

บทที่ 5

อภิปรายและสรุปผล

เชื้อ *Malassezia* เป็น dimorphic fungus ที่สามารถเปลี่ยนรูปเป็นยีสต์หรือสาหร่าย (hyphae) ได้ โดยบนผิวหนังที่เป็นโรคมักพบ *M. furfur* ในรูปแบบยีสต์และสาหร่ายอยู่ปะปนกัน ในขณะที่ผิวหนังปกติจะพบแต่ลักษณะยีสต์เท่านั้น จึงสันนิษฐานว่าการสร้างสาหร่ายของเชื้ออาจเกี่ยวข้องกับการเกิดโรค [27] สำหรับเชื้อราก่อโรค *Candida albicans* นอกจากจะเปลี่ยนเป็นสาหร่ายเมื่อเข้าสู่ร่างกายของโฮสต์แล้ว ค่า pH ยังมีผลต่อสัญญาณด้วย โดยเปลี่ยนเป็นสาหร่ายเมื่อ pH สูงกว่า 7 และกลับมาเป็นยีสต์ในสภาพที่เป็นกรด [26] ในการทดลองนี้ใช้การกระตุ้นเชื้อ *Malassezia* ให้สร้างสาหร่ายด้วยอาหาร IM โดยปรับปรุงจากรายงานวิจัยก่อนหน้านี้ [20]

ในการศึกษาที่แสดงออกอย่างจำเพาะในระยะเวลายีสต์และสาหร่ายของเชื้อ *Malassezia furfur* ด้วยเทคนิค cDNA-RAPD พบว่ายีนที่คาดว่าจะพบว่าจะเกี่ยวข้องกับการสร้างสาหร่ายที่จะแสดงออกเฉพาะเมื่อเป็นสาหร่ายนั้นมีน้อยมาก แต่ปรากฏว่ามียีนจำนวนมากที่แสดงออกเฉพาะระยะที่เป็นยีสต์ โดยยีนที่พบมากที่สุดคือกลุ่ม lipid metabolism ที่เกี่ยวข้องกับไขมันซึ่งสอดคล้องกับลักษณะเชื้อที่เป็น lipid-dependent fungus ที่ไม่สามารถสังเคราะห์กรดไขมันได้ในเซลล์ต้องพึ่งพาไขมันจากสิ่งแวดล้อมหรือโฮสต์ ยีนที่น่าจับตาที่สุดคือ lipase 4 (*LIP4*) ซึ่งปัจจุบันพบยีน lipase ในเชื้อ *M. furfur* ทั้งหมด 6 ยีน (*LIP1-6*) โดยทั้งหมดเป็นยีนที่บันทึกข้อมูลเอนไซม์ lipase กลุ่ม LIP family ในจำนวนนี้ *LIP4* เป็นยีน lipase ที่แสดงออกมากที่สุดและเป็น secretory lipase ซึ่งอาจมีความสำคัญหรือเกี่ยวข้องกับการ pathogenicity ของเชื้อด้วย [27] อย่างไรก็ตาม ยีนที่แสดงออกอย่างจำเพาะในระยะเวลายีสต์ที่หลากหลายกว่าระยะสาหร่ายบ่งชี้ให้ทราบว่า กลไกการสร้างสาหร่ายของ *M. furfur* อาจไม่ได้มาจากการเหนี่ยวนำของยีนใดยีนหนึ่งหรือ metabolic pathway ใดเป็นพิเศษ แต่อาจเกิดจากการหยุดแสดงออกของยีนในกลุ่ม lipid metabolism และ ยีนที่เกี่ยวข้องกับพลังงานในเซลล์ รวมถึงยีนที่ควบคุมการแปลรหัสสร้างโปรตีนในเซลล์ด้วย เมื่อเชื้อมีการเจริญเป็นสาหร่าย กลุ่มยีนใน metabolic pathway เหล่านี้จะหยุดการแสดงออก สอดคล้องกับสภาวะสารอาหารใน IM broth ในขณะที่เกิดสาหร่ายที่มีสารอาหารน้อยกว่าใน YPD-Tween broth มาก สำหรับยีนที่พบในระยะสาหร่าย 2 ยีนคือ aldo keto reductase เป็นยีนที่เกี่ยวข้องกับปฏิกิริยา REDOX ของเซลล์ และ mitochondrial DNA ซึ่งจากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์พบว่าไม่ใช่ยีนที่นำไปแปลรหัสเพื่อสร้างโปรตีนใด ๆ แต่น่าจะเป็นยีนที่มีการ transcription เพื่อสร้าง RNA ที่ใช้ในการควบคุมการแสดงออก

ของยีนอื่น ๆ ในไมโทคอนเดรียมากกว่า อย่างไรก็ตามข้อจำกัดของ cDNA-RAPD คือไม่สามารถตรวจสอบการแสดงออกของยีนทุกยีนในระยะยีสต์และสายราได้ ซึ่งการเปลี่ยนรูปของราสองรูปชนิดอื่น ๆ พบว่า signal transduction ก็มีความสำคัญมากเช่นกัน และมีความซับซ้อนมาก มี pathway ที่ควบคุมจำนวนมาก cAMP/PKA pathway, MAPK pathway, GTPase-mediated pathway เป็นต้น [28] ซึ่งต้องศึกษาในรายละเอียดในเชื้อ *M. furfur* ต่อไป

