แก่นเกษตร 40 ฉบับพิเศษ : 129-134 (2555). KHON KAEN AGR. J. 40 SUPPLMENT : 129-134 (2012).

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยใช้เทคนิคไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอ

Studies of Genetic Variation for *Pangasius bocourti* in Northeast Thailand by Microsatellite DNA Technique

ธวัชชัย เงาสำรวย[1,2] , ศิริภาวี เจริญวัฒนศักดิ์[1], ธงชัย จำปาศรี[1] และบัณฑิต ยวงสร้อย[1]

Tawatchai Ngaosamruay[1,2], Siripavee Charoenwattanasak[1], Thongchai Champasri[1] and Bundit Yuangsoi[1]

บทคัดย่อ: การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือจาก 4 แหล่ง คือ หนองคาย (NK, n = 25) นครพนม (NP, n = 25) มุกดาหาร (MH, n = 25) และอุบลราชธานี (UB, n = 25) จำนวน 100 ตัวอย่าง โดยใช้เทคนิคไมโครแซททัลไลท์ จำนวน 17 คู่ไพรเมอร์ พบเพียง 5 คู่ที่มีความหลากหลายของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ และตรวจสอบชิ้นส่วนไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอด้วย 6% denaturing polyacylamide gel โดยพบอัลลิลทั้งหมด 78 อัลลิล เฉลี่ย 15.6 อัลลิลต่อโลกัส ค่าความถี่อัลลิลอยู่ในช่วง 3.6-4.2 ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้ที่คาดหมายมีค่าเฉลี่ย 0.51 และค่าการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.04-0.10 พบว่า ปลาโมงจากจังหวัดมุกดาหารกับอุบลราชธานีมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุด ขณะที่ปลาโมงจากหนองคายกับอุบลราชธานีมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมมากที่สุด
(คำสำคัญ: ความหลากหลายทางพันธุกรรม, ปลาโมง, ไมโครแซททัลไลท์)

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), Nakhon Phanom (NP), Mukdahan (MH) and Ubon Ratchathani (UB), 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 78 alleles, the average number of alleles per locus was 15.6. The frequency of alleles ranged from 3.60 to 4.20. The average 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 Mukdahan and Ubon Ratchathani were the closest genetics, while the populations from Nong Khai and Ubon Ratchathani were the most divergent.

[1] ภาควิชาประมง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น 40002

[2] ศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์เทคโนโลยี (สบว.) สำนักคณะกรรมการการอุดมศึกษาและศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตรเพื่อเศรษฐกิจที่ยั่งยืน มหาวิทยาลัยขอนแก่น

[1] Department of Fisheries, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

[2] Center of Excellence on Agriculture Biotechnology, Science and Technology Postgraduate Education and Research Development Office (PERDO), Commission on Higher Education, Ministry of Education and agricultural Biotechnology Research Center for Sustainable Economy, Khon Kaen University

Key words: genetic diversity, *Pangasius bocourti* , microsatellite

บทนำ

ปลาโมง (*Pangasius bocourti*) เป็นปลาน้ำจืดไม่มีเกล็ดชนิดหนึ่งที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจแพร่กระจายอยู่ทั้งในแม่น้ำโขงและแม่น้ำเจ้าพระยา (ชวลิต และสมศักดิ์, 2536) ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือนิยมเลี้ยงเพื่อการบริโภคและส่งออกเป็นสินค้าประมงที่สำคัญปัจจุบันพบว่าปลาโมงได้รับความสนใจอย่างกว้างขวางในเกือบทุกประเทศทั่วโลกเนื่องจาก จัดเป็นปลาที่มีเนื้อสีขาวมีรสชาติดีและเป็นที่ต้องการของตลาดต่างประเทศ เช่น กลุ่มประเทศสหภาพยุโรป สหรัฐอเมริกา และในอนาคตอาจจะมีตลาดใหม่ในประเทศรัสเซียและตลาดเอเชีย ปัจจุบันประเทศที่มีการส่งออกปลาโมงในรูปเนื้อปลาแล่ (fish fillets) มีเพียงประเทศเดียว คือประเทศเวียดนามที่เป็นผู้ส่งออกรายใหญ่ แต่มีปัญหาการกีดกันทางการค้าถือว่าเป็นปัญหาใหญ่ที่ส่งผลกระทบต่อผู้ส่งออกของประเทศเวียดนาม เพราะเกิดปัญหาเรื่องการเลี้ยงและการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์และการผสมพันธุ์กันเองจนเกิดปัญหาเลือดชิด ทำให้ปลามีขนาดเล็กลงและการเจริญพันธุ์ก่อนวัยที่เหมาะสม ทำให้ประเทศเวียดนามและประเทศไทยกำลังเผชิญกับปัญหาอย่างหนัก ในปัจจุบันประเทศไทยยังไม่มีการศึกษาและวิจัยในเชิงลึกเกี่ยวกับการจัดการระบบพ่อแม่พันธุ์ปลาชนิดนี้ที่ชัดเจน

จากปัญหาดังกล่าวได้มีความพยายามศึกษาและทำการวิจัยอย่างต่อเนื่องในปลาเศรษฐกิจตัวใหม่ที่กำลังได้รับความนิยมในภาคะวันออกเฉียงเหนือในแง่ของการพัฒนาสายพันธุ์และการจัดการระบบพ่อแม่พันธุ์ของปลาชนิดนี้เพื่อให้ได้ลักษณะตรงตามที่ตลาดในต่างประเทศ และเป็นการเพิ่มมูลค่าของการส่งออก รวมทั้งการส่งเสริมการเลี้ยงให้เป็นปลาเศรษฐกิจของไทยให้เลี้ยงง่ายและโตวัย เนื้อมีสีขาวนวล ก้างน้อย ปริมาณไขมันแทรกระหว่างกล้ามเนื้อไม่มากเกินไป และคุณภาพตรงตามความต้องการของผู้บริโภค ดังนั้นจำเป็นที่จะต้องทำการศึกษาและคัดแยกสายพันธุ์ที่แท้จริงเป็นอันดับแรกก่อน เนื่องจากภาวะปัจจุบันปลาชนิดนี้มีการผสมข้ามสายพันธุ์กับปลาสวาย และ ปลาเทโพ ทำให้เกิดการสับสนในการจัดการพ่อแม่พันธุ์และลูกที่ได้มีลักษณะที่ไม่ตรงตามความต้องการของตลาด คือ เนื้อมีสีเหลืองนวล ซึ่งตลาดต่างประเทศต้องการปลาที่มีเนื้อสีขาวและมันวาว อีกทั้งพบว่าปลาชนิดนี้มีการผสมกันในสายเลือดเดียวกันมาเป็นเวลานานแล้วในบางพื้นที่ และในปัจจุบันพบว่าปลาชนิดนี้มีการปนเปื้อนของสายพันธุ์กับปลาในกลุ่ม Pangasius (ปลาสวาย ปลาเทโพ ปลาเทพา) ด้วยกันเอง ทำให้ได้ลูกปลาที่มีลักษณะด้อยลงกว่าเดิม คุณภาพเนื้อปลาเปลี่ยนไป ดังนั้นหากมีการจัดการที่ถูกต้อง สามารถระบุสายพันธุ์ที่แท้จริงได้ ทำการคัดแยกสายพันธุ์ด้วยเทคนิคทางโมเลกุลได้ ก็จะทำให้ปลาชนิดนี้สามารถพัฒนาส่งเสริมให้เป็นปลาเศรษฐกิจตัวใหม่ของไทยเพื่อการส่งออกประกอบกับรัฐบาลได้ประกาศนโยบายและให้ความสำคัญต่อการพัฒนาอุตสาหกรรมอาหารของประเทศ ในฐานะที่เป็นอุตสาหกรรมยุทธศาสตร์หลักในการสร้างเสถียรภาพทางเศรษฐกิจให้กับสังคมและชุมชน ภายใต้บริบทของการพัฒนาเศรษฐกิจอุตสาหกรรมแนวใหม่ที่เน้นระบบเศรษฐกิจแบบสมดุล (balance growth) และชุมชนเข้มแข็งและเพื่อสนับสนุนนโยบายของรัฐบาลในการแก้ไขปัญหาและเพิ่มมูลค่าการส่งออกให้กับประเทศ เพื่อให้เกิดการสนับสนุนการพัฒนาปลาชนิดนี้ซึ่งมุ่งหวังที่จะให้เป็นปลาเศรษฐกิจตัวใหม่ของไทยที่มีคุณภาพอย่างยั่งยืน

ในปัจจุบันเทคโนโลยีอณูชีววิทยาและพันธุศาสตร์มีความเจริญก้าวหน้าไปมาก และได้ถูกนำมาประยุกต์เพื่อการคัดเลือกและพัฒนาสายพันธุ์มากขึ้น

เนื่องจากมีความถูกต้องสูงลดระยะเวลาการพัฒนาพันธุ์ให้สั้นลง โดยเครื่องหมายพันธุกรรมได้เข้ามามีบทบาทสำคัญต่อการประมงและการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำเป็นอย่างมาก โดยเฉพาะไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอซึ่งพบการกระจายอยู่ทั่วไปตลอดทั้งจีโนมและมีความผันแปรสูง มีการแสดงผลแบบลักษณะข่มร่วม ด้วยคุณสมบัติเหล่านี้จึงทำให้ไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมชนิดหนึ่งที่ถูกนำมาใช้อย่างแพร่หลาย ทั้งนี้ข้อมูลที่ได้สามารถนำมาใช้ในการวางแผนการจัดการกับปัญหาต่างๆ ที่เกิดกับการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ และการประมงได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพสูง นอกจากนั้นแล้วไมโครแซททัลไลท์ยังเป็นเครื่องหมายทางโมเลกุลที่เหมาะสมต่อการศึกษาหลายๆด้าน เช่น ใช้ศึกษาโครงสร้างของประชากร ติดตามการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างประชากรสัตว์น้ำ ใช้ตรวจสอบการปนเปื้อนทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์น้ำ ใช้เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและทำประวัติของประชากรสัตว์น้ำ ตลอดทั้งสามารถใช้ประโยชน์ในการทำแผนที่ยีน และจัดกลุ่มประชากรของปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือในอนาคต

วิธีการศึกษา

สุ่มเก็บรวบรวมตัวอย่างปลาโมงจากแม่น้ำโขง จำนวน 4 จังหวัด ได้แก่ หนองคาย นครพนม มุกดาหาร และอุบลราชธานี จำนวนแหล่งละ 25 ตัว รวมทั้งสิ้น 100 ตัวอย่าง จากประมงพานิชย์ ทำการเก็บตัวอย่างใส่ขวดเก็บตัวอย่าง เติม Absolute ethanol ความเข้มข้น 99% จนท่วมตัวอย่างและเก็บรักษาไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียสตามวิธีของ Kirby (1990) หลังจากนั้นนำตัวอย่างที่ได้ไปศึกษาต่อที่ห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพทางการประมง ภาควิชาประมง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น และห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

การสกัดดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อปลาโมง

ตัดชิ้นส่วนของเนื้อเยื่อปลาโมงให้มีน้ำหนักประมาณ 25 มิลลิกรัม ใส่ลงในหลอด microcentrifuge แล้วเติม Lysis buffer 500 ไมโครลิตร (50 mM Tri-Cl, 50mM EDTA, pH 8.0), 0.125 เปอร์เซ็นต์ (w/v) SDS,20 mg/ml proteinase K) เพื่อให้ย่อยโปรตีนที่อยู่ในเนื้อเยื่อ นำไปบ่มใน waterbath ที่อุณหภูมิ 55 องศาเซลเซียส ทิ้งไว้ข้ามคืน จึงกำจัดโปรตีนและเศษเซลล์ออกโดยการเติม phenol:chloroform: isoamyl alcohol mixture ปริมาตร 500 ไมโครลิตร พลิกหลอดเบาๆ แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 g เป็นเวลา 5 นาที หากยังไม่แยกชั้นสมบูรณ์ให้นำไปปั่นเหวี่ยง ซ้ำอีกครั้ง ดูดชั้นบน (aqueous phase) จากนั้น สกัดซ้ำด้วย chlorofrom ลงไป 500 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 g เป็นเวลา 5 นาที ดูดเก็บชั้นบน ประมาณ 300 ไมโครลิตร ใส่ในหลอด microcentrifuge ตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยการเติม 3 M sodium acetate (pH 6.0) ปริมาตร 10 ไมโครลิตร ร่วมกับการเติม absolute ethanol ปริมาตร 600 ไมโครลิตร พลิกหลอดเบาๆ แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 g เป็นเวลา 5 นาที ดูดของเหลวออกให้หมด แล้วล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย เอทธานอล 70 เปอร์เซ็นต์ วางหลอดไว้ที่อุณหภูมิห้องเพื่อให้ตะกอนดีเอ็นเอแห้ง (ดัดแปลงจาก Sambrook and Russell, 2001) จากนั้นละลายดีเอ็นเอด้วยน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อหรือ TE buffer ปริมาตร 25 ไมโครลิตร นำไปเก็บที่ -20 องศาเซลเซียส เพื่อตรวจสอบและใช้งานต่อไป

การเพิ่มชิ้นส่วนไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่ (Polymerase chain reaction; PCR)

ทำการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ด้วยไพรเมอร์ที่ได้จาก ศิริภาวี และคณะ (2552) จำนวน 6 คู่ไพรเมอร์ คือ PC1, PC3, PC4, PC13, PC14 และ PC15 และที่ได้จาก นภาพร และคณะ (2551) จำนวน 11 คู่ ไพรเมอร์

คือ Pg-2 , Pg-3, Pg-6, Pg-16, Pg-17, Pg-20, PSP-G505, PSP-G507, PSP-G513, PSP-G579 และPSP-G576 ตรวจสอบชิ้นส่วนไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอด้วย 6% denaturing polyacylamide gel ด้วยกระแสไฟฟ้า 90 โวลต์ เป็นเวลา 70 นาที จากนั้นบันทึกภาพและตรวจสอบขนาดของชิ้นส่วนของไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอสำหรับเป็นข้อมูลไว้ใช้วิเคราะห์ผลทางสถิติต่อไป

การวิเคราะห์ทางสถิติ

วิเคราะห์สภาพความหลากหลายทางพันธุกรรม คือ 1) วิเคราะห์ค่าความถี่อัลลิล 2) คำนวณค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้ที่ได้จากการสังเกต 3) คำนวณค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้คาดหมาย และการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่ม คือ 1) วิเคราะห์ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรม 2) สร้างแผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ

ผลการทดลองและวิจารณ์

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโมงจาก 4 แหล่งของภาคตะวันออกเฉียงเหนือพบว่า มีอัลลิลรวมทั้งหมด 78 อัลลิลและจำนวนอัลลิลเฉลี่ยมีค่า 15.6 อัลลิลต่อโลกัส ค่าความถี่อัลลิลอยู่ในช่วง 3.6-4.2 สามารถบอกได้ว่าปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรอยู่ในระดับปานกลาง โดยค่า Effective number of allele มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2.70 เมื่อคำนวนค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้สังเกตมีค่าเฉลี่ย 0.53 และค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายมีค่าเฉลี่ย 0.51 เมื่อพิจารณาค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายแสดงให้เห็นว่าประชากรปลาโมงที่ทำการศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ นภาพร และคณะ (2551) ที่ศึกษาที่ศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรปลาเทโพในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอพบว่า ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้สังเกตระหว่าง 0.319-0.864 โดยมีค่าเฉลี่ยค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายค่อนข้างสูง ค่าการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของปลาโมงอยู่ในช่วง 0.04-0.10 ซึ่งพบว่าปลาโมงจาก UB กับ NK มีความแตกต่างทางพันธุกรรมมากที่สุด ส่วน MH กับ UB มีความแตกต่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด จากภาพที่ 1 แสดงแผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการพบว่า กลุ่มปลาโมงจาก NK มีพันธุกรรมแตกต่างจากกลุ่มอื่นๆ มากที่สุด และสามารถแบ่งปลาโมงได้อีก 2 กลุ่ม ที่มีพันธุกรรมใกล้เคียงกัน คือ กลุ่มปลาโมงจาก NP และกลุ่ม ปลาโมงจาก MH กับ UB ที่มีพันธุกรรมใกล้ชิดกันมากที่สุด

สรุปและข้อเสนอแนะ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือทั้ง 4 กลุ่มประชากร ได้แก่ หนองคาย นครพนม มุกดาหาร และอุบลราชธานี รวมทั้งสิ้น 100 ตัวอย่าง ด้วยเทคนิคไมโครแซททัลไลท์ จำนวน 17 คู่ไพรเมอร์ พบเพียง 5 คู่ที่มีความหลากหลายของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ แสดงให้เห็นว่าพันธุกรรมของปลาโมงในแต่ละพื้นที่มีความหลากหลายแตกต่างกัน โดยปลาโมงจากจังหวัดหนองคายมีพันธุกรรมแตกต่างจากกลุ่มอื่นมากที่สุด และปลาโมงจากจังหวัดมุกดาหารและจังหวัดอุบลราชธานีมีพันธุกรรมใกล้เคียงกันมากที่สุด ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าทรัพยากรปลาโมงยังคงมีความหลากหลายและแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ จึงเห็นว่าควรมีการศึกษาวิจัยทางด้านพันธุกรรมของปลาโมงในภาคตะวันออกเฉียงเหนือและประเทศไทยอย่างจริงจัง และละเอียดยิ่งขึ้น เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการวางแผนการจัดการพันธุกรรมด้านต่างๆ ตลอดจนการอนุรักษ์พันธุกรรมปลาโมงให้ยั่งยืนต่อไป

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนส่วนหนึ่งจากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (สบว.) สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการและศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตรเพื่อเศรษฐกิจที่ยั่งยืน มหาวิทยาลัยขอนแก่น และได้รับการสนับสนุนสถานที่ทำการวิจัยจากภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพทางการประมง ภาควิชาประมง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ตลอดทั้งได้รับความอนุเคราะห์จาก ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงน้ำจืดมุกดาหาร ที่ทำการช่วยเก็บรวบรวมตัวอย่างปลาโมงจากจังหวัดนครพนม มุกดาหาร และอุบลราชธานี

เอกสารอ้างอิง

ชวลิต วิทยานนท์ และ สมศักดิ์ รุ่งทองใบสุรีย์. 2536. พรรณปลาสวยงามและสังกะวาด (วงศ์ Schilbeidae และ Pangasiidae) ของประเทศไทย. เอกสารวิชาการฉบับที่ 150. สถาบันวิจัยการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรุงเทพฯ.

ชัยศิริ ศิริกุล และวิวัฒน์ ปรารมภ์ . 2538. การเพาะและอนุบาลลูกปลาโมง. เอกสารวิชาการฉบับที่ 23/2538. สถานีประมงน้ำจืดจังหวัดเชียงราย กองประมงน้ำจืด กรมประมง. 82 หน้า.

นภาพร ศรีพุฒินิพนธ์, ทิพย์สุดา ต่างประโคน, วงศ์ปฐม กมลรัตน์ และสพรรณ ขันน้ำเที่ยง. 2551. โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรปลาเทโพในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมไมโครแซททัลไลท์ดีเอ็นเอ. วารสารการประมง. หน้า 222-230.

ศิริภาวี เจริญวัฒนศักดิ์, รักพงษ์ เพชรคำ, อรุณีพงษ์ ศรีสถาพร พรเทพ เนียมพิทักษ์ และสมพงษ์ ดุลย์จินดาชบาพร. 2552. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาโมง *Pangasius bocourti* ในประเทศไทยด้วยเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์-พีซีอาร์. รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์ ภาควิชาประมง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

Charoentawee, K., S. Poompuang and U. Na-Nakorn. 2006. Isolation and characterization of microsatellites in giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*. Molecular Ecology Notes.

Charoentawee, K., S. Poompuang, U. Na-Nakorn and W. Kamonrat. 2007. Genetic diversity of hatchery stocks of giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) in Thailand. Aquaculture. 207 : 121-129.

Kirby, L. T.. 1990. DNA Fringerprint: An Introduction Stockton Press. USA 165 p.

Sambrook, J. and D. W. Russell. 2001. Molecular Cloning : A Laboratory Manual, 3rd ed. Cold Spring Habor Laboratory Press, New York.

Table 1. The number of allele per locus and expected heterozygosity of *Pangasius bocourti* in Northeast Thailand.

Location	MNA	He
NK	3.8	0.49 (0.32)
NP	3.6	0.48 (0.35)
MH	4.0	0.51 (0.30)
UB	4.2	0.55 (0.22)

MNA = Number of allele per locus, He = Expected heterozygosity, NK = Nong Khai, NP = Nakhon Phanom, MH = Mukdahan, UB = Ubon Ratchathani

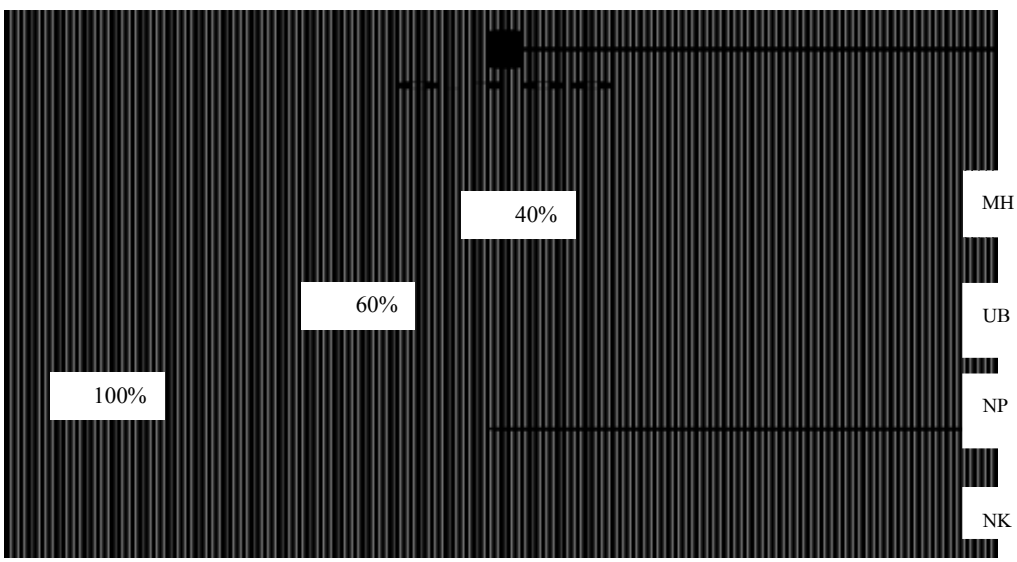

Figure 1. A Phylogenetic tree of *Pangasius bocourti* in Northeast Thailand.

NK = Nong Khai, NP = Nakhon Phanom; MH = Mukdahan, UB = Ubon Ratchathani