

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : PDF/25/2542
ชื่อโครงการ : การจำแนกเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด AFLP เพื่อสร้างแผนที่โครโมโซม
ในปลาดุกอูย
ชื่อนักวิจัย : ดร. สุภาวดี พุ่มพวง
ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เขตจตุจักร กรุงเทพฯ 10900
E-mail Address : FFISDPP@KU.AC.TH
ระยะเวลาโครงการ : 1 กรกฎาคม 2542 – 30 มิถุนายน 2544

ปลาดุก (*Clarias spp.*) เป็นปลาน้ำจืดเศรษฐกิจชนิดหนึ่งของประเทศ ความสำคัญของปลาดุกก่อให้เกิดการศึกษาและวิจัยด้านพันธุกรรมอย่างกว้างขวาง อย่างไรก็ตามการปรับปรุงพันธุ์ปลาดุกแบบดั้งเดิมเพื่อเพิ่มอัตราการเจริญเติบโตไม่ได้ผลเท่าที่ควร การคัดพันธุ์ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม (Marker-assisted selection) เป็นแนวทางการปรับปรุงพันธุ์แบบใหม่ที่ได้รับความสนใจอย่างสูงในวงการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ ผู้วิจัยได้เลือกปลาดุกอูยเป็น model สำหรับโครงการคัดพันธุ์ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรมที่จะดำเนินการในอนาคต วัตถุประสงค์หลักของการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้เพื่อประเมินความเหมาะสมของเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด AFLP สำหรับวิเคราะห์จีโนมปลาดุกสกุล *Clarias* และสร้างแผนที่โครโมโซมเบื้องต้นของปลาดุกอูย เทคนิค AFLP มีข้อดีหลายประการคือ สามารถวิเคราะห์ตัวอย่างและตรวจพบ AFLP ที่ใช้เป็นเครื่องหมายได้จำนวนมากในเวลาอันสั้น มีความน่าเชื่อถือในการทำซ้ำสูงและเสียค่าใช้จ่ายในระดับปานกลาง ในการศึกษาความหลากหลายของ AFLP ในปลาดุกอูยและปลาดุกยักษ์โดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 10 คู่ สามารถสร้างแถบ AFLP ที่ชัดเจน 376 แถบ ในจำนวนนี้เป็น AFLP ที่พบเฉพาะปลาดุกอูย 57 แถบ และพบเฉพาะปลาดุกยักษ์ 38 แถบ ซึ่ง AFLP เหล่านี้มีประโยชน์สำหรับการแยกชนิดปลาดุก รวมทั้งการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากร ในการสร้างแผนที่โครโมโซมเบื้องต้นโดยใช้ปลาดุกอูยแฮพลอยด์ พบว่าจากการใช้ไพรเมอร์ทั้งหมด 32 คู่ สามารถสร้าง AFLP ที่เป็น polymorphic bands ทั้งหมด 162 แถบ แผนที่โครโมโซมเบื้องต้น ประกอบด้วย AFLP จำนวน 79 ตำแหน่งที่จัดเข้ากลุ่ม (linkage groups) ได้ 22 กลุ่มมีระยะทางแผนที่รวมเท่ากับ 1243.3 cM ส่วน AFLP อีกจำนวน 28 ตำแหน่งยังไม่สามารถจัดเข้ากลุ่มได้ จำนวนของ AFLP ในแต่ละกลุ่มมีค่าตั้งแต่ 2 ถึง 19 และระยะห่างระหว่าง AFLP แต่ละตำแหน่งมีค่าเฉลี่ย 15.74 cM แผนที่โครโมโซมนี้เป็นจุดเริ่มต้นสำหรับโครงการ QTL mapping ในอนาคต

คำหลัก : AFLP, linkage mapping, *Clarias spp.*

ABSTRACT

Project Code: PDF/25/2542
Project Title: Identification of AFLP markers for linkage mapping of catfish
Investigator: Supawadee Poompuang
Department of Aquaculture, Faculty of Fisheries
Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok, 10900.
E-mail Address: FFISSDPP@KU.AC.TH
Project Period: July 1, 1999 – June 30, 2001

Walking catfishes (*Clarias spp.*) are among the most important food fishes in Thailand. The aquacultural importance of catfish has given rise to research on its genetics including mapping its genome. From the practical viewpoint, the genetic map would provide the basis for detection of genes affecting economically important traits such as growth rate and disease resistance, and subsequent marker-assisted selection (MAS). Catfish has been chosen as a model system for future application of MAS. The aim of this work was to investigate the application of amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers for genome analysis in *Clarias spp.* AFLP analysis is a rapid, reliable and cost-effective technique for DNA fingerprinting and genetic mapping. AFLP produces a large number of markers per assay. Ten primer combinations were used to amplify DNA samples of *C. macrocephalus* and *C. gariepinus*. A total of 376 AFLP fragments were scored. Fifty-seven markers were found to be specific to *C. macrocephalus* and 38 markers were observed only in *C. gariepinus*. Developed AFLP markers will be useful for species identification, population studies and genomic mapping. The segregation of 107 AFLP markers was studied in 79 *C. macrocephalus* haploid embryo generated from a single female. The AFLP map consists of 79 loci placed into 22 linkage groups, with 28 loci remain unlinked. The number of markers per linkage group varies from 2 to 19. The map spans 1243.3 cM with an average spacing of 15.74 cM. This map can serve as the starting point for detection of quantitative trait loci (QTLs) in walking catfish.

Keywords : AFLP, linkage mapping, *Clarias spp.*