

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG5880157

ชื่อโครงการ: การต่อสู้กับวิวัฒนาการและการแพร่ระบาดของการดื้อยาต้านมาลาเรีย:
กระบวนการเชิงสหสาขาวิชา

ชื่อนักวิจัย: ผศ.ดร. ชรินทร์ โหมดขัง
ภาควิชาฟิสิกส์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล

E-mail: charin.mod@mahidol.edu

ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี (1 กรกฎาคม 2558 ถึง 30 มิถุนายน 2560)

การดื้อยา เป็นปัญหาที่สำคัญและกำลังส่งผลกระทบต่อความควบคุมการระบาดของโรคติดเชื้ต่าง ๆ มากมาย รวมถึงโรคมาลาเรียที่นำโดยปรสิต *Plasmodium falciparum* การระบาดของในวงกว้างของปรสิต *P. falciparum* ที่ดื้อยาต้านมาลาเรียกำลังเป็นปัญหาทางสาธารณสุขที่สำคัญในหลายๆ ประเทศซึ่งรวมถึงประเทศไทยของเราด้วย ในการที่เราจะพัฒนาระบบนโยบายสาธารณสุขที่สามารถยืดอายุการใช้งานยาต้านมาลาเรียได้นั้น เราจำเป็นต้องสร้างความเข้าใจเกี่ยวกับกระบวนการทางวิวัฒนาการของปรสิตมาลาเรียที่นำไปสู่การดื้อยาต้านมาลาเรีย ในงานวิจัยนี้เราได้ประยุกต์ใช้ความรู้จากหลากหลายสาขาวิชา เช่น ฟิสิกส์สถิติ พลศาสตร์การเดินทางของคน ชีวโมเลกุลของการดื้อยาต้านมาลาเรีย และการทำแบบจำลองคอมพิวเตอร์ เพื่อศึกษากระบวนการการดื้อยาของปรสิตมาลาเรีย โดยเราได้สร้างแบบจำลองเชิง Monte Carlo เพื่อจำลองวงจรชีวิตของปรสิตมาลาเรียทั้งในร่างกายมนุษย์และในตัวยุง หลังจากนั้นเราได้ใช้แบบจำลองนี้เพื่อศึกษาปัจจัยต่างๆ ที่อาจส่งผลต่อวิวัฒนาการการดื้อยาและการระบาดของการดื้อยา เราพบว่าแบบจำลองของเราสามารถจำลองพลศาสตร์ประชากรของปรสิตมาลาเรียในร่างกายมนุษย์ได้อย่างแม่นยำ โดยที่จำนวนปรสิตมาลาเรียที่คำนวณได้จากแบบจำลองสอดคล้องกับข้อมูลจำนวนปรสิตมาลาเรียที่วัดได้จากการทดลอง ผลจากแบบจำลองของเรายังแสดงให้เห็นด้วยว่าความไม่สม่ำเสมอของการใช้ยาต้านมาลาเรียเป็นปัจจัยหนึ่งที่ทำให้ปรสิตมาลาเรียดื้อยาเร็วขึ้น

คำหลัก: แบบจำลองเชิง Monte Carlo, การดื้อยา, วิวัฒนาการ, มาลาเรีย

Abstract

Project Code: TRG5880157

Project Title: Fighting the evolution and spread of antimalarial drug resistance:
an interdisciplinary approach

Investigator: Asst. Prof. Charin Modchang, Department of Physics, Faculty of
Science, Mahidol University

E-mail: charin.mod@mahidol.edu

Project Period: 2 years (1 July 2015 – 30 June 2017)

The emergence of drug resistance continuously threatens global control of infectious diseases, including malaria caused by the protozoan parasite *Plasmodium falciparum*. Worldwide spread of *P. falciparum* resistant to conventional antimalarial drugs has been imposing a serious public health problem in many regions, including Thailand. To develop public-health policies that extend the lifespan of antimalarial drugs as effective treatment options, it is necessary to understand the evolutionary processes leading to the origin and spread of drug resistant mutations of malaria parasites. Here, the knowledge from statistical physics, human travelling dynamics, molecular biology of malaria parasite evolution, and computer modelling and simulations are unified and used to tackle the antimalarial drug resistance problem. The Monte Carlo model was constructed to simulate the complete life cycle of *P. falciparum* in human and mosquito hosts. The constructed model was then employed to investigate the evolution and spread of the antimalarial resistance. We found that our model can accurately simulate parasite dynamics in a human body. The numbers of parasites predicted from the model are consistent with available experimental data. Our results also show that gradients of antimalarial can lead to a mode of adaptation that is qualitatively different from evolution in uniform environments. We found that antimalarial gradient can promote the resistant evolution of malaria parasites.

Keywords : Monte Carlo model, drug resistance, evolution, malaria.