

ที่มา *cagA* ยีน และ *hrgA* ยีนของเชื้อ *Helicobacter pylori* เป็นปัจจัยที่เคยมีการศึกษาที่พบว่ามีความสัมพันธ์กับโรคที่เกิดจากการติดเชื้อ โดยเฉพาะโรคมะเร็งกระเพาะอาหาร

วัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ของ *cagA* ยีนและ *hrgA* ยีนของเชื้อ *Helicobacter pylori* กับการเกิดโรค

วิธีการศึกษา ตรวจสอบ *cagA* ยีนและ *hrgA* ยีนของเชื้อ *Helicobacter pylori* โดยวิธี PCR จากผู้ป่วยโรคแผลในกระเพาะอาหารและลำไส้เล็กส่วนต้นและผู้ป่วยโรคกระเพาะอาหารชนิดไม่พบแผล ที่มาสองกล้องตรวจทางเดินอาหารส่วนต้นแล้วตรวจพบเชื้อ

ผลการศึกษา ผู้ป่วยทั้งหมด 100 ราย แบ่งเป็น 2 กลุ่มเท่ากันตามโรคที่เกิดขึ้น พบว่า เชื้อทุกตัวพบ *cagA* ยีน ความชุกของ *cagA* 2a จีโนไทป์ ในผู้ป่วยโรคแผลในกระเพาะอาหารและลำไส้เล็กส่วนต้นมีแนวโน้มมากกว่าในผู้ป่วยโรคกระเพาะอาหารชนิดไม่พบแผล (76% เทียบกับ 72%,  $P = 0.648$ ) และ ความชุกของ *hrgA* ยีนเท่ากันในทั้งสองกลุ่ม (52%)

สรุปผลการศึกษา *cagA* จีโนไทป์ และ *hrgA* ยีนของเชื้อ *Helicobacter pylori* ในประเทศไทย ไม่มีความสัมพันธ์กับการเกิดโรคแผลในกระเพาะอาหารและลำไส้เล็กส่วนต้น และโรคกระเพาะอาหารชนิดไม่พบแผล

Background: Association between *cagA* gene and *hrgA* gene of *H. pylori* infection and clinical outcomes were reported especially in gastric cancer.

Aim: To study the relationship between *cagA* genotypes and *hrgA* gene of *H. pylori* infection and peptic ulcer disease.

Methods: Patients with nonulcer dyspepsia (NUD) and peptic ulcer disease (PUD) were investigated with esophagogastroduodenoscopy and *H. pylori* infection was confirmed by culture. *CagA* genotypes and *hrgA* gene were examined by PCR.

Results: 100 *H. pylori* isolates were examined. All had *cagA* gene. *CagA* 2a was found in 72% in NUD and 76% in PUD ( $P = 0.648$ ). *HrgA* was found in 52% in both groups.

Conclusion: No relationship between *cagA* genotypes and *hrgA* gene of *H. pylori* infection and clinical outcomes.