تحليل الحمض النووي لتسلسل بكتيريا هيلكوباكتر بيلوري في مدينة جدة، غرب المملكة العربية السعودية

للطالبة: أبرار أحمد محمد المحمادي

تحت إشراف: د. فاتن أحمد السليماني

المستخلص

هيليكوباكتر بيلوري (جرثومة المعدة) هي بكتيريا سالبة الجرام، والتي تستعمر البطانة المخاطية للمعدة البشرية. تؤثر البكتيريا على ٥٠ ٪ من السكان في العالم. تم تصنيف جرثومة المعدة من قبل منظمة الصحة العالمية والوكالة الدولية لبحوث السرطان كمسرطنة لدى البشر من الدرجة الأولى. البكتيريا لها عاملان رئيسيان من العوامل الممرضة هي (*cagA* و*vacA*). هدفت هذه الدراسة إلى تقدير مدى انتشار جرثومة المعدة بين مجموعة من المرضى وربطها بنمط الحياة والتغذية. أيضا، معرفة العامل الممرض السائد في مدينة جدة من خلال تحليل التسلسل. شملت هذه الدراسة ٦٠ مريضاً (سعودي وغير سعودي) يعانون من أعراض مشابهة للإصابة بجرثومة المعدة. تم الحصول على عينات الخزعة من المرضى في قسم التنظير في مستشفى الملك فهد في جدة، المملكة العربية السعودية. تم إجراء فحص لجينات محددة في البكتيريا (*vacA* و*cagA*) باستخدام تحليل تتابع DNA الأوتوماتيكي. تم التعرف على جرثومة المعدة باستخدام 16S rRNA ثم تمت مقارنة تتابع DNA للجين *vacA* الموجود في كل سلالات جرثومة المعدة في منطقة دراستنا مع تلك الموجودة في بنك الجينات من مناطق الدراسة المختلفة. أشارت النتائج إلى أن عدوى جرثومة المعدة قد تم الكشف عنها في ١٣,٣٪ و٨٦,٧٪ كانت عينات سلبية في مرضى دراستنا. ومن المثير للاهتمام، تم العثور على الجين *vacA* في ٨,٣ ٪ في حين لم يتم الكشف عن الجين *cagA* في أي مريض. كان انتشار عدوى جرثومة المعدة في المرضى السعوديين أعلى من غير السعوديين (١١,٧ ٪ من المرضى السعوديين مقابل ١,٧ ٪ من غير السعوديين). أيضا كان معدل انتشار الإناث أعلى من الذكور (١١,٧ ٪ إناث مقابل ١,٧ ٪ ذكور)، وكان أعلى معدل للعدوى بين ٤٠-٤٩ سنة بنسبة ٦,٧ ٪. جميع المرضى المصابين بعدوى جرثومة المعدة كانوا يتناولون الوجبات السريعة مرتين إلى ثلاثة مرات في الأسبوع، في حين أن المرضى غير المصابين بعدوى جرثومة المعدة (المرضى السلبيون) كانوا يتناولون الوجبات السريعة مرة في الأسبوع. أظهرت هذه الدراسة عدم وجود فروق ذات دلالة إحصائية في العمر والجنسية والجنس بين الحالات الإيجابية لجرثومة المعدة. في الختام، كشفت هذه الدراسة انتشار الجين *vacA* في المرضى المصابين بعدوى جرثومة المعدة في جدة، المملكة العربية السعودية، بينما لم يتم اكتشاف الجين *cagA* في أي عزلة.

DNA sequence analysis of *Helicobacter pylori* in Jeddah city, western Saudi Arabia

By: Abrar Ahmad Muhammad Al-Mehmadi

Supervised By:
Dr. Faten Ahmad Alsulaimany

Abstract

Helicobacter pylori (*H. pylori*) are Gram-negative bacteria, which colonizes the mucous lining the human stomach. The bacteria affect 50% of the population in the world. *H. pylori* were classified by the World Health Organization and the International Agency for Research on Cancer as a class I carcinogen in humans. The bacteria have two major virulence factors; the cytotoxin-associated gene A (*cagA*) and vacuolating cytotoxin A gene (*vacA*). This study aimed to estimate the prevalence of *H. pylori* among a group of patients and to correlate this with the lifestyle and nutrition. And also, to know of the prevalent virulence factor (*vacA* and *cagA* genes) in Jeddah city by sequence analysis. This study included 60 patients (Saudi and non-Saudi) with symptoms similar to *H. pylori* infection. Biopsy specimens were obtained from patients in the department of endoscopy at King Fahad Hospital in Jeddah, Saudi Arabia. *H. pylori* were identified by using the 16s rRNA sequence. Then, the screening for specific genes in *H. pylori* (*vacA* and *cagA*) was done by using automated DNA sequencing analysis, and the DNA sequences were compared by BLAST and sequence alignment of the *vacA* nucleotides that is found in all *H. pylori* strains in our study group with those already reported in the GeneBank from various studies. Results indicated that *H. pylori* infection was detected in 13.3% while 86.7% were negative samples in our study patients. Interestingly, the *vacA* gene was found in 8.3% while the *cagA* gene was not detected in any patient. The prevalence of *H. pylori* in Saudi patients was more significant than non-Saudis (11.7% Saudi patients for 1.7% non-Saudi). Also, the female prevalence rate was higher than males (11.7% female versus 1.7% males), and the highest infection was between age 40-49 by 6.7%. All patients with *H. pylori* infection were ate fast food twice to thrice times a week, while the non-infected patients with *H. pylori* (negative patients) were ate fast food once a week. This study showed no statistically significant differences in age, nationality, and gender between *H pylori*-positive cases. In conclusion, this study revealed that the *vacA* gene was spread in the patients infected with *H. pylori* in Jeddah, Saudi Arabia while the *cagA* gene was not detected in any isolate.