



การศึกษา สู่เศรษฐกิจ

ที่ มอจารย์นักวิจัย มหาวิทยาลัยมหาสารคาม (มมส) และมหาวิทยาลัยขอนแก่น (มข.) คิดค้นพัฒนาการจำแนกชนิดพยาธิิตีต diphyllbothriidean (ไดโพลีโลโบทริเดียน) ได้อย่างรวดเร็ว ช่วยเรื่องการตรวจวินิจฉัยในการแยกเชื้อปรสิตในคนให้มีประสิทธิภาพนำไปสู่การรักษาผู้ป่วยได้อย่างรวดเร็ว

น.ส.ต้องจิตร์ ถันขมนาง และ น.ส.สมจินตนา ท้วทพิญ อาจารย์คณะแพทยศาสตร์ มมส ร่วมกับ **นายวันชัย มาลีวัชร** อาจารย์คณะแพทยศาสตร์ มช.และคณะ ได้พัฒนาวิธี



การตรวจพยาธิิตีตไดโพลีโลโบทริเดียน ด้วยวิธี pyrosequencing ได้อย่างรวดเร็ว และได้ตีพิมพ์เผยแพร่ในงานวิจัยในวารสาร Scientific Reports



ในปี ค.ศ.2016 โดยได้รับทุนสนับสนุนจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) กลุ่มเมธีวิจัยอาวุโส สกว.ประจำปี 2558

การพัฒนาการจำแนกชนิดพยาธิิตีตดังกล่าว เป็นวิธีที่ไว



'มมส' จับมือ มช. พัฒนาจำแนกชนิดพยาธิิตีต



และมีความจำเพาะสูง เมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการตรวจวินิจฉัยในห้องปฏิบัติการตรวจโดยใช้กล้องจุลทรรศน์ หรือการตรวจทางภูมิคุ้มกันวิทยา ซึ่งเป็นวิธีมาตรฐาน นอกจากนี้ สามารถตรวจได้จำนวนมากในแต่ละครั้งทำให้ประหยัดเวลาและค่าใช้จ่าย เหมาะสำหรับประเทศที่เป็นแหล่งระบาดของโรคเพื่อให้การตรวจวินิจฉัยในการแยกเชื้อปรสิตมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

น.ศ.ต้องจิตร์เล่าว่า พยาธิิตีตไดโพลีโลโบทริเดียน เป็นพยาธิิตีตที่พบการติดเชื้อทั้งในคนและสัตว์ คนติดพยาธิโดยการกิน เช่น กินปลาดิบ จำพวกปลาในวงศ์ปลาแซลมอนที่มีระยะติดต่อเข้าไป จากนั้นพยาธิจะเจริญเป็นตัว

เต็มวัยในลำไส้ คนที่ติดพยาธิจะมีการท้องร่วง ท้องเสีย ปวดท้อง ไม่สบายท้อง แต่คนส่วนมากจะไม่ค่อยมีอาการ ยกเว้นคนที่มีการรุนแรง จะทำให้ลำไส้อุดตัน พยาธิในตระกูลนี้มีหลายสกุลที่ก่อโรคในคน เช่น Diphyllbothrium (ไดโพลีโลโบเทรียม), Adenocephalus (อะดีโนเซฟาลัส), Diplogonoporus (ไดโพลโกโนพอร์รัส) และ Spirometra (สไปโรเมตรา) ซึ่งรูปร่างลักษณะคล้ายกันทำให้แยกชนิดได้ยาก

ดังนั้น ในการศึกษาครั้งนี้ คณะผู้วิจัยจึงพัฒนาวิธี pyrosequencing มา

ใช้สำหรับตรวจพยาธิิตีตไดโพลีโลโบทริเดียน 9 ชนิด ซึ่งเทคนิคดังกล่าว เป็นการตรวจลำดับนิวคลีโอไทด์โดยการสังเคราะห์ อาศัยการตรวจหา pyrophosphate (PPI) ที่ถูกปลดปล่อยจากการที่นิวคลีโอไทด์ถูกนำไปใช้ในการสร้างดีเอ็นเอสายใหม่ ซึ่งสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดจะมีตำแหน่งจำเพาะที่ลำดับนิวคลีโอไทด์แตกต่างกัน

เทคนิคนี้สามารถตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ชิ้นขนาดเล็ก แบบประมวลผลในเวลาจริง เหมาะสำหรับการตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีความยาวไม่มากในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม หรือจำแนกชนิดสิ่งมีชีวิต