

รหัสโครงการ : MRG6080272

ชื่อโครงการ : ลักษณะทางพันธุศาสตร์และจุดกำเนิดลูกผสมของผึ้งพันธุ์ *Apis mellifera* ในประเทศไทย

ชื่อนักวิจัย : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อัครเดช รัตนวรรณ, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

E-mail Address : fagralr@ku.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : 3 เมษายน 2560 – 3 ตุลาคม 2562

บทคัดย่อ

การปรับตัวเป็นสัตว์เลี้ยงของสัตว์หลายชนิดมักมีความเกี่ยวข้องกับการลดลงของความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยผึ้งพันธุ์ (*Apis mellifera*) นับเป็นหนึ่งในสัตว์ที่มนุษย์นำมาปรับปรุงสายพันธุ์ให้เป็นสัตว์เลี้ยงมาหลายศตวรรษเพื่อผลิตน้ำผึ้งและไขผึ้งซึ่งเป็นผลิตภัณฑ์หลักที่ได้จากการเลี้ยงผึ้ง และนอกจากนี้ มนุษย์ยังใช้ผึ้งพันธุ์ในการเป็นแมลงผสมเกสรของพืชเศรษฐกิจหลากหลายชนิดอีกด้วย การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความแปรผันทางพันธุกรรมและจุดกำเนิดลูกผสมของประชากรผึ้งพันธุ์ *A. mellifera* ที่เลี้ยงในอุตสาหกรรมการเลี้ยงผึ้งของประเทศไทยด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบไมโครแซทเทลไลต์ การวิเคราะห์ลำดับเบสของยีน COI ในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ และวิธีพีซีอาร์-อาร์เอฟแอลพีของบางส่วนของยีนในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ผลการวิเคราะห์เครื่องหมายดีเอ็นเอแบบไมโครแซทเทลไลต์พบค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรม (expected heterozygosity, H_e) ของประชากรผึ้งพันธุ์ *A. mellifera* ที่เลี้ยงในอุตสาหกรรมการเลี้ยงผึ้งของประเทศไทยมีค่าสูงโดยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.620 ± 0.184 ถึง 0.734 ± 0.071 นอกจากนี้ภายใต้สถานะสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก พบค่า Observed heterozygosity (H_o) มีค่าน้อยกว่าค่า H_e ในขณะที่ผลการวิเคราะห์ลำดับเบสบางส่วนของยีน COI และการวิเคราะห์ด้วยวิธีพีซีอาร์-อาร์เอฟแอลพีพบว่าผึ้งพันธุ์ *A. mellifera* ในประเทศไทยประกอบด้วยผึ้งสายพันธุ์วิวัฒนาการ C และ O (evolutionary lineages C and O) ซึ่งยังคงเหมือนเดิมเมื่อประมาณสิบปีที่ผ่านมา นอกจากนี้ยังพบว่าประชากรผึ้งพันธุ์ในประเทศไทยผ่านช่วงการเปลี่ยนแปลงขนาดของประชากร (Tajima's $D = -0.25$, $P > 0.05$; Fu's $F_s = -3.75$, $P > 0.05$) แต่ไม่ส่งผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร ดังนั้นจากผลการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าเกษตรกรผู้เลี้ยงผึ้งในประเทศไทยยังคงรักษาระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรผึ้งพันธุ์ได้เป็นอย่างดี แต่เนื่องจากยังพบสายพันธุ์วิวัฒนาการของผึ้งพันธุ์ในประเทศไทยเพียงสองสายพันธุ์ ซึ่งอาจจะส่งผลให้มีการลดลงของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรได้ในอนาคต ดังนั้นเพื่อให้สามารถเพิ่มและรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรหากมีสายพันธุ์วิวัฒนาการของผึ้งพันธุ์ *A. mellifera* ใหม่ๆ เข้ามาเพิ่มเติมในอุตสาหกรรมการเลี้ยงผึ้งของประเทศไทยในอนาคตต่อไป

คำหลัก : ผึ้งพันธุ์, ความแปรผันทางพันธุกรรม, ไมโครแซทเทลไลต์, ไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอ, พีซีอาร์-อาร์เอฟแอลพี

Project Code : MRG6080272

Project Title : Genetic Characterization and Hybrid Origins of the Commercial Honeybee, *Apis mellifera*, in Thailand

Investigator : Assistant Professor Dr. Atsalek Rattanawanee, Kasetsart University

E-mail Address : fagrals@ku.ac.th

Project Period : April 3, 2017 – October 3, 2019

Abstract

Domestication of animal species is often associated with a reduction in genetic diversity. The honey bee, *Apis mellifera*, has been managed by beekeepers for centuries for both honey and wax production and for crop pollination. Here we use microsatellite markers, sequence data from the mitochondrial COI gene, and PCR–RFLP of four mitochondrial gene fragments to evaluate temporal genetic variation and hybrid origin of managed *A. mellifera* in Thailand where the species is introduced. Microsatellite analysis revealed high average genetic diversity (expected heterozygosity, H_e), ranging from 0.620 ± 0.184 to 0.734 ± 0.071 . Observed heterozygosity was generally lower than expected heterozygosity under Hardy–Weinberg equilibrium. Mitochondrial sequencing and PCR–RFLP revealed two evolutionary lineages (C and O) have remained constant over the last decade. There is evidence of recent changes in effective population size (Tajima's $D = -0.25$, $P > 0.05$; Fu's $F_s = -3.75$, $P > 0.05$). Our results suggest that Thai beekeepers are managing their *A. mellifera* in ways that retain overall genetic diversity, but will likely reduce genetic diversity between apiaries over time.

Keywords : Honeybee, Genetic variation, Microsatellites, Mitochondrial DNA, PCR-RFLP