

บวร ตันติวรชัย 2550: โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรปลาตุ๊กด้าน (*Clarias batrachus* Linn.) จากกลุ่มแม่น้ำมูลในจังหวัดอุบลราชธานีและจังหวัดศรีสะเกษ ปริญา
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาวิชาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์
ประธานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์อานวย จรด่วง, Dr.Phil. 98 หน้า

ปลาตุ๊กด้านจำนวน 200 ตัว รวบรวมจากแหล่งน้ำธรรมชาติในจังหวัดศรีสะเกษและ
อุบลราชธานีทั้งหมด 10 จุด บริเวณกลุ่มแม่น้ำมูล จังหวัดศรีสะเกษประกอบด้วยอำเภอโพธิ์สุวรรณ ราชี
ไสธ ขางชุมน้อย เมืองศรีสะเกษ และกันทรารมย์ ส่วนจังหวัดอุบลราชธานีประกอบด้วยอำเภวารินชำ
ราบ เมืองอุบลราชธานี ตระการพืชผล ตาลชุม และพิบูลมังสาหาร ชิ้นกล้ามเนื้อปลาตัวอย่างถูกใช้ในการ
สกัด total genomic DNA เพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) สำหรับเพิ่มปริมาณบริเวณ
control region และยีน *16S rRNA* ในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอด้วยวิธี PCR และนำ PCR product บริเวณ
control region ที่ได้มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 4 ชนิด ได้แก่ *Tas I*, *TruI I*, *Rsa I* และ *HinI II* ส่วนยีน
16S rRNA จะตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 5 ชนิด ได้แก่ *Dpn II*, *Hae III*, *Tas I*, *Msp I* และ *Rsa I* ผลการตัด
ดีเอ็นเอเป้าหมายบริเวณ control region ปรากฏว่าพบ haplotype ทั้งหมด 4 กลุ่มคือ AAAA, AAAB,
BAAA และ BAAB โดยกลุ่ม AAAA, AAAB และ BAAA เป็นกลุ่มส่วนใหญ่ในประชากร ซึ่งกลุ่ม
AAAA และ AAAB พบในทุกอำเภอที่ศึกษา ส่วนกลุ่ม BAAA พบใน 8 อำเภอที่ศึกษา ส่วนยีน *16S*
rRNA พบ haplotype 2 กลุ่ม ประกอบด้วยกลุ่ม AAAAA และ ABABA โดยกลุ่ม AAAAA พบในทุก
อำเภอที่ศึกษา ส่วนกลุ่ม ABABA พบในอำเภอพิบูลมังสาหารเพียงแห่งเดียว ลักษณะ haplotype ที่พบใน
control region และยีน *16S rRNA* แสดงให้เห็นว่า haplotype หลักมีการกระจายตัวออกไปอยู่ในทุก
อำเภอที่ศึกษา nucleotide diversity ของ control region อยู่ในช่วง 0.046 ถึง 0.106 และยีน *16S rRNA* อยู่
ในช่วง 0.000 ถึง 0.044 ค่า nucleotide divergence ระหว่างอำเภอมีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.014 ถึง 0.493
จากผลการวิเคราะห์ RFLP แสดงให้เห็นว่าปลาจากต่างอำเภอมี haplotype ปรากฏร่วมกัน ค่า nucleotide
diversity ที่ได้มีค่าค่อนข้างต่ำ แต่ค่า nucleotide divergence ที่ได้มีค่าค่อนข้างสูง ผลการวิเคราะห์
AMOVA พบความแปรปรวนระหว่างประชากรและความแปรปรวนภายในประชากรมีค่าเท่ากับ 17.46
และ 76.71 เปอร์เซ็นต์ ในบริเวณ control region และเท่ากับ 10.53 และ 89.47 เปอร์เซ็นต์ในยีน *16S*
rRNA ตามลำดับ จากการทดสอบทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 พบว่าความแตกต่างระหว่าง
ประชากรไม่มีนัยสำคัญ เมื่อนำค่า nucleotide divergence ไปสร้าง phylogenetic tree พบว่าประชากร
เหล่านี้ถูกแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่ม 1 ประชากรจากอำเภวารินชำราบ กลุ่ม 2 ประชากรจากอำเภอ
เมืองอุบลราชธานีและพิบูลมังสาหาร และกลุ่ม 3 ประชากรจากอีก 7 อำเภอที่ศึกษา

บวร ตันติวรชัย

ลายมือชื่อนิสิต



ลายมือชื่อประธานกรรมการ

23 / 11 / 2550