บทที่ 2
เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ชีววิทยาปลาเก๋า

ปลาเก๋าหรือปลากะรัง เป็นปลาที่อาศัยอยู่ตามพื้นทะเล ตามแนวโขดหิน กองหิน แนวปะการัง และป่าชายเลนตั้งแต่ระดับน้ำตื้นจนถึงระดับน้ำลึกหลายร้อยเมตร จัดอยู่ในครอบครัว Serranidae ครอบครัวย่อย Epinephelinae มีการแพร่กระจายอยู่ในเขตน่านน้ำอินโดแปซิฟิก ซึ่งในน่านน้ำไทยพบ 26 ชนิด (ปรียนาฏ สุขะวิสิษฐ์, 2532) สำหรับปลาเก๋าที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจมี 3 ชนิดคือ ปลาเก๋าปากแม่น้ำ หรือปลาเก๋าดอกแดง (*Epinephelus coioides*) ปลาเก๋าจุดดำหรือปลาเก๋าดอกดำ (*E. malabaricus*) และปลาหมอทะเล หรือปลาเก๋าตัง (*E. lanceolatus*)

ปลาเก๋าในประเทศไทยพบได้ทางภาคตะวันออกแถบจังหวัดจันทบุรี ตราดและพบมากที่สุดทางภาคใต้แถบจังหวัดตรัง สตูล และปัตตานี ธวัชชัย จันทะวงษ์ (2539) ศึกษาการแพร่กระจายของสัตว์ทะเลเศรษฐกิจในอ่าวพังงา-กระบี่ และพื้นที่ใกล้เคียง โดยพบลูกปลาเก๋ามีการแพร่กระจายมากบริเวณป่าชายเลนของอำเภอกันตัง จังหวัดตรัง ทำให้ชาวบ้านที่อาศัยอยู่บริเวณนั้นมีอาชีพรวบรวมลูกพันธุ์ปลาเก๋าเพื่อนำมาขายให้กับผู้เลี้ยง โดยชนิดที่มีการเลี้ยงมากที่สุดได้แก่ ปลาเก๋าดอกแดง (*E. coioides*) และปลาเก๋าดอกดำ (*E. malabaricus*) ตามลำดับ (ธงชัย นิติรัฐสุวรรณ และประชีพ ชูพันธ์, 2541)

ป่าชายเลนเป็นแหล่งอนุบาลลูกปลาเก๋าที่สำคัญหลายชนิด เช่น *E. coioides*, *E. malabaricus* และ *E. tauvina* รูปแบบการแพร่กระจายของลูกปลาเก๋าภายในแหล่งอนุบาลขึ้นอยู่กับความเค็มของน้ำ ชนิด และอายุของลูกปลา (อิทธิพร จันทร์เพ็ญ, 2531) เช่น การแพร่กระจายของลูกปลาเก๋า *E. tauvina* ขนาดต่าง ๆ ที่คลองสะกอม จังหวัดสงขลา ขึ้นอยู่กับความเค็มโดยจะพบลูกปลาขนาด 3.5-5.0 เซนติเมตร บริเวณปากแม่น้ำที่มีความเค็มสูง (26-30 ppt) และพบลูกปลาขนาด 1.5-2.0 เซนติเมตร บริเวณที่มีความเค็มต่ำ (1-5 ppt) (สมชาติ สุขวงศ์, นริศ ชนะคุ้มชีพ และสุพจน์ จึงแย้มปิ่น, 2521) ลูกปลาเก๋าต่างชนิดที่ขนาดใกล้เคียงกันอาจมีการแพร่กระจายที่แตกต่างกัน เช่น ที่ฝั่งตะวันออกของประเทศออสเตรเลีย Sheaves (1996) พบปลาเก๋าดอกแดง ขนาด 12-50 เซนติเมตร ชุกชุมในบริเวณปากแม่น้ำที่มีความเค็ม 41.6 ppt แต่พบปลาเก๋าดอกดำ (*E. malabaricus*) ขนาดใกล้เคียงกันในบริเวณที่มีความเค็มต่ำกว่า (27.9 ppt)

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลากลุ่ม Serranid ค่อนข้างซับซ้อนทั้งด้านสรีระ พฤติกรรม และผลของสิ่งแวดล้อมต่อพฤติกรรมการผสมพันธุ์ ข้อมูลส่วนใหญ่ทางด้านชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลากลุ่มนี้ได้มาจากชนิดปลาในเขตอบอุ่น อาทิเช่น ความสามารถในการเปลี่ยนเพศในช่วงชีวิต รูปแบบการผสมพันธุ์ และฤดูกาลสืบพันธุ์ ความสามารถในการเปลี่ยนเพศในช่วงชีวิตเป็นลักษณะเด่นของปลากลุ่ม Serranid โดยปลาวัยอ่อนจะมีเซลล์สืบพันธุ์ทั้งสองเพศ (Hermaphodite) และมีแนวโน้มที่เซลล์สืบพันธุ์จะพัฒนาเป็นเพศเมีย แล้วจึงเปลี่ยนเป็นเพศผู้เมื่อมีขนาดและอายุมากขึ้น (Protogynous Hermaphodite) ในประชากรธรรมชาติการเปลี่ยนแปลงเพศของปลา อาจได้รับอิทธิพลจากปัจจัยทางชีววิทยาภายในตัวของสัตว์ (Endogenous) และปัจจัยทางสังคม (Exogenous) (Rhode, 2002) ซึ่งปัจจัยทางชีววิทยาภายในตัวของสัตว์จะเป็นตัวกำหนดขนาด อายุที่สมบูรณ์เพศ และอายุที่เริ่มเปลี่ยนเพศ โดยจะแตกต่างกันไปในปลาแต่ละชนิด (ตารางที่ 1) โดยปลาต่างชนิดสามารถพัฒนาเซลล์สืบพันธุ์เพศเมียเมื่อมีขนาดตั้งแต่ 14-50 เซนติเมตร ในปลาเก๋าดอกแดง (*E. coioides*) บริเวณตะวันออกกลาง ปลาเพศเมียที่สมบูรณ์เพศมีขนาดประมาณ 43-44 เซนติเมตร (Grandcourt, Al Abdessalaam, Francis, & Al Shamsi, 2005) ในขณะที่ปลาเพศเมียที่สมบูรณ์ของเก๋า *E. rivulatus* บริเวณประเทศออสเตรีย มีขนาดประมาณ 14-35 เซนติเมตร (Mackie, 2000) ส่วนปัจจัยทางสังคม หรือสิ่งแวดล้อม ที่ทำให้ปลาเปลี่ยนเพศ อาจรวมถึงขนาดสัมพัทธ์เมื่อเทียบกับปลาตัวอื่นในกลุ่ม โดยปลาขนาดใหญ่ที่สุดในกลุ่มจะเป็นเพศผู้ ในกลุ่มปลาเก๋า *Cephalopholis boenak* ตัวเต็มวัย ในบ่อเลี้ยงประเทศฮ่องกง ที่มีปลาเพศผู้ 1 ตัว และปลาเพศเมีย 3 ตัว เมื่อแยกปลาเพศผู้ออกจากกลุ่ม ปลาเพศเมียตัวที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในบ่อจะเปลี่ยนเพศเป็นเพศผู้ (Min, 2003)

แม้ว่าปลาเก๋าหลายชนิดจะมีการเปลี่ยนเพศ จากเพศเมียเป็นเพศผู้ แต่มีบางชนิดที่มีสมาชิกบางส่วนในประชากรเป็นเพศผู้มาตั้งแต่กำเนิด รูปแบบการพัฒนาเป็นเพศผู้ในประชากรปลาเก๋าจึงแบ่งเป็น 2 ลักษณะ (Jobling, 1995) คือ แบบ Monandric และ Diandric โดยปลาชนิดที่มีรูปแบบการเปลี่ยนเพศแบบ Monandric จะเปลี่ยนเพศจากปลาเพศเมียเป็นปลาเพศผู้ ส่วนในปลาบางชนิดที่มีรูปแบบการเปลี่ยนเพศแบบ Diandric ปลาเพศผู้มาจาก 2 ทาง คือ เปลี่ยนเพศมาจากปลาเพศเมีย และเป็นปลาเพศผู้มาตั้งแต่กำเนิด ตัวอย่างของชนิดปลาที่มีรูปแบบการเปลี่ยนเพศแบบ Monandric เช่น ปลาเก๋า *E. marginatus* (Marino, Azzurro, Massari, Finoia, & Mandich, 2001) และชนิดปลามีรูปแบบการเปลี่ยนเพศแบบที่เป็น Diandric ได้แก่ ปลาเก๋า *E. striatus* (Sadovy & Colin, 1995) และปลาเก๋า *E. andersoni* (Fennessy & Sadovy, 2002)

เนื่องจากปลาเก๋าเป็นปลาที่มีการเปลี่ยนเพศ จากเพศเมียเป็นเพศผู้ เมื่อมีอายุ และขนาดที่เหมาะสม ดังนั้น ในประชากรหนึ่ง ๆ มักมีสัดส่วนปลาเพศผู้น้อยกว่าเพศเมีย ซึ่งสัดส่วนนี้จะแปรผันไปตามชนิด และแหล่งที่อยู่อาศัย โดยสัดส่วนเพศผู้ต่อเพศเมียมีค่าตั้งแต่ 1: 2.25 ถึง 1: 48 (ตารางที่ 2) และยังพบว่า สัดส่วนเพศอาจเปลี่ยนแปลงในช่วงการรวมกลุ่มสืบพันธุ์ เช่น ประชากรปลาเก๋า *E. marginatus* บริเวณ Pohnpei ที่มีสัดส่วนเพศผู้ต่อเพศเมียปกติเป็น 5: 1 แต่เมื่อถึงช่วงประมาณ 2-3 วันก่อนวางไข่ ปลาเพศเมียจะอพยพเข้ามาเพิ่มมากขึ้น ทำให้สัดส่วนเพศผู้ต่อเพศเมียเปลี่ยนแปลงไปเป็น 1: 11-19 (Rhodes, 2002) อีกปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนเพศในปลาเก๋าคือ ผลกระทบที่เกิดจากการประมงช่วงที่ปลาเก๋ารวมกลุ่มสืบพันธุ์ ซึ่งทำให้ปลาเพศผู้ซึ่งมีขนาดใหญ่ และจำนวนน้อย ลดจำนวนอย่างรวดเร็ว ดังตัวอย่างการทำประมงในช่วงรวมกลุ่มสืบพันธุ์ของปลาเก๋า บริเวณ Gulf of Mexico ส่งผลให้สัดส่วนเพศผู้ของปลาเก๋า *Mycteroperca microlepsis* ในช่วง 20 ปี ลดลงจาก 17% เหลือ 1% และสัดส่วนของปลาเก๋า *M. phenax* เพศผู้ลดลงจาก 36% ลงมาเหลือ 18% ส่วนในปลาเก๋าที่ไม่มีการรวมกลุ่มสืบพันธุ์ เช่น ปลาเก๋า *E. morio* ที่มีการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนเพศในอัตราที่น้อยมาก (Coleman, Koenig, & Collins, 1996)

รูปแบบของการผสมพันธุ์ของปลาในกลุ่ม Epinephelinae มีทั้งการรวมกลุ่มผสมพันธุ์ (Spawning Aggregation) และแบบจับคู่ (Pair Mating) การรวมกลุ่มผสมพันธุ์เกิดขึ้นโดยปลาตัวผู้ และปลาตัวเมีย จะอพยพมาเป็นจำนวนมากเพื่อทำการผสมพันธุ์บริเวณเดิม อาจเป็นแนวปะการัง หรือแนวหิน และช่วงเวลาเดิมซึ่งแตกต่างในต่างประชากรในแต่ละปี (Rhode, 2002) (ตารางที่ 2) ปลาเก๋าที่มีรายงานการสืบพันธุ์แบบรวมกลุ่มได้แก่ *E. malabaricus, E. tukula, E. polyphekadion, E. fuscoguttatus* และ *E. chlorostigma* (Pet & Muljadi, 2001)

ส่วนในปลาเก๋าดอกแดง มีรายงานการสืบพันธุ์ทั้งแบบรวมกลุ่มในธรรมชาติ ที่บริเวณ Kelaua Bay ประเทศ Papua New Guinea (Chavet & Clua, 2004) และแบบจับคู่ ซึ่งพบในกระชังที่ชายฝั่งของประเทศอินโดนิเซีย มีพฤติกรรมในการสืบพันธุ์ โดยปลาตัวผู้จะเริ่มจับคู่กับปลาตัวเมียที่บริเวณพื้นกระชัง และจะจับคู่กันว่ายขึ้นสู่ผิวน้ำพร้อมกับปล่อยเซลล์สืบพันธุ์ทั้งเพศผู้ และเพศเมีย (Sudayanto, Meyer, & Mous, 2004)

ฤดูกาลสืบพันธุ์ของปลาในกลุ่ม Epinephelinae จะแตกต่างกันไปขึ้นกับชนิด และแหล่งที่อยู่อาศัย (ตารางที่ 2) ปลาเก๋าดอกแดง ที่ Arabian Gulf สืบพันธุ์ช่วงเดือนพฤษภาคม (Grandcourt et al., 2005) ในขณะที่ปลาเก๋าชนิดเดียวกัน ที่ประเทศอินโดนิเซียสืบพันธุ์ช่วงเดือนกุมภาพันธ์กับตุลาคม และเดือนกุมภาพันธ์ถึงกรกฎาคม (Sudayanto et al., 2004) โดยปัจจัย

สิ่งแวดล้อมที่มีผลต่อฤดูกาลสืบพันธุ์ กระบวนการพัฒนาเซลล์สืบพันธุ์ และการวางไข่ คือ อุณหภูมิน้ำทะเล (Sea Water Temperature) และข้างขึ้นข้างแรม (Lunar Cycle) อุณหภูมิน้ำทะเลที่สูงขึ้นจะเร่งกระบวนการ Vitellogenesis การพัฒนา Oocyte และการพัฒนา Gonad (Jobling, 1995) ดังนั้นปลาเก๋าหลายชนิดจึงวางไข่ในช่วงเดือนที่มีอุณหภูมิสูง เช่น ปลาเก๋า *E. striatus* (Bolden, 2000); ปลาเก๋า *E. septemfasciatus* (Shein, Chuda, Arakawa, Mizuno, & Soyano, 2004) และปลาเก๋า *E. chlorostigma* (Sanders, Carrara, & Lablache, 1998) กิจกรรมการสืบพันธุ์ของปลากลุ่มนี้มักมีความสัมพันธ์กับข้างขึ้นข้างแรม (Lunar Cycle) โดยปลาเก๋าหลายชนิดสืบพันธุ์ในช่วงข้างขึ้น (Full Moon) หรือข้างแรม (New moon) (ตารางที่ 2) เช่น ปลาเก๋า *E. merra* เพศเมียที่ Okinawa ประเทศญี่ปุ่น มีค่า Gonadosomatic Index (GSI) เพิ่มขึ้น มีการพัฒนาของ Oocyte และ พบ Fresh Ovulatory Follicle ใน Ovaries ที่เป็นดัชนีบ่งชี้การวางไข่ ตลอดช่วง Full Moon (Lee, Park, Takemura, & Takano, 2002) นักวิทยาศาสตร์สันนิษฐานว่าการวางไข่มีความสัมพันธ์กับข้างขึ้นข้างแรม เพื่อลดความกดดันในการถูกล่าจากปลาขนาดใหญ่ การวางไข่พร้อมกันเพิ่มโอกาสรอดของลูกปลา และเพิ่มโอกาสการล่องลอยของตัวอ่อน (Rhode, 2002)

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 1 ขนาด และอายุของปลากลุ่ม *Epinephelus* และ *Cephalopholis* เมื่อสมบูรณ์เป็นเพศเมีย และเมื่อเปลี่ยนเป็นเพศผู้

ชนิด	สถานที่	ขนาดและอายุเมื่อสมบูรณ์เพศ (เมีย)		ขนาดและอายุเมื่อเริ่มเปลี่ยนเป็นเพศผู้		อ้างอิง
		ขนาด (cm)	อายุ (ปี)	ขนาด (cm)	อายุ (ปี)	
Epinephelus coioides	Arabian Gulf	43.5	2			Grandcourt et al. (2005)
E. coioides	United Arab Emirates	44	3			Al Janhi et al. (2002)
E. malabaricus	Thailand	3.7 kg (น้ำหนัก)	2		>5	เรณู ยาชิโร และคณะ (2536)
E. marginatus	Southern Mediterranean	36.7	5	69-93		Marino et al. (2001)
E. morio	Gulf of Mexico	40-50		80-90	13	Collins et al. (2002)
E. quernus	Hawaii	56.4		75		Everson (1992)
E. rivulatus	Australia	14-35				Mackie (2000)
E. andersoni	South Eastern Africa	49.2				Fennessy and Sadovy (2002)
Cephalopholis boenak	Hong Kong	8	1	15	1	Chan (2000)
C. taeniops	Senegal	14.5		17		Siau (1994)

Burapha University มหาวิทยาลัยบูรพา

ตารางที่ 2 ฤดูกาลสืบพันธุ์ ความสัมพันธ์ของช่วงเวลาการสืบพันธุ์กับข้างขึ้นข้างแรม (Lunar Cycle) และสัดส่วนเพศผู้ต่อเพศเมีย ของปลาเก๋าต่างชนิดและต่างประชากร

ชนิด	สถานที่	ฤดูกาลสืบพันธุ์	Lunar Cycle	สัดส่วนเพศผู้ต่อเพศเมีย	อ้างอิง
Epinephelus coioides	Arabian Gulf	May		1 ต่อ 48	Grandcourt et al. (2005)
E. coioides	United Arab Emirates	Mar-May		1 ต่อ 7.5	Al Janhi et al. (2002)
E. coioides	Persian Gulf	Mar-Jun			Abbassi et al. (2004)
E. coioides	China	May-Jun			Zhao et al. (2003)
E. coioides	Indonesia	Feb-Jul, Sep-Oct	New Moon		Sudaryanto et al. (2004)
E. malabaricus	Thailand	Oct-Feb			เจนจิตต์ คงทำเนิด (2540)
E. marginatus	Southern Mediterranean	Jun-Sep		1 ต่อ 3.5	Marino et al. (2001)
E. morio	Gulf of Mexico	Apr-May		1 ต่อ 2.5	Collins et al. (2002)
E. quernus	Hawaii	Jan-Jun		1 ต่อ 12	Everson (1992)
E. aeneus	Mediterranean Sea	Apr-Sep			Hassin et al. (1997)
E. rivulatus	Australia	Jul-Dec		1 ต่อ 5.5	Mackie (2000)
E. striatus	Long Island	Feb-Mar	Full Moon	1 ต่อ 3	Colin (1992)
E. polyphekadion	Pohnpei	Mar-Apr	Full Moon		Rhode and Sadovy (2002)
E. merra	Japan	May-Aug	Full Moon		Lee et al. (2002)
E. septemfasciatus	Japan	May			Shein et al. (2004)
E. chlorostigma	Seychelles	Nov-Apr			Sanders et al. (1998)
E. andersoni	South eastern Africa	Nov-Jan			Fennessy and Sadovy (2002)
Cephalopholis boenak	Hong Kong	Apr-Oct			Chan (2000)
C. taeniops	Senegal	Aug-Sep			Siau (1994)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

การเปลี่ยนแปลงความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรสัตว์น้ำ

ประชากรในทางชีววิทยาหมายถึง กลุ่มของสัตว์ชนิดเดียวกันที่มีการสืบพันธุ์ภายในกลุ่ม การวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมในประชากรหนึ่ง ๆ มักจะเปรียบเทียบกับสภาวะความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรทางทฤษฎี (Ideal Population)* ซึ่งจะมีความถี่ของอัลลิล และจีโนไทป์คงที่ในทุกช่วงอายุ และสัดส่วนของจีโนไทป์มีความสัมพันธ์กับความถี่ยีนตามทฤษฎีสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบอร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) ประชากรทางทฤษฎีเป็นประชากรที่มีขนาดใหญ่ มีการผสมพันธุ์แบบสุ่ม ไม่มีการกลายพันธุ์ ไม่มีการคัดพันธุ์ และไม่มีการถ่ายเทยีนระหว่างประชากร (อุทัยรัตน์ ณ นคร, 2543) อย่างไรก็ตามในประชากรธรรมชาติมักมีกระบวนการทางพันธุกรรมต่าง ๆ ที่เกิดขึ้นที่ทำให้ลักษณะทางพันธุกรรมเบี่ยงเบนไปจากประชากรทางทฤษฎีซึ่งได้แก่

1. การขาดช่วงทางพันธุกรรม (Genetic Drift) เป็นการเปลี่ยนแปลงความถี่ของอัลลิลในแต่ละช่วงอายุโดยมีทิศทางไม่แน่นอน การขาดช่วงทางพันธุกรรมเกิดขึ้นได้กับประชากรทุกขนาด แต่จะเห็นผลชัดเจน และรวดเร็วกับประชากรขนาดเล็ก

2. การถ่ายเทยีน (Gene Flow) เป็นการเคลื่อนย้ายอัลลิลระหว่างประชากร โดยการผสมพันธุ์ของสมาชิกของต่างประชากร ถ้ามีอัตราการถ่ายเทยีนระหว่างกลุ่มมาก ความต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรก็จะลดลง

3. การคัดพันธุ์ (Selection) เกิดได้ทั้งจากมนุษย์ และธรรมชาติ โดยจะทำให้ต่างจีโนไทป์มีโอกาสถ่ายทอดไปในสู่ประชากรรุ่นถัดไปได้ไม่เท่ากัน

4. การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นกระบวนการเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมใหม่ ให้ประชากร จึงเป็นกระบวนการที่สำคัญในการเกิดวิวัฒนาการในระยะยาว

การที่ประชากรที่ไม่ผสมข้ามกลุ่ม (Reproductive Isolation) อาจนำไปสู่ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้เนื่องจากอัตราของการเปลี่ยนแปลงกระบวนการทางพันธุกรรมในแต่ละประชากรที่แตกต่างกัน ปัจจัยที่กีดขวางการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรในธรรมชาติได้แก่ สิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ (Geographic Barrier) เช่น ระยะทาง และลักษณะภูมิประเทศ (อุทัยรัตน์ ณ นคร, 2543) และสิ่งกีดขวางทางชีวภาพ (Biological Barrier) ซึ่งเกิดจากลักษณะ

---

* ประชากร ในทางพันธุศาสตร์ หมายถึง Effective Population Size นั้นคือขนาดประชากรที่มีคุณสมบัติเหมือนประชากรทางทฤษฎี ที่มีอัตราการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมเท่ากับประชากรที่สนใจ

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ทางชีววิทยาที่แตกต่างกันของประชากร เช่น ฤดูกาลสืบพันธุ์ หรือการคัดเลือกคู่ผสมที่จำเพาะเจาะจง (Lowe, Harris, & Ashton, 2004)

วิธีในการตรวจสอบความแตกต่างทางชีววิทยาของประชากรมีสองแนวทาง ได้แก่ การใช้เครื่องหมายทางชีวภาพ (Biological Marker) และเครื่องหมายทางพันธุกรรม (Genetic Marker) เครื่องหมายทางชีวภาพจะรวมถึงลักษณะภายนอกของสิ่งมีชีวิต เช่น รูปแบบการเจริญเติบโตของเกล็ดที่ต่างกันในประชากรปลา Sockeye Salmon ที่อาศัยบริเวณ Bonneville Dam กับ Tumwater Dam (Fryer & Kelsey, 2001) และปรสิตชนิดต่างกัน 2 ชนิดที่พบในปลา Blacktail Comber ต่างประชากร (Cuyes, Castro, Santana-Ortega, & Carbonell, 2001) ส่วนเครื่องหมายพันธุกรรมเป็นสารพันธุกรรมที่บ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระดับชนิด ประชากร ครอบครัว และเครือญาติ ซึ่งแบ่งออกเป็นระดับเอนไซม์ และระดับดีเอ็นเอ เครื่องหมายพันธุกรรมแต่ละประเภทมีความสามารถในการตรวจสอบระดับความแตกต่างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน เนื่องจากมีอัตราการกลายพันธุ์ที่ต่างกัน (Cavalho & Hauser, 1994)

การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม

ระดับโปรตีน

การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรในระดับโปรตีน เป็นเทคนิคซึ่งใช้อย่างแพร่หลาย (เช่น Lowe et al., 2004; Day, Visootiviseth & Hawkins, 2000) โดยข้อมูลที่ได้มี 2 ประเภทคือ อัลโลไซม์ (Allozyme) ซึ่งเป็นเอนไซม์ที่เป็นผลผลิตของยีนคู่เดียวกันแต่มีอัลลิลต่างกัน และเอนไซม์ทำหน้าที่คล้ายกันแต่ต่างรูปแบบหรือต่างตำแหน่งกันเรียกว่าไอโซไซม์ (Isozyme) ซึ่งการตรวจสอบสภาพหลากรูปแบบ (Polymorphism) ของโปรตีน สามารถใช้เทคนิคอิเล็กโตโฟรีซีส (Electrophoresis) ซึ่งอาศัยหลักการที่โมเลกุลของเอนไซม์จะมีประจุสุทธิ รูปร่าง และขนาดที่แตกต่างกัน เมื่อนำไปเคลื่อนผ่านสนามไฟฟ้าโดยมีเจล (Starch Agarose หรือ Acrylamide) เป็นตัวกลาง โมเลกุลที่น้ำหนักมากจะเคลื่อนที่ได้ช้ากว่าโมเลกุลที่น้ำหนักน้อย ดังนั้นแถบลักษณะโปรตีน ที่ปรากฏจะแสดงถึงขนาดและจีโนไทป์ของยีนที่ควบคุมการสร้างโปรตีน

ความแปรผันทางพันธุกรรมของ Allozyme และ Isozyme (เช่น จำนวนอัลลิลต่อตำแหน่ง และค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้) มีค่าค่อนข้างต่ำ เมื่อเทียบกับเครื่องหมายพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอ) (ตารางที่ 3 และ 4) อย่างไรก็ตาม Allozyme และ Isozyme สามารถใช้แยกความแตกต่างได้ดีในระดับของชนิด และระดับประชากรในสัตว์น้ำบางชนิดในการแยกชนิดปลาทะเล รัตนา ผลธัญญา, มอนิกา นิคลาสสัน และสมชัย บุศราวิช (2539) ใช้รูปแบบ

Isozyme ร่วมกับข้อมูลทางสัณฐานวิทยา แยกชนิดของลูกปลากะตักหัวแหลม 2 ชนิด ได้เป็น *Encrasicholina heteroloba* และ *E. punctifer* และรัตนา ผลธัญญา (2528) พบว่า ปลาทูในอ่าวไทยตอนใน (ฉะเชิงเทรา ชลบุรี และสมุทรสงคราม) ประกอบด้วยปลาทู 2 ชนิด คือ *Rastrelliger neclectus* และ *R. brancrysoma* นอกจากนี้รูปแบบของ Allozyme ยังสามารถบ่งชี้โครงสร้างทางพันธุกรรมประชากรในปลาทะเลเช่น ปลา Tropical Shad (*Tenualosa ilisha*) บริเวณทะเล Arabian และ Bay of Bengal ที่สามารถจัดกลุ่มตามความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมจากข้อมูล Allozyme 5 loci ได้เป็น (1) Bangladesh (2) Bay of Bengal (3) Kuwait และ (4) Indonesia (Salini, Miton, Rahman, & Hussain, 2004) ในประเทศไทยการศึกษารูปแบบของ Allozyme ที่แสดงโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรอย่างชัดเจน ได้แก่ การบ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรสัตว์ทะเลหลายชนิดที่อาศัยอยู่ในทะเลฝั่งอ่าวไทยและทะเลอันดามัน เช่น กุ้งแชบ๊วย (*Penaeus merguiensis*) (ศรีรัตน์ สอดศุข และพนม สอดศุข, 2541) และกุ้งกุลาดำ (*P. monodon*) (ศรีรัตน์ สอดศุข, 2539)

แม้ว่าเครื่องหมายทางพันธุกรรมระดับ Allozyme สามารถแยกความแตกต่างได้ดีในระดับภูมิภาค เช่น ระหว่างสัตว์น้ำที่อาศัยอยู่ในฝั่งอ่าวไทย และฝั่งทะเลอันดามัน เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทนี้ อาจมีความหลากหลายไม่เพียงพอที่จะตรวจสอบความแตกต่างระหว่างประชากรในพื้นที่ไม่ห่างกันมากนัก (Day et al., 2000) นอกจากนี้การวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรมระดับโปรตีนยังจำเป็นต้องใช้เนื้อเยื่อที่จำเพาะต่อโปรตีนที่สนใจในตัวอย่างสด จึงทำให้การศึกษาในปัจจุบันหันมาใช้เครื่องหมายพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอเช่น Mitochondrial DNA และ Microsatellite DNA มากขึ้น

ไมโตคอนเดรีย ดีเอ็นเอ

Mitochondrial DNA (mtDNA) เป็นดีเอ็นเอรูปวงแหวนขนาดประมาณ 15,000-18,000 คู่เบส มีลักษณะการถ่ายทอดพันธุกรรมจากแม่สู่ลูก และมีอัตราการกลายพันธุ์ของยีนสูงกว่าดีเอ็นเอในนิวเคลียสประมาณ 10 เท่า (อุทัยรัตน์ ณ นคร, 2543) จุดเด่นของ mtDNA คือ มียีนที่มีอัตราการกลายพันธุ์หลากหลาย ทำให้สามารถเลือกใช้ให้เหมาะสมกับการตรวจสอบความแตกต่างระดับประชากรหรือระดับชนิดได้ (อำนวย จรด้วง, 2543) การวิเคราะห์ mtDNA สามารถทำได้ 2 รูปแบบ คือ การวิเคราะห์ขนาดของชิ้นส่วน mtDNA ที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (Restriction Fragment Length Polymorphism, RFLP) และวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ (DNA Sequencing)

ยีนใน mtDNA ที่นิยมใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของปลาในกลุ่ม Serranid ได้แก่ ยีน Cytochrome b (Cyt b) และ Ribosomal DNA (rDNA) Maggio, Andaloro,

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

Hemida, and Arculeo (2005) ได้วิเคราะห์ความแตกต่างลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน Cytochrome b (Cyt b ขนาด 379 bp) และ Ribosomal DNA (16S rDNA ขนาด 516 bp) ระหว่างชนิดปลาในวงศ์ Epinephelinae (*Epinephelus aeneus*, *E. caninus*, *E. costae*, *E. haifesis*, *E. marginatus* และ *E. tauvina*) และ Mycteroperca (*Mycteroperca rubra* และ *M. fusca*) บริเวณ Eastern Atlantic และสามารถแยกความแตกต่างระหว่างวงศ์ได้อย่างชัดเจน Craig, Hasting, and Pondella (2004) วิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S,12S และ Cytochrome b; (มีขนาดทั้งหมด 1447 bp) และ Protein Coding Nuclear Gene (TMO-4C4 ขนาด 535 bp) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างปลาต่างสกุลจากบริเวณ Tropical Eastern Pacific, Caribbean และ Indian Ocean ซึ่งได้แก่ สกุล *Alphestes* (*Alphestes multigutattus*, *A. immaculatus*, *A. afer*) สกุล *Dermatolepis* (*Dermatolepis dermatolepis*, *D. inermis*, *D. striolata*) และ สกุล *Epinephelus* (*Epinephelus multinotatus*, *E. labriformis*, *E. drummondhayi*) และพบว่าสกุล *Alphestes* มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการใกล้กับสกุล *Dermatolepis* มากกว่าสกุล *Epinephelus*

นอกจากนี้ mtDNA ยังสามารถบ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้ (เช่น Ovenden, Lloyd, Newman, Keenan, & Slater, 2002; Maggio, Andaloro, & Arculeo, 2006) วิธีการที่นิยมวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมระดับประชากร คือ การวิเคราะห์รูปแบบของชิ้นส่วน Control Region ที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (RFLP) Ovenden, Lloyd, Newman, Keenan, & Slater (2002) ตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลา Goldband Snapper (*Pristipomoides multidens*) ที่อาศัยอยู่ในบริเวณน่านน้ำประเทศ Indonesia และ Australia นอกจากนั้น Maggio, Andaloro, & Arculeo (2006) ใช้เทคนิคเดียวกันในการตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลาเก๋า *E. marginatus* ที่อาศัยอยู่ระหว่างทะเล Mediterranean และมหาสมุทรแอตแลนติก

ดีเอ็นเอในนิวเคลียส

ดีเอ็นเอในนิวเคลียส ประกอบด้วยส่วนที่เป็นรหัสที่ควบคุมการสร้างโปรตีน (Coding Region) และส่วนที่ไม่เป็นรหัสควบคุมการสร้างโปรตีน (Non-Coding Region) ซึ่งเป็นดีเอ็นเอส่วนใหญ่ที่พบในจีโนม ความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลของดีเอ็นเกิดขึ้นจากหลายสาเหตุ เช่น การเปลี่ยนของเบสตัวเดียว การขาดหายไปหรือการสอดแทรกของดีเอ็นเอ การขาดหายไปหรือการขยายจำนวนของชิ้นดีเอ็นเอในกระบวนการรีคอมบิเนชั่น และการขยายจำนวนของชิ้นดีเอ็นเอที่เกิดจากการเลื่อนของเบส (อมรา คัมภิรานนท์, 2542)

ดีเอ็นเอในนิวเคลียสมีส่วนของดีเอ็นเอซึ่งมีลักษณะเป็นชุดซ้ำต่อเนื่องกัน (Repetitive DNA) สามารถแยกได้ตามการเรียงตัวที่ซ้ำกันของเบสคือ ไมโครแซทเทลไลท์ (Microsatellite) มี

จำนวนซ้ำ 1-4 คู่เบส และมินิแซทเทลไลท์ (Minisatellite) มีจำนวนซ้ำ 15 -100 คู่เบส (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล, 2545) Repetitive DNA ส่วนใหญ่อยู่ในบริเวณที่ไม่เป็นรหัสควบคุมการสร้างโปรตีน และเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีอัตราการกลายพันธุ์สูง (High Mutation Rate) เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทนี้มักมีความแปรผันทางพันธุกรรมสูงกว่าเครื่องหมายพันธุกรรมประเภทอื่น (ตารางที่ 3 และ 4) Repetitive DNA จึงเหมาะสมกับการวิเคราะห์ความแปรผันทางพันธุกรรมระดับประชากรที่อาจมีความแตกต่างทางพันธุกรรมไม่มากนักหรือระดับครอบครัว

เครื่องหมายพันธุกรรม Microsatellite DNA เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่นิยมใช้อย่างแพร่หลาย เนื่องจากสามารถระบุความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร และบ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรที่อาศัยบริเวณใกล้กัน ได้มากกว่าเครื่องหมายพันธุกรรม Allozyme เช่น การประเมินความความหลากหลายภายในประชากรปลาเก๋า *E. marginatus* ที่อาศัยในบริเวณทะเล Mediterranean ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม Allozyme (28 loci) และ Microsatellite DNA (7 loci) De-Innocentiis, Sola, Cataudella, & Bentzen (2001) พบว่า เครื่องหมายพันธุกรรม Microsatellite DNA แสดงความหลากหลายภายในประชากร (He=0.75-0.85) มากกว่า Allozyme (He=0.04-0.08) และการประเมินความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลา Atlantic Herring (*Clupea harengus*) ที่อาศัยในบริเวณ Norwegian Water และ Barents Sea ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม Allozyme (28 loci) และ Microsatellite DNA (4 loci) พบว่าเครื่องหมายพันธุกรรม Microsatellite DNA แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างบางประชากรที่อยู่ใกล้กัน (F_{ST} = 0.008-0.018) มากกว่า Allozyme (F_{ST} = -0.0017-0.009) (Shaw, Turan, Wright, O'Connell, & Carvalho, 2001)

ในการศึกษาประชากรกุ้งกุลาดำในประเทศไทย บริเวณทะเลอันดามัน และอ่าวไทย เครื่องหมายพันธุกรรม 3 ชนิดคือ Allozyme (ศรีรัตน์ สอดศุข, 2541), Microsatellite DNA (Supungul et al., 2000) และ Mitochondrial DNA (Klinbunga et al., 1999) สามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรกุ้งกุลาดำจากอ่าวไทย และอันดามันได้ แต่มีเพียงเครื่องหมายพันธุกรรม Allozyme และ Microsatellite DNA ที่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างกุ้งกุลาดำจากอ่าวไทยตอนบนและอ่าวไทยตอนล่างได้ อย่างไรก็ตามโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่ได้จากข้อมูล Allozyme ไม่สอดคล้องกับสภาพภูมิประเทศ โดยกุ้งกุลาดำจากอ่าวไทยตอนบนมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกุ้งกุลาดำจากทะเลอันดามันมากกว่าประชากรกุ้งกุลาดำจากอ่าวไทยตอนล่าง ผู้วิจัยสันนิษฐานว่าความคลาดเคลื่องที่ปรากฏอาจเป็นผลจากการเคลื่อนย้ายพ่อแม่พันธุ์กุ้งกุลาดำจากทางฝั่งทะเลอันดามันมาเลี้ยงในอ่าวไทย

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

โดยทั่วไปรูปแบบความหลากหลายทางพันธุกรรมภายใน และระหว่างประชากรปลาทะเลมักจะแตกต่างจากประชากรปลาน้ำจืด โดยความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรปลาทะเลมักมีค่ามากกว่าปลาน้ำจืด แต่มีความแตกต่างระหว่างประชากรน้อยกว่าปลาน้ำจืด ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของ Microsatellite DNA ภายในประชากรปลาทะเลมีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี้ (H) เฉลี่ยเท่ากับ 0.79 และจำนวนอัลลิลเฉลี่ยต่อตำแหน่ง (A) เท่ากับ 20.6 ในขณะที่ประชากรปลาน้ำจืดมีค่า H เฉลี่ยเท่ากับ 0.46 และ A เท่ากับ 7.5 (Dewoody & Avise, 2000) อย่างไรก็ตาม ปลาทะเลมักมีความแตกต่างระหว่างประชากร (สัมประสิทธิ์ความแตกต่างระหว่างกลุ่ม, F_{ST}=0.062) น้อยกว่าปลาน้ำจืด (F_{ST}=0.222) (Ward, Woodwark, & Skibinski, 1994) ซึ่งอาจเป็นผลจากระดับการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรในอัตราที่สูง เนื่องจากไม่มีสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ ในการตรวจสอบความแตกต่างพันธุกรรมในระดับต่ำ จึงจำเป็นต้องอาศัยเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีอัตราการกลายพันธุ์ และมีความหลากหลายสูง

ความแตกต่างทางพันธุกรรมในต่างช่วงเวลา

นอกจากการแบ่งแยกประชากรอันเนื่องมาจากปัจจัยทางภูมิศาสตร์แล้ว ลักษณะทางชีววิทยาบางประการของประชากร เช่น การสืบพันธุ์ต่างช่วงเวลา หรือ การมีพฤติกรรมการวางไข่ที่จำเพาะต่อกลุ่ม อาจจำกัดการผสมพันธุ์ข้ามระหว่างประชากร (Reproductive Isolation) ตัวอย่างที่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มปลาที่สืบพันธุ์ต่างช่วงเวลา ได้แก่ ปลากลุ่ม Pacific Salmonids ซึ่งเป็นปลาที่เกิดในน้ำจืด และอพยพไปอาศัยในทะเล แล้วกลับมาวางไข่ในน้ำจืด (Anadromous Fish) ปลา Pink Salmon (*Oncorhynchus gorbuscha*) ที่อาศัยบริเวณ Auke Creek รัฐ Alaska ประเทศสหรัฐอเมริกา ประกอบด้วย ปลา 2 ประชากร ที่ความแตกต่างทางพันธุกรรม และมีช่วงเวลาการสืบพันธุ์ต่างกันอย่างชัดเจน คือ กลุ่มที่กลับมาวางไข่ในเดือนสิงหาคมและกลุ่มที่กลับมาวางไข่ในเดือนกันยายน (Smoker, Gharrett, & Stekoll, 1998; Gharrett, Lane, McGregor, & Taylor, 2001)

นอกจากนี้ การมีพฤติกรรมการดำรงชีวิตที่เฉพาะกลุ่ม อาจเอื้อให้มีความแตกต่างทางพันธุกรรม เช่น ในปลา Sockeye Salmon (*O. nerka*) ที่อาศัยบริเวณ Kurilskoye Lake ประเทศรัสเซีย Beacham, Varnavskaya, McIntosh, & MacConnachie (2006) ตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ Microsatellite DNA 14 ตำแหน่งระหว่างประชากร ที่วางไข่ภายในลำธาร (Tributary Spawning Ecotype) และ ที่วางไข่บริเวณชายฝั่งของทะเลสาบ (Beach Spawning Ecotype) ค่าสัมประสิทธิ์ความแตกต่างระหว่างกลุ่ม (F_{ST}) ระหว่างปลาทั้งสองกลุ่ม

เท่ากับ 0.011 ส่วน ในปลา Chinook Salmon (*O. tshawytscha*) บริเวณลุ่มแม่น้ำ Columbia ประเทศสหรัฐอเมริกา ซึ่งพบปลา 2 กลุ่ม ที่มีลักษณะการดำรงชีวิตต่างกัน คือ Ocean-Type ซึ่งปลาตัวเต็มวัยจะอพยพจากทะเลมาวางไข่บริเวณใกล้ปากแม่น้ำ ในช่วงฤดูใบไม้ร่วง ลูกปลาวัยอ่อนจะอาศัยในแม่น้ำเป็นช่วงเวลาสั้นก่อนที่จะอพยพลงสู่ทะเล และกลุ่ม Stream-Type จะอพยพจากทะเลไปวางไข่บริเวณต้นแม่น้ำ ในช่วงฤดูใบไม้ผลิ ลูกปลาวัยอ่อนจะอาศัยในแม่น้ำนานกว่ากลุ่ม Ocean Type ปลาทั้งสองกลุ่มมีความแตกต่างทางพันธุกรรม โดยค่า F_{ST} ระหว่างปลาทั้งสองกลุ่มเท่ากับ 0.42 โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม Microsatellite DNA ที่มีความหลากหลายสูงเพียงตำแหน่งเดียว (Narum, Powell, & Talbot, 2004)

การประเมิน Effective Population Size

Effective Population Size (Ne) เป็นค่าทางทฤษฎี ซึ่งแสดงถึง จำนวนสมาชิกของประชากรอุดมคติ (Ideal) ที่มีอัตราการเกิด Genetic Drift เท่ากับประชากรจริงที่สนใจ (Lowe et al., 2004) ค่า Ne สามารถคำนวณได้บางวิธีจากการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม (Wang, 2005) ปกติแล้วค่า Ne ที่ประเมินได้จะต่ำกว่าประชากรที่นับได้ (Census Size: N) เนื่องจากสัดส่วนเพศไม่เท่ากันของสัตว์ที่สืบพันธุ์ (Unequal Sex Ratio) ความแปรปรวนของจำนวนลูกในรุ่นถัดไปมีค่าสูง (Variance in Family Size) ความแตกต่างของจำนวนประชากรในแต่ละรุ่นอายุ (Fluctuation in Population Size) และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสมาชิกแต่ละตัว (Relatedness Between Individual) (Lowe et al., 2004)

Hauser, Adcock, Smith, Ramirez, & Carvalho (2002) ประเมินขนาด Ne ของปลา New Zealand Snapper (*Pagrus auratus*) บริเวณ Tasman Bay ประเทศ New Zealand โดยใช้ Microsatellite DNA 7 ตำแหน่ง ด้วยวิธี Temporal Method (การเปลี่ยนแปลงความถี่อัลลิลระหว่างรุ่น) และค่า Ne ลดลงจาก 1,152 (ปี 1950-1972) เป็น 117 (ปี 1972-1998) ซึ่งเป็นสัดส่วนกับ N ประมาณ 16.7×10^{-5} และ 1.8×10^{-5} ตามลำดับ นอกจากนั้น วงศ์ปฐม กมลรัตน์ และธนัญช์ สังกรธนกิจ(2547) ได้ประเมินค่า Ne ของประชากรปลาทิลาเปีย (*Oreochromis spp.*) บริเวณศูนย์วิจัยและทดสอบพันธุ์สัตว์น้ำเพชรบุรี โดยใช้ข้อมูล Linkage Disequilibrium ของ Microsatellite DNA 6 ตำแหน่ง ซึ่งค่า Ne มีค่าเท่ากับ 2.0802 และเมื่อคิดเป็นสัดส่วน Ne ต่อจำนวนสมาชิกของปลาในประชากรที่นับได้ (Ne/ N) มีค่าน้อยกว่า 0.004 ผู้วิจัยสันนิษฐานว่าอาจเกิดจากประชากรเริ่มต้นของปลาทิลาเปียกลุ่มนี้มีจำนวนไม่มาก (Founder Effect) หรือจากการลดลงของขนาดประชากรอย่างมากในชั่วขณะหนึ่ง (Bottleneck Effect)

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ในปัจจุบันมีความสนใจที่จะนำการประเมิน Ne มาใช้ในการจัดการประมงอยู่มาก (Peel, Ovenden, & Peel, 2004) เนื่องจากการประเมินขนาดประชากรสัตว์น้ำ (N) ในธรรมชาติทำได้ค่อนข้างยาก สัดส่วนของ Ne/ N มักมีค่าต่ำในประชากรธรรมชาติ โดยมีค่าตั้งแต่ 0.10-0.11 (Frankham, 1995) นักวิจัยยังพยายามหาความสัมพันธ์ระหว่างค่า Ne กับจำนวนสัตว์ที่มีอยู่จริงในธรรมชาติ

มหาวิทยาลัยบูรพา
Burapha University

ตารางที่ 3 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลบางชนิดในประเทศไทย

Taxonomic Group	Technique	Location	Number of loci	Percentage Polymorphism	Heterozygosity	Genetic Distance	Referance
Phylum Arthopoda							
Penaeus merguiensis	Allozyme	Chonburi Surat thani Satun	26	19.2	0.066±0.028	0.001-0.011	ศรีรัตน์ สอดศุข และพนม สอดศุข (2541)
P. merguiensis	Microsatellite DNA	Satun Trang Surat-Thani Songkla Trad	3	-	0.064-0.65	-	Wanna et al. (2004)
P. merguiensis	mtDNA	Satun Trang Surat-Thani Songkla Trad					Wanna et al. (2004)
P. monodon	Allozyme	Trad Surat thani Phuket Satun	46	13	0.03	0.004-0.005	ศรีรัตน์ สอดศุข (2539)
P. monodon	mtDNA	Chumphon Trad Phangnga Trang Satun	-	0.855[1]	3.328[2]	0.001-0.133	Klinbunga et al. (2001)
P. monodon	Microsatellite DNA	Chumphon Trad Phangnga Trang Satun	5	-	0.49-0.95	0.0012-0.0124[3]	Supungul et al. (2000)
Scylla	RAPD	Chanthaburi Trad	7	47.92-77.59	0.809-0.844[4]	0.425-0.757	Klinbunga et al. (2000)

1=Haplotype Diversity, 2=Nucleotide Diversity, 3=Genetic Differentiation, 4=Similarity Index และ 5=Allele Frequency

Burapha University มหาวิทยาลัยบูรพา

ตารางที่ 3 (ต่อ)

Taxonomic Group	Technique	Location	Number of loci	Percentage Polymorphism	Heterozygosity	Genetic Distance	Referance
Phylum Mollusca							
Crassostrea belcheri	Allozyme	Trad Chonburi Chumphon Suratthani Pattani	6	-	0.125 - 0.192	-	Day et al. (2000)
Crassostrea lugubris		Ranong Phangnga Krabi			0.409 - 0.492		
Haliotis asinina	Microsatellite DNA	Trang Samet island Cambodia	3	-	0.62 - 0.87	-	Tang et al. (2004)
Sepioteuthis lessoniana	Allozyme	Rayong (Thailand) Nagasaki (Japan)	22	45.45-50.00	23.11 - 27.84	0.0031	Pratoomchat et al. (1998)
Phylum Chrodata							
Rastrelliger neglectus	Allozyme	Prachumkririkunt SamutSongkarm Chonburi	4	A: 0.705-0.996[5] A_1: 0.004-0.066 Ao: 0.085-0.229 A': 0.030-0.081	-	-	รัตนา ผลธัญญา (2524)
Encrascholina heteroloba	Allozyme	Trad Rayong Chonburi	4	Es1: 0.096-0.144[5] Es2: 0.270-0.382 Es3: 0.410-0.439 Es4 :0.073-0.174	-	-	รัตนา ผลธัญญา (2539)

1=Haplotype Diversity, 2=Nucleotide Diversity, 3=Genetic Differentiation, 4=Similarity Index และ 5=Allele Frequency

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 4 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลาสกุล *Epinephelus*

Species	Technique	Location	Population	Loci	P	Heterozygosity(Ho)	F_{st}	D	Referance
Epinephelus merra	Allozyme	New Caledonia	3	13	56.5	0.065	(-0.02-0.002)	-	Planes et al. (1998)
E. coioides	Allozyme	Coast of Taiwan	1	27	18.5	0.0469	-	-	Shao-xiong et al. (2003)
E. coioides	Allozyme	Trang	4	23	-	0.046 (0.039-0.061)	-	0.00-0.108	วรวุฒิ เกิดปราง (2545)
E. guttatus	Allozyme	Puerto Rican	3	18	72.22-77.78	0.144 (0.125-0.170)	0.022	-	Ward et al. (2000)
E. marginatus	Allozyme	Mediterranean Sea	3	9	-	0.045 (0.026-0.059)	0.214	0.108-0.327	De Innocentiis et al. (2001)
E. multinotatus	Allozyme	Australia	6	13-16	-	-	0.012	-	Johnson et al. (1993)
E. merra	RAPD	Indonesia	3	10	85.7	-	-	0.273	Parenrengi et al. (2001)
E. coioides	MicrosatelliteDNA	Thailand, Indonesia	6	4	-	0.46 (0.36-0.55)	0.074	0.016-0.086	Antoro (2004)
E. polyphekadion	MicrosatelliteDNA	Central Pacific	6	3	-	0.805 (0.734-0.875)	0.006-0.013	0.022-0.123	Rhodes et al. (2003)
E. morio	MicrosatelliteDNA	Gulf of Maxico	4	4	-	0.678 (0.664-0.680)	0.0006	-	Zatcotf et al. (2004)
E. marginatus	MicrosatelliteDNA	Mediterranean Sea	7	7	-	0.620 (0.510-0.690)	-0.002	0.015-0.43	De Innocentiis et al. (2001)
E. striatus	MicrosatelliteDNA	Western Atlantic	4	2	-	-	0.007	-	Stevenson et al. (1998)
E. adscensionis	mtDNA	Tropical Atlantic	11	2	0.586 (1)	0.008 (3)	-	-	Carlin et al. (2003)
E. quernus	mtDNA	Hawaii	10	2	0.866-0.994 (2)	3.161-8.489 (3)	(-0.036-0.064)	-	Rivera et al. (2004)
E. marginatus	mtDNA	Mediterranean Sea	5	1	0.246 (1)	0.003	(-0.047-0.631)	-	Maggio et al. (2006)

1=Haplotype Diversity 2=Gene Diversity 3=Nucleotide Diversity P=Percent Polymorphic loci และ D=Genetic Distance

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University