

บทที่ 5

สรุป

1. ตรวจพบ *V. cholerae* non-O1/non-O139 แต่ไม่พบ *V. cholerae* O1 และ O139 ในตัวอย่างที่แยกจากสิ่งแวดล้อม ได้แก่ น้ำ แพลงก์ตอน และอาหารทะเล แสดงว่าไม่มีการปนเปื้อนของ *V. cholerae* O1 และ O139 จากผู้ป่วยผ่านทางอุจจาระสู่สิ่งแวดล้อม
2. ตรวจไม่พบจีนก่อโรคใน *V. cholerae* non-O1/non-O139 ยกเว้นในตัวอย่างแพลงก์ตอน 4 isolates ซึ่งพบ *tcpA-E* แสดงว่าเชื้อดังกล่าว มีโอกาสรับจีน CTX genetic element ผ่านทาง CTX ϕ กลายเป็นเชื้อ *V. cholerae* ที่ก่อโรคได้
3. *V. cholerae* non-O1/non-O139 เกือบทุกสายพันธุ์ ที่แยกได้จากผู้ป่วย ตอบสนองต่อยาต้านจุลชีพทุกตัว
4. รูปแบบดีเอ็นเอของ *V. cholerae* non-O1/non-O139 ทั้งที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมและจากผู้ป่วยให้รูปแบบที่ต่างกัน ยกเว้นเชื้อที่แยกได้จากแพลงก์ตอน 4 isolates แสดงว่าน่าจะมาจาก clone เดียวกัน เนื่องจากเก็บได้ในบริเวณใกล้เคียงกัน
5. *V. cholerae* O1 ที่แยกจากผู้ป่วยในการศึกษารั้งนี้ ทุกสายพันธุ์เป็น serogroup O1 serotype Inaba ซึ่งต่างจาก *V. cholerae* O1 ที่แยกได้ในปี พ.ศ. 2540-2541 ที่พบ serotype Ogawa ทั้งหมดแสดงว่ามี serotype conversion
6. *V. cholerae* O1 ที่ทดสอบ ตอบสนองต่อยาต้านจุลชีพส่วนใหญ่ ยกเว้น ampicillin และ erythromycin ที่พบว่าเชื้อคือต่อยาร้อยละ 11 และ 2.4 ตามลำดับ
7. รูปแบบดีเอ็นเอของ *V. cholerae* O1 El Tor Inaba จากทุกภูมิภาคของประเทศไทย มี 2 รูปแบบ คือ รูปแบบ A และ B ซึ่งรูปแบบ A พบได้ในทุกภาค ส่วนรูปแบบ B พบเฉพาะในพื้นที่ภาคใต้ จ.สงขลา ในเขต อ.จะนะ อ.เทพา และอ.นาทวี ซึ่งเป็นพื้นที่ใกล้เคียงกัน นอกจากนี้ *V. cholerae* O1 El Tor Ogawa ที่แยกได้ในปี พ.ศ. 2540-2541 ให้ดีเอ็นเอรูปแบบ A เช่นกัน

8. การพบรูปแบบดีเอ็นเอของ *V. cholerae* O1 Inaba ที่แยกในปี พ.ศ. 2544 – 2545 เหมือนกับเชื้อ *V. cholerae* O1 Ogawa ที่แยกในปี พ.ศ. 2540-2541 จึงเป็นที่น่าสนใจว่าอาจเป็นเชื้อมาจาก clone เดียวกัน แต่การที่พบรูปแบบการดื้อยาต่างกัน ทำให้สงสัยว่าน่าจะเป็นคนละ clone ควรใช้เทคนิค AFLP และ PFGE ทำการตรวจสอบเพื่อยืนยันอีกครั้ง ถ้าพบว่าแตกต่างกัน น่าจะเป็นไปได้ที่เชื้อจากแหล่งอื่น เช่น จากประเทศเพื่อนบ้าน จะระบาดเข้ามาและกระจายไปทั่วทุกภูมิภาคของประเทศไทย