

บทที่ 4

ผลการทดลอง

ตัวอย่างเชื้อมาลาเรียชนิด *P. falciparum* ที่ใช้สำหรับการศึกษาในครั้งนี้ ทำการเก็บรวบรวมระหว่างปี พ.ศ. 2538-2542 จากกลุ่มผู้ป่วยมาลาเรียจำนวน 177 คน ภายหลังจากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์พบตัวอย่างที่มีการปะปนอัลลีลร่วมกันของ block 2 จำนวน 26 ตัวอย่าง ดังนั้นตัวอย่างที่นำมาวิเคราะห์มีจำนวน 151 ตัวอย่าง พบว่าเป็นเพศชาย ร้อยละ 73.6 เพศหญิง ร้อยละ 26.4 อายุเฉลี่ย 24 ปี อายุสูงสุด 54 ปี และอายุต่ำสุดคือ 10 ปี โดยช่วงอายุ 16-25 ปี เป็นช่วงที่พบมากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 52.0 รองลงมาอยู่ในช่วง 26-35 ปี คิดเป็นร้อยละ 21.6 ช่วงอายุน้อยกว่า 5 ปี และอายุ 36-45 ปี มีผู้ติดเชื้อใกล้เคียงกันประมาณร้อยละ 12 สำหรับช่วงอายุที่มากกว่า 45 ปีมีน้อยที่สุดคิดเป็นร้อยละ 1.6

ผู้ป่วยที่มารับบริการการตรวจส่วนใหญ่อาศัยอยู่ในพื้นที่ อ.พบพระ คิดเป็นร้อยละ 51.4 และ อ.แม่สอด คิดเป็นร้อยละ 46.6 และที่เหลือเป็นผู้ป่วยในพื้นที่อื่น โดยผู้ที่เข้ามารับบริการมีเชื้อชาติไทย เมียนมาร์และกระเหรี่ยง ซึ่งมีจำนวนผู้ติดเชื้อเท่ากัน คือ คิดเป็นร้อยละ 30.4 และผู้ป่วยที่มารับบริการตรวจเลือด ส่วนใหญ่มีอาการ คือ มีไข้ ปวดศีรษะ มีไข้หนาวสั่น ซึ่งมีอาการก่อนมาตรวจในช่วง 1-4 วันเป็นส่วนใหญ่ ผู้ป่วยเคยป่วยเป็นไข้มาลาเรียมาก่อน คิดเป็น 54.7 เฉลี่ยแล้วเคยป่วยมาก่อนประมาณ 2 ครั้ง

ระดับความเข้มข้นของเลือด (hematocrit) มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 37.64 ซึ่งถือว่าอยู่ในเกณฑ์ปกติในช่วงค่อนข้างต่ำ สำหรับปริมาณการติดเชื้อมาลาเรีย โดยประเมินจำนวนเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมาลาเรีย (parasitemia) จากแผ่นฟิล์มเลือดหนา จำนวนเชื้อที่ตรวจพบได้คือ ตั้งแต่ 400 ตัวต่อเลือด 1 มิลลิลิตร ถึง 226,400 ตัวต่อเลือด 1 มิลลิลิตร หรือเฉลี่ย 22,673 ตัวต่อเลือด 1 มิลลิลิตร สำหรับระยะการเจริญของ *P. falciparum* ที่ตรวจพบประกอบด้วยระยะวงแหวนเป็นส่วนใหญ่ ในระยะนี้จะพบเชื้อมากกว่า 1 ตัว อยู่ในเม็ดเลือดแดงเดียวกัน (mixed infection) และระยะแกมมีโตไซต์ ซึ่งมีลักษณะคล้ายพระจันทร์เสี้ยวหรือก้นถ้วยหอม (crescent form) รายละเอียดของข้อมูลแต่ละตัวอย่าง แสดงในตารางที่ 2-3

ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน PfMSP1 โดยอาศัยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในรอบแรกของยีน PfMSP1 ใน block 2 โดยอาศัยปฏิกิริยา ลูกโซ่โพลีเมอร์เรส จากการใช้ primer คือ NP1 และ NP2 ซึ่งครอบคลุมใน block 1 ถึง block 5 จากการวิเคราะห์ผลผลิต PCR จำนวน 151 ตัวอย่าง ด้วยวิธี agarose gel electrophoresis

ตารางที่ 2 แสดงจำนวนตัวอย่างเชื้อมาลาเรียชนิด *P. falciparum* จำนวน 151 ตัวอย่าง
 ที่ได้จากผู้ป่วยมาลาเรีย ระหว่างปี พ.ศ. 2538-พ.ศ. 2542

ปีที่เก็บตัวอย่าง (พ.ศ.)	แหล่งที่มาของเชื้อ	รหัสหน้าชื่อตัวอย่าง	จำนวนตัวอย่าง
2538	อำเภอแม่สอด จังหวัดตาก	MS	26
2540-2542	อำเภอพบพระ จังหวัดตาก	A, B, C, E, H, J, BF, DF,	110
2541	อำเภอแม่สอด จังหวัดตาก	ชุดตัวเลข	15

ศูนย์วิทยทรัพยากร
 จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 3 ข้อมูลทั่วไปของกลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูล	ร้อยละ
1 เพศ	
ชาย	73.6
หญิง	26.4
2 กลุ่มอายุ	
≤ 15 ปี	12.8
16 – 25 ปี	52.0
26 – 35 ปี	21.6
36 – 45 ปี	12.0
45 ปีขึ้นไป	1.6
3 ที่อยู่	
ในพื้นที่ อ.พพพระ จ.ตาก	51.4
ในพื้นที่ จ.ตาก (ยกเว้น อ. พพพระ)	46.6
ในพื้นที่ประเทศไทย	1.0
ต่างประเทศ	1.0
4 เชื้อชาติ	
ไทย	30.3
เมียนมาร์	30.3
กระเหรี่ยง	30.3
เชื้อชาติอื่น	9.1
5 การรักษาก่อนที่จะมาตรวจในครั้งนี	
ไม่ได้รับยามาก่อน	62.8
รับยาจากสถานีนอนามัย	26.0
รับยาจากโรงพยาบาล	6.0
ซื้อยารับประทานเองจากร้านขายยา	5.2

ตารางที่ 3 (ต่อ)

ข้อมูล	ร้อยละ
6 ประวัติการเจ็บป่วย	
6.1 จำนวนครั้งที่เคยป่วยด้วยโรคมาลาเรีย	
1 ครั้ง	16.2
2 ครั้ง	13.1
3 ครั้ง	8.9
4 ครั้ง	3.2
มากกว่า 5 ครั้ง	3.3
ไม่เคยป่วย	55.3
6.2 ครั้งสุดท้ายที่เคยป่วยด้วยโรคมาลาเรีย	
1 เดือน	38.2
2 เดือน	9.1
3 เดือน	10.9
4-12 เดือน	27.2
มากกว่า 1 ปี	7.3
ไม่มีข้อมูล	7.3
7 อาการของโรคมาลาเรีย	
7.1 อาการที่ปรากฏ	
มีไข้อย่างเดียว	37.4
มีไข้หนาวสั่น	64.2
ปวดศีรษะ	85.0
อาเจียน	4.9
เบื่ออาหาร	3.3
7.2 จำนวนวันที่มีไข้ก่อนมาตรวจ	
1-2 วัน	39.8
3-4 วัน	39.2
มากกว่า 4 วัน	21.0

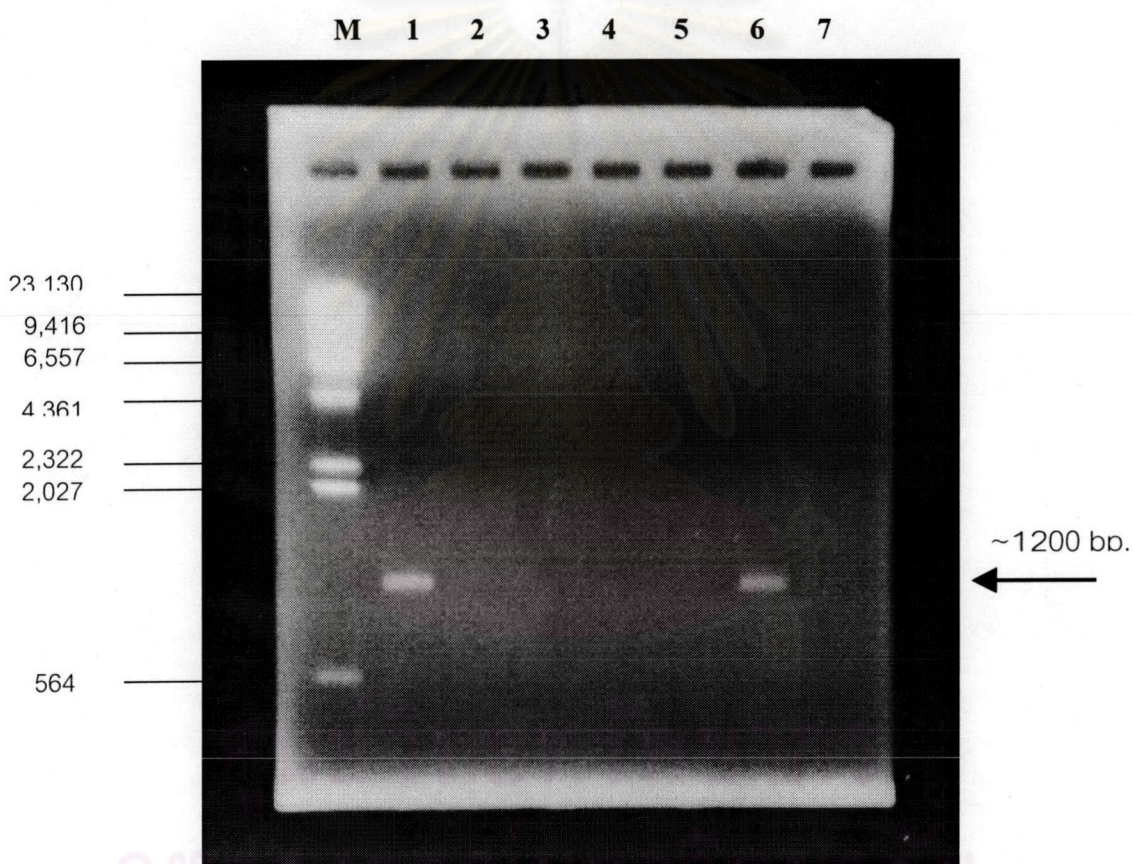
โดยใช้ agarose gel ความเข้มข้นร้อยละ 1 และเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐานบอกขนาดคือ $\lambda/Hind III$ พบว่าผลิตภัณฑ์ที่นำมาวิเคราะห์มีขนาดประมาณ 1,200-1,300 bp. อย่างไรก็ตามพบว่าตัวอย่างส่วนใหญ่ไม่พบแถบดีเอ็นเอหรืออาจพบแถบดีเอ็นเอที่มีแถบจาง ดังแสดงในรูปที่ 5

การวิเคราะห์ผลผลิตผลในรอบสอง (nested PCR) โดยใช้ผลผลิตจากรอบแรกเป็นดีเอ็นเอต้นแบบ โดยใช้ primer P1 และ P2 ซึ่งครอบคลุมใน block 1 ถึง block 3 ผลการวิเคราะห์ผลผลิตผลโดยวิธี agarose gel electrophoresis โดยใช้ agarose gel ความเข้มข้นร้อยละ 1 พบว่าแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏสามารถสังเกตได้อย่างชัดเจน เมื่อวัดความยาวของแถบดีเอ็นเอและเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐานบอกขนาดคือ $\lambda/Hind III$ เพื่อหาขนาดของดีเอ็นเอ โดยใช้กราฟกึ่งล็อกการวิธึม (semi-logarithm graph) พบว่าแถบดีเอ็นเอที่ได้มีขนาดอยู่ในช่วงเดียวกับขนาดของบริเวณที่ทำการศึกษาคือประมาณ 500-600 bp. ดังแสดงในรูปที่ 6

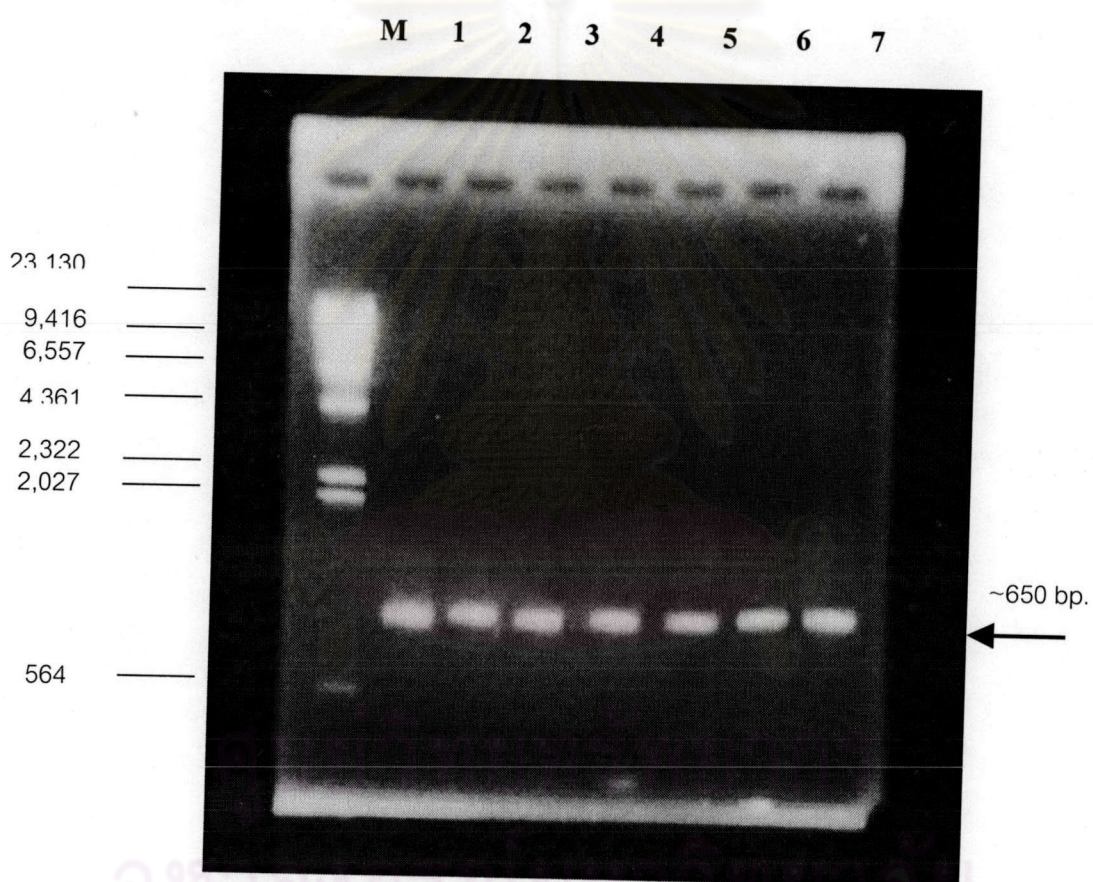
การวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ใน block 2 ของยีน PfMSP1

การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน PfMSP1 ใน block 2 พบกลุ่มอัลลีล 3 กลุ่ม ได้แก่กลุ่ม MAD20 กลุ่ม K1 และกลุ่ม R033 ซึ่งตัวอย่างผลการวิเคราะห์จากการตรวจด้วยลำแสงเลเซอร์แสดงผลใน electropherogram ดังแสดงในรูปที่ 7-9 ตามลำดับ จากการศึกษาในครั้งนี้จำนวน 151 ตัวอย่าง พบการกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 มากที่สุดคือร้อยละ 58 สำหรับกลุ่มอัลลีล K1 และกลุ่มอัลลีล R033 มีการกระจายของอัลลีลที่ใกล้เคียงกันคือ ร้อยละ 17 และ 25 ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์อุบัติการณ์การกระจายของอัลลีล จากตัวอย่างที่ได้ทำการศึกษาในครั้งนี้และจากผลการรายงานที่เคยมีการรายงานมาก่อนจากกลุ่มตัวอย่างผู้ป่วยใน อ. แม่สอด ที่เก็บรวบรวมระหว่างปี พ.ศ. 2531-2532 จำนวน 25 ตัวอย่าง (Jongwutiwes et al., 1992) พบว่าในแต่ละปีที่ได้ศึกษามีอุบัติการณ์การกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 มากที่สุด สำหรับกลุ่มอัลลีล K1 และกลุ่มอัลลีล R033 มีค่าใกล้เคียงกัน ซึ่งในปี พ.ศ. 2531-2532 จากจำนวน 25 ตัวอย่าง พบการกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 จำนวน 16 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 64 รองลงมาคือกลุ่มอัลลีล K1 จำนวน 6 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 24 และกลุ่มอัลลีล R033 จำนวน 3 ตัวอย่างคิดเป็นร้อยละ 12 สำหรับในปี พ.ศ. 2538 จากตัวอย่างที่ได้เก็บรวบรวมใน อ.แม่สอด จำนวน 26 ตัวอย่าง พบการกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 จำนวน 18 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 69 ส่วนกลุ่มอัลลีล K1 จำนวน 6 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 11 และกลุ่มอัลลีล R033 จำนวน 5 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 19 สำหรับ ในปี พ.ศ. 2541 จำนวน 15 ตัวอย่าง ที่ได้จากผู้ป่วยใน อ.แม่สอด พบว่ามีการกระจายของอัลลีล MAD20 จำนวน 10 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 66

รูปที่ 5 แสดงผลผลิตจากการทำปฏิกิริยา PCR ในรอบแรกจากการใช้ primers คือ NP1 และ NP2 ซึ่งครอบคลุม block 1 ถึง block 5 ของยีน MSP1 ของเชื้อ *P. falciparum* ซึ่งมีความยาวประมาณ 1,200-1,300 bp. วิเคราะห์โดย 1% agarose gel electrophoresis (M = λ /Hind III, 1 = A69, 2 = B60, 3 = C18, 4 = H22, 5 = J17, 6 = BF14, 7 = BF15)

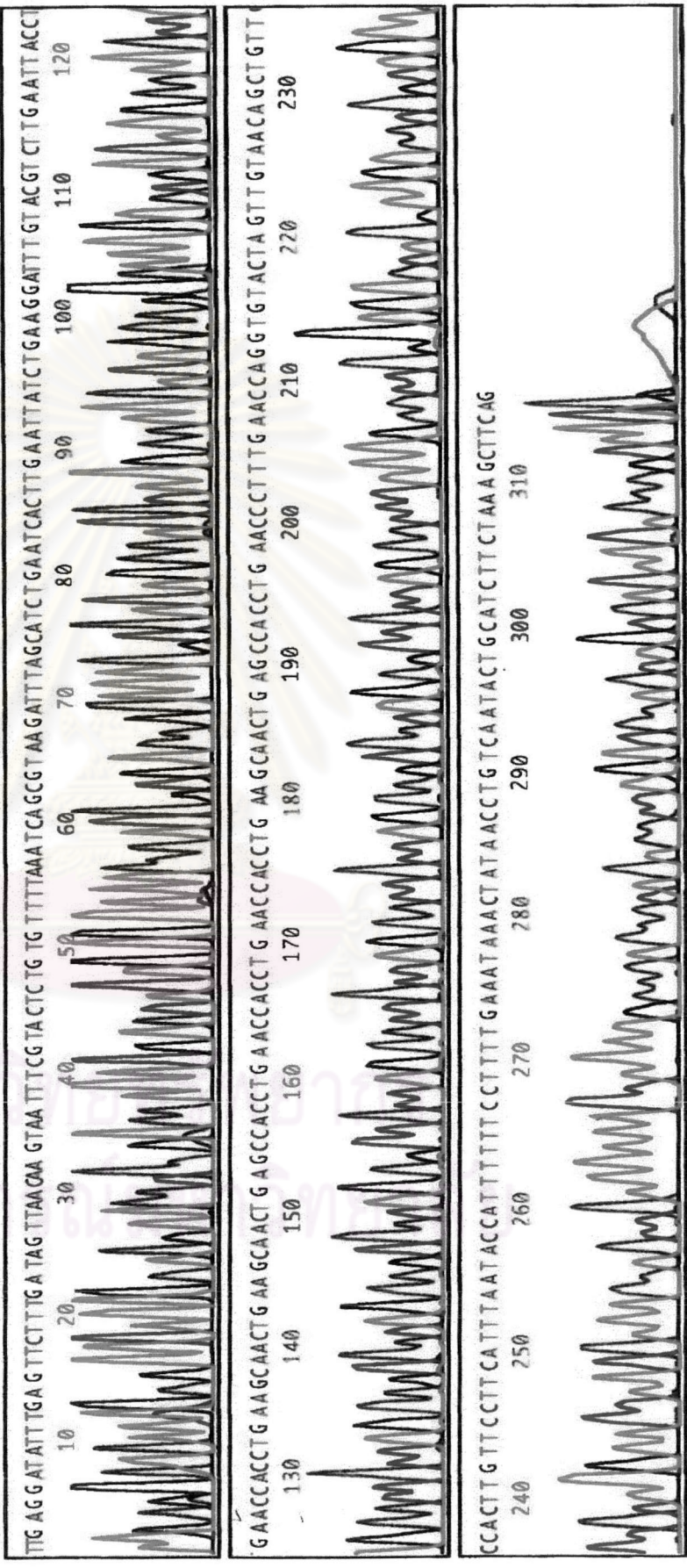


รูปที่ 6 แสดงผลผลิตจากการทำปฏิกิริยา nested PCR ในรอบสองจากการใช้ primers คือ P1 และ P2 ซึ่งครอบคลุม block 1 ถึง block 3 ของยีน MSP1 ของเชื้อ *P. falciparum* ซึ่งมีความยาวประมาณ 500-600 bp. วิเคราะห์โดย 1% agarose gel electrophoresis (M = λ /Hind III, 1 = A69, 2 = B60, 3 = C18, 4 = H22, 5 = J17, 6 = BF14, 7 = BF15)



รูปที่ 7 แสดง electropherogram ของอัลลีลกลุ่ม MAD20 จากตัวอย่าง DF24

ABI PRISM Model 310 Version 3.3 LR-310 Version 3.3.1b2
 B12:DF24 DF24 Lane 12
 Signal: G:1070 A:2024 C:1123 T:1298
 DT POP6(dR Set-AnyPrimer)
 BD Matrix:24/11/98
 Points 1314 to 6320 Pk 1 Loc: 1314
 Spacing: 11.64(11.64)

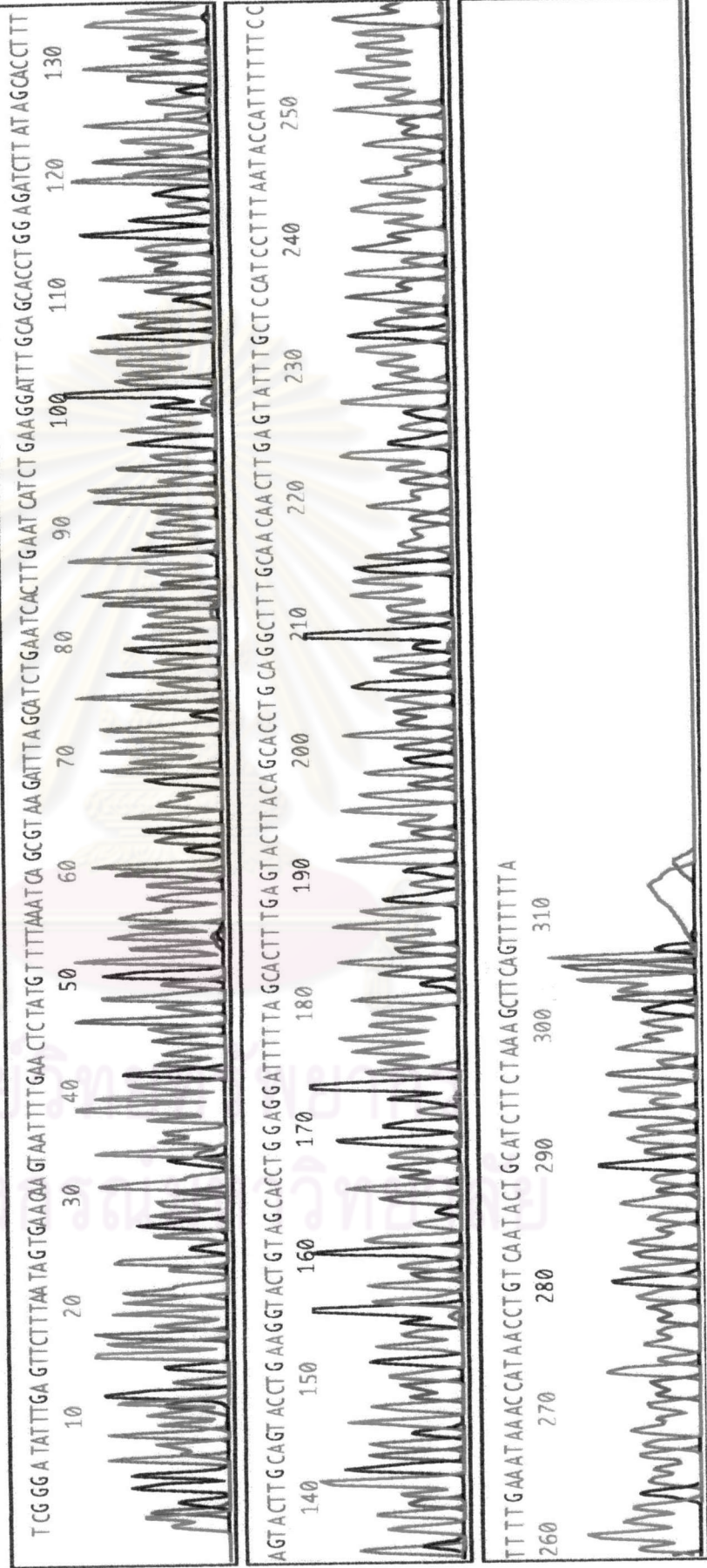


รูปที่ 9 แสดง electropherogram ของอัลลีลกลุ่ม RO33 จากตัวอย่าง DF20

Signal G:1122 A:2074 C:1116 T:1472
 DT POP6(dR Set-AnyPrimer)
 BD Matrix-24/11/98
 Points 1260 to 6320 Pk 1 Loc: 1260
 Spacing: 12.96(12.96)

Model 310
 Version 3.3
 LR-310
 Version 3.3.1b2

B6-DF20
 DF20
 Lane 9



ส่วนกลุ่มอัลลีล K1 พบจำนวน 3 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 20 และกลุ่มอัลลีล R033 พบจำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 19 และในปี พ.ศ. 2540-2542 จำนวน 110 ตัวอย่าง ที่ได้จากผู้ป่วยใน อ.พบพระ พบการกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 จำนวน 60 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 55 ส่วนกลุ่มอัลลีล K1 พบจำนวน 20 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 18 และกลุ่มอัลลีล R033 พบ 30 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 27 ดังแสดงในตารางที่ 4 ซึ่งผลที่ได้มีค่าใกล้เคียงกันในแต่ละช่วงที่ทำการศึกษา เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณ tripeptide repeats มาเปรียบเทียบเพื่อจัดกลุ่มตามลักษณะความแตกต่างในแต่ละกลุ่มอัลลีลและเพื่อให้การวิเคราะห์หาลักษณะความหลากหลายของบริเวณ tripeptide repeats ให้มีความละเอียดสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น จึงได้ทำการเปรียบเทียบระหว่างข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้กับข้อมูลที่เคยมีการรายงานมาก่อน รวมทั้งหมดจำนวน 250 ตัวอย่าง ดังแสดงในตารางที่ 5

ความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลีล MAD20

ความหลากหลายของจำนวนชุด tripeptide repeats

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

ในบริเวณ tripeptide repeats สามารถจัดกลุ่มตัวอย่างตามความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ ดังนี้ กลุ่มอัลลีล MAD20 พบความหลากหลายจำนวน 37 แบบ ซึ่งความหลากหลายที่ปรากฏเกิดจากการที่มีจำนวนและองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างกันเรียงซ้ำกันชุดละ 9 นิวคลีโอไทด์ โดยพบว่าอัลลีลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกันสั้นที่สุดประกอบด้วย 5 ชุด คือ อัลลีล M-XXXII ส่วนอัลลีลที่มีความยาวมากที่สุดประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 16 ชุด คือ อัลลีล M-I สำหรับอัลลีล M-II และ M-III ประกอบด้วย จำนวนชุดที่ซ้ำกัน 15 ชุด อัลลีล M-IV, M-V และ M-VI ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 14 ชุด ส่วนอัลลีล M-VIIa, M-VIIb และ M-VIII ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 13 ชุด อัลลีล M-IX, M-X, M-XI, M-XII, M-XIII, M-XIV, M-XVa และ M-XVb ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 12 ชุด อัลลีล M-XVIa, M-XVIb, M-XVII, M-XVIII, M-XIX, M-XX และ M-XXI ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 11 ชุด อัลลีล M-XXII, M-XXIIIa, M-XXIIIb, M-XXIV, M-XXV, M-XXVI, M-XXVII ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 10 ชุด อัลลีล M-XXVIII ประกอบด้วยจำนวนชุดซ้ำกัน 9 ชุด และอัลลีล M-XXIXa, M-XXIXb, M-XXX และ M-XXXI ประกอบด้วยจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 8 ชุด จากการศึกษาในครั้งนี้พบความหลากหลายในระดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 17 แบบจากตัวอย่างใน อ. พบพระ และ อ. แม่สอด จำนวน 151 ตัวอย่าง ได้แก่ อัลลีล M-I, M-II, M-VIIa, M-IX, M-X, M-XI, M-XIII, M-XVa, M-XVIb, M-XVII,

ตารางที่ 4 แสดงอุบัติการณ์การกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20, K1 และ R033 ในบริเวณ tripeptide repeats ของยีน PfMSP1 จากตัวอย่างผู้ป่วยใน อ. แม่สอด ในระหว่างปี พ.ศ. 2531-2532 จำนวน 25 ตัวอย่าง (Jongwutiwes et al., 1992) และจากตัวอย่างผู้ป่วยใน อ. แม่สอด และ อ. พบพระ จ. ตาก ในระหว่างปี พ.ศ. 2540-2542 จำนวน 151 ตัวอย่าง ตัวเลขในวงเล็บแสดงค่าความถี่ของอัลลีล

แหล่งที่มาของเชื้อ	จำนวนตัวอย่าง (ความถี่ของอัลลีล)			จำนวนตัวอย่างทั้งหมด
	MAD20	K1	R033	
อ. แม่สอด พ.ศ. 2531-2532	16(0.64)	6(0.24)	3(0.12)	25
อ. แม่สอด พ.ศ. 2538	18(0.69)	3(0.11)	5(0.19)	26
อ. แม่สอด พ.ศ. 2541	10(0.66)	3(0.20)	2(0.19)	15
อ. พบพระ พ.ศ. 2540-2542	60(0.55)	20(0.18)	30(0.27)	110
รวม	104	32	40	176

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

M-XX, M-XXI, M-XXIIIa, M-XXIV, M-XXVIII, M-XXX และ M-XXXII โดยพบว่าอัลลีลที่มีจำนวนซ้ำกันมากที่สุดจำนวน 16 ซ้ำ ซึ่งเป็นอัลลีลที่ไม่มีการรายงานมาก่อน (รูปที่ 10ก-10ค)

ความหลากหลายในลำดับนิวคลีโอไทด์

องค์ประกอบของ tripeptide repeats ในกลุ่ม MAD20 ที่มีความแตกต่างกันไปตั้งแต่ 5 ซ้ำ ถึง 16 ซ้ำ นั้นพบว่า กลุ่มอัลลีลที่มีจำนวน repeats ซ้ำกัน 12 ซ้ำ พบความหลากหลายในระดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 8 แบบ (ร้อยละ 21.0) รองลงมาคือ กลุ่มอัลลีลที่มีจำนวน repeats ซ้ำกัน 11 ซ้ำ และ 10 ซ้ำ จำนวนละ 7 แบบ (ในแต่ละแบบพบร้อยละ 18.4) กลุ่มอัลลีลที่มีจำนวน repeats 8 ซ้ำ พบ 5 แบบ (ร้อยละ 13.1) สำหรับกลุ่มอัลลีลที่ประกอบด้วย 13 ซ้ำ และ 14 ซ้ำ พบจำนวนเท่ากันคือ 3 แบบ (ในแต่ละแบบคิดเป็นร้อยละ 7.9) ส่วนกลุ่มที่มีองค์ประกอบ repeats 15 ซ้ำ พบ 2 แบบ (ร้อยละ 5.2) และที่เหลือพบเพียงกลุ่มละ 1 แบบ (แต่ละกลุ่มพบร้อยละ 2.6) นอกจากนี้พบว่าอัลลีล M-XVIIb มีความถี่สูงสุดในกลุ่มที่ศึกษาคือพบถึง 25 ตัวอย่าง

องค์ประกอบของลำดับกรดอะมิโนพื้นฐาน tripeptide repeats คือ Serine-x-x สำหรับองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์ที่ใช้ในตำแหน่งแรกของกรดอะมิโนในแต่ละชุดประกอบด้วย TCA เสมอ ยกเว้นอัลลีล M-VIIIb โดยองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ใช้ในกรดอะมิโนตำแหน่งแรกของชุดที่ 6 และอัลลีล M-XIV ในกรดอะมิโนตำแหน่งแรกของชุดที่ 9 มีการเปลี่ยนแปลง codon จาก TCA เป็น TCG และ TCT ตามลำดับ และในชุดสุดท้ายของแต่ละอัลลีลประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine หรือมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์คือ TCAGGTGGT เสมอ ซึ่งสอดคล้องกับผลการรายงานจากการศึกษาอื่น (Jongwutiwes et al., 1992) นอกจากนี้ยังพบว่าลำดับของกรดอะมิโนในชุดก่อนชุดสุดท้ายมีลำดับกรดอะมิโนคือ Serine-Valine-Alanine ซึ่งมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ใช้คือ TCAGTTGCT ยกเว้นเฉพาะอัลลีลที่ M-XXXI ที่มีการเปลี่ยนแปลงในตำแหน่งของ Valine (GTT) เปลี่ยนเป็น Glycine (GGT) สำหรับ tripeptide repeats ในชุดที่ 3 ซึ่งส่วนใหญ่ประกอบด้วยลำดับกรดอะมิโน Serine-Glycine-Glycine หรือมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์คือ TCAGGTGGT นอกจากนี้ยังพบว่าลำดับกรดอะมิโนเป็น Serine-Valine-Alanine หรือมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์คือ TCAGTTGCT และ Serine-Serine-Glycine หรือมีองค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์คือ TCAAGTGGT สำหรับการศึกษานี้พบอัลลีลใหม่ที่ยังไม่เคยมีการรายงานจากการศึกษาใดมาก่อนจำนวน 8 แบบ ได้แก่อัลลีล M-I, M-II, M-VIIa, M-XI, M-XVIIb, M-XX, M-XXI และ M-XXVIII

ความหลากหลายของลำดับคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลิล K1

ความหลากหลายของจำนวนชุด tripeptide repeats

ภายในกลุ่มอัลลิล K1 พบความหลากหลาย 26 แบบ ซึ่งในแต่ละแบบมีจำนวนและองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างกัน ตั้งแต่ 5 ชุด ถึง 25 ชุด อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกันสั้นที่สุด ประกอบด้วย 5 ชุด คือ อัลลิล K-XXV และ K-XXVI สำหรับอัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดซ้ำกันยาวที่สุดประกอบด้วย 25 ชุด คืออัลลิล K-I นอกจากนี้อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 19 ชุด คืออัลลิล K-II อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 18 คืออัลลิล K-III อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 17 ชุด คืออัลลิล K-IV อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 15 ชุด คืออัลลิล K-V, K-VI และ K-VII 14 ชุด คืออัลลิล K-VIII และ K-IX อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 13 ชุด คืออัลลิล K-X และ K-XI อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 12 ชุด คืออัลลิล K-XII อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 11 ชุด คืออัลลิล K-XIII อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 10 ชุด คืออัลลิล K-XIV และ K-XV อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 9 ชุด คืออัลลิล K-XVI, K-XVII และ K-XVIII อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 8 ชุด คืออัลลิล K-XIX อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 7 ชุด คืออัลลิล K-XX, K-XXI, K-XXII และ K-XXIII อัลลิลที่มีองค์ประกอบของจำนวนชุดที่ซ้ำกัน 6 ชุด คืออัลลิล K-XXIV สำหรับการศึกษานี้ พบความหลากหลายในระดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 5 แบบ มีองค์ประกอบจำนวนชุดที่ซ้ำกันตั้งแต่ 5 ชุด ถึง 14 ชุด ได้แก่อัลลิล K-IX, K-XV, K-XX, K-XXIII และ K-XXVI (รูปที่ 11ก-11ค) สำหรับอัลลิลที่พบมากที่สุดในตัวอย่างเป็นที่ศึกษาคืออัลลิล K-XV จำนวน 18 ตัวอย่าง ส่วนอัลลิลแบบอื่น ๆ พบความถี่ของการกระจายใกล้เคียงกัน

องค์ประกอบของกรดอะมิโนในบริเวณ tripeptide repeats ในชุดแรกประกอบด้วย Serine-Alanine-Glutamine และชุดสุดท้ายประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine ปรากฏในทุกอัลลิลที่ได้มีการศึกษามาก่อนเสมอ ลำดับกรดอะมิโนพื้นฐานมีลักษณะเช่นเดียวกันกับกลุ่มอัลลิล MAD20 คือ Serine-x-x แต่องค์ประกอบของลำดับนิวคลีโอไทด์จะแตกต่างกันไปในแต่ละอัลลิล โดยพบลำดับนิวคลีโอไทด์ในชุดแรกประกอบด้วย AGTGCTCAA และชุดสุดท้ายประกอบด้วย AGTGGTACA เสมอ สำหรับอัลลิลที่มีจำนวน tripeptide repeats ตั้งแต่ 5 ชุด ถึง 15 ชุด องค์ประกอบของกรดอะมิโนที่ซ้ำกันในชุดก่อนสุดท้ายประกอบด้วย AGTGGTCCA เสมอ นอกจากนี้ยังพบอัลลิลใหม่ที่ยังไม่เคยมีการรายงานจากการศึกษาใดมาก่อนพบจำนวน 3 แบบ คืออัลลิล K-IX, K-XXIII และ K-XXVI

ความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลีล R033

อัลลีล R033 ประกอบด้วยกรดอะมิโนจำนวน 45 ตัว ซึ่งไม่ปรากฏลักษณะการซ้ำกันเป็นชุด ๆ ในลำดับกรดอะมิโน แต่พบว่าส่วนใหญ่ในช่วงห่างทุก ๆ 9 นิวคลีโอไทด์ มีนิวคลีโอไทด์ A, C และ T ซ้ำกันอยู่ สำหรับนิวคลีโอไทด์ในสายพันธุ์ที่แตกต่างกันจะมีการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ในบางตำแหน่งเท่านั้น การแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ในแต่ละแบบพบน้อยมาก การศึกษานี้ได้ใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของอัลลีล R033 เป็นมาตรฐานในการเปรียบเทียบ พบว่ามีความหลากหลายเพียง 4 แบบ กล่าวคือในอัลลีล R-I เหมือนกับ R033 ทุกประการ ส่วนอัลลีล R-II และ R-IV พบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ในชุดที่ 4 ของ repeats ซึ่งทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงและอัลลีล R-III พบการแทนที่ในชุดที่ 14 ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจาก Glycine (GGT) เปลี่ยนเป็น Aspartic acid (GAT) ส่วนการแทนที่ในอัลลีล R-IV ในชุดที่ 3 พบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์จาก GCAAAGCCT เป็น GCAAAGCCA ซึ่งไม่ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลง สำหรับการศึกษานี้พบความหลากหลายในกลุ่มอัลลีลเพียง 2 แบบ โดยพบอัลลีล R-II มากกว่า อัลลีล R-I ส่วนการศึกษาที่เคยมีการรายงานมาก่อนพบได้ 4 แบบ โดยพบอัลลีล R-I มากกว่าอัลลีล R-II ส่วนอัลลีล R-III และ R-IV พบจำนวนเท่ากันคืออย่างละ 1 ตัวอย่าง และการศึกษาในครั้งนี้ไม่ปรากฏอัลลีลรูปแบบใหม่ (รูปที่ 12ก-12ค)

รูปที่ 10 (ก) (ต่อ)

	11	12	13	14	15	16
M-I	TCAGTGGCT	TCAGGTGGC	TCAGTGGCT	TCAGGTGGC	TCAGTGGCT	TCAGGTGGT
M-IIT..CT	...G..GC	...T..CT	...G..G.	-----
M-III	...G..GC	...T..CT	...G..GC	...T..CT	...G..G.	-----
M-IVT	-----	-----
M-VT	-----	-----
M-VIT	-----	-----
M-VIIa	...G..GC	...T..CT	...G..G.	-----	-----	-----
M-VIIb	...G..GC	...T..CT	...G..G.	-----	-----	-----
M-VIII	...G..GC	...T..CT	...G..G.	-----	-----	-----
M-IXT	-----	-----	-----	-----
M-XT	-----	-----	-----	-----
M-XIT	-----	-----	-----	-----
M-XIIT	-----	-----	-----	-----
M-XIIIT	-----	-----	-----	-----
M-XIVT	-----	-----	-----	-----
M-XVaT	-----	-----	-----	-----
M-XVbT	-----	-----	-----	-----
M-XVIa	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XVIb	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XVII	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XVIII	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XIX	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XX	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----
M-XXI	...G..G.	-----	-----	-----	-----	-----

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 10 (ต่อ)

(ค) แสดงจำนวนตัวอย่างในแบบต่าง ๆ

Type	
M-I	B60
M-II	B27
M-III	94/98
M-IV	IFA10
M-V	IFA9.10
M-VI	IFA11
M-VIIa	MS37, MS55, BF45, BF50
M-VIIb	BANDIA
M-VIII	IFA9.2
M-IX	A69, A99, A133, C13, E83, E209, MS56, H8, H9, H12, H16, H30, DF8, WELLCOME, 806, 808, 822B, 827, 837, T9/94, FCB-1
M-X	B9, B25, B112, B161, C130, E148, F121, MS2, MS60, MS75, MS76, DF1, DF31, DF35, HN2, FVO, PLF-F3/B11
M-XI	E17, E134, E225, 067
M-XII	828
M-XIII	C18, C123, 836, 807, 835B, 815
M-XIV	SUDAN7
M-XVa	B99, B136, 046, 059, IFA125
M-XVb	IFA12
M-XVIa	834A
M-XVIB	B46, B80, B88, B132, E113, E121, MS8, MS5, MS12, MS15, MS42, MS47, MS52, MS59, MS77, H22, J15, J49, J52, BF1, BF7, DF3, DF4, DF29, 069
M-XVII	MS11, 947
M-XVIII	B439
M-XIX	2/M1
M-XX	B56, B111, B114, C7, BF46, DF10, DF23, 015, 097
M-XXI	BF3
M-XXII	FC27, MAD20
M-XXIIIa	MS46, 094, SGE2, 835A, HN1, FCC1/HN
M-XXIIIb	842
M-XXIV	BF4, 098, HN6.2, HN6.24
M-XXV	PF83, Patient
M-XXVI	PA
M-XXVII	HN3, HN5
M-XXVIII	DF24
M-XXIXa	HB3, HB3A
M-XXIXb	HONDI
M-XXX	H21, J3, NH6.27
M-XXXI	822A
M-XXXII	070, 843

รูปที่ 11 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (ก) และกรดอะมิโน (ข) ในบริเวณ tripeptide repeats ของกลุ่มอัลลีล K1 ของยีน PfMSP1 และจำนวนตัวอย่างที่ปรากฏในแต่ละแบบ จำนวน 63 ตัวอย่าง(ค)

- . คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโนที่เหมือนกัน
- คือ ตำแหน่งที่ไม่มีองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโน

(ก) ลำดับนิวคลีโอไทด์

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
K-I	AGTGCTCAA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA
K-IIC.CA.
K-IIIC.C.C.C.C.C.C.C.
K-IVG.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.
K-VG.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.
K-VIC.CA.
K-VII
K-VIIIC.
K-IX
K-XC.C.C.C.C.C.C.C.
K-XI
K-XII	---T.C.	---C.C.C.C.C.C.
K-XIIIG.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.C.
K-XIVG.C.CA.	A.....G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.C.
K-XVC.C.
K-XVIG.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.C.
K-XVIIG.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.G.C.CA.C.
K-XVIIIC.C.C.C.C.C.
K-XIXC.C.C.C.C.
K-XXC.C.C.C.C.
K-XXIC.C.C.C.C.
K-XXIIC.C.C.C.C.C.
K-XXIIIC.C.C.C.C.C.
K-XXIVC.C.C.C.C.C.
K-XXVC.C.C.C.C.C.
K-XXVIC.C.C.C.C.C.C.

(ต่อ)

	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
K-I	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGCTCAA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGCTCAA	AGTGGTACA
K-IIC.CA.C.CA.G.AC.G.AC.
K-IIIC.C.G.C.
K-IVC.C.CA.C.C.C.G.
K-VC.CA.C.C.
K-VIC.
K-VIIC.C.C.
K-VIIIC.C.C.
K-IXC.C.
K-XC.C.
K-XIC.C.
K-XIIC.
K-XIII

(ต่อ)

	21	22	23	24	25
K-I	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA	AGTGGTACA

รูปที่ 11 (ต่อ)

(๗) ลำดับกรดอะมิโน

Type	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
K-I	SAQ	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SAQ	SGT
K-IIAQAQAQ	.GT	...
K-IIIPPPPPPGP	...
K-IVA	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQ	..A	.A	.AQ	..PAP	.G-	...
K-VA	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQP	..P	...	---	---
K-VIAQP	...	---	---
K-VIIP	..P	..P	...	---	---
K-VIIIP	..P	..P	..P	...	---	---	---
K-IXP	..P	...	---	---	---
K-XPPPP	..P	..P	...	---	---	---	---
K-XIP	..P	...	---	---	---	---
K-XIIS	..P	...	--PPPP	...	---	---	---	---	---
K-XIIIA	.AQ	..A	.AQ	..A	.AQP	..P	...	---	---	---	---	---	---
K-XIVA	.AQ	N.A	.AQ	..A	.AQP	...	---	---	---	---	---	---	---
K-XVP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XVIA	.AQ	..A	.AQP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XVIIA	.AQAQP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XVIIIPPP	...	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XIXP	..P	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXIP	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXIIPP	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXIIIP	..P	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXIVP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXVP	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
K-XXVIP	..P	...	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

(ต่อ)

Type	18	19	20	21	22	23	24	25
K-I	SGT	SAQ	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT	SGT
K-IIGT	---	---	---	---	---	---
K-III	...	---	---	---	---	---	---	---

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 11 (ต่อ)

(ค) แสดงจำนวนตัวอย่างในแบบต่าง ๆ

Type	
K-I	IFA17.26
K-II	CAMP, FUP
K-III	SUDAN12
K-IV	3D7
K-V	3/M1, NF54, 3D7A
K-VI	IFA16
K-VII	IFA17.25
K-VIII	IFA128
K-IX	DF34
K-X	IFA78, IFA93
K-XI	RO-71
K-XII	B358
K-XIII	NF7
K-XIV	IFA2.15
K-XV	A83, A98, A114, A125, B64, E60, E226, MS17, MS33, MS49, H28, H29, BF16, BF43, BF48, DF21, 091, 105, 814A, 841A, 841B, 946
K-XVI	IFA6
K-XVII	IFA2.12
K-XVIII	IFA19
K-XIX	1/M1
K-XX	H20, E20, E151, 834B, IFA5.5, IFA9.16, K1
K-XXI	IFA92
K-XXII	IFA9.26, IFA17.3, Sudan 41
K-XXIII	BF8, H24
K-XXIV	844
K-XXV	B608, IFA4, IFA5.15
K-XXVI	B91, 075

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 12 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (ก) และกรดอะมิโน (ข) ในบริเวณ repeats ของกลุ่มอัลลีล RO33 ของยีน PfMSP1 และจำนวนตัวอย่างที่ปรากฏในแต่ละแบบ จำนวน 51 ตัวอย่าง (ค)

- . คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโนที่เหมือนกัน
- คือ ตำแหน่งที่ไม่มีองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโน

(ก) ลำดับนิวคลีโอไทด์

Type	1	2	3	4	5	6	7	8	9
R-I	GCAAATACT	CAAGITGIT	GCAAAGCCT	GCAGATGCT	GTAAGTACT	CAAAGTGCT	AAAAATCCT	CCAGGTGCT	ACAGTACT
R-IIG.....
R-III
R-IVAT.CC.....

(ต่อ)

Type	10	11	12	13	14	15
R-I	TCAGGTACT	GCAAGTACT	AAAGGTGCT	ATAAGATCT	CCAGGTGCT	GCAAATCCT
R-II
R-IIIA.....
R-IV

(ข) ลำดับกรดอะมิโน

Type	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
R-I	ANT	QVV	AKP	ADA	VST	QSA	KNP	PGA	TVP	SGT	AST	KGA	IRS	PGA	ANP
R-IIG...
R-IIID...	...
R-IVVP...

(ค) แสดงจำนวนตัวอย่างในแบบต่าง ๆ

Type	ตัวอย่าง
R-I	E1, E11, IFA5.13, IFA18, IFA17.29, 814B, 841C, 4/M1, RO33, SENEGAL S-10
R-II	A36, A80, A107, A144, A150, C25, C87, C112, E126, E167, E168, MS14, MS22, MS34, MS53, MS61, H13, H25, J17, J41, BF5, BF9, BF10, BF14, DF9, DF13, DF17, DF20, DF22, DF26, DF27, DF30, DF33, 001, 119, B342, B411, 838, CSL2
R-III	IFA7
R-IV	B440

ตารางที่ 5 ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ใน block 2 ของยีน PfMSP1 ที่เคยมีการรายงาน

ตัวอย่าง	ประเทศ	เอกสารอ้างอิง
IFA 2.12, IFA2.15, IFA4 , IFA5.5, IFA5.13, IFA5.15, IFA6, IFA7, IFA9.10, IFA9.2, IFA9.16, IFA9.26, IFA10, IFA11, IFA12, IFA16, IFA17.25, IFA17.3, IFA17.26, IFA17.29, IFA18, IFA19, IFA78, IFA92, IFA93, IFA125, IFA128, NH6.24 HN3, HN5, HN6.2, HN6.27	Tanzania	Jiang et al., 2000
K1	Thailand	Mackay et al., 1985
MAD20	Papua New Guinea	Tanabe et al., 1987
FC27	Papua New Guinea	Peterson et al., 1988
B342, B411, B440, B439,B358, B608	Brazil	Kimura et al., 1990
806,807, 808, 814A, 814B, 815, 822A, 822B, 827, 828, 834A, 834B, 835A, 835B, 836, 837, 838, 841A, 841B, 841C, 842, 843, 844, 946, 947	Thailand	Jongwutiwes et al., 1992
SGE2	Zaire	Cheung et al., 1986
Senegal-S10	Senegal	Scherf et al., 1991
NF7	Ghana	Peterson et al., 1988
R033	Ghana	Certa et al., 1987
3D7, 3D7A , HB3, HB3A	Holland	Randford et al., 1991
Hond I	Honduras	Howard et al., 1986
R071	Ivory Coast	Olafsson et al., 1992
Camp	Malaysia	Weber et al., 1986

ตารางที่ 5 (ต่อ)

ตัวอย่าง	ประเทศ	เอกสารอ้างอิง
FUP	Uganda	Chang et al., 1988
94/98	Brazil	Kirchgatter et al., 1999
Bandia	Senegal	Scherf et al., 1989
Wellcome	West Africa	Holder et al., 1985
PLF-F3/B11	Uganda	Mylar et al., 1989
FVO	Viet Nam	Hui et al., 1992
HN1	China	Jiang et al., 1999
FCC1/HN	China	Shan et al., 2000, (unpublished)
PF83, Patient	Wide isolate	Kimura et al., 1995
Sudan41, Sudan7, Sudan12	Sudan	Cavanagh et al., 1998
NF54	Netherlands	Pan et al., 1995
CSL2	Thailand	Peterson et al., 1988
1/M1, 2/M1, 3/M1,4/M1	Indonesia	Eisen et al., 1999 (unpublished)

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

การกระจายของอัลลีลใน block 2

กลุ่มอัลลีล MAD20

การวิเคราะห์การกระจายความถี่ของอัลลีลที่ปรากฏในประเทศไทยโดยทำการเปรียบเทียบใน 3 กลุ่มได้แก่ ปี พ.ศ. 2531-2532 จำนวน 25 ตัวอย่าง (Jongwutiwes et al., 1992) ปีพ.ศ. 2538 จำนวน 26 ตัวอย่าง ปี พ.ศ. 2540-2542 จำนวน 125 ตัวอย่าง พบความหลากหลายที่เกิดขึ้น 21 แบบโดยอัลลีล M-IX, M-XXIIa สามารถพบได้ทั้ง 3 กลุ่มและมีสัดส่วนการกระจายที่ใกล้เคียงกัน และเมื่อเปรียบเทียบระหว่างปี พ.ศ. 2531-2532 และปี พ.ศ. 2540-2542 ซึ่งเป็นช่วงห่างกันประมาณ 10 ปี สามารถพบอัลลีลที่เหมือนกันในสัดส่วนที่ใกล้เคียงกัน ได้แก่ อัลลีล M-IX, M-XIII, M-XXIIIa และ M-XXXII สำหรับอัลลีลที่พบในปี พ.ศ. 2531-2532 แต่ไม่พบในการศึกษาในครั้งนี้ได้แก่อัลลีล M-XII, M-XVIa, M-XXIXb และ M-XXXI ในทางตรงกันข้ามอัลลีลรูปแบบอื่นที่ไม่ปรากฏในปี พ.ศ. 2531-2532 แต่พบในการศึกษาในครั้งนี้ได้แก่อัลลีล M-I, M-II, M-VIIa, M-X, M-XI, M-XVa, M-XVib, M-XX, M-XXI, M-XXIV, M-XXVIII และ M-XXX เมื่อเปรียบเทียบการกระจายของอัลลีลที่พบในประเทศทานซาเนียจำนวน 27 ตัวอย่าง และประเทศอื่น ๆ จำนวน 46 ตัวอย่าง พบว่าอัลลีลที่พบร่วมกันทั้งในประเทศไทยและทานซาเนียมีเพียงอัลลีลเดียว ได้แก่ อัลลีล M-XVa นอกจากนี้อัลลีลที่พบในประเทศไทยและสามารถพบได้ประเทศอื่น ๆ คืออัลลีล M-IX ได้แก่ Wellcome (West Africa) อัลลีล M-X ได้แก่ HN2(China), FVO(Viet Nam) และ PLF-F 3 / B11 (Uganda) อัลลีล M-XXIIIa ได้แก่ SGE2 (Zaire), HN1 และ FCC/HN (China) อัลลีล M-XXIV ได้แก่ HN6.2 และ HN6.24 (Tanzania) และอัลลีล M-XXX ได้แก่ HN6.27 (Tanzania) ดังแสดงในตารางที่ 6

กลุ่มอัลลีล K 1

เมื่อเปรียบเทียบการกระจายความถี่ของอัลลีลที่สามารถพบได้ในประเทศไทยจากทั้ง 3 กลุ่มพบว่าอัลลีล K-XV สามารถพบได้ทั้ง 3 กลุ่มและเป็นอัลลีลที่มีอุบัติการณ์สูงสุด ส่วนอัลลีล K-XX ไม่พบในปี พ.ศ. 2538 นอกจากนี้อัลลีล K-XXIV พบในปีพ.ศ. 2531-2532 เท่านั้น และอัลลีลที่พบในปี พ.ศ. 2540-2542 แต่ไม่พบใน 2 กลุ่มดังกล่าวได้แก่ อัลลีล K-IX, K-XXIII และ K-XXVI สำหรับอัลลีล K-XX พบได้ในประเทศไทยและทานซาเนีย ส่วนอัลลีลที่เหลือนอกจากนี้ที่พบในประเทศไทยจะไม่พบในประเทศอื่น ๆ สำหรับการกระจายของอัลลีล K1 ส่วนใหญ่มีลักษณะที่แตกต่างกันไปในแต่ละพื้นที่ ดังแสดงในตารางที่ 7

กลุ่มอัลลิล RO33

การกระจายความถี่ของกลุ่มอัลลิล RO33 ที่ปรากฏในประเทศไทย จากการเปรียบเทียบพบว่าอัลลิล R-II สามารถพบได้ทั้ง 3 กลุ่ม และเป็นอัลลิลที่พบอุบัติการณ์สูงสุด ส่วนอัลลิล R-I พบเฉพาะในช่วงปี พ.ศ. 2531-2532 และปี พ.ศ. 2540-2542 สำหรับการกระจายของอัลลิลจากข้อมูลที่เคยมีการรายงานมาก่อน พบว่าอัลลิลที่ปรากฏในประเทศไทยและสามารถพบได้ในประเทศอื่น ๆ ด้วย ได้แก่อัลลิล R-I ประกอบด้วยตัวอย่าง IFA5.13, IFA18, IFA17.29 (Tanzania) 4/M1 (Indonesia) RO33 (Ghana) และ Senegal-S10 (Senegal) และอัลลิล R-II ประกอบด้วยตัวอย่าง B342 และ B411 (Brazil) ส่วนอัลลิลที่ไม่พบในประเทศไทยได้แก่อัลลิล R-III คือตัวอย่าง IFA7 (Tanzania) และอัลลิล R-IV คือ B440 (Brazil) ดังแสดงในตารางที่ 8

ความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนของ block 1

ในส่วนของ block 1 ซึ่งเป็นบริเวณ conserved blocks ประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์จำนวน 165 ตัว หรือกรดอะมิโน 55 ตัว พบว่าตัวอย่างที่ศึกษามีการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ทั้งหมด 4 ตำแหน่ง เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ MAD20 (Tanabe et al., 1987) ได้แก่ลำดับนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งที่ 130, 141, 154 และ 156 มีการแทนที่จาก A, A, G และ A เปลี่ยนเป็น G, T, G และ C ตามลำดับ (รูปที่ 13) การแทนที่ดังกล่าวทำให้กรดอะมิโนในตำแหน่งที่ 44, 47 และ 52 เกิดการแทนที่ระหว่าง Serine, Glutamine, Valine เป็น Glycine, Histidine และ Isoleucine ตามลำดับ แสดงในตารางที่ 9 สำหรับการศึกษานี้พบว่า กลุ่มอัลลิล MAD20 ไม่พบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งดังกล่าว ซึ่งองค์ประกอบของกรดอะมิโนคือ Serine-Glutamine-Valine สำหรับกลุ่มอัลลิล K1 พบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์เกิดขึ้น ทำให้กรดอะมิโนมีการเปลี่ยนแปลงโดยพบว่าในตำแหน่งที่กล่าวไว้ข้างต้น พบรูปแบบกรดอะมิโนเป็นองค์ประกอบคือ Glycine-Histidine-Isoleucine, Serine-Histidine-Isoleucine และ Glycine-Glutamine-Isoleucine ส่วนกลุ่มอัลลิล R033 พบการแทนที่ที่เกิดขึ้น ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงและพบรูปแบบดังนี้ Serine-Glutamine-Valine และ Glycine-Glutamine-Valine เมื่อเปรียบเทียบกับตัวอย่างที่เคยมีการศึกษาทดลองรายงานมาก่อนพบว่า กลุ่มอัลลิล MAD20 ส่วนใหญ่พบกรดอะมิโนประกอบด้วย Serine-Glutamine-Valine นอกจากนี้ยังมี Glycine-Histidine-Isoleucine และ Glycine-Histidine-Valine เป็นองค์ประกอบ สำหรับอัลลิลกลุ่ม K1 พบความหลากหลายมากกว่ากลุ่มอัลลิล MAD20 ซึ่งประกอบด้วย Glycine-Histidine-Isoleucine, Serine-Glutamine-Valine, Serine-Histidine-Isoleucine และ Glycine-Glutamine-Isoleucine

ตารางที่ 7 แสดงการกระจายของกลุ่มอัลลีล MAD20 ในบริเวณ tripeptide repeats ของยีน PfMSP1 จำนวน 37 แบบ จากตัวอย่างในประเทศไทย ประเทศทานซาเนีย และประเทศอื่น ๆ ตัวเลขในวงเล็บคือความถี่ของอัลลีลในแต่ละกลุ่มประชากร

อัลลีล	ไทย			ทานซาเนีย	ประเทศอื่น	รวม n=250
	2531-2532 n=25	2538 n=26	2540-2542 n=125	2532 n=27	n=47	
M-I	-	-	1(0.01)	-	-	1
M-II	-	-	1(0.01)	-	-	1
M-III	-	-	-	-	94/98	1
M-IV	-	-	-	1(0.04)	-	1
M-V	-	-	-	1(0.04)	-	1
M-VI	-	-	-	1(0.04)	-	1
M-VIIa	-	2(0.08)	2(0.02)	-	-	4
M-VIIb	-	-	-	-	Bandia	1
M-VIII	-	-	-	1(0.04)	-	1
M-IX	5(0.20)	1(0.04)	13(0.12)	-	Wellcome, FCB-1	21
M-X	-	4(0.15)	10(0.08)	-	HN2, FVO, PLF-F3/B11	17
M-XI	-	-	4(0.03)	-	-	4
M-XII	1(0.04)	-	-	-	-	1
M-XIII	4(0.16)	-	2(0.02)	-	-	6
M-XIV	-	-	-	-	SUDAN7	1
M-XVa	-	-	4(0.03)	1(0.04)	-	5
M-XVb	-	-	-	1(0.04)	-	1
M-XVIa	1(0.04)	-	-	-	-	1
M-XVIb	-	9(0.35)	16(0.13)	-	-	25
M-XVII	1(0.04)	1(0.04)	-	-	-	2
M-XVIII	-	-	-	-	B439	1
M-XIX	-	-	-	-	2/M1	1
M-XX	-	-	9(0.07)	-	-	9
M-XXI	-	-	1(0.01)	-	-	1
M-XXII	-	-	-	-	FC27, MAD20	2
M-XXIIIa	1(0.04)	1(0.04)	1(0.01)	-	SGE2, HN1, FCC/HN	6
M-XXIIIb	1(0.04)	-	-	-	-	1
M-XXIV	-	-	2(0.02)	-	HN6.2, HN6.24	4
M-XXV	-	-	-	-	PF83, Patient	2
M-XXVI	-	-	-	-	PA	1
M-XXVII	-	-	-	-	HN3, HN5	2
M-XXVIII	-	-	1(0.01)	-	-	1
M-XXIXa	-	-	-	-	HB3, HB3A	2
M-XXIXb	-	-	-	-	HONDI	1
M-XXX	-	-	2(0.02)	-	NH6.27	3
M-XXXI	1(0.04)	-	-	-	-	1
M-XXXII	1(0.04)	-	1(0.01)	-	-	2

ตารางที่ 8 แสดงการกระจายของกลุ่มอัลลีล K1 ในบริเวณ tripeptide repeats ของยีน PFMSP1 จำนวน 26 แบบ จากตัวอย่างในประเทศไทย ประเทศทานซาเนีย และประเทศอื่น ๆ ตัวเลขในวงเล็บคือความถี่ของอัลลีลในแต่ละกลุ่มประชากร

อัลลีล	ไทย			ทานซาเนีย	ประเทศอื่น n=47	รวม n=250
	2531-2532 n=25	2538 n=26	2540-2542 n=125	2532 n=27		
K-I	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-II	-	-	-	-	CAMP, FUP	2
K-III	-	-	-	-	SUDAN12	1
K-IV	-	-	-	-	3D7	1
K-V	-	-	-	-	3/M1, 3D7A, NF54	3
K-VI	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-VII	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-VIII	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-IX	-	-	1(0.01)	-	-	1
K-X	-	-	-	2(0.07)	-	2
K-XI	-	-	-	-	RO71	1
K-XII	-	-	-	-	B358	1
K-XIII	-	-	-	-	NF7	1
K-XIV	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-XV	4(0.16)	3(0.12)	15(0.12)	-	-	22
K-XVI	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-XVII	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-XVIII	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-XIX	-	-	-	-	1/M1	1
K-XX	1(0.04)	-	3(0.02)	2(0.07)	K1	7
K-XXI	-	-	-	1(0.04)	-	1
K-XXII	-	-	-	2(0.07)	SUDAN41	3
K-XXIII	-	-	2(0.02)	-	-	2
K-XXIV	1(0.04)	-	-	-	-	1
K-XXV	-	-	-	2(0.07)	B608	3
K-XXVI	-	-	2(0.02)	-	-	2

ตารางที่ 9 แสดงการกระจายของกลุ่มอัลลีล RO33 ในบริเวณ repeats ของยีน PFMSP1 จำนวน 4 แบบ จากตัวอย่างในประเทศไทย ประเทศทานซาเนียและประเทศอื่น ๆ ตัวเลขในวงเล็บคือความถี่ของอัลลีลในแต่ละกลุ่มประชากร

อัลลีล	ไทย			ทานซาเนีย	ประเทศอื่น n=47	รวม n=250
	2531-2532 n=25	2538 n=26	2540-2542 n=125	2532 n=27		
R-I	2(0.08)	-	2(0.02)	3(0.11)	4/M1, RO33, SENEGAL S10	10
R-II	1(0.04)	5(0.19)	30(0.24)	-	B342, B411, CSL2	39
R-III	-	-	-	1(0.04)	-	1
R-IV	-	-	-	-	B440	1

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

เมื่อวิเคราะห์การแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งดังกล่าวใน block 1 และทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงมีโอกาสเกิดขึ้น 8 รูปแบบ แต่จากข้อมูลที่เคยมีการรายงานมาพบเพียง 5 รูปแบบ คือ Serine-Glycine-Valine, Serine-Histidine-Isoleucine, Glycine-Histidine-Isoleucine, Glycine-Glutamine-Valine และ Glycine-Histidine-Valine ซึ่งการศึกษาในครั้งนี้พบรูปแบบใหม่ที่ยังไม่เคยมีการรายงานมาก่อนคือ Glycine-Glutamine-Isoleucine ปรากฏในกลุ่มอัลลิล K1 แบบที่ K-XV ส่วนรูปแบบ SGI, SHV ยังไม่เคยมีการรายงานมาก่อน สำหรับรูปแบบที่พบมากที่สุดคือ Serine-Glutamine-Valine รองลงมาคือ Glycine-Histidine-Isoleucine, Glycine-Glutamine-Valine, Serine-Histidine-Isoleucine, Glycine-Histidine-Valine และ Glycine-Glutamine-Isoleucine ตามลำดับ (ตารางที่ 11) ส่วนกลุ่มอัลลิล R033 ประกอบด้วย Serine-Glutamine-Valine และ Glycine-Glutamine-Valine (ตารางที่ 12)

ความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน block 3

ในส่วนของ block 3 ที่ศึกษาครอบคลุมนิวคลีโอไทด์เพียง 84 ตัวหรือกรดอะมิโน 28 ตัว ดังแสดงในรูปที่ 14 อย่างไรก็ตามพบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ 10 ตำแหน่ง เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ MAD20 (Tanabe et al., 1987) ได้แก่ ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 336, 343, 346, 352, 372, 378, 380, 393, 399 และ 417 พบการแทนที่ระหว่าง T, A, A, A, T, T, A, C, T และ C เป็น C, G, G, T, C, A, G, A, C และ T ตามลำดับ หรือกรดอะมิโนตำแหน่งที่ 112 (Serine), 115 (Asparagine เปลี่ยนเป็น Aspartic acid), 116 (Threonine เปลี่ยนเป็น Alanine), 118 (Threonine เปลี่ยนเป็น Serine), 124 (Histidine), 126 (Valine), 127 (Glutamine เป็น Arginine หรือ Glutamine), 131 (Phenylalanine เป็น Leucine หรือ Phenylalanine), 133 (Isoleucine) และ 139 (Proline) เมื่อเปรียบเทียบกับตัวอย่างที่เคยมีการรายงาน พบว่าการเปลี่ยนแปลงแทนที่ระหว่างกรดอะมิโนในตำแหน่งที่ 127 และ 131 ของกลุ่มอัลลิล MAD20 ประกอบด้วย 3 แบบคือ Glutamine-Phenylalanine, Arginine-Leucine และ Arginine-Phenylalanine ส่วนกลุ่มอัลลิล K1 ประกอบด้วย 2 แบบคือ Arginine-Phenylalanine และ Arginine-Leucine สำหรับกลุ่มอัลลิล R033 ประกอบด้วย Glutamine-Phenylalanine เท่านั้น ตามลำดับ ดังแสดงในตารางที่ 10-12

รูปที่ 13 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (ก) และกรดอะมิโน (ข) ใน block 1 ของยีน PfMSP1 นิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 91-165 หรือกรดอะมิโนตำแหน่งที่ 31-35 ของสายพันธุ์ MAD20 (Tanabe et al., 1987) จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงาน

- . คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโนที่เหมือนกัน
- คือ ไม่มีข้อมูล

(ก) ลำดับนิวคลีโอไทด์

	91	165
MAD20	AAACTAGAAGCITTAGAAGATGCAGTATTGACAGGTTATAGITTTATTTCAAAGGAAAAAATGGTATTAAATGAA	
M-I	
M-II	
M-III	-	
M-IVG.....T.....A.C.....	
M-VG.....T.....A.C.....	
M-VI	
M-VIIa	
M-VIIb	
M-VIIIG.....T.....	
M-IX	
M-X	
M-XI	
M-XII	
M-XIII	
M-XIV	-	
M-XVa	
M-XVb	
M-XVIa	
M-XVIb	
M-XVII	
M-XVIII	
M-XIX	-	
M-XX	
M-XXI	
M-XXII	
M-XXIIIa	
M-XXIIIb	
M-XXIV	
M-XXV	
M-XXVI	-	
M-XXVII	
M-XXVIII	
M-XXIXa	
M-XXIXb	
M-XXX	
M-XXXI	
M-XXXII	

รูปที่ 13 (ก) (ต่อ)

91

165

AAACTAGAAGCTTTAGAGATGCAGTATTGACAGGTTATAGTTTATTTCAAAGGAAAAAATGGTATTAATGAA

K1

K-IG.....T.....A.C.....
K-IIG.....T.....A.C.....
K-III	-
K-IV	-
K-VG.....
K-VIG.....T.....A.C.....
K-VIIG.....T.....A.C.....
K-VIII
K-IXG.....T.....A.C.....
K-X
K-XIG.....T.....A.C.....
K-XIIG.....T.....A.C.....
K-XIII
K-XIV
K-XVG.....T.....A.C.....
K-XVI
K-XVII
K-XVIIIG.....T.....A.C.....
K-XIX
K-XXT.....A.C.....
K-XXIG.....T.....A.C.....
K-XXIIG.....T.....A.C.....
K-XXIIIT.....A.C.....
K-XXIVT.....A.C.....
K-XXVG.....T.....A.C.....
K-XXVIT.....A.C.....
BF43 (New)G.....A.C.....

RO33

R-IG..T
R-IIG..T
R-IIIG..T
R-IVG..T

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 13 (ต่อ)

(ข) ลำดับกรดอะมิโน

	31	55
MAD20	KLEALEDAVLTGYSLFQKEKMLNE	
M-I	
M-II	
M-III	-	
M-IVG..H....I...	
M-VG..H....I...	
M-VI	
M-VIIa	
M-VIIb	
M-VIIIG..H.....	
M-IX	
M-X	
M-XI	
M-XII	
M-XIII	
M-XIV	-	
M-XVa	
M-XVb	
M-XVIa	
M-XVIb	
M-XVII	
M-XVIII	
M-XIX	-	
M-XX	
M-XXI	
M-XXII	
M-XXIIIa	
M-XXIIIb	
M-XXIV	
M-XXV	
M-XXVI	-	
M-XXVII	
M-XXVIII	
M-XXIXa	
M-XXIXb	
M-XXX	
M-XXXI	
M-XXXII	

รูปที่ 13 (ข) (ต่อ)

	31	55
K1	KLEALEDAVLTGYSLFQKEKMLNE	
K-IG..H....I...	
K-IIG..H....I...	
K-III	-	
K-IV	-	
K-VG.....	
K-VIG..H....I...	
K-VIIG..H....I...	
K-VIII	
K-IXG..H....I...	
K-X	
K-XIG..H....I...	
K-XIIG..H....I...	
K-XIII	
K-XIV	
K-XVG..H....I...	
K-XVI	
K-XVII	
K-XVIIIG..H....I...	
K-XIX	
K-XXH....I...	
K-XXIG..H....I...	
K-XXIIG..H....I...	
K-XXIIIH....I...	
K-XXIVH....I...	
K-XXVG..H....I...	
K-XXVIH....I...	
BF43 (New)G.....I.....	
R033		
R-IKD	
R-IIG.....KD	
R-IIIKD	
R-IVKD	

ตารางที่ 9 แสดงลำดับกรดอะมิโนใน block 1 ที่มีการแทนที่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ ทำให้กรดอะมิโนในตำแหน่งที่ 44, 47 และ 52 เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ MAD20 (Tanabe et al., 1987) เกิดการเปลี่ยนแปลง โอกาสพบความหลากหลาย 8 รูปแบบ จากตัวอย่างที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้และการรายงานที่เคยมีมาก่อน

Alleles	<u>Amino position</u> 44-47-52	This study	Others	Total	References
MAD20	S-Q-V	92	61	153	Tanabe et al., 19887
K1	S-H-I	7	5	12	Mackay et al., 1985
RO71	G-H-I	18	22	40	Olafsson et al., 1992
IFA9.2	G-H-V	-	1	1	Jiang et al., 2000
NF54	G-Q-V	33	4	37	Pan et al., 1995
BF43 (New)	G-Q-I	1	-	-	This study
-	S-Q-I	-	-	-	
-	S-H-V	-	-	-	

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 14 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (ก) และกรดอะมิโน (ข) ใน block 3 ของยีน PfMSP1 ในตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ 334-417 หรือกรดอะมิโนตำแหน่งที่ 112-139 ของสายพันธุ์ MAD20 (Tanabe et al., 1987) จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

- . คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโนที่เหมือนกัน
- คือ ตำแหน่งที่มีการขาดหายไปหรือไม่มีองค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโน

(ก) ลำดับนิวคลีโอไทด์

	334	417
MAD20	AGTGATTCAAATACTAAAACCTACGCTGATTTAAAACATAGAGTTCAAATTTACTTGTTCACCTATTAAAGAACTCAAATATCC	
M-IG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-IIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-III	-	
M-IVG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-VG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-VIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-VIIaG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-VIIbG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-VIIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-IXG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XIIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XIV	-	
M-XVaG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XVbG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XVIaG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XVIbG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XVIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XVIIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XIX	-	
M-XXG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIIIaG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIIIbG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIVG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXVG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXVI	-	
M-XXVIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXVIIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIXaG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXIXbG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXXG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXXIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
M-XXXIIG..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	

รูปที่ 14 (ก) (ต่อ)

	334	417
K1	AGTGATTCAAATACTAAAACCTACGCTGATTTAAAACATAGAGTTCAAATTTACTTGTTCACTATTAAAGAACTCAAATATCCC	
K-I	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-II	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-III	-	
K-IV	-	
K-V	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-VI	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-VII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-VIII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-IX	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-X	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XI	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XIII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XIV	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XV	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XVI	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XVII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XVIII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XIX	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XX	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XXI	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
K-XXII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XXIII	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XXIV	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XXV	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
K-XXVI	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....A.....C.....T	
BF43 (New)	..C.....G..G.....T.....C.....A.G.....	
RO33		
R-IG..G.....T.....	
R-IIG..G.....T.....	
R-IIIG..G.....T.....	
R-IVG..G.....T.....G.....	

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 14 (ต่อ)

(ข) ลำดับกรดอะมิโน

	112	139
MAD20	SDSNTKTYADLKHRVQNYLFTIKELKYP	
M-I	...DA.S.....R...L.....	
M-II	...DA.S.....	
M-III	-	
M-IV	...DA.S.....	
M-V	...DA.S.....	
M-VI	...DA.S.....	
M-VIIa	...DA.S.....R...L.....	
M-VIIb	...DA.S.....R...L.....	
M-VIII	...DA.S.....	
M-IX	...DA.S.....R...L.....	
M-X	...DA.S.....R...L.....	
M-XI	...DA.S.....	
M-XII	...DA.S.....R...L.....	
M-XIII	...DA.S.....	
M-XIV	-	
M-XVa	...DA.S.....R.....	
M-XVb	...DA.S.....R.....	
M-XVIa	...DA.S.....	
M-XVIb	...DA.S.....	
M-XVII	...DA.S.....	
M-XVIII	...DA.S.....	
M-XIX	-	
M-XX	...DA.S.....R...L.....	
M-XXI	...DA.S.....	
M-XXII	...DA.S.....	
M-XXIIIa	...DA.S.....	
M-XXIIIb	...DA.S.....	
M-XXIV	...DA.S.....	
M-XXV	...DA.S.....	
M-XXVI	-	
M-XXVII	...DA.S.....R.....	
M-XXVIII	...DA.S.....R...L.....	
M-XXIXa	...DA.S.....R...L.....	
M-XXIXb	...DA.S.....R...L.....	
M-XXX	...DA.S.....	
M-XXXI	...DA.S.....	
M-XXXII	...DA.S.....	

รูปที่ 14 (ข) (ต่อ)

	112	139
K1	SDSNTKTYADLKHRVQNYLFTIKELKYP	
K-I	...DA.S.....R.....	
K-II	...DA.S.....R.....	
K-III	-	
K-IV	...DA.S.....R.....	
K-V	...DA.S.....R.....	
K-VI	...DA.S.....R.....	
K-VII	...DA.S.....R.....	
K-VIII	...DA.S.....R.....	
K-IX	...DA.S.....R.....	
K-X	...DA.S.....R.....	
K-XI	...DA.S.....R.....	
K-XII	...DA.S.....R.....	
K-XIII	...DA.S.....R.....	
K-XIV	...DA.S.....R.....	
K-XV	...DA.S.....R.....	
K-XVI	...DA.S.....R.....	
K-XVII	...DA.S.....R.....	
K-XVIII	...DA.S.....R...L.....	
K-XIX	...DA.S.....R...L.....	
K-XX	...DA.S.....R...L.....	
K-XXI	...DA.S.....R.....	
K-XXII	...DA.S.....R...L.....	
K-XXIII	...DA.S.....R...L.....	
K-XXIV	...DA.S.....R...L.....	
K-XXV	...DA.S.....R...L.....	
K-XXVI	...DA.S.....R...L.....	
R033		
R-I	...DA.S.....	
R-II	...DA.S.....	
R-III	...DA.S.....	
R-IV	...DA.S.....A.....	

ตารางที่ 10 แสดงองค์ประกอบของลำดับกรดอะมิโนที่มีความหลากหลายในบริเวณ tripeptide repeats (โดยตัวเลข 1=SGG, 2=SVA, 3=SVT, 4=SGK, 5=SSG, 6=SGA และ 7=LGG) และตำแหน่งที่กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงใน block 1 ได้แก่ ตำแหน่งที่ 44, 47 และ 52 และ block 3 ได้แก่ ตำแหน่งที่ 127 และ 131 (เทียบกับสายพันธุ์ MAD20) ของกลุ่มอัลลีล MAD20 ของยีน PfMSP1 จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

Type	Block 1	Block 2	Block 3
	44, 47, 52	tripeptide repeats	127, 131
M-I	S Q V	4211211211212121	R L
M-II	S Q V	131112121122121	Q F
M-III	-	131111212112121	-
M-IV	G H I	13112112112121	Q F
M-V	G H I	13112152112121	Q F
M-VI	S Q V	41211211212121	Q F
M-VIIa	S Q V	4211211212121	R L
M-VIIb	S Q V	4211211212121	R L
M-VIII	G H V	4311211212121	Q F
M-IX	S Q V	421121212121	R L
M-X	S Q V	412111221221	R L
M-XI	S Q V	431121121121	Q F
M-XII	S Q V	431313222221	R L
M-XIII	S Q V	131313222221	Q F
M-XIV	-	131121122121	-
M-XVa	S Q V	212112112121	R F
M-XVb	S Q V	212112112121	R F
M-XVIa	S Q V	13131122221	Q F
M-XVIb	S Q V	13131122221	Q F
M-XVII	S Q V	13131322221	Q F
M-XVIII	S Q V	52122112121	Q F
M-XIX	-	53112221121	-
M-XX	S Q V	42112112121	R L
M-XXI	S Q V	42521121121	Q F
M-XXII	S Q V	5312221121	Q F
M-XXIIIa	S Q V	1311221121	Q F
M-XXIIIb	S Q V	1311221121	Q F
M-XXIV	S Q V	1313112221	Q F
M-XXV	S Q V	2112112121	Q F
M-XXVI	-	4611212121	-
M-XXVII	S Q V	4111221221	R F
M-XXVIII	S Q V	412111221	R L
M-XXIXa	S Q V	42112121	R L
M-XXIXb	S Q V	42112121	R L
M-XXX	S Q V	13112221	Q F
M-XXXI	S Q V	53112261	Q F
M-XXXII	S Q V	42521	Q F

- คือ ไม่มีข้อมูล

ตารางที่ 11 แสดงองค์ประกอบของลำดับกรดอะมิโนที่มีความหลากหลายในบริเวณ tripeptide repeats โดยที่ 1=SGT, 2=SGP, 3=SAQ, 4=SGA, 5=NGA, 6=SG-, 7=-GS, และ 8=-P สำหรับตำแหน่งที่กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงใน block 1 ได้แก่ ตำแหน่งที่ 44, 47 และ 52 และ block 3 ในตำแหน่งที่ 127, 131 (เทียบกับสายพันธุ์ MAD20) ของกลุ่มอัลลีล K1 ของยีน PfMSP1 จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

Type	Block 1 44, 47, 52	Block 2 tripeptide repeats	Block 3 127, 131
K-I	G H I	3111111111111113113111111	R F
K-II	G H I	3111111131131131111	R F
K-III	-	311212121212121211	-
K-IV		34343434343321361	
K-V	G Q V	343434343431221	R F
K-VI	G H I	311111131111121	R F
K-VII	G H I	311111111112221	R F
K-VIII	S Q V	31111111122221	R F
K-IX	G H I	31111111111221	R L
K-X	S Q V	3112121212221	R F
K-XI	G H I	31111111111221	R F
K-XII	G H I	372181212121	R F
K-XIII	S Q V	34343431221	R F
K-XIV	S Q V	3435343121	R F
K-XV	G H I	3111111221	R F
K-XVI	S Q V	343431221	R F
K-XVII	S Q V	343131221	R F
K-XXIII	G H I	311212121	R L
K-XIX	S Q V	31112221	R L
K-XX	S H I	3111221	R L
K-XXI	G H I	3111121	R F
K-XXII	G H I	3112121	R L
K-XXIII	S H I	3112221	R L
K-XXIV	S H I	311221	R L
K-XXV	G H I	31121	R L
K-XXVI	S H I	31221	R L
BF43 (New)	G Q I	3111111221	R F

- คือ ไม่มีข้อมูล

ตารางที่ 12 แสดงองค์ของลำดับกรดอะมิโนที่มีความหลากหลายในบริเวณ repeats และการแทนที่ที่พบใน block 1 ตำแหน่งที่ 44, 47 และ 52 และ block 3 ตำแหน่งที่ 127, 131 (เทียบกับสายพันธุ์ MAD20) ของกลุ่มอัลลีล RO33 ของยีน PFMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

Type	Block 1 44, 47, 52	Block 2	Block 3 127, 131
R-I	S Q V	ANTQVVAKPADAVSTQSAKNPPGATVPSGTASTKGAIRSPGAANP	Q F
R-II	S Q VG.....	Q F
R-III	S Q VD.....	Q F
R-IV	S Q VVP.....	Q F

. คือ มีองค์ประกอบของของกรดอะมิโนที่เหมือนกัน

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

องค์ประกอบของโคดอน (codon) ใน block 2 ของยีน PfMSP1

การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบ G+C และ A+T ของแต่ละกลุ่มอัลลีลมีค่าใกล้เคียงกัน กล่าวคือกลุ่มอัลลีล MAD20 มีองค์ประกอบดังกล่าวคิดเป็นร้อยละ 53.20 และ 46.8 ตามลำดับ สำหรับกลุ่มอัลลีล K1 มีองค์ประกอบคิดเป็นร้อยละ 54.18 และ 45.82 และกลุ่มอัลลีล R033 มีองค์ประกอบคิดเป็นร้อยละ 56.9 และ 43.1 ตามลำดับ ($P = 0.89$)

กลุ่มอัลลีล MAD20

ในบริเวณ tripeptide repeats ของยีน MSP1 เป็นส่วนที่มีความหลากหลายสูง สำหรับการศึกษาค่าองค์ประกอบของกรดอะมิโนและลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าในแต่ละอัลลีลจะมีองค์ประกอบที่แตกต่างกัน แม้ว่ากรดอะมิโนชนิดเดียวกัน แต่องค์ประกอบของนิวคลีโอไทด์ที่ใช้จะมีความแตกต่างกัน จากการเปรียบเทียบองค์ประกอบของ codon ที่ใช้ของการศึกษารั้งนี้กับการศึกษาอื่น ๆ ที่เคยมีการรายงานทั้งหมด พบว่ากลุ่มอัลลีล MAD20 มีกรดอะมิโนที่เป็นองค์ประกอบ 7 ชนิด ได้แก่ Glycine ซึ่งพบมากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 36.46 Serine ร้อยละ 33.81 Valine ร้อยละ 14.02 Alanine ร้อยละ 12.02 Threonine ร้อยละ 2.24 Lysine ร้อยละ 1.36 และ Leucine ร้อยละ 0.08 ดังแสดงไว้ในตารางที่ 13 สำหรับ codon ทั้งหมดในอัลลีลทุกแบบมีจำนวน 1,248 codon พบว่า Serine ใช้ codon มากกว่ากรดอะมิโนชนิดอื่นคือ TCA จำนวน 414 codon (ร้อยละ 33.17) ซึ่งเป็น codon ที่พบมากที่สุด AGT จำนวน 76 codon (ร้อยละ 0.56) และ TCG จำนวน 1 codon (ร้อยละ 0.08) รองลงมาคือ Glycine ใช้ codon คือ GGT จำนวน 379 codon (ร้อยละ 30.37) และ GGC จำนวน 76 codon (ร้อยละ 6.09) Valine ใช้ codon คือ GTT จำนวน 174 codon (ร้อยละ 13.94) และ GTG จำนวน 1 codon (ร้อยละ 0.08) Lysine ใช้ codon คือ AAG จำนวน 8 codon (ร้อยละ 13.94) และ AAA จำนวน 1 codon (ร้อยละ 0.08) สำหรับกรดอะมิโนที่ใช้ codon เพียงชนิดเดียวได้แก่ Alanine ใช้ codon คือ GCT (ร้อยละ 12.02) Threonine ใช้ codon คือ ACT จำนวน 28 codon (ร้อยละ 2.24) และ Leucine ใช้ codon คือ TTA จำนวน 1 codon (ร้อยละ 0.08) สำหรับ codon ที่ใช้ในอัลลีล MAD20 ส่วนใหญ่ได้แก่ TCA และ GGT ตามลำดับ ส่วนการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ศึกษาในครั้งนี้ไม่ปรากฏ codon ที่ใช้ได้แก่ TCG, GTG, AAA และ TTA นอกจากนี้สัดส่วนขององค์ประกอบของกรดอะมิโนและลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ใช้จากการศึกษานี้และการศึกษาอื่น ๆ มีค่าไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P = 0.90$)

กลุ่มอัลลีล K1

สำหรับกลุ่มอัลลีล K1 มีองค์ประกอบของกรดอะมิโน 7 ชนิดและมักใช้ codon เพียงชนิดเดียว ยกเว้น Alanine พบร้อยละ 7.26 มี codon ที่ใช้คือ GCT ร้อยละ 5.54 และ GCA ร้อยละ 1.72 สำหรับกรดอะมิโนชนิดที่พบมากในกลุ่มอัลลีล K1 คือ Serine มี codon ที่ใช้คือ AGT ร้อยละ 33 ส่วน Glycine มี codon ที่ใช้คือ GGT ร้อยละ 27.80 Threonine มี codon ที่ใช้คือ ACA ร้อยละ 19.31 Proline มี codon ที่ใช้คือ CCA ร้อยละ 6.77 Glutamine มี codon ที่ใช้คือ CAA ร้อยละ 5.54 และ Asparagine มี codon ที่เป็นองค์ประกอบคือ AAT ร้อยละ 0.12 สำหรับการศึกษานี้ไม่พบอัลลีลใดที่มีองค์ประกอบของ Asparagine สำหรับสัดส่วนองค์ประกอบของกรดอะมิโนชนิดอื่น ๆ และ codon ที่ใช้เป็นมีค่าไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P = 0.87$) ดังแสดงในตารางที่ 14

กลุ่มอัลลีล R033

ส่วนกลุ่มอัลลีล R033 ซึ่งเป็นบริเวณที่ไม่มีการซ้ำกันของกรดอะมิโน จึงมีองค์ประกอบของกรดอะมิโนหลายชนิดซึ่งประกอบด้วยกรดอะมิโน 12 ชนิด โดยพบว่าองค์ประกอบที่พบส่วนใหญ่คือ Alanine ร้อยละ 21.67 รองลงมาคือ Proline ร้อยละ 13.89 สำหรับกรดอะมิโนที่มีองค์ประกอบจำนวนเท่ากันได้แก่ Lysine, Asparagine ร้อยละ 2.22 สำหรับ Glycine และ Valine พบใกล้เคียงกันคือร้อยละ 8.89 และ 9.44 ตามลำดับ ส่วน Glutamine พบร้อยละ 4.44 และองค์ประกอบที่พบน้อยที่สุดคือ Aspartic acid ร้อยละ 1.67 สำหรับ codon ที่ใช้สำหรับ Serine ได้แก่ TCT, TCA และ AGT Proline มี codon ที่ใช้คือ CCT และ CCA Threonine มี codon ที่ใช้คือ CAA Lysine มี codon ที่ใช้คือ AAA และ AAG Valine มี codon ที่ใช้คือ GTT และ GTA Asparagine มี codon ที่ใช้คือ AAT Aspartic acid มี codon ที่ใช้คือ GAT Arginine มี codon ที่ใช้คือ AGA Glycine มี codon ที่ใช้คือ GGT Isoleucine มี codon ที่ใช้คือ ATC โดยสัดส่วนของ codon ที่ใช้พบว่ามีค่าไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P = 0.86$)

องค์ประกอบของ tripeptide repeats

กลุ่มอัลลีล MAD20

เมื่อเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณ tripeptide repeats (ประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์ 9 ตัวหรือกรดอะมิโน 3 ตัว) จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่น ๆ พบว่ากลุ่มอัลลีล MAD20 มีองค์ประกอบของ repeat units จำนวน 13 แบบ (ประกอบด้วย A, B,....., M

ตามลำดับอักษร) ดังแสดงในรูปที่ 15 การศึกษานี้พบ repeat units ที่ใช้ จำนวน 6 แบบ คือ A, B, C, D, E และ F ส่วนการศึกษาอื่นสามารถพบได้ทั้ง 13 แบบ โดย repeat units ที่ใช้มากที่สุดคือชุด A ประกอบด้วย Serine-Valine-Alanine (TCAGTTGCT) รองลงมาคือ repeat units ชุด B ประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine (TCAGGTGGT) repeat units ชุด C ประกอบด้วย SGG (TCAGGTGGC) repeat units ชุด D ประกอบด้วย Serine-Valine-Threonine (TCAGTTACT) repeat units ชุด E ประกอบด้วย Serine-Lysine-Glycine (TCAAAGGT) และ repeat units ชุด F ประกอบด้วยกรดอะมิโน Serine-Serine-Glycine (TCAAGGGT) repeat units ชุด G ประกอบด้วย Serine-Glycine-Alanine (TCAGGTGCT) repeat units ชุด H ประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine (TCAGGCGGT) repeat units ชุด I ประกอบด้วย Serine-Lysine-Glycine (TCAAAGGT) repeat units ชุด J ประกอบด้วย Serine-Valine-Alanine (TCAGTGGCT) repeat units ชุด K ประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine (TCGGTGGT) repeat units ชุด L ประกอบด้วย Serine-Serine-Glycine (TCAAGTGGC) repeat units ชุด M ประกอบด้วย Leucine-Glycine-Glycine (TTAGGTGGT) สำหรับค่าเฉลี่ยของชุดที่ใช้ส่วนใหญ่ พบชุด A และ B คือ ร้อยละ 35.10 และ 32.93 ตามลำดับ องค์ประกอบของกรดอะมิโนที่พบ ประกอบด้วย Serine-Glycine-Glycine, Serine-Valine-Alanine, Serine-Valine-Threonine, Serine-Lysine-Glycine, Serine-Serine-Glycine, Serine-Glycine-Alanine และ Leucine-Glycine-Glycine ร้อยละ 51.20, 35.34, 6.73, 4.09, 2.68, 0.72 และ 0.24 ตามลำดับ (ตารางที่ 15)

กลุ่มอัลลีล K1

องค์ประกอบของชุด tripeptide repeats ที่ใช้จากการวิเคราะห์ข้อมูลอัลลีลทั้ง 26 แบบ พบ repeat units ที่ใช้จำนวน 5 ชุด (ตารางที่ 16) โดย repeat units ชุด 1 ประกอบด้วย Serine-Glycine-Threonine (AGTGGTACA) ร้อยละ 57.72 รองลงมาคือ repeat units ชุด 2 ประกอบด้วย Serine-Glycine-Proline (AGTGGTCCA) ร้อยละ 20.22 repeat units ชุด 3 ประกอบด้วย Serine-Alanine-Glutamine (AGTGCTCAA) ร้อยละ 10.85 repeat units ชุด 4 ประกอบด้วย Serine-Glycine-Alanine (AGTGGTGCA) ร้อยละ 3.07 repeat units ชุด 5 ประกอบด้วย Asparagine-Glycine-Alanine (AATGGTGCA) ร้อยละ 0.37 สำหรับการศึกษาในครั้งนี้พบ repeat units ชุด 1 มากที่สุดคือร้อยละ 62.79 รองลงมาคือ repeat units ชุด 2 และ 3 พบร้อยละ 25.58 และ 11.63 ตามลำดับ ส่วน repeat units ที่พบจากการศึกษาอื่น ๆ มีค่าไม่แตกต่างกับการศึกษาในครั้งนี้อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P = 0.85$)

ตารางที่ 13 แสดงองค์ประกอบของกรดอะมิโนและนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลีล MAD20 ของยีน PfMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน*

Amino Acid	Codon	This study (%)	Others (%)	Total (%) **
Glycine (G)	GGT	152 (30.52)	287 (30.08)	379 (30.37)
	GGC	28 (5.62)	52 (5.76)	76 (6.09)
Serine (S)	TCA	166 (33.33)	316 (33.12)	414 (33.17)
	AGT	2 (0.41)	6 (0.63)	7 (0.56)
	TCG	0 (0.00)	1 (0.10)	1 (0.08)
Valine (V)	GTT	71 (14.26)	136 (14.26)	174 (13.94)
	GTG	0 (0.00)	1 (0.10)	1 (0.08)
Alanine (A)	GCT	60 (12.05)	116 (12.16)	150 (12.02)
Threonine (T)	ACT	11 (2.21)	24 (2.52)	28 (2.24)
Lysine (K)	AAG	8 (1.63)	10 (1.05)	16 (1.28)
	AAA	0 (0.00)	1 (0.10)	1 (0.08)
Leucine (L)	TTA	0 (0.00)	1 (0.10)	1 (0.08)
		n=498	n=954	n=1,248

* ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ χ^2 -test; P -value > 0.05

** ไม่รวมอัลลีลที่ซ้ำกัน

ตารางที่ 14 แสดงองค์ประกอบของกรดอะมิโนและนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลีล K1 ของยีน PfMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน*

Amino Acid	Codon	This study (%)	Others (%)	Total (%)**
Serine (S)	AGT	43 (33.33)	259 (33.33)	270 (33.21)
Glycine (G)	GGT	38 (29.46)	217 (27.92)	226 (27.80)
Threonine (T)	ACA	27 (20.43)	143 (18.40)	157 (19.31)
Alanine (A)	GCT	5 (3.88)	44 (5.66)	45 (5.54)
	GCA	0 (0.00)	14 (1.80)	14 (1.72)
Proline (P)	CCA	11 (8.53)	55 (7.08)	55 (6.77)
Glutamine (Q)	CAA	5 (3.88)	44 (5.66)	45 (5.54)
Asparagine (N)	AAT	0 (0.00)	1 (0.13)	1 (0.12)
		n=129	n=777	n=813

* ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ χ^2 -test; P -value > 0.05

** ไม่รวมอัลลีลที่ซ้ำกัน

รูปที่ 15 แสดงองค์ประกอบของ tripeptide repeats ในแต่ละชุดของกลุ่มอัลลีล MAD20 ของยีน PfMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

Type	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
M-I	E	A	B	C	A	B	C	A	B	C	A	C	A	C	A	B
M-II	B	D	B	B	C	A	B	A	B	C	A	A	C	A	B	
M-III	B	D	B	B	B	B	A	C	A	H	C	A	C	A	B	
M-IV	B	D	B	B	A	B	C	A	B	C	A	C	A	B		
M-V	B	D	B	B	A	B	L	A	B	C	A	C	A	B		
M-VI	E	C	A	B	B	A	B	C	A	C	A	C	A	B		
M-VIIa	E	A	B	C	A	B	C	A	C	A	C	A	B			
M-VIIb	E	A	B	C	A	K	B	A	C	A	C	A	B			
M-VIII	E	D	B	B	A	B	C	A	C	A	C	A	B			
M-IX	E	A	B	C	A	C	A	C	A	C	A	B				
M-X	E	C	A	B	B	C	A	A	C	A	A	B				
M-XI	E	D	B	B	A	B	C	A	B	C	A	B				
M-XII	E	D	B	D	B	D	A	A	A	A	A	B				
M-XIII	B	D	B	D	B	D	A	A	A	A	A	B				
M-XIV	B	D	B	B	A	B	C	A	M	C	A	B				
M-XVa	A	B	A	B	C	A	B	C	A	C	A	B				
M-XVb	A	B	A	B	C	A	B	C	J	C	A	B				
M-XVIa	B	D	B	D	B	G	A	A	A	A	B					
M-XVII	B	D	B	D	B	D	A	A	A	A	B					
M-XVIIb	B	D	B	D	B	B	A	A	A	A	B					
M-XVIII	F	A	C	A	A	H	C	A	C	A	B					
M-XIX	F	D	B	B	A	A	A	B	C	A	B					
M-XX	E	A	B	C	A	B	C	A	C	A	B					
M-XXI	E	A	F	A	B	C	A	B	C	A	B					
M-XXII	F	D	B	A	A	A	B	C	A	B						
M-XXIIIa	B	D	B	B	A	A	B	C	A	B						
M-XXIV	B	D	B	D	B	B	A	A	A	B						
M-XXV	A	B	C	A	B	C	A	C	A	B						
M-XXIIb	B	D	B	C	A	A	B	C	A	B						
M-XXVI	I	G	B	C	A	C	A	C	A	B						
M-XXVII	E	B	B	C	A	A	C	A	A	B						
M-XXVIII	E	C	A	B	B	C	A	A	B							
M-XXIXa	E	A	B	C	A	C	A	B								
M-XXIXb	E	A	B	C	A	B	A	B								
M-XXX	B	D	B	B	A	A	A	B								
M-XXXI	F	D	B	B	A	A	G	B								
M-XXXII	E	A	F	A	B											

หมายเหตุ แสดงรหัสที่ใช้แทนองค์ประกอบของ tripeptide repeats ของกลุ่มอัลลีล MAD20

A	SVA	TCA	GTT	GCT
B	SGGG.	.G.
C	SGGG.	.GC
D	SVT	A..
E	SKG	...	AAG	.G.
F	SSG	...	AG.	.G.
G	SGAG.	...
H	SGGGC	.G.
I	SKG	...	AAA	.G.
J	SVAG	...
K	SGG	..G	.G.	.G.
L	SSG	...	AG.	.GC
M	LGG	.T.	.G.	.G.

ตารางที่ 15 แสดงองค์ประกอบของกรดอะมิโนและนิวคลีโอไทด์ในแต่ละชุดของกลุ่มอัลลีล MAD20 ของยีน PfMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน

Sequences			Number (%)		
Amino acid	Nucleotide		This Study	Others	Total**
A	SVA	TCA GTT GCT	60 (36.14)	112 (35.22)	146 (35.10)
B	.GGG. .G.	57 (34.34)	105 (33.12)	137 (32.93)
C	.GGG. .GC	28 (16.87)	52 (16.32)	73 (17.55)
D	..T A..	11 (6.63)	24 (7.55)	28 (6.73)
E	.KG	... AAG .G.	8 (4.82)	10 (3.14)	16 (3.85)
F	.SG	... AG. .G.	2 (1.20)	5 (1.57)	6 (1.44)
G	.G.G. ...	0 (0.00)	3 (0.94)	3 (0.72)
H	.GGGC .G.	0 (0.00)	2 (0.63)	2 (0.48)
I	.KG	... AAA .G.	0 (0.00)	1 (0.31)	1 (0.24)
JG ...	0 (0.00)	1 (0.31)	1 (0.24)
K	.GG	..G .G. .G.	0 (0.00)	1 (0.31)	1 (0.24)
L	.SG	... AG. .GC	0 (0.00)	1 (0.31)	1 (0.24)
M	LGG	.T. .G. .G.	0 (0.00)	1 (0.31)	1 (0.24)
			n=166	n=318	n=416

* ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ χ^2 -test; P -value > 0.05

** ไม่รวมอัลลีลที่ซ้ำกัน

ตารางที่ 16 แสดงองค์ประกอบของกรดอะมิโนและนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มอัลลีล K1 ของยีน PfMSP1 ที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้และการศึกษาอื่นที่เคยมีการรายงานมาก่อน*

Sequences			Number (%)		
Amino acid	Nucleotide	This Study	Others	Total**	
1	SGT	AGT GGT ACA	27 (62.79)	141 (57.55)	157 (57.72)
2	..P C..	11 (25.58)	48 (19.59)	55 (20.22)
3	.AQC. CA.	5 (11.63)	42 (17.14)	46 (10.85)
4	..A G..	0 (0.00)	13 (5.31)	13 (3.07)
5	N.A	.A. ... G..	0 (0.00)	1 (0.41)	1 (0.37)
			n=43	n=245	n=271

* ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ χ^2 -test; P -value > 0.05

** ไม่รวมอัลลีลที่ซ้ำกัน

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย