

## تعیین ژنوتایپ غالب *Helicobacter pylori* در بیماران مبتلا به زخم های دستگاه گوارش فوقانی در شهرستان تنکابن

مرضیه دلیرکوهی<sup>۱</sup>، مهدی آسمار<sup>\*۲</sup>، نورامیر مظفری<sup>۳</sup>

۱- دانشگاه آزاد اسلامی واحد لاهیجان، دانشکده علوم پایه، گروه میکروبیولوژی، لاهیجان، ایران، صندوق پستی: ۱۶۱۶

۲-<sup>\*</sup>انستیتو پاستور ایران، گروه انگل شناسی، تهران، ایران، صندوق پستی: ۱۳۱۶۹۴۳۵۵۱

۳- دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی- درمانی ایران، گروه میکروبیولوژی، تهران، ایران.

mehdiassmar@yahoo.com

### چکیده

*Helicobacter pylori* در موکوس معده کلونیزه می شود و انواعی از تظاهرات بالینی در دستگاه گوارشی فوقانی ایجاد می کند، نتایج بالینی عفونت *Helicobacter pylori* ممکن است در ارتباط با وجود یا عدم وجود ژن *cagA* یا *iceA* باشد. به منظور بررسی وجود ژن *cagA* و *iceA* در سویه های *Helicobacter pylori* مرتبط با گاستریت، زخم معده و زخم اثنی عشر، ۸۰ نمونه بیوپسی از بیماران آلوده به *Helicobacter pylori* تهیه گردید. برای نمونه های بیوپسی تست اوره آز گذاشته شد که *Helicobacter pylori* از ۲۵ بیمار جداسازی شد نمونه ها در فریزر ۲۰- نگهداری شد، بعد از استخراج DNA حضور ژن های *cagA* و *iceA* با روش Allelic specific PCR بررسی شد. از میان نمونه های مورد بررسی ۲۵ مورد هلیکوباکتریلوری جداسازی شده پس از انجام PCR فراوانی ژن *iceA* در سویه های مرتبط با گاستریت، زخم معده و زخم اثنی عشر به ترتیب برابر بود با: ۲۵٪، ۵۰٪ و ۲۵٪. آلل *iceA*<sub>۱</sub> با ۷۵٪ دارای بیشترین فراوانی بود. فراوانی ژن *cagA* در سویه های مرتبط با گاستریت، زخم معده و زخم اثنی عشر به ترتیب برابر ۳۶/۳۶٪، ۵۰٪، ۱۶/۱۶٪ بود. با توجه به نتایج این مطالعات می توان استنباط نمود که وجود ژن *cagA* در سویه های *Helicobacter pylori* می تواند منجر به نوع شدید بیماری از جمله زخم های پپتیک گردد، اما در مجموع نمی توان ژنی از این باکتری را به عنوان شاخص برای تعیین سرانجام بالینی عفونت با *Helicobacter pylori* پیشنهاد نمود و اختلاف بروز ژن *iceA* در مطالعه و نیز اختلاف نوع ژن در فرم های بالینی در کشورهای مختلف را می توان به انتشار جغرافیایی مرتبط دانست.

کلمات کلیدی: تنکابن، *Helicobacter pylori*، ژن *cagA*، ژن *iceA*، زخم پپتیک.

## مقدمه

*Helicobacter pylori* یک باکتری مارپیچی است که در مخاط معده و اثنی عشر زیست می کند. این باکتری در ایجاد التهاب معده و اثنی عشر و شکل گیری زخم های پپتیک دخالت دارد (۲۲ و ۱۶).

بر اساس نتایج مطالعات مختلف می توان گفت که فاکتورهای محیطی، خصوصیات ژنتیکی میزبان و فاکتورهای بیماریزایی باکتری در نتیجه نهایی بیماران ممکن است سهم باشند (۹، ۲۲ و ۲۴).

از جمله عواملی که بیشتر مورد توجه قرار گرفته است فاکتورهای بیماریزایی نظیر فلاژل، ادهسین، سیتوتوکسین واکوئل زا و ... می باشند که اصلی ترین آنها ژنهای *cagA* و *iceA* می باشد (۹ و ۲۴). یکی از عملکردهای مهم عناصر کدشونده توسط جزیره پاتوژنیسته *cag*، فعال کردن و تحریک واکنش های ایمنی می باشد که از آن جمله می توان به فعال شدن فاکتورهای رونویسی از قبیل  $AP-1^3$ , NFkB, اشاره نمود. فعال شدن این فاکتورهای رونویسی باعث بیان ژن های متعددی شامل ژن های سرطانزا، ژن های کد کننده کموکاین ها و نیز ژن های فعال کننده چرخه های آنتی آپوپتوزیس می گردند (۱۴، ۱۸، ۱۹ و ۲۰). برخی از ژن های *cag*، پروتئین های مربوط به سیستم های ترشحی را کد می کنند (۲۳، ۲۵، ۲۸ و ۲۹). یکی از ژن های مربوط به این جزیره *cagA+* می باشد.

عفونت با سویه های حاوی ژن *cagA* با بیماری زخم معده، گاستریت آتروفیک و سرطان معده مرتبط می باشد. مطالعات اخیر نشان داده اند که *cagA* از بیش از ۳۰ ژن تشکیل شده است و اهمیت محصولات این ژن ها در تحریک پاسخ های کموکین اپتیلوم معده به اثبات رسیده است (۱۷). در کشورهای غربی

آلودگی با سویه های *cagA* مثبت، به عنوان مارکری همراهی با زخم های معده، اثنی عشر و سرطان معده دیده شده است اما در کشورهای آسیایی چون اکثر افراد آلوده شده با *Helicobacter pylori* سویه های *cagA* مثبت هستند همراهی و ارتباط میان سویه های *cagA* مثبت و عواقب بیماری مشخص نمی باشد (۲۱). اما ژن *iceA* اخیراً به عنوان یک شاخص ژنتیکی برای پیشرفت و تکامل بیماری زخم اثنی عشر در شرق شناخته شده است. این ژن توسط Peek و همکارانش معرفی شد (۲۴). *iceA* دارای دو آلل *iceA*<sub>1</sub> و *iceA*<sub>2</sub> می باشد. آلل *iceA*<sub>1</sub> پروتئین مشابه آنزیم اندونوکلئاز nlaIIIR در *Neisseria lactamica* را کد می کند و *iceA*<sub>2</sub> پروتئین با ۵۹ اسید آمینه را کد می کند و به *iceA*<sub>1</sub> وابسته نیست (۷)، بیان یکی از این دو به شیوع جغرافیایی بستگی دارد (۵ و ۸).

در این مطالعه وجود ژن *cagA* و *iceA* در سویه های *Helicobacter pylori* مرتبط با بیماری های گاستریت و زخم های پپتیک مطالعه شد. با توجه به اینکه در شهرستان تنکابن هیچگونه مطالعه ای مولکولی مبنی بر تعیین ژنوتایپ این باکتری انجام نشده است لذا من بر آن شدم با تعیین ژنوتایپ غالب باکتری مزبور شناسنامه ژنتیکی این باکتری را مشخص نمایم تا بر اساس نتایج حاصله بتوان در آینده گامهای مؤثری را در پیشگیری از این بیماری برداشت.

جهت استخراج DNA از کیت استفاده شد High pure PCR Template preparation kit که از شرکت دید تازه در ایران خریداری شد. پس از استخراج DNA هر نمونه تا انجام PCR در دمای  $20^{\circ}\text{C}$  - نگهداری گردید. توالی پرایمرهای اختصاصی جهت تکثیر بخشی از قطعه ژن *cagA* و *iceA*<sub>1</sub>، *iceA*<sub>2</sub> و *iceA* که در مطالعات قبلی طراحی گردیده است در جدول ۱ آمده است. رفرنس مقالاتی که این پرایمرها از آن استخراج شده در جدول آمده است.

### مواد و روش ها

در این مطالعه ۸۰ نمونه بیوپسی از بیماران با مشکلات فوقانی دستگاه گوارش توسط پزشک متخصص بخش اندوسکوپی بیمارستان شهید رجائی تنکابن تهیه گردید. روی نمونه های بیوپسی تست اوره آز انجام شد. نمونه های بیوپسی اوره آز مثبت داخل ویال های کوچک حاوی سرم فیزیولوژی در فریزر  $20^{\circ}\text{C}$  - جهت استخراج DNA و انجام کارهای مولکولی نگهداری شدند.

جدول ۱: پرایمرهای مورد استفاده و سکوانس آنها

پرایمر	سکوانس ۵' → ۳'	محصول PCR	رفرنس
<i>iceA</i>	GATCATGGCCTACAACCGCATGGA GGGTGCGATTTGCGTGGGCGATG	۹۷۴	۳۱
<i>iceA</i> <sub>1</sub>	CTATAGCCAGTCTCTTTGCA GTGTTTTTAACCAAAGTATC	۲۴۶	۴
<i>iceA</i> <sub>2</sub>	GTTGGGTATATCACAATTTAT TTGCCCTATTTCTAGTAGGT	۳۳۴	۴
<i>CagA</i>	GATCTCGGTGGGTCTTTTC TCTTTACGGCATTGTTCA	۵۰۶	۱۱

جهت تکثیر قطعه مورد نظر از ژن، از مواد زیر استفاده گردید.

جدول ۲: مواد مورد استفاده جهت تکثیر قطعه مورد نظر از ژن

PCR buffer	2.5 μ
Mgcl <sub>2</sub>	2.5μ
Primer F	2μ
Primer R	2μ
dNTP	2μ
Tag DNA polymerase	2μ
DNA	1μ

تکثیر قطعه مورد نظر در دستگاه ترموسایکلر طبق برنامه زیر انجام گردید.

جدول ۳: برنامه PCR ژن cagA

Cycle	Time (min)	temperature	Definition	Step	program
1	8	94	Heat start	۱	Prog.1
40	1	94	Denaturation	1	Prog.2
40	1	57	Annaling	2	
40	1	72	Extension	3	
1	7	72	Final extension	1	Prog.3

جدول ۴: برنامه PCR ژن iceA

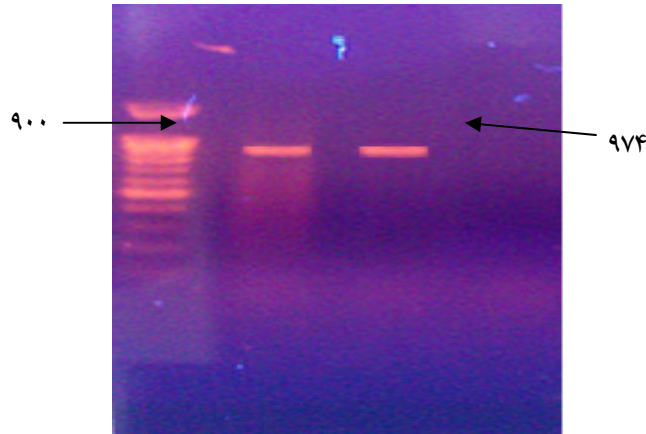
Cycle	Time (min)	temperature	Definition	Step	program
1	5	94	Heat start	۱	Prog.1
35	1	94	Denaturation	1	Prog.2
35	1	57	Annaling	2	
35	2	72	Extension	3	
1	5	72	Final extension	1	Prog.3

جدول ۵: برنامه PCR ژن iceA<sub>1</sub> و iceA<sub>2</sub>

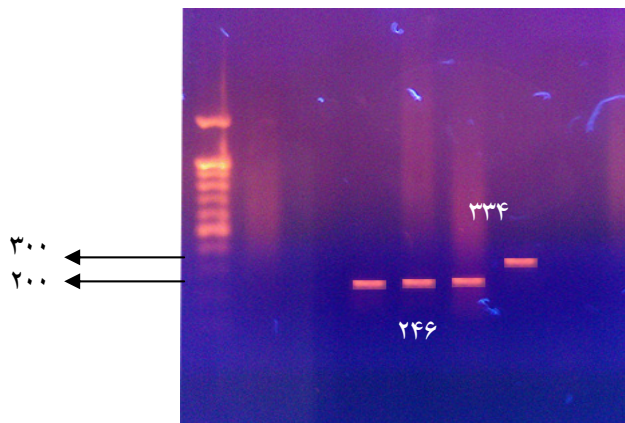
Cycle	Time (min)	temperature	Definition	Step	program
1	5	94	Heat start	۱	Prog.1
35	1	94	Denaturation	1	Prog.2
35	1	57	Annaling	2	
35	1	72	Extension	3	
1	5	72	Final extension	1	Prog.3

لومیناتور مشاهده گردید. برای انجام الکتروفورز از ولتاژ ۷۰ با مدت زمان ۵۵ دقیقه استفاده کردیم.

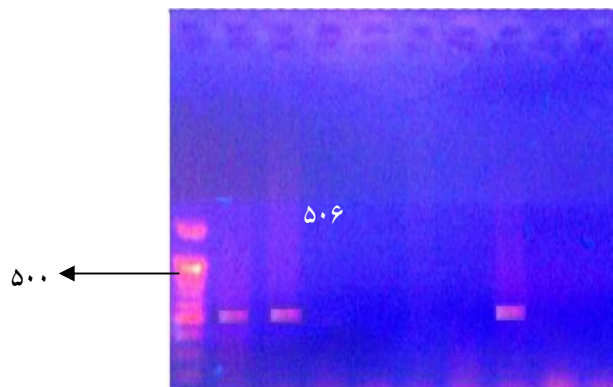
محصول به دست آمده از PCR در ژل ۱ درصد آگارز رنگ آمیزی شده با اتیدیوم بروماید الکتروفورز گردید و سپس باندها با استفاده از UV ترانس



شکل ۱: تصویر ژل الکتروفورز محصول PCR مربوط به قطعه ۹۷۴ جفت بازی ژن *iceA*



شکل ۲: تصویر ژل الکتروفورز محصول PCR مربوط به قطعه ۲۴۶ جفت بازی ژن *iceA*<sub>۱</sub> و ۳۳۴ جفت بازی ژن *iceA*<sub>۲</sub>



شکل ۳: تصویر ژل الکتروفورز محصول PCR مربوط به قطعه ۵۰۶ جفت بازی ژن *cagA*

نتایج

از ۸۰ نمونه بیوپسی، ۲۵ مورد مثبت به دست آمد که ۸ نمونه مربوط به افراد مبتلا به گاستریت، ۷ نمونه مربوط به افراد مبتلا به زخم اثنی عشر و ۱۰ نمونه مربوط به افراد مبتلا به زخم معده بود. بعد از PCR باندهای به دست آمده با اندازه ۹۷۴ جفت باز به عنوان قطعه مورد نظر از ژن *iceA*، ۲۴۶ باز از ژن *iceA*<sub>1</sub>، ۳۳۴ جفت باز از ژن *iceA*<sub>2</sub> و ۵۰۶ جفت باز از ژن *CagA* در نظر گرفته شدند و به عنوان سویه های

واجد این ژن ها در نظر گرفته شدند. در کل در میان ۲۵ مورد سویه اوره آژ مثبت که PCR شدند ۴ مورد (*iceA* ۱۶٪) مثبت که از این ۴ مورد ۳ مورد (*iceA*<sub>1</sub> ۷۵٪) و ۱ مورد (*iceA*<sub>2</sub> ۲۵٪) بودند و ۹ مورد (*CagA* ۳۶٪) مثبت شدند. در این بررسی مشخص شد که فراوانی *cagA* از *iceA* بیشتر است. فراوانی این ژن ها در سویه های مرتبط با هر گروه در جدول زیر نشان داده شده است.

جدول ۶: میزان *iceA*<sub>1</sub>، *iceA*<sub>2</sub> و *CagA* در سویه های جدا شده از ۳ گروه مختلف از بیماران مورد مطالعه فراوانی ژن

IceA <sub>2</sub>				iceA <sub>1</sub>				CagA				نوع ژن
درصد	-	+	تعداد کل <i>iceA</i> مثبت	درصد	-	+	تعداد کل <i>iceA</i> مثبت	درصد	-	+	تعداد کل	فراوانی / نوع بیماری
۰	۱	۰	۱	۱۰۰	۰	۱	۱	۳۶/۳۶	۷	۴	۱۱	گاستریت (Gast)
۰	۱	۰	۱	۱۰۰	۰	۱	۱	۱۶/۶۶	۵	۱	۶	زخم اثنی عشر (DU)
۵۰	۱	۱	۲	۵۰	۱	۱	۲	۵۰	۴	۴	۸	زخم معده (GU)

آن در جداول زیر آورده شده است:

ما فراوانی این ژنها را بر حسب گروه سنی - جنس - محل سکونت و ... هم بررسی کردیم که نتایج آماری

جدول ۷: میزان فراوانی ژن *cagA* در بیماران مبتلا به زخمهای گاستروئودنال در شهرستان تنکابن بر حسب جنس و نوع بیماری

جمع				زن				مرد				جنس
درصد	-cagA	+cagA	تعداد	درصد	-cagA	+cagA	تعداد	درصد	-cagA	+cagA	تعداد	فراوانی / نوع بیماری
۳۶/۳۶	۷	۴	۱۱	۰	۴	۰	۴	۵۰	۴	۴	۸	گاستریت (Gast)
۱۶/۶۶	۵	۱	۶	۳۳/۳۳	۲	۱	۳	۰	۴	-	۳	زخم اثنی عشر (DU)
۵۰	۴	۴	۸	۲۰	۴	۱	۵	۱۰۰	-	۳	۳	زخم معده (GU)

جدول ۸: فراوانی ژن *cagA* در بیماران مبتلا به زخم‌های گاستروئودنال بر حسب محل سکونت

محل سکونت				روستا				شهر				فراوانی نوع بیماری
جمع	درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	
۵۰	۴	۴	۸	۳۳/۳۳	۲	۱	۳	۶۰	۲	۳	۵	GU
۳۳/۳۳	۴	۲	۶	۵۰	۱	۱	۲	۲۵	۳	۱	۴	DU
۳۶/۳۶	۷	۴	۱۱	۰	۲	-	۲	۴۴/۴۴	۵	۴	۹	Gast

جدول ۹: میزان فراوانی ژن *iceA* در بیماران مبتلا به زخم‌های گاستروئودنال در شهرستان تنکابن بر حسب جنس و نوع بیماری

جمع				زن				مرد				جنس فراوانی نوع بیماری
درصد	- <i>cagA</i>	+ <i>cagA</i>	تعداد	درصد	- <i>cagA</i>	+ <i>cagA</i>	تعداد	درصد	- <i>cagA</i>	+ <i>cagA</i>	تعداد	
۱۸/۱۸	۹	۲	۱۱	۰	۴	۰	۴	۲۵	۶	۲	۸	گاستریت (Gast)
۰	۶	۰	۶	۰	۴	۰	۴	۰	۳	۰	۳	زخم‌اثنی عشر (DU)
۲۵	۶	۲	۸	۲۰	۴	۱	۵	۳۳/۳۳	۲	۱	۳	زخم معده (GU)

جدول ۱۰: فراوانی ژن *iceA* در بیماران مبتلا به زخم‌های گاستروئودنال بر حسب محل سکونت

محل سکونت				روستا				شهر				فراوانی بیماری
جمع	درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	
۱۸/۱۸	۹	۲	۱۱	۰	۲	۰	۲	۲۲/۲۲	۷	۲	۹	گاستریت
۲۵	۶	۲	۸	۳۳/۳۳	۲	۱	۳	۲۰	۴	۱	۵	GU
۰	۶	۰	۶	۰	۲	۰	۲	۰	۴	۰	۴	DU

جدول ۱۱: میزان فراوانی ژن  $iceA_1$  و  $iceA_2$  در بیماران مبتلا به زخم‌های گاستروئودنال در شهرستان تنکابن

بر حسب نوع ژن و نوع بیماری

$iceA_2$				$iceA_1$				ژن
درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	فراوانی نوع بیماری
۵۰	۱	۱	۲	۵۰	۱	۱	۲	گاستریت (Gast)
۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	زخم اثنی عشر (DU)
۰	۲	۰	۲	۱۰۰	۰	۲	۲	زخم معده (GU)

جدول ۱۲: مقایسه فراوانی ژن  $cagA$  و  $iceA$  در بیماران مبتلا به زخم‌های گاستروئودنال بر حسب گروه سنی

$iceA$				$cagA$				ژن
درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	فراوانی نوع بیماری
۰	۷	-	۷	۲۸/۵۷	۵	۲	۷	۱۴-۳۵
۱۶/۶۶	۱۰	۲	۱۲	۴۱/۶۶	۷	۵	۱۲	۳۶-۵۷
۳۳/۳۳	۴	۲	۶	۳۳/۳۳	۴	۲	۶	۵۸-۷۹

جدول ۱۳: میزان فراوانی ژن  $cagA$  و  $iceA_1$  و  $iceA_2$  در سویه‌های جدا شده از ۳ گروه مختلف از بیماران مورد مطالعه

جمع				روستا				شهر				ژن
درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	درصد	-	+	تعداد	فراوانی نوع بیماری
۰	۱	۰	۱	۱۰۰	۰	۱	۱	۳۶/۳۶	۷	۴	۱۱	گاستریت (Gast)
۰	۱	۰	۱	۱۰۰	۰	۱	۱	۱۶/۶۶	۵	۱	۶	زخم اثنی عشر (DU)
۵۰	۱	۱	۲	۵۰	۱	۱	۲	۵۰	۴	۴	۸	زخم معده (GU)

از کشورهای مختلف متفاوت می‌باشد. Raymond و

همکاران در آمریکا گزارش کردند که فقط ۶۶ درصد از سویه‌های *Helicobacter pylori* حامل ژن  $CagA$  می‌باشند (۲۶). در مطالعه دیگری که در سال ۲۰۰۵ در کشور برزیل توسط Luciane و همکاران صورت گرفت میزان فراوانی ژن  $CagA$  در سویه‌های

### بحث

همانطور که در نتایج اشاره شد از ۲۵ نمونه اوره آز مثبت، ۴ مورد (۱۶ درصد) حاوی ژن  $iceA$  که از این ۴ مورد، ۳ نمونه  $iceA_1$  مثبت (۷۵ درصد) و ۱ مورد  $iceA_2$  مثبت (۲۵ درصد) بودند و ۹ مورد (۳۶ درصد) حاوی ژن  $CagA$  بودند اما این میزان با فراوانی این ژن‌ها در سویه‌های *Helicobacter pylori* جدا شده



جداسازی شد  $iceA_1$  غالب با ۶۷٪ و در ایالات متحده  $iceA_2$  با ۷۵٪ غالب است (۳۳). کلاً در آسیا به دلیل انتشار جغرافیایی یا فاکتورهای دیگر  $iceA_1$  غالب تر است.

در مطالعه ما مثل مطالعات افراد دیگر که ذکر کردیم فراوانی  $cagA$  از  $iceA$  بیشتر بود. مثلاً میزان  $cagA$  ۳۶٪ بود که بطور حدودی با مطالعه ای که Luciane و همکاران او در برزیل انجام دادند و فراوانی  $cagA$  را ۴۸٪ بدست آوردند مشابه است.

اما فراوانی  $iceA$  ما ۱۶٪ شد یعنی فقط ۴ نمونه مثبت بدست آوردیم که این نتیجه با نتایج افراد دیگر همسو نیست این آزمایش چندین بار صورت گرفت و هر بار همین تعداد مثبت بدست آمد که دلایلی از قبیل ژنتیک، انتشار جغرافیایی، نوع غذا و ... می تواند نقش داشته باشد. اینکه نقش غذا به چه صورت است نظر به عادت غذایی خاص مناطق شمال و شیوع زیاد این میکروب در این مناطق می توان گفت شاید سویه های جدیدتری از این میکروب با ژنهای بیماریزایی دیگری در این مناطق شایع باشد. اما از این ۴ نمونه  $iceA$  مثبت ۳ مورد آن آلل  $iceA_1$  را داشتند که نشان می دهد در مطالعه ما مثل مطالعه خانم توحیدی، دکتر شیرازی و ...  $iceA_1$  غالب بوده است.

### سپاسگزاری

بدینوسیله از کلیه کسانی که در اجرای این تحقیق ما را یاری نمودند نهایت تشکر را داریم.

*Helicobacter pylori* ۴۸ درصد گزارش شده است (۱۵).

Janchang و همکارانش نشان دادند که فراوانی  $CagA$  در سویه های *Helicobacter pylori* در کشور چین ۹۳/۹ درصد می باشد (۱۳). در مطالعه دیگری که توسط Aydin و همکاران در ترکیه انجام گرفته است میزان فراوانی  $CagA$  در سویه های جدا شده از مبتلایان به زخم های پپتیک را ۷۳/۳ درصد و در بیماران مبتلا به NUD را ۴۷٪ گزارش کردند (۶). در مطالعه ای که دکتر محمد حسین شیرازی در سال ۸۵ در ایران در بیمارستان شریعتی انجام دادند ۶۴/۷ درصد سویه های جدا شده از بیماران مبتلا به NUD حاوی ژن  $CagA$  بودند (۲).

در مطالعه دیگری که توسط Arents و همکاران در کشور هلند به دست آمده فراوانی  $CagA$  در بیماری زخم معده نسبت به بیماری های دیگر غالب بوده است (۳).

ژن  $iceA_1$  و  $iceA$  توسط VanDoom و همکاران وی در هلند مورد مطالعه قرار گرفت و پس از بررسی روی ۹۴ نمونه ارتباط آلل  $iceA_1$  و زخم معده گزارش گردید (۳۱).

اما در مطالعات انجام شده در آمریکا، ژاپن، کره، کلمبیا و آلمان ارتباطی بین ژنوتایپ  $iceA_1$  و نتایج بالینی بیماری مشاهده نشد (۱۰، ۲۷، ۳۰ و ۳۲).

در مطالعه ای که توسط فاطمه توحیدی در بابل صورت گرفت در نهایت آلل  $iceA_1$  با فراوانی ۷۰٪ آلل غالب شناخته شد (۱).

در مطالعه ای که Hwai-Jenglin در تایوان انجام دادند متوجه شدند که آلل  $iceA_1$  غالب است (۱۲). در آلل هایی که از بیماران در ژاپن و کره

9. Covacci, A.; Gensini, S. and Bagnoli, M., 1993. Molecular characterization of the 128- KDa immunodominant antigen of *Helicobacter Pylori* associated with cytotoxicity and duodenal ulcer. Proct Natl Acad Sci USA: 90: 5791-5795.
10. Covacci, A.; Telford, J.L. and Del Giudice, G., 1999. *Helicobacter pylori* virulence and genetic geography. 284: 1328-1333.
11. Gregory, G.S.; Dee, S. and Robert, K., 1997. PCR- RFLP typing *Helicobacter Pylori* isolated from gastric biopsies during a European multi country clinical trial. J Antimicrob chem. 40: 251-256.
12. Hwai-Jeng lin.; chin – lin peng. and wen-chinglo., 2004. *Helicobacter pylori* cagA, ice A and vac A genotypes in patients with gastric cancer in Taiwan. Word J Gastro enterol; 10(17): 2493-2497.
13. Jianchang, Z. ; Jianzhong, Z. and Capiu, X., 2004. Cag A genotype and variants in Chinese *Helicobacter pylori* strains and relationship to gastroduodenal disease. J Med Microbiol; 53: 231-235.
14. Keates, S.; Keates, A.C. and Wamy, M., 1999. Differential activation of mitogen-activated protein kinases in AGS tastric epithelial cells by cag + and cag – *Helicobacter pylori*. J Immunol, 163: 5552-5559.
15. Luciano, L.G.; Elen kris, F.S. and Ka tia, R.L., 2005. CagA, vacA alleles and bab2 genotypes of *Helicobacter pylori* associated with gastric disease in Brazillian adult patients. Diag Microbiol Inf Dis; 51: 231-235.
16. Marshall, B.J. and Warren, J.R.; 1984. Unidentified curved bacilli in the stomach of patients with gastritis and peptic ulceration. Lancet; 1: 1311-1315.
17. Marshall, B.; Warren, J.R. and Francis, G.J., Rapid urease test in the management of *campylobacter pylori* associated gastritis. American Journal of Gastroenterology.; 82: 200-21.

## منابع

۱. توحیدی، ف.، ۱۳۸۶. تعیین ژنوتایپ های cagA و iceA هلیکوباکتر پیلوری در بیماران مبتلا به زخم های گاستروئودونال در مراجعین به بیمارستان شهید بهشتی بابل. پایان نامهرشته میکروب شناسی مقطع کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی واحد لاهیجان.
۲. شیرازی، م.؛ قاسمی، ا. و خرمی زاد، م.، ۱۳۸۵. بررسی وجود ژن cagA در بیماران با دیس پپسی، زخم پپتیک و سرطان معده به روش PCR. مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی ایلام شماره ۱۴- سال سوم، صفحه ۵۹-۵۳.
3. Arents, N.L.; Vanzwet, A. and Thijsjc, 2001. The importance of vacA, cag A and iceA genotype of *Helicobacter pylori* infection in peptic ulcer disease and gastroesophagel reflux disease. The Am J Gastroentero; 96(9): 2606-2608.
4. Ashoar, A.; Colares, G.B. and Mendeze, N., 2001. IceA genotypes of *Helicobacter pylori* strains isolated from brazilian children and adults. J Clin microbiology; 39 (6): 1746-1750
5. Atherton, J.C. and Peek, R.M., 2002. Mosaicism in vacuolating cytotoxin alleles of *Helicobacter pylori*. J Biol chem., 270: 17771-17777.
6. Aydin, F.; Kaklikaya, N. and Ozguro, 2004. Distribution of VacA alleles and cag A status of *Helicobacter pylori* in peptic ulcer disease and non- ulcer dyspepsia. Clin Micobiol InF; 10: 12-18.
7. Bitten court, P.F.; Rocha, G.A. and Penna F.J., 2006. Gastroduodenal peptic ulcer and *Helicobacter pylori* infection in children and adolescents. J pediatri; 82(5): 3 325-340.
8. Ceufiyueiredo, M.; Quint, W.G.V.; Sanna, R.; Sablon, E.; Peek, R.M. and Vandoornlj, 2000. Genetic organization and heterogenexity of the iceA locus of *Helicobacter pylori*. Gene, 246: 58-59.

18. Maeda, S.; Yoshida, H. and Ogura, K., 2000. *H. pylori* activates NFκB through a signaling pathway involving I κB kinase, NFκB-inducing kinase, TRAF2, and TRAF 6 in gastric cancer cells. *Gastroenterology*, 119: 97-108.
19. Meyer-ter-vehn, T.; Covacci, A. and Kist, M., 2000. *Helicobacter pylori* activates mitogen-activated protein kinase cascades and induced expression of the proto-oncogene C-fos and c-jun. *J Biol Chem*, 270: 16064-16072.
20. Mitsuno, Y.; Yoshida, H. and Maeda, S., 2001. *Helicobacter pylori* induced transactivation of SRE and AP-1 through the ERK signaling pathway in gastric cancer cells. *Gut*, 49: 18-22.
21. Mohamed, R.; Ahmad, A. and Hana, 2005. Cag A gene variants in Malaysian *Helicobacter pylori* strains isolated from patients of different ethnic groups. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 44: 239-242.
22. Nomura, A.; Stemmermann, G.N. and Chyou, P.H., 1991. *Helicobacter pylori* infection and gastric carcinoma among Japanese Americans in Hawaii. *N Engl J Med*, 325: 1132-1136.
23. Odenbreit, S.; Puls, J. and Sedimaier, B., 2000. Translocation of *Helicobacter pylori* cag A into gastric epithelial cells by type IV secretion. *Science*, 287: 1497-500.
24. Peek, J.R. and Slaser, M., 2002. *Helicobacter pylori* and gastrointestinal tract adenocarcinomas, *Nat Rev Cancer*, 2: 28-37.
25. Queiroz, D.M.; Mendes, E.N. and Carvalho A.S.T., 2000. Factors associated with *Helicobacter Pylori* infection by a cag A – positive strain in children- *J infect Dis*, 181: 626-630.
26. Raymond, P.P.; Diane, S. and Wuerth, A., 2003. Analysis of the vac A, cag A, cag E, ice A and bab2 and gene in *Helicobacter pylori* from sixty – one pediatric patients from the Midwestern United States; 46: 83-88.
27. Rugge, M.; Busatto, G. and Gassaro, M., 1999. Patients younger than 40 years with gastric carcinoma: *Helicobacter pylori* genotype and associated gastritis phenotype. *Cancer*, 85: 2506-2511.
28. Segal, E.D.; Cha, J. and Lo, J., 1999. Altered states: involvement of phosphorylated cagA in the induction of host cellular growth changes by *Helicobacter pylori*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 96: 14559-14564.
29. Stein, M.; Rappuoli, R. and Covacci, A., 2000. Tyrosine phosphorylation of the *Helicobacter pylori* cagA antigen after cag-driven host cell translocation. *Proc Natl Acad Sci USA*, 97: 1263-1268.
30. Uemura, N.; Okamoto, S. and Yamamoto, S., 2001. *Helicobacter pylori* infection and the development of gastric cancer. *N Engl J Med*, 345: 784-789.
31. Van Doorn L.J.; Figueiredo, C. and Sanna, R., 1998. Clinical relevance of the cag A, vac A and ice A status of *Helicobacter pylori*. *Gastroenterology*, 115: 58-66.
32. Vandoorn, L.J.; Figueiredo, C. and Rossau, R., 1998. Typing of *Helicobacter pylori* vacA gene and detection of cagA gene by PCR and reverse hybridization. *J Clin Microbiol*, 36: 1271-1276.
33. Yamaoka, Y.; Kodama, T. and Gutierrez, 1999. Relationship between *Helicobacter pylori* iceA, cag A and vacA status and clinical outcome: studies in four different countries. *J Clin Microbiol*, 37: 2274-2279.