



บทที่ 6

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ใช้เทคนิคพีซีอาร์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอะลิฟาติกอะมิเดสใน *E. aerogenes* ซึ่งเป็นแบคทีเรียสลายอะคริลาไมด์ชนิดใหม่ที่คัดแยกได้จากน้ำทิ้งชุมชนในจังหวัดชลบุรี ผลการทดลองที่ได้พบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอะลิฟาติกอะมิเดส ขนาด 726 คู่เบส ที่สามารถคาดเดาเป็นกรดอะมิโนจำนวน 242 ตัว และมีความคล้ายคลึงมากกว่าร้อยละ 80 กับยีนของเอนไซม์ในกลุ่มไนโตรเลส/ไซยาไนด์ ไฮโดรเลสและอะมิเดสของ Enterobacteriaceae ที่มีในฐานข้อมูลโลก และลำดับกรดอะมิโนที่คาดเดาจากลำดับนิวคลีโอไทด์ที่หาได้พบความเหมือนมากกว่าร้อยละ 88 กับเอนไซม์ในกลุ่มเดียวกัน ที่สามารถคาดเดาโครงสร้างสามมิติได้เป็นโปรตีนก่อนกลมแบบ α/β ที่ประกอบด้วย แอลฟา-ฮีลิกซ์ จำนวน 6 เกลียวและบีตา-ชีต 6 สายที่จับกันเป็นแผ่นเรียบ 2 แผ่น ที่มีความคล้ายคลึงร้อยละ 45 กับโครงสร้างสามมิติของเอนไซม์ในตราเลสจาก *Xanthomonas campestris* ซึ่งเป็นเอนไซม์ที่ตัดพันธะระหว่างอะตอมคาร์บอนและไนโตรเจนที่ไม่ใช่พันธะเพปไทด์ จากความสำเร็จของผลการวิจัยที่ได้จึงมีความเป็นไปได้สูงที่จะใช้เทคนิคพีซีอาร์ในการหาและเพิ่มปริมาณของชิ้นยีนที่อยู่ในโครโมโซมของแบคทีเรียที่ไม่ทราบตำแหน่งมาก่อนได้ โดยมีข้อควรคำนึงถึงคือขั้นตอนการออกแบบดีเจนนอร์เรซีไพรเมอร์ในขั้นตอนของการหาชิ้นยีน ที่จะต้องเลือกลำดับกรดอะมิโนในบริเวณที่มีความอนุรักษ์สูงของชิ้นยีนที่มีความใกล้เคียงทางวิวัฒนาการมาใช้ในการออกแบบดีเจนนอร์เรซีไพรเมอร์ และต้องคำนึงถึงการคัดเลือกโคดอนของแบคทีเรียที่จะใช้เป็นแหล่งของดีเอ็นเอต้นแบบสำหรับปฏิกิริยาพีซีอาร์ด้วย