

บทที่ 6

สรุปผลการศึกษาและข้อเสนอแนะ

การศึกษาความหลากหลายของยีน MSP1 ของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. falciparum* ในบริเวณ tripeptide repeats จากผู้ป่วยในจังหวัดตาก จำนวน 177 ตัวอย่าง พบตัวอย่างที่มีการปะปนของอัลลีลร่วมกัน 26 ตัวอย่าง สำหรับอุบัติการณ์การกระจายความถี่ของกลุ่ม MAD20 มากที่สุดคือ ร้อยละ 58 กลุ่ม K1 และ R033 มีค่าใกล้เคียงกันคือ 17 และ 25 ตามลำดับ สำหรับความหลากหลายของอัลลีลในกลุ่ม MAD20 พบ 19 อัลลีล กลุ่ม K1 พบ 5 อัลลีล และกลุ่ม R033 พบ 2 อัลลีล เมื่อทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณ tripeptide repeats จากการทดลองที่เคยมีการรายงานมาก่อน พบว่ากลุ่ม MAD20 ประกอบด้วย 37 อัลลีล มีองค์ประกอบของ tripeptide repeats ตั้งแต่ 5-16 ชุด และกลุ่ม K1 พบความหลากหลายทั้งหมด 26 อัลลีล มีจำนวน tripeptide repeats ตั้งแต่ 5-25 ชุด ซึ่งแต่ละอัลลีลมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์และจำนวนชุดที่ซ้ำกันมีความแตกต่างกัน เป็นที่น่าสังเกตว่า tripeptide repeats ที่มีจำนวนชุดเท่ากันและมีลำดับกรดอะมิโนเหมือนกันอาจมีความแตกต่างกันในลำดับนิวคลีโอไทด์ ส่วนกลุ่ม R033 ไม่พบลักษณะของ tripeptide repeats แต่มีองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์จำนวนเท่ากันในทุกอัลลีล พบความหลากหลาย 4 อัลลีล สำหรับการศึกษาครั้งนี้พบอัลลีลใหม่ 11 อัลลีล โดยในกลุ่ม MAD20 พบจำนวน 8 อัลลีล ได้แก่ อัลลีล M-I, M-II, M-VIIa, M-XI, M-XVib, M-XX, M-XXI และ M-XXVIII ส่วนกลุ่ม K1 พบจำนวน 3 อัลลีล ได้แก่ อัลลีล K-IX, K-XXIII และ K-XXVI สำหรับกลุ่ม R033 ไม่พบอัลลีลใหม่

อุบัติการณ์การกระจายความถี่ของกลุ่มอัลลีลใน block 2 ทั้ง 3 กลุ่มอัลลีลในช่วงเวลา 10 ปี พบว่าการกระจายความถี่ดังกล่าวไม่มีแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แม้ว่าอัลลีลในกลุ่ม R033 และกลุ่ม K1 มีการเปลี่ยนแปลงเพิ่มขึ้นหรือลดลงในแต่ละปี ดังนั้นประชากรของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. falciparum* ในประเทศไทยมีความหลากหลายในลำดับนิวคลีโอไทด์และจำนวนของ tripeptide repeats แม้ว่าการกระจายของกลุ่ม MAD20 กลุ่ม K1 และกลุ่ม R033 จะไม่พบความผันแปรตามเวลา แต่จะพบความผันแปรในระดับอัลลีลในกลุ่ม MAD20 และกลุ่ม K1 ในช่วงเวลาที่แตกต่างกัน ผลการศึกษานี้จะเป็นพื้นฐานสำคัญสำหรับการออกแบบวัคซีนป้องกันมาลาเรียต่อไป

ข้อเสนอแนะ

1. การศึกษาเพื่อหาความสัมพันธ์ของการตอบสนองของแอนติบอดีในผู้ป่วยมาลาเรียต่ออัลลีลในแต่ละแบบที่พบใน block 2 และความสามารถการป้องกันติดเชื้อมาลาเรียในธรรมชาติ
2. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งยีน (17 block) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่าง block 2 และ block อื่น ๆ นอกจากนี้ block 2 ของอัลลีลที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกันทุกประการ จะพบ block อื่นมีความแตกต่างหรือเหมือนกันอย่างไร อันเป็นแนวทางในการเข้าใจลักษณะทางพันธุกรรมของประชากรของเชื้อมาลาเรียในธรรมชาติ



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย