

งานวิจัยนี้ทำการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน GSTs ชนิด M1, P1 และ T1 ในคนไทยที่เป็นมะเร็งตับ (hepatocellular carcinoma; HCC หรือ cholangiocarcinoma) 140 คน เปรียบเทียบกับคนปกติ 280 คน ทำการหาจีโนไทป์ของยีนจากตัวอย่างเลือดของผู้เข้าร่วมวิจัย พบว่า ยีน *GSTP1* (Ile/Val) ในคนไทยที่เป็นมะเร็งตับมีความแตกต่างกับคนปกติ (OR= 0.5745; 95% CI: 0.3648-0.9046; p -value = 0.016) โดยมีผลลดความเสี่ยงต่อการเกิดมะเร็งตับ และมีการกระจายตัวตามสมการของ Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) เมื่อนำยีน *GSTP1* (Ile/Val) มาศึกษาร่วมกับ ยีน *GSTT1* (+/+) ยังพบว่ามีความแตกต่างกับคนปกติ (OR= 0.4125; 95% CI: 0.1836-0.9269; p -value = 0.029) และยังมีผลในการลดความเสี่ยงต่อการเกิดมะเร็งตับ เมื่อทำการศึกษาปฏิสัมพันธ์ร่วมกันทั้ง 3 ยีนพบว่ามียีน 4 กลุ่มที่มีความแตกต่างกับคนปกติและลดความเสี่ยงต่อการเกิดมะเร็งตับ คือ *GSTM1* (+/+), *GSTT1* (+/+) และ *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.3745; 95% CI: 0.1742-0.8052; p -value = 0.011); *GSTM1* (-/-), *GSTT1* (+/+) และ *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.1830; 95% CI: 0.0707-0.4736; p -value = 0.0002); *GSTM1* (+/+), *GSTT1* (-/-) และ *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.1220; 95% CI: 0.0151-0.9862; p -value = 0.022); *GSTM1* (-/-), *GSTT1* (-/-) และ *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.3835; 95% CI: 0.1573-0.9347; p -value = 0.032) การศึกษาฟีโนไทป์ในกลุ่มมะเร็งตับ พบว่าไม่มีความสัมพันธ์กับ จีโนไทป์ เนื่องจากจำนวนตัวอย่างมีจำนวนน้อยเกินไป ดังนั้นจึงสรุปได้ว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *GSTP1* นั้นมีผลลดความเสี่ยงในการเกิดมะเร็งตับในกลุ่มประชากรไทยที่ทำการศึกษา

Polymorphisms of *GSTs* genes (*GSTM1*, *GSTT1* and *GSTP1*) in 140 Thai subjects suffering from liver cancer (hepatocellular carcinoma; HCC or cholangiocarcinoma) were compared with 280 healthy volunteers in this case-control study. The genotype was determined from blood samples. Statistical analysis associated with *GSTP1* gene distribution of Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) showed the decrease in risk of liver cancer in patients with *GSTP1* (Ile/Val) (OR= 0.5745; 95% CI: 0.3648-0.9046; *p*-value = 0.016). Likewise, *GSTP1* heterozygous mutant (Ile/Val) in combination with *GSTT1* wild type (+/+) in patients decreased susceptibility of liver cancer (OR= 0.4125; 95% CI: 0.1836-0.9269; *p*-value = 0.029). Interestingly, the combination of 3 genes that showed the decrease in risk of liver cancer in patients were 4 groups of *GSTM1* (+/+), *GSTT1* (+/+) and *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.3745; 95% CI: 0.1742-0.8052; *p*-value = 0.011); *GSTM1* (-/-), *GSTT1* (+/+) and *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.1830; 95% CI: 0.0707-0.4736; *p*-value = 0.0002); *GSTM1* (+/-), *GSTT1* (-/-) and *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR= 0.1220; 95% CI: 0.0151-0.9862; *p*-value = 0.022); *GSTM1* (-/-), *GSTT1* (-/-) and *GSTP1* (Ile/Val or Val/Val) (OR = 0.3835; 95% CI: 0.1573-0.9347; *p*-value = 0.032). Phenotype was not correlated with genotype due to the small numbers of patients. In conclusion *GSTP1* polymorphisms may affect the decreased risk of liver cancer in Thai patients studied.