

## บทคัดย่อ

พันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอมีความสำคัญต่อวิวัฒนาการของจีโนม โดยเฉพาะอย่างยิ่งในวิวัฒนาการของจีโนมปลา ปลากระดุกเข็งมีพันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอหลากหลายชนิด และชนิดที่มีการกระจายอย่างแพร่หลาย และยังคงทำงานเคลื่อนที่อยู่ในจีโนมนั้น คือ Rex ปลากัดไทยภาคกลางเป็นปลาสวยงามที่จัดได้ว่า เป็นที่รู้จักกันอย่างแพร่หลายในทวีปเอเชียและทั่วโลก ซึ่งยังไม่พบว่ามีการศึกษาทางด้านข้อมูลจีโนมของปลากัดไทยภาคกลางเหล่านี้มาก่อน และปลาอีกหนึ่งชนิดคือ ปลาไหลนาจัดเป็นปลาที่เริ่มมีความนิยมในการเพาะเลี้ยง เพื่อการค้า และการส่งออกเพิ่มมากขึ้นในปัจจุบัน โดยในรายงานนี้จึงศึกษาลักษณะของ Rex ในจีโนมปลากัดไทยภาคกลาง และปลาไหลนาด้วยการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุกรรมสัจจรทั้ง 3 ชนิด คือ Rex1, Rex3 and Rex6 และการทำแผนที่ยีน Rex1, Rex3 and Rex6 ด้วยเทคนิค FISH พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอทั้งสามชนิดไม่อยู่รวมเป็นกลุ่มตามข้อมูลของอนุกรมวิธานปลา แสดงให้เห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอในปลาแต่ละชนิดอาจมีอัตราวิวัฒนาการที่แตกต่างกัน และ/หรืออาจเกี่ยวข้องกับกระบวนการถ่ายทอดแนวข้ามชนิดในชั่วรุ่นเดียวกัน (Horizontal transfer) นอกจากนี้ Rex1, Rex3 and Rex6 อาจมีวิวัฒนาการภายใต้การคัดเลือกแบบลบ ซึ่งชี้แนะว่าพันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอทั้งสองชนิดยังคงทำงานอยู่ในวิวัฒนาการของปลา เมื่อพิจารณาตำแหน่งของพันธุกรรมสัจจรแบบอาร์เอ็นเอทั้ง 3 ชนิดบนโครโมโซม ในปลากัดพบว่ามีตำแหน่งอยู่ใกล้กับบริเวณเซนโทรเมียร์ของโครโมโซมเกือบทุกแท่ง และอยู่ที่บริเวณปลายเทโลเมียร์ของโครโมโซมบางแท่ง ซึ่งเป็นรูปแบบที่อยู่เป็นส่วนในจีโนม ส่วนในปลาไหลนาพบว่ามี การกระจายอยู่ทั่วทั้งแท่งของโครโมโซม และมีตำแหน่งอยู่ใกล้กับบริเวณเซนโทรเมียร์ของโครโมโซมเกือบทุกแท่ง จากข้อมูลเหล่านี้แสดงให้เห็นว่าพันธุกรรมสัจจรทั้งสามชนิดอาจมีบทบาทสำคัญในการจัดการของจีโนม และวิวัฒนาการของแคโรไทป์ในสายวิวัฒนาการของปลากระดุกเข็ง

**คำสำคัญ:** แคโรไทป์, การทำแผนที่โครโมโซม, ปลากัดไทยภาคกลาง, ยีนไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ, พันธุกรรมสัจจร, ปลาไหลนา

## ABSTRACT

Retroelements are deliberated to play a decisive appearance in genome evolution, especially in fish genome. Rex retroelements have been actively spreaded during fish evolution. Siamese fighting fish (*Betta splendens*) is the ornamental fish known worldwide. However, its genome information is largely unknown. An Asian swamp eel is the one of freshwater fish that becoming famous for framing and exporting. In this study, retroelements of Siamese fighting fish and Asian swamp eel, Rex1, Rex3 and Rex6 were clarified using nucleotide sequence analysis and FISH mapping. Three

retroelements formed *B. splendens* and *M. albus* specific monophyletic group compared to the corresponding elements from other taxonomical fishes, suggesting that the difference in evolutionary rate and/or interspecific horizontal transfer have probably occurred in the Rex retroelements evolution. Moreover, *Rex1*, *Rex3* and *Rex6* were evolved under negative selection exhibiting their activity in fish evolution. Interestingly, all Rex retroelements were located at the centromeric region of almost all chromosomes and at the telomeric ends of some chromosomes as the compartmentalization pattern. These results collectively suggest that the *Rex1*, *Rex3* and *Rex6* might be considered an extensive compartment in the genome organization and karyotypic evolution of the teleost fish.

**Key words:** Karyotype, chromosome mapping, *Betta splendens*, ribosomal RNA gene, transposon, Asian swamp eel

## บทนำ

ปลากัด (Siamese fighting fish) เป็นสัญลักษณ์อย่างหนึ่งของประเทศไทย ปลาสกุลดังกล่าวถูกจำแนกออกเป็นหลายชนิด และอาศัยตามแหล่งน้ำธรรมชาติในภูมิภาคต่างๆ ของประเทศ จากการเจริญเติบโตของชุมชน และการใช้พื้นที่ใกล้แหล่งน้ำเพื่อการเกษตรและอุตสาหกรรม ทำให้ปลากัดไทยหลายชนิดตกอยู่ในสถานภาพถูกคุกคามในแหล่งอาศัยธรรมชาติ (Threatened *in situ*) (Vidthayanon, 2005) เช่น ปลากัดป่าภาคกลาง (*Betta splendens*) ปลากัดป่าอีสาน (*B. smaragdina*) และปลากัดป่าภาคใต้ (*B. imbellis*) ประชากรปลากัดป่าเหล่านี้มีแนวโน้มที่จะลดจำนวนลงอย่างรวดเร็ว และเป็นไปได้ที่จะสูญพันธุ์ในระยะเวลาอันสั้น หากไม่ได้ดำเนินการอนุรักษ์อย่างมีประสิทธิภาพและเร่งด่วน อย่างไรก็ตามในแง่ของการเป็นสัตว์เศรษฐกิจแล้ว ปลากัดป่าภาคกลางจัดได้ว่าเป็นชนิดที่ทำรายได้เข้าสู่ประเทศไทยเป็นจำนวนมาก ผู้คนส่วนใหญ่นิยมนำมาเลี้ยงไว้เพื่อนำมาจัดเป็นการพนัน หรือนิยมเลี้ยงไว้ดูเพลิดเพลิน เนื่องจากมีรูปร่างครีบทและสีสันตามลำตัวสวยงาม โดยเฉพาะประเทศแถบยุโรป อเมริกา และญี่ปุ่น ปัจจุบันได้มีการปรับปรุงพันธุ์ปลากัดป่าภาคกลาง ด้วยวิธีการหลายรูปแบบจนได้ปลากัดสายพันธุ์ใหม่ๆ ที่หลากสีสัน มีรูปแบบของครีบทและหางแตกต่างกันออกไป นอกจากนี้ยังได้นำปลากัดป่าชนิดอื่นๆ มาผสมกับปลากัดป่าภาคกลาง เพื่อให้เกิดสีใหม่ ๆ และมีความแวววาวของเกล็ดเพิ่มขึ้น

ปลาไหลนา (Asian swamp eel, *Monopterus albus*) เป็นปลาไหลเพียงชนิดเดียว ที่มีถิ่นที่อยู่อาศัยตามธรรมชาติในประเทศไทย ซึ่งกระจายอยู่ตามแหล่งน้ำทั่วทุกภูมิภาคของประเทศ ปัจจุบันเริ่มมีการเพาะเลี้ยง หรือทำฟาร์มปลาไหลนามากเพิ่มขึ้น เพื่อการบริโภค และส่งออกไปยังประเทศใกล้เคียง เช่น ประเทศจีน ปลาไหลนาได้รับความนิยมในการนำไปประกอบอาหาร

ถึงแม้ว่าปลากัดไทยจะเป็นปลาสวยงามที่ทำรายได้เข้าสู่ประเทศไทยเป็นจำนวนมาก แต่ข้อมูลการศึกษาด้านพันธุกรรมของปลากัดไทยยังมีอยู่น้อย เมื่อเปรียบเทียบกับปลานิลแล้วข้อมูลทางพันธุกรรม ไม่จะเป็นการศึกษาจีโนม จำนวนโครโมโซม และการทำแผนที่ยีนล้วนมีการศึกษาแล้วทั้งสิ้น ข้อมูลเหล่านี้จะเป็นข้อมูลพื้นฐานสำคัญเพื่อช่วยส่งเสริม การเพิ่มมูลค่าและความสำคัญของปลาชนิดนั้นๆ ไม่ว่าจะเป็นการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งสามารถนำความรู้ของยีนและเครื่องหมายดีเอ็นเอที่เกี่ยวข้องในลักษณะต่างๆ ที่ระบุตำแหน่งบนโครโมโซมแล้วมาใช้ในการติดตามการปรับปรุงพันธุ์ปลาให้มีลักษณะที่ดีขึ้น ในเชิงอนุรักษ์ยังสามารถใช้ประโยชน์ข้อมูลเหล่านี้ช่วยในการจำแนกชนิด และกลุ่มประชากรต่างๆ เพื่อรักษาสปีชีส์และพันธุ์ไว้อย่างเหมาะสม และ นอกจากนี้ในแง่ของการศึกษาของจีโนมปลา และความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของปลา จะทำให้ทราบวิวัฒนาการของปลากลุ่มต่างๆ จนนำไปสู่การเชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มปลาและสิ่งมีชีวิตอื่นๆ ได้ ซึ่งเป็นความรู้พื้นฐานสำคัญที่นักพันธุศาสตร์ และวิวัฒนาการทั่วโลกสนใจที่จะหาคำตอบเหล่านี้ แต่จากรายงานจนถึงปัจจุบันพบว่าข้อมูลการศึกษาเหล่านี้มีน้อยมากในปลากัด และปลาไหลนา การศึกษาข้อมูลของโครโมโซมและการสร้างแผนที่บนโครโมโซม จะเป็นการยกระดับความรู้ทางพันธุกรรมในปลากัดไทย และปลาไหลนาได้เป็นอย่างดี และเป็นจุดเริ่มต้นที่สำคัญในการพัฒนาแผนที่โครโมโซมอย่างละเอียด ซึ่งสามารถเชื่อมโยงข้อมูลระหว่าง linkage map กับตำแหน่งบนโครโมโซมได้ต่อไป อันจะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการศึกษาด้านจีโนม และจะกลายเป็นข้อมูลหลักทางด้านพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ เช่น การศึกษายีนที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมสีผิวลำตัว และรูปแบบของหาง และครีบทของปลา อาจนำมาประยุกต์ใช้หาตำแหน่งบนโครโมโซม เพื่อทราบระยะทางระหว่างยีน และกลุ่ม linkage แล้วใช้ปรับปรุงพันธุ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพต่อไปในอนาคต ในขณะเดียวกันปลากัดเป็นปลาที่จัดอยู่ในลำดับ Perciformes ซึ่งเป็นลำดับที่มีจำนวนชนิดของสิ่งมีชีวิตมากที่สุดในสัตว์มีกระดูกสันหลัง เช่นเดียวกับปลานิล ปลากะพงขาว และปลาเศรษฐกิจอื่นๆ หลายชนิด ข้อมูลพื้นฐานจีโนมและแคโรไทป์ของปลากัดจึงจะเป็นข้อมูลสำคัญในการเชื่อมโยงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการกับปลาเหล่านี้ได้ต่อไป