การเพิ่มจำนวนสำเนายีน *mdr1* เป็นกลไกสำคัญกลไกหนึ่งที่ส่งผลให้เกิดการดื้อยาเมโฟรควินทั้งใน *in vitro* และ *in vivo* ในเชื้อฟาซิพารัมมาเลเรีย หากแต่ในเชื้อไวแวกซ์ข้อมูลเหล่านี้มีน้อยมาก ยังขาดข้อมูลของการเพิ่มจำนวนสำเนายีน *mdr1* ในเชื้อไวแวกซ์ว่าเกิดขึ้นหรือไม่และมีความแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่อย่างไร ทางผู้วิจัยได้ทำการพัฒนาเทคนิคทางอณูชีววิทยา Real time PCR ซึ่งเป็นเทคนิคที่ง่ายและใช้งานได้จริง เพื่อตรวจวัดจำนวนสำเนายีน *mdr1* ในเชื้อไวแวกซ์ และได้ทำการตรวจสอบเชื้อไวแวกซ์จำนวน 215 เชื้อที่ได้มาจากเมืองไทย ลาว และ พม่าซึ่งเป็นพื้นที่ที่มีภาวะปริมาณการใช้ยาที่แตกต่างกัน โดยสรุปคือในภาคตะวันตกของประเทศไทยซึ่งมีการใช้ยาเมโฟรควินสูง พบมีจำนวนสำเนายีน *mdr1* มากกว่าจากลาว และ พม่า(9%; 6/66) ซึ่งมีการใช้ยาเมโฟรควินต่ำอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p=0.02) อย่างไรก็ตามรายละเอียดของความสัมพันธ์นี้ยังต้องการการศึกษาในรายละเอียดต่อไป นอกจากนี้ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาเพิ่มเติมในการตรวจหาตำแหน่งมิวเตชั่นในยีนเดียวกันนี้ซึ่งพบมี 5 ตำแหน่ง แต่ยังไม่พบความสัมพันธ์นี้กับการเพิ่มจำนวนสำเนายีนและการดื้อยา

Increase in the copy number of the *Plasmodium falciparum mdr1*gene is the most important determinant of mefloquine resistance *in vitro* and *in vivo*, and is inversely correlated with chloroquine resistance. However, little information is known in *P. vivax*. A real time PCR technique quantifying *P. vivax pvmdr1* copy number was developed and used to assess the *pvmdr1* copy number in 215 *P. vivax* parasite isolates collected from patients in three areas of South-East Asia with different drug pressures. On the western border of Thailand, where drug pressure has been most intense and mefloquine-resistant *P. falciparum* is prevalent, gene amplifications of *pvmdr1* were significantly more common (9%; 6 of 66 samples) than elsewhere (p=0.02), where mefloquine use has been less, and mefloquine resistance in *P. falciparum* is lower. Five coding mutations in *pvmdr1* were found, which were independent of gene amplification. Real time PCR methodology to assess *pvmdr1* gene amplification in *P. vivax* is practical and relatively simple. *Pvmdr1* gene amplification occurs in *P. vivax* and was more common in a region with sustained mefloquine drug pressure. The precise relationship of these genomic changes and antimalarial drug resistance in *P. vivax* needs further exploration.