

รูปแบบ Abstract (บทคัดย่อไทย)

รหัสโครงการ (Project Code): MRG4980091

ชื่อโครงการ (Project Title): การพัฒนาเทคนิคทางอณูชีววิทยาเพื่อตรวจวัดและศึกษาการเพิ่มจำนวนสำเนา *mdr1* ในเชื้อมาเลเรียชนิดไวเวกซ์

ชื่อนักวิจัย (Investigator): ผศ. ดร. มัลลิกา อิมวงค์ ภาควิชาอายุรศาสตร์เขตร้อน คณะเวชศาสตร์เขตร้อน มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพฯ 10400

E-mail Address : noi@tropmedres.ac

ระยะเวลาโครงการ (Project Period) : 2 ปี

การเพิ่มจำนวนสำเนา *mdr1* เป็นกลไกสำคัญกลไกหนึ่งที่เกิดการดื้อยาเมโฟควินทั้งใน *in vitro* และ *in vivo* ในเชื้อพลาซิมมาเลเรีย หากแต่ในเชื้อไวเวกซ์ข้อมูลเหล่านี้มีน้อยมาก ยังขาดข้อมูลของการเพิ่มจำนวนสำเนา *mdr1* ในเชื้อไวเวกซ์ว่าเกิดขึ้นหรือไม่และมีความแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่อย่างไร ทางผู้วิจัยได้ทำการพัฒนาเทคนิคทางอณูชีววิทยา Real time PCR ซึ่งเป็นเทคนิคที่ง่ายและใช้งานได้จริง เพื่อตรวจวัดจำนวนสำเนา *mdr1* ในเชื้อไวเวกซ์ และได้ทำการตรวจสอบเชื้อไวเวกซ์จำนวน 215 เชื้อที่ได้มาจากเมืองไทย ลาว และ พม่าซึ่งเป็นพื้นที่ที่มีภาวะปริมาณการใช้ยาที่แตกต่างกัน โดยสรุปคือในภาคตะวันตกของประเทศไทยซึ่งมีการใช้ยาเมโฟควินสูง พบมีจำนวนสำเนา *mdr1* มากกว่าจากลาว และ พม่า(9%; 6/66) ซึ่งมีการใช้ยาเมโฟควินต่ำอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p=0.02$) อย่างไรก็ตามรายละเอียดของความสัมพันธ์นี้ยังต้องการการศึกษาในรายละเอียดต่อไป นอกจากนี้ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาเพิ่มเติมในการตรวจหาตำแหน่งมิวเตชันในยีนเดียวกันนี้ซึ่งพบมี 5 ตำแหน่ง แต่ยังไม่พบความสัมพันธ์นี้กับการเพิ่มจำนวนสำเนาและการดื้อยา

คำหลัก (Keywords) : เชื้อไวเวกซ์, จำนวนสำเนา *Pvmdr1*, ตำแหน่งมิวเตชันในยีน *Pvmdr1*

รูปแบบ Abstract (บทความย่ออังกฤษ)

Project Code (รหัสโครงการ): MRG4980091

Project Title (ชื่อโครงการ): Gene amplification of *Plasmodium vivax* multidrug resistance 1 gene in Thailand, Laos, and Myanmar

Investigator (ชื่อนักวิจัย): Assist Prof. Mallika Imwong Department of Clinical Tropical Medicine, Faculty of Tropical Medicine, Mahidol University Bangkok 10400

E-mail Address : noi@tropmedres.ac

Project Period (ระยะเวลาโครงการ) : 2 years

Increase in the copy number of the *Plasmodium falciparum mdr1* gene is the most important determinant of mefloquine resistance *in vitro* and *in vivo*, and is inversely correlated with chloroquine resistance. However, little information is known in *P. vivax*. A real time PCR technique quantifying *P. vivax pvmdr1* copy number was developed and used to assess the *pvmdr1* copy number in 215 *P. vivax* parasite isolates collected from patients in three areas of South-East Asia with different drug pressures. On the western border of Thailand, where drug pressure has been most intense and mefloquine-resistant *P. falciparum* is prevalent, gene amplifications of *pvmdr1* were significantly more common (9%; 6 of 66 samples) than elsewhere ($p=0.02$), where mefloquine use has been less, and mefloquine resistance in *P. falciparum* is lower. Five coding mutations in *pvmdr1* were found, which were independent of gene amplification. Real time PCR methodology to assess *pvmdr1* gene amplification in *P. vivax* is practical and relatively simple. *Pvmdr1* gene amplification occurs in *P. vivax* and was more common in a region with sustained mefloquine drug

pressure. The precise relationship of these genomic changes and antimalarial drug resistance in *P. vivax* needs further exploration.

คำหลัก (Keywords) : *P. vivax*, *Pvmdr1* gene amplification, *Pvmdr1* mutation