

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโพงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือจาก 4 จังหวัด คือ หนองคาย (NK, n = 25) นครพนม (NP, n = 25) มุกดาหาร (MH, n = 25) และอุบลราชธานี (UB, n = 25) จำนวน 100 ตัวอย่าง โดยใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 17 คู่ไพรเมอร์ พบเพียง 5 คู่ที่มีความหลากหลายของไมโครแซทเทลไลท์ ดีเอ็นเอ และตรวจสอบชิ้นส่วนไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอด้วย 6% Denaturing polyacrylamide gel โดยพบอัลลีลทั้งหมด 82 อัลลีล เฉลี่ย 16.4 อัลลีลต่อโลกัส ค่าความถี่อัลลีลอยู่ในช่วง 3.8-4.4 ค่าสังเกตเฮตเทอโรไซโกซิตีมีค่าเฉลี่ย 0.53 ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่คาดหวังมีค่าเฉลี่ย 0.51 และค่าการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.04-0.10 พบว่า ปลาโพงจากจังหวัดมุกดาหารกับอุบลราชธานีมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุด ขณะที่ปลาโพงจากหนองคายกับอุบลราชธานีมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมมากที่สุด การจัดแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) พบว่า สามารถจำแนกประชากรปลาโพงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือได้เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มประชากรปลาโพงจากจังหวัดหนองคาย และกลุ่มประชากรปลาโพงจากจังหวัดนครพนม มุกดาหาร และอุบลราชธานี ค่าเฉลี่ย F_{ST} มีค่าเท่ากับ 0.0505 ทำให้ทราบว่าประชากรปลาโพงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีความแตกต่างทางพันธุกรรมในประชากรปานกลาง ข้อมูลจากการศึกษาความหลากหลายสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการวางแผนการจัดการพันธุกรรมด้านต่างๆ ตลอดจนการอนุรักษ์พันธุกรรมปลาโพงต่อไป

ABSTRACT

The objective of this study was to study the genetic diversity of *Pangasius bocourti* in Northeast Thailand from 4 locations, which were Nong Khai (NK, n = 25), Nakhon Phanom (NP, n = 25), Mukdahan (MH, n = 25) and Ubon Ratchathani (UB, n = 25), with a total of 100 samples by Microsatellite technique with 17 primers. Five primers were polymorphic and were separated on 6% denaturing polyacrylamide gel. The result showed that polymorphic loci had 82 alleles, the average number of alleles per locus was 16.4. The frequency of alleles ranged from 3.8 to 4.4. The average observed heterozygosity at all loci was 0.53, expected heterozygosity at all loci was 0.51 and the genetic distance ranged from 0.04 to 0.10. It was found that the populations from MH and UB were the closest genetics, while the populations from NK and UB were the most divergent. The dendrogram was reconstructed base on the genetic distance using the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) to group *P. bocourti* populations in Northeast Thailand. It was found that there were 2 clusters of *P. bocourti* in Northeast Thailand such as NK and population from NP, MH and UB. F-coefficient ($F_{st} = 0.0505$) showed the lightly genetic diversity among populations. The data of genetic diversity can be useful for management and conservation of the genetics of *P. bocourti* in the future.