บทที่ 5
อภิปรายและสรุปผล

เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซลเทลไลท์ที่นำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้ มีความหลากหลายเพียงพอที่จะอธิบายความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่าง และสามารถบ่งชี้ความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างของปลากะพงขาวในประเทศไทยได้ เมื่อเปรียบเทียบระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของเครื่องหมายที่ใช้ในการศึกษานี้ มีระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับการศึกษาอื่น (ตารางที่ 5-2)

แม้ว่าการศึกษานี้จะใช้เครื่องหมายไมโครแซลเทลไลท์เพียง 7 ตำแหน่งแต่ก็พบจำนวนอัลลิลทั้งหมด 63 อัลลิล (ค่าเฉลี่ยทุกตำแหน่ง A=5.86-8.43, A_r = 5.70-7.64, H_o= 0.68-0.79, H_e=0.65-0.75) ในขณะที่การศึกษาของ Zhu et al. (2006) พบจำนวนอัลลิลทั้งสิ้น 109 อัลลิล ที่ไมโครแซลเทลไลท์ 9 ตำแหน่ง (A= 8.0-9.6, H_o= 0.70-0.74, H_e=0.72-0.76 และ Yue et al. (2009) พบจำนวนอัลลิลทั้งสิ้น 210 อัลลิล ที่ไมโครแซลเทลไลท์ 14 ตำแหน่ง (A=3.57-10.57, = 3.57-8.50, H_o= 0.52-0.74, H_e=0.47-0.78) และแม้ว่าการศึกษานี้จะใช้เครื่องหมายพันธุกรรมส่วนใหญ่ที่ไม่เหมือนกับการศึกษาที่ผ่านมาแต่ก็มีการใช้เครื่องหมายซ้ำกัน 3-4 ตำแหน่ง (ตารางที่ 5-2) ซึ่งความแตกต่างของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ตำแหน่งเหล่านี้ระหว่างการศึกษาน่าจะสะท้อนถึงความหลากหลายที่แตกต่างกันของแหล่งเก็บตัวอย่าง

ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรปลากะพงขาว

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาวในธรรมชาติของการศึกษานี้ (A=7.90, A_r=7.21, H_o=0.75) มีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในภาพรวมโดยเฉพาะอย่างยิ่งค่าอัลลิลต่อตำแหน่ง (A) ต่ำกว่าปลากลุ่ม catadromous ชนิดอื่น ๆ เช่น ปลาไหลญี่ปุ่น (*A. japonica*) ซึ่งมีค่าเฉลี่ยอัลลิลต่อตำแหน่งอยู่ในช่วง 9.58-14.7 (Chang et al., 2007; Taeng et al., 2003; Tseng et al., 2001; ตารางที่ 2-2) และปลาตูหนา (*A. anguilla*) ซึ่งมีค่า A =16.6 (Daemen et al., 2001) ทั้งนี้อาจเป็นเพราะ 1) จุดเก็บตัวอย่างปลากะพงขาวในการศึกษานี้เก็บเฉพาะในบริเวณอ่าวไทยของประเทศไทย ในขณะที่ทั้ง 4 การศึกษาเก็บตัวอย่างในมหาสมุทรแอตแลนติก, ทะเลเมดิเตอร์เรเนียน และมหาสมุทรแปซิฟิก 2) ธรรมชาติการสืบพันธุ์ของปลากะพงขาวที่มีการเบี่ยงเบนของสัดส่วนเพศอาจทำให้ขนาดของประชากรที่มีศักยภาพทางพันธุกรรม (Effective population size, Ne) มีค่าต่ำกว่าที่ควรจะเป็น ซึ่งทำให้ประชากรปลากะพงขาวที่ได้รับอิทธิพลจากการขาดช่วงทางพันธุกรรม และ 3) ปริมาณการจับปลากะพงขาวในช่วงก่อนปี พ.ศ. 2545 มีค่ามากจนอาจทำให้ประชากรมีขนาดเล็กและเอื้อให้เกิดการขาดช่วงทางพันธุกรรม (ภาพที่ 5-1) ประกอบกับพื้นที่ป่าชายเลนใน

ประเทศไทยซึ่งเป็นที่อยู่อาศัยของปลาวัยอ่อนได้ลดลง ในปี 2504 พบว่ามีพื้นที่รวมทั้งสิ้น 2,299,375 ไร่ หรือร้อยละ 0.72 ของพื้นที่ประเทศไทย แต่ในระยะ 25 ปีต่อมาพื้นที่ป่าชายเลนได้ลดลงอย่างรวดเร็ว จากการสำรวจเมื่อ พ.ศ. 2529 ปรากฏว่ามีพื้นที่ป่าชายเลน 1,227,647 ไร่ หรือลดลงเกือบครึ่ง ต่อมาป่าชายเลนยังคงลดลงอย่างต่อเนื่องและมีแนวโน้มอัตราการบุกรุกเพิ่มมากขึ้น โดยในปี 2536 พื้นที่ป่าชายเลนคงเหลือเพียง 1,054,266 ไร่ หรือร้อยละ 0.33 และมีแนวโน้มลดลงเรื่อย ๆ มาถึงปัจจุบัน (http://www.mkh.in.th/index.php/2010-03-22-18-05-58/242)

ประชากรที่มีค่า Ne ต่ำ มีการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมอันเนื่องมาจากการขาดช่วงทางพันธุกรรมสูงกว่าประชากรที่มีค่า Ne สูง (Allendorf, 2006) ปัจจัยที่ทำให้ Ne มีค่าต่ำ ได้แก่ 1) การใช้พ่อแม่พันธุ์สัดส่วนเพศต่างกันในการเพาะพันธุ์ 2) ความผันแปรของขนาดครอบครัวปลา และ 3) การใช้พ่อแม่พันธุ์จำนวนไม่เท่ากันในแต่ละชั่วอายุ

นอกจากนี้ประชากรปลากะพงขาวยังน่าจะมีการเปลี่ยนแปลงขึ้นลงอย่างรวดเร็วเมื่อเทียบกับปลา catadromous ทั้งสองชนิด เนื่องจากปลากะพงขาวสามารถกินปลาที่มีขนาดเล็กรวมทั้งปลาวัยอ่อนของปลาชนิดเดียวกันเอง (Dhert et al., 1992) แม้ว่าสามารถผลิตไข่ได้ปริมาณมาก โดยปลากะพงขาวตัวเต็มวัย (5.5 ถึง 11 กิโลกรัม) สามารถผลิตไข่ได้ 2.1 ถึง 7.1 ล้านฟอง (Wongsomnuk & Maneewongsa 1976) ในขณะที่ปลาตูหนาและปลาไหลญี่ปุ่นจะสามารถผลิตไข่ได้ปริมาณมากเมื่อเทียบกับน้ำหนักตัว (3 ล้านฟองต่อน้ำหนักตัวที่ 1 กิโลกรัม; Coad 1995) แต่ปลาทั้งสองชนิดไม่ได้เป็นปลาที่กินปลาชนิดเดียวกันเอง โดยจะกินสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลัง หอย และครัสเตเซียนเป็นอาหาร (Sinha and Jones 1975; maitland 1977) ซึ่งการเปลี่ยนแปลงประชากรอย่างรวดเร็วเป็นปัจจัยหนึ่งที่ทำให้ Ne ลดลง (Allendorf & Luikart, 2006)

สำหรับปลากะพงขาวการเปลี่ยนเพศในลักษณะ Protandrous hermaphrodite (Moore, 1979; Moore & Reynolds, 1982) นั่นคือจากเพศผู้เป็นเพศเมีย เมื่อมีอายุและขนาดมากขึ้น (3-5 ปี และ น้ำหนัก 3.5-4 กิโลกรัม) แต่การเปลี่ยนเพศลักษณะนี้ไม่ได้เกิดกับปลาทุกตัวในฝูงจึงทำให้สัดส่วนเพศในประชากรจึงค่อนข้างเบี่ยงเบนจากสัดส่วน 1:1 โดยมีสัดส่วนเพศผู้ (3.8) มากกว่าเพศเมีย (1) (Moore, 1979) นอกจากนี้ปลาที่มีขนาดใหญ่ (เพศเมีย) อาจมีความเสี่ยงต่อการถูกจับด้วยเครื่องมือประมง ซึ่งทำให้สัดส่วนเพศเบี่ยงเบนยิ่งขึ้นไปอีก

เมื่อเปรียบเทียบความหลากหลายของเครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ ดีเอ็นเอ ในปลากะพงขาวจากธรรมชาติ การศึกษานี้กับความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาชนิดเดียวกันในการศึกษาที่ผ่านมา (ตารางที่ 5-1) พบว่า มีค่า H_o และ H_e ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Zhu et al. (2006) และ Yue et al. (2009) แต่ค่าเฉลี่ยอัลลิลต่อตำแหน่งต่ำกว่า Zhu et al. (2006) และ Yue et al. (2009) ทั้งนี้อาจเป็นผลมาจากจำนวนตัวอย่างที่มากกว่าในการศึกษาดังกล่าว อย่างไรก็ตามเมื่อ

เปรียบเทียบค่าอัลลิลต่อตำแหน่งที่มีการปรับขนาดของตัวอย่าง (Allelic richness; A_r) พบว่าค่าที่พบในกลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษานี้มีค่าสูงกว่าที่พบใน Yue et al. (2009) (ตารางที่ 5-1)

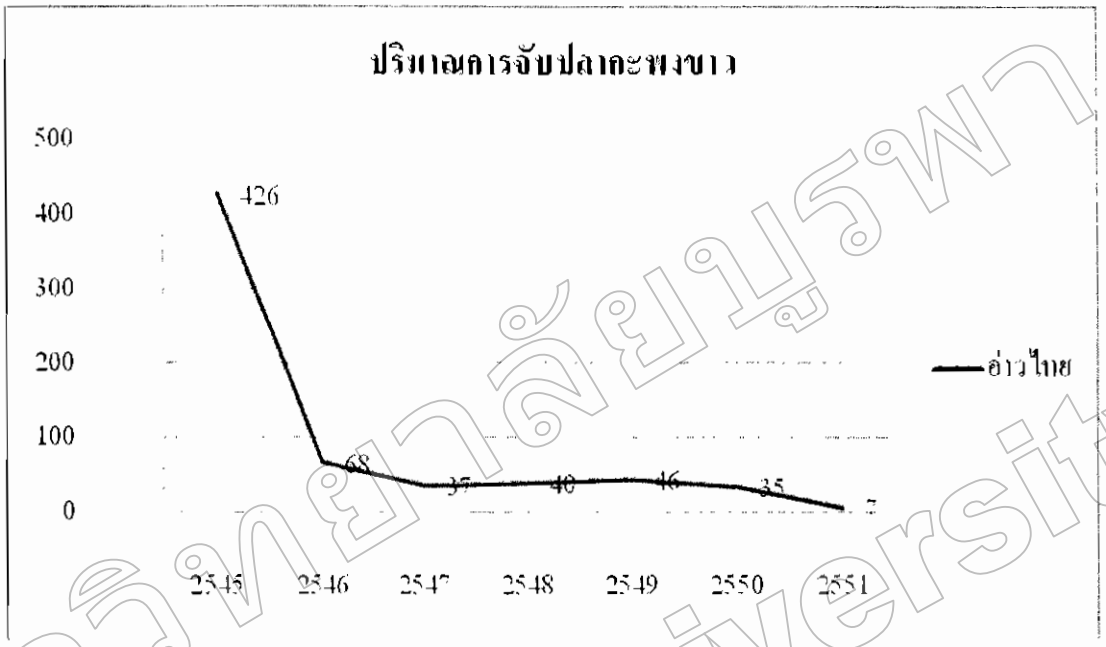
ในประชากรธรรมชาติตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้ (อ่าวไทย) มีค่าเฉลี่ย Allelic richness (A_r = 7.72) สูงกว่าค่าเฉลี่ยของตัวอย่างที่ศึกษาใน Yue et al. (2009) (มาเลเซีย, สิงคโปร์, ไทย และอินโดนีเซีย) (A_r = 5.33) ซึ่งเป็นไปตามความคาดหมาย เนื่องจากตัวอย่างจากประเทศไทย 1 ประชากร ที่ศึกษาโดย Yue et al. (2009) เป็นประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงสุด (A_r =8.50) อย่างไรก็ตาม เมื่อเปรียบเทียบเฉพาะเครื่องหมายที่ใช้ร่วมกันของทั้ง 2 การศึกษา รวม 3 ตำแหน่ง (*Lca74*, *LcaM21F* และ *Lca64*) ความหลากหลายทางพันธุกรรมของตัวอย่างในอ่าวไทยมีค่าน้อยกว่าตัวอย่างจากภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ซึ่งน่าจะสะท้อนถึงระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาชนิดนี้ในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ที่ยังคงสูงอยู่และสามารถเป็นต้นทุนที่สำคัญสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต

ตัวอย่างจากโรงเพาะฟัก บริเวณอ่าวไทย (การศึกษานี้) มีค่าเฉลี่ย Allelic richness (A_r=6.78) สูงกว่าค่าในการศึกษาของ Yue et al. (2009) ซึ่งใช้ตัวอย่างประชากรปลากะพงขาวผ่านการคัดพันธุ์มาแล้วอย่างน้อย 3 รุ่นในประชากรโรงเพาะฟักโดยเฉพาะออสเตรเลีย1-3 ส่วนประชากรโรงเพาะฟักไต้หวันก็ได้ใช้พ่อแม่พันธุ์ปลาที่นำเข้าจากประเทศไทยมานานแล้ว และโรงเพาะฟักของสิงคโปร์ก็ใช้ปลาที่นำเข้ามาจากไทยนานแล้วเช่นกัน (Yue et al. 2009)

ในการศึกษานี้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรโรงเพาะฟักส่วนใหญ่ไม่แตกต่างกับค่าที่วัดได้ในประชากรธรรมชาติ ทั้งนี้อาจเป็นผลมาจากโรงเพาะฟักในประเทศไทยมีการกระจายอยู่ทั่วประเทศไทยจึงมีการใช้ปลาในแหล่งน้ำท้องถิ่นบางส่วนมาเป็นพ่อแม่พันธุ์และมีระดับการแลกเปลี่ยนพ่อแม่พันธุ์/ ลูกพันธุ์ในวงกว้าง (นิพนธ์ เสนอินทร์, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) และการที่โรงเพาะฟักสามารถรักษาระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ดีในปัจจุบัน อาจเนื่องมาจากการใช้ประชากรตั้งต้นจำนวนมาก (เมื่อพิจารณาทั้งประเทศ) มาเป็นพ่อแม่พันธุ์ และมีการใช้พ่อแม่พันธ์บางแหล่งที่หลากหลาย ซึ่งการจัดการพันธุกรรมในลักษณะนี้เห็นได้จากปลาน้ำจืดหลายชนิดในประเทศไทย เช่น ปลากัด (Meejui, Sukmanomon, & Na-Nakorn, 2005) และปลาสวาย (ทักขิณา เหมยคำ และอุทัยรัตน์ ณ นคร, 2550) ที่ความหลากหลายทางพันธุกรรมของโรงเพาะฟักสูงกว่าประชากรธรรมชาติ (ตารางที่ 2-2) อย่างไรก็ตามผลการศึกษาครั้งนี้ขัดแย้งกับหลายการศึกษาที่พบว่าประชากรโรงเพาะฟักของสัตว์น้ำหลายชนิดมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำกว่าธรรมชาติ เนื่องจากใช้ประชากรตั้งต้นจำนวนน้อยและไม่มีการนำประชากรธรรมชาติเข้ามาเพิ่มเป็นพ่อแม่พันธุ์ เช่น ปลาแซลมอนแอตแลนติก (*Salmo salar*) (Norris et al., 1999) ปลา

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

Brycon oplinus (Barroso et al., 2005) หอยเชลล์ (*Patinopecten yessoensis*) (Li et al., 2007) และหอยเป๋าฮื้อ (*Haliotis discus*) (Li et al., 2004)



ภาพที่ 5-1 ปริมาณการจับปลากะพงขาวในทะเลอ่าวไทย ในปี พ.ศ. 2545-2551 (กรมประมง, 2551)

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 5-1 ค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซลเทลไลท์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว

แหล่ง		*Lca 74*	*Lca60*	*LcaM21F*	*Lca64*	*LcaM08F*	*LcaM32*	*Lc-m05*	เฉลี่ยเฉพาะตำแหน่งที่ซ้ำกัน	จำนวนตำแหน่ง	เฉลี่ยทุกตำแหน่งที่ทำการศึกษา	อ้างอิง
H(4) ชลบุรี, ระยอง 2 แหล่ง ,นครศรีธรรมราช (N=56, 30, 36,39)	A	4.75±0.50	6.50±1.29	7.00±0.00	5.00±0.82	3.00±0.00	10.25±0.96	12.5±2.22	6.97 (7) 4.90 (4)[1] 5.58 (3)[2]	7	6.97	การศึกษานี้
	A_r	4.75±0.50	6.27±1.35	6.89±0.13	4.87±0.73	3.00±0.00	9.80±0.96	11.82±2.25	6.83 (7) 4.88 (4)[1] 5.5 (3)[2]		6.83	
	H_o	0.60±0.14	0.70±0.10	0.94±0.05	0.64±0.05	0.46±0.15	0.91±0.06	0.87±0.12	0.73 (7) 0.66 (4)[1] 0.73 (3)[2]		0.73	
	H_e	0.71±0.01	0.69±0.09	0.82±0.01	0.69±0.06	0.42±0.10	0.86±0.02	0.85±0.09	0.72 (7) 0.66 (4)[1] 0.74 (3)[2]		0.72	

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 5-1 ค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซลเทลไลท์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว (ต่อ)

แหล่ง		*Lca 74*	*Lca60*	*LcaM21F*	*Lca64*	*LcaM08F*	*LcaM32*	*Lc-m05*	เฉลี่ยเฉพาะตำแหน่งที่ซ้ำกัน	จำนวนตำแหน่ง	เฉลี่ยทุกตำแหน่งที่ทำการศึกษา	อ้างอิง
W(3) จันทบุรี, ตราด , นครศรีฯ (N=65, 53, 66)	A	5.33±0.58	7.00±1.00	7.00±0.00	6.00±0.00	3.00±0.00	12.67±1.15	14.33±1.53	7.90 (7) 5.33 (4)[1] 6.11 (3)[2]	7	7.90	การศึกษานี้
	A_r	5.03±0.08	5.84±0.54	6.68±0.15	5.29±0.11	3.00±0.00	11.42±0.94	13.20±1.27	7.21 (7) 5.03 (4)[1] 5.67 (3)[2]		7.21	
	H_o	0.64±0.12	0.66±0.07	0.92±0.09	0.77±0.07	0.51±0.08	0.89±0.07	0.88±0.09	0.75 (7) 0.71 (4)[1] 0.78 (3)[2]		0.75	
	H_e	0.66±0.04	0.67±0.05	0.80±0.01	0.68±0.05	0.48±0.09	0.87±0.00	0.89±0.02	0.72 (7) 0.66 (4)[1] 0.71 (3)[2]		0.72	
H(2) สิงคโปร์ 2 (N=128, 82)	A	7.00±1.41	-	8.00±1.41	8.50±0.71	5.50±0.71	-	-	7.25	9	8.78	Zhu et al. (2006)
	H_o	0.57±0.05		0.83±0.00	0.67±0.08	0.66±0.00			0.68		0.72	
	H_e	0.58±0.07		0.80±0.01	0.73±0.01	0.69±0.78			0.70		0.74	

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 5-1 ค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซลเทลไลท์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว (ต่อ)

แหล่ง		*Lca 74*	*Lca60*	*LcaM21F*	*Lca64*	*LcaM08F*	*LcaM32*	*Lc-mi05*	เฉลี่ยเฉพาะตำแหน่งที่ซ้ำกัน	จำนวนตำแหน่ง	เฉลี่ยทุกตำแหน่งที่ทำการศึกษา	อ้างอิง
W(1) สิงคโปร์ (N=84)	A	8	-	7	9	3	-	-	6.75	9	8.2	Zhu et al. (2006)
	H_o	0.65		0.83	0.78	0.60			0.72		0.72	
	H_e	0.69		0.83	0.78	0.58			0.72		0.75	
H(5) ออสเตรเลีย 3 สิงคโปร์ ,ไต้หวัน (N=32, 26, 71,32,62)	A	3.2±1.79	-	5.6±2.07	6.8±1.79	-	-	-	5.20	14	5.57	Yue et al. (2009)
	A_r	5.50±1.89		6.52±1.80	3.18±1.78				4.60		4.6	
	H_o	0.43±0.38		0.71±0.19	0.73±0.18				0.53		0.61	
	H_e	0.44±0.27		0.66±0.08	0.72±0.08				0.60		0.61	
W(4) มาเลเซีย, สิงคโปร์, ไทย , อินโดนีเซีย (N=165, 104, 132, 148)	A	7.75±1.50	-	7±0.00	8.75±1.26	-	-	-	7.83		10.2	
	A_r	5.97±1.12		6.86±0.03	7.31±0.50				6.71		5.33	
	H_o	0.62±0.03		0.81±0.05	0.71±0.06				0.71		0.76	
	H_e	0.67±0.05		0.82±0.01	0.77±0.02				0.75		0.73	

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

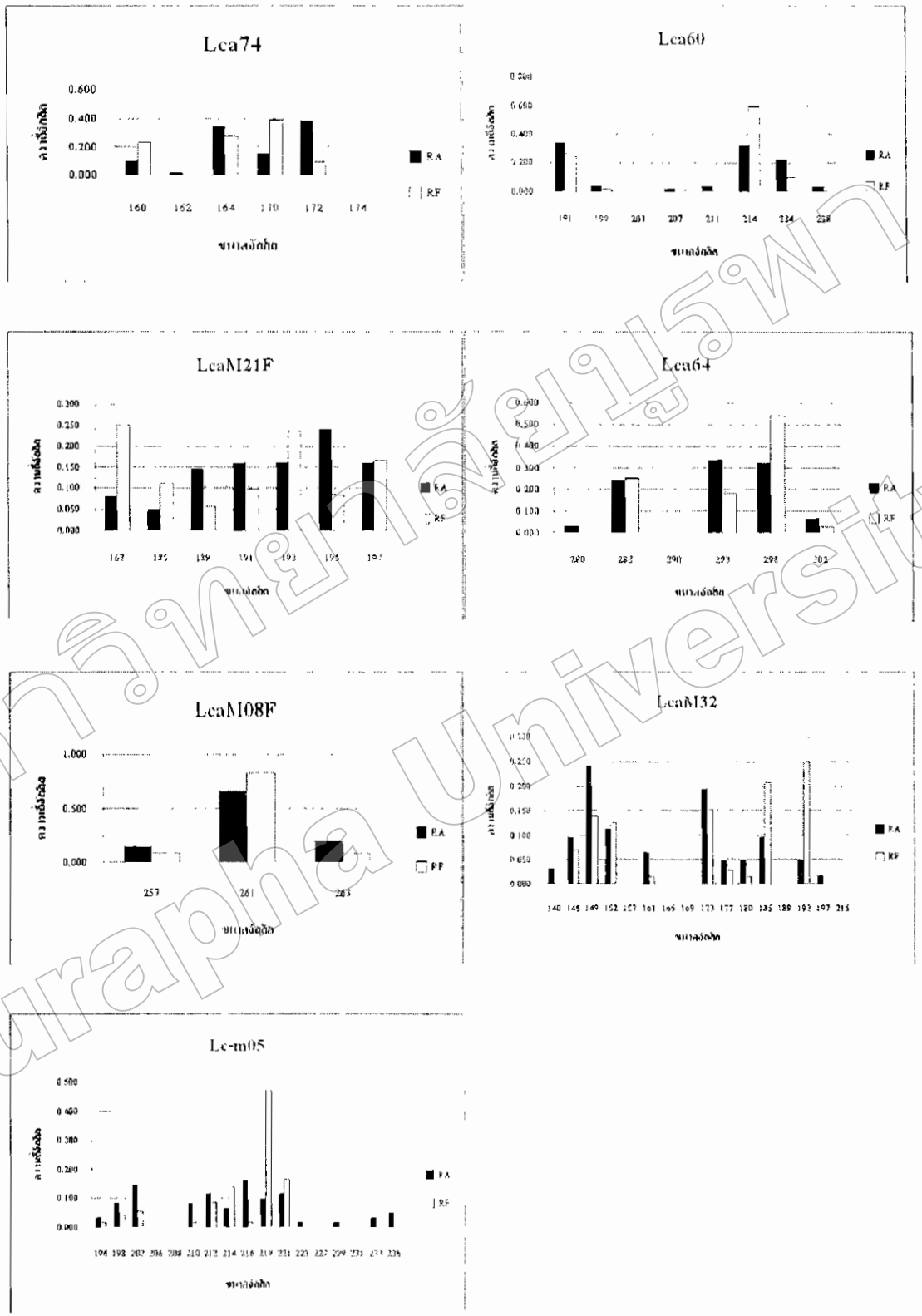
ตารางที่ 5-1 ค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซลเทลไลท์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว (ต่อ)

แหล่ง		*Lca 74*	*Lca60*	*LcaM21F*	*Lca64*	*LcaM08F*	*LcaM32*	*Lc-m05*	เฉลี่ยเฉพาะตำแหน่งที่ซ้ำกัน	จำนวนตำแหน่ง	เฉลี่ยทุกตำแหน่งที่ทำการศึกษา	อ้างอิง
ไทย (N=132)	A	10	-	7	9	-	-	-	8.67	14	10.71	Yue et al. (2009)
	A_e	7.60		6.84	7.81				7.42		8.50	
	H_o	0.61		0.74	0.70				0.68		8.50	
	H_e	0.74		0.81	0.77				0.77		0.73	

หมายเหตุ 4[1] ตำแหน่ง ที่เปรียบเทียบกับการศึกษา Zhu et al. (2006) ได้แก่ *Lca74*, *LcaM21F*, *Lca64* และ *LcaM08F*

3[2] ตำแหน่ง ที่เปรียบเทียบกับการศึกษา Yue et al. (2009) ได้แก่ *Lca74*, *LcaM21F* และ *Lca64*

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University



ภาพที่ 5-2 การกระจายและความถี่อัลลิลที่เครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ 7 ตำแหน่ง ของตัวอย่าง RA-H กับ RF-H

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

ตารางที่ 5-2 ขนาดของประชากรที่มีศักยภาพทางพันธุกรรม (Effective population Size; Ne) ของประชากรปลากะพงขาว

ประชากร	ค่าเฉลี่ย Ne	ความเชื่อมั่น 95%
CH-W	147.9	88.2-368.8
PN-W	37.3	30.8-46.0
TR-W	62.9	44.8-97.9
TT-H	74.5	51.7-121.9
NK-H	61.4	40.5-112.6
RA-H	69.9	41.0-184.3
RF-H	10.6	8.7-13.0

ประชากรโรงเพาะฟักในการศึกษานี้ที่มีแนวโน้มสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมเร็วกว่าประชากรอื่น ได้แก่ ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) ซึ่งเป็นปลารุ่นลูกที่โตเร็วของ ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) โดยพบว่าหลังจากการคัดพันธุ์เพียง 1 รุ่นมีการสูญหายของอัลลิลบางอัลลิลและมีการเปลี่ยนความถี่อัลลิลเกิดการสูญหายไปของบางอัลลิลและมีการเปลี่ยนแปลงความถี่อัลลิล (ภาพที่ 5-2) ซึ่งน่าจะเป็นผลของการขาดช่วงทางพันธุกรรม นอกจากนี้เมื่อประเมิน Ne โดยใช้ค่า Linkage Disequilibrium (Peel et al., 2004) ของประชากรปลากะพงขาวทุกประชากร พบว่า ศพช. ระยอง (รุ่นลูก) มีค่า Ne ที่ต่ำกว่า ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) มากกว่า 6 เท่า (ตารางที่5-2) และมีค่าต่ำที่สุดเมื่อเทียบกับประชากรอื่น ๆ ผลกระทบของการขาดช่วงทางพันธุกรรมจึงค่อนข้างรุนแรงในประชากรนี้

การลดลงของ Ne ใน ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) น่าจะเกิดจากวิธีการเพาะพันธุ์ปลากะพงขาวในโรงเพาะฟักที่มีการฉีดฮอร์โมนแล้วปล่อยให้พ่อแม่พันธุ์ผสมกันเอง ทำให้พ่อแม่พันธุ์ที่ปล่อยไปอาจไม่ได้รับการผสมทุกตัวและความยากของการแยกเพศ จึงทำให้การปล่อยปลาที่คาดว่าเป็นปลาต่างเพศในสัดส่วนพอ ๆ กันแต่แท้จริงแล้วอาจมีเพศผู้หรือเพศเมียในสัดส่วนที่ไม่เท่ากันก็ได้ สองปัจจัยนี้ทำให้ลูกที่ได้ไม่ได้เป็นตัวแทนของรุ่นพ่อแม่ Frost, Brad, and Jerry (2006) พบว่าลูกปลากะพงขาวที่ได้จากการผสมแบบกลุ่ม ตัวผู้ 7 ตัว และตัวเมีย 2 ตัว เกิดจากตัวผู้เพียง 2 ตัว และตัวเมียเพียง 1 ตัว เท่านั้น นอกจากนี้การคัดเลือกปลาบางตัวของรุ่นของศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงชายฝั่งระยอง อาจเป็นสัดส่วนที่น้อยเมื่อเทียบกับปลาทั้งรุ่น ข้อมูลในลักษณะนี้เป็นบทเรียนที่สำคัญในการคัดพันธุ์ปลากะพงขาวในอนาคต ที่ต้องให้ความสำคัญกับลักษณะการผสมพันธุ์ที่จะรักษาความ

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

หลากหลายทางพันธุกรรมในพ่อแม่พันธุ์รุ่นถัดไป ทั้งนี้การประยุกต์ใช้เครื่องหมายพันธุกรรมในการติดตามครอบครัวน่าจะเป็นวิธีหนึ่งในการแก้ปัญหาดังกล่าว

ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

กลุ่มตัวอย่างของปลากะพงขาวจากธรรมชาติที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ มีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เห็นชัดเจน โดยกลุ่มตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนบนคือตราดและจันทบุรี มีความใกล้เคียงกันและแตกต่างจากกลุ่มตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนล่างคือนครศรีธรรมราชโครงสร้างดังกล่าวคล้ายกับปรากฏการณ์ที่พบในสัตว์ทะเลชนิดอื่นในอ่าวไทย เช่น กุ้งแชบ๊วย (*Penaeus merguiensis*; ศรีรัตน์ สอดศุข และพนม กระจ่างพจน์ สอดศุข, 2541; Wanna et al., 2004) ที่มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนบน (จังหวัดตราด) อ่าวไทยตอนล่าง (จังหวัดสุราษฎร์ธานีและจังหวัดสงขลา) และทะเลอันดามัน (จังหวัดตรังและสตูล) เนื่องจากระยะทาง และภูมิศาสตร์ของประเทศไทยที่กั้นระหว่างทะเลอ่าวไทยกับทะเลอันดามัน ทั้งนี้โครงสร้างทางพันธุกรรมของปลากะพงขาวน่าจะเกิดจากรูปแบบการพัดพาตัวอ่อนซึ่งมีลักษณะล่องลอยไปตามกระแสน้ำโดยมวลน้ำที่ต่างกัน โดยแบ่งเป็นอ่าวไทยตอนบนและอ่าวไทยตอนล่าง ในช่วงฤดูวางไข่ของปลากะพงขาวอยู่ในเดือนเมษายนถึงสิงหาคม (Kungvankij et al. 1985) ซึ่งอยู่ในช่วงลมมรสุมตะวันตกเฉียงใต้ (พฤษภาคมถึงตุลาคม) (Cameriengo & Demmler, 1997)

กลุ่มตัวอย่างโรงเพาะฟักที่ศึกษามีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมเกือบทุกคู่ตัวอย่างซึ่งสะท้อนถึงความมีเอกลักษณ์ทางพันธุกรรม ผลการศึกษานี้ขัดแย้งกับความเชื่อที่ว่าพันธุกรรมของพ่อแม่ปลากะพงขาวส่วนใหญ่ของประเทศไทยมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม การที่ปลากะพงขาวมีความแตกต่างทางพันธุกรรมนับว่าเป็นสิ่งที่ดี เพราะปลาแต่ละแหล่งอาจมีการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมเฉพาะถิ่น (Allendorf, 1986) ซึ่งเป็นผลดีต่อการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมเพาะเลี้ยงในแต่ละท้องถิ่น นอกจากนี้นักวิชาการปรับปรุงพันธุ์ยังจะสามารถใช้สายพันธุ์ที่หลากหลายมาผสมข้ามกันได้ในอนาคต

ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษานี้ที่มีการคล้ายกันทางพันธุกรรมคือพ่อแม่พันธุ์ของ ศพช. นครศรีธรรมราช กับ ฟาร์มทะเลทอง เนื่องจาก ศพช.นครศรีธรรมราช ได้ใช้พ่อแม่พันธุ์จากเกษตรกรที่เลี้ยงปลากะพงขาวเป็นปลาเนื้อ ซึ่งรับลูกพันธุ์ปลามาจากจังหวัดฉะเชิงเทรา (ก่อเกียรติ กูลแก้ว, ศพช. นครศรีธรรมราช, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) ส่วนฟาร์มทะเลทอง ได้ใช้พ่อแม่พันธุ์มาจากจังหวัดฉะเชิงเทรา เช่นกัน (ฟาร์มทะเลทอง, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) ในขณะที่พ่อแม่พันธุ์ของ ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) และ ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) ที่ต่างจากประชากรอื่นเป็นผลมาจากการใช้

ประชากรตั้งต้นจากหลายแหล่งมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ (นิพนธ์ เสนอินทร์, ศพช.ระยอง, ติดต่อเป็นการส่วนตัว)

กลุ่มตัวอย่างโรงเพาะฟักส่วนใหญ่ที่ศึกษามีความคล้ายทางพันธุกรรมกับกลุ่มตัวอย่างธรรมชาติภาคตะวันออก (ตราดและจันทบุรี) โดยเฉพาะอย่างยิ่งประชากร ศพช.นครศรีธรรมราช (ภาคใต้) ที่มีความคล้ายกันทางพันธุกรรมระหว่างตราดและจันทบุรี ความคล้ายทางพันธุกรรมน่าจะเกิดจากการใช้พ่อแม่พันธ์ที่มีต้นกำเนิดทางภาคตะวันออก โดย ศพช. นครศรีธรรมราชได้ใช้พ่อแม่พันธุ์แหล่งเลี้ยงในจังหวัดฉะเชิงเทรา (ก่อเกียรติ กูลแก้ว, ศพช. นครศรีธรรมราช, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) ซึ่งมักซื้อลูกพันธุ์จากโรงเพาะฟักภาคตะวันออกและเป็นไปได้ที่โรงเพาะฟักจังหวัดฉะเชิงเทราได้ใช้พ่อแม่พันธุ์ปลากะพงขาวที่มีต้นกำเนิดจากประชากรธรรมชาติ ส่วนประชากรจันทบุรี มีความคล้ายกันทางพันธุกรรมระหว่างฟาร์มทะเลทองและ ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) เนื่องจากฟาร์มทะเลทองได้ใช้ประชากรบางส่วนจากธรรมชาติภาคตะวันออกมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ (ฟาร์มทะเลทอง, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) และประชากร ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) ก็ได้ใช้ประชากรบางส่วนจากธรรมชาติภาคตะวันออกมาเป็นพ่อแม่พันธุ์เช่นกัน (นิพนธ์ เสนอินทร์, ศพช.ระยอง, ติดต่อเป็นการส่วนตัว) ดังนั้นประชากรธรรมชาติภาคตะวันออกน่าจะเป็นองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่สำคัญของประชากรโรงเพาะฟักโดยเฉพาะเอกลักษณ์โรงเพาะฟักที่อยู่บริเวณภาคตะวันออก

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของ ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) จากกลุ่มตัวอย่างอื่น ๆ แม้แต่ ศพช.ระยอง (รุ่นพ่อแม่) น่าจะเป็นผลมาจากการขาดช่วงทางพันธุกรรมที่เปลี่ยนความถี่อัลลิลในรุ่นลูก (ภาพที่ 5-2) ความแตกต่างลักษณะนี้พบเห็นได้บ้างในสัตว์น้ำชนิดอื่น เช่น ปลา softmouth trout (*Salmo obtusirostris*) ซึ่งมีการเคลื่อนย้ายสัตว์บางส่วนจากแหล่งที่อยู่เดิม ไปยังที่อยู่ใหม่ ทำให้ปลากลุ่มใหม่สูญเสียบางอัลลิล และมีความถี่อัลลิลที่เปลี่ยนไป จนทำให้ปลา 2 กลุ่มมีความแตกต่างทางพันธุกรรม หลังจากการย้ายเพียงไม่กี่รุ่น (Snoj et al., 2007)

ถ้าหากมีการใช้ประชากร ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) มาเป็นพ่อแม่พันธุ์ก็ควรพิจารณาต่อไป อย่างไรก็ตามจากข้อมูลของประชากร ศพช.ระยอง (รุ่นลูก) สะท้อนให้เห็นถึงความสำคัญของการติดตามความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของสมาชิกในรุ่นลูก การคัดพันธุ์จึงควรให้ความสำคัญต่อการจัดการให้สัตว์ในรุ่นลูกเป็นตัวแทนความหลากหลายทางพันธุกรรมในรุ่นพ่อแม่

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

สรุปผลการวิจัย

จากผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาว ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรมไมโครแซทเทลไลท์ ดีเอ็นเอ สรุปได้ดังนี้

1. ความหลากหลายภายในประชากรปลากะพงขาวจากโรงเพาะฟัก และจากธรรมชาติไม่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม

2. ปลากะพงขาวรุ่นลูกของโรงเพาะฟักของศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงชายฝั่ง จ.ระยอง รุ่นลูก (RF-H) มีแนวโน้มที่จะสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมได้เร็ว ซึ่งน่าจะสะท้อนให้เห็นผลจากการขาดหายทางพันธุกรรมจากการจัดการผสมพันธุ์ที่อาจยังไม่เหมะสมทำให้ความหลากหลายลดลงอย่างมากรวดเร็ว หลังจากการคัดพันธุ์เพียง 1 รุ่น

3. ประชากรโรงเพาะฟักส่วนใหญ่มีความคล้ายทางพันธุกรรมกับตัวอย่าง CH-W (ประชากรธรรมชาติจันทบุรี) ซึ่งแสดงให้เห็นว่าประชากรธรรมชาติภาคตะวันออก เป็นองค์ประกอบที่สำคัญสำหรับประชากรโรงเพาะฟักเหล่านี้

4. ประชากรปลากะพงขาวจากอ่าวไทยตอนบนมีความแตกต่างจากกลุ่มตัวอย่างจากอ่าวไทยตอนล่าง

5. ประชากรโรงเพาะฟักที่ศึกษามีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมระหว่างประชากรเกือบทุกคู่ตัวอย่างซึ่งสะท้อนถึงความมีเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของพ่อแม่พันธุ์ที่ใช้ในปัจจุบัน

ข้อเสนอแนะ

1. ปลากะพงขาวจากอ่าวไทยตอนบนมีความแตกต่างจากอ่าวไทยตอนล่าง ซึ่งถือว่าเป็นประโยชน์สำหรับการเพาะเลี้ยงในอนาคต เพราะเป็นแหล่งสายพันธุ์ที่หลากหลายสามารถนำมาพัฒนาสายพันธุ์ได้ (เนื่องจากเป็นการปรับตัวตามธรรมชาติให้เข้ากับสภาพแวดล้อมแต่ละท้องถิ่นนั้น ๆ แล้ว)

2. ควรมีการศึกษากลุ่มตัวอย่างธรรมชาติจากอ่าวไทยตอนล่างและฝั่งทะเลอันดามันเพิ่มเติมเพื่อตรวจสอบเอกลักษณ์ของประชากรเหล่านี้

3. ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้อาจมีส่วนในการช่วยกรมประมงเพื่อเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรโรงเพาะฟักที่ความหลากหลายของประชากรต่ำมาก จนอาจทำให้เกิดการถดถอยลักษณะต่าง ๆ โดยอาจใช้ปลาจากโรงเพาะอื่นที่มีความหลากหลายสูงกว่าหรือจากธรรมชาติท้องถิ่นเข้ามาช่วยในการผสม อย่างไรก็ตามการผสมข้ามควรคำนึงถึง เอกลักษณ์ของประชากรโดยอาจเริ่มจากการผสมปลาที่มีลักษณะทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันเพื่อหลีกเลี่ยงปัญหาของการเกิด outbreeding depredation (Halleman, 2003)

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University

4. อาจช่วยในการพัฒนาประชากรฐานสำหรับปรับปรุงพันธุ์ปลากะพงขาวในประเทศไทย

5. อาจใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายในการติดตามแหล่งพ่อแม่พันธุ์ที่ส่งออกนอกประเทศอื่น หรือนำเข้ามาจากประเทศอื่น

6. ในการปล่อยลูกปลากะพงขาวเพื่อเพิ่มปริมาณปลาที่มีการกระทำกันทุกปี ควรที่จะใช้ลูกพันธุ์ที่เพาะฟักจากพ่อแม่พันธุ์จากแหล่งเดียวกัน เพื่ออนุรักษ์เอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของประชากรท้องถิ่นนั้น ๆ ไว้

มหาวิทยาลัยบูรพา Burapha University