



## วิจารณ์และสรุปผลการวิจัย

### การวิเคราะห์ความเป็นโมเลกุลที่สมบูรณ์ของดีเอ็นเอ

ในการวิเคราะห์รูปแบบการตัดดีเอ็นเออย่างจำเพาะโดยเรสทริกชันเอนไซม์ต่าง ๆ นั้น ความสะอาดและความเป็นโมเลกุลสมบูรณ์ (intact molecule) ของดีเอ็นเอเป็นสิ่งสำคัญมากที่จะทำให้ผลการวิเคราะห์ถูกต้องแม่นยำ การวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส จะสามารถบอกถึงรูปแบบรวมทั้งความเป็นโมเลกุลที่สมบูรณ์ของดีเอ็นเอได้ ดังเช่น Kieser (36) ได้รายงานเกี่ยวกับปัจจัยที่มีผลต่อดีเอ็นเอในรูป CCCDNA (covalently closed circular DNA) ของ *Streptomyces lividans* และ *E. coli* โดยดูจากแถบดีเอ็นเอที่ได้ภายหลังการทำอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิสในงานวิจัยนี้พบว่าแถบดีเอ็นเอของ *Streptomyces* ทั้ง 5 ชนิด (รูปที่ 1) มีลักษณะเป็นแถบเดี่ยวปรากฏอยู่ในตำแหน่งเดียวกับชิ้นส่วนขนาดใหญ่ที่สุดของ  $\lambda$  ดีเอ็นเอที่ถูกตัดด้วย HindIII โดยมีหมอกบางลาดลงมา (tailing) น้อยมาก ซึ่งแสดงว่าดีเอ็นเอที่เตรียมได้มีความสะอาดและอยู่ในรูปโมเลกุลสมบูรณ์ในปริมาณสูงมาก จึงเหมาะสมที่จะนำไปศึกษารูปแบบภายหลังการตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์

### การแปรปัจจัยต่าง ๆ ที่เหมาะสมในการแยกแถบชิ้นส่วนดีเอ็นเอ

ผลการทดลองหาปัจจัยต่าง ๆ ที่เหมาะสมในการแยกแถบชิ้นส่วนดีเอ็นเอ โดยแปรปัจจัยต่าง ๆ ได้แก่

#### ปริมาณเรสทริกชันเอนไซม์

แม้ว่าบริษัทผู้ผลิตเอนไซม์ได้ระบุว่า เรสทริกชันเอนไซม์ 1 หน่วยหมายถึงปริมาณเอนไซม์ที่สามารถตัดดีเอ็นเอ 1 ไมโครกรัมที่ตำแหน่งเฉพาะได้อย่างสมบูรณ์โดยบ่มที่ 37 °C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง แต่อย่างไรก็ตามเนื่องจากแอกติวิตีของเอนไซม์ที่นำมา

ใช้จริงอาจมีค่าไม่ถึง 100 % ซึ่งการเพิ่มปริมาณเอนไซม์จะช่วยเพิ่มความสามารถในการตัดดีเอ็นเอให้สมบูรณ์โดยใช้เวลาน้อยลง ดังเช่น Hintermann และคณะ (26) รายงานว่าใช้ BamHI 10 หน่วยในการตัดดีเอ็นเอของ *S. glaucescens* ได้สมบูรณ์ แต่การใช้เอนไซม์ปริมาณมากก็เป็นการสิ้นเปลืองเพราะเรสทริกชันเอนไซม์มีราคาสูงมาก งานวิจัยนี้จึงได้แปรปริมาณเอนไซม์เพื่อหาปริมาณที่เหมาะสม ซึ่งผลการทดลองในรูปที่ 2 พบว่าการใช้เรสทริกชันเอนไซม์เพียง 6 หน่วยต่อ 1 ไมโครกรัมของดีเอ็นเอ ก็สามารถทำให้การตัดเกิดขึ้นได้อย่างสมบูรณ์

ความต่างศักย์ เวลา และความยาวของแผ่นเจลในการทำอะกาโรสเจล

### อิเล็กโทรโฟรีซิส

ความต่างศักย์และระยะเวลาในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสมีผลต่ออัตราการเคลื่อนที่ของโมเลกุลในสนามไฟฟ้า ซึ่งถึงแม้ว่าอัตราการเคลื่อนที่ของโมเลกุลในสนามไฟฟ้าจะขึ้นอยู่กับความแรงของสนามไฟฟ้าที่ใช้ แต่การใช้กำลังไฟฟ้าที่สูงเกินไปในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสจะทำให้เกิดการระเหยของสารละลายและทำให้เกิดความร้อนสูงในระหว่างการทำอิเล็กโทรโฟรีซิส โดยจะทำให้เกิดการแพร่ (diffusion) ของโมเลกุลและการแยกสารไม่ดีเท่าที่ควร ในทางตรงกันข้ามถ้าใช้กำลังไฟฟ้าที่ต่ำเกินไป ถึงแม้จะช่วยลดปัญหาเรื่องความร้อนที่เกิดขึ้น แต่ผลของการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสจะไม่ดีเนื่องจากต้องใช้เวลาในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสนานขึ้น ทำให้เกิดการแพร่ในอัตราที่เพิ่มขึ้น (37) ดังนั้นในการวิจัยนี้จึงแปรความต่างศักย์ เวลา รวมถึงความยาวของแผ่นเจลซึ่งจะมีผลต่อการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสด้วย เพื่อให้ได้รูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ชัดเจนที่สุด ซึ่งผลการวิจัยพบว่าที่ความต่างศักย์ 14 โวลต์/ซม. ของความยาวเจล (รูปที่ 3จ) จะได้รูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ดีที่สุด และได้ทำการทดลองเพิ่มเวลาในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสเป็น 2 ชั่วโมง 30 นาที (รูปที่ 4ข) พบว่ารูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอไม่ชัดเจนเท่าที่ใช้เวลา 1 ชั่วโมง 30 นาที (รูปที่ 4ก) ซึ่งอาจเนื่องจากความร้อนที่เกิดขึ้นตามเหตุผลดังกล่าวข้างต้น นอกจากนี้ยังได้เพิ่มความยาวของแผ่นเจลจาก 7 ซม. (รูปที่ 6ก) เป็น 15 ซม. ซึ่งต้องใช้ความต่างศักย์ถึง 210 โวลต์ (14 โวลต์ / ซม. ของความยาวเจล) พบว่าบัพเฟอร์มีอุณหภูมิสูงขึ้น เนื่องจาก  $V = IR$  ( $V =$  ความต่างศักย์ไฟฟ้า  $I =$  กระแสไฟฟ้า และ  $R =$  ความต่างศักย์) จึงเป็นผลทำให้

กำลังไฟฟ้าสูงขึ้น (37) และจะเกิดผลอื่น ๆ ตามมาดังกล่าว และยังได้ทำการทดลองลดความต่างศักย์ลงโดยใช้ความยาวเจล 15 ซม. ก็ยังเกิดปัญหาเกี่ยวกับอัตราการแพร่เพิ่มขึ้น (ไม่ได้แสดงผลการทดลอง) เนื่องจากต้องใช้เวลาในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสนาน ซึ่งปัญหาต่างๆที่เกิดขึ้นเนื่องจากความจำกัดของอุปกรณ์ อาจแก้ปัญหาดังกล่าว เหล่านี้ได้ตั้งรายงานการวิจัยของ Collins และ De Lisle (28) ที่ได้ใช้เจลที่มีความยาวถึง 26 ซม. ในการทำอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซิสที่ความต่างศักย์ 70 โวลต์ เป็นเวลา 18 ชั่วโมง โดยใช้เครื่องสูบลมเป็นจังหวะ (peristaltic pump) ช่วยให้เกิดการหมุนเวียนของบัฟเฟอร์เพื่อรักษาความเป็นกรด - ด่าง (pH) ให้คงที่และช่วยลดความร้อนที่เกิดขึ้น ซึ่งจะมีผลทำให้ชิ้นส่วนดีเอ็นเอ แยกออกจากกันได้ดียิ่งขึ้น

#### เปอร์เซ็นต์ของอะกาโรสเจล

ความเข้มข้นของอะกาโรสเจลมีผลต่อขนาดของดีเอ็นเอที่เคลื่อนที่ กล่าวคือถ้าเปอร์เซ็นต์เจลสูง เจลจะมีรูตาข่ายเล็ก ขนาดของดีเอ็นเอที่มีขนาดเล็กจึงจะเคลื่อนที่ได้ และถ้าเปอร์เซ็นต์เจลต่ำ เจลจะมีรูตาข่ายใหญ่ ดีเอ็นเอทั้งขนาดเล็กและใหญ่สามารถเคลื่อนที่ผ่านได้ จากผลการทดลองพบว่าเปอร์เซ็นต์ของอะกาโรสเจลที่เหมาะสมคือ 0.7% (รูปที่ 5ค) และขนาดชิ้นส่วนที่ปรากฏเด่นชัดของโครโมโซมดีเอ็นเอในการวิจัยนี้มีช่วงขนาด 25.0 - 1.75 kb ซึ่งสอดคล้องกับ Maniatis และคณะ (38) ได้แสดงความสัมพันธ์เส้นตรงของขนาดดีเอ็นเอกับความเข้มข้นของอะกาโรสเจลโดยพบว่า 0.6 - 0.7% ของอะกาโรสเจลจะแยกดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 20.0 - 0.8 kb ได้ดี

#### ชนิดของเรสทริกชันเอนไซม์ที่เหมาะสมในการตัดโครโมโซมดีเอ็นเอ

เรสทริกชันเอนไซม์แต่ละชนิดจะมีตำแหน่งจดจำในการตัดดีเอ็นเอที่แตกต่างกันไป การวิจัยนี้จะอาศัยรูปแบบการเรียงตัวของดีเอ็นเอภายหลังการตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ ในการบอกความแตกต่างหรือความคล้ายคลึงของตำแหน่งจดจำในดีเอ็นเอของ Streptomyces ชนิดต่าง ๆ ดังนั้นจึงจำเป็นต้องหาชนิดของเรสทริกชันเอนไซม์ที่

เหมาะสมในการตัดโครโมโซมอลดีเอนเอดังกล่าว จากการตัดโครโมโซมอลดีเอนเอ  
ของ Streptomyces sp. 42-9 Streptomyces sp. 190-1  
S. glaucescens S. coelicolor A3(2) และ S. lividans 1326  
ด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่าง ๆ พบว่า PstI (รูปที่ 7จ) ตัดได้ดีที่สุด รองลงมาคือ  
BamHI (รูปที่ 7ก) BglII (รูปที่ 7ข) และ EcoRI (รูปที่ 7ค) ตามลำดับ  
โดยมีตำแหน่งจดจำคือ C'TGCA G'GATCC A'GATCT และ G'AATTC ตามลำดับ  
Hintermann และคณะ (26) ได้ศึกษาการตัดดีเอนเอของ Streptomyces สายพันธุ์  
ต่าง ๆ ก็พบว่าถูกตัดอย่างสมบูรณ์ด้วย BamHI แสดงว่า Streptomyces spp.  
มีตำแหน่งจดจำในโครโมโซมอลดีเอนเอคล้ายคลึงกัน แต่อย่างไรก็ตามรูปแบบการเรียงตัว  
ของชิ้นส่วนดีเอนเอของ Streptomyces ที่ทราบชนิดที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิด  
เดียวกันจะแตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัดแม้ จะมีบางชิ้นส่วนที่มีขนาดเท่ากัน

**การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของรูปแบบการเรียงตัวของแถบชิ้นส่วนดีเอนเอของ Streptomyces  
ที่ทราบชนิดและ Streptomyces ที่ไม่ทราบชนิดบนอะกาโรสเจลที่ผ่านการทำอิลเลกโทรโฟรีซิส**

ขนาดชิ้นส่วนของดีเอนเอที่เท่ากันหรือใกล้เคียงกันจะแสดงถึงการมีความสัมพันธ์  
กันทางอนุกรมวิธาน (taxonomy) ได้ ถึงแม้ว่ารูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วน  
โครโมโซมอลดีเอนเอจะแตกต่างกัน จากผลการวิจัยพบว่ารูปแบบการเรียงตัวของชิ้น  
ส่วนโครโมโซมอลดีเอนเอของ Streptomyces sp. 42-9 Streptomyces sp.  
190-1 S. glaucescens S. coelicolor A3(2) และ S. lividans 1326  
ภายหลังการตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ PstI (รูปที่ 7จ) BamHI (รูปที่ 7ก)  
BglII (รูปที่ 7ข) และ EcoRI (รูปที่ 7ค) แตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัดและ  
เมื่อเปรียบเทียบชิ้นส่วนดีเอนเอภายหลังการตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดเดียวกันจะมี  
จะมีแถบเด่นบางแถบที่มีขนาดเท่ากันหรือใกล้เคียงกัน (ตารางที่ 4ก 4ข 4ค และ  
4ง ตามลำดับ) ในทำนองเดียวกัน Streptomyces ที่ไม่ทราบชนิดจะมีรูป  
แบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอนเอภายหลังการตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ต่าง ๆ ที่  
แตกต่างกัน (รูปที่ 8ก - 8ง และรูปที่ 9ก - 9ง) และจะมีแถบเด่นบางแถบที่มีขนาด

เท่ากันหรือใกล้เคียงกันกับ Streptomyces ที่ทราบชนิดเมื่อเปรียบเทียบโดยไฮบริดดิ้งเอ็นโดไซม์ที่เหมือนกัน ตัวอย่างเช่น ชิ้นส่วนโครโมโซมดีเอ็นเอของ Streptomyces sp. 20306 ภายหลังจากตัดด้วย PstI ( ตารางที่ 5ก ) BamHI ( ตารางที่ 5ข ) BglIII ( ตารางที่ 5ค ) และ EcoRI ( ตารางที่ 5ง ) จะมีแถบเด่นคล้ายกับ S. lividans 1326 ( ตารางที่ 4ก ) Streptomyces sp. 190-1 ( ตารางที่ 4ข ) S. glaucescens ( ตารางที่ 4ค ) และ Streptomyces sp. 190-1 ( ตารางที่ 4ง ) ตามลำดับ

Klich และ Mallaney ( 20 ) รายงานถึงการใช้นิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอภายหลังจากตัดด้วยเรสทริกชันเอ็นโดไซม์เป็นวิธีบอกความแตกต่างของ Aspergillus flavus และ Aspergillus oryzae ซึ่งพบว่าเมื่อตัดดีเอ็นเอด้วย SmaI จะได้ชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่แตกต่างกันอย่างชัดเจน Torres และคณะ ( 39 ) จำแนก Neisseria gonorrhoeae และ Neisseria ชนิดอื่น ๆ โดยการตัดดีเอ็นเอด้วย HaeIII Patel และคณะ ( 40 ) ก็รายงานความแตกต่างของ Mycobacterium ชนิดต่าง ๆ โดยอาศัยความแตกต่างของดีเอ็นเอภายหลังจากตัดด้วยเรสทริกชันเอ็นโดไซม์

งานวิจัยนี้ได้้นำเทคนิคการจำแนกชนิดของจุลินทรีย์โดยดูลักษณะการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ถูกตัดด้วยเรสทริกชันเอ็นโดไซม์บนอะกาโรสเจลมาจำแนกชนิดของ Streptomyces ผลการทดลองกับ Streptomyces ที่ทราบชนิดแน่นอนแล้ว 5 ชนิด พบว่ามีรูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่แตกต่างกันโดยสิ้นเชิง ซึ่งแสดงว่าวิธีการนี้เหมาะสมที่จะนำมาใช้จำแนกชนิดของ Streptomyces ได้ อย่างไรก็ตามเมื่อนำ Streptomyces ที่ยังไม่ทราบชนิด 10 ชนิด มาจำแนกโดยวิธีการเดียวกันนี้พบว่ารูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ไม่เหมือนกันกับ Streptomyces ที่ทราบชนิดทั้ง 5 จึงคาดว่า Streptomyces ทั้ง 10 ชนิดนี้ไม่จัดอยู่ในชนิดใดชนิดหนึ่งของ Streptomyces ที่ทราบชนิดแล้ว การจำแนกชนิดของ Streptomyces ทั้ง 10 ชนิดนี้ จึงยังไม่สามารถกระทำได้ ทั้งนี้เพราะความจำกัดของจำนวน Streptomyces มาตรฐานที่นำมาใช้ในการศึกษานี้ ในอนาคตถ้าได้มีการจัดทำ restriction fingerprint library ของ Streptomyces

นั้นก็คาดว่าจะสามารถนำวิธีการนี้มาจำแนกชนิดของ Streptomyces ได้อย่างรวดเร็วและแม่นยำ

### ข้อเสนอแนะ

รูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนโครโมโซมอัลดีเอ็นเอทั้งขนาดใหญ่และขนาดเล็กที่ได้ อาจยังไม่เด่นชัดเท่าที่ควร ถ้าได้มีการนำเทคนิคของพัลส์ฟิลด์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส (Pulsed Field Gel Electrophoresis, PFG) ซึ่งเป็นวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสชนิดใหม่ที่ถูกพัฒนาขึ้นมาโดย Schwartz และคณะ (40) โดยการแยกดีเอ็นเอที่มีขนาดต่างกันในสภาพการเคลื่อนที่ในกระแสไฟฟ้าที่สลับขั้วในช่วงเวลาที่เหมาะสม อาจทำให้การแยกดีเอ็นเอขนาดต่าง ๆ กันเป็นไปได้อย่างชัดเจน