Genetic Diversity of *Lates calcarifer* Bloch populations in the Gulf of Thailand

Supaporn Sonkaew[1*], Wansuk Senanan[1] and Uthairat Na-Nakorn[2]

[1]Department of Aquatic Science, Faculty of science, Burapha University, Chon Buri, 20131
[2]Department of Aquaculture, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Bangkok, 10900
[*]Corresponding author, Email address: supaporn_g2364@yahoo.com

Abstract

For the past 30 years, the hatchery production of sea bass *(Lates calcarifer Bloch)* in Thailand has not used genetic data for broodstock management. Recently, hatcheries operators become concerned over the declining genetic variation of available broodstock. Using seven microsatellite DNA loci, we analyzed four hatchery samples, a stock from a private hatchery in Chonburi (TT-H), two stocks from a government hatchery at the Rayong Coastal Fisheries Research and Development Center (founding stock; RA-H and selected individuals from an F1 generation; RF-H) and a stock from a hatchery of the Nakhon Si Thammarat Coastal Fisheries Research and Development Center. (NK-H) and three wild samples, Chantaburi (CH-W), Trat (TR-W) and Nakhon Si Thammarat (PN-W). We detected 63 alleles in all samples. The genetic variation of hatchery samples (A = 5.86-7.43, A_r = 5.70-7.27, H_o = 0.68-0.78, H_e = 0.65-0.75) did not differ from that of the wild samples (A = 7.57-8.43, A_r = 6.97-7.64, H_o = 0.72-0.79, H_e = 0.71-0.75). However, RF-H tended to lose genetic variation faster than other samples.

Samples from different locations were genetically different (Global F_{st} = 0.025, $p < 0.001$). The two wild samples from the Upper Gulf of Thailand (TR-W and CH-W) were genetically different from one in the Lower Gulf of Thailand (PN-W). Hatchery samples were genetically distinct in most sample pairs. RF-H was most genetically distinct compared to other samples. Natural populations in the Gulf of Thailand might have been genetically separated by the long distance between the Upper and Lower Gulf of Thailand. Existing genetic differences among hatchery samples may be desirable as these stocks can be genetic resources for a development for a base population for a selective breeding program. Furthermore, genetic drift during hatchery production could play a major role in reducing genetic diversity and enhancing genetic divergence of a selectively bred population.

Keywords: Sea Bass, Genetic Diversity, Microsatellite

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว *(Lates calcarifer Bloch)* ในบริเวณอ่าวไทย

สุภาพร สอนแก้ว[1*] วันศุกร์ เสนานาญ[1] และอุทัยรัตน์ ณ นคร[2]

[1]ภาควิชาวาริชศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยบูรพา ชลบุรี 20131
[2]ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900
*ผู้รับผิดชอบบทความ E-mail address: supaporn_g2364@yahoo.com

บทคัดย่อ

ประเทศไทยมีการเพาะขยายพันธุ์ปลากะพงขาว *(Lates calcarifer Bloch)* ในโรงเพาะฟักมานานกว่า 30 ปี โดยไม่มีการนำข้อมูลทางพันธุศาสตร์ไปใช้ในการจัดการพ่อแม่พันธุ์ ทำให้ผู้เพาะพันธุ์ปลากะพงขาวเริ่มเป็นห่วงเกี่ยวกับระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของพ่อแม่พันธุ์เหล่านี้ การศึกษานี้จึงวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพ่อแม่พันธุ์กะพงขาวจากโรงเพาะฟัก 4 แหล่ง ได้แก่ โรงเพาะฟักเอกชน จ.ชลบุรี (TT-H), ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงชายฝั่ง จ.ระยอง (ศพช. ระยอง) ซึ่งประกอบด้วย 2 รุ่น คือ รุ่นพ่อแม่ (RA-H) และปลาที่ผ่านการคัดพันธุ์ รุ่นลูก F1 (RF-H) และ ศพช. นครศรีธรรมราช (NK-H) และจากธรรมชาติ 3 แหล่ง ได้แก่ จันทบุรี (CH-W), ตราด (TR-W) และนครศรีธรรมราช (PN-W) ด้วยไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ 7 ตำแหน่ง ผลการศึกษาพบว่ามีจำนวนอัลลิลทั้งหมด 63 อัลลิล ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างโรงเพาะฟัก (A = 5.86-7.43, A_r = 5.70-7.27, H_o = 0.68-0.78, H_e = 0.65-0.75) มีค่าไม่แตกต่างจากกลุ่มธรรมชาติ (A = 7.57-8.43 A_r = 6.97-7.64, H_o = 0.72-0.79, H_e = 0.71-0.75) อย่างไรก็ตาม RF-H มีแนวโน้มสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าตัวอย่างอื่น ๆ

กลุ่มตัวอย่างปลากะพงขาวที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีความแตกต่างทางพันธุกรรม (Global F_{st} = 0.025, p < 0.001) โดยกลุ่มตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนบน (TR-W กับ CH-W) แตกต่างทางพันธุกรรมกับตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนล่าง (PN-W) ส่วนกลุ่มตัวอย่างจากโรงเพาะฟักมีความแตกต่างกันเกือบทุกคู่ตัวอย่าง และ RF-H มีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากตัวอย่างอื่นๆ มากที่สุด ความแตกต่างทางพันธุกรรมของตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนบนกับอ่าวไทยตอนล่างน่าจะสัมพันธ์กับระยะทางระหว่างประชากรทั้งสองกลุ่ม ส่วนความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างจากโรงเพาะฟักน่าจะเป็นสิ่งที่ดี โดยสามารถใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมที่หลากหลายสำหรับการสร้างประชากรตั้งต้นในการปรับปรุงพันธุ์ นอกจากนี้ การขาดหายทางพันธุกรรมระหว่างการเพาะพันธุ์ ยังมีบทบาทในการลดความหลากหลายภายในกลุ่มพ่อแม่พันธุ์ และทำให้เกิดความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรที่ผ่านการคัดพันธุ์จากกลุ่มตัวอย่างอื่น

คำสำคัญ : ปลากะพงขาว, ความหลากหลายทางพันธุกรรม, ไมโครแซลเทลไลท์