

บทคัดย่อ

เฮลิโคแบคเตอร์ไพโลไรเป็นเชื้อแบคทีเรียที่พบมากและมีความสัมพันธ์กับโรคกระเพาะอาหารอักเสบ โรคแผลกระเพาะอาหาร โรคแผลในลำไส้ส่วนต้นและโรคมะเร็งกระเพาะอาหาร ได้มีการพบยีนหลายชนิดที่เป็นปัจจัยความรุนแรงของโรค ซึ่งอาจสัมพันธ์กับอาการทางคลินิกของโรคได้แก่ ยีน *cagA*, *vacA* และ *iceA* วัตถุประสงค์ของการวิจัยนี้เพื่อศึกษาลักษณะยีน *cagA*, *vacA* และ *iceA* ของเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ไพโลไรและความสัมพันธ์กับโรคกระเพาะอาหารหรือลำไส้ส่วนต้นในผู้ป่วยทางภาคเหนือของประเทศไทย ตัวอย่างเนื้อเยื่อกระเพาะอาหารที่นำมาศึกษาได้มาจากสองแหล่งคือ จากการตรวจวินิจฉัยเชื้อด้วยวิธีตรวจเอนไซม์ urease แล้วและจากเนื้อเยื่อที่ฝังในพาราฟินซึ่งได้มีการตรวจหาเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ไพโลไรด้วยวิธีทางพยาธิวิทยา DNA ของเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ไพโลไรถูกสกัดจากตัวอย่างเนื้อเยื่อจำนวน 135 ตัวอย่าง (มาจากผู้ป่วยกลุ่มโรคกระเพาะอักเสบ 58 ราย, โรคแผลในกระเพาะ 28 ราย, โรคแผลในลำไส้ส่วนต้น 45 ราย และโรคมะเร็งกระเพาะอาหาร 4 ราย) และทำการตรวจลักษณะยีนที่กล่าวมาแล้วข้างต้นด้วยวิธี Polymerase Chain Reaction (PCR) จากการศึกษาพบยีน *cagA* 95.6% และยีนย่อยของ *vacA* พบมากที่สุดคือ *vacAs1a* (96.3%) ยีน *vcaAs1c* พบ 66.67% แต่ไม่พบยีน *vacAs1b* และ *s2* ยีน *vacA* ในส่วน middle region พบ *m1* 59.3% และ *m2* 40.7% ในกลุ่มยีน *vacA* จะพบชนิด *s1a/m1* มากที่สุดในกลุ่มประชากรศึกษา (59.3%) ส่วนยีน *iceA1* พบ 64.4% ขณะที่ *iceA2* พบเพียง 28.9% ซึ่งมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ ($p < 0.05$) การพบเชื้อที่มีสายพันธุ์ยีนร่วมของ *cagA*, *vacAs1a/m1*, *vacAs1c/m1* หรือ *vacAs1a/s1c/m1* และยีน *iceA1* จะพบในกลุ่มผู้ป่วยที่เป็นแผลลำไส้ส่วนต้นมากกว่ากลุ่มที่เป็นโรคกระเพาะอักเสบอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.05$) การออกแบบ primer ที่จำเพาะต่อลำดับเบสของเชื้อสายพันธุ์ในคนไทย สามารถตรวจหา ยีน *cagA*, *vacAs1*, *vacAs1a* มากกว่า primer ที่จำเพาะต่อเชื้อสายพันธุ์ชาวตะวันตกอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$)

การศึกษานี้สรุปได้ว่าเชื้อเฮลิโคแบคเตอร์ไพโลไรที่มียีน *cagA*, *vacAs1a/m1* และ *iceA1* จะพบมากในประชากรภาคเหนือของประเทศไทย ยีนร่วมที่มี *cagA*, *vacAs1a/m1* และ/หรือ *vacAs1c/m1* และยีน *iceA1* จะเป็นกลุ่มยีนเด่นในกลุ่มโรคแผลในลำไส้ส่วนต้น

Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

Abstract

Helicobacter pylori (*H. pylori*) is the common infectious bacterium and has been linked to chronic gastritis, peptic ulcer, duodenal ulcer and gastric cancer. Several genes have been identified as virulence factors which may be related to the clinical outcome including *cagA*, *vacA* and *iceA* gene. The aim of this study was to assess the genotypes of *H. pylori* *cagA*, *vacA* and *iceA* and the relationship to gastro-duodenal diseases in Northern Thai patients. Gastric biopsy specimens were from positive urease test and paraffin-embedded tissue which identified the bacteria by histological method. *H. pylori* DNA was extracted from 135 specimens (58 with gastritis, 28 with peptic ulcer, 45 with duodenal ulcer and 4 with gastric cancer) and the genotypes were detected by PCR based methods. *cagA*⁺ were found in 95.6% and the dominant *vacA* subtypes was *s1a* (96.3%). *vacAs1c* were also found in 66.67% but non of the *vacAs1b* and *s2* genotypes were obtained. *vacA* middle region sequences, the *m1* and *m2* strains were detected in 59.3% and 40.7%, respectively. Among *vacA* genotypes, the *s1a/m1* was the most common in the studied population (59.3%). *iceA1*, genotype was present in 64.4% whereas *iceA2* was found only 28.9% ($p < 0.05$). The presence of *cagA*⁺, *vacAs1a/m1* either *vacAs1c/m1* or *vacAs1a/s1c/m1* and *iceA1* genotypes status were associated with higher prevalence in patients with duodenal ulcer than patients with gastritis ($p < 0.05$). Primer specific to *H. pylori* Thai strains detected more cases of *cagA*, *vacAs1*, *vacAs1a* genotypes than primer specific for the Western strains ($p < 0.05$).

In conclusion, *cagA*⁺, *vacA s1a/m1* and *iceA1*, were typical genotypes of *H. pylori* strains from Northern Thailand. The combination of *cagA*⁺, *vacA s1a/m1* and/or *vacAs1c/m1* and *iceA1*, genotypes were predominant in patients with duodenal ulcer.