



پایان‌نامه‌ی کارشناسی ارشد: محسن محمدی، ۱۴۰۱

## بررسی حضور ژن های *vacA* و *ureAB* در هلیکوباکتر پیلوری جدا شده از بیماران مبتلا به زخم معده در شهرستان سبزوار

هلیکوباکتر پیلوری عامل اصلی بیماریهای گوارشی است. بیش از نیمی از جمعیت افراد بالغ در کشورهای توسعه یافته و 90% افراد در کشورهای در حال توسعه آلوده به هلیکوباکتر پیلوری هستند. عفونت ناشی از هلیکوباکتر پیلوری ممکن است با عوامل محیطی و ژنتیکی مرتبط باشد. هدف از این مطالعه بررسی فراوانی هلیکوباکتر پیلوری و ژن های *vacA* و *ureA* در نمونه های جدا شده از بیماران مبتلا به زخم معده بوده است.

مواد و روش کار: این مطالعه توصیفی- مقطعی بر روی 95 نمونه از بیماران مبتلا به زخم معده در شهرستان سبزوار انجام شد. پس از استخراج DNA با استفاده پرایمرهای اختصاصی دو ژن مورد نظر و آزمون PCR بررسی فراوانی صورت گرفت؛ در این مطالعه بر روی نمونه ها تست اوره آز نیز انجام شد. یافته ها: از مجموع 95 نمونه بیماران مبتلا به زخم معده ، 45/3 درصد از نمونه ها آلوده به هلیکوباکتر پیلوری بودند. حضور ژن *ureA* 4/28 درصد گزارش شده است. همچنین فراوانی ژن *vacA* 7/34 درصد گزارش گردید. در این مطالعه تست اوره آز 22/1 درصد نمونه ها مثبت شد. با توجه به آزمون کای اسکوئر انجام شده و آنالیز نتایج ارتباط معناداری بین آلودگی به هلیکوباکتر و حضور ژن ها با جنسیت مشاهده نشد. اما بین حضور ژن *vacA* و *ureA* و آلودگی به هلیکوباکتر پیلوری ارتباط معناداری وجود داشت.

**کلیدواژه‌ها:** هلیکوباکتر پیلوری، PCR، ژن *vacA*، ژن *ureA*، زخم معده، شهرستان سبزوار

شماره‌ی پایان‌نامه: ۱۲۷۲۹۰۷۹۱۱۹۱۷۳۷۱۴۰۰۱۶۲۴۵۸۰۰۸

تاریخ دفاع: ۱۴۰۱/۰۲/۲۰

رشته‌ی تحصیلی: ژنتیک

دانشکده: علوم پایه

استاد راهنما: دکتر علی اکبر جنت‌آبادی

### **M.A. Thesis:**

## Evaluation of the presence of *vacA* and *ureAB* genes in *Helicobacter pylori* isolated from patients with gastric ulcer in Sabzevar

*Helicobacter pylori* is the leading cause of gastrointestinal diseases. More than half of the adult population in developed countries and 90% of people in developing countries are infected with *Helicobacter pylori*. *Helicobacter pylori* infection may be related to



environmental and genetic factors. The aim of this study was to evaluate the frequency of *Helicobacter pylori* and *vacA* and *ureA* genes in isolated samples from patients with gastric ulcer.

**Materials & Methods:** This descriptive cross-sectional study was performed on 95 samples of patients with gastric ulcer in Sabzevar. After DNA extraction using specific primers of the two genes and PCR test was performed frequently; In this study, urease test was performed on the samples.

**Results:** Out of 95 samples of patients with gastric ulcer, 45.3% of the samples were infected with *Helicobacter pylori*. The presence of *ureA* gene was reported to be 28.4%. The frequency of *vacA* gene was 34.7%. In this study, 22.1% of the urease test was positive. According to the Chi-square test and analysis of the results, no significant relationship was observed between *Helicobacter pylori* infection and the presence of genes and gender. But there was a significant relationship between the presence of *vacA* and *ureA* genes and *Helicobacter pylori* infection.