

บทที่ 4

ผลการวิจัย

การวิเคราะห์ข้อมูลจีโนไทป์ของลูกปลาเก๋ที่รวบรวมในรอบปีจากจังหวัดตรัง 8 กลุ่มตัวอย่าง คือ JAS, JAL, APS, APL, JUM, JUL, NOS และ NOL และกลุ่มตัวอย่างจากจังหวัดจันทบุรี (CH) ได้ผลดังนี้

ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่าง

เครื่องหมายพันธุกรรมทั้ง 6 ตำแหน่ง (EM10, CA6, CA2, CA7, EM07 และ EM08) มีสภาวะหลายรูปแบบ (Polymorphic) ในอย่างน้อย 1 กลุ่มตัวอย่าง โดยมีจำนวนอัลลีลต่อตำแหน่งเท่ากับ 23, 13, 8, 6, 6 และ 5 อัลลีล ตามลำดับ (ตารางที่ 7 และ 8) มีอัลลีลเฉพาะ (Private Allele) 6 อัลลีล ปรากฏในกลุ่มตัวอย่าง CH, APS, JUM, JUL และ NOS จำนวน 1-2 อัลลีล (ตารางที่ 8) โดยความถี่ของอัลลีลเฉพาะส่วนใหญ่จะน้อยกว่า 0.05

Percent Polymorphic Loci (P) เฉลี่ยทุกตำแหน่งภายในแต่ละกลุ่มตัวอย่าง มีค่าตั้งแต่ 83.3% ในกลุ่มตัวอย่าง APL, JUL และ NOL ถึง 100% ในกลุ่มตัวอย่าง JAS, JAL, APS, JUM, NOS และ CH (ตารางที่ 7) จำนวนอัลลีลต่อตำแหน่ง (Allele per Locus, A) เฉลี่ยทุกตำแหน่งภายในแต่ละกลุ่มตัวอย่างมีค่าระหว่าง 6.3 ในกลุ่ม JUL และ 7.8 ในกลุ่มตัวอย่าง JAS และ APS (ตารางที่ 7) ค่า Allelic Richness (AR) เฉลี่ยทุกตำแหน่งภายในแต่ละกลุ่มตัวอย่างมีค่าตั้งแต่ 1.57 ในกลุ่มตัวอย่าง JUL ถึง 2.33 ในกลุ่มตัวอย่าง APS (ตารางที่ 7)

ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกต (Observed Heterozygosity, H_o) เฉลี่ยทุกตำแหน่งภายในแต่ละกลุ่มตัวอย่าง มีค่าตั้งแต่ 0.512 ในกลุ่มตัวอย่าง APL ถึง 0.629 ในกลุ่มตัวอย่าง CH ความถี่จีโนไทป์ของเครื่องหมายพันธุกรรมส่วนใหญ่ในกลุ่มตัวอย่าง เป็นไปตามสัดส่วนที่คาดหวังภายใต้สมมูล Hardy-Weinberg ยกเว้นที่ตำแหน่ง EM10 (7 กลุ่มตัวอย่างจาก 9 กลุ่มตัวอย่างที่รวบรวมจากจังหวัดตรัง) และ EM08 (JAS) ที่เบี่ยงเบนจากค่าคาดหวังภายใต้สมมูล Hardy-Weinberg ($p < 0.00092 = 0.05/54$, $k=54$, 9 Samplex6 Loci ปรับโดยวิธี Bonferroni Correction) โดยมีจำนวนโฮโมไซโกตมากกว่าที่คาดหมาย (Homozygote Excess: F_{is} มีค่าบวก) (ตารางที่ 7)

การทดสอบ Genotypic Disequilibrium ระหว่างตำแหน่งในแต่ละกลุ่มตัวอย่าง รวมทุกกลุ่มตัวอย่าง (รวมจันทบุรี) และเฉพาะกลุ่มตัวอย่างจากจังหวัดตรัง แสดงว่าจีโนไทป์ ที่ตำแหน่งหนึ่งเป็นอิสระจากจีโนไทป์ที่ตำแหน่งอื่นในโมเดลสหสัมพันธ์ที่เกือบทันทีที่ทำการทดสอบ

ยกเว้นคู่ของไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง EM07 กับ EM10 แสดงว่าตัวอย่างที่ทดสอบอาจประกอบด้วยกลุ่มตัวอย่างที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรม (ตารางที่ 9)

เนื่องจาก EM10 มีการเบี่ยงเบนจากสัดส่วนที่คาดหวังภายใต้สมมติ Hardy-Weinberg การรายงานความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่าง จึงจะรายงานผลที่ได้จากการวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรมทั้ง 6 ตำแหน่ง และ 5 ตำแหน่ง (ไม่รวมข้อมูลจีโนไทป์ของไมโครแซทเทลไลท์ EM10)

ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่าง และประเมินแนวโน้มการจัดกลุ่มตามความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม

การทดสอบ Exact Test และ F_{ST} แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่าง อย่างน้อย 1 คู่ การทดสอบอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.001$, Global Test of Exact Test; $F_{ST} = 0.026$, 95% CI = 0.007-0.066) เมื่อทำการจัดกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดตามความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม ด้วยวิธีการจัดกลุ่มทั้ง 6 วิธี พบว่า

1. ลูกปลาที่รวบรวมจากจังหวัดตรังมีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากลูกปลาจันทบุรี (ตารางที่ 10-13, ภาพที่ 2-4)
2. เมื่อจัดกลุ่มลูกปลาภายในจังหวัดตรังพบว่า รูปแบบของการจัดกลุ่มแตกต่างกันไปตามวิธีการวิเคราะห์แต่มีแนวโน้มว่า ลูกปลาที่รวบรวมในเดือนกรกฎาคมทั้ง 2 ขนาดมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับลูกปลาที่รวบรวมจากเดือนอื่น ๆ

การทดสอบ Genic and Genotypic Differentiation ด้วย Exact Test

เมื่อทดสอบ Genic and Genotypic Differentiation ระหว่างกลุ่มตัวอย่างภายในจังหวัดตรัง 36 คู่ พบว่า สามารถจัดกลุ่ม 2 รูปแบบ (ตารางที่ 10) ที่ให้ผลเหมือนกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง โดยกลุ่มแรก ประกอบด้วย JUM และ JUL และกลุ่มที่สอง ประกอบด้วย JAS, JAL, APS, APL, NOS และ NOL

เมื่อพิจารณาความแตกต่างของความถี่อัลลีลและความถี่จีโนไทป์ของไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่งพบว่า CA2 มีอิทธิพลต่อความแตกต่างระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่างมากที่สุด (18 คู่) และตำแหน่งที่มีอิทธิพลรองลงมาคือ EM10 (7 และ 2 คู่ เมื่อวิเคราะห์ด้วย Genic และ Genotypic ตามลำดับ) CA6, EM08 และ CA7 ซึ่งบ่งบอกความแตกต่างระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่าง (2, 1 และ 1 คู่ ตามลำดับ) (ตารางที่ 10)

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967)

ระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967) ของกลุ่มตัวอย่างในจังหวัดตรัง มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0105-0.1194 และ 0.0054-0.1786 เมื่อใช้เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง ตามลำดับ โดย JAL และ APL มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด ขณะที่ JUM กับ NOL มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด (ตารางที่ 11)

ค่า F_{ST}

ค่า Global F_{ST} แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่างอย่างน้อย 1 คู่ ($F_{ST}=0.026$; 95% CI=0.007-0.066) และเมื่อพิจารณาความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่างภายในจังหวัดตรัง เมื่อใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลท์ 6 ตำแหน่ง และ 5 ตำแหน่ง โดย ลูกปลากลุ่ม JUL มีความแตกต่างทางพันธุกรรม เกือบทุกกลุ่มตัวอย่าง ยกเว้น JAS, APS และ APL ส่วนลูกปลากลุ่มอื่นไม่สามารถบอกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้ จากค่า F_{ST} (ตารางที่ 12)

การจัดกลุ่มความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมโดยวิธี Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA)

เมื่อใช้ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967) จัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ โดยวิธี UPGMA พบว่า ลูกปลาภายในจังหวัดตรัง แบ่งได้ 2 กลุ่ม เมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง คือ (1) JUM และ JUL ซึ่งมี Bootstrap Value เท่ากับ 54.4 และ 65.7% ตามลำดับ และ (2) JAS, JAL, APS, APL, NOS และ NOL ซึ่งมี Bootstrap Value เท่ากับ 66.9 และ 66.6% ตามลำดับ (ภาพที่ 2)

การวิเคราะห์แบ่งส่วนหลายมิติ (Multidimension Scaling)

จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967) แสดงว่า ลูกปลาภายในจังหวัดตรังแบ่งได้เป็น 5 กลุ่ม เมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 6 ตำแหน่ง โดยมีค่า (Stress Value=0.0575) คือ (1) JUM และ JUL (2) JAL, NOS และ NOL (3) JAS (4) APS และ (5) APL ส่วนเมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 5 ตำแหน่ง แบ่งได้เป็น 6 กลุ่ม โดยมีค่า (Stress Value=0.0132) โดย JUM แยกกลุ่มกับ JUL คือ (1) JUM (2) JUL (3) JAL, APL และ NOL (4) JAS (5) APS และ (6) NOS (ภาพที่ 3)

การวิเคราะห์องค์ประกอบพื้นฐาน (Principle Component Analysis)

จากค่าความถี่ยัลลิสสามารถจัดกลุ่ม ลูกปลาภายในจังหวัดตรังได้เป็น 2 กลุ่ม โดยให้ผลเหมือนกันเมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง ดังนี้คือ (1) JUM และ JUL (2) JAS, JAL, APS, APL, NOS และ NOL ซึ่งสองแกนแรกสามารถอธิบายความแปรปรวนของ

ข้อมูล (% of Variance) ได้ 71.85% และ 62.91% ของความแปรปรวนทั้งหมด เมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง ตามลำดับ ความแตกต่างระหว่างกลุ่มที่อธิบาย โดยแกนแรกมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p=0.001$), % of Variance=46.43% และ 53.31% เมื่อวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง (ภาพที่ 4, ตารางที่ 13)

การเปรียบเทียบการจัดกลุ่มตามความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมเมื่อใช้เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง โดยการวิเคราะห์ 5 วิธี (Genic and Genotypic Differentiation, UPGMA, MDS และ PCA) ให้ผลตรงกันว่า ลูกปลาที่รวบรวมในเดือนกรกฎาคมทั้ง 2 ขนาดมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับลูกปลาที่รวบรวมจากเดือนอื่น ๆ และกลุ่มตัวอย่างจากเดือนอื่น มีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ไม่ชัดเจน โดยรูปแบบการจัดกลุ่มแตกต่างกันตามวิธีวิเคราะห์ ทั้งนี้ การจัดกลุ่มโดยใช้วิธี Genic and Genotypic Differentiation, UPGMA จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม และ PCA ให้ผลการวิเคราะห์เหมือนกันเมื่อวิเคราะห์เครื่องหมายพันธุกรรม 6 และ 5 ตำแหน่ง (ตารางที่ 13) ส่วนการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่าง (F_{ST}) ลูกปลากลุ่ม JUL มีความแตกต่างทางพันธุกรรมเกือบทุกกลุ่ม ส่วนลูกปลากลุ่มอื่น ไม่สามารถบอกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้จากค่า F_{ST} (ตารางที่ 13)

ตารางที่ 7 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซทเทลไลต์ 6 ตำแหน่ง ในกลุ่มตัวอย่างลูกปลาเก๋า *Epinephelus coioides* ที่รวบรวมภายใน 1 ปี ดัชนีแสดงความหลากหลาย ได้แก่ ขนาดของอัลลีล (R), Allelic Richness (AR), Percent Polymorphic Loci (P), จำนวนอัลลีลต่อตำแหน่ง (A), ค่า Expected Heterozygosity (He), ค่า Observed Heterozygosity (Ho), ค่า P-Value แสดงความเบี่ยงเบนของความถี่ในไทยจาก One-Tail Test ตามสัดส่วนที่คาดหวังภายใต้สมดุล Hardy-Weinberg (PHwe) Homozygote Excess และค่า Fixation Index (F_{IS})

		JA		AP		JU		NO		CH	Sum
		S	L	S	L	M	L	S	L		
CA2	n	40	40	36	40	40	33	38	38	45	350
	A	6	6	5	5	5	7	6	5	6	8
	R	254-266	254-268	254-268	254-268	254-264	250-268	254-266	254-268	254-268	
	AR	5.438	5.313	4.776	4.393	4.700	6.694	5.457	4.670	5.860	
	He	0.4091	0.5006	0.6211	0.4041	0.6416	0.7282	0.5945	0.5585	0.7570	
	Ho	0.4250	0.5500	0.5556	0.4750	0.6000	0.8485	0.7105	0.5283	0.6444	
	PHwe	0.0358	0.9188	0.3595	0.9591	0.1188	0.9345	0.9506	0.3927	0.0969	
	Fis	-0.0260	-0.0860	0.1190	-0.1630	0.0770	-0.0150	-0.1820	0.0710	0.1600	

ตารางที่ 7 (ต่อ)

		JA		AP		JU		NO		CH	Sum
		S	L	S	L	M	L	S	L		
CA6	n	40	40	40	40	40	33	40	38	41	352
	A	12	8	12	9	8	8	9	8	9	13
	R	274-308	274-308	274-314	274-308	274-308	274-314	274-312	274-308	274-314	
	AR	10.043	7.736	10.388	8.013	7.713	7.694	8.288	7.653	7.951	
	He	0.7819	0.7919	0.8053	0.7991	0.7881	0.7893	0.8047	0.7621	0.8016	
	Ho	0.8500	0.6750	0.9000	0.7000	0.9250	0.9697	0.7500	0.6053	0.8293	
	PHwe	0.2023	0.0559	0.5435	0.0842	0.9830	0.9987	0.1116	0.0068	0.4433	
	Fis	-0.0750	0.1600	-0.1050	0.1360	-0.1610	-0.2140	0.0810	0.3070	-0.0222	
EM07	n	38	39	37	36	38	33	38	39	41	339
	A	6	6	6	5	6	5	6	6	6	6
	R	162-168	162-168	162-168	162-167	162-168	162-167	162-168	162-168	162-168	
	AR	5.932	5.994	5.987	5.000	5.980	5.000	5.980	5.995	5.674	
	He	0.7690	0.7561	0.7768	0.7612	0.7590	0.7185	0.7819	0.7801	0.7698	
	Ho	0.8421	0.7692	0.9730	0.7500	0.8421	0.6970	0.8421	0.7949	0.8780	
	PHwe	0.9056	0.3752	1.0000	0.2676	0.8271	0.1128	0.8139	0.5366	0.9309	
	Fis	-0.0820	-0.0040	-0.2400	0.0290	-0.0960	0.0450	-0.0640	-0.0060	-0.1290	
CA7	n	40	40	39	39	36	31	39	39	43	346
	A	5	3	3	3	4	1	3	2	3	6
	R	210-228	216-222	210-220	216-222	216-228	220	216-228	220-222	218-222	
	AR	4.288	2.888	2.698	2.436	3.721	1.000	2.718	1.718	2.947	
	He	0.1650	0.1191	0.0983	0.0503	0.1570	0.0000	0.1654	0.0253	0.1528	
	Ho	0.1750	0.1250	0.1026	0.0513	0.1389	0.0000	0.1795	0.0256	0.1628	
	PHwe	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.2061	NA	1.0000	NA	1.0000	
	Fis	-0.0480	-0.0370	-0.0310	-0.0070	0.1290	NA	-0.0730	NA	-0.0540	
EM10	n	38	36	36	36	36	31	36	39	39	327
	A	15	16	16	19	18	15	17	14	15	23
	R	104-134	104-144	104-136	102-144	94-138	108-144	102-138	106-142	104-142	
	AR	14.056	15.032	15.401	17.982	17.010	14.492	15.956	13.193	13.677	
	He	0.9055	0.9039	0.9144	0.9136	0.9200	0.8699	0.9070	0.8836	0.8958	
	Ho	0.6316	0.7222	0.6667	0.6111	0.7429	0.4839	0.7500	0.6154	0.7949	
	PHwe	0.0000	0.0009	0.0000	0.0000	0.0137	0.0000	0.0018	0.0001	0.0298	
	Fis	0.3150	0.2150	0.2840	0.3440	0.1970	0.4570	0.1870	0.3150	0.1250	
EM08	n	33	39	28	37	33	28	36	35	41	310
	A	3	3	5	2	3	2	3	4	3	5
	R	204-208	200-208	200-212	206-208	200-208	206-208	200-208	200-208	204-208	
	AR	2.979	2.999	5.000	2.000	2.848	2.000	2.988	3.600	2.683	
	He	0.3962	0.5572	0.4668	0.4558	0.4890	0.3750	0.5413	0.5261	0.4310	
	Ho	0.2121	0.6154	0.3571	0.4865	0.3333	0.2857	0.5000	0.5429	0.4634	
	PHwe	0.0008	0.8051	0.0983	0.7486	0.0320	0.1897	0.3264	0.6358	0.7288	
	Fis	0.4770	-0.0920	0.2520	-0.0540	0.3320	0.2550	0.0900	-0.0170	-0.0630	

p-Value แสดงการเบี่ยงเบนจากสมมติ Hardy-Weinberg หลังจากปรับโดย Sequential Bonferroni Correction (Rice, 1989); $\alpha=0.00092=0.05/54$, $k=54$, 9 Samples x 6 Loci;

ค่า $PH_{we} < 0.00092$ ที่ขีดเส้นใต้แสดงถึง ความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ;

NA=ไม่มีข้อมูล

ตารางที่ 8 ความถี่อัลลีลที่ไม่โครโซมเทโลไลท์ 6 ตำแหน่ง ของกลุ่มตัวอย่างลูกปลาจากจังหวัดตรัง 3 ขนาด (S, M และ L) ที่รวบรวมในเดือนมกราคม (JA), เมษายน (AP), กรกฎาคม (JU) และพฤศจิกายน (NO) และลูกปลาจากจังหวัดจันทบุรี (CH)

		JA		AP		JU		NO		CH
		S	L	S	L	M	L	S	L	
CA2	n	40	40	36	40	40	33	38	38	45
	250	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0125	0.0000	0.0000	0.0000
	254	0.0250	0.0875	0.0972	0.0500	0.0750	0.0606	0.0658	0.0789	0.0889
	258	0.1625	0.1875	0.3194	0.1750	0.1250	0.0455	0.3289	0.2895	0.2333
	260	0.7500	0.6750	0.5139	0.7500	0.3000	0.3485	0.5395	0.5921	0.3667
	262	0.0250	0.0125	0.0556	0.0125	0.5000	0.3333	0.0132	0.0000	0.1889
	264	0.0125	0.0125	0.0000	0.0000	0.1125	0.1818	0.0395	0.0000	0.1000
	266	0.0250	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0132	0.0132	0.0000
	268	0.0000	0.0250	0.0139	0.0125	0.0000	0.0152	0.0000	0.0263	0.0222
CA6	n	40	40	40	40	40	33	40	38	41
	274	0.2125	0.2750	0.3250	0.2625	0.2750	0.3182	0.3000	0.3421	0.1341
	282	0.0125	0.0000	0.0125	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0122
	290	0.1750	0.2125	0.1750	0.2125	0.1375	0.1818	0.1875	0.2368	0.1951
	292	0.0125	0.0000	0.0125	0.0125	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0244
	296	0.0250	0.0250	0.0125	0.0250	0.0250	0.0000	0.0000	0.0000	0.0122
	298	0.0250	0.0000	0.1000	0.0125	0.0000	0.0000	0.0250	0.0132	0.0000
	300	0.3625	0.2625	0.2000	0.2500	0.2625	0.2273	0.2125	0.1447	0.3049
	302	0.0250	0.0625	0.0375	0.0875	0.0375	0.0606	0.1000	0.0263	0.1220
	304	0.0750	0.1125	0.0750	0.1250	0.2125	0.1364	0.1125	0.0921	0.1829
	306	0.0500	0.0250	0.0250	0.0000	0.0250	0.0455	0.0375	0.1053	0.0000
	308	0.0250	0.0250	0.0125	0.0125	0.0250	0.0152	0.0125	0.0395	0.0000
	312	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0125	0.0000	0.0000
	314	0.0000	0.0000	0.0125	0.0000	0.0000	0.0152	0.0000	0.0000	0.0122
EM07	n	38	39	37	36	38	33	38	39	41
	162	0.2895	0.2949	0.1351	0.1667	0.2763	0.1212	0.2763	0.2436	0.2073
	163	0.0658	0.0513	0.1216	0.0833	0.0921	0.0758	0.0526	0.1026	0.0122
	164	0.2105	0.1026	0.2973	0.3333	0.1316	0.2576	0.2237	0.1410	0.2317

ตารางที่ 8 (ต่อ)

		JA		AP		JU		NO		CH
		S	L	S	L	M	L	S	L	
	166	0.2895	0.3462	0.2973	0.2639	0.3553	0.4242	0.2500	0.3333	0.3049
	167	0.1184	0.1410	0.1081	0.1528	0.1053	0.1212	0.1579	0.1282	0.1951
	168	0.0263	0.0641	0.0405	0.0000	0.0395	0.0000	0.0395	0.0513	0.0498
CA7	n	40	40	39	39	36	31	39	39	43
	210	0.0125	0.0000	0.0128	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	216	0.0250	0.0250	0.0385	0.0128	0.0417	0.0000	0.0769	0.0000	0.0000
	218	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0465
	220	0.9125	0.9125	0.9487	0.9744	0.9167	1.0000	0.9103	0.9872	0.9186
	222	0.0125	0.0125	0.0000	0.0128	0.0278	0.0000	0.0000	0.0128	0.0349
	228	0.0375	0.0375	0.0000	0.0000	0.0139	0.0000	0.0128	0.0000	0.0000
EM10	n	38	36	36	36	36	31	36	39	39
	94	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0139	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	102	0.0000	0.0000	0.0000	0.0139	0.0000	0.0000	0.0278	0.0000	0.0000
	104	0.0263	0.0556	0.0278	0.0556	0.0278	0.0000	0.0417	0.0000	0.0897
	106	0.0132	0.0139	0.0139	0.0278	0.0556	0.0000	0.0556	0.0897	0.1401
	108	0.1053	0.1111	0.0556	0.0417	0.0833	0.0806	0.0833	0.0769	0.0385
	110	0.0658	0.0278	0.0972	0.1389	0.0972	0.0000	0.0694	0.0513	0.1026
	112	0.0921	0.0972	0.0694	0.0972	0.0694	0.0161	0.0694	0.0769	0.1538
	114	0.1579	0.0972	0.1667	0.0556	0.0833	0.2581	0.1528	0.2051	0.0385
	116	0.1184	0.1389	0.0694	0.0972	0.1250	0.1613	0.1667	0.0513	0.1154
	118	0.0921	0.0694	0.1667	0.1667	0.0833	0.0806	0.0556	0.1795	0.1026
	120	0.0921	0.1667	0.0694	0.0278	0.1250	0.0806	0.0972	0.0256	0.1154
	122	0.0526	0.0139	0.0556	0.0278	0.0833	0.0968	0.0139	0.0641	0.0128
	124	0.0132	0.0000	0.0278	0.0000	0.0278	0.0161	0.0000	0.0256	0.0256
	126	0.0132	0.0000	0.0278	0.0139	0.0278	0.0161	0.0139	0.0000	0.0000
	128	0.0395	0.0417	0.0833	0.0417	0.0278	0.0323	0.0694	0.0256	0.0128
	130	0.0921	0.0556	0.0833	0.0278	0.0139	0.0323	0.0139	0.1026	0.0000
	132	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0128
	134	0.0263	0.0417	0.0417	0.0694	0.0278	0.0000	0.0139	0.0128	0.0000

ตารางที่ 8 (ต่อ)

		JA		AP		JU		NO		CH
		S	L	S	L	M	L	S	L	
	136	0.0000	0.0417	0.0139	0.0278	0.0139	0.0323	0.0000	0.0000	0.0256
	140	0.0000	0.0000	0.0000	0.0278	0.0000	0.0645	0.0000	0.0000	0.0000
	142	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0128	0.0128
	144	0.0000	0.0139	0.0000	0.0278	0.0000	0.0161	0.0000	0.0000	0.0000
EM08	n	33	39	28	37	33	28	36	35	41
	194	0.0000	0.0641	0.0179	0.0000	0.0152	0.0000	0.0556	0.0143	0.0000
	198	0.0303	0.0000	0.0179	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0143	0.0122
	200	0.7424	0.4872	0.6786	0.6486	0.6061	0.7500	0.5417	0.5143	0.6951
	202	0.2273	0.4487	0.2679	0.3514	0.3788	0.2500	0.4028	0.4571	0.2927
	206	0.0000	0.0000	0.0179	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

ตารางที่ 9 Genotypic Disequilibrium ที่ไมโครแซเทลไลท์ 6 ตำแหน่ง

Locus Pair	Chi ²	df	p-Value	Locus Pair	Chi ²	df	p-Value
CA2 & CA6	16.719	18	0.543	CA2 & CA6	15.864	16	0.462
CA2 & EM07	10.915	18	0.898	CA2 & EM07	9.987	16	0.867
CA6 & EM07	11.42	18	0.876	CA6 & EM07	11.488	16	0.778
CA2 & CA7	17.328	16	0.365	CA2 & CA7	13.506	14	0.487
CA6 & CA7	13.499	16	0.636	CA6 & CA7	10.987	14	0.687
EM07 & CA7	14.716	16	0.546	EM07 & CA7	11.446	14	0.651
CA2 & EM10	18.175	18	0.444	CA2 & EM10	17.931	16	0.328
CA6 & EM10	10.069	18	0.930	CA6 & EM10	9.168	16	0.906
EM07 & EM10	Infinity	18	Highly Sign.	EM07 & EM10	Infinity	16	Highly Sign.
CA7 & EM10	9.013	16	0.913	CA7 & EM10	7.550	14	0.911
CA2 & EM08	9.447	18	0.948	CA2 & EM08	8.529	16	0.932
CA6 & EM08	13.711	18	0.748	CA6 & EM08	13.945	16	0.603
EM07 & EM08	14.288	18	0.710	EM07 & EM08	12.171	16	0.732
CA7 & EM08	13.389	16	0.644	CA7 & EM08	12.571	14	0.561
EM10 & EM08	17.02	18	0.522	EM10 & EM08	14.353	16	0.572

(A) จังหวัดตรัง และจันทบุรี

(B) จังหวัดตรัง

หลังจากปรับโดย Sequential Bonferroni Correction (Rice, 1989); $\alpha=0.00092$

เท่ากับ 0.05/ 54, k=54, 9 Simplex6 Loci)

ตารางที่ 10 ค่า p ของการทดสอบ Genic และ Genotypic Differentiation ด้วย Exact Test
ระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่างที่เครื่องหมายไมโครแซเทลไลท์ 6 และ 5 ตำแหน่ง

P value	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.0063								
APS	0.0959	0.0017							
APL	0.1116	0.0078	0.1476						
JUM	HS	HS	HS	HS					
JUL	HS	HS	HS	HS	0.0152				
NOS	0.0156	0.3679	0.1459	0.0100	HS	HS			
NOL	0.0028	0.0132	0.0520	0.0006*	HS	HS	0.0104		
CH	HS	HS	0.0000	HS	HS	HS	0.0000	HS	
CA2	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.2541								
APS	0.0056	0.1521							
APL	0.7096	0.8221	0.0262						
JUM	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000					
JUL	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2129				
NOS	0.0410	0.1414	0.3068	0.0219	0.0000	0.0000			
NOL	0.0379	0.5331	0.2930	0.1847	0.0000	0.0000	0.4117		
CH	0.0000	0.0000	0.0020	0.0000	0.0000	0.0047	0.0001	0.0000	
CA6	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.6076								
APS	0.3005	0.1337							
APL	0.2500	0.9528	0.1851						
JUM	0.2352	0.7404	0.0268	0.4510					
JUL	0.3267	0.9142	0.2751	0.6119	0.7269				
NOS	0.1880	0.7770	0.4386	0.7402	0.2385	0.9501			
NOL	0.0535	0.1634	0.1158	0.0130	0.0228	0.4650	0.2475		
CH	0.0166	0.0750	0.0001	0.4252	0.0488	0.0492	0.0254	0.0000	
CA7	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.3612								
APS	0.4085	0.2863							
APL	0.3553	0.7117	0.4870						
JUM	0.7485	0.7864	0.5055	0.3793					
JUL	0.2161	0.1728	0.2533	1.0000	0.1489				
NOS	0.2648	0.0928	0.4085	0.0898	0.4960	0.0363			
NOL	0.1198	0.3686	0.1835	1.0000	0.0932	1.0000	0.0166		
CH	0.0198	0.1130	0.0047	0.1328	0.0595	0.0691	0.0007	0.1721	

ตารางที่ 10 (ต่อ)

EM07	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.4503								
APS	0.2217	0.0091							
APL	0.2428	0.0021	0.5512						
JUM	0.7789	0.8584	0.1038	0.0183					
JUL	0.1182	0.0081	0.4375	0.3994	0.0710				
NOS	0.9634	0.3872	0.1866	0.2529	0.4367	0.0517			
NOL	0.7492	0.8135	0.2219	0.0388	0.9911	0.0782	0.5506		
CH	0.3029	0.1470	0.0451	0.0781	0.0714	0.0472	0.6243	0.1053	
EM08	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.0001								
APS	0.6341	0.0219							
APL	0.0906	0.0189	0.2275						
JUM	0.0544	0.2070	0.4294	0.6611					
JUL	0.6436	0.0021	0.7145	0.2559	0.1228				
NOS	0.0037	0.8328	0.1226	0.0788	0.4862	0.0224			
NOL	0.0059	0.3507	0.0992	0.1404	0.6552	0.0179	0.4184		
CH	0.5126	0.0020	0.5487	0.4981	0.3046	0.8164	0.0210	0.0523	
EM10	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.6737								
APS	0.8970	0.1297							
APL	0.0831	0.0620	0.6683						
JUM	0.7035	0.4086	0.6204	0.3137					
JUL	0.0548	0.0080	0.0022	0.0000	0.0192				
NOS	0.5573	0.4537	0.1539	0.0697	0.8397	0.0174			
NOL	0.2872	0.0003	0.2122	0.0026	0.0175	0.0006	0.0055		
CH	0.0004	0.0034	0.0004	0.0156	0.1526	0.0000	0.0370	0.0000	

$p < 0.0013$ = แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

$\alpha = 0.0013 = 0.05 / 36$ จำนวน Test จาก $k=9$; $9(9-1)/2$ ปรับโดย Sequential

Bonferroni Correction (Rice, 1989)

HS, Highly Significant = แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

* แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ เฉพาะ 6 ตำแหน่ง โดยการทดสอบ Genic

Differentiation

ตัวเลขที่ขีดเส้นใต้ แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ทั้ง 6 และ 5 ตำแหน่ง

ตารางที่ 11 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967)
ระหว่างกลุ่มตัวอย่าง โดยใช้ข้อมูลเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (A) และ (B)

	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS	-								
JAL	0.0220	-							
APS	0.0243	0.0235	-						
APL	0.0175	0.0105	0.0203	-					
JUM	0.0820	0.0777	0.0885	0.0903	-				
JUL	0.0673	0.0623	0.0708	0.0752	0.0148	-			
NOS	0.0233	0.0153	0.0219	0.0233	0.0863	0.0648	-		
NOL	0.0273	0.0157	0.0226	0.0241	0.1194	0.0928	0.0173	-	
CH	0.0475	0.0404	0.0407	0.0423	0.0435	0.0295	0.0415	0.0710	-

(A)

	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS	-								
JAL	0.0217	-							
APS	0.0318	0.0179	-						
APL	0.0178	0.0054	0.0172	-					
JUM	0.1145	0.1198	0.1201	0.1344	-				
JUL	0.0986	0.0926	0.0953	0.1063	0.0242	-			
NOS	0.0189	0.0228	0.0206	0.0277	0.1264	0.1008	-		
NOL	0.0308	0.0142	0.0229	0.0123	0.1786	0.1340	0.0293	-	
CH	0.0666	0.0470	0.0481	0.0633	0.0594	0.0347	0.0565	0.0712	-

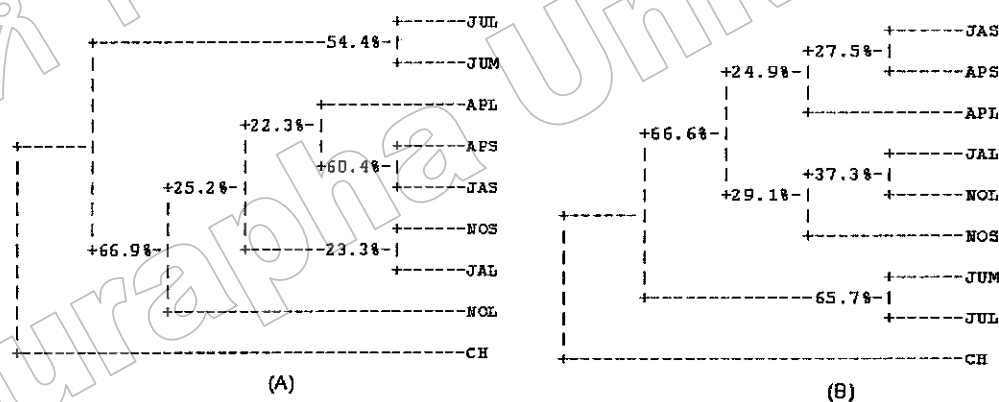
(B)

ตารางที่ 12 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่าง (F_{ST}) ระหว่างคู่กลุ่มตัวอย่างที่
เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 6 และ 5 ตำแหน่ง

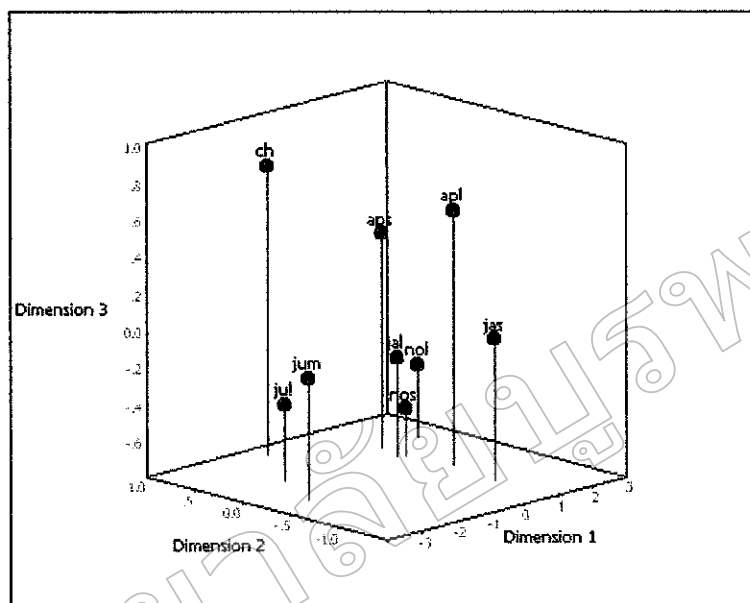
	JAS	JAL	APS	APL	JUM	JUL	NOS	NOL	CH
JAS									
JAL	0.012								
APS	0.012	<u>0.019</u>							
APL	0.004	0.012	0.005						
JUM	0.060	0.048	0.047*	0.064					
JUL	0.044	<u>0.052</u>	0.029	0.050	<u>0.012</u>				
NOS	0.015	0.000	0.003	0.010	0.045	<u>0.040</u>			
NOL	<u>0.024</u>	0.004	0.008	<u>0.008</u>	0.057	<u>0.048</u>	0.002		
CH	0.028	<u>0.029</u>	<u>0.016</u>	0.016	<u>0.021</u>	<u>0.024</u>	<u>0.016</u>	<u>0.037</u>	

ตัวเลขที่ขีดเส้นใต้ แตกต่างที่ 95% CI>0 ทั้ง 6 และ 5 ตำแหน่ง

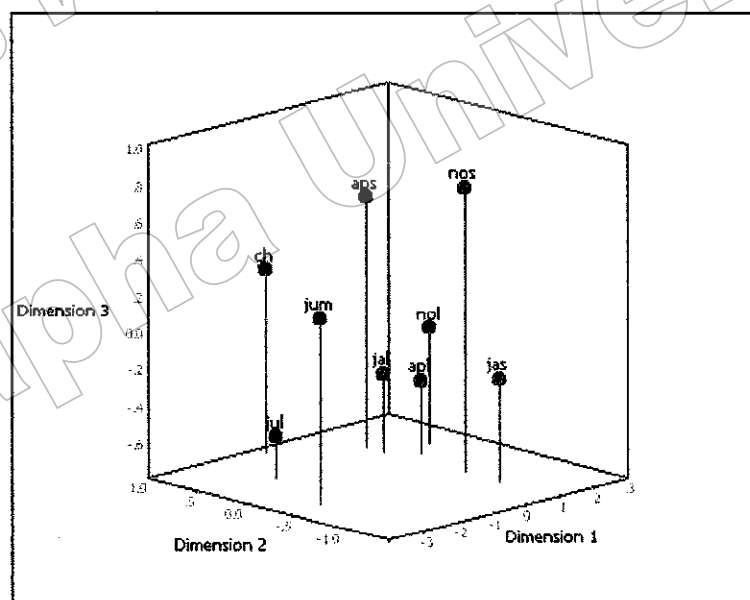
* แตกต่างที่ 95% CI>0 เฉพาะ 6 ตำแหน่ง



ภาพที่ 2 แผนผังแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมตามวิธี UPGMA จากค่าระยะห่าง
ทางพันธุกรรม Cavalli Sforza and Edwards Chord Distance (1967) โดยใช้ข้อมูล
เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (A) 6 ตำแหน่ง และ (B) 5 ตำแหน่ง

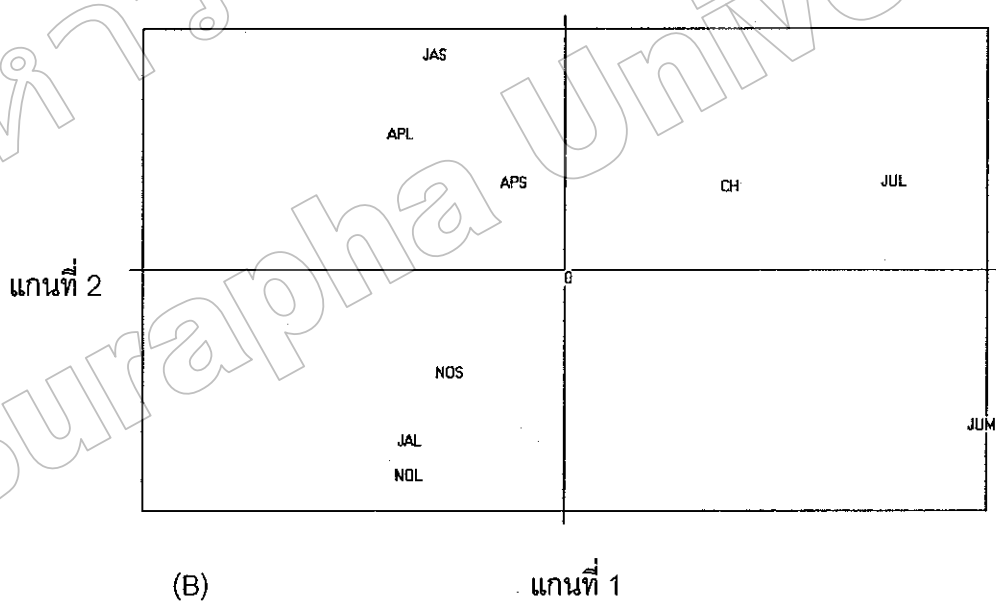
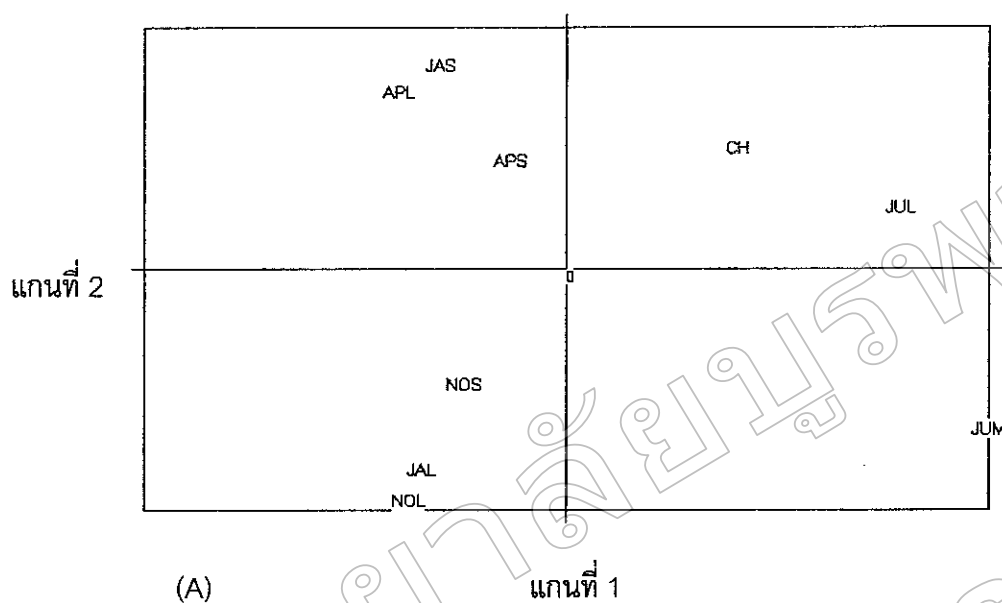


(A) Stress Value=0.0575



(B) Stress Value=0.0132

ภาพที่ 3 Multidimension Scaling Plot โดยใช้ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967) โดยใช้ข้อมูลเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (A) 6 ตำแหน่ง และ (B) 5 ตำแหน่ง Stress Value แสดงค่าความเชื่อมั่นของข้อมูล



ภาพที่ 4 Principle Component Analysis Plot ของตัวอย่างลูกปลาเก๋า แต่ละขนาด และแต่ละเดือน โดยใช้ข้อมูลเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (A) 6 ตำแหน่งโดย % of Variance ที่อธิบายโดยแกนที่ 1 และ 2 เป็น 46.43% ($p=0.001$) และ 16.48% ($p=0.955$) ตามลำดับ และ (B) 5 ตำแหน่ง โดย % of Variance ที่อธิบายโดยแกนที่ 1 และ 2

ตารางที่ 13 สรุปแนวโน้มการจัดกลุ่มตัวอย่างภายในจังหวัดตรงตามความคล้ายคลึง

โดยวิธี Genic Differentiation, Genotypic Differentiation, F_{st} pairwise (CI 95%>0), UPGMA จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967), Multidimension Scaling และ Principle Component Analysis โดยใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายพันธุกรรม 6 ตำแหน่ง (CA2, CA6, CA7, EM07, EM08 และ EM10) และ 5 ตำแหน่ง (CA2, CA6, CA7, EM07 และ EM08)

Method	6 ตำแหน่ง	5 ตำแหน่ง
Genic Differentiation	JUM, JUL	JUM, JUL
from Exact Test	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL
by Markov Chain Method		
Genotypic Differentiation	JUM, JUL	JUM, JUL
from Exact Test	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL
by Markov Chain Method		
F_{st} Pairwise (95% CI>0)	JAS, APS, APL, JUL JAS, JAL, APL, JUM, NOS JAS, APS, APL, JUM, NOS JAL, APL, JUM, NOS JAL, JUM, NOS, NOL APS, JUM, NOS, NOL	JAS, APS, APL, JUL JAS, JAL, APL, JUM, NOS JAL, APL, JUM, NOS JAL, JUM, NOS, NOL
UPGMA	JUM, JUL	JUM, JUL
Base on Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967)	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL	JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL
Multidimension Scaling	JUM, JUL	JUM
base on Cavalli-Sforza and Edwards Chord Distance (1967)	JAL, NOS, NOL JAS APS APL	JUL JAL, APL, NOL JAS APS NOS
Principle Component Analysis	JUM, JUL JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL	JUM, JUL JAS, JAL, APS, APL, NOS, NOL