



สรุปผลการทดลอง และข้อเสนอแนะ

1. สามารถแยกเชื้อมัคโคแบคทีเรียได้จากตัวอย่างทุกชนิดจำนวน 133 สายพันธุ์ แยกเป็นเชื้อ ชนิดเจริญช้า 33 สายพันธุ์ และชนิดที่เจริญเร็ว 100 สายพันธุ์
2. คัดเลือกเชื้อชนิดเจริญเร็วบางส่วน มาศึกษาการจัดกลุ่มแบบวิธี Numerical Taxonomy ร่วมกับเชื้อสายพันธุ์เติบโตเร็วที่แยกได้จากผู้ป่วย และที่เป็นเชื้ออ้างอิง พบว่าที่ระดับความคล้ายคลึง 80% จัดแบ่งกลุ่มได้เด่นชัด 12 กลุ่ม คือ กลุ่มของ M. flavescens, M. fortuitum, M. chelonei subsp abscessus, M. chitae, M. chelonei subsp chelonei, M. austroafricanum, M. phlei, M. neolactis และ Unclassified Mycobacteria. อีก 4 กลุ่ม
3. M. fortuitum เป็นเชื้อที่พบได้บ่อยที่สุดจากธรรมชาติและผู้ป่วยซึ่งเป็นเชื้อโรคที่สำคัญ
4. เชื้อในกลุ่มของ Unclassified Mycobacterium อาจจะเป็นสปีชีส์ที่พบใหม่ที่ยังไม่เคยมีการค้นพบมาก่อน

ข้อเสนอแนะ

1. เชื้อในกลุ่ม Unclassified mycobacterium หากมีการศึกษาเพิ่มเติมทาง DNA Hybridization, DNA Homology, การวิเคราะห์รูปแบบของกรด mycolic โดยวิธี Chromatography, การหาปริมาณของ Guanine และ Cytosine (G-C content) จะทำให้สามารถแบ่งกลุ่มออกได้เด่นชัดขึ้น ซึ่งการศึกษาลักษณะดังที่กล่าวมานี้ มีผู้ทำการศึกษาไว้บ้างแล้วในเชื้อมัคโคแบคทีเรีย (48-51, 103-105)
2. การใช้ลักษณะหลายๆ อย่างทำให้ผลการคำนวณมีความถูกต้องแม่นยำ และแยกกลุ่มออกได้เด่นชัดยิ่งขึ้น (106)
3. การศึกษาประเภทนี้ยังไม่เคยมีการศึกษามาก่อนในประเทศไทย ดังนั้นผลการ

ศึกษาที่ได้จึงเป็นแนวทางในการศึกษา Numerical Taxonomy ของเชื้อมัยโคแบคทีเรีย กลุ่ม
อื่นๆ ต่อไปได้อีก รวมทั้งการศึกษาทางระบาดวิทยาของเชื้อเหล่านี้ว่ามีแนวโน้มที่จะก่อโรคเพิ่ม
มากขึ้น (107)