บทที่ 6

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

จากการทำปฏิกริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสเพื่อเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอของยีน MSP1 ของเชื้อมาลาเรีย *Plasmodium falciparum* ในบริเวณ block 1 ถึง 5 block 5 ถึง 13 และ block 12 ถึง 17 เพื่อวิเคราะห์รูปแบบอัลลีลของยีน MSP1 ในบริเวณที่เป็น variable block โดยใช้เอ็นไซม์ตัดจำเพาะภายในของอัลลีลที่แตกต่างกันในการจำแนกชนิดได้แก่ เอ็นไซม์ *Alu*I ที่พบในอัลลีลชนิด K1 และ เอ็นไซม์ *Pst*I ที่พบในอัลลีลชนิด RO33 ในส่วนของ block 2 เอ็นไซม์ *Hae*III ที่พบในอัลลีลชนิด K1 ในส่วนของ block 4 เอ็นไซม์ *Dra*I ที่พบในอัลลีลชนิด MAD20 และ K1 ในบริเวณ block 5 ถึง 13 และเอ็นไซม์ *Hind*III ที่พบในอัลลีลชนิด MAD20 ในบริเวณ block 12 ถึง 17 พบว่ารูปแบบของอัลลีลของยีน MSP1 ในการศึกษานี้มี 3 รูปแบบ โดยในแต่ละส่วนของยีน MSP1 จะมีรูปแบบที่แตกต่างกัน จากตัวอย่างที่ทำการศึกษาทั้งหมด 30 ตัวอย่าง พบว่าในบริเวณ block 2 จะมีรูปแบบของอัลลีลส่วนใหญ่เป็น MAD20 ถึงร้อยละ 60 โดยที่ K1 และ RO33 มีเพียงประมาณอย่างละร้อยละ 10 และในกรณีของการปะปนระหว่างอัลลีล MAD20 กับ อัลลีล K1 ในไอโซเลตเดียวกันพบประมาณร้อยละ 13 สำหรับการปะปนระหว่างอัลลีล RO33 กับอัลลีล K1 และ อัลลีล MAD20 กับ อัลลีล RO33 พบจำนวนเท่ากันคือประมาณร้อยละ 3 ในบริเวณ block 4 รูปแบบของอัลลีลส่วนใหญ่จะเป็นชนิด K1 เท่ากับร้อยละ 50 อัลลีล MAD20 ประมาณร้อยละ 36 และการปะปนระหว่างอัลลีล MAD20 กับอัลลีล K1 ประมาณร้อยละ 13 สำหรับบริเวณ block 5 ถึง 13 และ block 12 ถึง 17 จะพบรูปแบบอัลลีลที่สอดคล้องกันในทุกตัวอย่าง โดยมีรูปแบบของอัลลีลชนิด MAD20 มากที่สุดคือร้อยละ 60 ในขณะที่อัลลีล K1 และการปะปนระหว่างอัลลีล MAD20 กับอัลลีล K1 ในไอโซเลตเดียวกันมีเท่ากับร้อยละ 33 และร้อยละ 6 ตามลำดับ

การศึกษาลักษณะของอัลลีลของยีน MSP1 ของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. falciparum* โดยนำเทคนิคการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอในหลอดทดลอง จากการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสและทำการวิเคราะห์รูปแบบของยีน MSP1 โดยใช้เอ็นไซม์ตัดจำเพาะภายในที่ต่างกันในแต่ละอัลลีล ผลที่ได้จากการศึกษาในกลุ่มตัวอย่างที่ทราบรูปแบบของอัลลีล เปรียบเทียบกับผล

การทำ Southern blot hybridization พบว่ารูปแบบของอัลลีลที่ได้สอดคล้องกัน ดังนั้นเมื่อนำเทคนิคนี้ไปใช้เพื่อตรวจสอบรูปแบบของอัลลีลในกลุ่มตัวอย่างที่ไม่ทราบรูปแบบของอัลลีล พบว่าผลการตรวจสอบที่ได้สอดคล้องกับผลการตรวจสอบด้วยวิธี Southern blot hybridization เช่นกัน

ข้อเสนอแนะ

1. จากการศึกษารูปแบบของอัลลีล K1 และ MAD20 ของยีน MSP1 พบว่าอัลลีลแต่ละชนิดยังมีความยาวแตกต่างกันในแต่ละสายพันธุ์อีกด้วย ดังนั้นหากได้มีการนำเทคนิคแยกแถบดีเอ็นเอโดยใช้โพลีอะคริลาไมด์เจล อิเลคโตรโฟรีซีส (polyacrylamide gel eletrophoresis) ก็จะทำให้สามารถแยกความแตกต่างในกลุ่มของอัลลีลนี้ได้ เนื่องจากโพลีอะคริลาไมด์เจล จะมี pore size ที่เล็กกว่าอะกาโรสเจล ทำให้สามารถวิเคราะห์ความหลากหลายของอัลลีลในแต่ละกลุ่มได้ดียิ่งขึ้น ดังเช่น Felger และคณะ (1993) ได้ทำการศึกษาจีโนไทป์ของยีน MSP2 ใน *Plasmodium falciparum*

2. ในส่วนของยีน MSP1 ที่เป็น conserved block ซึ่งเป็นบริเวณที่มี nucleotide substitution หลายตำแหน่ง ดังนั้นถ้ามีตำแหน่งตัดของเอ็นไซม์ตัดจำเพาะภายในที่แตกต่างกันในแต่ละอัลลีลอยู่ในบริเวณนี้ ก็จะสามารถใช้เอ็นไซม์ชนิดนั้นเป็นตัวบ่งบอกรูปแบบของอัลลีลนั้น ๆ ได้ ทำให้ทราบรูปแบบของอัลลีลของยีน MSP1 ได้ละเอียดมากยิ่งขึ้น