

## บทคัดย่อ

ปัญหาเยสพตติเป็นปัญหาสำคัญที่พบได้ทั่วโลก ในประเทศไทย จากข้อมูลของสำนักงานสถิติแห่งชาติในปี พ.ศ. 2564 จัดอันดับให้เมทแอมเฟตامينเป็นสารเยสพตติที่มีจำนวนผู้ต้องหาและจำนวนคดีมากที่สุด สะท้อนให้ว่าเห็นปัญหาเหล่านี้ควรได้รับการแก้ไขอย่างจริงจัง งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาเปรียบเทียบการแสดงออกของยีนในเม็ดเลือดขาวของผู้ใช้เมทแอมเฟตامينก่อนและหลังการบำบัด (หยุดใช้) เป็นระยะเวลา 20 วัน โดยใช้เทคนิค RNA sequencing พบว่ายีนที่เปลี่ยนแปลงไปหลังจากเข้ารับการบำบัดมีการแสดงออกของยีนเพิ่มขึ้นจำนวน 28 ยีน และน้อยลงจำนวน 5 ยีน คุณลักษณะเด่นของยีนที่เปลี่ยนแปลงไปจำแนกตามข้อมูลของ gene ontology พบว่า ยีนทำหน้าที่ทางชีวภาพเกี่ยวกับ leucocyte degranulation มีหน้าที่ทางโมเลกุลคือ lipopolysaccharide binding พบได้ใน secretory granule ยีนที่เปลี่ยนแปลงไปและมีคุณสมบัติครบทั้ง 3 การจำแนกนี้คือ *LTF*, *BPI* และ *CAMP* ทั้ง 3 ยีนนี้มีการแสดงออกเพิ่มขึ้นโดยยีนย่นการแสดงออกของยีนด้วยวิธี qPCR ในทั้ง 3 ยีนนี้มีเพียง *BPI* เท่านั้นเป็นโปรตีนที่มีรายงานทางวิทยาศาสตร์ว่ามีคุณสมบัติครบตามลักษณะเด่นที่พบใน gene ontology จึงเลือกมาตรวจยีนย่นระดับโปรตีนในพลาสมาด้วยวิธี ELISA พบว่า ระดับโปรตีน *BPI* ในผู้ใช้เมทแอมเฟตامينสูงกว่าคนปกติและสูงขึ้นในคนที่หยุดใช้เมทแอมเฟตامين กล่าวโดยสรุป โปรตีน *BPI* สามารถใช้จำแนกคนที่ใช้เมทแอมเฟตامينออกจากคนที่ไม่ใช่ได้ แต่การจะใช้โปรตีน *BPI* เป็นตัวบ่งชี้การหยุดใช้เมทแอมเฟตامينยังมีข้อควรพิจารณาปัจจัยอื่น ๆ ร่วมด้วย เพราะปริมาณเมทแอมเฟตامينที่ใช้และปัจจัยพื้นฐานของผู้ใช้เมทแอมเฟตامينมีผลต่อระดับ *BPI* จำเป็นต้องมีการศึกษาเพิ่มเติมในกลุ่มประชากรขนาดใหญ่เพื่อย่นย่นการผลวิจัย ศึกษาข้อจำกัดในการใช้ *BPI* เป็นตัวบ่งชี้ รวมถึงเกณฑ์ตัดสินผลบวก (cut-off) เพื่อให้มีประสิทธิภาพในการจำแนกผู้ใช้เมทแอมเฟตامينออกจากผู้หยุดใช้และการใช้ยาเยสพตติประเภทอื่น ๆ

## Abstract

Substance abuse is a significant issue globally. In Thailand, the National Statistical Office Dashboard ranked methamphetamine as the narcotic substance with the highest number of suspects and drug cases in 2021, highlighting the need for serious attention to these problems. This research aims to examine the transcriptomics profile of methamphetamine addicts before and after a 20-day rehabilitation treatment using an RNA sequencing approach. The results revealed that stopping methamphetamine usage increased the expression of 28 differentially expressed genes (DEGs) and decreased 5 DEGs. The predominant characteristics of these DEGs included leucocyte degranulation in the biological function gene ontology, lipopolysaccharide binding in the molecular function gene ontology, and location in secretory granules in the cellular component gene ontology. *BPI*, *CAMP*, and *LTF* represented all these dominant gene ontology characteristics. The increase in their gene expressions was confirmed by qPCR. Among these, only BPI has a scientific incidence to confirm the function in the gene ontology as indicated above. Therefore, BPI was selected to confirm the protein expression level by ELISA. The results showed that BPI increased in methamphetamine usage compared to the normal control group. The BPI level was higher upon stopping methamphetamine usage compared to current use. Therefore, the BPI protein level could be used to categorize methamphetamine usage and non-use. If BPI was required to classify methamphetamine usage and stop-using, it should consider other parameters because BPI was affected by the dose of methamphetamine uptake and underlying factors of methamphetamine users. Further study in a larger population is required to validate the result, study the limitations of BPI as an indication, as well as cut-off criteria for the effectiveness of the classification of methamphetamine usage and stop-using and other drug addicts.