

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: MRG5280152
ชื่อโครงการ: พันธุศาสตร์ประชากรระดับโมเลกุลของยุงพาหะนำโรคมาลาเรียในประเทศไทย
ชื่อนักวิจัย : ดร. อุไรวรรณ อรัญวาส์
สังกัดภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
อีเมลล์ : uraiwan.a@ku.ac.th
ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี 10 เดือน (16 มีนาคม 2552 - 15 มกราคม 2555)

การเข้าใจสาเหตุและปัจจัยทางวิวัฒนาการที่ส่งผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของยุงพาหะนำโรคมาลาเรีย เป็นข้อมูลพื้นฐานที่มีประโยชน์ในการวางแผนการควบคุมการแพร่กระจายของยุงพาหะนำโรคให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น การวิจัยนี้ผู้วิจัยมุ่งศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของยุงก้นปล่องชนิด *Anopheles minimus* ซึ่งเป็นพาหะนำโรคมาลาเรียหลักในประเทศไทย ทั้งหมด 5 ประชากร โดยการวิเคราะห์ข้อมูล single nucleotide polymorphisms และทดสอบโมเดลทางพันธุศาสตร์ประชากรจากยีนบนโครโมโซมเอ็กซ์จำนวน 4 ตำแหน่ง ผลการทดลองพบระดับความผันแปรทางพันธุกรรมต่ำในประชากรยุงจากจังหวัดกาญจนบุรีและเชียงใหม่ ส่วนประชากรยุงจากจังหวัดจันทบุรีและสุราษฎร์ธานีมีความผันแปรของนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูง และพบว่าประชากรยุงจากจังหวัดตากมีความผันแปรทางพันธุกรรมสูงที่สุด การทดสอบสมมติฐาน neutrality โดย Tajima D พบว่ายุงจากสองแหล่งประชากรคือจังหวัดเชียงใหม่และกาญจนบุรี มีค่าเป็นบวกอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แสดงว่ามีรูปแบบการกระจายตัวของความผันแปรนิวคลีโอไทด์แบบที่มีความถี่สูงมากกว่าอัลลีลแบบที่มีความถี่ต่ำ ซึ่งอาจเกิดจากปัจจัยทางวิวัฒนาการที่กระทบต่อการลดขนาดของประชากรอย่างรวดเร็วคือ population bottleneck นอกจากนี้พบระดับค่า linkage disequilibrium ค่อนข้างสูงสำหรับประชากรยุงก้นปล่องที่ประเมินว่าน่าจะมีเหตุการณ์การแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนระหว่างยีนหรือ recombination ในระดับต่ำ

คำหลัก: ยุงก้นปล่องพาหะนำโรค, การวิเคราะห์พันธุศาสตร์ประชากร, ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์

Abstract

Project Code: MRG5280152
Project Title: Molecular population genetics of malaria vector common in Thailand
Investigator : Dr. Uraiwan Arunyawat
Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University
E-mail Address : uraiwan.a@ku.ac.th
Project Period : 2 years 10 months (16 March 2009 - 15 January 2012)

Understanding the evolutionary factors that shape patterns of genetic variation of the vector species is important to devise new methods for malaria control. In this study, we aim to use population genetic model to find any precise answers to evolutionary questions of *Anopheles minimus*, one of the most widespread malaria vectors in Thailand. We employed a multilocus approach to estimate genetic diversity and to infer population genetic structure of *An. minimus* populations across Thailand by utilizing DNA sequence data for 4 nuclear loci. Our data showed that Kanchanaburi and Chiang Mai populations exhibit low levels of nucleotide diversity, Chantaburi and Surat Thani populations show substantial levels of nucleotide variation, whereas *An. minimus* from Tak province appears to be the most polymorphic populations. Tajima's *D* test was used to measure deviation from neutral equilibrium expectation. Two populations (*i.e.* Kanchanaburi and Chiang Mai populations) exhibited significant positive Tajima's *D* values, suggesting an excess of intermediate-frequency polymorphism. This result might be contributed by evolutionary factors such as population bottleneck. Moreover, the estimation of intragenic linkage disequilibrium is high for the populations showing small number of recombination events.

Keywords: *Anopheles minimus*, malaria vector, population genetic analysis, sequence data