الخلاصة

تم تصميم هذه الدراسة لعزل وتشخيص بكتريا *Proteus mirabilis* من مصادر سريرية مختلفة. تم استخدام تقنية PCR للكشف عن بعض الجينات المنتجة لعوامل الضراوة مثل (*hpmA*، *hpmB*) والمقاومة للمضادات الحيوية (*bla*KPC , *bla*CTX-M)، في كل من الكروموسوم والبلازميد والمقارنة بينهما.

الدراسة الحالية تضمنت جمع 487 عينة من مصادر سريرية مختلفة مثل الادرار، الحروق ، الجروح، الاذن وتقرحات القدم السكرية.، من مختلف الفئات العمرية ولكلا الجنسين. هذه العينات تم جمعها من المرضى القاصدين لمستشفيات الحسين والناصرية التعليميين، كما تم جمع العينات من المختبرات السريرية الخاصة في مدينة الناصرية ,محافظة ذي قار- العراق. في الفترة الممتدة بين 29 تشرين الثاني 2021 و 20 نيسان 2022 . تم تشخيص العزلات المستحصلة من الدراسة بطرق مختبرية وجزيئية مختلفة.

اظهر التحليل الاحصائي ان نسبة عزل بكتريا ال*Proteus mirabilis* كانت (8.6 %) من بين جميع العينات التي تم جمعها من المرضى. كانت نسبة اصابة الاناث منها (52.4%) بينما سجل الذكور نسبة (47.6%) . سجلت الفئة العمرية الاكبر من 44 عاما اكبر نسبة اصابة ببكتريا *P.mirabilis*. بالاضافة الى ذلك. تم الحصول على معظم عزلات بكتريا *P. mirabilis* من عينات الادرار بنسبة (45.2 %) مقارنة بالمصادر السريرية الاخرى.

الحساسية للمضادات الحياتية تضمنت اختبار 11 مضادا حيويا مقابل 42 عزلة من *Proteus mirabilis*. اظهرت النتائج ان نسبة عالية من المقاومة سجلت ضد مضادات السيفيبيم (83.3%)، السيفترياكسون (78.8%)، التوبرامايسين (73.3%)، الامبسيلين (71.4%)، الاموكزيسيلين(69%) والسيفوتاكسيم (60%). بينما كان السبروفلوكساسين (54.7%) اعلى المضادات حساسية ويتبع بعده مضاد الميروبينيم (50%) والجينتامايسين (45%). في حين سجل المضادين اميكايسين والنتليمايسين نشاطا متوسطا (19%)، (16.6%) على التوالي.

الجزء الجزيئي من الدراسة ، وجد من خلال الدراسة ان الجين *16s rRNA* كان موجودا في جميع العزلات. بينما وجدت جينات الضراوة بالنسب التالية: (45%) من العزلات كانت موجبة

للجين *hpmA* في الكروموسوم ، بينما وجد بنسبة (33.3%) في البلازميد. اما الجين *hpmB* فقد وجد بنسبة (30.9%) في الكروموسوم و(16.7%) في البلازميد. وفي المقابل وجدت جينات المقاومة للمضادات (*bla*CTX-M and *bla*KPC) بالذسب التالية: الجين *bla*CTX-M كانت نسبته صفر في المئة في الكروموسوم بينما وجد بنسبة (95.2%) في البلازميد. و على الجانب الاخر كانت نسبة الجين *bla*KPC منخفضة في الكروموسوم (38%). ومرتفعة جدا في البلازميد (95.2%).

تسلسل الDNA الجزئي للجين *16S rRNA* اجري لخمسة عزلات. هذه العزلات المحلية سجلت عالميا في NCBI-Genbank تحت رقم : (OP317551), (OP317552), (OP317553), (OP317554) و(OP317555) وبعد المقارنة مع العزلات المرجعية في Genbank والتي لها رقم وصول OL629232, ON845741, OK036752, HQ407314 و MK07174100 .