



## ข้อสรุปผลการวิจัย

โครงการวิจัยครั้งนี้ได้ดำเนินการไปตามแผนการที่วางไว้ทุกประการ จากผลการวิจัยสรุปได้ว่า

1. มีการแพร่กระจายของ *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* ดื้อยาหลายชนิดพร้อมกันในผู้ป่วยที่เข้ารับการรักษาตัวในโรงพยาบาล
2. มีการแพร่กระจายของ class 1 integrons ใน *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* ที่แยกได้จากผู้ป่วยที่เข้ารับการรักษาตัวในโรงพยาบาล
3. Class 1 integrons ที่พบใน *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* สามารถถ่ายทอดแบบขวางไปยังแบคทีเรียชนิดอื่นได้
4. มีการถ่ายทอดและแลกเปลี่ยน resistance gene cassettes ของ class 1 integrons ที่พบในเชื้อ *P. aeruginosa* และ *A. baumannii*

ผลการวิจัยชี้ให้เห็นถึงความจำเป็นในการควบคุมการเข้ายาปฏิชีวนะในการรักษาผู้ป่วยให้เป็นไปอย่างถูกต้องและสุขุมรอบคอบ รวมถึงการส่งเสริมให้บุคลากรที่เกี่ยวข้องมีความเข้าใจถึงปัญหาที่เกิดขึ้นและสนับสนุนให้มีการศึกษาพันธุกรรมการดื้อยาอย่างต่อเนื่องเพื่อให้ทราบปัญหาที่แท้จริงของการดื้อยาในเชื้อและสามารถแก้ปัญหาเหล่านี้ได้อย่างถูกต้องตามหลักวิทยาศาสตร์ ซึ่งข้อมูลที่ได้จากการศึกษาวิจัยครั้งนี้เป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการนำไปศึกษาวิจัยต่อเนื่องเกี่ยวกับพันธุกรรมการดื้อยาในเชื้อก่อโรค งานวิจัยในอนาคตและที่ควรทำการศึกษาเพิ่มเติม ดังนี้

1. ศึกษาความสัมพันธ์ด้านระบาดวิทยาในระดับโมเลกุล (fingerprinting) ของ *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* ที่แยกได้จากผู้ป่วยและสภาวะแวดล้อมในโรงพยาบาล
2. ศึกษากลไกการดื้อยาอื่นๆ ในแนวลึกต่อไป เพื่อเป็นการพัฒนาเทคโนโลยีและความรู้ของประเทศ รวมทั้งได้ข้อมูลที่มีคุณค่าและสามารถใช้ประโยชน์ได้มากขึ้น เช่น multidrug efflux systems เป็นต้น

## ประโยชน์ในการนำไปใช้

ผลการวิจัยครั้งนี้เป็นการศึกษาถึง class 1 integrons ในเชื้อ *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* ที่เป็นเชื้อก่อโรคที่สำคัญในมนุษย์ โดยเฉพาะอย่างยิ่ง ผู้ป่วยในโรงพยาบาล โดยสามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้ดังนี้

1. นำข้อมูลการดื้อยาในระดับโมเลกุลมาใช้วางแผนและประกอบการประเมินความเสี่ยงเชื้อดื้อยาและเป็นแนวทางในการจัดการความเสี่ยง รวมถึงกำหนดนโยบายควบคุมการใช้จ่ายด้านจุลชีพในคนต่อไป
2. ข้อมูลความไวต่อยาปฏิชีวนะของเชื้อสามารถใช้เป็นส่วนหนึ่งของข้อมูลระบาดวิทยาและการเฝ้าระวังเชื้อดื้อยาของประเทศไทย
3. เป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการศึกษาวิจัยอื่นๆ และการพัฒนาทางเลือกอื่น ๆ ในการป้องกันและรักษาโรคติดเชื้อ ได้แก่
  - 3.1 ศึกษากลไกการดื้อยาอื่นๆ ในเชื้อที่มี empty class 1 integrons
  - 3.2 ศึกษาความสัมพันธ์ด้านระบาดวิทยาในระดับโมเลกุลของ *P. aeruginosa* และ *A. baumannii* ที่แยกได้ซึ่งเป็นเชื้อจากผู้ป่วย รวมทั้งครอบคลุมเชื้อที่แยกได้จากส่วนต่างๆ ในโรงพยาบาล เพื่อหารต้นตอที่แท้จริงของเชื้อทั้ง 2 ซึ่งเป็นสาเหตุสำคัญของ nosocomial infections
4. สามารถใช้ในการเผยแพร่ความรู้ให้กับผู้ที่เกี่ยวข้อง โดยเฉพาะอย่างยิ่งนักวิชาการ แพทย์ เภสัชกรรวมถึงประชาชนทั่วไป เพื่อให้เห็นความสำคัญของการใช้จ่ายอย่างถูกต้องและรอบคอบ
5. ประกอบการประเมินความเสี่ยงเชื้อดื้อยาและเป็นแนวทางในการจัดการความเสี่ยง