

## บทที่ 5

### ข้อสรุป

งานวิจัยนี้ได้ทำการคำนวณหาโมเดลเชิงโครงสร้างของโดเมนรับรู้ทางศักย์ไฟฟ้าของช่องโซเดียมในแบคทีเรียโดยอาศัยข้อมูลจากการทดลองเทคนิคอีพ็อดและการติดสปีนที่ตำแหน่งจำเพาะต่างๆบนโปรตีน การคำนวณใช้ข้อมูล  $PO_2$  และ  $PNIEDDA$  มาประเมินและแปลงให้เป็นข้อมูลที่สามารถใช้ได้ด้วยเทคนิค restrained molecular dynamic simulations เพื่อโมเดลโครงสร้างของ NaChBac-VSD โครงสร้างที่ได้นำมาเปรียบเทียบกับโครงสร้างรังสีเอกซ์ของโดเมนรับรู้ทางศักย์ไฟฟ้าของ KvAP และ Kv1.2-2.1 chimera และแสดงให้เห็นความคล้ายคลึงทางโครงสร้างเทอร์เชียรีของโดเมนรับรู้ทางศักย์ไฟฟ้า และอธิบายถึงสมบัติขั้นพื้นฐานของการทำงานที่อนุรักษ์ไว้ในโปรตีนตระกูลโซเดียมและโพแทสเซียมแซนแนล

#### ข้อเสนอแนะ: งานวิจัยที่จะดำเนินต่อไป

ปัจจุบันยังไม่มีรายงานโครงสร้างของโซเดียมแซนแนล มีแต่โครงสร้าง x-ray ของ Kv channel เช่น KvAP, Kv1.2-2.1 chimera, Kv1.2 และเป็นโครงสร้างที่ PD อยู่ในสถานะแอกติเวชัน แต่ไม่มีรายงานโครงสร้างของ VSD ของ Kv channel ในสถานะ down state อย่างไรก็ตาม มีผู้รายงานการศึกษาโครงสร้างของ VSD ใน KvAP ที่สภาวะพัก<sup>18</sup> โดยอาศัยข้อมูล biotin-avidin accessibility กับวิธี molecular dynamics (MD) simulation นอกจากนี้รูปแบบกลไกการเปลี่ยนแปลงคอนฟอร์เมชันของ VSD จากสภาวะพักไปสู่สถานะแอกติเวชัน มีผู้เสนอไว้ได้แก่ transporter model, helical screw model และ paddle model เพื่อให้เข้าใจการทำงานของ VSD ได้อย่างลึกซึ้ง จึงมีความจำเป็นที่จะต้องศึกษารายละเอียดเชิงโครงสร้างระดับโมเลกุลในสถานะอื่นๆ ที่เกี่ยวข้องกับการทำงาน ในที่นี้ โครงสร้างของโซเดียมแซนแนลในสถานะ down/resting conformation จึงเป็นโจทย์ที่น่าสนใจสำหรับงานวิจัยในลำดับถัดไป