

ความสำคัญ : เชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ พายโลไร พบว่ามีความสัมพันธ์ในระบบตับและท่อน้ำดี อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ของจีโนทัยป์ *vacA* และ *cagA* ที่เกี่ยวข้องกับการก่อโรคนั้นยังไม่มีผู้รายงานมาก่อน วัตถุประสงค์ของการวิจัยนี้คือ หาความสัมพันธ์ระหว่างจีโนทัยป์ *vacA* และ *cagA* และการแสดงของโรค รวมทั้งหาความสัมพันธ์ของอายุและเพศกับอาการของโรค

วิธีการ : ตัวอย่างผู้ป่วยระบบตับและน้ำดีจำนวน 148 ราย (ผู้ป่วยมะเร็งตับและท่อน้ำดี 93 ราย ผู้ป่วยโรคนิ่ว และถุงน้ำดีอักเสบ 55 ราย) ตรวจหาเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ พายโลไรโดยวิธี PCR และการเพาะเลี้ยงเชื้อ การตรวจจีโนทัยป์ *vacA* และ *cagA* ใช้วิธี PCR, Xyber Green PCR และ DNA sequencing

ผลการวิจัย : ตรวจพบเชื้อ *H. pylori* ในโรคกลุ่มมะเร็ง 68.8% ขณะที่พบในผู้ป่วยโรคที่ไม่ใช่มะเร็ง 41.8% ($p < 0.05$) *vacAs1a+c*, *vacA s1a* และ *vac s1c* ตรวจพบจำนวน 55.2, 27.6 % และ 17.2% ตามลำดับ ชนิด *vacAm* พบ m1 89.7% และ m2 10.3% ($p < 0.05$) พบ *vacAs1a+c/m1* มากที่สุด 50.6% พบจีน *cagA* ในโรคตับและน้ำดีชนิดที่เป็นมะเร็ง 34.4% ชนิดไม่ใช่มะเร็ง 8.7% ($p < 0.05$) *cagA* genotype หรือโปรตีน CagA ที่พบมากที่สุดคือ CagA- Western type 87.5% ขณะที่ CagA-East Asian type พบ 12.5% ($p < 0.05$) ดังนั้นเชื้อ เฮลิโคแบคเตอร์ พายโลไร *vacA* และ *cagA* genotype ที่พบมากที่สุดคือ *vacA s1a+c/m1 cagA* Western type (36.4%) ผู้ป่วยที่มีการติดเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ พายโลไร อายุระหว่าง 41-60 ปีมีความสัมพันธ์กับการเป็นมะเร็งสูงสุด (65.6%) -ขณะที่อายุมากกว่า 60 ปี สัมพันธ์กับโรคที่เป็น benign ($p < 0.05$)

สรุปผลการวิจัย : เชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ พายโลไร และการมี *cagA* สัมพันธ์กับความรุนแรงของโรค ชนิดของจีโนทัยป์ *cagA* และ: ซับทัยป์ ของ *vacA* ไม่สัมพันธ์กับความรุนแรงของโรค นอกจากนี้ปัจจัยอื่น เช่น อายุที่มากขึ้นเป็นการส่งเสริมการเกิดโรคในระบบตับและน้ำดีด้วย

ABSTRACT

Background: *Helicobacter pylori* has been reported to be associated in the human hepatobiliary tract. However the correlation between the important virulence genes, *cagA* and *vacA* of *H. pylori* infection and hepatobiliary disease has not been elucidated. The aims of this study were to determine any correlation between the *cagA* and *vacA* genotypes and clinical outcomes, and to assess whether there was any correlation between age and gender with clinical outcomes.

Methods: A total of 148 hepatobiliary patients including 93 with malignant group and 55 with benign group were determined the presence of *H. pylori* in liver and bile samples, and *H. pylori* *vacA* and *cagA* genotypes by using polymerase chain reaction (PCR) and culture method, and PCR, Xyber green real-time PCR and DNA sequencing, respectively..

Results: The presence of *H. pylori* in the malignant and benign groups were 68.8% and 41.8%, respectively ($p < 0.05$). *vacA* s1a+c, *vacAs*1a and *vacAs*1c were detected in 55.2, 27.6 and 17.2 %, respectively. *vacA*m1 and *vacA*m2 were detected in 89.7 and 10.3 %, respectively ($p < 0.05$). The most *vacA* subtype found was *vacA* s1a+c/m1 (50.6%). *cagA* gene was detected in 34.4% for the malignant group and 8.7% for the benign group ($p < 0.05$). The CagA-Western-type (87.5%) was found more frequently than the CagA-East Asian-type (12.5%) ($p < 0.05$). The most combination of *vacA* and *cagA* genotype found was *vacAs*1a+c/m1 and *cagA* Western type (36.4%). There was a significant association between: 41-60 years of age and malignant group and more than 60 years of age and benign group ($p < 0.05$).

Conclusions: *H. pylori* and *cagA* gene are related in the severity of hepatobiliary diseases. The *cagA* genotype and *vacA* subtype are not related the severity of disease. Age was related to the severity of disease. Thus, the severity of hepatobiliary disease depends on multiple factors, including the *H. pylori* strain and host factors.