

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การวิเคราะห์พันธุกรรมประชากรต้นกำเนิดของปลาทุที่ถูกรวบบริเวณอ่าวไทย

Genetic Analysis of Identified Populations of Short Mackerel
(*Rastrelliger brachysoma*) Caught in the Gulf of Thailand

โดย

นางสาวสิริธร กิ่งแสง

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อขอความสมบูรณ์แห่งปริญญาปรัชญาดุษฎีบัณฑิต (พันธุศาสตร์)
พ.ศ. 2564

สิริธร กิ่งแสง 2564: การวิเคราะห์พันธุกรรมประชากรต้นกำเนิดของปลาทุที่ถูกจับบริเวณ
อ่าวไทย ปริญญาปรัชญาดุษฎีบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาพันธุศาสตร์ ภาควิชา
พันธุศาสตร์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์อัศวพงษ์ สวัสดิพงษ์, Ph.D. 82
หน้า

ปลาทุเป็นปลาทะเลที่มีความสำคัญยิ่งทางเศรษฐกิจของไทย การทำประมงที่มากเกินไป
จึงนำไปสู่การใช้ประโยชน์ทรัพยากรที่มากเกินไปกำลังผลิตทางธรรมชาติ ส่งผลให้ปลาทุที่มีปริมาณ
ลดลงอย่างรวดเร็ว การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรปลาทุจากแหล่ง
แพร่ขยายพันธุ์ในอ่าวไทย โดยสุ่มตัวอย่างในปี พ.ศ.2554–2561 จากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ 8 แหล่ง
ใน 4 ประเทศ ประกอบด้วย บริเวณชายฝั่งทะเลประเทศไทย 5 แหล่ง คือ ตราด สมุทรสงคราม
ประจวบคีรีขันธ์ สุราษฎร์ธานี และปัตตานี และอีก 3 แหล่งจากบริเวณชายฝั่งทะเลประเทศกัมพูชา
เวียดนาม และมาเลเซีย และศึกษาสัดส่วนปลาทุจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมงบริเวณ
อ่าวไทย โดยใช้การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง หรือ mixed-stock analysis (MSA)
ในปลาทุตัวเต็มวัย 1,675 ตัว ซึ่งสุ่มมาจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน อ่าวไทย
ฝั่งตะวันออก อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง ระหว่างเดือนมกราคม-
ธันวาคม พ.ศ.2557 เทียบกับปลาทุประชากรอ้างอิงจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ข้างต้น โดยใช้ข้อมูล
พันธุกรรมจากเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง ผลการวิเคราะห์แสดงให้เห็นว่า
ประชากรปลาทุจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ทั้ง 8 แหล่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมอยู่ใน
ระดับค่อนข้างสูง และผล MSA ระบุว่าปลาทุในผลผลิตจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่งมีที่มา
จากประชากรต้นกำเนิดที่ต่างกัน จากผลผลิตในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน
ปลาทุมากกว่าครึ่งหนึ่ง (52.71%) มาจากประชากรสมุทรสงคราม ในขณะที่แหล่งทำการประมง
บริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง ปลาทุส่วนใหญ่มาจากประชากรสุราษฎร์ธานี (46.23%) ส่วน
ผลผลิตจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก และอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน พบว่า
ปลาทุส่วนใหญ่มาจากประชากรมาเลเซีย (43.04%) และกัมพูชา (50.04%) ตามลำดับ โดย
ประชากรปลาทุที่ศึกษามีส่วนร่วมในผลผลิตประมงอย่างมีนัยสำคัญ ยกเว้นประชากร
ประจวบคีรีขันธ์ที่ไม่พบการมีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4
แหล่ง ข้อมูลที่ได้นี้สามารถนำไปใช้สำหรับการอนุรักษ์ และบริหารจัดการการทำประมงปลาทุอย่าง
ยั่งยืน

Sirithorn Kongseng 2021: Genetic Analysis of Identified Populations of Short Mackerel (*Rastrelliger brachysoma*) Caught in the Gulf of Thailand. Doctor of Philosophy (Genetics), Major Field: Genetics, Department of Genetics. Thesis Advisor: Mr. Akarapong Swatdipong, Ph.D. 82 pages.

Short mackerel is one of the high commercially important marine fishes in Thailand. Overfishing leads to exceeding natural production capacity, resulting in a rapid decline of short mackerel resource. Thus the objectives of this research were to study population genetics of short mackerel from major spawning grounds in the Gulf of Thailand (GoT). The short mackerel was sampled between 2011 and 2018 from eight spawning grounds in four countries. These included five Thai coastal areas: Trat, Samut Songkhram, Prachuap Khiri Khan, Surat Thani and Pattani, and three coastal areas in Cambodia, Viet Nam and Malaysia. And contribution from each population in fishery catches in the GoT was determined using mixed-stock analysis (MSA) on 1,675 adult mackerel samples that were from four major fishing areas in the Inner, Eastern, lower and upper Central GoT, from January-December, 2014. The MSA specimens were analyzed, by comparing with populations from spawning grounds, using genetic information from eleven microsatellite loci. Result showed that the populations had high genetic diversity. MSA result indicated that samples in fishery catches, taken from the four fishing areas, were derived from different populations of origin. From fishery catch in the Inner GoT, more than half of mackerel (52.71%) was originated from the Samut Songkhram population, while most of the mackerel (46.23%) the fishery catch in the lower Central GoT, was originated from the Surat Thani population. In contrast, most mackerel in the fishery catches from the Eastern GoT and upper Central GoT, was originated from the Malaysian (43.04%) and Cambodian (50.04%) populations, respectively. The studied populations significantly contributed to fishery catches, except the Prachuap Khiri Khan population. This information can be used for conservation and sustainable fishery management of the short mackerel.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบคุณ ดร. อัครพงษ์ สวัสดิพงษ์ อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก ที่ให้การสนับสนุน คำปรึกษา ความรู้ คำแนะนำ และตรวจสอบแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ขอขอบคุณ ดร. มิ่งขวัญ นิพิฐวิธนะผล อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ดร. ปวีโรจน์ นรนาถตระกูล ประธานสอบ รศ.ดร. ชัชวาล จันทราสุริยารัตน์ และ ผศ.ดร. สมพิศ สามีภักดี คณะกรรมการในการสอบปากเปล่าขั้นสุดท้าย ที่กรุณาให้คำแนะนำ และตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ให้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

การวิจัยนี้ได้รับการอนุเคราะห์ตัวอย่างปลา และข้อมูลการเก็บตัวอย่าง จากกรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ และศูนย์พัฒนาการประมงแห่งเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (Southeast Asian Fisheries Development Center; SEAFDEC) และได้รับการสนับสนุนทุนวิจัยจาก สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน), กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, SEAFDEC และโครงการพัฒนาและส่งเสริมผู้มีความสามารถพิเศษทางวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (พสวท.)

ขอขอบคุณคณาจารย์ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ทุกท่าน ที่ได้อบรมสั่งสอน และมอบความรู้อันเป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการนำไปใช้ประโยชน์ในทุกเรื่อง ขอกราบขอบพระคุณคุณพ่อ คุณแม่ที่ได้อบรมและให้กำลังใจผู้วิจัยมาโดยตลอด และขอขอบคุณสมาชิกห้องปฏิบัติการ MG4606 ภาควิชาพันธุศาสตร์ และทุกคนที่คอยให้ความช่วยเหลือตลอดมา

สิริธร กิ่งแสง

เมษายน 2564

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(3)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	16
อุปกรณ์	16
วิธีการ	17
ผลและวิจารณ์	26
ผล	26
วิจารณ์	40
สรุปและข้อเสนอแนะ	51
สรุป	51
ข้อเสนอแนะ	52
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	53
ภาคผนวก	69
ภาคผนวก ก ตาราง และภาพที่เกี่ยวข้อง	70
ภาคผนวก ข การสกัดดีเอ็นเอ	78
ภาคผนวก ค การเตรียมสารเคมี	80
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	82

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 หมายเลข Gen Bank ลำดับนิวคลีโอไทด์ สืบติดฉลาด และผลผลิต PCRของ เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ใช้ในการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอทั้ง 11 ตำแหน่ง	21
2 ข้อมูลพิภักการเก็บตัวอย่าง จำนวนตัวอย่าง ความหลากหลายทางพันธุกรรม ค่า F_{IS} และสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กของปลาทุประชากรอ้างอิง	30
3 ความแตกต่างทางพันธุกรรม (pairwise F_{ST} ; ใต้แนวทแยงมุม) และระยะทาง ทางภูมิศาสตร์ (กม.; เหนือแนวทแยงมุม) ระหว่างประชากรอ้างอิงแต่ละแห่ง	32
4 สัดส่วนผลผลิตประมงที่ประเมินจากข้อมูลจีโนไทป์ของการจำลองข้อมูล 3 แบบ และของปลาทุจากผลผลิตการทำประมงในน่านน้ำไทย บริเวณอ่าวไทยตอนใน (n=507) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (n=351) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน (n=333) และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง (n=484)	36
ตารางผนวกที่	
ก1 จำนวนและพิภักในการเก็บตัวอย่าง ปีที่เก็บตัวอย่าง และจำนวนตัวทั้งหมดของปลาทุ ประชากรอ้างอิงในแต่ละแห่ง	71
ก2 จำนวนและพิภักในการเก็บตัวอย่าง จำนวนตัว และความยาวทั้งหมดเฉลี่ยของปลาทุ ในแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แห่งในปี พ.ศ.2557	73

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
1 ลักษณะโดยทั่วไปของปลาทุ	4
2 ปริมาณการจับปลาทุในน่านน้ำไทยจากการทำประมงพาณิชย์ปี 2552-2562	6
3 พื้นที่ และระยะเวลาในการปิดอ่าวของประเทศไทย (ดัดแปลงจากประกาศกรมประมง) 8	
4 ปลาทุวัยอ่อน (larva)	17
5 ปลาทุตัวเต็มวัยสมบูรณ์เพศระยะที่ 4 เพศผู้ (ซ้าย) และเพศเมีย (ขวา) ลูกศรชี้แสดงอวัยวะสืบพันธุ์ที่พัฒนาเต็มที่ พร้อมปล่อยน้ำเชื้อ และไข่	17
6 บริเวณแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาทุ ซึ่งเป็นจุดเก็บตัวอย่างปลาประชากรอ้างอิง (พื้นที่แรกภายในเส้นประ 8 แหล่ง) และจุดเก็บตัวอย่างปลาทุตัวเต็มวัย (●) ซึ่งใช้สำหรับวิเคราะห์การมีส่วนร่วมของปลาทุแต่ละประชากรในผลผลิตประมงจากบริเวณ (ก) อ่าวไทยตอนใน (ข) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (ค) อ่าวไทยตอนกลาง ส่วนบน และ (ง) อ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง	18
7 การวัดความยาวทั้งหมด (TL) ของปลาทุตัวเต็มวัย	19
8 รูปแบบฟิคของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 11 ตำแหน่ง เพื่อใช้การระบุขนาดแอลลีลของตัวอย่างปลาทุ ภาพทางด้านซ้ายและขวาของแต่ละตำแหน่งแสดงสภาพ heterozygote และ homozygote ตามลำดับ	28
9 Principal Component Analysis (PCA) plot แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร ซึ่งแกน PC1 และ PC2 อธิบายข้อมูลได้ 72.69% และ 15.03% ตามลำดับ	33
10 Mantel test แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่า pairwise F_{ST} และระยะทางภูมิศาสตร์ (กม.) ระหว่างคู่ประชากร	33
11 สัดส่วนและช่วงความเชื่อมั่น (95%CI) ของผลผลิตประมงปลาทุจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์แต่ละแหล่ง ที่ถูกทำประมงในบริเวณ (ก) อ่าวไทยตอนใน (ข) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (ค) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และ (ง) อ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง	39
ภาพผนวกที่	
ก1 ดีเอ็นเอมาตรฐาน GeneRuler™ 25 bp DNA Ladder (Thermo Scientific™) สำหรับการแยกขนาดเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์	77

การวิเคราะห์พันธุกรรมประชากรต้นกำเนิดของปลาทุที่ถูจับบริเวณอ่าวไทย

Genetic Analysis of Identified Populations of Short Mackerel (*Rastrelliger brachysoma*) Caught in the Gulf of Thailand

คำนำ

ปลาทุ *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) เป็นปลาทะเลที่มีการอพยพไปมา ระหว่างแหล่งแพร่ขยายพันธุ์กับแหล่งหาอาหาร ปลาทุ มีรูปร่างป้อมแบน หัวโต หน้าแหลม ตาเล็ก ปากกว้างเฉียงขึ้น เกล็ดเล็กหลุดง่าย เป็นปลากลางน้ำและผิวน้ำ ปลาชนิดนี้กินแพลงก์ตอนพืชเป็นหลัก อาศัยอยู่ตามแนวชายฝั่ง เขตทะเลเปิด ที่น้ำทะเลความลึกไม่มาก มีความเค็มต่ำ มักอยู่รวมกันเป็นฝูงตามขนาดลำตัว และแพร่กระจายอยู่ในน่านน้ำเขตร้อนบริเวณแถบอินโดแปซิฟิก ตั้งแต่ฝั่งทะเลอันดามันของประเทศไทย จนถึงหมู่เกาะโอเชียเนียในมหาสมุทรแปซิฟิก (Collette and Nauen, 1983) เนื่องจากปลาทุเป็นสัตว์เศรษฐกิจที่ได้รับความนิยมในการบริโภคกันอย่างแพร่หลาย ในประเทศไทยจึงมีการทำประมงปลาทุตั้งแต่อดีตมาจนถึงปัจจุบัน เกิดการใช้ประโยชน์ทรัพยากรปลาทุอย่างมหาศาล มีการพัฒนาเครื่องมือประมงเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจับ การขยายพื้นที่ และช่วงเวลาในการทำประมง ทำให้จับปลาทุได้เพิ่มมากขึ้น แต่เนื่องจากการบริหารจัดการประมงยังอาจมีประสิทธิภาพไม่เพียงพอ ส่งผลให้ปลาทุในธรรมชาติมีปริมาณลดน้อยลงอย่างรวดเร็ว ดังนั้นการบริหารจัดการประมงและการวางแผนอนุรักษ์ปลาทุอย่างเหมาะสมจึงเป็นสิ่งจำเป็นอย่างเร่งด่วนต่อการฟื้นฟูทรัพยากรปลาทุ เพื่อหลีกเลี่ยงการสูญพันธุ์ของปลาทุที่อาจเกิดขึ้นได้ ซึ่งจะส่งผลกระทบต่อเศรษฐกิจประเทศ

การศึกษาปลาทุในน่านน้ำไทยมีการดำเนินการมาอย่างยาวนาน และเป็นระบบ โดยกรมประมง ซึ่งเป็นหน่วยงานของรัฐที่ทำหน้าที่บริหารจัดการทรัพยากรสัตว์น้ำโดยตรง ข้อมูลจากสถิติการประมง กรมประมง ซึ่งเป็นรายงานผลการจับปลาทุที่ได้ในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2528 จนถึงข้อมูลที่มีอยู่ในปัจจุบัน แสดงให้เห็นว่า ผลผลิตปลาทุกว่าร้อยละ 75 มาจากการทำประมงในอ่าวไทย ดังนั้นการศึกษาทรัพยากรปลาทุในประเทศไทยจึงดำเนินการในอ่าวไทยเป็นหลัก ซึ่งอ่าวไทยถือเป็นพื้นที่ทางทะเลที่มีความสำคัญทางภูมิศาสตร์ในระดับภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ มีทรัพยากรทางธรรมชาติที่หลากหลาย และการศึกษาชีววิทยาปลาทุในเชิงลึกได้เริ่มดำเนินการเมื่อปี พ.ศ. 2508 ในการศึกษาได้ทำการแบ่งกลุ่มประชากรปลาทุ และวิเคราะห์เส้นทางการอพยพของปลาทุเป็นครั้งแรกในอ่าวไทย โดยอาศัยการติดเครื่องหมายที่ลำตัวปลา (physical

tags) และได้ตีพิมพ์เป็นรายงาน งานสอบสวนปลาหู พ.ศ. 2506-2508 (กรมประมง, 2508) ซึ่งนับเป็นจุดเริ่มต้นที่ทำให้มีการศึกษาประชากรปลาหูอย่างจริงจัง จนกระทั่งในปัจจุบันมีการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรของประชากรปลาหูที่ตีพิมพ์เผยแพร่จำนวนหลายรายงาน (สิริธร, 2559; สิริธร และคณะ, 2559; Kongsang *et al.*, 2017; Kongseng *et al.*, 2020; Swatdipong *et al.*, 2019).

การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรปลาหูเป็นงานที่ต้องตรวจสอบปลาหูเป็นจำนวนมาก เกี่ยวข้องกับการระบุแหล่งกำเนิดของปลาหู และสถานะทางพันธุกรรมของปลาหูแต่ละประชากร เครื่องหมายที่ถูกเลือกมาใช้จึงต้องเป็นเครื่องหมายที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับสูง มีความคงที่ และเป็นเครื่องหมายที่ถูกถ่ายทอดมาจากทั้งฝ่ายพ่อและแม่ร่วมกัน ซึ่งจากคุณสมบัติดังกล่าวเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์จึงเป็นเครื่องหมายหลักในการศึกษาประชากรปลาหู เครื่องหมายชนิดนี้มีการแสดงออกแบบข่มร่วม (co-dominant marker) จึงสามารถคำนวณหาความถี่แอลลีลได้โดยตรงจากข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โดยประชากรที่ศึกษาไม่จำเป็นต้องอยู่ภายใต้สมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg equilibrium) และจากการศึกษาที่ผ่านมา พบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไมโครแซทเทลไลต์สามารถให้ข้อมูลพันธุกรรมที่นำมาใช้วิเคราะห์สัดส่วนของปลาหูจากแต่ละประชากรในผลผลิตการทำประมง และยังให้ข้อมูลที่เชื่อมโยงไปถึงแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลาหูได้เป็นอย่างดี

การศึกษาค้นคว้าครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ในการตรวจสอบปลาหูที่ถูกจับบริเวณอ่าวไทย จากแหล่งทำประมงที่สำคัญของประเทศไทยจำนวน 4 แหล่ง โดยใช้ปลาหูอ้างอิงจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ในอ่าวไทยเป็นประชากรในการเปรียบเทียบ และด้วยเหตุที่อ่าวไทยมีอาณาเขตครอบคลุมน่านน้ำของหลายประเทศ คือ เวียดนาม กัมพูชา ไทย และมาเลเซีย ปลาหูจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ในน่านน้ำของประเทศเหล่านี้ จำนวนรวม 8 ประชากรจึงถูกนำมาใช้เป็นประชากรอ้างอิง เพื่อให้ได้ข้อมูลที่ชัดเจนเกี่ยวกับจำนวนประชากร และอัตราส่วนของปลาหูจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมง ซึ่งเมื่อทราบถึงปลาหูประชากรหลักในแต่ละแหล่งทำการประมง การวางแผนปิดอ่าวไทยในบางพื้นที่ จะทำได้เหมาะสม เพื่อปกป้องแหล่งผสมพันธุ์วางไข่ของปลาหู และพ่อแม่ปลาหูในช่วงฤดูผสมพันธุ์ เป็นการเพิ่มโอกาสในการแพร่ขยายพันธุ์ของปลาหู รวมทั้งสามารถนำข้อมูลไปใช้ประกอบการบริหารจัดการปลาหู ซึ่งจะส่งผลให้การทำประมงปลาหูในอ่าวไทยเป็นไปได้ดียิ่งขึ้น

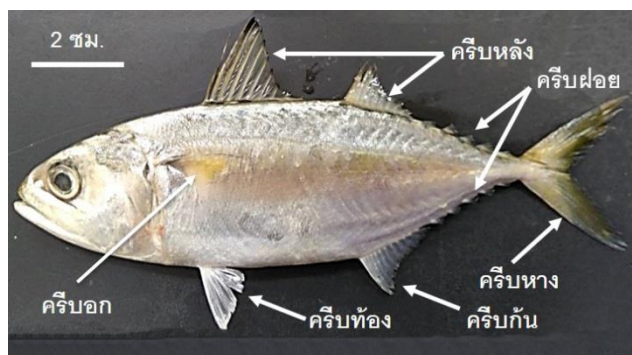
วัตถุประสงค์

1. ศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรปลาจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ในอำเภอไทย
2. ศึกษาสัดส่วนประชากรปลาในผลผลิตการทำประมงในน่านน้ำไทย บริเวณอำเภอไทย
ตอนใน อำเภอไทยฝั่งตะวันออก อำเภอไทยตอนกลางส่วนบน และอำเภอไทยตอนกลางส่วนล่าง

การตรวจเอกสาร

1. ปลาหู

ปลาหูเป็นปลาทะเล มีชื่อวิทยาศาสตร์ คือ *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) ชื่อสามัญภาษาไทย คือ ปลาหู ปลาหูตัวสั้น หรือปลาหูสั้น และชื่อสามัญภาษาอังกฤษ คือ short mackerel ปลาหูมีลักษณะตัวป้อมแบน หัวโต หน้าแหลม ตาค่อนข้างเล็ก ปากกว้างเฉียงขึ้นเล็กน้อย เกล็ดเล็กหลุดง่าย มีผิวลำตัวด้านหลัง (dorsal) สีน้ำเงินปนเขียว และมีจุดสีดำเรียงเป็นแถวตามสันหลัง ส่วนด้านท้อง (ventral) มีสีขาวเงิน สีของครีบหลัง (dorsal fin) ครีบก้น (anal fin) และครีบหาง (caudal fin) มีสีดำปนเหลือง และสีเข้มกว่าครีบอก (pectoral fin) และครีบท้อง (pelvic fin) นอกจากนี้ยังพบครีบฝอย (finlet) ทั้งด้านหลังและด้านท้อง (ภาพที่ 1)



ภาพที่ 1 ลักษณะโดยทั่วไปของปลาหู

ปลาหูเป็นปลาที่อาศัยทั้งบริเวณกลางน้ำและผิวน้ำ กินแพลงก์ตอนพืชเป็นอาหารหลัก ปลาชนิดนี้มักอาศัยในน้ำทะเลที่มีความเค็มต่ำ อุณหภูมิ 20-30 องศาเซลเซียส (°C) ในบริเวณที่มีความลึกไม่มากนัก สามารถพบได้ตามแนวชายฝั่ง เขตทะเลเปิด ปลาหูมักอยู่รวมกันเป็นฝูงตามขนาดลำตัว โดยปลาหูตัวเต็มวัยซึ่งสามารถสืบพันธุ์ได้มีขนาดความยาวทั้งหมด (total length; TL) ตั้งแต่ 14 เซนติเมตรขึ้นไป ปลาหูมีการแพร่กระจายในน่านน้ำแถบอินโดแปซิฟิก ตั้งแต่ฝั่งทะเลอันดามันของประเทศไทย จนถึงหมู่เกาะโอเชียเนียในมหาสมุทรแปซิฟิก (Collette and Nauen, 1983)

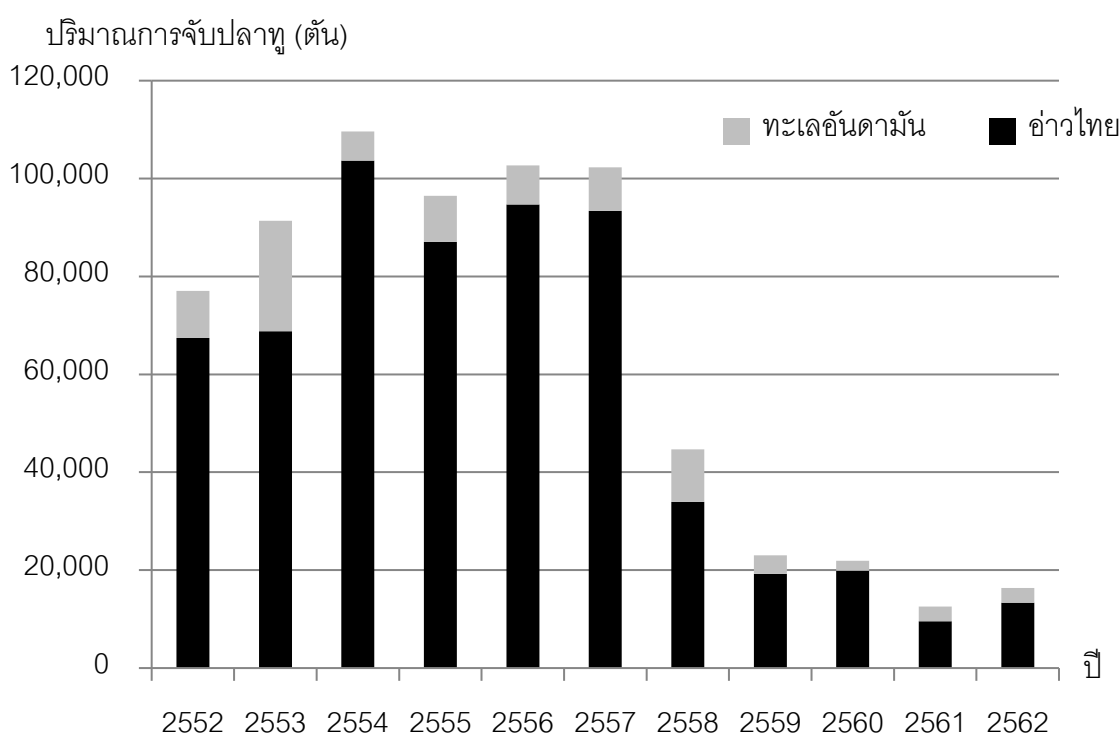
ปลาหูเป็นปลาที่มีการอพยพระหว่างแหล่งแพร่ขยายพันธุ์หรือแหล่งกำเนิด (spawning ground) และแหล่งอาหาร (feeding ground) เพื่อการสืบพันธุ์ และหาอาหาร ปลาหูเป็นสัตว์ที่มี

อวัยวะเพศแยกกันอยู่คนละตัวเป็นเพศผู้และเพศเมีย (dioecious animal) วงจรชีวิตปลาทุจึงเริ่มจากปลาตัวผู้และตัวเมียว่ายน้ำขานานกัน แล้วปล่อยไข่และน้ำเชื้อออกมาผสมกันใต้น้ำ (external fertilization) ไข่ปลาที่ได้รับการผสมจะฟักเป็นปลาวัยอ่อน (larva) ภายใน 24 ชั่วโมง ปลาทุในระยะนี้ความยาวลำตัวไม่เกิน 5 มิลลิเมตร ยังว่ายน้ำได้ไม่ดีนัก จึงมักพบบริเวณแหล่งกำเนิด หลังจากพัฒนาเกล็ดและครีบแล้ว (juvenile) จึงเริ่มอพยพออกจากแหล่งกำเนิดไปยังแหล่งหาอาหาร เพื่อการเจริญเติบโตเป็นปลาตัวเต็มวัย (adult) เมื่อปลาทุสมบูรณ์เพศเต็มที่ (mature) จะอพยพกลับมาสืบพันธุ์วางไข่ที่แหล่งกำเนิดตามวงจรชีวิตต่อไป (อนุสรฯ, 2562)

การศึกษาชีววิทยาของปลาทุในประเทศไทย พบว่าปลาทุมีความสมบูรณ์เพศตลอดทั้งปี โดยมีการวางไข่ และผสมพันธุ์ตลอดปี ช่วงที่ปลาทุมีความสมบูรณ์เพศสูงที่สุดอยู่ระหว่างเดือนกุมภาพันธ์ ถึงเดือนพฤษภาคม (พัชรี และ นพรัตน์, 2548; ปิยวรรณ และคณะ, 2549; ทศพล และคณะ, 2550) การศึกษาการเจริญพันธุ์ของปลาทุในประเทศไทยเป็นไปตามวิธีของไพเราะ และ ทศพล (2544) ซึ่งดัดแปลงมาจาก Kesteven (1960) โดยแบ่งเป็น 5 ระยะ คือ ระยะที่ 1 virgin เป็นระยะที่ยังไม่มีพัฒนาการของระบบสืบพันธุ์ ไข่และรังไข่จึงมีขนาดเล็กมาก ระยะที่ 2 developing เป็นระยะที่ระบบสืบพันธุ์เริ่มมีพัฒนาการมากขึ้น ไข่และรังไข่มีสีขาวยาวปนแดง ส่วนรังไข่มีสีแดงค่อนข้างใส ระยะที่ 3 gravid เป็นระยะที่ไข่และรังไข่ขยายเต็มช่องท้อง โดยไข่และรังไข่มีสีขาวยาวปนแดง ส่วนไข่มีลักษณะกลมมีเยื่อติดกันเมื่อรีดดูยังไม่มีไข่ไหลออกมา ระยะที่ 4 spawning เป็นระยะที่ปลาพร้อมจะผสมพันธุ์ ไข่และรังไข่มีสีขาวยาวปนแดงส่วนรังไข่มีสีเหลืองหรือส้ม เมื่อรีดดูจะมีน้ำเชื้อหรือไข่ไหลออกมา และระยะที่ 5 spent เป็นระยะที่ปลาปล่อยน้ำเชื้อ หรือวางไข่ไปเกือบหมดแล้ว จึงทำให้ไข่และรังไข่ลดขนาดลง

ปลาทุมีความสำคัญ และมีคุณค่าทางโภชนาการสูง (จารุมาศ และคณะ, 2556) จึงเป็นสัตว์เศรษฐกิจที่ได้รับความนิยมในการบริโภคกันอย่างแพร่หลาย ทำให้ในประเทศแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเทศไทย มีการทำประมงปลาทุอย่างต่อเนื่องมาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน จากข้อมูลการทำประมงปลาทุในน่านน้ำไทย ทั้งจากฝั่งทะเลอันดามันและอ่าวไทย ซึ่งรวบรวมโดยกลุ่มสถิติการประมง กรมประมงตั้งแต่ปี พ.ศ.2528 พบว่าปริมาณการจับปลาทุในน่านน้ำไทยมีความแปรผัน และมีแนวโน้มสูงขึ้นตามลำดับเนื่องจากความต้องการทางการตลาดที่เพิ่มมากขึ้น มีการพัฒนาเครื่องมือประมงให้มีประสิทธิภาพในการจับมากขึ้น มีการเพิ่มพื้นที่และช่วงเวลาในการทำประมง ส่งผลให้ปริมาณการจับปลาทุเพิ่มมากขึ้นอย่างรวดเร็ว โดยเฉพาะอย่างยิ่งในปี พ.ศ.2548 ซึ่งเป็นปีที่มีปริมาณการจับปลาทุมากที่สุดถึง 166,766 ตัน (กรมประมง, 2548) และในปี พ.ศ.2556 และ 2557 เป็นปีที่ปลาทุมียอดค่าทางเศรษฐกิจสูงสุดเป็นสองอันดับแรก โดยมี

มูลค่ากว่า 5,900-6,000 ล้านบาท (กรมประมง, 2556ก, 2557ก) อย่างไรก็ตาม แต่ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2558 เป็นต้นมา ปริมาณผลผลิตปลาทูลดลงอย่างเห็นได้ชัด และลดลงมากที่สุดในปี พ.ศ.2561 ซึ่งมีผลผลิตเพียง 17,655 ตัน คิดเป็นมูลค่าประมาณ 945 ล้านบาท (กรมประมง, 2561ก) ซึ่งเป็นข้อมูลต่ำสุดในปัจจุบัน จากการที่ปลาทูในธรรมชาติมีปริมาณลดน้อยลงอย่างรวดเร็ว การศึกษาข้อมูลอย่างรอบด้านในเรื่องการจัดการประมง การวางแผนอนุรักษ์ปลาทูที่เหมาะสม และการได้รับความร่วมมือของชาวประมง จึงเป็นสิ่งจำเป็นที่อย่างเร่งด่วนในการฟื้นฟูทรัพยากร เพื่อหลีกเลี่ยงสถานการณ์การสูญพันธุ์ของปลาทูที่อาจจะเกิดขึ้นได้ในระยะเวลาอันใกล้



ภาพที่ 2 ปริมาณการจับปลาทูในน่านน้ำไทยจากการทำประมงพาณิชย์ปี 2552-2562

ที่มา: กรมประมง (2552-2555, 2556ข, 2557ข, 2558-2560, 2561ข, 2562)

2. อ่าวไทย

น่านน้ำของประเทศไทยแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ อ่าวไทย (Gulf of Thailand) และทะเลอันดามัน (Andaman Sea) อ่าวไทยเป็นน่านน้ำที่อยู่ด้านในสุดของทะเลจีนใต้ ซึ่งอยู่ทางฝั่งตะวันตกของมหาสมุทรแปซิฟิก ครอบคลุมพื้นที่ตั้งแต่ละติจูด $6^{\circ}00'00''$ ถึง $13^{\circ}30'00''$ N และลองจิจูด $99^{\circ}00'00''$ ถึง $104^{\circ}00'00''$ E มีลักษณะเป็นอ่าวกึ่งปิดล้อมรอบไปด้วยชายฝั่งทะเลของ

ประเทศเวียดนาม กัมพูชา ไทย และมาเลเซีย ทิศตะวันออกเฉียงใต้ของอ่าวไทยเป็นช่องเปิดระหว่างปลายแหลมญวน ประเทศเวียดนาม และเมืองโกตาบารู ประเทศมาเลเซียติดต่อกับทะเลจีนใต้ (กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง, 2556) อ่าวไทยมีพื้นที่ประมาณ 304,000 ตารางกิโลเมตร ชายฝั่งทะเลอ่าวไทยทอดยาว 1,840 กิโลเมตร พื้นที่ของทะเลอ่าวไทยมีลักษณะเป็นแอ่งกระทะ ความลึกของน้ำทะเลมากที่สุด 85 เมตร ความลึกเฉลี่ย 58 เมตร มีน้ำจืดปริมาณมาก และมีปริมาณตะกอนสูง ซึ่งเกิดจากแม่น้ำขนาดใหญ่หลายสายที่ไหลลงสู่อ่าวไทย และส่งผลให้น้ำทะเลมีระดับความเค็มต่ำ มีค่าอยู่ในช่วง 30.5-32.5 ส่วนในพันส่วน (part per thousand; ppt) แต่ในบริเวณที่ระดับน้ำลึกกว่า 50 เมตร น้ำจะมีความเค็มประมาณ 34 ppt เนื่องจากน้ำที่มีความเค็มสูงไหลลงมาจากทะเลจีนใต้ (Khongchai *et al.*, 2003)

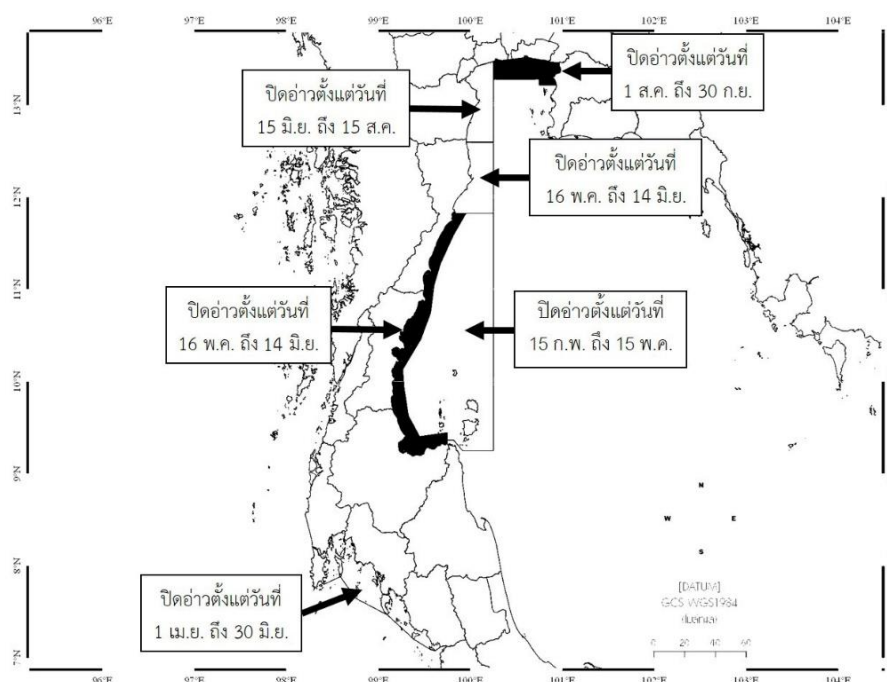
อ่าวไทยตอนใน (Inner Gulf of Thailand) อ่าวไทยรูปตัว ก หรือ อ่าวไทยตอนบน มีอาณาเขตตั้งแต่ชายฝั่งของ ต.ห้วยทรายเหนือ อ.ชะอำ จ.เพชรบุรี ขึ้นเหนือไปตามพื้นที่ชายฝั่งของ จ.สมุทรสงคราม สมุทรสาคร กรุงเทพมหานคร สมุทรปราการ ฉะเชิงเทรา และไปถึงชายฝั่งแหลมช่องแสมสาร อ.สัตหีบ จ.ชลบุรี ฝั่งซ้ายของอ่าวจะตื้นกว่าฝั่งขวา (ปราโมทย์ และคณะ, 2546) อ่าวไทยตอนในเป็นแอ่งรองรับน้ำจืดและตะกอนจากแม่น้ำสำคัญ 5 สาย คือ แม่น้ำเพชรบุรี แม่น้ำกลอง ท่าจีน เจ้าพระยา และบางปะกง ลักษณะของพื้นทะเลเป็นตะกอนโคลนทะเลปนด้วยเศษเปลือกหอยหรือทราย หรือโคลนล้น จึงทำให้ปริมาณสารอินทรีย์ในน้ำค่อนข้างสูง บริเวณชายฝั่งของอ่าวไทยตอนในจึงเป็นที่อยู่อาศัย แหล่งหาอาหาร และที่หลบภัยของสัตว์ทะเลที่มีคุณค่าทางเศรษฐกิจ รวมถึงนกที่หากินตามชายฝั่งทั้งนกประจำถิ่นและนกอพยพ (Wattayakorn, 2006) ดังนั้นอ่าวไทยตอนในจึงเป็นบริเวณที่มีความอุดมสมบูรณ์ และความหลากหลายทางชีวภาพสูง

อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (Eastern Gulf of Thailand) ของประเทศไทย มีอาณาเขตตั้งแต่ชายฝั่งทะเลของ จ.ชลบุรี ของอ่าวไทยตอนใน ไปตามพื้นที่ชายฝั่งของ จ.ระยอง จันทบุรี จนถึงบ้านหาดเล็ก จ.ตราด จรดเขตแดนประเทศกัมพูชา ลักษณะของพื้นที่ของทะเลโดยทั่วไปเป็นโคลนปนทราย ส่วนบริเวณที่ห่างจากฝั่งและปากแม่น้ำ จะเป็นโคลน ลักษณะชั้นตะกอนที่ผิวหน้าเป็นตะกอนทรายละเอียดผสมโคลน แต่ชั้นตะกอนด้านล่างได้ลงไปเป็นโคลนปนเปลือกหอยละเอียด

อ่าวไทยตอนกลาง (Central Gulf of Thailand) เป็นส่วนที่ถัดลงมาจากอ่าวไทยตอนใน ครอบคลุมพื้นที่ชายฝั่งทะเลของ จ.ประจวบคีรีขันธ์ ชุมพร และสุราษฎร์ธานี พื้นที่ของทะเลค่อนข้างตื้น ตะกอนพื้นทะเลเป็นตะกอนโคลน

อ่าวไทยตอนล่าง (Lower Gulf of Thailand) ครอบคลุมพื้นที่ชายฝั่งทะเลตั้งแต่ จ.นครศรีธรรมราช สงขลา ปัตตานี จนถึงปากแม่น้ำสุโข-โก-ลก จ.นราธิวาส จรดประเทศมาเลเซีย พื้นที่ท้องทะเลตื้นเช่นเดียวกันกับอ่าวไทยตอนกลาง แต่ตะกอนพื้นทะเลเป็นตะกอนโคลนปนทราย (ฐานข้อมูลความรู้ทางทะเล, มปป)

อ่าวไทยไม่เพียงมีความสำคัญทางภูมิศาสตร์ในระดับภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้เท่านั้น แต่ยังมีทรัพยากรทางธรรมชาติที่มีความสำคัญอย่างมากสำหรับประเทศไทย ได้แก่ น้ำมัน แก๊สธรรมชาติ แนวปะการัง และสัตว์ทะเลที่เป็นสัตว์เศรษฐกิจของประเทศ เช่น ปลาทู ปลาลัง ปลากะพง กุ้งแชบ๊วย ปูม้า ปูทะเล หมึกกล้วย หมึกกระดอง หอยลาย และหอยแมลงภู่ เป็นต้น ซึ่ง จะพบการทำประมงได้ตลอดแนวชายฝั่ง และนอกชายฝั่งของอ่าวไทย (กรมประมง, 2561) ดังนั้น เพื่อเป็นการจัดการประมง และอนุรักษ์ทรัพยากรสัตว์ทะเล กรมประมงจึงมีมาตรการห้ามทำการประมงในบางพื้นที่ และบางช่วงเวลา หรือที่เรียกว่ามาตรการปิดอ่าว เพื่ออนุรักษ์สัตว์น้ำในช่วงที่มี ไข่ วางไข่ หรือเลี้ยงตัวอ่อน ในพื้นที่ชายฝั่งบริเวณอ่าวไทยและฝั่งอันดามัน ตั้งแต่วันที่ 15 กุมภาพันธ์ ถึง 30 กันยายนของทุกปี (ภาพที่ 3) ซึ่งเป็นผลดีต่อทรัพยากรทางทะเลของประเทศไทย ไม่ให้ถูกใช้ประโยชน์มากเกินไป และเปิดโอกาสให้ทรัพยากรได้มีการฟื้นฟู หรือมีปริมาณเพิ่มมากขึ้นในอนาคต



ภาพที่ 3 พื้นที่ และระยะเวลาในการปิดอ่าวของประเทศไทย (ดัดแปลงจากประกาศกรมประมง)

3. เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite marker)

ไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite) หรือ simple sequence repeat (SSR) หรือ short tandem repeat (STR) คือลำดับเบสที่มีการซ้ำกันเป็นชุด โดยแต่ละชุดซ้ำ (repeat unit) ประกอบด้วยเบส 2-6 เบสเรียงต่อเนื่องกัน ไมโครแซทเทลไลท์มีการกระจายทั่วทั้งจีโนมแบบไม่สม่ำเสมอ (Richard *et al.*, 2008) มักพบในบริเวณที่ไม่ใช่ยีน เช่น intron, untranslated region (UTR) และ intergenic space โดยพบใน UTR มากที่สุด (Richard *et al.*, 2008; Vieira *et al.*, 2016) สามารถพบไมโครแซทเทลไลท์ได้ในสิ่งมีชีวิตทั้งโพรแคริโอต (prokaryote) และยูแคริโอต (eukaryote) โดยปริมาณ ประเภท หรือบริเวณที่พบ จะแตกต่างกันไปในแต่ละสิ่งมีชีวิต เช่น สามารถพบไมโครแซทเทลไลท์จำนวนมากในสัตว์มีกระดูกสันหลัง เมื่อเทียบกับที่พบในสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลัง และในพืช (Trivedi, 2004)

ลำดับเบสไมโครแซทเทลไลท์มีอัตราการกลาย (mutation) สูงกว่าลำดับเบสทั่วไป (Trivedi, 2004) ผลจากการเพิ่ม (addition) หรือการลด (deletion) ของชุดซ้ำทำให้ความยาวขึ้น ดีเอ็นเอที่เกิดการเปลี่ยนแปลงนี้มีขนาดที่แตกต่างกัน โดยกลไกที่ทำให้เกิดการเพิ่มขึ้นหรือลดลงของชุดซ้ำประกอบด้วย 2 กลไก คือ กลไก slipped-strand mispairing ที่มีความผิดพลาดเกิดขึ้นขณะการจำลองดีเอ็นเอ โดยดีเอ็นเอบางส่วนของดีเอ็นเอต้นแบบกับสายที่จำลองใหม่จับคู่ได้ไม่ตรงกัน ทำให้ได้ชุดซ้ำเพิ่มขึ้นหรือลดลง 1 ชุด และกลไก unequal crossing over ที่เกิดการจับคู่ที่ไม่ตรงกัน ระหว่างการ crossing over ทำให้ได้ชุดซ้ำเพิ่มขึ้นหรือลดลงหลายชุด (สุรินทร์, 2552) จากการกลายที่เกิดขึ้นนี้ทำให้ได้รูปแบบแอลลีล (allele) ของไมโครแซทเทลไลท์ที่หลากหลาย และอาจแตกต่างกันไปในสิ่งมีชีวิตแต่ละตัว

ไมโครแซทเทลไลท์ถูกนำมาใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเออย่างแพร่หลายปัจจุบัน เนื่องจากมีความหลากหลาย (polymorphism) สูง โดยใน 1 ตำแหน่ง (locus) มีแอลลีลได้หลายรูปแบบ และแอลลีลมีการแสดงออกแบบข่มร่วม (co-dominant marker) สามารถแยกความแตกต่างระหว่าง heterozygous และ homozygous ได้ การเพิ่มปริมาณไมโครแซทเทลไลท์ในห้องปฏิบัติการสามารถทำได้ง่ายด้วยเทคนิค PCR ซึ่งสามารถเริ่มปฏิกิริยาโดยใช้ดีเอ็นเอต้นแบบในปริมาณ และคุณภาพที่ไม่จำเป็นต้องสูงมาก เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดนี้สามารถทำซ้ำแล้วให้ผลที่น่าเชื่อถือ และนำไปใช้กับสิ่งมีชีวิตสปีชีส์ใกล้เคียงได้ (Mason, 2015) อย่างไรก็ตาม เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์มีข้อเสียอยู่ในการพัฒนาเครื่องหมาย (Conventional method หรือ Enrichment method) ค่อนข้างซับซ้อน ค่าใช้จ่ายค่อนข้างสูง และใช้เวลานานในการพัฒนา แต่หลังจากพัฒนา

ได้แล้วสามารถนำไปใช้งานได้สะดวก สามารถติดฉลากสีเรืองแสง และอาจใช้การทำ multiplex PCR ในการเพิ่มปริมาณได้ ทำให้สามารถลดเวลา และค่าใช้จ่ายในการศึกษาได้มาก (สุรินทร์, 2552) เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ถูกนำไปใช้ในการศึกษาหลายด้าน เช่น งานทาง นิติวิทยาศาสตร์ การวินิจฉัยโรค การทำแผนที่จีโนม การปรับปรุงพันธุ์สิ่งมีชีวิต การศึกษา ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ และความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรสิ่งมีชีวิต เป็นต้น

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ถูกนำมาใช้อย่างกว้างขวาง ในการศึกษาด้านพันธุศาสตร์ ประชากร เนื่องจากข้อเด่นของการที่รูปแบบแอลลีลมีความหลากหลายสูงมากในแต่ละตำแหน่ง และแอลลีลแต่ละรูปแบบจะแสดงความถี่ (allele frequency) ที่แตกต่างกันในแต่ละประชากร จึง ทำให้สามารถใช้จำแนกประชากรของสิ่งมีชีวิตได้ การมีรูปแบบของแอลลีล และจำนวนตำแหน่ง ไมโครแซทเทลไลต์จำนวนมากในการวิเคราะห์ผล ทำให้ผลการศึกษามีความแม่นยำ และน่าเชื่อถือ มากขึ้น (National Conservation Training Center, 2004) ข้อมูลจาก เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลต์สามารถนำไปใช้คำนวณค่าทางพันธุศาสตร์ประชากร เช่น ความหลากหลาย ทางพันธุกรรมของประชากร ซึ่งคำนวณออกมาเป็นค่า Heterozygosity ทั้ง Observed และ Expected heterozygosity (Nei, 1978) ค่าความหลากหลายของแอลลีล (allele diversity) และ ค่า Alleric Richness เป็นต้น การประเมินระดับการเกิด inbreeding ภายในประชากร โดย พิจารณาจากค่า F_{IS} ซึ่งมีค่าระหว่าง -1 (outbreed) ถึง 1 (inbreed) การศึกษาโครงสร้างประชากร (population structure) โดยใช้บอกความแตกต่างระหว่างประชากร เช่น ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) โดยเฉพาะค่า F_{ST} ซึ่งถ้ามีค่าต่ำกว่า 0.05 หมายถึง ประชากรมีความแตกต่างกัน น้อย ถ้ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.05-0.15 หมายถึง ประชากรมีความแตกต่างกันปานกลาง ถ้าค่าอยู่ ระหว่าง 0.15-0.25 หมายถึง ประชากรมีความแตกต่างกันสูง และถ้าค่ามากกว่า 0.25 หมายถึง ประชากรมีความแตกต่างกันสูงมาก (Nei, 1978) ซึ่งค่านี้สัมพันธ์กับระดับของการถ่ายเทแอลลีล (gene flow) ระหว่างประชากร นอกจากนี้ข้อมูลจากเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ยังสามารถ นำมาตรวจสอบการเกิด bottleneck ในประชากร และคำนวณขนาดประชากร (effective population size; N_e) ได้อีกด้วย (McDonald, 2008)

4. การวิเคราะห์ประชากรที่ปะปนกันในแหล่งทำการประมง

ผลผลิตประมง (Fishery catch) หมายถึงสิ่งที่ได้จากการทำประมง ซึ่งส่วนใหญ่จะเป็น สัตว์น้ำชนิดเดียวกัน (Cooper, 2006) และในกรณีของสัตว์น้ำ โดยเฉพาะปลาที่มีพฤติกรรม การอพยพตามธรรมชาติ ผลผลิตประมงจากแต่ละแหล่งอาจประกอบด้วยปลาจากหลายประชากรที่มา

อาศัยอยู่ปะปนกัน และสัดส่วนของปลาจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมงอาจแตกต่างกันไปในแต่ละแหล่งทำการประมง การทำประมงที่มากเกินไปกำลังผลิตทางธรรมชาติ (overexploitation) อาจส่งผลให้ประชากรปลาเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ได้ (Allendorf *et al.*, 2008) ดังนั้นข้อมูลของประชากรต้นกำเนิด และสัดส่วนของปลาจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมง จึงเป็นข้อมูลที่สำคัญต่อการอนุรักษ์ทรัพยากร และการวางแผนการจัดการประมงอย่างยั่งยืน (Crozier *et al.*, 2004; Erkinaro *et al.*, 1998; Feeley *et al.*, 2018; Losee *et al.*, 2017; McGinnity *et al.*, 2007)

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง หรือ Mixed-stock analysis (MSA) เป็นการประเมินค่าสัดส่วนของปลาจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมง ซึ่งจากการศึกษามากพบว่า ผลผลิตประมงที่ได้จากแหล่งทำการประมงแต่ละแหล่งประกอบด้วยปลาจากหลายประชากรปะปนกัน โดยเฉพาะหากเป็นการศึกษาปลาชนิดที่มีการอพยพไปมาระหว่างแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ และแหล่งอาหาร (Begg *et al.*, 1999; Bolker *et al.*, 2007) การคำนวณหาสัดส่วนปลาจากแต่ละประชากรปลาในผลผลิตประมง มีพื้นฐานมาจากค่าความน่าจะเป็นของปลาแต่ละตัวที่จะมีต้นกำเนิดมาจากประชากรอ้างอิง (baseline population) ที่ใช้ในการวิเคราะห์ผล (Koljonen *et al.*, 2005) การวิเคราะห์ประชากรต้นกำเนิดนี้อาจทำได้โดยใช้ข้อมูล หรือเทคนิคหลายแบบ เช่น การวิเคราะห์รูปแบบของกระดูกหู (otolith shape analysis; Shepard *et al.*, 2010) รูปแบบของเกล็ดปลา (scale pattern; Tattam *et al.*, 2011) การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบปรสิต (parasite tag; MacKenzie and Abaunza, 1998) การติดเครื่องหมายบนตัวปลา (physical tag; Reddin *et al.*, 2012) การทำ discriminant analysis (Reddin and Friedland, 1999) การใช้ข้อมูล carbon และ oxygen isotope (Fraile *et al.*, 2014) และการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ

ในปัจจุบัน การระบุประชากรต้นกำเนิดของปลาแต่ละตัว และการประเมินสัดส่วนของปลาแต่ละประชากรในผลผลิตประมงมักทำโดยอาศัยข้อมูลเครื่องหมายดีเอ็นเอ เช่น ดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรีย (Dunton *et al.*, 2012; Wirgin *et al.*, 2012) ซิงเกิลนิวคลีโอไทด์โพลีมอร์ฟิซึม หรือ สนิป (Ackerman *et al.*, 2011; Jeffery *et al.*, 2018) ไมโครแซทเทลไลต์ (Araujo *et al.*, 2014; Bradbury *et al.*, 2016; Ensing *et al.*, 2013; Kongseng *et al.*, 2020; Östergren *et al.*, 2016; Swatdipong *et al.*, 2013) การที่เครื่องหมายดีเอ็นเอถูกนำมาใช้มากกว่าเครื่องหมายชนิดอื่นเนื่องจากเครื่องหมายชนิดนี้เป็นลักษณะทางพันธุกรรม ซึ่งติดตัวสิ่งมีชีวิตมาตั้งแต่แรกเกิด และไม่มี การสูญหาย (Pella and Milner, 1978) ดังนั้นเครื่องหมายดีเอ็นเอจึงมีความน่าเชื่อถือมากในการ

ระบุประชากรต้นกำเนิดของปลาแต่ละตัว และการประเมินสัดส่วนของปลาแต่ละประชากรในผลผลิตประมง

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมของปลาแต่ละประชากรในผลผลิตประมง มีการศึกษากันอย่างแพร่หลายในปลาที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เช่น แซลมอน (Bradbury *et al.*, 2016; Ensing *et al.*, 2013; Flannery *et al.*, 2012) เทราท์ (Mäkinen *et al.*, 2015; Östergren *et al.*, 2015; Swatdipong *et al.*, 2013) เฮอริง (Bekkevold *et al.*, 2011; Ruzzante *et al.*, 2006) และปลาอพยพกลุ่มอื่น ๆ (Dunton *et al.*, 2012; Ruzzante *et al.*, 2000; Wang *et al.*, 2015) รวมทั้งปลาทุ (Kongseng *et al.*, 2020) การศึกษาลักษณะนี้ถูกทำทั้งในมหาสมุทรแปซิฟิก แอตแลนติก แหล่งน้ำธรรมชาติขนาดใหญ่ และอ่าวไทย

5. งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

การศึกษาที่เกี่ยวข้องกับปลาทุมีความหมายหลายด้าน เช่น การแพร่กระจายของปลาทุในธรรมชาติ (Semedi and Dimyati, 2009) การศึกษาเนื้อเยื่อ (Senarat *et al.*, 2015) อัตราการเจริญเติบโต (Juan-Jordá *et al.*, 2013) และการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์หลายสาขายกตัวอย่างเช่น การศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรีย และการระบุสปีชีส์ (Jondeung and Karinthanyakit, 2010, 2016; Talib *et al.*, 2009) การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม (Indaryanto *et al.*, 2015) การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (Basheer *et al.*, 2015) รวมทั้งพันธุศาสตร์ประชากร (สิริธร, 2559; สิริธร และคณะ, 2559; Kongsang *et al.*, 2017; Kongseng *et al.*, 2020; Swatdipong *et al.*, 2019).

จากข้อมูลปริมาณการจับปลาทุในน่านน้ำของประเทศไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ.2528 จนถึงปัจจุบัน พบว่าผลผลิตดังกล่าวมาจากการทำประมงในอ่าวไทยประมาณร้อยละ 75 และที่เหลือมาจากการทำประมงในทะเลอันดามัน (กรมประมง, 2561) ดังนั้นการศึกษาปลาทุในประเทศไทยจึงมุ่งเน้นในอ่าวไทยเป็นหลัก ในปี พ.ศ.2508 มีการตีพิมพ์รายงานวิชาการเรื่อง งานสอบสวนปลาทุ พ.ศ.2506-2508 โดยกรมประมง ซึ่งเป็นการศึกษาปลาทุอย่างเป็นทางการครั้งแรกในประเทศไทย เพื่อให้ได้ข้อมูลในหลากหลายด้านสำหรับการวางแผนการทำประมงปลาทุอย่างยั่งยืน โดยข้อมูลที่ศึกษาประกอบด้วย งานสอบสวนสถิติชื้อเพื่อรวบรวมข้อมูลการแพร่กระจายของขนาดปลาทุ งานติดเครื่องหมายปลาทุเพื่อการประเมินอัตราการตายและการอพยพย้ายถิ่น งานศึกษาแหล่งวางไข่ของปลาทุ งานศึกษาเพลงก่ตอนและอาหารของปลาทุ และงานแยกประชากรปลาทุใน

อ่าวไทย รวมถึงการศึกษาการเจริญเติบโตและอายุของปลา (กรมประมง, 2508) หลังจากนั้นจึงมีการศึกษาปลาอย่างต่อเนื่องมาจนถึงปัจจุบัน เช่น การศึกษาด้านชีววิทยาของปลา (ประภา, 2538; รัตนา, 2544; พิชรี และ นพรัตน์, 2548; ปิยวรรณ และคณะ, 2549; กำพล และ ธิตินี, 2550; ทศพล และคณะ, 2550; อุดม และ บุญฤทธิ์, 2555; อุดม และคณะ, 2556; ธเนศ และคณะ, 2561) การทำประมงปลา (จินดา และ ไพโรจน์, 2546; อัญญาณี, 2550; ศราวุธ, 2551) การใช้กระดุกหูประมาณอายุ การเจริญเติบโต และการแบ่งกลุ่มปลา (คันสนีย์ และคณะ, 2556; 2557) เป็นต้น

การประเมินเส้นทางการอพยพย้ายถิ่น และการจำแนกประชากรปลาในอ่าวไทย เป็นหัวข้อการศึกษาหนึ่งในงานสอบสวนปลา พ.ศ.2506-2508 ซึ่งอาศัยการติดเครื่องหมายที่ลำตัวปลา (physical tags) และพบว่าปลาในอ่าวไทยแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่มีการอพยพไปมาระหว่างอ่าวไทยตอนในและอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง บริเวณ จ.สุราษฎร์ธานี และอีกกลุ่มที่อาศัยบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก ซึ่งอาจมีการอพยพไปยังน่านน้ำกัมพูชา แต่ยังไม่มีความชัดเจนในการแบ่งกลุ่มประชากรที่ชัดเจนมากนัก และไม่ได้พิจารณาถึงข้อมูลทางพันธุกรรม จนกระทั่งใน ปี พ.ศ. 2552 มีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาจากฝั่งอ่าวไทย และอันดามัน โดยใช้เครื่องหมาย inter simple sequence repeat (ISSR) พบว่า ประชากรปลาจากอ่าวไทยตอนบน (ตัวอย่างปลาจากสมุทรสงคราม ประจวบคีรีขันธ์ สุราษฎร์ธานี ระยอง และจันทบุรี) อ่าวไทยตอนล่าง (ตัวอย่างปลาจากสงขลา) และทะเลอันดามัน (ตัวอย่างปลาจากกระบี่และสตูล) มีพันธุกรรมแตกต่างกันอย่างชัดเจน (ธีระรักษ์ และ ศานิต, 2552) นับเป็นการศึกษาประชากรปลาโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอเป็นครั้งแรก แต่เครื่องหมาย ISSR ดังกล่าวเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีการแสดงออกแบบซิมสมบอร์น (dominant marker) และไม่จำเพาะกับตำแหน่งใด ๆ บนจีโนม ดังนั้นจึงให้ข้อมูลทางพันธุกรรมได้ค่อนข้างน้อย อีกทั้งการศึกษายังขาดการเชื่อมโยงข้อมูลประชากรปลาไปยังแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ตามธรรมชาติ

การศึกษาประชากรปลาในเวลาต่อมา จึงเปลี่ยนมาใช้เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดไมโครแซทเทลไลท์เพื่อให้ได้ข้อมูลทางพันธุกรรมที่มากขึ้น เครื่องหมายชนิดนี้มีการแสดงออกแบบซิมร่วม (co-dominant) ทำให้สามารถคำนวณความถี่แอลลีลได้โดยตรงจากข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โดยประชากรที่ศึกษาไม่จำเป็นต้องอยู่ภายใต้สมดุลของประชากร และการศึกษาในระยะต่อมา ยังมีการเชื่อมโยงข้อมูลไปยังแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลา รวมทั้งเพิ่มเติมการวิเคราะห์สัดส่วนของปลาจากแต่ละประชากรในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงที่สำคัญ การศึกษาประชากรปลาในปี พ.ศ.2559 โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ มีพื้นที่ศึกษาบริเวณอ่าวไทยตอนใน พบว่าเป็นแหล่งอาศัยของปลา 2 กลุ่ม โดยปลากลุ่มแรกเข้ามาใช้พื้นที่ในอ่าวไทย

ตอนในตลอดทั้งปี ในขณะที่ปลาหูอีกรู่มเข้ามาใช้พื้นที่อ่าวไทยตอนในในช่วงเวลาเท่านั้น (สิริธร และคณะ, 2559) และในปีเดียวกันมีการศึกษาเพิ่มเติมเกี่ยวกับสัดส่วนในผลผลิตประมงของปลาหูที่ถูกทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน โดยใช้ประชากรอ้างอิง 4 แหล่ง คือ ประชากรตรวด สมุทรสงคราม ประจวบคีรีขันธ์ และสุราษฎร์ธานี ผลการศึกษาพบว่าปลาหูส่วนใหญ่ที่ถูกทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน เป็นปลาจากประชากรที่มีแหล่งกำเนิดบริเวณหน้าปากแม่น้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม (สิริธร, 2559) ต่อมาในปี พ.ศ.2560 มีการศึกษาพันธุกรรมของประชากรปลาหู 5 ประชากร โดยนำปลาหูจากประชากรปัตตานีเข้ามาเพิ่มในฐานข้อมูลเดิมของ สิริธร (2559) และพบว่า ประชากรปลาหูสมุทรสงคราม สุราษฎร์ธานี ตรวด และปัตตานี มีความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ส่วนประชากรประจวบคีรีขันธ์มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำกว่าประชากรอื่น และทั้ง 5 ประชากรมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยความแตกต่างอยู่ในระดับปานกลางค่อนข้างสูง (Kongsang *et al.*, 2017) จนกระทั่งปี พ.ศ. 2562 จากการศึกษาผลผลิตปลาหูที่ถูกจับปะปนกันในการทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน และอ่าวไทยฝั่งตะวันออก โดยวิเคราะห์หาต้นกำเนิดปลาที่อยู่ในผลผลิตประมงนั้น และใช้ปลาหู 5 ประชากรที่มีอยู่ในฐานข้อมูลเดิมเป็นประชากรอ้างอิง ทำให้พบว่าปลาหูส่วนใหญ่ที่ถูกทำประมงในอ่าวไทยตอนใน เป็นปลาที่มีแหล่งกำเนิดมาจากทะเลหน้าปากน้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม ในขณะที่ปลาหูที่ถูกทำประมงในอ่าวไทยฝั่งตะวันออก ส่วนใหญ่เป็นปลาที่มีแหล่งกำเนิดมาจากชายฝั่ง จ.ปัตตานี (Kongseng *et al.*, 2020)

เนื่องจากอ่าวไทยมีพื้นที่ครอบคลุมน่านน้ำของหลายประเทศ คือ ประเทศเวียดนาม กัมพูชา ไทย และมาเลเซีย และปลาหูเป็นปลาที่มีพฤติกรรมตามธรรมชาติในการอพยพจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์มายังแหล่งหาอาหาร จึงมีความเป็นไปได้ที่ปลาหูจากกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย อพยพเข้ามายังแหล่งหาอาหารซึ่งเป็นพื้นที่ทำประมงของประเทศไทย ดังนั้นหากมีการเพิ่มประชากรอ้างอิง พร้อมกับขยายการศึกษาไปยังพื้นที่ทำประมงอื่นนอกเหนือจากที่เคยมีการศึกษาไปแล้ว เพื่อนำตัวอย่างปลาหูที่ได้มาวิเคราะห์สัดส่วนของปลาจากแต่ละประชากร ข้อมูลที่ได้จะมีประโยชน์อย่างมาก และสามารถนำไปใช้ประกอบการพิจารณาวางแผนปิดอ่าวไทยในบางพื้นที่ เพื่อให้พื้นที่ และช่วงเวลาในการปิดอ่าว เป็นไปอย่างเหมาะสมมากขึ้น ทั้งนี้หากปลาหูที่อพยพข้ามเขตแดนระหว่างประเทศมีสัดส่วนในผลผลิตประมงจากน่านน้ำไทยอย่างมีนัยสำคัญ ความร่วมมือระหว่างประเทศที่ร่ายล้อมอ่าวไทยจะเป็นสิ่งสำคัญ เพื่อให้การปกป้องแหล่งผสมพันธุ์ และวางไข่ของปลาหูในฤดูผสมพันธุ์เป็นไปได้อย่างมีประสิทธิภาพดีขึ้น ส่งผลให้โอกาสการแพร่ขยายพันธุ์ของพ่อแม่ปลาหูเพิ่มมากขึ้น ซึ่งจะทำให้การทำประมงปลาหูเป็นไปได้อย่างยั่งยืนในอ่าวไทย

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

1. ตู้แช่แข็ง (freezer) และตู้เย็น (refrigerator)
2. ถุงมือ (nitrile glove) และอุปกรณ์ผ่าตัด (dissecting tool)
3. ไมโครปิเปต (micropipette) และทิวพลาสติก (tip)
4. กระบอกตวง (cylinder) และเบ็กเกอร์ (beaker)
5. กล่องให้ความเย็น (cool box)
6. กล่องใส่หลอด (plastic storage box) และที่วางหลอด (rack)
7. หลอดเพื่อใช้เพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR plate) และฝาปิด (PCR cap)
8. หลอดพลาสติก (eppendorf tube)
9. เครื่องชั่ง (balance)
10. เครื่องให้ความร้อน (heat block)
11. เครื่องผสมสารละลาย (vortex mixer)
12. เครื่องหมุนเหวี่ยง (microcentrifuge)
13. เครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (nanodrop spectrophotometer)
14. เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR machine)
15. เครื่องถ่ายภาพ และวิเคราะห์ภาพเจล (gel documentation)
16. เครื่องแยกสารด้วยไฟฟ้า (electrophoresis apparatus และ power supply)
17. เครื่องคอมพิวเตอร์ (computer)

วิธีการ

1. การเก็บตัวอย่างและการสกัดดีเอ็นเอ

ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม ดังนี้

1.1 ปลาทุประชากรอ้างอิง (Baseline population)

เก็บตัวอย่างปลาวัยอ่อน (larva) ที่มีความยาวทั้งหมด (TL) ไม่เกิน 5 มิลลิเมตร (ภาพที่ 4) ด้วยถุงกรองแพลงก์ตอนสัตว์ (zooplankton sac) และปลาวัยเต็มวัยสมบูรณ์เพศระยะที่ 4 (ภาพที่ 5) และระยะที่ 5 ด้วยอวนล้อมจับที่นำสัตว์น้ำมาขึ้นท่า จากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลาในอ่าวไทย ทั้งหมด 8 แหล่ง ใน 4 ประเทศ ตั้งแต่ละติจูด $6^{\circ}15'00''$ ถึง $13^{\circ}13'48''$ N และลองจิจูด $99^{\circ}22'30''$ ถึง $104^{\circ}35'04''$ E (ภาพที่ 6, ภาคผนวก ก, ตารางผนวกที่ ก1) ประกอบด้วย

1.1.1 ปลาทุจากน่านน้ำประเทศไทย 5 แหล่ง คือ บริเวณเกาะช้างและเกาะกูด จ.ตราด ทะเลหน้าปากน้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม ชายฝั่ง อ.หัวหิน จ.ประจวบคีรีขันธ์, อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะอ่างทอง จ.สุราษฎร์ธานี และชายฝั่ง จ.ปัตตานี

1.1.2 ปลาทุจากน่านน้ำประเทศกัมพูชาบริเวณชายฝั่งเมืองพระสีหนุ (Sihanoukville) เกาะกง (Koh Kong) และกัมโพช (Kampot)

1.1.3 ปลาทุจากน่านน้ำประเทศเวียดนามจากบริเวณเกาะพูไคว๊ก (Phú Quốc) และชายฝั่งเมืองท่าเตียน (Hà Tiên)

1.1.4 ปลาทุจากน่านน้ำประเทศมาเลเซียบริเวณชายฝั่ง อ.ตุมปัต รัฐกลันตัน (Tumpat, Kelantan)

การเก็บตัวอย่างเหล่านี้ดำเนินการตั้งแต่ปี พ.ศ. 2554 จนถึงปี พ.ศ. 2561



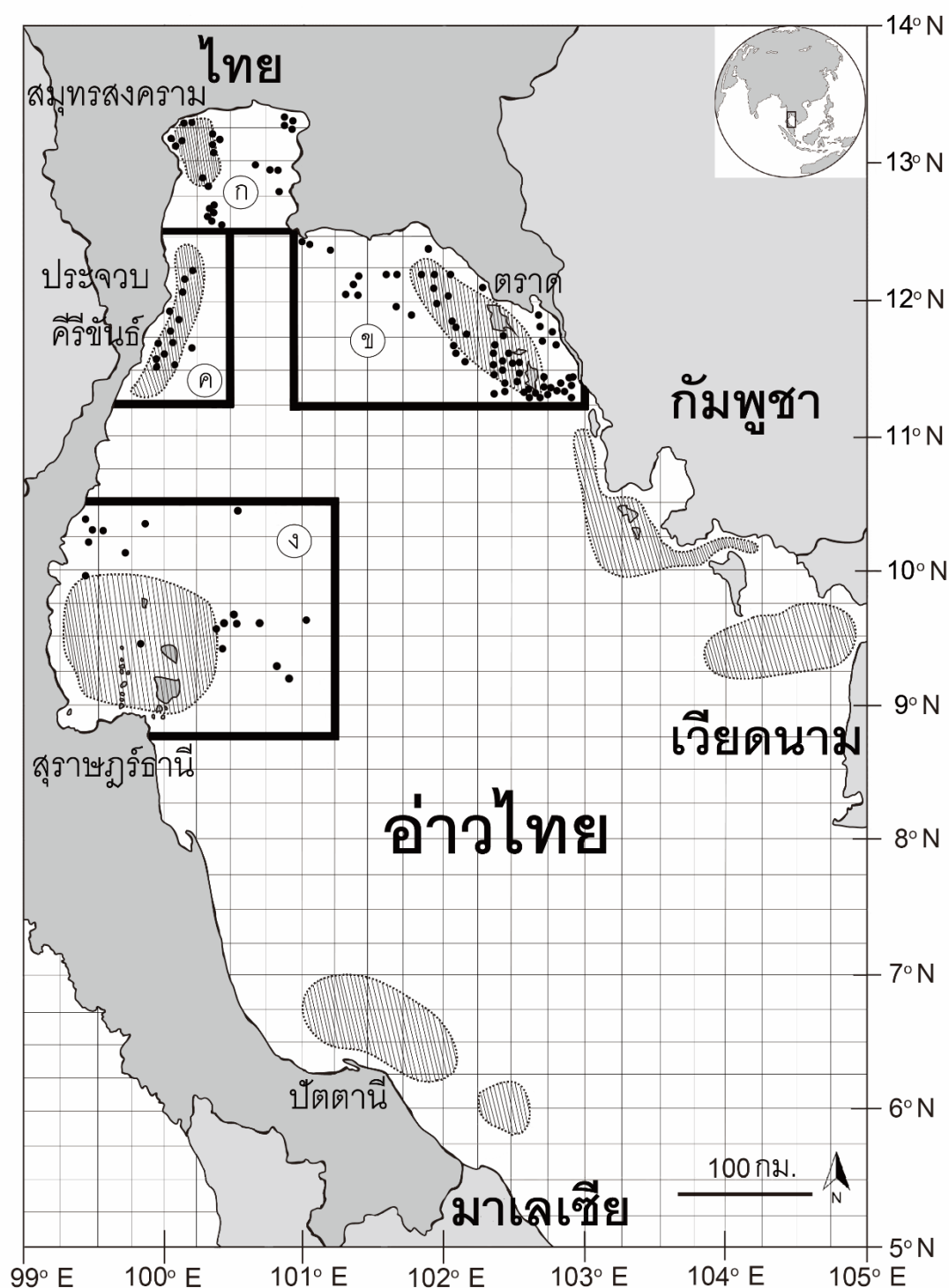
ภาพที่ 4 ปลาทุยอ่อน (larva)



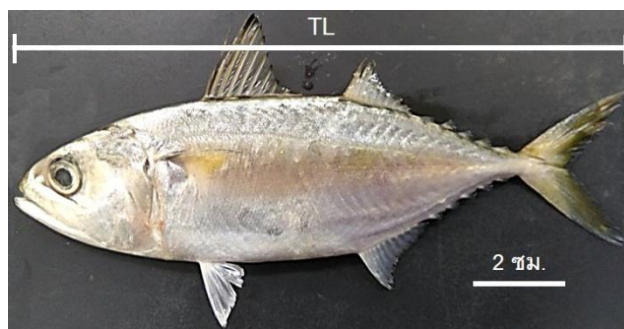
ภาพที่ 5 ปลาทุยตัวเต็มวัยสมบูรณ์เพศระยะที่ 4 เพศผู้ (บน) และเพศเมีย (ล่าง) ลูกศรชี้แสดงอวัยวะสืบพันธุ์ที่พัฒนาเต็มที่ พร้อมปล่อยน้ำเชื้อและไข่

1.2 ปลาทุยตัวเต็มวัยในแหล่งทำการประมง (Fishery sample)

เก็บตัวอย่างปลาทุยตัวเต็มวัยที่มีความยาวทั้งหมดตั้งแต่ 14 เซนติเมตรขึ้นไป (normal fishing size) จากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทย 4 แหล่ง คือ บริเวณอ่าวไทยตอนใน (ครอบคลุมตั้งแต่ละติจูด $12^{\circ}30'00''$ ถึง $13^{\circ}21'39''$ N และลองจิจูด $100^{\circ}00'00''$ ถึง $100^{\circ}50'00''$ E) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (ครอบคลุมตั้งแต่ละติจูด $11^{\circ}10'60''$ ถึง $12^{\circ}30'00''$ N และลองจิจูด $100^{\circ}59'00''$ ถึง $100^{\circ}52'00''$ E) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน (ครอบคลุมตั้งแต่ละติจูด $11^{\circ}35'00''$ ถึง $12^{\circ}14'00''$ N และลองจิจูด $99^{\circ}53'00''$ ถึง $100^{\circ}08'00''$ E) และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง (ครอบคลุมตั้งแต่ละติจูด $9^{\circ}11'00''$ ถึง $10^{\circ}42'00''$ N และลองจิจูด $99^{\circ}24'00''$ ถึง $101^{\circ}03'00''$ E) โดยรวบรวมตัวอย่างปลาทุยตั้งแต่เดือนมกราคม ถึงเดือนธันวาคม พ.ศ. 2557 จากเรือประมงที่ใช้วนล้อมจับ ซึ่งทราบจุดทำการประมงที่แน่นอน (ภาพที่ 6, ภาคผนวก ก, ตารางผนวกที่ ก2) ปลาทุยทุกตัวถูกวัดความยาวทั้งหมดในหน่วยเซนติเมตร (ภาพที่ 7)



ภาพที่ 6 บริเวณแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาทู ซึ่งเป็นจุดเก็บตัวอย่างปลาประชากรอ้างอิง (พื้นที่แรเงาภายในเส้นประ 8 แหล่ง) และจุดเก็บตัวอย่างปลาทูตัวเต็มวัย (•) ซึ่งใช้สำหรับวิเคราะห์การมีส่วนร่วมของปลาทูแต่ละประชากรในผลผลิตประมงจากบริเวณ (ก) อ่าวไทยตอนใน (ข) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (ค) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และ (ง) อ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง



ภาพที่ 7 การวัดความยาวทั้งหมด (TL) ของปลาทูตัวเต็มวัย

ตัวอย่างเนื้อเยื่อปลาทูทั้ง 2 กลุ่มถูกเก็บรักษาไว้ในเอทิลแอลกอฮอล์ความเข้มข้น 95% ที่อุณหภูมิ -20°C จนกว่าจะทำการสกัดดีเอ็นเอ ซึ่งทำโดยใช้ชุดน้ำยาสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูปสำหรับเนื้อเยื่อสัตว์ของ FavorPrep™ Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit (Favorgen Biotech Corporation, Taiwan, ภาคผนวก ข) สารละลายดีเอ็นเอที่ได้ถูกนำมาวัดความเข้มข้นของดีเอ็นเอในหน่วย $\text{ng}/\mu\text{l}$ จากค่าการดูดกลืนแสง (absorbance; A) ที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร (A_{260}) ด้วยเครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Thermo Fisher Scientific Inc., US) จากนั้นเจือจางดีเอ็นเอทุกตัวอย่างให้มีความเข้มข้น $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ หรือใกล้เคียง แล้วเก็บสารละลายดีเอ็นเอที่อุณหภูมิ -20°C จนกว่าจะนำไปใช้งานในขั้นตอนต่อไป

2. การเพิ่มปริมาณเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์และการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีทั้งหมด 11 ตำแหน่ง ประกอบด้วยเครื่องหมาย Rbra7, Rbra8, Rbra9, Rbra12, Rbra13 และ Rbra14 จากการพัฒนาของ Munpholsri *et al.* (2013) และอีก 5 ตำแหน่งที่ได้ออกแบบเพิ่มเติม คือ Rbr1, Rka1, Rka3, Rka6 และ Rka8 โดยอาศัยข้อมูลจาก GenBank เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 11 ตำแหน่งถูกจัดเป็น 3 กลุ่มเพื่อปริมาณขึ้นดีเอ็นเอพร้อมกันโดยใช้เทคนิคการทำ multiplex PCR ในการเพิ่มขึ้นดีเอ็นเอพร้อมกันหลายตำแหน่งนั้น ที่ปลาย 5' ของ forward primer สำหรับเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่ง จะถูกติดฉลากสีเรืองแสงไว้อย่างเฉพาะเจาะจง สีที่ใช้ คือ สีฟ้า (FAM) สีเขียว (HEX) สีเหลือง (TAMRA) และสีแดง (ROX) ซึ่งรายละเอียดของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ภายในแต่ละ multiplex PCR แสดงในตารางที่ 1

ในปฏิกิริยาของแต่ละ multiplex PCR ปริมาตร 20 μ l ประกอบด้วย 1X PCR buffer, 0.2 mM dNTP mixture, 2 mM $MgCl_2$, 0.25 μ M forward primer และ reverse primer ในแต่ละ multiplex PCR, 0.5 U Taq polymerase (Apsalagen Co.Ltd., Thailand) และ $\approx$ 10 ng DNA template ปฏิกริยาทำโดยใช้เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (Eppendorf Mastercycler Nexus, Eppendorf AG., Germany) เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 11 ตำแหน่งซึ่งมีขั้นตอนในการเกิดปฏิกิริยาที่อุณหภูมิเดียวกัน ประกอบด้วย ขั้นตอน pre-denaturation ที่อุณหภูมิ 95°C นาน 3 นาที จากนั้นทำซ้ำ 35 รอบในขั้นตอน denaturation ที่อุณหภูมิ 95°C นาน 30 วินาที ขั้นตอน annealing ที่อุณหภูมิ 54°C นาน 40 วินาที และขั้นตอน extension ที่อุณหภูมิ 72°C นาน 45 วินาที จากนั้นตามด้วย final extension ที่อุณหภูมิ 72°C นาน 5 นาทีเป็นขั้นตอนสุดท้าย เมื่อปฏิกิริยาเสร็จสมบูรณ์ ผลผลิต PCR ที่ได้จะมีฉลากสีติดอยู่ ดังนั้นทุกขั้นตอนที่เกี่ยวข้องกับสีติดฉลาก ควรหลีกเลี่ยงการโดนแสงจ้า เพราะอาจทำให้สีที่ติดฉลากเกิดการสลายตัวได้

ผลผลิต PCR ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 11 ตำแหน่งจากปลาทุกตัวอย่าง ถูกนำมาตรวจสอบคุณภาพและปริมาณ ด้วยเทคนิคการแยกสารด้วยไฟฟ้าที่ความต่างศักย์ 100 โวลต์ เป็นเวลา 45 นาที โดยใช้ตัวกลางเป็นวุ้นอะกาโรสความเข้มข้น 2% ในบัฟเฟอร์ TAE และใช้ดีเอ็นเอมาตรฐาน 25 bp DNA Ladder สำหรับการเปรียบเทียบขนาด เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (ภาคผนวก ก, ภาพผนวกที่ 1) เมื่อสิ้นสุดการทำเทคนิคการแยกสารด้วยไฟฟ้า จึงย้อมวุ้นอะกาโรสด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ (ภาคผนวก ค) แล้วถ่ายภาพด้วยเครื่องถ่ายภาพ และวิเคราะห์ภาพเจล จากนั้นนำผลผลิต PCR ไปทำ Fragment analysis ด้วยเครื่อง 3730xl DNA Analyzer (Thermo Fisher Scientific Inc., US) ร่วมกับการใช้ 600LIZ size standard (Thermo Fisher Scientific Inc., US) เพื่อสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ จากนั้นอ่านขนาดแอลลีล (allele sizes) หรือ อ่านลายพิมพ์ดีเอ็นเอของไมโครแซทเทลไลต์ (Microsatellite genotyping) ในแต่ละตัวอย่าง โดยพิจารณาจากคุณภาพของพีค (peak quality) และขนาดของพีค (size of peak) ที่เกิดขึ้น ด้วยโปรแกรม Peak Scanner 1.0 (Thermo Fisher Scientific Inc., US) และผู้วิจัย

ตารางที่ 1 หมายเลข Gen Bank ลำดับนิวคลีโอไทด์ สืบติดฉลาก และผลผลิต PCR ของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ใช้ในการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอทั้ง 11 ตำแหน่ง

ชื่อไพรเมอร์	หมายเลข Gen Bank	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5'-3')	สืบติดฉลาก	ผลผลิต PCR (bp)
Rbr1 ^b	JX488044	F: CGGAGGAGGCTGTATGTGTT R: CTTGGTTGTGCTTGGCTACA	HEX	113-171
Rbra7 ^a	JX488046	F: CCACCCACTACCTGGCATC R: ATGTGCTGGAGCCGCTAAC	FAM	136-170
Rbra8 ^a	JX488047	F: GCAACGTTCAAGACACTCAC R: GAAGCATCACAACTCCTATCAC	ROX	143-173
Rbra9 ^b	JX488048	F: CACTCCCTGAATCTAGAAGTG R: CAGCTGCTCCCAGAGATG	FAM	191-221
Rbra12 ^c	JX488049	F: ACAAGCCCGTGGTGTGAC R: TGCTCCCAGAGATGAGGTG	TAMRA	154-174
Rbra13 ^c	JX488049	F: ACCTCATCTCTGGGAGCAG R: GTCTGTGAGTCGTCAGCATG	FAM	168-222

ตารางที่ 1 (ต่อ)

ชื่อไพรเมอร์	หมายเลข Gen Bank	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' – 3')	สีติดฉลาก	ผลผลิต PCR (bp)
Rbra14 ^c	JX488054	F: ACGTAGAAGAGCACGCACAG R: TTTCAGCCTGGTCACTTGC	HEX	181-213
Rka1 ^a	KF668004	F: CATGACGTTCTTTCCGTCCT R: CAAAACATGGCATCGACAAC	HEX	115-161
Rka3 ^b	KF668008	F: AGCTGCATGACGTTCTTTCC R: TTCGCATCGATAACCAGTGT	FAM	121-161
Rka6 ^a	KF668002	F: CTCAGCAGGAAGGGAGAGAC R: CCAATCGTGTTGGGAGTTTG	TAMRA	113-143
Rka8 ^b	AB662344	F: CCGTGCGAAATGTGAAAGAT R: CATGGATTTGCCTGTGTGAG	FAM	166-184

หมายเหตุ ^{a b c} การจัดกลุ่มของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 11 ตำแหน่งออกเป็น 3 กลุ่ม เพื่อทำ multiplex PCR ร่วมกันและการอ่านลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

3. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของประชากรอ้างอิง

ข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของปลาทุประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร จากแหล่งผสมพันธุ์-วางไข่ จะถูกนำไปวิเคราะห์ข้อมูล ดังนี้

3.1 ทดสอบ linkage disequilibrium สมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg equilibrium test) และ genic differentiation ในแต่ละประชากร ด้วยโปรแกรม GenePop 4.3.3 (Rousset, 2008) ซึ่งตั้งค่าการวิเคราะห์ Markov chain parameter ดังนี้ Dememorization 1000, Batches 100 และ Iterations per batch 1000 คำนวณค่า p -value โดยใช้วิธี Fisher's method และเนื่องจากเป็นการทดสอบทางสถิติจำนวนหลายครั้ง (multiple test) จึงทำการปรับค่า p -value ตามวิธี sequential Bonferroni correction (Rice, 1989).

3.2 ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

3.2.1 คำนวณค่า heterozygosity ทั้งค่า heterozygosity จากค่าสังเกต (observed heterozygosity; H_o) คือ สัดส่วนของจำนวนเฮเทอโรไซโกตที่พบในประชากรทั้งหมด และค่า heterozygosity จากการคาดหมาย (expected heterozygosity; H_e) คือ สัดส่วนของจำนวนเฮเทอโรไซโกตที่คาดหมายในประชากรสมดุล ด้วยโปรแกรม Microsatellite toolkit (Park, 2001)

3.2.2 คำนวณค่า allelic richness (A_R) คือ จำนวนแอลลีลที่พบทั้งหมดในแต่ละประชากรเมื่อปรับค่าจำนวนตัวอย่างจากแต่ละประชากรให้เท่ากัน โดยใช้โปรแกรม FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002)

3.3 คำนวณค่า inbreeding coefficient (F_{IS}) ภายในประชากร ค่าเฉลี่ยความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (global F_{ST}) และค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่ประชากร (pairwise F_{ST}) โดยใช้โปรแกรม FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002)

3.4 การทำ Principal Component Analysis (PCA) plot ด้วยโปรแกรม PCA-Gen 1.2 (Goudet, 2002) เพื่อศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

3.5 ทดสอบความสัมพันธ์ระหว่างค่า pairwise F_{ST} และระยะทางทางภูมิศาสตร์ (กม.) ระหว่างประชากรแต่ละคู่ด้วย Mantel test โดยใช้โปรแกรม GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2012)

4. การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (Mixed-stock fishery analysis; MSA) ของปลาทุแต่ละประชากร

ขั้นตอนแรกเป็นการนำข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ของปลาทุตัวเต็มวัยทั้งหมดจากผลผลิตในแหล่งทำการประมงทุกแหล่ง มาเปรียบเทียบความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมกับข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของปลาทุประชากรอ้างอิง โดยใช้โปรแกรม Bayesian Analysis of Population Structure (BAPS) 6.0 (Corander *et al.*, 2004) เพื่อคัดเลือกไว้เฉพาะปลาทุตัวเต็มวัยที่มีพันธุกรรมคล้ายคลึงกับประชากรอ้างอิงในงานวิจัยนี้เท่านั้น ตัวอย่างใดที่มีพันธุกรรมแตกต่างจากประชากรอ้างอิงจะถูกตัดออกและไม่ใช้ในการวิเคราะห์ขั้นต่อไป

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (mixed-stock analysis; MSA) ของปลาทุแต่ละประชากร ทำโดยการนำข้อมูลจีโนไทป์จริง (empirical genotype) ของปลาทุทั้งหมดที่สุ่มตัวอย่างมาได้จากแหล่งทำการประมงในอ่าวไทย ทั้ง 4 แหล่งมาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบกับประชากรอ้างอิงทุกประชากร ส่วนการประเมินความถูกต้องของผลการวิเคราะห์ MSA (MSA accuracy assessment) ทำโดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ของปลาทุที่จำลองขึ้นมา (simulated genotypes) ทั้งข้อมูลจีโนไทป์จริงและข้อมูลจีโนไทป์จำลองจะถูกนำมาหาความน่าจะเป็นของปลาทุตัวเต็มวัยแต่ละตัว ว่ามีพันธุกรรมคล้ายกับประชากรอ้างอิงประชากรใด และคำนวณสัดส่วนของปลาทุแต่ละประชากรในผลผลิตประมงทั้งหมดโดยใช้การทำซ้ำ 10,000 ครั้ง (10,000 bootstrap replicate) เพื่อคำนวณช่วงความเป็นไปได้ 95% ในการประมาณค่าเฉลี่ย (95% Confidence Interval on the mean; 95% CI) โดยวิธี conditional maximum likelihood ของโปรแกรม ONCOR 2.0 (Kalinowski, 2004)

การประเมินความถูกต้องของผลการวิเคราะห์ MSA ทำโดยใช้จีโนไทป์ที่จำลองขึ้นมาจากความถี่แอลลีลของปลาทุประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร จีโนไทป์ที่จำลองขึ้นมาในแต่ละ mixture ($n=1,000$) มีสัดส่วนที่แตกต่างกัน 3 แบบ ดังนี้

1) 100% simulation เป็นการจำลองจีโนไทป์ของปลาในแต่ละ mixture โดยนำจีโนไทป์ของประชากรอ้างอิงมาเป็นข้อมูลเริ่มต้นที่ละประชากร โดยใช้ฟังก์ชัน 100% simulation ของโปรแกรม เมื่อครบการใช้ประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร จึงได้ผลการจำลองจีโนไทป์เป็น 8 pure mixture

2) Equal contribution simulation เป็นจำลองข้อมูลจีโนไทป์ 1 mixture ให้มีสัดส่วนสมาชิกจากประชากรอ้างอิงแต่ละประชากรเท่ากัน (ประชากรละ 12.5%)

3) Realistic simulation เป็นจำลองข้อมูลจีโนไทป์ของแต่ละ mixture ให้มีสัดส่วนสมาชิกจากแต่ละประชากรอ้างอิง เท่ากับสัดส่วนจากผลการวิเคราะห์ MSA จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอจริงของผลผลิตปลาจากแหล่งทำการประมงปลาทุแต่ละแหล่ง และเนื่องจากแหล่งทำการประมงปลาทุในอ่าวไทย จากการศึกษาครั้งนี้มีจำนวน 4 แหล่ง ผลการทำ realistic simulation จึงได้ 4 mixture

ผลและวิจารณ์

ผล

1. ตัวอย่างปลาที่ใช้ในการศึกษา

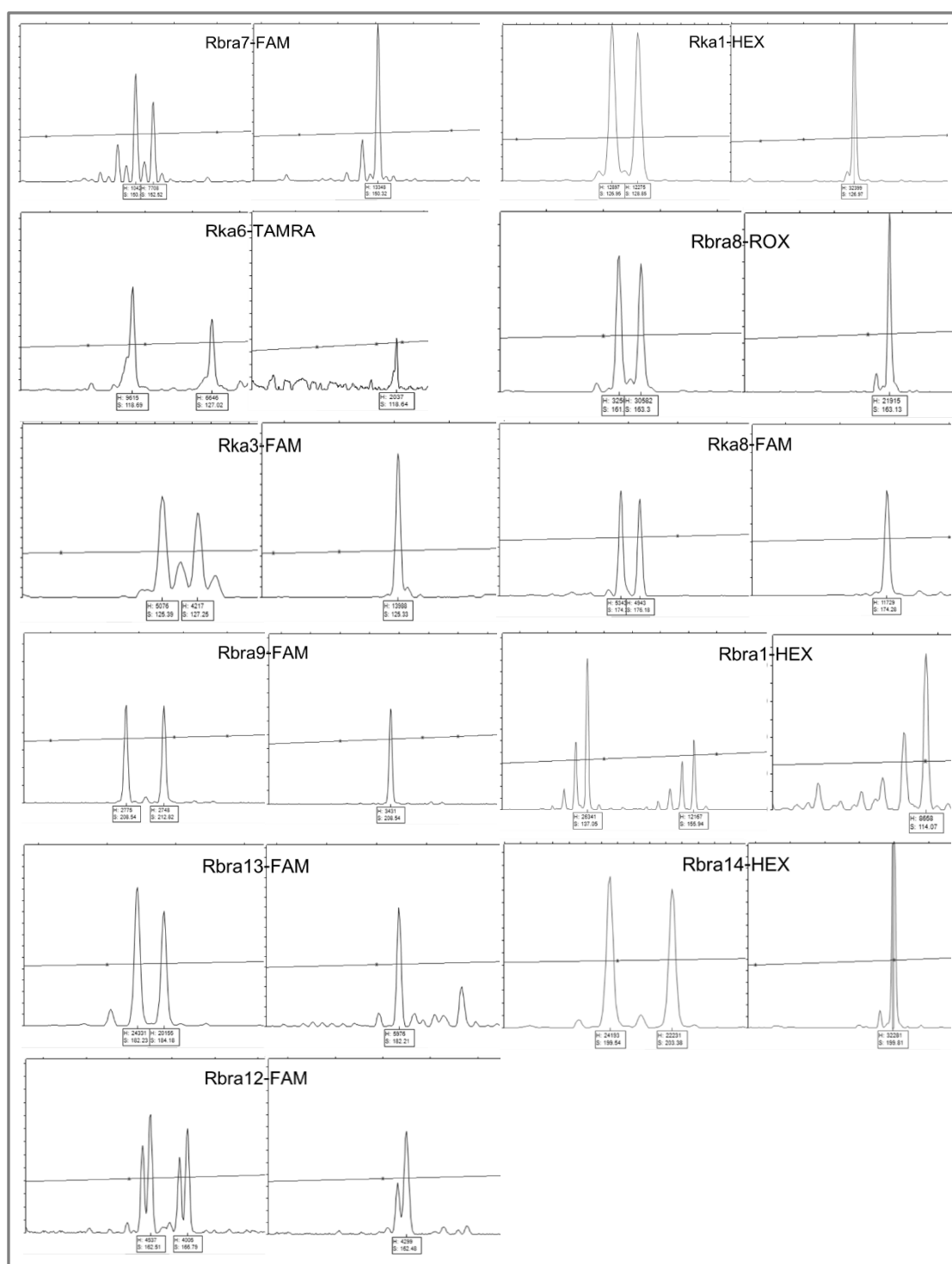
ปลาที่ใช้เป็นประชากรอ้างอิง (baseline population) มีทั้งหมด 365 ตัว เป็นปลาวัยอ่อน ขนาดความยาวลำตัวทั้งหมด (TL) ไม่เกิน 5 มิลลิเมตร จำนวน 32 ตัว และเป็นปลาวัยเต็มวัยสมบูรณ์เพศระยะที่ 4 และระยะที่ 5 จำนวน 333 ตัว จากพิกัดเก็บตัวอย่าง 40 จุด แบ่งเป็น ปลาที่มาจากประเทศไทย 5 แหล่ง คือ บริเวณ เกาะช้างและเกาะกูด จ.ตราด 5 จุด 59 ตัว หน้าปากน้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม 8 จุด 43 ตัว, ชายฝั่ง อ.หัวหิน จ.ประจวบคีรีขันธ์ 8 จุด 59 ตัว อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะอ่างทอง จ.สุราษฎร์ธานี 7 จุด 27 ตัว และชายฝั่ง จ.ปัตตานี 5 จุด 44 ตัว ปลาจากชายฝั่งเมืองพระสีหนุ (Sihanoukville) เกาะกง (Koh Kong) และกัมพูชา (Kampot) ประเทศกัมพูชา 3 จุด 50 ตัว ปลาจากบริเวณเกาะ พูโกว๊ก (Phú Quốc) และชายฝั่งเมืองท่าเตียน (Hà Tiên) ประเทศเวียดนาม 3 จุด 50 ตัว และชายฝั่ง อ.ตุมปัต (Tumpat) รัฐกลันตัน ประเทศมาเลเซีย 1 จุด 33 ตัว (ตารางที่ 2, ภาคผนวก ก, ตารางผนวกที่ ก1)

ส่วนปลาวัยเต็มวัยจากแหล่งทำการประมง (fishery sample) ในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทย 4 แหล่งที่ใช้วิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง มีทั้งหมด 1,675 ตัว จากพิกัดเก็บตัวอย่าง 91 จุด (ภาคผนวก ก, ตารางผนวกที่ ก2) มีความยาวทั้งหมดเฉลี่ย $\pm$ SD (TL $\pm$ SD) เท่ากับ 16.97 ± 1.53 เซนติเมตร แบ่งเป็น ปลาจากแหล่งทำการประมงอ่าวไทยตอนใน 23 จุด 507 ตัว (TL $\pm$ SD เฉลี่ย= 16.48 ± 1.91 เซนติเมตร) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก 40 จุด 351 ตัว (TL $\pm$ SD เฉลี่ย= 16.59 ± 1.37 เซนติเมตร) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน 11 จุด 333 ตัว (TL $\pm$ SD เฉลี่ย= 17.64 ± 1.00 เซนติเมตร) และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง 17 จุด 484 ตัว (TL $\pm$ SD เฉลี่ย= 17.31 ± 1.19 เซนติเมตร)

2. การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์

การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ และการระบุขนาดขนาดแอลลีล (allele size) ที่ได้จากเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์แต่ละตำแหน่งในแต่ละตัวอย่าง เริ่มต้นจากการพิจารณาคุณภาพของพีค (peak quality) และรูปแบบของพีค (pattern of peak) ที่มีความเป็นเอกลักษณ์ทั้งตัวอย่างที่เป็น homozygote และ heterozygote (ภาพที่ 8) ขนาดแอลลีลของปลาทุประชากรอ้างอิง และปลาทุตัวเต็มวัยในแหล่งทำการประมงทุกตัวที่อ่านได้จะนำไปใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลในขั้นตอนถัดไป

เพื่อตรวจสอบว่าไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 11 ตำแหน่ง มีความเป็นอิสระต่อกันหรือไม่ จึงทำการทดสอบ linkage disequilibrium พบว่า จาก 440 คู่ไมโครแซทเทลไลต์ (locus pair) มีเพียง 26 คู่ไมโครแซทเทลไลต์ ที่ผลการทดสอบพบว่าไม่เป็นอิสระต่อกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง (highly significant; $p < 0.00012$) แต่ไม่พบไมโครแซทเทลไลต์คู่ใดเลยที่ไม่เป็นอิสระต่อกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งในทุกประชากรที่ศึกษา ดังนั้นจึงสรุปว่าไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 11 ตำแหน่ง มีความเป็นอิสระต่อกัน และเหมาะสมที่จะนำมาใช้ในการวิเคราะห์ผลต่อไป



ภาพที่ 8 รูปแบบพีคของเครื่องหมายไมโครแซตเทลไลต์ทั้ง 11 ตำแหน่ง เพื่อใช้การระบุขนาด แอลลีลของตัวอย่างปลา ภาพทางด้านซ้ายและขวาของแต่ละตำแหน่งแสดงสภาพ heterozygote และ homozygote ตามลำดับ

3. ข้อมูลทางพันธุกรรมของปลาทุประชากรอ้างอิง

3.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity) ของประชากรอ้างอิง

จากการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรอ้างอิง พบว่าทุกประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง โดยค่า observed heterozygosity (H_o) อยู่ระหว่าง 0.389 ถึง 0.561 (ค่าเฉลี่ย 0.504) และค่า expected heterozygosity (H_e) อยู่ระหว่าง 0.492 ถึง 0.675 (ค่าเฉลี่ย 0.609) ค่า observed heterozygosity มีค่าต่ำกว่าค่า expected heterozygosity ในทุกประชากรอ้างอิง ส่วนค่า allelic richness (A_r ; re-sampling จาก 21 ตัวอย่าง) มีค่าตั้งแต่ 4.591 ถึง 6.355 (ค่าเฉลี่ย 5.479) เมื่อพิจารณาในแต่ละประชากร พบว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรอ้างอิงมีค่าสูงใกล้เคียงกัน ยกเว้นประชากรอ้างอิงประจวบคีรีขันธ์ที่มีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำที่สุดในกลุ่ม นอกจากนี้จากการวิเคราะห์ค่า inbreeding coefficient (F_{IS}) พบว่ามีค่าเป็นบวกเล็กน้อย อยู่ระหว่าง 0.080 ถึง 0.213 (ค่าเฉลี่ย 0.157) ซึ่งแสดงถึงการผสมพันธุ์ที่เกิดขึ้นภายในเครือญาติอยู่ในระดับต่ำ และเมื่อทดสอบความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก พบว่าทั้ง 8 ประชากรอ้างอิง ไม่อยู่ในสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ($p < 0.01$, ตารางที่ 2)

ตารางที่ 2 ข้อมูลพิกัดการเก็บตัวอย่าง จำนวนตัวอย่าง ความหลากหลายทางพันธุกรรม ค่า F_{IS} และสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กของปลาทุประชากรอ้างอิง

แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	พิกัดการเก็บตัวอย่างประชากรอ้างอิง		จำนวน (ตัว)	ความหลากหลายทางพันธุกรรม [†]			F_{IS}
	ละติจูด	ลองจิจูด		H_E	H_O	A_R	
ตราด	11°24'00" N ถึง 12°10'00" N	101°42'00" E ถึง 102°43'12" E	59	0.657	0.561	5.853	0.141**
สมุทรสงคราม	12°52'30" N ถึง 13°13'48" N	100°07'30" E ถึง 100°24'36" E	43	0.633	0.517	5.711	0.176**
ประจวบคีรีขันธ์	11°22'30" N ถึง 12°35'24" N	99°37'30" E ถึง 100°18'00" E	59	0.492	0.389	4.591	0.212**
สุราษฎร์ธานี	9°36'00" N ถึง 10°07'30" N	99°22'30" E ถึง 100°38'00" E	27	0.675	0.549	6.355	0.182**
ปัตตานี	6°52'00" N ถึง 7°55'00" N	101°03'00" E ถึง 102°13'00" E	44	0.636	0.495	5.638	0.213**
กัมพูชา	10°08'21" N ถึง 11°13'00" N	102°54'47" E ถึง 104°08'52" E	50	0.601	0.512	5.108	0.125**
เวียดนาม	9°33'55" N ถึง 10°02'00" N	103°37'52" E ถึง 104°35'04" E	50	0.611	0.513	5.680	0.129**
มาเลเซีย	6°15'00" N	102°10'00" E	33	0.566	0.495	4.899	0.080**

หมายเหตุ [†] ความหลากหลายทางพันธุกรรมซึ่งคำนวณจากข้อมูลไมโครแซทเทิร์นไลต์ 11 ตำแหน่ง; H_O คือ observed heterozygosity, H_E คือ expected heterozygosity, A_R คือ allelic richness (based on 21 diploid individual resamplings) และ F_{IS} คือ inbreeding coefficient

** การทดสอบสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กของประชากร (highly significant; $p < 0.01$)

3.2 ความแตกต่างทางพันธุกรรม (Genetic differentiation) ระหว่างประชากรอ้างอิง

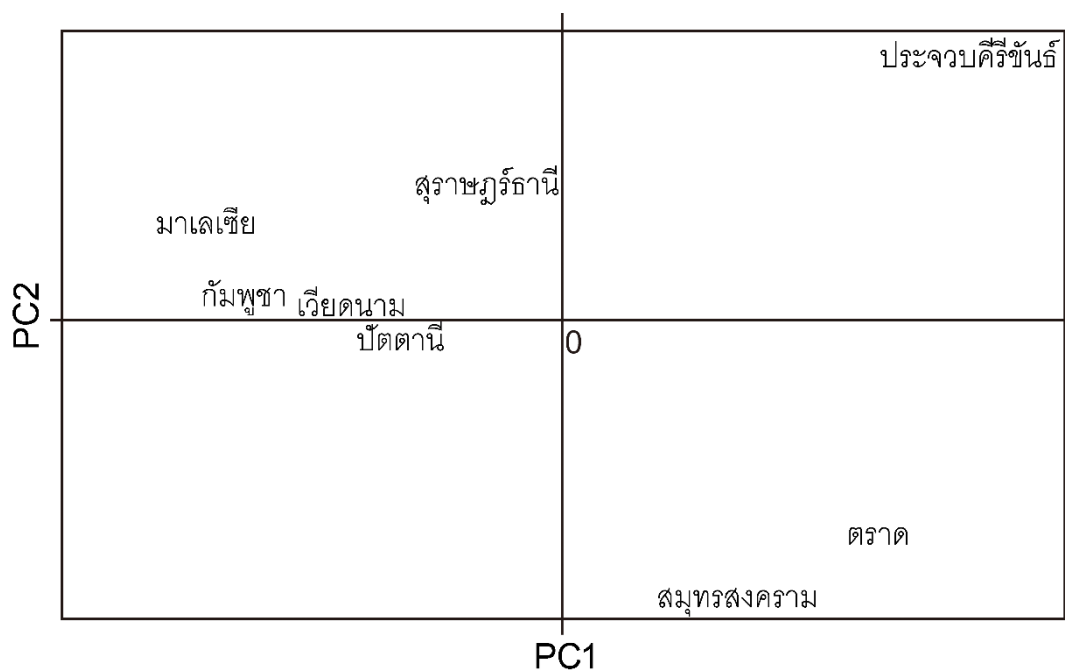
ความแตกต่างกันระหว่างประชากรอ้างอิงถูกทดสอบด้วย genic differentiation test และปรับค่า p -value ด้วย sequential Bonferroni correction พบว่า ทุกประชากรมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.01$) จากระดับความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรอ้างอิงตามเกณฑ์ของ Nei (1978) ด้วย global F_{ST} ซึ่งมีค่าเป็น 0.117 แสดงให้เห็นว่าประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากรมีความแตกต่างกันในระดับปานกลาง (moderate differentiation) เมื่อพิจารณาค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมในแต่ละคู่ประชากร (pairwise F_{ST}) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.005 (ระหว่างประชากรอ้างอิงกัมพูชากับปัตตานี และกัมพูชากับมาเลเซีย) ถึง 0.278 (ระหว่างประชากรอ้างอิงประจวบคีรีขันธ์กับมาเลเซีย) โดยระหว่างประชากรสมุทรสงครามกับตรวด และระหว่างประชากรสุราษฎร์ธานี ปัตตานี กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันในระดับต่ำ (pairwise $F_{ST} \leq 0.05$; low differentiation) ในขณะที่ระหว่างประชากรสมุทรสงครามกับกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย และระหว่างประชากรประจวบคีรีขันธ์กับปัตตานี มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันในระดับสูง ($0.15 < \text{pairwise } F_{ST} < 0.25$; high differentiation) แต่ระหว่างประชากรประจวบคีรีขันธ์กับกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันในระดับสูงมาก (pairwise $F_{ST} \geq 0.25$; very high differentiation) ส่วนคู่ประชากรที่เหลือ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันในระดับปานกลาง ($0.05 < \text{pairwise } F_{ST} < 0.15$; moderate differentiation) (ตารางที่ 3)

เมื่อพิจารณาถึงความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร ที่แสดงด้วย Principal Component Analysis (PCA) plot (ภาพที่ 9) ซึ่งแกนที่ 1 และแกนที่ 2 ของ PCA plot อธิบายข้อมูลได้ 72.69% และ 15.03% ตามลำดับ พบว่าประชากรปัตตานี กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกันมาก ในขณะที่ประชากรประจวบคีรีขันธ์มีพันธุกรรมที่แตกต่างจากประชากรอื่น

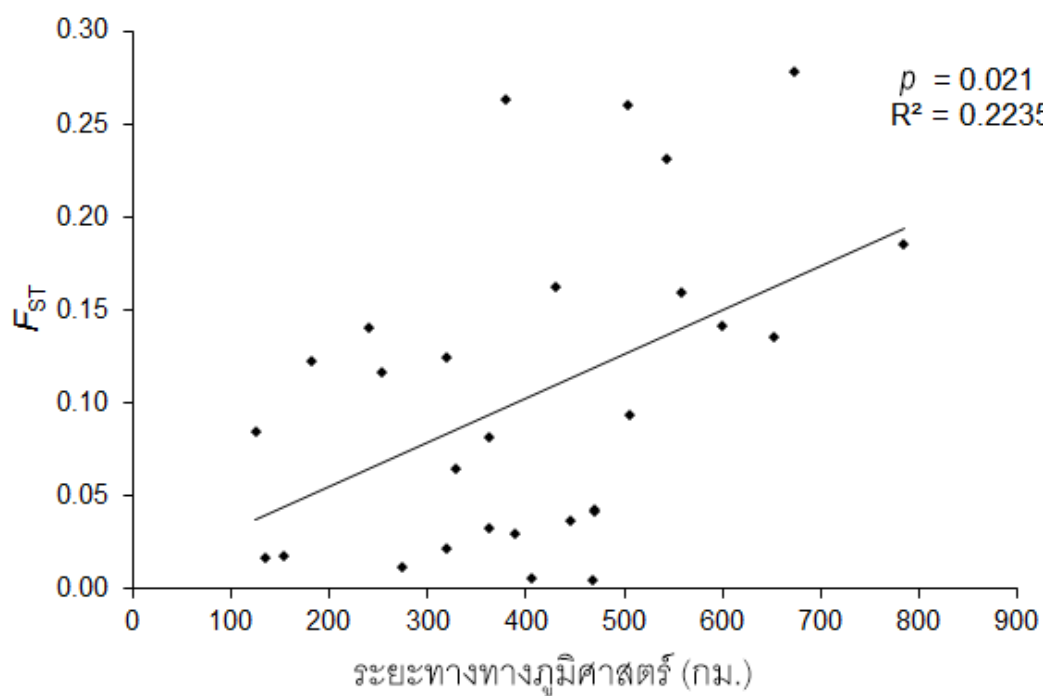
ส่วนผลจากการทดสอบความสัมพันธ์ระหว่างค่า pairwise F_{ST} และระยะทางทางภูมิศาสตร์ (กิโลเมตร; กม.) ระหว่างคู่ประชากรด้วย Mantel test พบว่าค่า R^2 เท่ากับ 0.2235 ค่า p -value เป็น 0.021 และเส้น regression เพิ่มขึ้น (ภาพที่ 10) แสดงให้เห็นว่าระยะทางทางภูมิศาสตร์และความแตกต่างทางพันธุกรรมมีความสัมพันธ์ไปในทิศทางเดียวกัน (positive relationship) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.05$)

ตารางที่ 3 ความแตกต่างทางพันธุกรรม (pairwise F_{ST} : ใต้แนวทแยงมุม) และระยะทางทางภูมิศาสตร์ (กม.; เหนือแนวทแยงมุม) ระหว่างประชากรอ้างอิงแต่ละแหล่ง

	ตราด	สมุทรสงคราม	ประจวบคีรีขันธ์	สุราษฎร์ธานี	ปัตตานี	กัมพูชา	เวียดนาม	มาเลเซีย
ตราด	-	274	253	328	505	182	319	600
สมุทรสงคราม	0.012	-	125	363	652	430	559	784
ประจวบคีรีขันธ์	0.116	0.085	-	241	543	380	504	673
สุราษฎร์ธานี	0.064	0.082	0.141	-	320	363	469	470
ปัตตานี	0.094	0.136	0.231	0.021	-	405	388	154
กัมพูชา	0.122	0.162	0.263	0.032	0.005	-	134	467
เวียดนาม	0.125	0.159	0.260	0.042	0.029	0.016	-	445
มาเลเซีย	0.141	0.185	0.278	0.041	0.018	0.005	0.037	-



ภาพที่ 9 Principal Component Analysis (PCA) plot แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร ซึ่งแกน PC1 และ PC2 อธิบายข้อมูลได้ 72.69% และ 15.03% ตามลำดับ



ภาพที่ 10 Mantel test แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่า pairwise F_{ST} และระยะทางทางภูมิศาสตร์ (กม.) ระหว่างคู่ประชากร

4. การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมของประชากรปลาในผลผลิตประมง (Mixed-stock fishery analysis; MSA) จากแหล่งทำการประมงในอ่าวไทย

ผลการทดสอบว่าตัวอย่างปลาทูตัวเต็มวัยขนาดความยาวทั้งหมดไม่ต่ำกว่า 14 เซนติเมตร จากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทยทั้ง 1,675 ตัว ว่ามีต้นกำเนิดจากประชากรอ้างอิงใดบ้าง และเป็นไปได้ที่จะมาจากประชากรอื่นนอกเหนือจากนี้หรือไม่ พบว่าปลาทูตัวเต็มวัยทั้งหมดมีพันธุกรรมคล้ายคลึงกับประชากรอ้างอิงที่มีอยู่ และไม่มีปลาทูตัวใดมาจากประชากรอื่นเลย ดังนั้นปลาทูตัวเต็มวัยทั้งหมดจึงถูกใช้เป็นตัวแทนปลาทูที่ได้จากการทำประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทย และนำมาใช้ในการวิเคราะห์ผลขั้นต่อไป

4.1 การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (MSA)

การนำปลาทูทั้ง 1,675 ตัว จากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทยทั้ง 4 แหล่ง มาใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลการมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (MSA) พบว่าสัดส่วนของปลาทูจากแต่ละประชากรมีความแตกต่างกันไปในผลผลิตของแต่ละแหล่งทำการประมง (ตารางที่ 4 ภาพที่ 11)

ผลผลิตปลาทูจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน ส่วนใหญ่เป็นปลาทูที่มาจากประชากรสมุทรสงคราม (52.71%; 95%CI=37.33-60.38) ตามมาด้วยประชากรตราด (24.60%; 95%CI=15.91-39.48) สุราษฎร์ธานี (18.80%; 95%CI=11.36-25.48) และเวียดนาม (1.51%; 95%CI=0.06-4.49) ตามลำดับ

ผลผลิตปลาทูจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก เป็นปลาทูที่มาจากประชากรต่างประเทศเป็นหลัก โดยเป็นปลาทูที่มาจากประชากรมาเลเซียมากที่สุด (43.04%; 95%CI=23.34-53.65) รองลงมาเป็นปลาทูจากประชากรกัมพูชา (27.91%; 95%CI=14.66-45.22) บัตตานี (17.21%; 95%CI=7.15-28.92) สุราษฎร์ธานี (5.65%; 95%CI=1.92-13.70) และเวียดนาม (4.71%; 95%CI=0.97-15.11) ตามลำดับ

ผลผลิตปลาทูจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน ส่วนใหญ่เป็นปลาทูที่มาจากประชากรต่างประเทศเช่นเดียวกับในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก แต่เป็นปลาทูที่มาจากประชากรกัมพูชาเป็นหลัก (50.04%; 95%CI=28.73-62.80)

รองลงมาเป็นปลาหูจากประชากรมาเลเซีย (37.84%; 95%CI=19.65-52.67) ปัตตานี (6.24%; 95%CI=1.76-18.69) และสุราษฎร์ธานี (4%; 95%CI=0.74-13.50) ตามลำดับ

ส่วนผลผลิตปลาหูจากอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง พบว่าเป็นปลาหูที่มาจากประชากรอ้างอิงในประเทศไทยเป็นหลัก โดยส่วนใหญ่เป็นปลาหูจากประชากรสุราษฎร์ธานี (46.22%; 95%CI=26.90-57.15) รองลงมาเป็นปลาหูจากประชากรสมุทรสงคราม (22.65%; 95%CI=10.46-34.23) ตราด (16.01%; 95%CI=8.28-28.57) ปัตตานี (8.24%; 95%CI=2.58-18.10) และมาเลเซีย (5.46%; 95%CI=0.13-14.40) ตามลำดับ

อย่างไรก็ตามไม่พบว่าปลาหูจากประชากรประจวบคีรีขันธ์เข้ามามีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตประมงของแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่ง (0%; 95%CI มีค่าเริ่มต้นเท่ากับ 0)

4.2 การประเมินความถูกต้องของ MSA (MSA accuracy assessment)

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงจากข้อมูลจีโนไทป์จำลอง (simulated genotype) ให้ผลการวิเคราะห์จากแต่ละ mixture ที่มีสัดส่วนที่แตกต่างกัน 3 แบบ (ตารางที่ 4) ดังนี้

แบบที่ 1 100% simulation ข้อมูลจีโนไทป์ของ 8 pure mixture ที่จำลองมาจากแต่ละประชากรอ้างอิง ผล MSA แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนของแต่ละประชากร (estimated population contribution) ที่ประเมินได้ มีค่าตั้งแต่ 64.11% ถึง 99.02% (ค่าเฉลี่ย 85.89%) แบบที่ 2 Equal contribution simulation ข้อมูลจีโนไทป์ของ 1 mixture ที่มีสัดส่วนของประชากรอ้างอิงแต่ละประชากรเท่ากัน ผล MSA แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนของแต่ละประชากรที่ประเมินได้ มีค่าใกล้เคียงกับกับสัดส่วนจริงมาก (12.5%) โดยมีค่าอยู่ระหว่าง 11.22% ถึง 13.98% และแบบที่ 3 Realistic simulation ข้อมูลจีโนไทป์ของ 4 mixture ที่มีสัดส่วนของ 8 ประชากรอ้างอิงเท่ากับสัดส่วนจากผล MSA ปลาหูจากผลผลิตประมง ของแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทยทั้ง 4 แหล่ง ผล MSA แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนของแต่ละประชากรในแต่ละ mixture ใกล้เคียงกับกับสัดส่วนจริงของผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงแต่ละแหล่ง

ผล MSA ของข้อมูลจีโนไทป์ที่จำลองมาทั้ง 3 แบบ แสดงให้เห็นว่าข้อมูลพันธุกรรมของประชากรอ้างอิง และการทำ MSA ในการศึกษาให้ผลที่มีความถูกต้องแม่นยำ

ตารางที่ 4 สัดส่วนผลผลิตประมงที่ประเมินจากข้อมูลจีโนไทป์ของการจำลองข้อมูล 3 แบบ และของปลาจากผลผลิตการทำประมงในน่านน้ำไทย บริเวณ
อ่าวไทยตอนใน (n=507) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (n=351) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน (n=333) และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง (n=484)

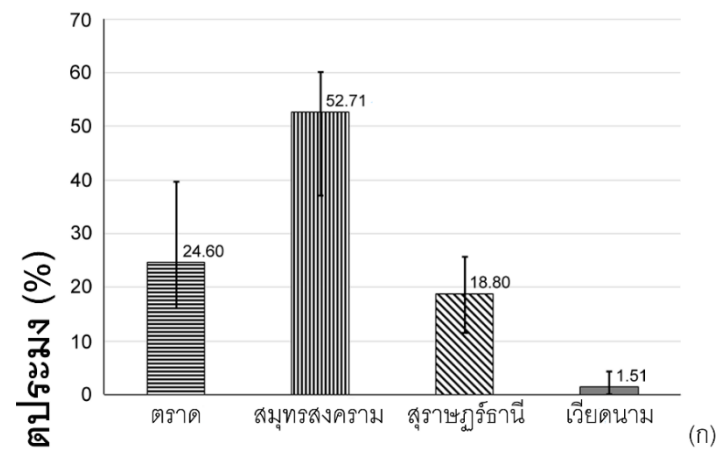
ประชากร	100% simulation		Equal contribution simulation	
	true (%)	estimate of simulated data (95%CI)	true (%)	estimate of simulated data (95%CI)
ตราด	100	92.87 (90.54-95.06)	12.5	12.74 (9.87-16.00)
สมุทรสงคราม	100	90.83 (88.23-93.30)	12.5	12.48 (9.64-15.87)
ประจวบคีรีขันธ์	100	99.02 (98.12-99.81)	12.5	12.08 (9.62-14.12)
สุราษฎร์ธานี	100	80.93 (77.72-84.03)	12.5	11.22 (7.25-14.46)
ปัตตานี	100	86.77 (83.87-89.69)	12.5	11.41 (8.20-16.52)
กัมพูชา	100	84.05 (80.10-87.87)	12.5	13.98 (9.56-19.82)
เวียดนาม	100	88.57 (85.88-91.15)	12.5	13.20 (9.29-16.79)
มาเลเซีย	100	64.11 (59.92-68.26)	12.5	12.88 (8.33-17.32)

ตารางที่ 4 (ต่อ)

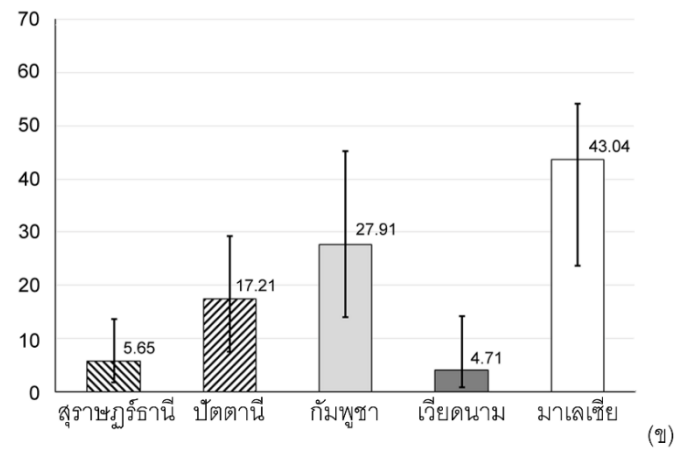
ประชากร	อำเภอไทยตอนใน		อำเภอไทยฝั่งตะวันออก	
	estimate (95%CI)	estimate of simulated data (95%CI)	estimate (95%CI)	estimate of simulated data (95%CI)
ตราด	24.60 (15.91-39.48)	25.91 (21.65-34.21)	1.22 (0.00-2.74)	1.03 (0.37-1.91)
สมุทรสงคราม	52.71 (37.33-60.38)	51.35 (42.87-55.60)	0.26 (0.00-1.15)	0.40 (0.00-1.00)
ประจวบคีรีขันธ์	0.00 (0.00-2.89)	0.23 (0.00-1.72)	0.00 (0.00-0.00)	0.13 (0.00-0.42)
สุราษฎร์ธานี	18.80 (11.36-25.48)	16.45 (10.93-18.21)	5.65 (1.92-13.70)	6.46 (3.74-10.08)
ปัตตานี	1.00 (0.00-3.55)	2.35 (1.22-4.84)	17.21 (7.15-28.92)	22.32 (16.56-30.63)
กัมพูชา	0.00 (0.00-1.90)	0.16 (0.00-2.71)	27.91 (14.66-45.22)	24.08 (17.90-35.35)
เวียดนาม	1.51 (0.06-4.49)	1.69 (0.77-3.58)	4.71 (0.97-15.11)	5.81 (3.80-10.69)
มาเลเซีย	1.38 (0.00-3.29)	1.85 (0.60-3.63)	43.04 (23.34-53.65)	39.77 (26.38-45.41)

ตารางที่ 4 (ต่อ)

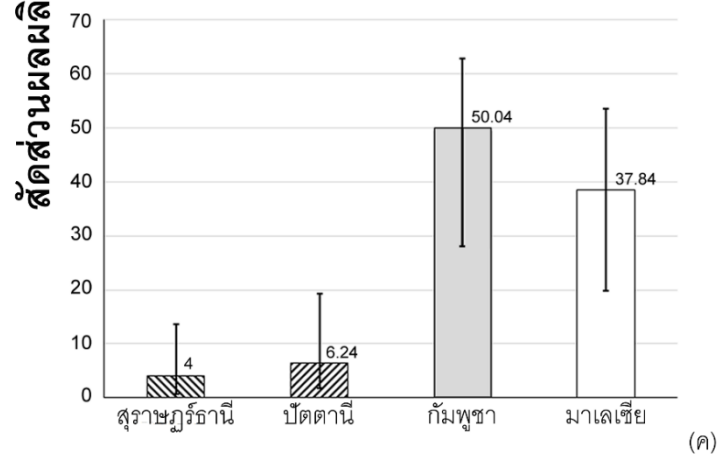
ประชากร	อำเภอไทยตอนกลางส่วนบน		อำเภอไทยตอนกลางส่วนล่าง	
	estimate (95%CI)	estimate of simulated data (95%CI)	estimate (95%CI)	estimate of simulated data (95%CI)
ตราด	0.00 (0.00-0.69)	0.00 (0.00-0.24)	16.01 (8.28-28.57)	17.71 (14.46-23.11)
สมุทรสงคราม	0.00 (0.00-0.00)	0.00 (0.00-0.00)	22.65 (10.46-34.23)	21.07 (16.77-24.65)
ประจวบคีรีขันธ์	0.00 (0.00-0.00)	0.00 (0.00-0.00)	0.00 (0.00-0.76)	0.06 (0.00-0.77)
สุราษฎร์ธานี	4.00 (0.74-13.50)	4.65 (2.58-8.91)	46.22 (26.90-57.15)	41.78 (31.12-43.63)
ปัตตานี	6.24 (1.76-18.69)	10.76 (7.71-19.77)	8.24 (2.58-18.10)	9.60 (6.86-13.83)
กำแพงเพชร	50.04 (28.73-62.80)	43.70 (31.73-53.16)	0.66 (0.00-6.36)	2.60 (1.48-7.91)
เวียงจันทน์	1.88 (0.00-9.21)	3.28 (1.60-7.93)	0.75 (0.00-5.43)	1.77 (0.75-4.86)
มาเลเซีย	37.84 (19.65-52.67)	34.77 (24.61-45.86)	5.46 (0.13-14.40)	5.41 (2.98-9.29)



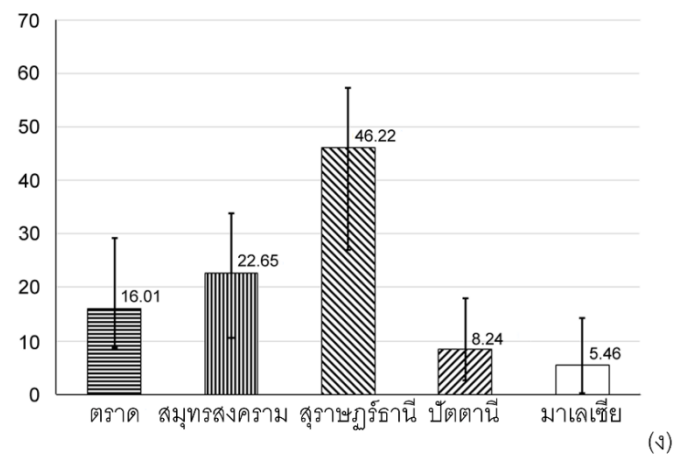
(ก)



(ข)



(ค)



(ง)

แหล่งแพร่ขยายพันธุ์

ภาพที่ 11 สัดส่วนและช่วงความเชื่อมั่น (95%CI) ของผลผลิตประมงปลาหูจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์แต่ละแหล่ง ที่ถูกทำประมงในบริเวณ (ก) อ่าวไทยตอนใน (ข) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (ค) อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และ (ง) อ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง

วิจารณ์

แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ หรือแหล่งกำเนิด (spawning ground) ของปลา คือ บริเวณที่พบปลาตัวเต็มวัยที่สมบูรณ์เพศเต็มที่และปลาวัยอ่อนเป็นจำนวนมากในฤดูผสมพันธุ์ (Ellis *et al.*, 2012) การศึกษาครั้งนี้พิจารณาแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาในอ่าวไทยทั้งหมด 8 แหล่งซึ่งมีลักษณะดังกล่าวข้างต้น โดยเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ในน่านน้ำของประเทศไทย 5 แหล่ง ประกอบด้วยบริเวณเกาะช้างและเกาะกูด จ.ตราด ซึ่งสอดคล้องกับรายงานการพบปลาวัยอ่อนวงศ์ปลาทุ-ลัง และปลาทุ-ลังตัวเต็มวัยที่มีความสมบูรณ์เพศเต็มที่อย่างทุกขุมในช่วงฤดูผสมพันธุ์ บริเวณหมู่เกาะช้าง จ.ตราด (นิรชา และคณะ, 2558; อุดม และ บุญฤทธิ์, 2555; อุดม และคณะ, 2556) หน้าปากแม่น้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม มีตามรายงานการพบปลาทุ-ลังตัวเต็มวัยที่มีความสมบูรณ์เพศเต็มที่บริเวณอ่าวไทยตอนใน ในช่วงฤดูผสมพันธุ์ (ปิยวรรณ และคณะ, 2549) และเนื่องจากอ่าวไทยตอนในมีแม่น้ำ 5 สายหลักที่ไหลลงสู่อ่าว จึงเลือกทะเลหน้าปากแม่น้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม เป็นตัวแทนพื้นที่อ่าวไทยตอนใน เนื่องจากมีคุณภาพน้ำดีที่สุด (สำนักจัดการคุณภาพน้ำ, 2563) ส่วนบริเวณชายฝั่งหัวหิน จ.ประจวบคีรีขันธ์ อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะอ่างทอง จ.สุราษฎร์ธานี และชายฝั่งปัตตานี พบปลาวัยอ่อนในวงศ์ และสกุลปลาทุ-ลัง จำนวนมากในช่วงฤดูผสมพันธุ์เช่นกัน (ธิดารัตน์ และคณะ, 2549; นิรชา และคณะ, 2557; นิรชา และคณะ, 2558; พนิดา และคณะ, 2550) แม้ว่าข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลาในประเทศไทย เวียดนาม และมาเลเซีย ยังมีไม่มากเพียงพอ แต่บริเวณที่เก็บตัวอย่างจาก 3 ประเทศนี้ พบปลาทุ-ลังตัวเต็มวัยสมบูรณ์เพศเต็มที่ที่เป็นจำนวนมากในช่วงฤดูผสมพันธุ์ ดังนั้นปลาวัยอ่อน และ ปลาทุ-ลังตัวเต็มวัยที่มีความสมบูรณ์เพศเต็มที่ ที่เก็บตัวอย่างจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ทั้ง 8 แหล่งนี้ จึงถูกใช้เป็นประชากรอ้างอิงของปลาในอ่าวไทย

1. ความหลากหลาย และความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ้างอิง

เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ คือ เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ซึ่งในขั้นแรกของการวิเคราะห์ผล เป็นการทดสอบ linkage disequilibrium ของไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่ง ว่าเป็นอิสระต่อกันหรือไม่ ซึ่งพบว่าไมโครแซทเทลไลท์ทั้งหมด 11 ตำแหน่งมีความเป็นอิสระต่อกัน สอดคล้องกับการศึกษาของ (สิริธร, 2559; สิริธร และคณะ, 2559; Kongsang *et al.*, 2017; Kongseng *et al.*, 2020; Munpholsri *et al.*, 2013)

จากการคำนวณค่า inbreeding coefficient (F_{IS}) ในทุกประชากรอ้างอิง พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.080-0.212 (ตารางที่ 2) ซึ่งเป็นค่าบวกเล็กน้อย แสดงให้เห็นว่าการผสมพันธุ์ระหว่างเครือญาติภายในแต่ละประชากรเกิดขึ้นในระดับต่ำ สอดคล้องกับค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของทั้ง 8 ประชากรที่อยู่ในระดับสูง (ค่าเฉลี่ย $H_O=0.504$, ค่าเฉลี่ย $H_E=0.609$ และค่าเฉลี่ย $A_R=5.479$) จากการทดสอบสมมติฐานฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กในประชากรอ้างอิง พบว่าทั้ง 8 ประชากรไม่อยู่ในสมมติฐานฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ($p<0.01$) ซึ่งจากการที่ปลาหูเป็นปลาอพยพ การถ่ายเทยีน (gene flow) ระหว่างประชากรจึงอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้ประชากรไม่อยู่ในสมดุล และจากการศึกษาก่อนหน้านี้ซึ่งแม้จะพบว่าปลาหูมีฤดูแพร่ขยายพันธุ์ในช่วงต้นถึงกลางปี แต่ยังไม่พบปลาหูสมบูรณ์เพศเต็มทีในแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ได้ตลอดทั้งปี (กำพล และ ธศินี, 2550; ทศพล และคณะ, 2550; ปิยวรรณ และคณะ, 2549; อุดม และ บุญฤทธิ์, 2555) จึงเป็นไปได้ว่า ในแต่ละแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ประกอบด้วยประชากรย่อยหลายประชากร (sub-population) ดังนั้นผลจาก Wahlund effect (Wahlund, 1928) เกิดขึ้น ทำให้ประชากรอ้างอิงในการศึกษารุ่นนี้ไม่อยู่ในสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก และจากการพิจารณาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากร (ตารางที่ 2) พบว่าปลาหูประชากรตรวด สมุทรสงคราม สุราษฎร์ธานี ปัตตานี กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ($H_E=0.566-0.675$, $H_O=0.495-0.561$ และ $A_R=4.899-6.355$) ในขณะที่ประชากรประจวบคีรีขันธ์มีความหลากหลายในระดับสูงเช่นกัน ($H_E=0.492$, $H_O=0.389$ และ $A_R=4.591$) แต่เป็นค่าที่ต่ำกว่าประชากรอื่นเมื่อเปรียบเทียบกัน

ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ้างอิงแต่ละแหล่ง ซึ่งพิจารณาจาก genic differentiation test ค่า pairwise F_{ST} (ตารางที่ 3) และ PCA plot (ภาพที่ 9) พบว่าทุกประชากรอ้างอิงมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($p<0.01$) โดยค่าความแตกต่างอยู่ในระดับปานกลาง (global $F_{ST}=0.117$) ซึ่งแสดงให้เห็นว่ามีการอพยพไปมาระหว่างกัน มีการถ่ายเทพันธุกรรม หรือการถ่ายเทยีน (gene flow) ระหว่างประชากรในระดับปานกลาง แต่พฤติกรรมการอพยพที่เกิดขึ้นระหว่างประชากรปลาหูนี้ยังไม่มากพอที่จะทำให้ทุกประชากรมีพันธุกรรมเหมือนกัน ดังนั้นความแตกต่างระหว่างประชากรจึงยังมีอยู่ และสังเกตเห็นเป็นโครงสร้างประชากรปลาหูในอ่าวไทยได้ เมื่อพิจารณาค่า pairwise F_{ST} ระหว่างประชากร และ PCA plot ไปพร้อมกัน พบว่า ประชากรปัตตานี กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซียมีความใกล้ชิดกันมากทางพันธุกรรม (pairwise $F_{ST}=0.005-0.037$) แสดงว่ามีการอพยพ หรือการถ่ายเทยีนระหว่างประชากรเหล่านี้อยู่ในระดับสูง และทั้ง 4 ประชากรนี้ต่างมีความใกล้ชิดกับประชากรสุราษฎร์ธานี (pairwise $F_{ST}=0.021-0.042$) เช่นเดียวกันกับประชากรตรวดที่มีความใกล้ชิดมากทางพันธุกรรมกับประชากรสมุทรสงคราม (pairwise $F_{ST}=0.012$) ในขณะที่ประชากรประจวบคีรีขันธ์เป็นประชากร

เดียวที่แยกห่างออกไปจาก 7 ประชากรที่เหลืออย่างชัดเจน โดยมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับประชากรอื่นในระดับปานกลางถึงระดับสูงมาก (pairwise F_{ST} =0.064-0.278) ซึ่งหมายความว่า การอพยพและการถ่ายเทยีนที่เกิดขึ้นอยู่ในระดับปานกลางจนถึงต่ำมาก นอกจากนี้ผลจาก Mantel test (ภาพที่ 10) ยืนยันว่าระยะทางทางภูมิศาสตร์ระหว่างประชากรมีผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ดังนั้นระดับความแตกต่างทางพันธุกรรมและการถ่ายเทยีนที่เกิดขึ้นระหว่างประชากร มีความสัมพันธ์กับระยะทางทางภูมิศาสตร์ระหว่างประชากร

จากการที่ประชากรประจวบคีรีขันธ์มีโอกาสดำรงพันธุกรรมเพิ่มเติมจากประชากรอื่นได้น้อย ทำให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรต่ำที่สุด และเป็นไปได้ว่าประชากรประจวบคีรีขันธ์จะมีจำนวนสมาชิกน้อยกว่าประชากรอื่นในอ่าวไทย จึงอาจได้รับผลกระทบทางลบจากการทำประมงได้มากกว่าประชากรอื่น

2. ความถูกต้องของ MSA จากข้อมูลประชากรอ้างอิง

การจำลองข้อมูลจีโนไทป์ปลาทุจากความถี่แอลลีลของประชากรอ้างอิง ใน mixture ที่สร้างขึ้น โดยมีสัดส่วนที่แตกต่างกัน 3 แบบ เพื่อใช้ประเมินความถูกต้องของผล MSA พบว่า เมื่อพิจารณาการจำลองข้อมูลจีโนไทป์ที่เป็นแบบ 100% simulation (ตารางที่ 4) ผล MSA ของ 8 mixture ที่จำลองมาจากข้อมูลจีโนไทป์ประชากรอ้างอิงครั้งละประชากร มีความถูกต้องในการวิเคราะห์ผลมากกว่า 80% (>80% correct) ยกเว้นจากประชากรมาเลเซียที่มีความถูกต้องเพียง 64.11% (64.11% correct) ซึ่งความผิดพลาดประมาณ 35% (incorrectly assigned) นี้เกิดจากการที่ปลาบางส่วนถูกตัดสินว่ามีต้นกำเนิดจากประชากรสุราษฎร์ธานี ปัตตานี กัมพูชา หรือ เวียดนาม แทนที่จะเป็นประชากรมาเลเซีย เนื่องจากทั้ง 5 ประชากรนี้มีพันธุกรรมคล้ายกันมาก (ตารางที่ 3 และรูปที่ 9) ดังนั้นการวิเคราะห์ผลจึงเกิดความผิดพลาดได้ง่าย

ในขณะที่การจำลองข้อมูลจีโนไทป์แบบ Equal contribution simulation สัดส่วนของแต่ละประชากรมีค่าใกล้เคียงกันกับสัดส่วนจริง (12.5%) และมีช่วง 95%CI แคบมาก ส่วนการจำลองข้อมูลจีโนไทป์แบบ Realistic simulation ซึ่งเป็นรูปแบบที่ใช้กันโดยทั่วไปสำหรับประเมินความถูกต้องของผลการวิเคราะห์ MSA ในการศึกษาที่ผ่านมา (Kongseng *et al.*, 2020; Östergren *et al.*, 2016; Swatdipong *et al.*, 2013) สัดส่วนของแต่ละประชากรมีค่าใกล้เคียงกันกับสัดส่วนจริง และมีช่วง 95% CI แคบเช่นกัน (ตารางที่ 4)

ผลการวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (MSA) จากการจำลองจีโนไทป์ทั้ง 3 แบบ แสดงให้เห็นว่าจีโนไทป์ของประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร ให้ข้อมูลพันธุกรรมที่มากเพียงพอสำหรับการทำ MSA ปลาจากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทย

3. การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง (MSA) ในอ่าวไทย

ปลาทั้งหมดที่ถูกสุ่มตัวอย่างมาจากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทยทั้ง 4 แหล่ง มีความยาวทั้งหมดเฉลี่ย 16.97 ± 1.53 เซนติเมตร ซึ่งมากกว่าความยาวปลาทูตัวเต็มวัยที่รายงานโดย FAO (Collette and Nauen, 1983), กำพล และ ฐิตินี (2550) และอุดม และ บุญฤทธิ์ (2555) ดังนั้นตัวอย่างปลาที่ใช้ในการศึกษานี้จึงเป็นตัวอย่างปลาที่ดีจากการทำประมงอย่างยั่งยืน เนื่องจากขนาดปลาที่ใช้ในการศึกษาเป็นปลานขนาดตัวเต็มวัย มีโอกาสได้แพร่ขยายพันธุ์ก่อนถูกทำประมง จากการวิเคราะห์ปลาทูตัวเต็มวัยที่ถูกจับมาจากแหล่งประมงทั้ง 4 แหล่งร่วมกันกับประชากรอ้างอิงจากแหล่งผสมพันธุ์วางไข่ทั้ง 8 แหล่ง โดยใช้โปรแกรม BAPS พบว่าปลาทูตัวเต็มวัยทั้งหมด 1,675 ตัว มีความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมกับปลาทูประชากรอ้างอิงที่มีอยู่ และไม่มีปลาทูตัวใดมาจากประชากรอื่น ดังนั้นปลาทูทั้งหมดจึงเหมาะสมในการเป็นตัวแทนที่ของปลาทูจากแหล่งผสมพันธุ์วางไข่ทั้ง 8 แหล่งในอ่าวไทย

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงของปลาทูตัวเต็มวัยที่ถูกจับในแหล่งประมงทั้ง 4 แหล่ง จากข้อมูลเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง เทียบกับประชากรอ้างอิง พบว่าผลผลิตจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่งมีสัดส่วนปลาที่เกิดจากประชากรอ้างอิงแต่ละประชากรแตกต่างกัน (ตารางที่ 4 และภาพที่ 11) และแสดงให้เห็นว่าปลาทูในอ่าวไทยเป็นปลาที่มีพฤติกรรมอพยพ และบางประชากรมีการอพยพไปยังน่านน้ำประเทศใกล้เคียง (transboundary migration) ซึ่งการศึกษาก่อนหน้านี้เน้นศึกษาปลาทูในอ่าวไทยเฉพาะน่านน้ำไทย แต่การศึกษานี้ได้มีการขยายขอบเขต โดยเพิ่มเติมประชากรปลาทูที่มีแหล่งกำเนิดในน่านน้ำประเทศกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย รวมทั้งหมด 3 ประชากร รวมเป็นการศึกษาที่ครอบคลุมน่านน้ำรอบทั้ง 4 ประเทศซึ่งล้อมรอบอ่าวไทย ซึ่งเป็นทั้งแหล่งแพร่ขยายพันธุ์วางไข่ และแหล่งอาศัยที่สำคัญของปลาทู ดังนั้นประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากรที่ใช้ในการวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงปลาจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่งในการศึกษานี้ จึงทำให้สามารถยืนยันได้ว่าปลาทูในอ่าวไทยเป็น transboundary species ซึ่งจะกล่าวถึงต่อไป

เมื่อพิจารณาแต่ละประชากร ปลาที่มีแหล่งแพร่ขยายพันธุ์บริเวณหน้าปากแม่น้ำแม่กลอง จ.สมุทรสงคราม มีส่วนร่วมในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน มากถึง 52.71% ซึ่งแสดงให้เห็นว่าปลาประชากรสมุทรสงครามเป็นประชากรที่หาอาหาร และเจริญเติบโตในบริเวณใกล้แหล่งแพร่ขยายพันธุ์มากกว่าจะอพยพไปยังแหล่งอาหารอื่นที่อยู่ไกลออกไป (sedentary behavior) สอดคล้องกับการศึกษาของ สิริธร (2559) ที่วิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงจากการทำประมงปลาบริเวณอ่าวไทยตอนในโดยใช้ประชากรอ้างอิง 4 ประชากร คือ ประชากรตราด สมุทรสงคราม ประจวบคีรีขันธ์ และสุราษฎร์ธานี ซึ่งพบว่าปลาส่วนใหญ่ที่ถูกจับได้ในแหล่งทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนในเป็นปลาที่มีแหล่งกำเนิดมาจากสมุทรสงคราม และการศึกษาของ Kongseng *et al.* (2020) ที่วิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงจากการทำประมงปลาบริเวณอ่าวไทยตอนในเช่นเดียวกัน แต่ใช้ประชากรอ้างอิง 5 ประชากร (เพิ่มประชากรอ้างอิงปัตตานี) ซึ่งพบว่าปลาจากประชากรสมุทรสงครามอาศัยในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนในตลอดทั้งปี ดังนั้นถึงแม้ว่าจะมีการเพิ่มประชากรอ้างอิงในการศึกษาคั้งนี้เป็น 8 ประชากร (เพิ่มประชากรอ้างอิงกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย) การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงของประชากรสมุทรสงครามยังคงเป็นสิ่งสำคัญในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน และยังพบอีกว่าอ่าวไทยตอนในเป็นแหล่งอาศัยของปลาที่มีต้นกำเนิดในน้ำไทยเป็นหลัก (97.11% จากตราด สมุทรสงคราม, สุราษฎร์ธานี และปัตตานี) จึงสามารถกล่าวได้ว่าอ่าวไทยตอนในเป็นแหล่งอาหารที่สำคัญต่อประชากรปลาของไทย โดยพื้นที่อ่าวไทยตอนในมีแม่น้ำขนาดใหญ่ที่ไหลลงสู่ปากอ่าวถึง 5 สาย คือ แม่น้ำบางปะกง เจ้าพระยา ท่าจีน แม่กลอง และเพชรบุรี (กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง, 2556) ส่งผลให้อ่าวไทยตอนในเป็นแหล่งที่มีมีความอุดมสมบูรณ์ตามธรรมชาติ มีตะกอนอินทรีย์สาร และแพลงก์ตอนสูง ปลาที่อาศัยในพื้นที่นี้จึงเป็นปลาที่มีคุณภาพ รสชาติดี และมีมูลค่าสูงในท้องตลาด อย่างไรก็ตามมีปลาบางส่วนจากประชากรสมุทรสงครามอพยพไปยังอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง และมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงในพื้นที่ดังกล่าวเป็นอันดับสอง (22.65%) แต่ปลาจากประชากรสมุทรสงครามไม่ได้มีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญ (ค่า 0 ถูกรวมอยู่ใน 95%CI) ในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก และอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน ซึ่งเป็นพื้นที่ติดกับอ่าวไทยตอนใน และโดยเฉพาะอ่าวไทยตอนกลางส่วนบนเป็นพื้นที่ในเส้นทางการอพยพของประชากรสมุทรสงครามจากอ่าวไทยตอนในลงมายังอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง

ปลาที่มีแหล่งแพร่ขยายพันธุ์บริเวณเกาะช้าง และเกาะภูเก็ต จ.ตราด อพยพจากแหล่งกำเนิดมายังอ่าวไทยตอนใน และมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง 24.60% จากพื้นที่ดังกล่าว รองลงมาจากประชากรสมุทรสงคราม และมีปลาบางส่วนจากประชากรตราดอพยพไปยังอ่าวไทย

ตอนกลางส่วนล่างโดยมีส่วนร่วมในผลผลิตประมง 16.01% แต่ไม่มีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตประมงทั้งจากบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และอ่าวไทยฝั่งตะวันออกซึ่งเป็นแหล่งทำการประมงที่อยู่ใกล้แหล่งกำเนิดมากที่สุด แสดงให้เห็นว่าปลาทุประชากรตราดมักอพยพจากแหล่งกำเนิดไปยังแหล่งอาหารอื่น (migratory behavior) ก่อนที่จะกลับมายังแหล่งกำเนิดในระยะสมบูรณ์เพศเต็มเพื่อการแพร่ขยายพันธุ์ สอดคล้องกับการศึกษาของ สิริธร (2559) และ Kongseng *et al.* (2020) ซึ่งไม่ได้นำข้อมูลประชากรปลาทุจากต่างประเทศมาร่วมในการวิเคราะห์ผลด้วย โดยพบปลาทุจากประชากรตราด มีสัดส่วนในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน ในลำดับรองลงมาเช่นเดียวกัน อย่างไรก็ตามบริเวณเกาะช้าง และเกาะกูด ซึ่งเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของประชากรตราด และอยู่ภายในพื้นที่อ่าวไทยฝั่งตะวันออกนั้น เป็นส่วนหนึ่งของอุทยานแห่งชาติซึ่งห้ามไม่ให้มีการทำประมงตลอดทั้งปี ดังนั้นอาจมีปลาทุตัวเต็มวัยประชากรตราดจำนวนไม่น้อยที่อาศัยและหาอาหารอยู่ใกล้แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ จึงไม่ถูกจับ และทำให้ไม่พบการมีส่วนร่วมมากนักในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก

ปลาทุประชากรสุราษฎร์ธานีจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์บริเวณหมู่เกาะอ่างทอง จ.สุราษฎร์ธานี เป็นประชากรที่พบการมีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่งในการศึกษารั้งนี้ โดยมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่างมากที่สุด (46.22%) เนื่องจากเป็นแหล่งทำการประมงที่อยู่ใกล้แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของประชากรสุราษฎร์ธานีมากกว่าแหล่งทำการประมงอื่น โดยประชากรสุราษฎร์ธานีเป็นประชากรปลาทุที่ถูกรายงานว่าเป็นประชากรที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในน่านน้ำไทย และมีการศึกษาเส้นทางการอพยพของประชากรนี้จากอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่างเข้ามายังอ่าวไทยตอนในมาอย่างยาวนาน จากข้อมูลเส้นทางการอพยพของปลาทุในอ่าวไทย โดยกรมประมง (2508) ซึ่งใช้วิธีติดเครื่องหมายที่ลำตัวปลา (physical tags) พบว่าปลาทุประชากรสุราษฎร์ธานีมีการอพยพตามแนวชายฝั่งฝั่งตะวันตกของอ่าวไทย จากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์นอกฝั่ง จ.สุราษฎร์ธานี ผ่านแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ จ.ประจวบคีรีขันธ์ เข้ามายังอ่าวไทยตอนใน สอดคล้องกับผลการศึกษาของ Kongseng *et al.* (2020) ซึ่งพบปลาทุสุราษฎร์ธานีบริเวณอ่าวไทยตอนในตลอดทั้งปี พบมากในช่วงเดือนเมษายน ถึงมิถุนายน เพื่อหาอาหาร และเจริญเติบโตก่อนที่จะอพยพกลับไปวางไข่ที่แหล่งกำเนิด และสอดคล้องกับการพบปลาทุวัยอ่อนบริเวณชายฝั่งสุราษฎร์ธานีเป็นจำนวนมากในเดือนมกราคม ถึงมีนาคม (Chalee *et al.*, 2007) ดังนั้นผลการศึกษารั้งนี้จึงเป็นการยืนยันเส้นทางการอพยพดังกล่าว และปลาทุบางส่วนจากประชากรสุราษฎร์ธานียังมีการอพยพจากแหล่งกำเนิดไปยังแหล่งหาอาหารแหล่งอื่นนอกจากอ่าวไทยตอนใน โดยในการศึกษารั้งนี้พบว่า ประชากรสุราษฎร์ธานีมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน 18.80% อ่าวไทยฝั่งตะวันออก 5.65% และ

อ่าวไทยตอนกลางส่วนบน 4% เมื่อพิจารณาถึงค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรสุราษฏร์ธานี พบว่าเป็นประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงที่สุด (ตารางที่ 1) และระดับการถ่ายเทยีนที่เกิดขึ้นระหว่างประชากรสุราษฏร์ธานีและประชากรอื่นอยู่ในระดับกลางถึงระดับสูง (ตารางที่ 2) จึงเป็นการยืนยันได้ว่าประชากรสุราษฏร์ธานีเป็นประชากรที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในน่านน้ำไทยและมีความสำคัญต่อการเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมให้ปลาทุประชากรอื่นในอ่าวไทย

จากการศึกษาของ นิรชา และคณะ (2557) พบว่าชายฝั่ง จ.ปัตตานี เป็นบริเวณที่พบปลาวัยอ่อนสกุลปลาทุ-ล้ง เป็นจำนวนมากในช่วงฤดูผสมพันธุ์ ดังนั้นจึงถูกระบุว่าเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลาทุที่สำคัญอีกแหล่งหนึ่งทางตอนใต้ของประเทศไทยนอกจากบริเวณหมู่เกาะอ่างทอง จ.สุราษฏร์ธานี ดังนั้นปลาทุจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์นอกฝั่ง จ.ปัตตานี จึงถูกนำมาใช้เป็นประชากรอ้างอิงใน Kongsang *et al.* (2017), Kongseng *et al.* (2020) และการศึกษาครั้งนี้ จากการวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงทั้ง 4 แหล่ง พบว่า ปลาทุประชากรปัตตานีเป็นประชากรที่มีเส้นทางการอพยพไกลเมื่อเทียบกับประชากรอื่นของไทย โดยมีการอพยพไปยังแหล่งอาหารบริเวณอ่าวไทยตอนกลางทั้งส่วนบนและส่วนล่าง ซึ่งมีสัดส่วนในผลผลิตประมงคิดเป็น 6.24% และ 8.24% ตามลำดับ นอกจากนี้ปลาบางส่วนของประชากรดังกล่าวยังมีการอพยพไปยังอ่าวไทยฝั่งตะวันออกอีกด้วย คิดเป็นสัดส่วนผลผลิตประมง 17.21% แต่ไม่พบปลาทุจากประชากรปัตตานีในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน ดังนั้นอาจสันนิษฐานได้ว่าปลาทุประชากรปัตตานีมีการอพยพจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ ตามแนวชายฝั่งตะวันตกของอ่าวไทยผ่านอ่าวไทยตอนกลาง จากนั้นอพยพข้ามไปยังอ่าวไทยฝั่งตะวันออกโดยตรง โดยไม่เข้าไปยังอ่าวไทยตอนใน สอดคล้องกับการศึกษาของ Kongseng *et al.* (2020) ที่พบประชากรปัตตานีในอ่าวไทยฝั่งตะวันออกตลอดทั้งปี แต่เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้มีการเพิ่มประชากรอ้างอิงจากกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซียเข้ามาในการวิเคราะห์ผล จึงส่งผลให้สัดส่วนการมีส่วนร่วมผลผลิตประมงของประชากรปัตตานีบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออกในการศึกษาครั้งนี้ (17.21%) แตกต่างไปจากสัดส่วน (78.46%) ที่รายงานโดย Kongseng *et al.* (2020) เป็นไปได้ว่าประชากรปัตตานี กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย เป็นประชากรที่มีการถ่ายเทยีนระหว่างกันในระดับสูง จึงพบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้น้อย (ตารางที่ 2 และภาพที่ 9) และส่งผลให้การประเมินสัดส่วนในผลผลิตประมงเกิดความผิดพลาดได้ง่ายหากประชากรต้นกำเนิดที่แท้จริงไม่ได้ถูกนำมาใช้ร่วมด้วยในการวิเคราะห์ผล ดังนั้นในการศึกษาของ Kongseng *et al.* (2020) ปลาทุตัวเต็มวัยในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออกที่มีต้นกำเนิดจากปลาทุประชากรกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย จึงมีผลการวิเคราะห์ผิดพลาดว่ามีต้นกำเนิดจากประชากรปัตตานี ซึ่งมีพันธุกรรม

ใกล้เคียงกันมากแทน และทำให้การประเมินสัดส่วนในผลผลิตการทำประมงตลาดเคลื่อนไปจากความเป็นจริง ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการเพิ่มประชากรอ้างอิงในการศึกษาสิ่งมีชีวิตที่มีการอพยพ และมียุทธศาสตร์การถ่ายเทยีนระหว่างประชากรสูง จะทำให้ได้ผลการวิเคราะห์ที่น่าเชื่อถือและถูกต้องมากขึ้น

การวิเคราะห์การมีส่วนร่วมของประชากรอ้างอิงในผลผลิตจากแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่ง (ตารางที่ 3 และภาพที่ 11) พบว่า ปลาทุประชากรักมพูชา เวียดนาม และมาเลเซียมีส่วนร่วมมากกว่า 75% ในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก และอ่าวไทยตอนกลาง ส่วนบน โดยปลาทุประชากรักมพูชาที่อพยพมายังแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก มีสัดส่วนอยู่ในผลผลิตประมงเป็นอันดับสอง (27.91%) อาจเป็นเพราะแหล่งทำการประมงดังกล่าว อยู่ใกล้กับน่านน้ำประเทศกัมพูชามากที่สุด และปลาทุบางส่วนจากประชากรกัมพูชามีการอพยพ ข้ามไปยังฝั่งตะวันตกของอ่าวไทย โดยมีสัดส่วนในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน มากที่สุดถึง 50.04% แต่ไม่ได้อพยพต่อไปยังอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง และไม่ได้อพยพเข้าไปยัง อ่าวไทยตอนใน ในขณะที่ปลาทุประชากรเวียดนามอพยพจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ บริเวณเกาะ พูโก๊วก (Phú Quốc) และนอกชายฝั่งเมืองท่าเตียน (Hà Tiên) ประเทศเวียดนาม ผ่านน่านน้ำ ประเทศกัมพูชา และเข้าไปมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออกเพียง 4.71%

ปลาทุที่มีแหล่งกำเนิดบริเวณนอกชายฝั่ง อำเภอดุมปัต (Tumpat) รัฐกลันตัน ประเทศ มาเลเซีย ซึ่งพื้นที่อยู่ทางใต้สุดของอ่าวไทย มีการอพยพเข้ามาในน่านน้ำไทย และมีส่วนร่วม เล็กน้อย (5.46%) ในผลผลิตประมงจากอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง มีส่วนร่วมอันดับที่สอง (37.84%) ในผลผลิตประมงจากอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน และมีส่วนร่วมมากที่สุด (43.04%) ใน ผลผลิตประมงจากอ่าวไทยฝั่งตะวันออก ผลการศึกษานี้จึงเป็นหลักฐานที่แสดงให้เห็นปลาทุ ประชากรมาเลเซียมีเส้นทางการอพยพจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ มายังแหล่งอาหารไกลที่สุดเมื่อ เทียบกับประชากรอื่นในอ่าวไทย และจากการที่ปลาทุจากประเทศกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย มีเส้นทางการอพยพออกจากรน่านน้ำประเทศตัวเองมายังน่านน้ำไทย (transboundary migration) จึงเป็นไปได้ว่าปลาทุที่มีแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ในประเทศไทย อาจมีการอพยพไปยังแหล่งทำการ ประมงของ 3 ประเทศนี้ได้เช่นกัน ดังนั้นเพื่อเป็นการพิสูจน์สมมติฐานดังกล่าว การศึกษาถึงการมี ส่วนร่วมในผลผลิตประมงในแหล่งทำการประมงของประเทศกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย จาก ประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร จึงเป็นที่น่าสนใจ และอาจนำข้อมูลที่ได้ไปประกอบการพิจารณา การจัดการประมงร่วมกันระหว่างประเทศได้

สำหรับปลาทุประชากรประจวบคีรีขันธ์ เป็นประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำกว่าประชากรอื่น (ตารางที่ 1) และมีพันธุกรรมที่แตกต่างจากประชากรอื่นมากที่สุด (ภาพที่ 2) จากการศึกษาของ สิริธร และคณะ (2559) และ Kongseng *et al.* (2020) ไม่พบการมีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญของประชากรประจวบคีรีขันธ์ในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงใดในอ่าวไทย จึงเป็นไปได้มากที่ปลาทุจากประชากรประจวบคีรีขันธ์มีแหล่งหาอาหารอยู่นอกพื้นที่ศึกษาทั้งสองครั้งข้างต้น ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้นอกจากจะเพิ่มประชากรอ้างอิงจากต่างประเทศจำนวน 3 ประชากรแล้ว การขยายพื้นที่ศึกษาเพื่อการวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงของแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทยตอนกลาง ก็เพื่อตรวจสอบว่าเป็นพื้นที่ซึ่งประชากรประจวบคีรีขันธ์ใช้เป็นแหล่งหาอาหารเพื่อการเจริญเติบโตหรือไม่ อย่างไรก็ตามจากการวิเคราะห์การมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงของแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่ง โดยใช้ประชากรอ้างอิงทั้ง 8 ประชากร พบว่า ประชากรประจวบคีรีขันธ์ยังคงไม่มีส่วนร่วมในผลผลิตประมงของแหล่งประมงใด โดยเฉพาะบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน ซึ่งเป็นบริเวณที่ใกล้แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของประชากรดังกล่าวมากที่สุด (0%; 95%CI=0-0) ดังนั้นแหล่งหาอาหารเพื่อการเจริญเติบโตของประชากรประจวบคีรีขันธ์ จึงยังคงเป็นข้อสงสัยต่อไป และจากการที่นอกชายฝั่ง อ.หัวหิน จ.ประจวบคีรีขันธ์ เป็นบริเวณที่พบปลาวัยอ่อนสกุลปลาทุ-ดง เป็นจำนวนมากในช่วงฤดูผสมพันธุ์ และถูกรายงานว่าเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ที่สำคัญของปลาทุในน่านน้ำไทย (พัชรี และ นพรัตน์, 2548) ดังนั้นผลผลิตประมงจากปลาทุประชากรประจวบคีรีขันธ์จึงควรมีปริมาณมาก และมีความสำคัญทางเศรษฐกิจ การศึกษาการมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงให้ครอบคลุมแหล่งทำการประมงแหล่งอื่นในอ่าวไทย เช่น บริเวณอ่าวไทยตอนล่าง และพื้นที่อื่น จึงควรมีการดำเนินการ เพื่อทราบถึงการอพยพของปลาทุประชากรประจวบคีรีขันธ์ และมีการจัดการทรัพยากรอย่างเหมาะสม

ผลการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่า แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ทั้ง 8 แหล่งเป็นพื้นที่ซึ่งมีความสำคัญต่อการจัดการทรัพยากรปลาทุให้มีความยั่งยืน ในประเทศไทย กรมประมงเป็นหน่วยงานที่ทำการศึกษาด้านการจัดการทรัพยากรทางทะเลอย่างต่อเนื่อง มีการออกข้อบังคับกฎหมายหลายฉบับ ที่เกี่ยวข้องกับข้อกำหนดในการจับสัตว์น้ำหลายชนิด ซึ่งมีการกำหนดชนิดเครื่องมือทำการประมงที่สามารถใช้ในการจับสัตว์น้ำอย่างถูกกฎหมาย ขนาดตาอวน พื้นที่การทำประมง และมีบทลงโทษต่างๆ เพื่อหยุดการทำประมงที่มากเกินไป (overfishing) ซึ่งส่งผลให้ทรัพยากรสัตว์น้ำลดน้อยลง มาตรการสำคัญอย่างหนึ่งที่ยังกรมประมงใช้ในการอนุรักษ์ และฟื้นฟูทรัพยากรประมงในอ่าวไทย คือ มาตรการปิดอ่าว ซึ่งเป็นมาตรการที่ห้ามใช้เครื่องมือทำการประมงบางประเภท ห้ามการทำประมงในบางพื้นที่ของอ่าวไทยในช่วงฤดูผสมพันธุ์ และวางไข่ของปลา จึงเป็นการปกป้องและเปิดโอกาสให้พ่อแม่ปลาได้แพร่ขยายพันธุ์ ก่อนที่จะถูกจับโดยการทำการประมง

รวมทั้งเป็นการปกป้องปลาวัยอ่อนระหว่างเส้นทางการอพยพตามธรรมชาติไปยังแหล่งเลี้ยงตัวเพื่อ การเจริญเติบโต มาตรการนี้มีส่วนสำคัญต่อการฟื้นฟูทรัพยากรปลาทู และยังสามารถช่วยให้ผลผลิต ประมงปลาทูในอ่าวไทยเพิ่มขึ้นได้ โดยมาตรการปิดอ่าวเริ่มตั้งแต่วันที่ 15 กุมภาพันธ์ ถึง 30 กันยายนของทุกปี ตั้งแต่น่านน้ำบริเวณ จ.สุราษฎร์ธานี ชุมพร ประจวบคีรีขันธ์ ไปจนถึงอ่าวไทย ตอนใน ซึ่งในแต่ละพื้นมีช่วงเวลาในการปิดอ่าวที่ต่อเนื่องกันไป ในขณะที่แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ ปลาทูนอกฝั่ง จ.ตราด ซึ่งเป็นส่วนหนึ่งของอุทยานแห่งชาติหมู่เกาะช้าง พื้นที่ดังกล่าวไม่อนุญาตให้ ทำประมง ผลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้จึงเป็นส่วนหนึ่งที่สนับสนุนความสำคัญของพื้นที่อุทยาน แห่งชาติ และในกรณีของแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาทูบริเวณชายฝั่ง จ.ปัตตานี ซึ่งเป็นพื้นที่ที่ไม่เคยมี การปิดอ่าวมาก่อน แต่เนื่องจากทั้งการศึกษาของ Kongseng *et al.* (2020) และการศึกษาครั้งนี้ ยืนยันได้ว่าประชากรปัตตานีมีส่วนร่วมในผลผลิตประมงปลาทูในอ่าวไทยอย่างมีนัยสำคัญ อีกทั้ง อาจมีส่วนช่วยเพิ่มผลผลิตปลาทูในอ่าวไทยได้ ดังนั้นหากมีการสร้างท่าเรือขนาดใหญ่ หรือการ พัฒนานิคมอุตสาหกรรมในบริเวณใกล้เคียง ผลภาวะที่เกิดขึ้นจะส่งผลกระทบต่อระบบ นิเวศและแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของปลาทูประชากรปัตตานีได้ และเพื่อเป็นการปกป้องพื้นที่ดังกล่าว อาจพิจารณาประกาศให้พื้นที่ดังกล่าวเป็นพื้นที่ปิดอ่าวเพิ่มเติมในอนาคต

เนื่องจากผลการวิเคราะห์สัดส่วนปลาทูจากแต่ละประชากรที่ปะปนกันในผลผลิตประมงใน น่านน้ำไทยจากการศึกษาครั้งนี้ เป็นตัวอย่างปลาทูจากผลผลิตประมงในปี พ.ศ.2557 ซึ่งเป็นปีที่ ปริมาณการจับปลาทูอยู่ในระดับสูง (145,341 ตัน) และมีมูลค่าทางเศรษฐกิจของปลาทูมากที่สุด เป็นอันดับสอง (กรมประมง, 2561) และจากนั้นผลผลิตประมงปลาทูลดลงอย่างรวดเร็วและ ต่อเนื่องจนปัจจุบัน (พ.ศ.2564) ข้อมูลการศึกษานี้จึงเป็นข้อมูลที่ดีสำหรับการอ้างอิง ทรัพยากรปลาทูก่อนการเปลี่ยนแปลง อย่างไรก็ตาม เพื่อให้ข้อมูลสนับสนุนมาตรการปิดอ่าวมี ความน่าเชื่อถือและใกล้เคียงกับสถานะของทรัพยากรปลาทูในปัจจุบันซึ่งมีการลดลงอย่างมาก การศึกษาสัดส่วนผลผลิตประมงที่อาจเปลี่ยนแปลงในแหล่งทำการประมงบริเวณอ่าวไทย และ สถานะปัจจุบันของประชากรปลาทูในแต่ละแหล่งแพร่ขยายพันธุ์จึงเป็นสิ่งสำคัญ หากผลการศึกษา ครั้งใหม่พบว่าข้อมูลสัดส่วนผลผลิตประมงจากปลาทูแต่ละประชากรมีแนวโน้มคงที่ รวมทั้งความ หลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลาทูในแต่ละแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ยังอยู่ในระดับสูง หรือไม่เปลี่ยนแปลงมากนัก อาจพิจารณาได้ว่ามาตรการและพื้นที่ปิดอ่าวในปัจจุบันมีความ เหมาะสมแล้ว แต่หากพบการเปลี่ยนแปลงอย่างมีนัยสำคัญของสัดส่วนผลผลิตประมง หรือระดับ ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลาทู อาจต้องมีการพิจารณาปรับเปลี่ยนพื้นที่ หรือ ช่วงเวลาในการปิดอ่าวให้เหมาะสมต่อไป อีกทั้งความร่วมมือของชาวประมงต่อมาตรการปิดอ่าว ของกรมประมงยังคงเป็นสิ่งที่จำเป็นอย่างยิ่ง การที่ชาวประมงทราบถึงประโยชน์ในการปกป้อง

ปลาทุตัวเต็มวัยที่มีความสมบูรณ์เพศเต็มที่ในฤดูผสมพันธุ์ รวมทั้งงดเว้นการทำประมงปลาทุที่ยังไม่ถึงขนาดตัวเต็มวัย จะทำให้สามารถประกอบอาชีพทำประมงได้อย่างยั่งยืน

จากที่กล่าวไปข้างต้น อ่าวไทยล้อมรอบไปด้วยน่านน้ำของประเทศไทย กัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย ซึ่งเป็นแหล่งทำการประมงปลาทุที่สำคัญในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และผลการศึกษาครั้งนี้พบว่า ปลาทุจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์เวียดนาม กัมพูชา และมาเลเซีย อพยพเข้ามาในน่านน้ำไทย และมีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทย แสดงให้เห็นว่าปลาทุเป็น transboundary species (Munro, 2004) ดังนั้นการจัดการและการอนุรักษ์ทรัพยากรปลาทุในอ่าวไทย ทั้งการดำเนินการบริเวณแหล่งแพร่ขยายพันธุ์และแหล่งทำการประมง จึงไม่ควรมีเพียงในประเทศไทยเท่านั้น และควรมีการศึกษาเพิ่มเติม และมีการวางแผนการจัดการร่วมกันระหว่างประเทศในการจัดการทรัพยากรสัตว์น้ำที่สำคัญทางเศรษฐกิจชนิดนี้

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

1. ปลาทุเกือบทั้งหมดในผลผลิตประมงในน่านน้ำไทย บริเวณแหล่งทำการประมงอ่าวไทยตอนใน และอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง เป็นปลาที่เกิดขึ้นในน่านน้ำไทย ในขณะที่ปลาทุส่วนใหญ่ในผลผลิตประมงจากบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก และอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน เป็นปลาที่เกิดขึ้นและอพยพมาจากน่านน้ำของประเทศใกล้เคียง

2. ปลาทุส่วนใหญ่ที่ถูกทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนใน เป็นปลาทุจากประชากรสมุทรสงคราม ปลาทุส่วนใหญ่ที่ถูกทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนกลางส่วนล่าง เป็นปลาทุจากประชากรสุราษฎร์ธานี ปลาทุสองประชากรนี้มีแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ อยู่ใกล้ หรือเป็นพื้นที่เดียวกันกับแหล่งที่ถูกทำประมง แสดงให้เห็นว่าปลาทุส่วนใหญ่ของทั้งสองประชากรมักจะอาศัยอยู่บริเวณใกล้แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ และไม่แสดงการอพยพในระยะทางที่ไกลมากนัก

3. ปลาทุส่วนใหญ่ที่ถูกทำประมงบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก และอ่าวไทยตอนกลางส่วนบน เป็นปลาทุจากประชากรกัมพูชา และมาเลเซีย และจากการที่แหล่งแพร่ขยายพันธุ์ของทั้งสองประชากรอยู่ห่างจากแหล่งที่ถูกทำประมง และอยู่ในเขตแดนของคนละประเทศ แสดงให้เห็นว่าปลาทุแสดงลักษณะการเป็น transboundary species ที่ชัดเจน โดยการอพยพเริ่มต้นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ซึ่งอยู่ในน่านน้ำของต่างประเทศ และเข้ามายังน่านน้ำไทยเพื่อหาอาหารและเจริญเติบโตจนสมบูรณ์เพศ

4. ปลาทุจากประชากรตราด ปัตตานี และเวียดนาม มีสัดส่วนในผลผลิตประมงแตกต่างกันไปในแต่ละแหล่งทำการประมง แต่ประชากรประจวบคีรีขันธ์เป็นประชากรเดียวที่ไม่มีส่วนร่วมอย่างมีนัยสำคัญในผลผลิตประมงจากแหล่งทำการประมงในการศึกษาครั้งนี้ และเป็นประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อยที่สุดเมื่อเทียบกับประชากรอื่น

5. ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาแสดงให้เห็นว่า ปลาทุเป็น Transboundary species ดังนั้นการบริหารจัดการทรัพยากรปลาทุในบริเวณอ่าวไทยเพื่ออนุรักษ์และฟื้นฟูทรัพยากรปลาทุ ซึ่งนอกจากการปิดบางพื้นที่ของอ่าว ซึ่งเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์และเส้นทางการอพยพของปลาทุใน

น่านน้ำไทยแล้ว ความร่วมมือกันระหว่างประเทศที่ล้อมรอบอ่าวไทยยังเป็นสิ่งจำเป็น เพื่อให้การทำประมงปลาทุเป็นไปอย่างยั่งยืน

ข้อเสนอแนะ

1. เพื่อการจัดการทรัพยากรปลาทุในระดับประเทศ ควรมีการศึกษาผลผลิตประมงปลาทุจากแหล่งทำการประมงหลักแหล่งอื่นร่วมด้วย จนพื้นที่ศึกษาครอบคลุมทั้งน่านน้ำไทย ซึ่งจะทำให้ได้ข้อมูลการมีส่วนร่วมจากปลาทุแต่ละประชากรในผลผลิตประมงปลาทุทั้งหมดในน่านน้ำไทย

2. การศึกษาครั้งนี้ใช้ปลาทุจากแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยบริเวณอ่าวไทย เฉพาะปี พ.ศ.2557 เท่านั้น ซึ่งเป็นปีที่มีปริมาณการจับปลาทุสูงมากเมื่อเทียบกับปัจจุบัน (พ.ศ.2564) และเนื่องจากปริมาณการจับปลาทุในปัจจุบันมีการเปลี่ยนแปลงไปจากในอดีต ดังนั้นควรมีการเก็บตัวอย่างปลาทุในทุก 3-5 ปี เป็นอย่างน้อย เพื่อติดตามการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนประชากรปลาทุในแต่ละแหล่งทำการประมง และความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรปลาทุจากแต่ละแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ ซึ่งจะทำให้ทราบสถานการณ์ปัจจุบัน และหากพบการเปลี่ยนแปลงไปจากเดิมอย่างมีนัยสำคัญ อาจต้องพิจารณาปรับมาตรการปิดอ่าวในประเทศให้สอดคล้อง และเหมาะสมกับการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้น

3. เนื่องจากปลาทุ มีพฤติกรรมการอพยพ และเป็น Transboundary species ดังนั้น นอกจากการศึกษาสัดส่วนของผลผลิตประมงจากประชากรปลาทุจากประเทศกัมพูชา เวียดนาม และมาเลเซีย ที่อพยพเข้ามายังแหล่งทำการประมงในน่านน้ำไทยแล้ว การศึกษาสัดส่วนผลผลิตประชากรปลาทุจากประเทศไทย ในแหล่งทำการประมงในน่านน้ำประเทศกัมพูชา เวียดนามและมาเลเซีย จึงมีความจำเป็น และอาจใช้เป็นจุดเริ่มต้นของการจัดการทรัพยากรปลาทุระหว่างประเทศร่วมกันในอนาคต

4. เนื่องจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาทุบริเวณชายฝั่ง จ.ปัตตานี เป็นพื้นที่ที่ไม่เคยมีการปิดอ่าวมาก่อน แต่ในการศึกษาครั้งนี้ ยืนยันได้ว่าประชากรปัตตานีมีส่วนร่วมและอาจช่วยเพิ่มผลผลิตประมงปลาทุในอ่าวไทยได้ ดังนั้นควรมีการพิจารณาประกาศให้พื้นที่ดังกล่าวต่อไปในอนาคต รวมไปถึงบริเวณชายฝั่ง จ.นครศรีธรรมราช และ จ.สงขลา ซึ่งเป็นเส้นทางการอพยพของปลาทุวัยอ่อนจากแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ปลาทุ จ.ปัตตานี มายังแหล่งหาอาหารบริเวณอ่าวไทยตอนกลาง

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง. 2556. **ข้อมูลสมุทรศาสตร์ฝั่งอ่าวไทย**. แหล่งที่มา: https://km.dmcr.go.th/th/c_59/s_246/d_1132, 1 ธันวาคม 2563.

กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง. 2556. **ความหลากหลายทางชีวภาพ: ลุ่มน้ำอ่าวไทย ตอนบนฝั่งตะวันตก**. แหล่งที่มา: http://km.dmcr.go.th/th/c_218/d_2556, 3 ธันวาคม 2563.

กรมประมง. 2508. **งานสอบสวนปลาทุ พ.ศ. 2506-2508**. สถาบันวิจัยประมงทะเล กองสำรวจและค้นคว้า กรมประมง, กรุงเทพฯ.

———. 2548. **สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2548**. กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์สารสนเทศ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2552. **สถิติการประมงทะเล 2552 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง**. กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์สารสนเทศ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2553. **สถิติการประมงทะเล 2553 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง**. กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์สารสนเทศ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2554. **สถิติการประมงทะเล 2554 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง**. กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์สารสนเทศ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2555. **สถิติการประมงทะเล 2555 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง**. กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์สารสนเทศ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

- กรมประมง. 2556ก. **สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2556.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2556ข. **สถิติการประมงทะเล 2556 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2557. **สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2557.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2557ข. **สถิติการประมงทะเล 2557 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2558. **สถิติการประมงทะเล 2558 สํารวจโดยวิธีสุ่มตัวอย่าง.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2559. **ปริมาณการจับสัตว์น้ำเค็มจากการทำการประมงพาณิชย์ 2559.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2560. **ปริมาณการจับสัตว์น้ำเค็มจากการทำการประมงพาณิชย์ 2560.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
- . 2561ก. **สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2561.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและแผนพัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

กรมประมง. 2561ข. **ปริมาณการจับสัตว์น้ำเค็มจากการทำการประมงพาณิชย์ 2561.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2562. **ปริมาณการจับสัตว์น้ำเค็มจากการทำการประมงพาณิชย์ 2562.** กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

กำพล ลอยขึ้น และ ธศินี นนทพันธ์. 2550. ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลา *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) ในเขตน่านน้ำจังหวัดสตูลและบริเวณใกล้เคียง, น. 1-27. ใน เอกสารวิชาการฉบับที่ 6/2550 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

จารุมาศ เมฆสัมพันธ์, ทวีป บุญวานิช, สุชาดา บุญภักดี, แสงเทียน อัจฉิมางกูร และ ศันสนีย์ หวังวรลักษ์. 2556. **เส้นทางปลาไทย คุณค่า อนาคต และความเสี่ยง.** ศูนย์พัฒนาชายฝั่ง คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ. 224 หน้า.

จินดา นาครอษฐ์ และ ไพโรจน์ ชัยเกลี้ยง. 2546. ผลกระทบจากการทำประมงอวนล้อมติดที่มีพ่อแม่พันธุ์ปลาในเขตมาตรการอนุรักษ์ทรัพยากรสัตว์น้ำ จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ ชุมพร และ สุราษฎร์ธานี, น. 1-40. ใน เอกสารวิชาการฉบับที่ 14/2546 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ฐานข้อมูลความรู้ทางทะเล. มปป. **ข้อมูลสมุทรศาสตร์ฝั่งอ่าวไทย.** แหล่งที่มา: http://www.mkh.in.th/index.php?option=com_content&view=article&id=74&Itemid=355&lang=th, 4 ธันวาคม 2563.

ทศพล กระจำจาดารา, พัชรี พันธุเล่ง, พนิดา ชาลี และ ปิยวรรณ หัสดี. 2550. ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลา *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) และปลาลัง *R. kanagurta* (Cuvier, 1816) ในน่านน้ำไทย, น. 1-36. ใน เอกสารวิชาการฉบับที่ 19/2550 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ธเนศ ศรีถกล, สุวรรณทนา ทศพรพิทักษ์กุล และ จุรีรัตน์ สงน้อย. 2561. ชีววิทยาของปลาทุ
Rastrelliger brachysoma (Bleeker, 1851) บริเวณอ่าวไทยตอนล่าง พ.ศ. 2561, น.
683-690. ใน การประชุมวิชาการ ครั้งที่ 56 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ธิดารัตน์ คงชัย, นิรชา สองแก้ว, ทรงฤทธิ์ โชติธรรมโน และ สุชาติ รัตนเรืองศรี. 2549. ชนิดและ
การแพร่กระจายลูกปลาวัยอ่อนบริเวณชายฝั่งจังหวัดปัตตานี. น. 1-40. ใน เอกสาร
วิชาการฉบับที่ 12/2549 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล. กรมประมง กระทรวง
เกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ธีระรักษ์ ศรีนวลกราย และ ศานิต ปิยพัฒนากร. 2552. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของ
ประชากรปลาทุ *Rastrelliger Brachysoma* ในอ่าวไทยและทะเลอันดามันโดยการ
วิเคราะห์ด้วย ISSR, น. 254-260. ใน การประชุมวิชาการ ครั้งที่ 47
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

นิรชา สองแก้ว, ธิดารัตน์ คงชัย, อุทิศ โชติธรรมโม และ ศรีวิดา ไชยบัญญัติ. 2557. ความชุกชุม
และการแพร่กระจายของปลาวัยอ่อนที่สกุลทุ-ลังบริเวณอ่าวไทยตอนล่าง. น. 1-84. ใน
เอกสารวิชาการฉบับที่ 2/2558 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล. กรมประมง
กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

นิรชา สองแก้ว, พัชรี พันธุเล่ง, กมลรัตน์ พุทธรักษา และ จักรพันธ์ ปิ่นพุทธศิลป์. 2558. ความชุก
ชุมและการแพร่กระจายของปลาวัยอ่อนที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในเขตชายฝั่ง 10
ไมล์ทะเลบริเวณอ่าวไทย. น. 1-84. ใน เอกสารวิชาการฉบับที่ 2/2558 กองวิจัยและ
พัฒนาประมงทะเล. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ประภา วัฒนกุล. 2538. แหล่งและฤดูวางไข่ของปลาทุ *Rastrelliger neglectus* (van Kampen)
บริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันตกตอนบน (ประจวบคีรีขันธ์-ชุมพร), น. 1-23. ใน เอกสาร
วิชาการฉบับที่ 27/2538 กองประมงทะเล. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์,
กรุงเทพฯ.

ปราโมทย์ ไชยศิริ, ศุภชัย ตั้งใจตรง และ สมมาตร เนียมนิล. 2546. **Eye on the Ocean หน่วยการเรียนรู้ที่ 1: ฟิสิกส์ในทะเล**. สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ, กรุงเทพมหานคร.

ปิยวรรณ ไหมละเอียด, จักรพันธ์ ปิ่นพุทธศิลป์ และ ขนิษฐา เสรีรักษ์. 2549. ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลาทุและปลาลังในพื้นที่อ่าวไทยตอนบน, น. 1-31. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 13/2549 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

พินดา ซาลี, พัชรี พันธุเล่ง, จินดา ช้ายเกลี้ยง และ ปิยวรรณ หัสดี. 2550. ความชุกชุมและการแพร่กระจายของปลาเศรษฐกิจวัยอ่อนบริเวณอ่าวไทยและฝั่งทะเลอันดามัน, น. 1-18. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 25/2550 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

พัชรี พันธุเล่ง และ นพรัตน์ นาสุชล. 2548. ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของปลาทุจากเครื่องมืออวนล้อมติดปลาทุ บริเวณเขตมาตรการอนุรักษ์ทรัพยากรสัตว์น้ำ จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ ชุมพร และสุราษฎร์ธานี, น. 1-40. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 18/2548 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ไพเราะ ศุภธำกรณ์ และ ทศพล กระจำจาดารา. 2544. **การศึกษาและวิเคราะห์ข้อมูลสำหรับงานวิจัยด้านชีวประวัติสัตว์ทะเล**. กองประมงทะเล กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

รัตนา มั่นประสิทธิ์. 2544. ความสมบูรณ์เพศในรอบปีของปลาทุ *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) และปลาลัง *R. kanagurta* (Cuvier, 1817) บริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันออก, น. 1-25. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 9/2544 กองประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

ศราวุธ คชนทองสุวรรณ. 2551. สภาวะการประมงปลาทุในบริเวณอ่าวไทยตอนบน, น. 1-11. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 1/2551 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

คันสนีย์ ศรีจันทร์งาม, สุชาติ แสงจันทร์, อุดมสิน อักษรผอบ, นันทชัย บุญจร และ ศักดิ์ดา วัจฉาย.

2556. การจำแนกกลุ่มของประชากรปลาหูเดียวโดยการวิเคราะห์รูปร่างของกระดูกหู, น. 1-51. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 6/2556 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

———. 2557. การประมาณอายุและการเติบโตของปลาหูเดียวจากกระดูกหู, น. 1-52. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 9/2557 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

สิริธร กังแสง. 2559. **การวิเคราะห์พันธุกรรมประชากรปลาหูเดียวที่ถูกจับปะปนกันในแหล่งทำประมงบริเวณอ่าวไทยตอนบน**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

สิริธร กังแสง, รัตนาวลี พูลสวัสดิ์ และ อัครพงษ์ สวัสดิพงษ์. 2559. โครงสร้างประชากรปลาหูเดียวที่ถูกรวบรวมในบริเวณอ่าวไทยตอนบน, น. 857-864. ใน **การประชุมวิชาการ ครั้งที่ 54 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์**, กรุงเทพฯ.

สุรินทร์ ปิยะโชติณากุล. 2556. **เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์**. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

สำนักจัดการคุณภาพน้ำ. 2563. **จุดตรวจวัดคุณภาพน้ำ**. แหล่งที่มา: <http://iwis.pcd.go.th/index.php>, 7 ธันวาคม 2563.

อนุสรณ์ แก่นทอง. 2562. **ปิดอ่าว...เล่าเรื่องปลาหูเดียว**. แหล่งที่มา: <http://www.nicaonline.com/web/index.php/2016-08-30-02-19-31/2016-08-30-14-13-47/871-2019-07-02-09-11-11>, 8 ธันวาคม 2563.

อัญญาณี แยมรุ่งเรือง. 2550. **สภาวะทรัพยากรปลาหูเดียวจากการประมงอวนล้อมจับบริเวณอ่าวไทยตอนบน**, น. 1-32. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 24/2550 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

อุดม เครือเนียม และ บุญฤทธิ์ เจริญสมบัติ. 2555. การเจริญพันธุ์ของปลาหู *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) บริเวณชายฝั่งจังหวัดตราด, 1-19, ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 9/2555 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

อุดม เครือเนียม, บุญฤทธิ์ เจริญสมบัติ, บัณฑิต ยังพอพันธ์ และ รัตนา มั่นประสิทธิ์. 2556. ชีววิทยาบางประการของปลาหู *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) และปลาลัง *R. kanagurta* (Cuvier, 1817) บริเวณจังหวัดตราดปี 2552, น. 1-21. ใน **เอกสารวิชาการฉบับที่ 3/2556 สำนักวิจัยและพัฒนาประมงทะเล**. กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

Ackerman, M.W., C. Habicht and L.W. Seeb. 2011. Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) under diversifying selection provide increased accuracy and precision in mixed-stock analyses of Sockeye salmon from the Copper River, Alaska. **Trans. Am. Fish. Soc.** 140: 865-881.

Allendorf, F.W., P.R. England, G. Luikart, P.A. Ritchie and N. Ryman. 2008. Genetic effects of harvest on wild animal populations. **Trends Ecol. Evol.** 23: 327-337.

Araujo, H.A., J.R. Candy, T.D. Beacham, B. White and C. Wallace. 2014. Advantages and challenges of genetic stock identification in fish stocks with low genetic resolution. **Trans. Am. Fish. Soc.** 143:479-488.

Basheer, V.S., C. Mohitha, N. Vineesh, P.R. Divya, A. Gopalakrishnan and J.K. Jena. 2015. Molecular phylogenetics of three species of the genus *Rastrelliger* using mitochondrial DNA markers. **Mol. Biol. Rep.** 42: 873-879.

Begg, G.A., K.D. Friedland and J.B. Pearce. 1999. Stock identification and its role in stock assessment and fisheries management: An overview. **Fish. Res.** 43: 1-8.

- Bekkevold, D., L.W. Clausen, S. Mariani, C. André, E.M.C. Hatfield, E. Torstensen, N. Ryman, G.R. Carvalho and D.E. Ruzzante. 2011. Genetic mixed-stock analysis of Atlantic herring populations in a mixed feeding area. **Mar. Ecol. Prog. Ser.** 442: 187-199.
- Bolker, B.M., T. Okuyama, K.A. Bjørndal and A.B. Bolten. 2007. Incorporating multiple mixed stocks in mixed stock analysis: 'Many-to-many' analyses. **Mol. Ecol.** 16: 685-695.
- Bradbury, I.R., L.C. Hamilton, G. Chaput, M.J. Robertson, H. Goraguer, A. Walsh, V. Morris, D. Reddin, J.B. Dempson, T.F. Sheehan, T. King and L. Bernatchez. 2016. Genetic mixed stock analysis of an interceptory Atlantic salmon fishery in the Northwest Atlantic. **Fish. Res.** 174: 234-244.
- Collette, B.B. and C.E. Nauen. 1983. **FAO Species Catalogue Vol 2 Scombrids of the World an Annotated and Illustrated Catalogue of Tunas, Mackerels, Bonitos and Related Species Known to Date.** Marine resources service of the FAO fishery resources and environment division, Rome.
- Cooper, A.B. 2006. **A Guide to Fisheries Stock Assessment From data to Recommendations.** University of New Hampshire, Sea Grant College Program, Durham.
- Corander, J., M.J. Sillanpää, P. Waldmann and P. Marttinen. 2004. BAPS2: Enhanced possibilities for the analysis of genetic population structure. **Bioinformatics.** 20: 2363-2369.
- Crozier, W.W., P.-J. Schön, G. Chaput, E.C.E. Potter, N.Ó. Maoiléidigh and J.C. MacLean. 2004. Managing Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in the mixed stock environment: challenges and considerations. **ICES J. Mar. Sci.** 61: 1344-1358.

- Dunton, K.J., D. Chapman, A. Jordaan, K. Feldheim, S.J. O'Leary, K.A. McKown and M.G. Frisk. 2012. Genetic mixed-stock analysis of Atlantic sturgeon *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* in a heavily exploited marine habitat indicates the need for routine genetic monitoring. **J. Fish Bio.** 80: 207-217.
- Ellis, J.R., S.P. Milligan, L. Readdy, N. Taylor and M.J. Brown. 2012. **Spawning and nursery grounds of selected fish species in UK waters.** Cefas Lowestoft, Norwich.
- Ensing, D., W.W. Crozier, P. Boylan, N. O'Maoiléidigh and P. McGinnity. 2013. An analysis of genetic stock identification on a small geographical scale using microsatellite markers, and its application in the management of a mixed-stock fishery for Atlantic salmon *Salmo salar* in Ireland. **J. Fish Bio.** 82: 2080-2094.
- Erkinaro, J., M. Julkunen and E. Niemelä. 1998. Migration of juvenile Atlantic salmon *Salmo salar* in small tributaries of the Subarctic River Teno, Northern Finland. **Aquaculture.** 168: 105-119.
- Feeley, M.W., D. Morley, A. Acosta, P. Barbera, J. Hunt, T. Switzer and M. Burton. 2018. Spawning migration movements of mutton snapper in Tortugas, Florida: Spatial dynamics within a marine reserve network. **Fish. Res.** 204: 209-223.
- Flannery, B.G., T.D. Beacham, J.R. Candy, R.R. Holder, G.F. Maschmann, E.J. Kretschmer and J.K. Wenburg. 2010. Mixed-stock analysis of Yukon river Chum salmon: application and validation in a complex fishery. **N. Am. J. Fish. Manag.** 30: 1324-1338.
- Fraile, I., H. Arrizabalaga and J.R. Rooker. 2014. Origin of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus*) in the Bay of Biscay. **ICES J. Mar. Sci.** 72: 625-634.

- Goudet, J. 2002. **PCAGEN: a computer package for windows which performs principal component analysis (PCA) on gene frequency data.** Available Source: <https://www2.unil.ch/popgen/softwares/pcagen.htm>, June 3, 2020.
- Indaryanto, F., H. Imai and Y. Wardiatno. 2015. Genetic variation of short body mackerel, *Rastrelliger brachysoma* of Jawa Island, Indonesia based on mtDNA control region sequences. **AACL Inter. J. Bioflux Soc.** 8: 648-655.
- Jeffery, N.W., B.F. Wringe, M.C. McBride, L.C. Hamilton, R.R.E. Stanley, L. Bernatchez, M. Kent, M. Clément, J. Gilbey, T.F. Sheehan, P. Bentzen and I.R. Bradbury. 2018. Range-wide regional assignment of Atlantic salmon (*Salmo salar*) using genome wide single-nucleotide polymorphisms. **Fish. Res.** 206: 163-175.
- Jondeung, A. and W. Karinthanyakit. 2010. The complete mitochondrial DNA sequence of the short mackerel (*Rastrelliger brachysoma*), and its phylogenetic position within Scombroidei, Perciformes. **Mitochondrial DNA.** 21: 36-47.
- . 2016. Mitochondrial DNA control region of three mackerels, genus *Rastrelliger*: Structure, molecular diversity and phylogenetic relationship. **Mitochondrial DNA A DNA Mapp. Seq. Anal.** 27: 2395-2400.
- Juan-Jordá, M.J., I. Mosqueira, J. Freire and N.K. Dulvy. 2013. Life in 3-D: Life history strategies in tunas, mackerels and bonitos. **Rev. Fish Biol. Fisher.** 23: 135-155.
- Kalinowski, S.T. 2004. Genetic polymorphism and mixed-stock fisheries analysis. **Can. J. Fish. Aquat. Sci.** 61: 1075-1082.
- Kesteven, G.L. 1960. **Manual of Field Method in Fisheries Biology.** Food and Agriculture Organization of the United Nations, United State of America.

- Khongchai, N., S. Vibunpant, M. Eiamsaard and M. Supongpan. 2003. Preliminary analysis of demersal fish assemblages in coastal waters of the Gulf of Thailand, p. 249-262. *In* 67th **Assessment, Management and Future Directions for Coastal Fisheries in Asian Countries WorldFish Center Conference Proceedings**. World Fish Center and Asian Development, Malaysia.
- Koljonen, M.L., P. Jerome and M. Michele. 2005. Classical individual assignments versus mixture modeling to estimate stock proportions in Atlantic salmon (*Salmo salar*) catches from DNA microsatellite data. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 62: 2143-2158.
- Kongsang, S., W. Boonyoung and A. Swatdipong. 2017. Genetic baseline for sustainable fishery management of short mackerel, *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851) in the Gulf of Thailand, p. 224-225. *In* the 4th **National Meeting on Biodiversity Management in Thailand: Towards Science and Emerging Technology for Biodiversity Management**. National Science and Technology Development Agency (NSTDA), Udonthani, Thailand.
- Kongseng, S., R. Phoonsawat and A. Swatdipong. 2020. Individual assignment and mixed-stock analysis of short mackerel (*Rastrelliger brachysoma*) in the Inner and Eastern Gulf of Thailand: Contrast migratory behavior among the fishery stocks. *Fish. Res.* 221: 105372.
- Losee, J.P., T.R. Seamons and J. Jauquet. 2017. Migration patterns of anadromous cutthroat trout in South Puget Sound: A fisheries management perspective. *Fish. Res.* 187: 218-225.
- MacKenzie, K. and P. Abaunza. 1998. Parasites as biological tags for stock discrimination of marine fish: A guide to procedures and methods. *Fish. Res.* 38: 45-56.

- Mäkinen, H., T. Niva, M.-L. Koljonen, A. Swatdipong and C.R. Primmer. 2015. Temporal variation in lake-run brown trout (*Salmo trutta*) mixed-stock fishery catches in a large Fennoscandian Lake. **Boreal Environ. Res.** 20: 651-665.
- Mason, A.S. 2015. SSR genotyping, p. 77-89. *In* B. J, eds. **Plant Genotyping**. Springer, New York
- McDonald, D. 2008. **Lecture 8 Population Genetics VI: Introduction to microsatellites: from theory to lab practice**. Available Source: <http://www.uwyo.edu/dbmcd/molmark/lect08/lect8.html>, December 15, 2020.
- McGinnity, P., E. de Eyto, T.F. Cross, J. Coughlan, K. Whelan and A. Ferguson. 2007. Population specific smolt development, migration and maturity schedules in Atlantic salmon in a natural river environment. **Aquaculture**. 273: 257-268.
- Munpholsri, N., S. Poompuang, W. Senanan and W. Kamonrat. 2013. Microsatellite markers suggested moderate genetic variation in Indian mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) populations from the Andaman Sea, Thailand. **Kasetsart J. (Nat. Sci.)**. 47: 853-863.
- Munro, G., 2004. **The Conservation and Management of Shared Fish Stocks: Legal and Economic Aspects**. FAO Fisheries Department, Rome.
- National Conservation Training Center. 2004. **Microsatellite markers**. Available Source: <https://nctc.fws.gov/courses/csp/csp3157/content/terms/microsatellite.html>, December 11, 2020.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics** 89: 583-590.

- Östergren, J., J. Nilsson, H. Lundqvist, J. Dannewitz and S. Palm. 2016. Genetic baseline for conservation and management of sea trout in the Northern Baltic Sea. *Conserv. Genet.* 17: 177-191.
- Park, S.D.E. 2001. *Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection*. PhD Thesis, University of Dublin.
- Peakall, R. and P.E. Smouse. 2012. GenAEx6.5: Genetic analysis in Excel: Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics.* 28: 2537-2539.
- Pella, J.J.A. and G.B. Milner. 1987. Use of genetic marks in stock composition analysis. , p. *In* M. Ryman, Utter, F., eds. *Population Genetics and Fisheries Management*. University of Washington Press, Seattle.
- Reddin, D.G. and K.D. Friedland. 1999. A history of identification to continent of origin of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) at West Greenland, 1969-1997. *Fish. Res.* 43: 221-235.
- Reddin, D.G., L.P. Hansen, V. Bakkestuen, I. Russell, J. White, E.C.E. Potter, J.B. Dempson, T. F. Sheehan, N. Ó Maoiléidigh, G.W. Smith, A. Isaksson, J.A. Jacobsen, M. Fowler, K.A. Mork and P. Amiro. 2012. Distribution and biological characteristics of Atlantic salmon (*Salmo salar*) at Greenland based on the analysis of historical tag recoveries. *ICES J. Mar. Sci.* 69: 1589-1597.
- Rice, W.R. 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*,. 43: 223-225.
- Richard, G.-F., A. Kerrest and B. Dujon. 2008. Comparative genomics and molecular dynamics of DNA repeats in eukaryotes. *Microbiol. Molec. Biol. Rev.* 72: 686-727.

- Rousset, F. 2008. Genepop'007: A complete re-implementation of the Genepop software for Windows and Linux. **Mol. Ecol. Resour.** 8: 103-106.
- Ruzzante, D.E., S. Mariani, D. Bekkevold, C. André, H. Mosegaard, L.A.W. Clausen, T.G. Dahlgren, W.F. Hutchinson, E.M.C. Hatfield, E. Torstensen, J. Brigham, E.J. Simmonds, L. Laikre, L.C. Larsson, R.J.M. Stet, N. Ryman and G.R. Carvalho. 2006. Biocomplexity in a highly migratory pelagic marine fish, Atlantic herring. **Proc. R. Soc. B: Bio. Sci.** 273: 1459-1464.
- Ruzzante, D.E., C.T. Taggart, S. Lang and D. Cook. 2000. Mixed-stock analysis of Atlantic cod near the Gulf of St. Lawrence based on microsatellite DNA. **Ecol. Appl.** 10: 1090-1109.
- Semedi, B. and R.D. Dimyati. 2009. Study of short mackerel catch, sea surface temperature, and chlorophyll in the Makassar Strait. **Int. J. Remote Sens. Earth Sci.** 6: 34-44.
- Senarat, S., J. Kettratad, W. Jiraungkoorskul and N. Kangwanrangsang. 2015. Structural classifications in the digestive tract of short mackerel, *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1865) from Upper Gulf of Thailand. **Songklanakarin J. Sci. Technol.** 37: 561-567.
- Shepard, K.E., W.F. Patterson and D.A. De Vries. 2010. Trends in Atlantic contribution to mixed-stock king mackerel landings in South Florida inferred from otolith shape analysis. **Mar. Coast. Fish.** 2: 195-204.
- Swatdipong, A., A. Vasemagi, T. Niva, M.L. Koljonen and C.R. Primmer. 2013. Genetic mixed-stock analysis of lake-run brown trout *Salmo trutta* fishery catches in the Inari Basin, Northern Finland: Implications for conservation and management. **J. Fish Biol.** 83: 589-617.

- Swatdipong, A., 2019. **Report of the Gulf of Thailand Technical Meeting on Management of Transboundary Species: Indo-Pacific Mackerel on 19-20 December 2018.** Southeast Asian Fisheries Development Center, Bangkok.
- Talib, A., M. Siti-Azizah and M.A. Rahim. 2009. Genetic identification of four Malaysian mackerel species off Coast of Peninsular Malaysia based on molecular marker, p. 74-77. *In 8th Malaysia Genetic Congress: Role of Genetics in Wealth Creation and Quality of Life.* Persatuan Genetik Malaysia, Awana Genting, Pahang.
- Tattam, I.A., T.A. Whitesel and Y. Pan. 2011. Scale pattern analysis of selected scale characteristics and the first annulus for distinguishing wild and hatchery steelhead in the Hood River, Oregon. **N. Am. J. Fish. Manag.** 23: 856-868.
- Trivedi, S. 2004. Microsatellites (SSRs): puzzles within puzzle. **Indian J. Biotechnolol.** 3: 331-347.
- Vieira, M.L.C., L. Santini, A.L. Diniz and C.d.F. Munhoz. 2016. Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful. **Genet. Mol. Biol.** 39: 312-328.
- Wahlund, S. 1928. Zusammensetzung von populationen undkorrelationserscheinungen vom sandpunkt der vererbungslehre aus betrachtet. **Hereditas.** 11: 65-106.
- Wang, L., S. Liu, Z. Zhuang, H. Lin and Z. Meng. 2015. Mixed-stock analysis of small yellow croaker *Larimichthys polyactis* providing implications for stock conservation and management. **Fish. Res.** 161: 86-92.
- Wattayakorn, G. 2006. Environmental issues in the Gulf of Thailand, p. 249-259. *In* E. Wolanski, eds. **The Environment in Asia Pacific Harbours.** Springer, Netherlands.

Wirgin, I., L. Maceda, R. Waldman John, S. Wehrell, M. Dadswell and T. King. 2012. Stock origin of migratory Atlantic sturgeon in Minas Basin, Inner Bay of Fundy, Canada, determined by microsatellite and mitochondrial DNA analyses. **Trans. Am. Fish. Soc.** 141: 1389-1398.

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก
ตารางและภาพที่เกี่ยวข้อง

ตารางผนวกที่ ก1 จำนวนและพิกัดในการเก็บตัวอย่าง ปีที่เก็บตัวอย่าง และจำนวนตัวทั้งหมดของปลาทุประชากรอ้างอิงในแต่ละแหล่ง

แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	ปี	พิกัดการเก็บตัวอย่างปลาทุประชากรอ้างอิง		จำนวน (ตัว)	จำนวนรวม ทั้งหมด (ตัว)
			ละติจูด	ลองจิจูด		
ตราด	5	2559	11°24'00" N ถึง 12°10'00" N	101°42'00" E ถึง 102°43'12" E	59	59
สมุทรสงคราม	8	2556	12°52'30" N	100°07'30" E	1 [§]	43
		2556	13°00'36" N ถึง 13°13'48" N	100°09'36" E ถึง 100°19'48" E	33	
		2558	13°02'24" N ถึง 13°10'48" N	100°20'24" E ถึง 100°24'36" E	9	
ประจวบคีรีขันธ์	8	2554	12°35'24" N	100°18'00" E	13	59
		2555	12°34'48" N	100°03'00" E	5	
		2556	12°30'00" N ถึง 12°35'24" N	100°04'12" E ถึง 100°16'48" E	22	
		2558	11°22'30" N ถึง 12°29'24" N	99°37'30" E ถึง 100°07'30" E	19 [§]	
สุราษฎร์ธานี	7	2557	10°07'30" N	99°22'30" E ถึง 100°22'30" E	3 [§]	27
		2557	9°36'00" N	100°38'00" E	2	
		2558	9°37'30" N	99°22'30" E	9 [§]	
		2559	9°50'00" N	100°05'00" E	5	
		2560	9°40'00" N	100°20'00" E	3	
		2561	9°40'00" N	100°16'00" E	5	

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	ปี	พิกัด		จำนวน (ตัว)	จำนวนทั้งหมด (ตัว)
			ละติจูด	ลองจิจูด		
ปัตตานี	5	2559	7°20'00" N	101°06'00" E	27	44
		2561	6°52'00" N ถึง 7°55'00" N	101°03'00" E ถึง 102°13'00" E	17	
กัมพูชา	3	2561	11°13'00" N	102°54'47" E	38	50
		2561	10°08'21" N	103°09'02" E	8	
		2561	10°30'16" N	104°08'52" E	6	
เวียดนาม	3	2561	10°02'00" N	104°35'04" E	26	50
		2561	9°33'55" N ถึง 9°49'41" N	103°37'52" E ถึง 103°54'21" E	24	
มาเลเซีย	1	2561	6°15'00" N	102°10'00" E	33	33
					จำนวนรวมทั้งหมด	365

หมายเหตุ [§] ปลาทุร่ยอ่อน (ความยาวทั้งหมดน้อยกว่า 5 มิลลิเมตร)

ตารางผนวกที่ ก2 จำนวนและพิภพในการเก็บตัวอย่าง จำนวนตัว และความยาวทั้งหมดเฉลี่ยของปลาในแหล่งทำการประมงทั้ง 4 แหล่งในปี พ.ศ.2557

แหล่งทำการ ประมง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	เดือน	ละติจูด	ลองจิจูด	จำนวน (ตัว)	ความยาวทั้งหมด เฉลี่ย±sd (ซม.)
อ่าวไทยตอนใน	23	มกราคม	12°49'00" N ถึง 13°21'39" N	100°00'20" E ถึง 100°49'10" E	86	17.13±1.41
		กุมภาพันธ์	12°30'00" N ถึง 13°21'00" N	100°00'20" E ถึง 100°50'00" E	88	16.46±1.59
		มีนาคม	12°30'00" N ถึง 13°13'51" N	100°00'20" E ถึง 100°44'24" E	56	16.37±1.98
		เมษายน	13°11'00" N ถึง 13°13'51" N	100°00'20" E ถึง 100°22'00" E	33	15.89±0.55
		พฤษภาคม	13°10'00" N ถึง 13°13'00" N	100°00'00" E ถึง 100°20'00" E	11	14.55±0.39
		มิถุนายน	12°33'00" N ถึง 13°21'00" N	100°15'00" E ถึง 100°49'00" E	34	15.48±1.18
		กรกฎาคม	13°13'51" N ถึง 13°21'00" N	100°00'20" E ถึง 100°49'00" E	37	16.48±4.88
		สิงหาคม	12°32'00" N ถึง 13°20'00" N	100°00'20" E ถึง 100°50'00" E	81	16.08±0.73
		กันยายน	13°10'00" N ถึง 13°21'00" N	100°20'00" E ถึง 100°50'00" E	39	17.09±0.80
		ตุลาคม	13°13'00" N	100°00'00" E	10	15.38±0.73
		พฤศจิกายน	13°21'00" N	100°49'00" E	12	18.68±0.61
		ธันวาคม	12°49'00" N ถึง 13°11'00" N	100°22'00" E ถึง 100°47'00" E	20	17.42±0.75
จำนวนรวม					507	16.48±1.91

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

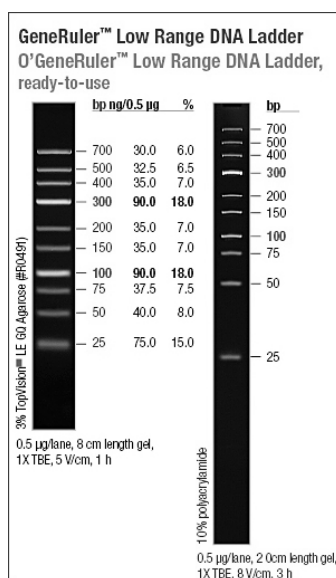
แหล่งทำการ ประมง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	เดือน	ละติจูด	ลองจิจูด	จำนวน (ตัว)	ความยาวทั้งหมด เฉลี่ย±sd (ซม.)
อ่าวไทย ฝั่งตะวันออก	40	มกราคม	11°24'00" N ถึง 12°05'24" N	100°00'00" E ถึง 102°45'36" E	23	17.58±1.37
		มีนาคม	11°21'36" N ถึง 11°52'12" N	102°19'48" E ถึง 11°52'12" E	10	17.38±1.24
		พฤษภาคม	11°10'59" N ถึง 12°30'00" N	101°00'00" E ถึง 102°49' 59" E	74	16.66±1.24
		มิถุนายน	11°22'48" N ถึง 12°19'59" N	101°37'59" E ถึง 102°40'12" E	106	16.63±1.48
		สิงหาคม	11°19'59" N ถึง 12°19'59" N	101°55' 00" E ถึง 102°52'00" E	66	16.97±1.35
		กันยายน	11°54'00" N ถึง 12°19'59" N	101°45'00" E ถึง 102°39'00" E	23	14.92±0.30
		ตุลาคม	11°22'00" N ถึง 12°19'59" N	101°45'00" E ถึง 102°40'00" E	48	16.09±0.68
		ธันวาคม	12°30'00" N	101°51'00" E	1	14.00
จำนวนรวม					351	16.59±1.37

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

แหล่งทำการ ประมง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	เดือน	ละติจูด	ลองจิจูด	จำนวน (ตัว)	ความยาวทั้งหมด เฉลี่ย±sd (ซม.)
อ่าวไทยตอน กลางส่วนบน	11	มกราคม	11°55'00" N	99°58'00" E	30	17.74±0.67
		กุมภาพันธ์	11°52'00" N	99°57'00" E	30	18.40±0.70
		มีนาคม	11°51'00" N	99°53'00" E	30	18.44±0.87
		เมษายน	11°55'00" N	99°58'00" E	30	18.18±0.97
		พฤษภาคม	11°57'00" N	99°57'00" E	30	17.67±1.33
		มิถุนายน	12°14'00" N	100°08'00" E	5	14.54±0.26
		กรกฎาคม	11°48'00" N	99°55'00" E	30	16.72±0.64
		สิงหาคม	11°51'00" N	99°59'00" E	30	17.07±0.42
		กันยายน	11°50'00" N	100°04'00" E	30	17.49±0.51
		ตุลาคม	11°45'00" N	99°54'00" E	30	18.01±0.54
		พฤศจิกายน	11°35'00" N	99°54'00" E	28	17.95±0.50
		ธันวาคม	12°01'00" N	100°00'00" E	30	16.95±0.59
จำนวนรวม					333	17.64±1.00

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

แหล่งทำการ ประมง	จำนวนพิกัดเก็บ ตัวอย่าง (จุด)	เดือน	ละติจูด	ลองจิจูด	จำนวน (ตัว)	ความยาวทั้งหมด เฉลี่ย±sd (ซม.)
อ่าวไทยตอน กลางส่วนล่าง	17	มกราคม	10°40'00" N	99°54'00" E	29	17.96±0.85
		มีนาคม	9°44'00" N	100°17'00" E	30	17.09±0.80
		เมษายน	9°11'00" N ถึง 9°50'00" N	100°16'00" E ถึง 100°41'00" E	80	17.59±1.41
		พฤษภาคม	9°46'00" N ถึง 10°34'00" N	99°31'00" E ถึง 100°20'00" E	155	17.62±1.23
		กรกฎาคม	10°16'00" N ถึง 10°37'00" N	99°35'00" E ถึง 99°45'00" E	48	17.47±1.11
		สิงหาคม	9°50'00" N ถึง 10°10'00" N	99°24'00" E ถึง 100°27'00" E	63	16.49±0.62
		กันยายน	10°42'00" N	99°25'00" E	30	16.99±0.57
		ตุลาคม	10°30'00" N	99°30'00" E	30	17.40±0.67
		พฤศจิกายน	9°36'00" N	100°38'00" E	19	15.67±0.91
จำนวนรวม					484	17.31±1.19
จำนวนรวมทั้งหมด					1,675	16.97±1.53



ภาพผนวกที่ ก1 ดีเอ็นเอมาตรฐาน GeneRuler™ 25 bp DNA Ladder (Thermo Scientific™)
 สำหรับการแยกขนาดเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์

ภาคผนวก ข
การสัปดาห์ดีเอ็นเอ

**การสกัดดีเอ็นเอโดยใช้ชุดน้ำยาสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูปสำหรับเนื้อเยื่อสัตว์ของ
FavorPrep™ Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit**

1. ตัดเนื้อเยื่อหนักประมาณ 25 มิลลิกรัม ใส่ในหลอดพลาสติกที่มีฝาปิด จากนั้นเติม FATG1 buffer ปริมาตร 200 ไมโครลิตร และเติม Proteinase K ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร ปริมาตร 20 ไมโครลิตร บดเนื้อเยื่อและผสมทุกอย่างเข้าด้วยกันในหลอด จากนั้นบ่มที่อุณหภูมิ 60 °C เป็นเวลา 1-2 ชั่วโมง
2. เติม FATG2 buffer ปริมาตร 200 ไมโครลิตร ลงในหลอดตัวอย่าง ผสมให้เข้ากัน แล้วนำไปบ่มต่อที่อุณหภูมิ 70 °C เป็นเวลา 10 นาที
3. เติม Absolute Ethanol ปริมาตร 200 ไมโครลิตร ลงในหลอดตัวอย่าง ผสมให้เข้ากัน จากนั้นปิเปตสารละลายทั้งหมดลงในหลอดมินิคอลัมน์ซึ่งประกอบเข้ากับหลอดเก็บสารละลาย นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 12,000 rpm เป็นเวลา 1 นาที เทของเหลวที่ตกลงมาในหลอดเก็บสารละลายทิ้ง
4. เติม W1 Buffer ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ลงในหลอดมินิคอลัมน์ นำไปปั่นด้วยเครื่องปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 12,000 rpm นาน 1 นาที เทของเหลวที่ตกลงมาในหลอดเก็บสารละลายทิ้ง
5. เติม Wash Buffer ปริมาตร 750 ไมโครลิตร ลงในหลอดมินิคอลัมน์ นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 12,000 rpm นาน 1 นาที เทของเหลวที่ตกลงมาในหลอดเก็บสารละลายทิ้ง ปั่นเหวี่ยงอีกครั้งเป็นเวลา 3 นาที เพื่อให้หลอดมินิคอลัมน์แห้ง
6. นำหลอดมินิคอลัมน์ดังกล่าวใส่ลงในหลอดพลาสติกที่มีฝาปิดหลอดใหม่ จากนั้นเติม Elution Buffer ปริมาตร 60 ไมโครลิตร ลงบนแผ่นกรองในหลอดมินิคอลัมน์ ตั้งทิ้งไว้ 3 นาที แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 12,000 rpm นาน 2 นาที ดีเอ็นเอของตัวอย่างจะถูก Elution Buffer ชะลงมาในหลอดพลาสติกที่มีฝาปิด

ภาคผนวก ค
การเตรียมสารเคมี

1. การเตรียมสารละลาย 50X TAE buffer ปริมาตร 1 ลิตร

Tris-base	242	กรัม
Glacial acetic acid	57	มิลลิลิตร
0.5 M EDTA pH 8.0	100	มิลลิลิตร
ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 1 ลิตร		

2. การเตรียมสารละลาย 1X TAE buffer ปริมาตร 1 ลิตร

สารละลาย 50X TAE buffer	20	มิลลิลิตร
น้ำกลั่น	980	มิลลิลิตร

3. การเตรียม Ethidium Bromide ความเข้มข้น 0.5 µg/ml ปริมาตร 1000 มิลลิลิตร

สารละลาย Ethidium Bromide ความเข้มข้น 10 mg/ml	50	ไมโครลิตร
น้ำกลั่น	1000	มิลลิลิตร

4. การเตรียม 6X loading dye ปริมาตร 10 มิลลิลิตร

Bromophenol blue	25	มิลลิกรัม
Xylene cyanol	25	มิลลิกรัม
Glycerol	3.3	มิลลิลิตร
น้ำกลั่น	6.7	มิลลิลิตร

5. การเตรียม Agarose gel

ซัง Agarose	1	กรัม (ความเข้มข้น 1%) หรือ
	2	กรัม (ความเข้มข้น 2%)
สารละลาย 1X TAE buffer	100	มิลลิลิตร

ประวัติการศึกษาและการทำงาน

ชื่อ	นางสาวสิริธร กิ่งแสง
เกิดวันที่	29 ธันวาคม 2533
สถานที่เกิด	อำเภอเมือง จังหวัดภูเก็ต
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (ชีววิทยา) มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วท.ม. (พันธุศาสตร์) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ตำแหน่งปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและ/หรือรางวัลทางวิชาการ	-
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	โครงการพัฒนาและส่งเสริมผู้มีความสามารถพิเศษทาง วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (พสวท.) ทุนวิจัยจากสำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน) ทุนวิจัยจากกรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์

