبر من العينات عموما واختيار حالات مرضية أكثر تقدما و وضوحا للوصول الى نتائج أفضل.

Studies on the gut-skin axis microbiome of eczema patients

By

Hitham Abduarhman Alghamdi

Abstract

Microbiome is the new organ of the body. The microbiome and especially the Gut Microbiome is very important to be studied and thoroughly investigated to better understand the correlation between Microbiome and human health and Diseases. In this study, 12 children, 6 Atopic Dermatitis (AD) patients and 6 were control (CO), were involved to search for a potential explanation of the AD development through differences that may be spotted between their gut microbiome. In this study 12 children were included, 6 of them are AD patients and the other 6 are healthy control participants; the age group is between 2 to 7 years old. A fecal sample was collected and preserved for Deoxyribonucleic Acid (DNA) extraction from each sample. After DNA extraction, 16S Ribosomal Ribonucleic Acid (rRNA) (V3 – V4 region) were multiplied by Polymerase Chain Reaction (PCR) and sent to Beijing Genome Institution (BGI) for Sequencing and Bioinformatics. Once the result was received a data analysis was performed. Data statistics showed a slightly fluctuated result for each sample. The operational Taxonomic Unite (OUT) presented 371 Bacteria and the top three most abundant phyla for both groups were *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, and *Proteobacteria*. However, on a phyla level AD group has shown a distinguish bacteria as a biomarker which is *Streptococcaceae*.