جامعة الموصل
كلية التربية للبنات

التشخيص المختبري والجزيئي للطفيليات المعوية من حالات الاصابة بالملتوية البوابية *Helicobacter pylori*

ميساء نجاد مجيد خطاب

رسالة ماجستير

في علوم الحياة

بإشراف

الأستاذ الدكتورة

رضاء ناظم حمو

1447 هـ

2025 م

الخلاصة: Abstract

هدفت الدراسة الحالية الى تقييم العلاقة بين بكتريا الملتوية البوابية *Helicobacter pylori* وطفيليات الأمعاء intestinal parasites، من خلال فحص وتشخيص عينات الغائط والخزع النسجية المعزولة من المرضى الوافدين لمستشفى الموصل العام، ومختبرات التحليلات الطبية التخصصيَّة، الذين يعانون من مشكلات في الجهاز الهضمي في مدينة الموصل، للمدة من 1/ آب/ 2024 إلى 1/ آذار/ 2025.

إذ تم خلال هذه الدراسة جمع 200 عينة غائط فحصت بواسطة اختبار مستضد بكتريا الملتوية البوابية، وسجلت نسبة الإصابة 40% من عينات الغائط مصابة ببكتريا الملتوية البوابية. ولغرض الكشف عن طفيليات الأمعاء في عينات الغائط للمرضى المشخصين ببكتريا الملتوية البوابية، أستخدم في الدراسة الحالية طريقة المسحة المباشرة، وطريقة الترسيب، وتفاعل التضاعفي المتسلسل وسجلت الدراسة نسبة اصابة تقدر بـ 28.33% و55% و25% من مجموع 60 عينة غائط مصابة ببكتريا الملتوية البوابية باستخدام المسحة المباشرة، وطريقة الترسيب، والتفاعل التضاعفي المتسلسل PCR على التوالي.

وتضمنت هذه الدراسة جمع 200 خزعة نسجية biopsy sample، بواقع 100 خزعة معدية، و100 خزعة من الأثني عشر للمريض نفسه. بعدها تم إجراء الفحص النسجي على الخزع المعدية للكشف عن بكتريا الملتوية البوابية وكانت نسبة الإصابة بالملتوية البوابية 76% من مجموع 100 عينة خزعة معدية، أما الخزع النسجية للأثني عشر فحصت باستخدام تفاعل التضاعفي المتسلسل للكشف عن بكتريا الملتوية البوابية وطفيليات الأمعاء باستخدام البرايمر الخاص بكل كائن، سجلت النتائج نسبة الإصابة 60% بالملتوية البوابية من مجموع 100 عينة خزعة من الأثني عشر. في حين كانت نسبة الإصابة بطفيليات الأمعاء 55% من اصل 60 عينة خزعة من الأثني عشر باستخدام تفاعل التضاعفي المتسلسل للمرضى المشخصين ببكتريا الملتوية البوابية.

من خلال متابعة النتائج لوحظ تسجيل أعلى نسب إصابة بطفيلي الجيارديا لامبليا *Giardia lamblia* في عينات الغائط وعينات الخزع النسجية من الأثني عشر، تليها الأميبا الحالة للنسيج *Entamoeba histolytica* ، ثم المتبرعمة الكيسية البشرية *Blastocystis hominis*. وكانت نتائج الانتشار وفقاً للجنس متقاربة، إذ سجلت النتائج نسباً متقاربة في كلا الجنسين (الذكور والاناث) للإصابة بطفيليات الأمعاء ، وكان متوسط العمر 20 – 40 سنة الأكثر في معدلات انتشار الإصابة بطفيليات الأمعاء للمشخصين بالملتوية البوابية. وأظهرت المناطق الريفية للعينات المفحوصة في الدراسة الحالية معدلات إصابة بطفيليات الأمعاء أعلى من المناطق الحضرية، ومن خلال فحص الخزع النسجية التي أعطت نتائج سالبة لتواجد بكتريا الملتوية البوابية للتحري عن طفيليات

الأمعاء، بينت النتائج الحالية تشخيص طفيلي الجيارديا لامبليا في عينات الخزع النسجية من الأثني عشر.

وهدفت الدراسة إلى تسليط الضوء على الشجرة التطورية للطفيليات المعزولة لكل من الأميبا الحالة للنسيج وطفيلي المتبرعمة الكيسية البشرية *Blastocystis hominis*، وقد سُجلت عزلتان من الأميبا الحالة للنسيج المشخصة خلال الدراسة بأسماء الباحثيين في بنك الجينات العالمي بالرقم التسلسلي PV151461 و PV132085 ، بينت نتائج تحليل التسلسل الجيني لعزلات طفيلي *B. hominis* باستخدام جين 18srRNA لأربع عزلات والتي سجلت في بنك الجينات Gen Bank وحصلت على الأرقام التسلسلية PV239782, PV172159, PV190974, PV177087، ولأول مرة في مدينة الموصل وأظهرت الشجرة التطورية تقارباً بنسة 100% مع العزلة الإيرانية في حين كانت نسب التقارب متفاوتة بين العزلات المشخصة خلال الدراسة الحالية.

University of Mosul

College of Education for Girl

Laboratory and molecular diagnosis of intestinal parasites with *Helicobacter pylori* infection

Maysaa Najad Majeed Khataab

M.Sc.

In

Biology

Supervised by

Professor

Dr. Reeda Nathem Hamoo

2025 A.D **1447 A.H**

Abstract

The current study aimed to evaluate the relationship between *Helicobacter pylori* and intestinal parasites by examining and diagnosing fecal samples and tissue biopsies collected from patients attending Mosul General Hospital and specialized medical analysis laboratories, who suffer from gastrointestinal problems in the city of Mosul, during the period from August 1, 2024, to March 1, 2025.

In this study, 200 fecal samples were collected and tested using the *Helicobacter pylori* antigen test. The results showed that 40% of the fecal samples were positive for *H. pylori*. To detect intestinal parasites in fecal samples of patients infected with *H. pylori*, the current study used the direct smear method, the sedimentation method, and polymerase chain reaction (PCR). The recorded infection rates were 28.33%, 55%, and 25% out of 60 *H. pylori*-positive fecal samples, using direct smear method, the sedimentation method, and polymerase chain reaction (PCR) respectively.

The study also involved collecting 200 tissue biopsy samples: 100 gastric biopsies and 100 duodenal biopsies from the same patients. Histological examination was performed on the gastric biopsies to detect *H. pylori*, showing a 76% infection rate out of 100 samples. Duodenal biopsies were examined using PCR to detect both *H. pylori* and intestinal parasites, using primer of each organism with results showing a 60% *H. pylori* infection rate in 100 duodenal biopsy samples. The infection rate with intestinal parasites in patients infected with *H. pylori* was 55%.

The results indicated the highest infection rates were due to *Giardia lamblia* in both fecal and duodenal biopsy samples, followed by *Entamoeba histolytica*, and then *Blastocystis hominis*. The distribution of infections by gender was similar, with nearly equal rates of intestinal parasite infections in both males and females infected with *H. pylori*. The most affected age group was 20–40 years. Higher infection rates of intestinal parasites were recorded in

rural areas compared to urban ones. Additionally, examination of tissue biopsies that tested negative for *H. pylori* showed the presence of *Giardia lamblia* in duodenal samples.

The study also aimed to highlight the phylogenetic tree of the isolated parasites, particularly *Entamoeba histolytica* and *Blastocystis hominis*. Two isolates of *E. histolytica* diagnosed diagnosed in this study were registered under the names of the researchers in the Gen Bank with accession numbers PV151461 and PV132085. Genetic sequence analysis of four isolates of *B. hominis* using the 18S rRNA gene showed that the sequences were registered in Gen Bank under accession numbers PV239782, PV177087, PV190974, and PV172159. The phylogenetic tree revealed a 100% similarity with an Iranian isolate, while the degree of similarity varied among the isolates identified in this study.