Republic of Iraq

Ministry of Higher Education

and Scientific Research

Muthanna University

College of Science

Bacteriological and Molecular Study of *Helicobacter pylori* in Gastro-intestinal Tract Infection

A Thesis

Submitted to the Department of Biology, College of Science, Muthanna University, in Partial Fulfillment of Requirements for the Degree of Master of Science in Biology / Microbiology

By

Abeer Mahdi Jabbar

B.Sc. Biology. Muthanna University 2012

Supervisor

Assist.Prof.Dr.

Laith Abdul-Hassan M. Jawad

2015 A.D

1436 A.H

الخلاصة

تعتبر جرثومة الملتوية البوابية العامل الرئيس لسرطان المعدة. أجريت محاولات لتنبؤ الطرق المثالية المطبقة لتشخيص الاصابة ب *H.pylori* واستمرت في جميع انحاء العالم.

لتحقيق الهدف المنشود، تم جمع العينات (خزعة) من 45 مريضآ في محافظة المثنى والديوانية كانوا يعانون من امراض في القناة المعوية المعدية العليا وتم تحديدهم بمختلف الاعمار ومن كلا الجنسين. امتدت فترة جمع العينات من اكتوبر 2013 الى مارس 2014. تم الحصول على العينات (الخزع) بواسطة جهاز المنظار esophago-gastro- duodeno- scopy (EGD) وخضعت للتحليل المظهري وشخصت بواسطة qPCR باستخدلم الجينات التالية : (*CagA& VacA, UreA , UreC*) .

اظهرت هذه الدراسة كفاءة اختبار اليوريز السريع للكشف عن البكتيريا، واثبتت وجود البكتيريا في 45/31 (68.89%) للخزع النسيجية، بينما تم عزل البكتيريا من 45/15 (33.33%) تحت أكدت بواسطة qPCR للبكتيريا. *UreC* باستخدام الجيني التشخيصي

نسب مختلفة في عينات الدراسة وكانت النسب (*UreA , VacA* and *CagA*) أظهر الكشف الجزيئي لجينات محدد بنسب عالية جدا في حالة *UreC* 39.28%، 64.28% و 60.7% على التوالي. واظهرت النتائج بان الجين *VacA* سرطان المريء بعكس جين.

المعزول من النوع في المركز الدولي للمعلومات التقنية الحيوية *16S rRNA* تم تسجيل سلسلة حديثة من جين *16S rRNA H.pylori* وأجناس أخرى من وأجري إصطفاف السلسلةِ المتعدّدِ بين (KP893893.) وتحت الرقم المسجلة في البنك الجيني ،اذ اظهرت وجود تشابه *Campylobacteraceae* و *Helicobacteraceae* عائلة G-A في استبدال *Microcystis aeruginosa* بين بكتريا الملتويات البوابية والأجناس الأخرى لكن اختلفت عن *16S* عن الأجناس الأخرى وتحديد مصدر الملتويات البوابية. تحليل النشوء والتطوراعتمد على تسلسل قاعدة *rRNA* الذي يبين أن بكتيريا الملتويات البوابية التي عزلت من مدينتي السماوة والديوانية ترجع الى أصول أفريقية.