ความหลากหลายทางพันธุกรรมและยืนโฟลของกุ้งกุลาดำ Penaeus monodon Fabricius ในประเทศไทย โดยวิธี PCR-RFLP ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ



นางสาวดวงกมล ศิลุจจัย

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีทางชีวภาพ หลักสูตรวิชาเทคโนโลยีทางชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปีการศึกษา 2543 ISBN 974-346-552-9 ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

I 19472808 17 N.A. 2545

GENETIC DIVERSITY AND GENE FLOW OF

GIANT TIGER SHRIMP *Penaeus monodon* Fabricius IN THAILAND USING PCR-RFLP OF MITOCHONDRIAL DNA

MISS DUANGKAMON SILUDJAI

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of Master of Science in Biotechnology

Programme of Biotechnology

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2000

ISBN 974-346-552-9

Thesis Title	GENETIC DIVERSITY AND GENE FLOW OF GIANT TIGER SHRIMP <i>Penaeus monodon</i> Fabricius IN THAILAND USING PCR-RFLP OF MITOCHONDRIAL DNA		
Ву	Miss Duangkamon Siludjai		
Programme			
	Associate Professor Padermsak Jarayabhand, Ph.D.		
Thesis Co-adviser	Sirawut Klinbunga, Ph.D.		
Accepted by	the Faculty of Science, Chulalongkorn University in Partial		
Fulfillment of the	Requirements for the Master 's Degree		
	Wach Math Dean of Faculty of Science		
	(Associate Professor Wanchai Phothiphichitr, Ph.D.)		
THESIS COMMI	ГТЕЕ		
	(Assistant Professor Vichien Rimphanitchayakit, Ph.D.)		
	P. Janayabham L. Thesis Advisor		
	(Associate Professor Padermsak Jarayabhand, Ph.D.)		
	J. Ulmb. Thesis Co-advisor		
	(Sirawut Klinbunga, Ph.D.)		
	a, Taromkay Member		
	(Associate Professor Anchalee Tassanakajon, Ph.D.)		

ดวงกมล ศิลุจจัย: ความหลากหลายทางพันธุกรรมและยืนโฟลของกุ้งกุลาดำ Penaeus monodon Fabricius ในประเทศไทย โดยวิธี PCR-RFLP ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ (GENETIC DIVERSITY AND GENE FLOW OF GIANT TIGER SHRIMP Penaeus monodon Fabricius IN THAILAND using PCR-RFLP of mitochondrial DNA)

อ. ที่ปรึกษา: รศ.ดร. เผดิมศักดิ์ จารยะพันธุ์, อ. ที่ปรึกษาร่วม ดร. ศิราวุธ กลิ่นบุหงา 124 หน้า. ISBN 974-346-552-9.

จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกุ้งกุลาดำ จำนวน 5 แหล่งตัวอย่างในประเทศไทย (สตูล ตรัง และ พังงา จากฝั่งอันดามัน ชุมพร และ ตราด จากฝั่งอ่าวไทย) ด้วยวิธี PCR-RFLP ของยืนในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอซึ่งประกอบด้วย ยืน 16S ribosomal (r) DNA ด้วย Mbo I และ intergenic region ของ cytochrome oxidase subunits I - II (COI-COII) ด้วย Alu I, Mbo I, Hin fl and Dde I พบ composite haplotypes ทั้งสิ้นจำนวน 37 haplotypes เมื่อสร้าง UPGMA dendrogramจากระยะ ห่างทางพันธุกรรมของแต่ละ composite haplotypes สามารถแบ่ง haplotypes ดังกล่าวออกเป็น 2 กลุ่ม (A และ B lineages) ซึ่ง มีระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 2.558% จากการศึกษายังพบว่า รูปแบบ haplotypes จากการย่อย intergenic COI-COII ด้วย Alu I และ Taq I สามารถแสดงความถี่ของ lineages A และ B ได้อย่างแม่นยำ ส่งผลให้การวิเคราะห์ความถี่ phylogenetic lineages ในกุ้งกุลาดำมีความสะดวกและรวดเร็วขึ้น

ค่าเฉลี่ยของ haplotype diversity มีค่าเท่ากับ 0.8548 ± 0.0001 ในขณะที่ค่าเฉลี่ย nucleotide diversity ภายใน และ ระหว่างตัวอย่างมีค่าเท่ากับ 3.3283% และ 3.3648% ตามลำดับ ทั้งนี้พบว่า nucleotide divergence ของ 5 กลุ่มตัวอย่างมีค่าเท่า กับ 0.0365% แสดงถึงการแบ่งแยกโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรกุ้งกุลาดำในประเทศไทย เมื่อทำการวิเคราะห์ geographic heterogeneity พบว่ากุ้งกุลาดำจากฝั่งข่าวไทย อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ (P < 0.0001) จากการทดลองครั้งนี้สามารถแบ่งกุ้งกุลาดำที่ศึกษาออกเป็น 2 กลุ่มประชากร (stocks) ประกอบด้วย ประชากร A (สตูล ตรัง และ พังงา) และประชากร B (ชุมพร และ ตราด) ผลจากการศึกษาครั้งนี้ยังแสดงถึงความเป็น ไปได้ที่การอพยพของกุ้งกุลาดำเพศเมียจะไม่สมดุลกับการอพยพของกุ้งกุลาดำเพศผู้ (biased female gene flow) ระหว่างกุ้ง กุลาดำจากชุมพร และ ตราด

ภาควิชา	ลายมือชื่อนิสิต ฏาวคาม ศีสุงกัน
สาขาวิชาเทคโนโลยีทางชีวภาพ	4
ปีการศึกษา2543	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

V

##4072255723: MAJOR BIOTECHNOLOGY

KEY WORD: P.monodon / PCR-RFLP/ GENETIC DIVERSITY

DUANGKAMON SILUDJAI: GENETIC DIVERSITY AND GENE FLOW OF GIANT TIGER SHRIMP *Penaeus monodon* Fabricius IN THAILAND USING PCR-RFLP OF MITOCHONDRIAL DNA. THESIS ADVISOR: ASSOC. PROF. PADERMSAK JARAYABHAND, Ph.D., THESIS CO-ADVISOR: SIRAWUT KLINBUNGA, Ph.D.

124 pp. ISBN 974-346-552-9.

Genetic diversity of five geographic samples of Penaeus monodon in Thailand (Satun, Trang and Phangnga located in the Andaman Sea and Chumphon and Trat located in the Gulf of Thailand) was examined using PCR-RFLP of two mitochondrial genes composing of the 16S ribosomal (r) DNA digested with Mbo I and an intergenic region of cytochrome oxidase subunits I and II (COI-COII) digested with Alu I, Mbo I, Taq I, Hinf I and Dde I. Thirty-seven mtDNA composite haplotypes were identified and could be allocated into one or the other of two mtDNA lineages, A and B joined in a UPGMA dendrogram with the sequence divergence of 2.558%. The mtDNA haplotypes generated from digestion of an intergenic COI-COII with Alu I and Taq I represented these mtDNA lineages accurately offering simpler mtDNA typing in P. monodon. The average haplotype diversity of P. monodon mtDNA was 0.8548 ± 0.0001 . The average nucleotide diversity within and between samples was 3.3283% and 3.3648%, respectively. The nucleotide divergence of five P. monodon samples was 0.0365% implying degrees of population subdivisions in Thai P. monodon. Significant geographic heterogeneity was observed between the Andaman Sea and the Gulf of Thailand samples (P < 0.0001). As a result, five P. monodon samples were differentiated to two different populations; A (Satun, Trang and Phangnga) and B (Chumphon and Trat). Results from this study indicated that potential female-mediated dispersal (biased female gene flow) may exist between P. monodon from Trat and Chumphon.

Department......Biotechnology.....
Academic year.....2000......

Student 's signature... D. Silveliai.

Advisor 's signature... F. Jaraya bhom.

Co-advisor 's signature... J. Mlmb...

ACKNOWLEGEMENTS

I am indebted to my advisor, Assoc. Prof. Dr. Padermsak Jarayabhand for his suggestion throughout my study. I would also like to express my appreciation to my co-advisor, Dr. Sirawut Klinbunga for his great helps, guidance, suggestions in laboratory, data analysis and comment on my thesis.

I would like to express my heartfelt respect and thank Prof. Dr. Piamsak Menasveta, Assist. Prof. Dr. Vichien Rimphantichayakit and Assoc. Prof. Dr. Anchalee Tassanakajon for their recommendations.

I would like to acknowledge the National Science and Technology Development Agency, NSTDA for granting my studentship and to all members of the Marine Biotechnology Research Unit (MBRU), National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), for their kindness and helps.

Finally, I would like to express my deepest appreciation and gratefulness to my parents, sisters and brother for their warmest love, care, understanding and cheerfulness throughout my study.

CONTENTS

Page
THAI ABSTRACTiv
ENGLISH ABSTRACTv
ACKNOWLEDGEMENTSvi
CONTENTS vii
LIST OF TABLES viii
LIST OF FIGURESx
LIST OR ABBREVIATIONS xii
CHAPTER
I. INTRODUTIONS
II. MATERIALS AND METHODS24
III. RESULTS39
IV. discussions
V. CONCLUSIONS AND RECOMMENDATIONS88
REFERENCES
APPENDICES
APPENDIX A101
APPENDIX B108
APPENDIX C113
APPENDIX D116
APPENDIX E120
BIOGRAPHY 124

LIST OF TABLES

Table		Page
1.1	World Prawn Farming in 1998.	2
1.2	Eastern Hemisphere Farming in 1998.	3
1.3	Thailand Export of Fresh and Frozen Marine Prawn	4
2.1	PCR primers and sequence screened for amplification success in <i>P. monodon</i>	32
2.2	Optimal concentration of agarose in 1XTBE buffer used for separation of double	
	stranded DNA in this study	34
3.1	Restriction fragment patterns observed from digestion of the 16S rDNA and an	
	intergenic COI-COII of P. monodon with restriction endonucleases	
	used in this study	58
3.2	Frequency distributions of restriction enzyme patterns across	
	five geographic samples of <i>P. monodon</i> in Thailand	61
3.3	Geographic distributions of 37 composite haplotypes of five P. monodon	
	samples based on restriction analysis of 16S rDNA with Mbo I	
	and an intergenic COI-COII with Alu I, Mbo I, Taq I, Hin fl and Dde I	65
3.4	Haplotype and nucleotide diversity within geographic samples of Thai	
	P. monodon examine by restriction analysis of 16S rDNA and an	
	intergenic COI-COII	72

Table		Page
3.5	Percent nucleotide diversity (above diagonal) and percent nucleotide divergence	
	(below diagonal) between population for five geographic locations of	
	P. monodon in Thailand	73
3.6	Geographic heterogeneity analysis in distribution frequency of	
	composite haplotype among 5 locations of <i>P. monodon</i> in Thailand using	
	a Mont Carlo simulation	74

LIST OF FIGURES

Figur	re	Pag
1.1	Lateral view showing important parts of <i>P. monodon</i>	7
1.2	Life cycle of Penaeid prawns	7
1.3	Geographic distributions of <i>P. monodon</i>	.10
2.1	Map of Thailand illustrating sample collection five geographic locations	.28
3.1	High molecular weight DNA extracted from frozen pleopods of	
	P. monodon	43
3.2	PCR products resulted from amplification of hemocyanin, 12S and	
	16S rDNAs, ND5, and an intergenic COI-COII	44
3.3	An example of restriction analysis of P. monodon hemocyanin	
	gene segment with Alu I	45
3.4	An example of restriction analysis of <i>P. monodon</i> hemocyanin gene	
	segment with Hae III	.46
3.5	An example of restriction analysis of <i>P. monodon</i> hemocyanin gene	
	segment with <i>Dde</i> I	.47
3.6	An example of restriction analysis of the NADH subunits 5 (ND5) gene	
	segment of P. monodon with Alu I	.48
3.7	An example of restriction analysis of the NADH subunits 5 (ND5) gene	
	segment of P. monodon with Dde I	.49
3.8	An example of restriction analysis of the NADH subnits 5 (ND5) gene	
	segment of <i>P. monodon</i> with <i>Mbo</i> I	50

Figure	Pag	e
3.9	An example of restriction analysis of the NADH subnits 5 (ND5) gene	
	segment of <i>P. monodon</i> with <i>Rsa</i> I51	
3.10	An example of P. monodon restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an amplified 16S rDNA with <i>Mbo</i> I	
3.11	An example of <i>P. monodon</i> restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an intergenic COI-COII with <i>Alu</i> I	
3.12	An example of <i>P. monodon</i> restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an intergenic COI-COII with <i>Mbo</i> I	
3.13	An example of <i>P. monodon</i> restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an intergenic COI-COII with <i>Taq</i> I55	
3.14	An example of <i>P. monodon</i> restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an intergenic COI-COII with <i>Hinf</i> I	
3.15	An example of <i>P. monodon</i> restriction fragment length polymorphism	
	generated from digestion of an intergenic COI-COII with <i>Dde</i> I	
3.16	Pie charts showing distributions of mtDNA composite haplotypes	
	within each sampling location of <i>P.monodon</i> in Thailand67	
3.17	A UPGMA dendrogram showing the relationship among thirty-seven	
	composite haplotypes found in Thai <i>P. monodon</i> 69	
3.18	Pie charts showing distributions of major mtDNA phylogenetic cluster	
	I and II among five geographic samples of <i>P. monodon</i> 70	

LIST OF ABBREVIATIONS

A, T, G, C = nucleotides containing the bases adenine,

thymine, guanine and cytosine, respectively

bp = base pair

°C = degree Celcius

cm = centimetre

CO I = cytochrome c oxidase subunit I

CO II = cytochrome c oxidase subunit II

DNA = deoxyribonucleic acid

dNTPs = deoxyribonucleotide triphosphates (dATP,

dTTP, dGTP, dCTP)

EDTA = ethylenediamine tetra acetic acid

HC1 = hydrochloric acid

kb = kilobase

KCl = potassium chloride

lrRNA = large subunit ribosomal RNA

 $MgCl_2$ = magnesium chloride

ml = millilitre

mM = millimolar

mtDNA = mitochondrial DNA

ng = nanogram

PCR = polymerase chain reaction

RFLP = restriction fragment length polymorphism

SDS = sodium dodecyl sulfate

sRNA = small subunit ribosomal RNA

Tris = tris (hydroxymethyl) aminomethane

μg = microgram

 μ l = microlitre

 $\mu M = micromolar$

UV = ultraviolet

V = volt

W = watt