



## السلسل التابعي لجين *LasB* في بكتيريا *Pseudomonas aeruginosa* المعزولة من بعض الحالات السريرية

رنا مجاهد عبدالله الشويخ

قسم علوم الحياة / كلية التربية ابن الهيثم للعلوم الصرفة/ جامعة بغداد

استلم في: 15 كانون الأول 2015 قبل في 11 تشرين الأول 2015

### الخلاصة

حصل على 75 عزلة تعود إلى بكتيريا *Pseudomonas aeruginosa* من أصل 120 عينة جمعت من حالات مرضية مختلفة. أظهرت نتائج التحرير عن جين الضراوة لأنزيم Elastase (Pseudolysin) (*LasB*) في بكتيريا *P. aeruginosa* إلى وجود هذا الجين في 63 عزلة وبنسبة 84% وكان الحجم الجزيئي للجين 300 زوج قاعدة بعد ترحيله كهربائيًا. حلّ السلسل التابعي لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa*. بينت النتائج أن هناك طفرات وراثية في دنا الجين *LasB* ، حدثت هذه الطفرات في تسلسل القواعد النتروجينية وكان اغلبها من نوع الاستبدال والاضافة والحذف وكانت نسبة التطابق 97 % مع السلسل التابعي للجين الأصلي ، كذلك تبين من مطابقة السلسل التابعي للقواعد النتروجينية المترجمة مع تسلسل الحامض الأميني الذي يشفّر عن هذا الجين ، لم يكن للطفرات تأثير في نتائج ترجمة البروتين وذلك لكونها طفرات صامتة.

**الكلمات المفتاحية:-** *LasB* ، جين *P. aeruginosa* ، التسلسل التابعي لجين *LasB*.



## المقدمة

تعد بكتيريا *P. aeruginosa* من انواع البكتيريا السالبة لصبغة كرام وهي من الانواع البكتيرية السريرية الانتهازية Relevant opportunistic Multidrug resistant (MDR) [1] تنتشر البكتيريا في البيئة وتسبب العديد من الامراض والانتهازات لأنواع من الكائنات ومنها البان Mammals والحيشات Insects والديدان Nematodes والنباتات Plants ، تسبب العديد من الاصابات للانسان منها التهاب العيون Keratitis والتهاب القرنية Corneal infection والتهاب ذات الرئة Pneumonia والتاهبات الجروح والحرائق Wound and burn infection Chronic lung infection [2] والتاهبات الرئة المزمنة Cystic fibrosis [1]. تسبب حالات تسمم الدم Sepsis وكذلك العديد من الامراض التي تنتقل عبر المراجعة الى المستشفيات Hospital-acquired bacterial infection ، فضلا عن مقاومتها العالية للمضادات الحيوية التي يجعل علاجها صعبا فلا يمكن ايجاد علاج سريع لها وتكون انواع المضادات التي تستعمل في العلاج محدودة [4,3] ، تسبب اصابات خطيرة للاشخاص المصابين بالبكتيريا المناعي Immunocompromised ، وتسبب الانتهازات عند نقل الاعضاء للاشخاص Organ Transplant infection [5]. ان معظم سلالات بكتيريا *P. aeruginosa* تتتج سوما وازيمات خارجية منها Enzymes Phospholipases وازيم Burn infection والتهاب الرئوي المزمن Chronic pulmonary colonization وتمتلك ايضا صبغات منها Pyocyanin وامتلاكها لطبقة Mucoid Alginate المسؤولة عن تكوين phenotype phenotype الموجودة ضمن جدار الخلية [6].

تنتج السلالات المختلفة من بكتيريا *P. aeruginosa* العديد من الانزيمات المحللة للبروتين الخارجي Extracellular proteolytic enzyme و يكون ضراوة للبكتيريا وتكون هذه الانزيمات على انواع متعددة تتضمن Protease IV Alkaline protease ( aeruginolysin ) Elastase aprA gene وازيم LasB gene LasA gene Staphylocolysin (LasB) وازيم LasA gene LasB و يكون انتاج الانزيم LasA و اطنانا في الخلايا ولكنه مهم في فعالية LasB ، تتطور الانزيمات المحللة للبروتين حسب نوع الاصابة بالمضيف وتتدخل مع النظام المناعي للمضيف [2,7] وبعد ازيم Elastase LasB من عوامل الضراوة لهذه البكتيريا وله دور في امراضية البكتيريا ، اذ يعمل على تحطيم انسجة المضيف وتعطيل التفاعلات بين الخلايا الظهارية للرئة وتدمر للجهاز المناعي وبين دراسات عديدة ان حدوث طفرات وراثية في الجينات المشفرة لهذا الانزيم يؤثر في ضراوة البكتيريا [8].

## المواد وطرق العمل

**عزل وتشخيص البكتيريا :-** جمعت 120 عينة من حالات مرضية مختلفة تضمنت التهابات الجروح والحرائق والمغاربي البولي و الاذن الوسطى و عينات الدم لمدة من 9/1/2014 لغاية 11/30/2014. ومن عدة مستشفيات في بغداد مثل مستشفى الطفل المركزي و مستشفى مدينة الامامين الكاظمين الطبية و مستشفى ابن البلدي و مستشفى الصدر و مستشفى الحرائق و المختبرات التعليمية / مدينة الطب ، سُخّنَت العزلات البكتيرية باستعمال الاختبارات المجهريّة والزراعيّة والباليوكيميائيّة المعتمدة من قبل [9] كما تم تأكيد التشخيص باستعمال نظام API20E وحسب تعليمات الشركة المصنعة له.

**عزل DNA :-** عزل الدنا باستعمال عده خاصة في استخلاص الدنا من عزلات البكتيريا والمصنعة من قبل شركة Geneaid Biotech kit system , UK

**الكشف عن جين LasB :-** حضرت البوادى بتركيز 10 بيكومول/ ملليلتر بعد اذابتها في الماء الخلالي من النيكلويز وبعد ذلك أخذ 10 مايكروليترات من البادى واضيف له 90 مايكروليترا من الماء الخلالي من النيكلويز ومزج بوساطة الهزاز Vortex جيداً وحفظ البادى في درجة الحرارة - 20 ° م مع مراعاة مزج البادى بعد اخراجه من الثلاج بأستعمال الهزاز Vortex لمجانسته قبل الاستعمال [6].

وباستعمال تقاعل البلمرة المتسلسل PCR وتم التحويل بالبرنامج ليصبح بالظروف التقاعدية الموضحة في الجدول ادناه [6] :-



primer	Primer sequence ' 5 → ' 3	Product size ( bp)	PCR condition		
<i>LasB F</i>	GGAATGAAACGAAGCGTCTC	300	94 °C	3min	
<i>LasB R</i>	GGTCCAGTAGTAGCGGTTGG		94 °C	30sec	
			55 °C	1min	For 30 cycles
			72 °C	1min	
			72 °C	5 min	

فصلت نتائج التفاعل باستعمال الاكاروز بتركيز 1.5 % الحاوي على 5 مایکرولترات من صبغة Eithidium bromide وباستعمال DNA ladder (100 زوج قاعدة) وبفرق جهد 75 فولتا لمدة ساعة وصورة باستعمال جهاز التوثيق UV transilluminator [10].

**التسلسل التابع لجين LasB** :- ارسلت عينات DNA لجين *LasB* مع البوادى F Primer , R Primer الى شركة NICEM الامريكية وباستعمال جهاز التحليل الوراثي Genetic analyser ، قرئت النتائج حسب برنامج Bioedit لتحديد عدد النيوكليوتيدات ولمعرفة الطفرات ، ومن ثم عمل ترجمة لموقع التغيير في الاحماض الأمينية [11].

## النتائج والمناقشة

حصل على 75 عزلة تعود الى بكتيريا *P. aeruginosa* من اصل 120 عينة جمعت من حالات مرضية مختلفة. للتحري عن جين الضراوة *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* ، أظهرت النتائج وجود هذا الجين في 63 عزلة بنسبة 84% في العزلات قيد الدراسة ، كما موضح في الشكل (1). كان الحجم الجزيئي للجين 300 زوج قاعدة بعد ترخيه كهربائيا كما موضح بالشكل (2).

وكانت هذه النتائج مقاربة مع كل من [13,12] الذين بينوا ان جميع عزلات بكتيريا *P. aeruginosa* كانت تمتلك الجين *LasB* وبنسبة 100 % وبعد انزيم البروتيز من الانزيمات المهمة في ضراوة هذه البكتيريا الذي يعمل على تحطيم نسيج المضيف ويساعد البكتيريا على اختراق الانسجة وتحطيمها وبمساعدة كل من انزيمات Hemolysin و LasB Elastase [14] . وجود هذا الانزيم يوثر في تكوين الغشاء الحيائي Biofilm في البكتيريا ، فقد وجد في دراسة للباحث Yu وجماعة ان حصول طفرات في الجين المسؤول عن انتاج انزيم Las B Elastase يوثر بشكل سلبي في تكوين طبقة الغشاء الحيائي Biofilm في بكتيريا *P. aeruginosa* [8] وتوصلت الباحثة Garalla عام 2015 في دراسة محلية الى ان 30.76 % فقط من عزلاتها المعزولة من حالات التلقيح الحوصلي كانت متحركة لانزيم *LasB* [15].

حل التسلسل التابع لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* باستعمال جهاز التحليل الوراثي وفورنت مع التسلسل التابع للجين نفسه Refseq الموجود في موقع NCBI تحت الرقم ( P. aeruginosa PAO1 ID:NC002516.21 ) . بینت النتائج ان هناك طفرات وراثية في DNA لجين *LasB* لبكتيريا *P. aeruginosa* المعزولة من التهابات الاذن الوسطى Ear infection . حدثت هذه الطفرات في تسلسل القواعد النتروجينية وكانت اغلبها من نوع الاستبدال والاضافة والحذف اذ كانت 6 طفرات للعزلة الاولى و3 طفرات للعزلة الثانية و12 طفرة للعزلة الثالثة ، وتم حذف القاعدة النتروجينية الثايدين Thymine في الموقع 4169362 للشاله Sbjct 4169373 واستبدلت القاعدة النتروجينية السايتوسين Cytosine بالقاعدة النتروجينية الثايدين Thymine في الموقع 4169304 عند الشاله Sbjct 4169313 وفي الموقع 4169263 عند الشاله Sbjct 4169253 . في حين استبدلت القاعدة النتروجينية الثايدين Thymine بالقاعدة النتروجينية السايتوسين Cytosine في الموقع 4169187 في الشاله Sbjct 4169193 . واستبدلت القاعدة النتروجينية الثايدين Thymine بالقاعدة النتروجينية الادين Adenine بالموقع 4169325 للشاله Sbjct 4169133 ، حصل اضافة القاعدة النتروجينية الادين Adenine بالموقع 4169320 للشاله Sbjct 4169133 . وكانت نسبة التتطابق مع الجين الاصلی مع بيانات NCBI 97 %. كما في الشكل (3). وحذفت القاعدة النتروجينية الثايدين Thymine بالموقع 4169364 للشاله Sbjct 4169371 . واستبدلت القاعدة النتروجينية السايتوسين Cytosine بالقاعدة النتروجينية الادين Adenine في الموقع 4169353 للشاله Sbjct 4169371 واستبدلت القاعدة النتروجينية الادين Adenine بالموقع 4169344 للشاله Sbjct 4169371 وكانت نسبة التتطابق مع الجين الاصلی مع بيانات NCBI 99 %. كما في الشكل (4). حذفت القاعدة النتروجينية الكوانين Guanine في الموقع 4169377 للشاله Sbjct 4169381 . وحذفت القاعدة النتروجينية الثايدين



Thymine في الموقع 4169364 للشاله Sbjct 4169381 ؛ واستبدلت القاعدة التتروجينية السايتوسين Cytosine بالقاعدة التتروجينية الادينين Adenine بالموقع 4169372 للشاله Sbjct 4169381 واستبدلت القاعدة التتروجينية الكوانين Guanine إلى القاعدة التتروجينية Adenine في الموقع 4169112 وكذلك استبدلت السايتوسين Cytosine بالادنين Adenine بالموقع 4169110 عند الشاله Sbjct 4169141 وفي الموقع 4169062 للشاله 4169081 Adenine في حين استبدلت القاعدة التتروجينية السايتوسين Cytosine بالقاعدة التتروجينية الثايمين Thymine في الموقع 4168970 في الشاله 4169021 Sbjct . واستبدلت القاعدة التتروجينية السايتوسين Cytosine بالقاعدة التتروجينية الثايمين Thymine بالموقع 4168920 واستبدلت الثايمين Thymine بالقاعدة الكوانين Guanine بالموقع 4168938 للشاله Sbjct 4168961 . واستبدلت القاعدة التتروجينية الكوانين Guanine بالقاعدة التتروجينية الكوانين Thymine بالموقع 4168938 Sbjct 4168961 . واستبدلت القاعدة التتروجينية الكوانين Guanine بالموقع 4168898 Sbjct 4168901 للشاله 4168898 Thymine وأضيفت القاعدة التتروجينية الكوانين Guanine بالموقع 4168892 للشاله 4168901 ، وكانت نسبة التطابق مع الجين الاصلي في بيانات NCBI 98 % كما في الشكل (5).

وبيّنت دراسة الباحث Cowell وجماعته ان هنالك العديد من الطفرات الوراثية في جيني *LasA* و *LasB* المسؤولة عن تكوين إنزيم Protease وان هذه الطفرات قسم منها يؤثر في امراضية البكتيريا ، اذ يعمل على زيادة غزو البكتيريا Invsion للمضييف وتكون زيادة الامراضية عند حصول طفرات بنسبة 15 % في حين كان هنالك طفرات للجين نفسه ولكنها لم تحدث اية فعالية اضافية او تأثير في الخلايا [7] . وبيّنت العديد من الدراسات ان انواع طفرات الاضافة Insertion (المقتحة او الحشر) الناتجة من اضافة نيوكلويوتيد واحدة او اكثر لشريط الـ DNA وطفرات الحذف Deletion التي يتم ازالة نيوكلويوتيد واحدة او اكثر وكلا النوعين من هذه الطفرات يطلق عليها طفرات الازاحة Frameshift mutation قد لا تؤثر في وظيفة وترجمة البروتين [16] .

بنيت نتائج تحليل الطفرات ان جميع الطفرات التي وجدت كانت من نوع الطفرات الصامتة Silent mutation التي تنتج الحامض الاميني نفسه ، وعند اجراء ترجمة للحامض الاميني لهذا الجين مقارنة مع ترجمة الحامض الاميني الاصلي وجد ان هذه الطفرات لم تؤثر في ترجمة البروتين كما موضح بالشكل (6) الذي بيّن نتائج تحليل ترجمة الاحماض الامينية لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* (العزلة الاولى) مقارنة مع الحامض الاميني الاصلي .

## المصادر

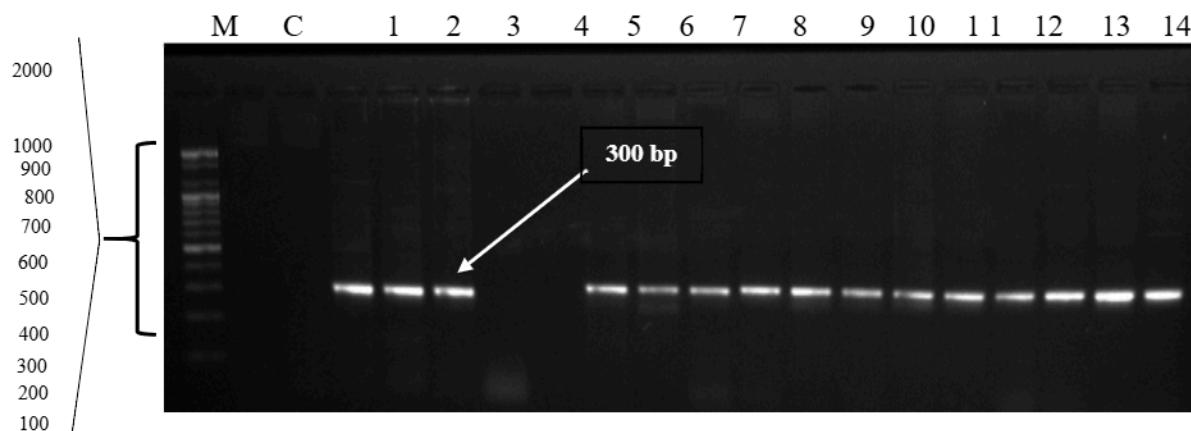
1. Jeukens, J. ; Boyle, B. ; Bianconi, I. ; Kukavica-Ibrulj, I. ; Tümmeler, B. ; Bragonzi, A. and Levesque , R.C. (2013). Complete Genome Sequence of Persistent Cystic Fibrosis Isolate *Pseudomonas aeruginosa* Strain RP73. *Genome Announcements*. 1 (4): e00568-13.
2. Andrejko, M; Zdybicka-Barabas, A.; Janczarek, M. and Cytryńska, M. (2013).Three *Pseudomonas aeruginosa* strains with different protease profiles. *Acta Biochemical Polonica*. 60(1) 83–90.
3. Overhage J.; Bains, M.; Brazas, M. D. and Hancock, R. E. W. (2008). Swarming of *Pseudomonas aeruginosa* is a Complex Adaptation Leading to Increased Production of Virulence Factors and Antibiotic Resistance. *J. Bacteriol.* 190(8): 2671–2679.
4. Ortiz-Severín, J.; Varas, M.; Bravo-Toncio, C. Giuliani, N. and Chávez, F. (2015). Multiple antibiotic susceptibility of polyphosphate kinase mutants (*ppk1* and *ppk2*) from *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 as revealed by global phenotypic analysis. *Biological Res.* 22-48: 1-6.
5. دلول ؛ رياض عبدالحسين و محمود ؛ الاे محمد (2015). دراسة مقاومة بكتيريا *Pseudomonas aeruginosa* لمضادات الكوينولونات. *مجلة ديالى للعلوم الصرفة* . 11 (2):1-6.



6. Sonbol, F. I.; Khalil, M. A. E.; Mohamed, A.B. and Ali, S.S. (2015). Correlation between antibiotic resistance and virulence of *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates. Turkish J. of Med. Sci. 45: 568-577.
7. Cowell , B. A.; Twining, S. S. ; Hobden, J. A.; Kwong, M. S. F.and Fleiszig, S.M. J. (2003). Mutation of *lasA* and *lasB* reduces *Pseudomonas aeruginosa* invasion of epithelial cells. Microbiology. 149: 2291–2299.
8. Yu,H.; He, X.; Xie, W.; Xiong, J., Sheng, H.; Guo,S.; Huang, C.; Zhang,D. and Zhang, K. (2014). Elastase LasB of *Pseudomonas aeruginosa* promotes biofilm formation partly through rhamnolipid-mediated regulation. Can. J. Microbiol. 60: 227–235.
9. Baron, E. J., Finegold, S. M. and Peterson, I. L. R. (2007).Bailey and Scott's Diagnostic Microbiology. 9<sup>th</sup> ed. Mosby Company. Missouri.
10. Sambrook, J. and Rusell, D. W. (2001). Molecular cloning a laboratory manual. Cold spring Harbor, NY: cold spring Harbor Laboratory press.
11. Hall, T. A. (1999). Bioedit: a user -friendly biological sequence alignment editor and analysis program windows 95/98/ N. Nucl. Acids. Symp. Ser. 41:95-98.
12. Mitov, I. M.; Tanya, S. and Boyka, M. (2010). Prevlece of virulence gene among Bulgarian nosocomial and cystic fibrosis isolates of *Pseudomonas aeruginosa*. J. Microbiol. 41(3): 588-595.
13. Cotar, A. I.; Chifiriu, M. C.; Dinu, S.; Bucur, M.; Iordache C.; Banu, O.; Dracea, O.; Larion, C. and Lazar, V. (2010). Screening of Molecular Virulence Markers in *Staphylococcus aureus* and *Pseudomonas aeruginosa* Strains Isolated from Clinical Infections. Department of Microbiology, Faculty of Biology, University of Bucharest. Int. J. Mol. Sci. 1:5273-5291.
14. Hua, Y.; He, X.; Xie, W.; Xiong, J.; Sheng, H.; Guo, S.; Huang, C.; Zhang, D. and Zhang, K. (2014). Elastase LasB of *Pseudomonas aeruginosa* promotes biofilm formation partly through rhamnolipid-mediated regulation. Can. J. Microbiol. 60 (4):227-235.
15. Garalla, E.T. (2015). Molecular analysis of some virulence gene of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from cystic fibrosis and non-cystic fibrosis sources. Thesis University of Mustansriyah , College of Science.
16. Lmhof, M. and Schlotterer, C. (2001). Fitness effects of advantageous mutation in evolving *Escherichia coli* populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA.98 (3).1112-1128.



شكل (1) : النسبة المئوية لامتلاك بكتيريا *Pseudomonas aeruginosa* لجين *LasB*



شكل (2) : التر Higgins الكهربائي لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* باستعمال 1.5 % من الاكاروز وبفرق جهد 75 فولت لمدة ساعة . C : السيطرة ; M (100-2000) bp : Marker ; 1- 17 العزلات .



Query 12	GCCGAGTTCTA-ATGCGCGCAAGAACGACTTCCTGATCGCTACGACATCAAGAAGGGC	70
Sbjct 4169373 4169314	GCCGAGTTCTATATGCGCGCAAGAACGACTTCCTGATCGCTACGACATCAAGAAGGGC	
Query 71	AGCGGTGCGTTGCGCTACATGGACCAGCCCAGCCGCGACGGCGATCCATCGACAACGCC	130
Sbjct 4169313 4169254	AGCGGTGCGCTGCGCTACATGGACCAGCCCAGCCGCGACGGCGATCCATCGACAACGCC	
Query 131	TCGCAGTACTACAACGGTATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACCGTGCCTTC	190
Sbjct 4169253 4169194	TCGCAGTACTACAACGGCATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACCGTGCCTTC	
Query 191	TACCTGCTGGCCAACTCGCCGGGCTGGGATACCGCAAGGCCCTCGAGGTGTTCGTCGAC	250
Sbjct 4169193 4169134	TACCTGTTGGCCAATTGCCGGGCTGGGATACCGCAAGGCCCTCGAGGTGTTCGTCGAC	
Query 251	GCCAACCGCAACAAACTGGACC	272
Sbjct 4169133	GCCAACCGCTACTA-CTGGACC	4169113

شكل (3): التسلسل التتابعي لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* (العزلة الاولى) مقارنة مع الجين الاولي [www.Ncbi.nlm.gov](http://www.Ncbi.nlm.gov) الموجود في الموقع *Pseudomonas aeruginosa PAO10* (ID:NC002516.21)



Query 16	CGAGTTTC-ATATGCGCGAAAGAACGAATTCCGTACGGCTACGACATCAAGAAGGGCAG	74
Sbjct 4169371 4169312	CGAGTTCTATATGCGCGCAAGAACGACTTCCTGATCGGCTACGACATCAAGAAGGGCAG	
Query 75	CGGTGCGCTGCGCTACATGGACCAGCCCAGCCGCAGGGCGATCCATCGACAACGCGTC	134
Sbjct 4169311 4169252	CGGTGCGCTGCGCTACATGGACCAGCCCAGCCGCAGGGCGATCCATCGACAACGCGTC	
Query 135	GCAGTACTACAACGGCATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACCGTGCCTCTA	194
Sbjct 4169251 4169192	GCAGTACTACAACGGCATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACCGTGCCTCTA	
Query 195	CCTGTTGCCAATTGCCGGCTGGGATAACCGCAAGGCCTTCGAGGTGTTCGTCGACGC	254
Sbjct 4169191 4169132	CCTGTTGCCAATTGCCGGCTGGGATAACCGCAAGGCCTTCGAGGTGTTCGTCGACGC	
Query 255	CAACCGCTACTACTGGACC	273
Sbjct 4169131	CAACCGCTACTACTGGACC	4169113

شكل (4): التسلسل التتابعي لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* (العزلة الثانية) مقارنة مع الجين الاصلي [www.Ncbi.nlm.gov](http://www.Ncbi.nlm.gov) الموجود في الموقع *Pseudomonas aeruginosa PAO10* (بكتيريا ID:NC002516.21)



Query 5	GCGA-GCTGACGGAGTTC-ATATGCGCGCAAGAACGACTTCCTGATCGGCTACGACATCA	62
Sbjct 4169381 4169322	GCGAGGCTGCCAGTTCTATATGCGCGCAAGAACGACTTCCTGATCGGCTACGACATCA	
Query 63	AGAAGGGCAGCGGTGCGCTGCCTACATGGACCAGCCCAGCCGACGGCGATCCATCG	122
Sbjct 4169321 4169262	AGAAGGGCAGCGGTGCGCTGCCTACATGGACCAGCCCAGCCGACGGCGATCCATCG	
Query 123	ACAACCGCTCGCAGTACTACAACGGCATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACC	182
Sbjct 4169261 4169202	ACAACCGCTCGCAGTACTACAACGGCATCGACGTGCACCACTCCAGCGCGTGTACAACC	
Query 183	GTGCGTTCTACCTGTTGCCAATTGCCGGCTGGGATACCGCAAGGCCTTCGAGGTGT	242
Sbjct 4169201 4169142	GTGCGTTCTACCTGTTGCCAATTGCCGGCTGGGATACCGCAAGGCCTTCGAGGTGT	
Query 243	TCGTCGACGCCAACCGCTACTACTGGACCACAAACAGCAACTACAACAGCGGCCTGCG	302
Sbjct 4169141 4169082	TCGTCGACGCCAACCGCTACTACTGGACCACAGCAACTACAACAGCGGCCTGCG	
Query 303	GGGTGATTGCTCGCGCAAACCGCAACTACTCGCGGCTGACGTACCCGGCGTTCA	362
Sbjct 4169081 4169022	GGGTGATTGCTCGCGCAAACCGCAACTACTCGCGGCTGACGTACCCGGCGTTCA	
Query 363	GCACCGTCGGCGTGACCTGCCGAGCGCGTTGTAAGCTCGTGGTCCCGGCTGGCACTCC	422
Sbjct 4169021 4168962	GCACCGTCGGCGTGACCTGCCGAGCGCGTTGTAAGCTCGTGGTCCCGGCGACTCC	
Query 423	AGGAAGGAATGCCGGTCGGGTCTCTCAAGCCGGTTCCGCTAGGAGGGCGGCTGCTTTA	482
Sbjct 4168961 4168902	AGGAAGGAATGCCGGTCGGGTCTCTCAAGCCGTCTCCGCCAGGAGGGCGGCTGCTTTA	
Query 483	TGTCTCTGGTGCCGTTGGCCTC 505	
Sbjct 4168901	TGTCTCTGG-GCCGTTGGCCTC 4168880	

شكل (5): التسلسل التتابع لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* (العزلة الثالثة) مقارنة مع الجين الأصلي www.Ncbi.nlm.gov الموجود في الموقع *Pseudomonas aeruginosa PAO10* (ID:NC002516.21)

**Query 1**

SGALRYMDQPSRDGRSIDNASQYYNGIDVHHSSGVYNRAFYLLANSPGWDTRKAFEVFVD

**Subject 1**

SGALRYMDQPSRDGRSIDNASQYYNGIDVHHSSGVYNRAFYLLANSPGWDTRKAFEVFVD

شكل (6): نتائج تحليل ترجمة الاحماض الامينية لجين *LasB* في بكتيريا *P. aeruginosa* (العزلة الاولى) مقارنة مع الحامض الاميني الاصلی.



## DNA Sequences of *LasB* Gene in *Pseudomonas aeruginosa* Isolated from Some Clinical Cases

Rana M. A. Al-Shwaikh

\*Dept. of Biology, College of Education For Pure Science Ibn-Al Haitham,  
University of Baghdad

Received in :11October 2015 Accepted in :15December2015

### Abstract

Out of 120 isolates from different clinical cases, only 75 were found and confirmed that they belong to the *Pseudomonas aeruginosa* bacteria. The result revealed that the *LasB* virulent gene was present in 63 isolates with 63% percentage. The gel electrophoresis showed that the molecular weight of *LasB* gene was 300 bp. DNA sequences of *LasB* gene was done, and the results showed the presence of some gene mutations like substitution, addition and deletion with 97% identity with the Refseq gene. From the other side, the results of identities of translated nucleotides sequence with the original sequence of amino acids revealed that there are no effects of gene mutations on translation of the product protein.

**Key word:** - *Pseudomonas aeruginosa*, *LasB* gene, Sequencing.