

บทที่ 6

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

การศึกษาความผันแปรของยีน AMA-1 ในผู้ป่วยที่ติดเชื้อ *P. falciparum* ที่มารับการตรวจรักษา ณ โรงพยาบาลอำเภอแม่สอด และหน่วยควบคุมโรคติดต่อ นำโดยแมลงที่ 4 อำเภอพบพระ จังหวัดตาก ระหว่างปี พ.ศ.2531 ถึง พ.ศ.2542 จำนวน 100 ราย แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายของการแทนที่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของโปรตีนดังกล่าว ที่ทำให้เกิดความหลากหลายของลำดับกรดอะมิโนถึง 19 แบบ และเป็นแบบที่ยังไม่เคยพบที่ใดมาก่อนถึง 16 แบบ นอกจากนี้ยังพบว่า การแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ทั้ง 25 ตำแหน่งที่พบในการศึกษานี้ ล้วนทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของลำดับกรดอะมิโนในตำแหน่งนั้น ๆ ทั้งสิ้น บริเวณของ AMA-1 ที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ มีบริเวณที่เป็น T-cell epitope อยู่ทั้งสิ้น 5 บริเวณ ซึ่งในแต่ละบริเวณพบจำนวนแบบของลำดับกรดอะมิโนที่แตกต่างกันออกไปตั้งแต่ 2 ถึง 6 แบบ โดยบริเวณ epitope PL191 เป็นบริเวณที่มีความหลากหลายน้อยที่สุด เพียง 2 แบบ หากพิจารณาถึงความหลากหลายที่น้อยกว่า T-cell epitope บริเวณอื่น ๆ บริเวณดังกล่าวจึงเป็นบริเวณที่น่าสนใจในการประยุกต์และพัฒนาเพื่อใช้เป็นวัคซีนที่ออกฤทธิ์ต่อ AMA-1 ข้อมูลเกี่ยวกับความผันแปรของลำดับกรดอะมิโนของ AMA-1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้ จึงมีประโยชน์ในการนำไปเป็นพื้นฐานในการพัฒนาวัคซีนป้องกันโรคมาลาเรียที่มีประสิทธิภาพต่อไปในอนาคต

ข้อเสนอแนะ

1. เนื่องจากการศึกษานี้ทำขึ้นในจังหวัดตาก ซึ่งมีสภาพทางภูมิศาสตร์เป็นป่าเขา ดังนั้นหากมีการศึกษาในลักษณะเดียวกับการศึกษานี้ในสภาพทางภูมิศาสตร์ที่แตกต่างออกไป เช่นในพื้นที่ทางภาคใต้ของประเทศไทย ซึ่งมีสภาพทางภูมิศาสตร์เป็นที่ราบชายฝั่งทะเล และมียุงซึ่งเป็นพาหะนำโรคที่ต่างชนิดออกไป อาจจะทำให้มีโอกาสพบความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ของ AMA-1 ในแบบอื่น ๆ ที่แตกต่างจากแบบที่พบในการศึกษานี้ได้
2. เนื่องจากการตอบสนองของระบบภูมิคุ้มกันต่อบริเวณที่เป็น T-cell epitope อาจมีลักษณะแตกต่างกันออกไปในประชากรโลกแต่ละเผ่าพันธุ์ อันเนื่องมาจากความแตกต่างกันของลักษณะทางพันธุกรรมของประชากรแต่ละเผ่าพันธุ์ ดังนั้นจึงควรทำการ

ศึกษาเกี่ยวกับการตอบสนองของระบบภูมิคุ้มกันต่อบริเวณ T-cell epitope ของ
AMA-1 ในอาสาสมัครชาวไทยควบคู่ไปกับการศึกษาความหลากหลายทางลักษณะทาง
พันธุกรรมของ AMA-1 ด้วย



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย