

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทย

Population Genetic Structure of Marine Organisms within the Gulf of Thailand

ทรรคิน ปณิตานะรักษ์*

Thadsin Panithanarak*

สถาบันวิทยาศาสตร์ทางทะเล มหาวิทยาลัยบูรพา

Institute of Marine Science, Burapha University

Received : 18 August 2017

Accepted : 21 October 2017

Published online : 30 October 2017

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์หลักเพื่อวิเคราะห์การแบ่งออกเป็นประชากรย่อย และความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลภายในอ่าวไทย จากการรวบรวมรายงานการศึกษาค้นคว้าโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน พบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างในสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลหลายชนิด เช่น หอยลาย หอยเสียบ กุ้งกุลาดำ กุ้งแชบ๊วย และปูม้า ยกเว้นในสัตว์กลุ่มหอยบางชนิด เช่น หอยแมลงภู่ หอยตะไกรม และหอยเชลล์ สำหรับสัตว์มีกระดูกสันหลังในทะเลกลุ่มปลา พบว่าประชากรปลากะพงขาว ปลาช่อนทะเล และมัน้ำดำในอ่าวไทยมีความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม ยกเว้นในประชากรปลาทู ปัจจัยที่ทำให้เกิดความแตกต่างทางพันธุกรรมในประชากรสัตว์ทะเลบางชนิดภายในอ่าวไทย ได้แก่ การไหลเวียนของกระแสน้ำ ระยะห่างระหว่างประชากร และความแตกต่างของปัจจัยทางกายภาพและปัจจัยทางชีวภาพ

คำสำคัญ : โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร พันธุศาสตร์ประชากร ความแตกต่างทางพันธุกรรม อ่าวไทย

Abstract

The main purpose of this study is to define subdivided populations and genetic differentiation among marine populations within the Gulf of Thailand. Reviews on population genetic structure in marine species within the Gulf of Thailand from 2003 up to now showed population genetic structure and genetic differentiation between the upper and lower Gulf of Thailand invertebrate populations such as surf clams, bean clams, giant tiger shrimps, Penaeid prawns and blue swimming crabs. These differentiations excluded a few mollusk species such as green mussels, oysters and Asian moon scallops. For vertebrate species e.g. fish, populations of Asian seabass, cobia and spotted seahorses showed no genetic differentiation except for the populations of short mackerels. Factors affecting genetic differentiation in some marine species within the Gulf of Thailand were the circulation in the Gulf of Thailand, distance between populations, and difference in some physical and biological factors.

Keywords : population genetic structure, population genetics, genetic differentiation, Gulf of Thailand

*Corresponding author. E-mail : thadsin@buu.ac.th

บทนำ

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร (population genetic structure) หรือความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic differentiation) เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากร (population genetics) ซึ่งว่าด้วยการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของประชากรอันเนื่องมาจากปัจจัยต่าง ๆ โดยอาศัยการจำแนกลักษณะของประชากรตามความถี่ของยีน (gene frequency) และการเปลี่ยนแปลงของความถี่เนื่องจากสาเหตุต่าง ๆ การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรนำหลักการของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg principle) และความสมดุลของประชากรมาใช้ จากหลักการของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ประชากรจะอยู่ในสภาพสมดุลเมื่อประชากรมีขนาดใหญ่ มีการผสมพันธุ์แบบสุ่ม ไม่มีการกลายพันธุ์ ไม่มีการย้ายถิ่นฐานของสมาชิก และไม่มีการคัดเลือก ประชากรที่อยู่ภายใต้หลักการดังกล่าวจะมีความถี่ของยีนและความถี่ของจีโนไทป์คงที่ในทุกรุ่น หลักการดังกล่าวเป็นประโยชน์ต่อการศึกษาค้นคว้าความแตกต่างของประชากรย่อย หรือการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร โดยพิจารณาจากความถี่ของยีน ทำให้สามารถบอกความแตกต่างระหว่างประชากรย่อยและระบุสมาชิกจากแต่ละประชากรที่อาศัยปะปนกันได้ ในปัจจุบัน การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรมีการใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายพันธุกรรมหลายชนิด เครื่องหมายพันธุกรรมแบ่งออกเป็น 2 ระดับ คือ ระดับโปรตีนและระดับดีเอ็นเอ ซึ่งมีความละเอียดในการบ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมต่างกัน การใช้เครื่องหมายพันธุกรรมระดับโปรตีน เช่น isozymes มีข้อดี คือ สามารถตรวจสอบได้หลายตำแหน่ง ค่าใช้จ่ายไม่สูงมากนัก และมีการถ่ายทอดแบบข่มร่วม (co-dominant) แต่มีข้อจำกัด คือ จำนวนยีนที่ตรวจสอบได้มีไม่มากนัก และจะต้องเลือกเฉพาะเนื้อเยื่อที่มีการแสดงออกของยีนมาทำการศึกษา โมเลกุลของโปรตีนสูญเสียสภาพได้ง่าย ทำให้เก็บไว้ไม่ได้นาน นอกจากนี้แล้วยังไม่สามารถตรวจการกลายพันธุ์ชนิด synonymous mutation ได้ ในขณะที่เครื่องหมายพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอสามารถตรวจสอบได้และให้ข้อมูลที่ละเอียดกว่า เครื่องหมายพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอมีหลายชนิด เช่น restriction fragment length polymorphism (RFLP), amplified fragment length polymorphism (AFLP), random amplified polymorphic DNA (RAPD), simple sequence repeat (SSR) หรือ microsatellites ในปัจจุบันมีผู้นิยมใช้เครื่องหมายพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอกันอย่างแพร่หลาย ซึ่งเป็นผลมาจากตัวเลือกของประเภทของเครื่องหมายพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอที่มีหลากหลายและสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อเพียงเล็กน้อยด้วยเทคนิคพีซีอาร์ เครื่องหมายพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอมีข้อดี คือ โมเลกุลของดีเอ็นเอมีความเสถียรกว่าโมเลกุลของโปรตีน จึงเก็บไว้ได้นาน สามารถวิเคราะห์ตัวอย่างที่ถูกเก็บไว้เป็นเวลายาวนานได้ สามารถตรวจสอบดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อส่วนใดก็ได้ และตรวจสอบได้ทั้งจากส่วนที่เป็นยีนหรือไม่ใช่ยีนก็ได้ การคัดเลือกเครื่องหมายพันธุกรรมเพื่อนำมาใช้ในการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรมีหลักการสำคัญคือ ต้องเลือกเครื่องหมายพันธุกรรมที่อยู่ในสภาวะหลายรูปแบบ (polymorphic) มีความหลากหลายในระดับที่สูงพอในการศึกษาประชากรเป้าหมาย มีการถ่ายทอดแบบข่มร่วม เกิดทั่วจีโนม สามารถตรวจสอบได้ง่าย รวดเร็ว ราคาไม่แพง และให้ผลที่ทำได้

ข้อมูลโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลมีความจำเป็นต่อการบริหารจัดการทรัพยากรชีวภาพทางทะเลอย่างมีประสิทธิภาพและยั่งยืน การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลจึงมีบทบาทสำคัญต่อการกำหนดแนวทางในการจัดการทรัพยากรชีวภาพทางทะเล โดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อมีการใช้ข้อมูลร่วมกับการศึกษาทางชีววิทยา เช่น การสืบพันธุ์ พฤติกรรม และฤดูกาลในการวางไข่ จะช่วยสนับสนุนให้การกำหนดมาตรการการบริหารจัดการทรัพยากรชีวภาพทางทะเลมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ในประเทศไทย การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ของประชากรสัตว์ทะเลยังมีไม่มากนัก ส่วนใหญ่เป็นการศึกษาในสัตว์ทะเลที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ การศึกษาในสัตว์ทะเลกลุ่มอื่นมีน้อยมาก และยังมีข้อมูลไม่เพียงพอต่อการนำไปใช้ประโยชน์ ตัวอย่างการศึกษาที่เป็นรูปธรรมและถูกนำไปใช้เป็นแนวทางในการจัดการทรัพยากรชีวภาพทางทะเลเพื่อการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืน ได้แก่ การศึกษาความหลากหลายทาง

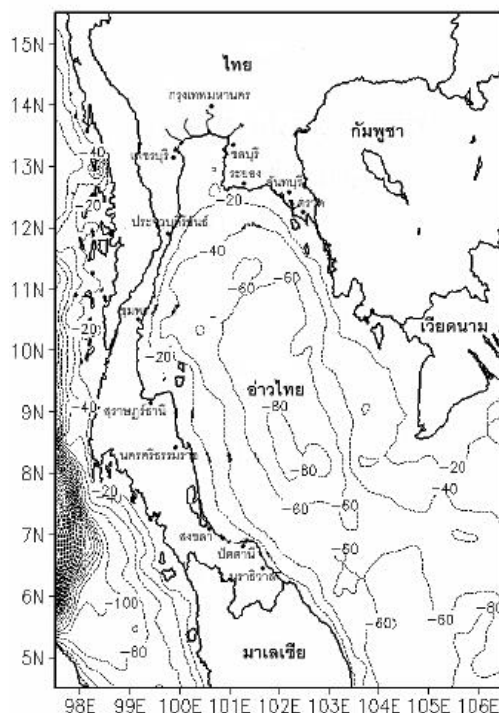
พันธุกรรมและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลาในอ่าวไทย (Srinulgray, 2008) ที่พบว่าประชากรปลาในอ่าวไทยแบ่งออกเป็นสองประชากรย่อย ได้แก่ ประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ซึ่งสอดคล้องกับรายงานการศึกษาพฤติกรรมและฤดูกาลในการวางไข่ที่มีมาก่อนหน้านี้ อันนำไปสู่มาตรการการปิดพื้นที่อ่าวไทยบางส่วน ซึ่งเป็นพื้นที่วางไข่

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยนั้น มีจุดมุ่งหมายเพื่อศึกษาว่าสัตว์ทะเลแต่ละชนิดที่พบอาศัยในอ่าวไทย มีการแยกออกเป็นประชากรย่อยหรือไม่ ประชากรมีพันธุกรรมแตกต่างกันมากน้อยเพียงใด โดยปกติแล้วประชากรย่อยจะมีการผสมพันธุ์กันภายในกลุ่ม และอาจมีการผสมพันธุ์ข้ามกลุ่มบ้าง หรืออาจไม่มีเลย ซึ่งการผสมพันธุ์ข้ามกลุ่มประชากรทำให้เกิดโอกาสในการแลกเปลี่ยนยีน หรือการถ่ายเทของยีน (gene flow) ระหว่างประชากรย่อย ถ้ามีการถ่ายเทของยีนมากประชากรก็จะแตกต่างกันน้อย ถ้ามีการถ่ายเทของยีนน้อยหรือไม่มีเลย ประชากรก็จะแตกต่างกันมากขึ้น โดยทั่วไป การแพร่กระจายและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลมีขอบเขตที่มากกว่าเมื่อเทียบกับสัตว์บก สัตว์น้ำจืดและสัตว์ที่มีการย้ายถิ่นจากทะเลมาวางไข่ในน้ำจืด สัตว์ทะเลหลายชนิด เช่น เต่าทะเล ปลาทะเล วาฬ และโลมา มีการเคลื่อนที่สูงเมื่ออยู่ในระยะตัวเต็มวัย บางชนิดสามารถเคลื่อนที่ไปในระยะทางไกลโดยอาศัยเกาะไปกับสิ่งมีชีวิตชนิดอื่นหรือล่องลอยไปกับกระแสน้ำ เช่น การล่องลอยไปตามกระแสน้ำของแพลงก์ตอนสัตว์ หรือมีการแพร่กระจายสูงเมื่ออยู่ในระยะเซลล์สืบพันธุ์หรือตัวอ่อน เช่น ปะการัง และสัตว์ในกลุ่มหอย ปัจจัยที่มีผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลในอ่าวไทยมีหลายประการ เช่น สิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ (geographic barrier) ซึ่งทำให้ประชากรย่อยไม่สามารถมาผสมพันธุ์กันได้ แต่พบว่าปัจจัยนี้มีบทบาทน้อยต่อความแตกต่างของประชากรสัตว์ทะเล เมื่อเปรียบเทียบกับประชากรสัตว์บกหรือสัตว์น้ำจืด ปัจจัยอีกประการหนึ่งคือความสามารถในการแพร่กระจายของสมาชิกภายในประชากร (dispersal ability) ในสัตว์บางกลุ่มการแพร่กระจายของตัวอ่อนมีความสำคัญมากกว่าการแพร่กระจายของตัวเต็มวัย (Kijima & Fujio, 1990) เช่น สัตว์ในกลุ่มหอยและดาวทะเลสามารถผสมพันธุ์ข้ามประชากรได้ แม้จะมีการเคลื่อนที่น้อยมาก ทั้งนี้เป็นเพราะตัวอ่อนสามารถล่องลอยไปตามกระแสน้ำเพิ่มโอกาสในการไปเจริญเติบโตรวมกับประชากรอื่น มีการผสมพันธุ์กับสมาชิกต่างประชากร ทำให้เกิดการถ่ายเทยีนระหว่างประชากรได้ ในกลุ่มสัตว์ทะเลชนิดที่มีระยะตัวอ่อนยาวนาน อัตราการแพร่กระจายของตัวอ่อนจะมีมากกว่า ทำให้ความแตกต่างระหว่างประชากรมีน้อยกว่าสัตว์ในกลุ่มที่มีระยะตัวอ่อนสั้น (Benzie, 1992)

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยโดยภาพรวมว่ามีการแบ่งออกเป็นประชากรย่อยและประชากรมีความแตกต่างกันหรือไม่ โดยการรวบรวมรายงานการวิจัย การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน เพื่อสรุปสาระสำคัญและเปรียบเทียบผลการวิจัยจำแนกตามกลุ่มของสัตว์ทะเล วิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลที่พบในอ่าวไทย องค์ความรู้ที่ได้จากการศึกษาวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลที่พบในอ่าวไทยสามารถนำไปทำงานวิจัยต่อยอด และอาจนำมาประยุกต์ใช้เพื่อประโยชน์ทางด้านนโยบาย โดยเป็นแนวทางในการกำหนดนโยบายการจัดการและอนุรักษ์ทรัพยากรชีวภาพทางทะเลของประเทศไทย เพื่อการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไป

ภูมิศาสตร์ของอ่าวไทย

อ่าวไทย มีลักษณะเป็นอ่าวกึ่งปิด ตั้งอยู่บริเวณทิศตะวันตกเฉียงใต้ของทะเลจีนใต้ ครอบคลุมบริเวณตั้งแต่ละติจูด 6 ถึง 14 องศาเหนือ และลองจิจูด 99 ถึง 105 องศาตะวันออก มีอาณาเขตติดต่อกับประเทศมาเลเซียทางทิศตะวันตก กัมพูชาทางทิศเหนือ เวียดนามทางทิศตะวันออก และทะเลจีนใต้ทางทิศใต้ (ภาพที่ 1)



ภาพที่ 1 แผนที่แสดงอาณาเขตของอ่าวไทยและระดับความลึกของน้ำทะเล (เมตร) ดัดแปลงมาจาก

Ascharyaphotha et al. (2008)

อ่าวไทยมีรูปร่างเป็นสี่เหลี่ยมผืนผ้า มีความกว้าง 400 กิโลเมตร ยาว 720 กิโลเมตร มีระดับความลึกไม่มากนัก โดยมีความลึกเฉลี่ยประมาณ 40 เมตร บริเวณใจกลางมีความลึกมากกว่าบริเวณอื่น ๆ โดยระดับความลึกมากที่สุดคือ 80 เมตร อ่าวไทยแบ่งเป็น 2 ส่วน คือ อ่าวไทยตอนบน และอ่าวไทยตอนล่าง อ่าวไทยตอนบนตั้งอยู่บนละติจูด 13 องศาเหนือ และลองจิจูด 100° 30' E (ภาพที่ 1) หรือนับตั้งแต่แนวเส้นตรงที่ลากเชื่อมต่อระหว่างอำเภอหัวหิน จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ กับเกาะเสม็ด จังหวัดชลบุรี ขึ้นไปจนถึงบริเวณชายฝั่งทะเลระหว่างปากแม่น้ำแม่กลอง จังหวัดสมุทรสงคราม จนถึงปากแม่น้ำบางปะกง จังหวัดฉะเชิงเทรา (บริเวณก้นอ่าว) มีรูปร่างคล้ายอักษร ก เป็นบริเวณที่มีระดับความลึกไม่มาก มีความลึกเฉลี่ยประมาณ 20 เมตร อ่าวไทยตอนบนเป็นบริเวณที่ได้รับผลกระทบโดยตรงจากการไหลของแม่น้ำสายหลัก 4 สายลงสู่อ่าวไทย ได้แก่ แม่น้ำแม่กลอง แม่น้ำท่าจีน แม่น้ำเจ้าพระยา และแม่น้ำบางปะกง อ่าวไทยตอนล่าง มีอาณาเขตนับจากแนวเส้นตรงที่เชื่อมต่อระหว่างแหลมคาเมา ประเทศเวียดนาม กับปากน้ำโกตาบารู ประเทศมาเลเซีย มีลักษณะคล้ายรูปกระหะ คือบริเวณที่มีความลึกที่สุดอยู่กลางอ่าวเป็นร่องลึก มีความลึกมากที่สุด 80 เมตร แล้วค่อย ๆ ตื้นขึ้นตามแนวลาดชันของฝั่งทะเล อ่าวไทยตอนล่างที่เป็นอาณาเขตของประเทศไทยแบ่งเป็น 3 เขต คือ อ่าวไทยฝั่งตะวันตก (บริเวณชายฝั่งทะเลตั้งแต่จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ลงไปจนถึงจังหวัดนราธิวาส) อ่าวไทยฝั่งตะวันออก (บริเวณชายฝั่งทะเลตั้งแต่จังหวัดชลบุรีถึงจังหวัดตราด) และกลางอ่าวไทย (บริเวณนอกชายฝั่งทะเลต่อจากอ่าวไทยตอนบน อ่าวไทยฝั่งตะวันตก และตะวันออก จนถึงเขตเศรษฐกิจจำเพาะของประเทศไทย)

ประวัติศาสตร์นิเวศวิทยาของอ่าวไทยและการเปลี่ยนแปลงของระดับน้ำทะเลในสมัย Pleistocene

อ่าวไทยตั้งอยู่บนแนวรอยต่อระหว่างแผ่นเปลือกโลกซัน-ไทยและอินโดจีน ซึ่งเคลื่อนที่เข้าชนกันตั้งแต่ยุค Permian ตอนปลายถึงยุค Triassic ตอนปลาย (ประมาณ 260-200 ล้านปีก่อน) อ่าวไทยเกิดจากรอยเลื่อนปกติที่วางตัว

ในแนวเหนือใต้และแนวตะวันตกเฉียงเหนือ-ตะวันออกเฉียงใต้ สันนิษฐานว่ารอยเลื่อนเริ่มเกิดขึ้นบริเวณแอ่งด้านตะวันออกเฉียงในสมัย Eocene (40 ล้านปีก่อน) ระหว่างนั้นแอ่งสะสมตะกอนค่อย ๆ ก่อตัวขึ้นพร้อมกับการสะสมตัวของตะกอนในสภาพแวดล้อมแบบทะเลสาบน้ำจืดตลอดช่วงสมัย Oligocene แอ่งด้านตะวันตกเริ่มก่อตัวขึ้นทีหลังในสมัย Oligocene ตอนปลาย โดยอยู่ในสภาพแวดล้อมแบบที่ราบน้ำท่วมถึงและที่ราบดินดอนสามเหลี่ยม ตั้งแต่สมัย Oligocene ตอนปลาย แรงดึงในแนวตะวันออกเฉียง-ตะวันตกของเปลือกโลกเริ่มลดลง ทำให้รอยเลื่อนปกติในแอ่งด้านตะวันออกเฉียงเริ่มมีการหยุดเคลื่อนตัว ส่วนรอยเลื่อนในแอ่งด้านตะวันตกเริ่มหยุดเคลื่อนตัวภายหลังในสมัย Miocene ตอนกลาง ขณะนั้นพื้นที่ในอ่าวไทย เข้าสู่ภาวะการทรุดตัวเป็นบริเวณกว้าง สันนิษฐานว่าเป็นผลจากการเย็นตัวของเปลือกโลกที่มีความร้อนสูง (Jitmahantakul, 2017)

ในสมัย Pleistocene (2.5 ล้านปี-10,000 ปีก่อน) เกิดวงจรรยุบน้ำแข็งขึ้นหลายครั้ง ส่งผลต่อการลดลงของระดับน้ำทะเลทั่วโลก (Haq *et al.*, 1987) จนทำให้พื้นที่ทะเลในปัจจุบันปรากฏเป็นแผ่นดินขึ้นมา เช่น ทะเลเขตน้ตื้นบริเวณ Sunda Shelf ได้แก่ บริเวณตอนใต้ของทะเลจีนใต้ อ่าวไทย และทะเล Java นอกจากนี้แล้วพื้นที่ซึ่งเป็นเกาะในปัจจุบันยังมีการเชื่อมต่อกัน (Voris, 2000) แผ่นดินที่เชื่อมต่อกันนี้ทำหน้าที่เป็นสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ จำกัดการแพร่กระจายของสิ่งมีชีวิตในทะเล เกิดการแบ่งกลุ่มของประชากร (allopatric diversification) จนอาจพัฒนาเป็นสิ่งมีชีวิตชนิดใหม่ขึ้นมา (McManus, 1985) ต่อมาในยุคน้ำแข็ง Last Glacial Maximum (19,000 ปีก่อน) น้ำทะเลลดลงอยู่ในระดับต่ำสุด (ลดลง 130 เมตร จากระดับน้ำทะเลในปัจจุบัน) และเมื่อน้ำแข็งเริ่มละลาย (14,600 ปีก่อน) ระดับน้ำทะเลจึงเพิ่มสูงขึ้นเรื่อย ๆ และเพิ่มสูงขึ้นมากอย่างฉับพลันจนทำให้เกิดน้ำท่วมบริเวณ Sunda Shelf (Hanebuth *et al.*, 2000)

การตรวจพบโครงสร้างประชากรของสัตว์ทะเลหลายชนิดตามสมมุติฐาน “Pleistocene isolation of marine basins” โดย McManus (1985) เกิดขึ้นจากการที่น้ำทะเลมีระดับลดลงในสมัย Pleistocene ทำให้ประชากรที่อาศัยบริเวณมหาสมุทรอินเดียและแปซิฟิกแยกออกจากกัน เนื่องจากเกิดแผ่นดินเชื่อมระหว่างแผ่นดินใหญ่ของทวีปเอเชีย เกาะบอร์เนียว หมู่เกาะของอินโดนีเซียทางตะวันตกและหมู่เกาะฟิลิปปินส์ นอกจากนี้แล้ว ประชากรบริเวณมหาสมุทรแปซิฟิกยังอาจมีการแบ่งกลุ่มออกเป็นประชากรย่อย ๆ ลงไปอีก เช่น จากการศึกษาวิวัฒนาการตามสภาพภูมิศาสตร์ของม้าน้ำในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้โดยใช้ cytochrome *b* พบว่าประชากรของม้าน้ำดำใน Sunda Shelf มี haplotype ที่แตกต่างจากบริเวณอื่น ซึ่งแสดงถึงการแยกตัวของประชากรมาเป็นระยะเวลาานานมาก (>120,000 ปี) โดยเฉพาะอย่างยิ่งประชากรบริเวณอ่าวไทยอาจจะมีการแยกตัวออกจากบริเวณอื่นโดยรอบเป็นระยะเวลาานานมากกว่านั้น (>760,000 ปี) (Lourie *et al.*, 2005) อ่าวไทยจัดว่าเป็นทะเลในเขตน้ตื้นชายฝั่ง ซึ่งมีแหล่งที่อยู่ที่เหมาะสมต่อสิ่งมีชีวิตในทะเลแบบกระจัดกระจาย ทั้งนี้เพราะมีปัจจัยจากสิ่งแวดล้อมที่ไม่เหมาะสมต่อการเป็นแหล่งที่อยู่อาศัย เช่น อุณหภูมิ กระแสน้ำและผู้ล่า เป็นต้น ด้วยเหตุนี้ การแพร่กระจายของประชากรในบริเวณอ่าวไทยจึงทำได้ยากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับในบริเวณทะเลเขตน้ตื้น ประชากรในอ่าวไทยจึงแบ่งออกเป็นกลุ่มย่อย ๆ และอาจเป็นสาเหตุนำไปสู่การเกิด genetic drift ได้ (Lourie *et al.*, 2005)

การไหลเวียนของกระแสน้ำในอ่าวไทย

การศึกษาลักษณะกระแสน้ำในอ่าวไทยมีความสำคัญ เพราะกระแสน้ำเป็นตัวแปรสำคัญในการควบคุมการแลกเปลี่ยนและการกระจายของสารอินทรีย์ในมวลน้ำ สามารถนำไปใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการศึกษาการกระจายการแพร่ และการถ่ายเทของสารต่าง ๆ ที่อยู่ในรูปของสารละลาย สารแขวนลอย รวมไปถึงสารมลพิษต่าง ๆ ที่ถูกปล่อยลงสู่ทะเล นอกจากนี้แล้ว ในด้านการประมงยังสามารถใช้ข้อมูลลักษณะกระแสน้ำ ในการศึกษาพฤติกรรมของสิ่งมีชีวิตในทะเล เช่น การศึกษาการเคลื่อนที่ของแพลงก์ตอนและสัตว์น้ำวัยอ่อนในทะเล อีกทั้งยังนำไปสู่การจัดการ

ทรัพยากรธรรมชาติในอ่าวไทยอย่างมีประสิทธิภาพ การไหลเวียนของกระแสน้ำในอ่าวไทยได้รับอิทธิพลจากลมมรสุมเป็นหลัก ลมมรสุมส่งผลให้รูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำในแต่ละฤดูกาลแตกต่างกันไป และภายในฤดูมรสุมเดียวกัน การไหลเวียนของกระแสน้ำในอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างยังมีรูปแบบที่แตกต่างกันอีกด้วย (Buranapratheprat & Bunpapong, 1998; Ascharyaphotha *et al.*, 2008; Buranapratheprat, 2008) โดยในช่วงลมมรสุมตะวันตกเฉียงใต้ (เดือนพฤษภาคม-สิงหาคม) บริเวณอ่าวไทยตอนบนกระแสน้ำมีการไหลเวียนทั้งตามและทวนเข็มนาฬิกา ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมในช่วงเวลานั้น ลมที่พัดค่อนข้างสม่ำเสมอทำให้มีการไหลของกระแสน้ำตามเข็มนาฬิกา ซึ่งเป็นลักษณะที่พบได้บ่อยในช่วงนี้ ส่วนบริเวณอ่าวไทยตอนกลางและตอนล่าง พบการไหลของกระแสน้ำแบบตามเข็มนาฬิกา และมีวงกระแสน้ำขนาดใหญ่มีทิศทางตามเข็มนาฬิกาบริเวณกลางอ่าวไทย แตกต่างจากรูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำในช่วงลมมรสุมตะวันออกเฉียงเหนือ (เดือนพฤศจิกายน-มกราคม) ที่บริเวณอ่าวไทยตอนบนพบการไหลของกระแสน้ำแบบทวนเข็มนาฬิกา ส่วนกลางอ่าวไทยพบวงกระแสน้ำขนาดใหญ่ไหลตามเข็มนาฬิกา

การไหลเวียนของกระแสน้ำบริเวณอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างที่แตกต่างกันในแต่ละฤดูกาล มีอิทธิพลต่อความแตกต่างของประชากรสัตว์ทะเลหลายชนิดในอ่าวไทย โดยเฉพาะชนิดที่อาศัยอิทธิพลของกระแสน้ำในการเคลื่อนที่ในระยะตัวอ่อน เนื่องจากในระยะตัวเต็มวัยมีอัตราการเคลื่อนที่ต่ำ เช่น สัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลจำพวกหอย นอกจากนี้แล้ว รูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำที่แตกต่างกันระหว่างอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ยังทำหน้าที่คล้ายสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ กั้นไม่ให้ประชากรจากอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างมีการแลกเปลี่ยนหรือถ่ายเทยีนระหว่างประชากร

การทบทวนรายงานการวิจัยการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน

จากการรวบรวมรายงานการวิจัยที่มีการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน จำแนกตามกลุ่มของสัตว์ทะเลตามระบบอนุกรมวิธานเนื่องมาจากสัตว์แต่ละกลุ่มมีการเคลื่อนที่และการแพร่กระจายในระยะตัวอ่อนและตัวเต็มวัยที่แตกต่างกัน ซึ่งส่งผลต่อการแลกเปลี่ยนของยีนระหว่างประชากรที่แตกต่างกันด้วย โดยสามารถจำแนกผลการศึกษตามกลุ่มของสัตว์ทะเล ได้ดังนี้

สัตว์ทะเลในกลุ่มหอย

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในกลุ่มหอยบริเวณอ่าวไทยพบมีการรายงานทั้งหมด 6 ชนิด ได้แก่ หอยลาย หอยเสียบ หอยแมลงภู่ หอยตะโกรมกรามดำ หอยตะโกรมกรามขาว และหอยเชลล์ มีประชากรหอย 2 ชนิด ได้แก่ หอยลาย และหอยเสียบ ที่ตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากการจำกัดการแลกเปลี่ยนของยีนระหว่างประชากรในระยะตัวอ่อน โดยอาจจะได้รับอิทธิพลมาจากการไหลเวียนของกระแสน้ำหรือสภาพภูมิประเทศที่แตกต่างกันระหว่างอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ส่วนสาเหตุที่ประชากรหอยชนิดอื่น ได้แก่ หอยแมลงภู่ หอยตะโกรมกรามดำ หอยตะโกรมกรามขาว และหอยเชลล์ ไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย อาจเป็นผลเนื่องมาจากมีการนำเข้าหรือแลกเปลี่ยนประชากรทั่วบริเวณอ่าวไทยเพื่อประโยชน์ในการเพาะเลี้ยง นอกจากนี้แล้วยังอาจมีสาเหตุมาจากพฤติกรรมเฉพาะของหอยบางชนิด เช่น การย้ายถิ่นในช่วงการวางไข่ เป็นต้น

หอยลาย (*Paphia undulata*) (Mollusca: Bivalvia: Veneridae) เป็นหอยสองฝาที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจเป็นอย่างมาก พบแพร่กระจายในบริเวณอ่าวไทยและทะเลอันดามัน (Sutthakorn & Tuaycharoen, 1993) ในปัจจุบันแหล่งทำประมงหอยลายพบในจังหวัดสมุทรสงคราม สมุทรสาคร สมุทรปราการ และสุราษฎร์ธานี ซึ่งอยู่ในฝั่งอ่าวไทย

ส่วนฝั่งทะเลอันดามันมีการทำประมงในจังหวัดสตูล Donrung *et al.* (2011) ได้ทำการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของหอยลายตลอดชายฝั่งของอ่าวไทย บริเวณจังหวัดสมุทรสงคราม สมุทรสาคร สมุทรปราการ และสุราษฎร์ธานี โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม ISSR (Inter-simple sequence repeat) เพื่อให้ได้ข้อมูลทางพันธุกรรมที่จำเป็นสำหรับการจัดการประชากรและการเพาะเลี้ยง ผลการศึกษาพบว่าประชากรหอยลายของอ่าวไทยตอนบน ได้แก่ สมุทรสงคราม สมุทรสาคร และสมุทรปราการ ไม่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม แต่ประชากรอ่าวไทยตอนบนทั้งหมดแสดงความแตกต่างอย่างชัดเจนกับประชากรจากสุราษฎร์ธานี ซึ่งอยู่บริเวณอ่าวไทยตอนล่าง ความแตกต่างของประชากรหอยลายอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ซึ่งอยู่ห่างกันประมาณ 450 กิโลเมตร อาจเป็นผลเนื่องมาจากการจำกัดการแลกเปลี่ยนของยีนระหว่างประชากรในช่วงที่ประชากรอยู่ในระยะตัวอ่อน โดยอาจจะได้รับอิทธิพลจากการไหลเวียนของกระแสน้ำหรือสภาพภูมิประเทศ (Hellberg, 2009)

หอยเสียบ (*Donax spp.*) พบแพร่กระจายทั่วไปบริเวณหาดทรายของประเทศไทย ในปัจจุบัน ประชากรหอยเสียบในประเทศไทยมีจำนวนลดน้อยลง เนื่องมาจากการเจริญเติบโตของการท่องเที่ยวและภาคอุตสาหกรรม ซึ่งไปรบกวนแหล่งที่อยู่ในธรรมชาติของหอยเสียบ การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของหอยเสียบในอ่าวไทยโดย Manatriron *et al.* (2012) ได้ทำการสำรวจประชากรหอยเสียบจากหาดบางแสน จังหวัดชลบุรี หาดชะอำ จังหวัดเพชรบุรี (อ่าวไทยตอนบน) และหาดสวนสน จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ (อ่าวไทยตอนล่าง) จากการศึกษาวิเคราะห์ทางพันธุศาสตร์โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม ISSR พบว่าประชากรหอยเสียบในอ่าวไทย แบ่งออกเป็นสองกลุ่มตามความแตกต่างทางพันธุกรรม กลุ่มแรกประกอบด้วยประชากรจากหาดบางแสนและหาดชะอำ กลุ่มที่สองเป็นประชากรจากหาดสวนสน โดยความแตกต่างที่เกิดขึ้นนี้อาจเป็นผลมาจากความแตกต่างของแหล่งที่อยู่และสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์

หอยแมลงภู่ (*Perna viridis*) เป็นหอยสองฝาที่นิยมนำมาเพาะเลี้ยง เนื่องจากมีการเจริญเติบโตเร็วและมีความทนทานสูงต่อการเปลี่ยนแปลงของปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม (Rajagopal *et al.*, 1998) ในประเทศไทย หอยแมลงภู่พบได้บริเวณปากแม่น้ำที่ไหลลงสู่อ่าวไทย ได้แก่ แม่น้ำเจ้าพระยา จังหวัดกรุงเทพฯ แม่น้ำบางปะกง จังหวัดฉะเชิงเทรา แม่น้ำท่าจีน จังหวัดสมุทรสาคร แม่น้ำแม่กลอง จังหวัดสมุทรสงคราม และแม่น้ำตาปี จังหวัดสุราษฎร์ธานี Prakoon *et al.* (2010) ได้ตรวจสอบประชากรหอยแมลงภู่ที่พบบริเวณอ่าวไทยตอนบน (แม่น้ำเจ้าพระยา จังหวัดกรุงเทพฯ แม่น้ำบางปะกง จังหวัดฉะเชิงเทรา แม่น้ำท่าจีน จังหวัดสมุทรสาคร และแม่น้ำแม่กลอง จังหวัดสมุทรสงคราม) อ่าวไทยตอนล่าง (แม่น้ำตาปี จังหวัดสุราษฎร์ธานี) และจากแหล่งเพาะเลี้ยงบริเวณอ่าวศรีราชา จังหวัดชลบุรี โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม microsatellites ทั้งนี้เพื่อศึกษาวิเคราะห์ความผันแปรและความแตกต่างทางพันธุกรรม อันจะเป็นประโยชน์ต่อการจัดการด้านการเพาะเลี้ยงหอยแมลงภู่ในอ่าวไทยอย่างยั่งยืนต่อไป ผลการศึกษาพบว่า ประชากรหอยแมลงภู่ในอ่าวไทยมีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับปานกลาง และไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในอ่าวไทย ซึ่งอาจเป็นผลเนื่องมาจากการแพร่กระจายของหอยแมลงภู่ในระยะตัวอ่อนมีเวลาค่อนข้างนานประมาณ 3-4 อาทิตย์ และระยะห่างระหว่างประชากรมีค่าน้อย ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนของยีนระหว่างประชากร ส่วนประชากรจากแม่น้ำตาปี ซึ่งอยู่ห่างจากประชากรอ่าวไทยตอนบนมากกว่า 450 กิโลเมตร แต่ไม่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม คาดว่าน่าจะเกิดจากการที่ประชากรปากแม่น้ำตาปีมีต้นกำเนิดมาจากประชากรอ่าวไทยตอนบน โดยอาจมีการนำเข้าประชากรจากอ่าวไทยตอนบนมาเพื่อประโยชน์ในการเพาะเลี้ยง เนื่องจากไม่พบประชากรพ่อแม่พันธุ์ในธรรมชาติบริเวณปากแม่น้ำตาปี (Wangvoralak *et al.*, 2006)

หอยตะไกรมกรามดำ (*Crassostrea belcheri*) และหอยตะไกรมกรามขาว (*C. iredalei*) เป็นหอยนางรมในสกุล *Crassostrea* (family Ostreidae, subfamily Crassostreinae) ในประเทศไทยพบทั้งหมด 2 ชนิด ได้แก่ หอยตะไกรม

กรมขาว (*C. iredalei*) และหอยตะไกรมกรมดำ (*C. belcheri*) ในประเทศไทยมีการเพาะเลี้ยงหอยทั้งสองชนิดมาประมาณห้าสิบล้านปีมาแล้ว โดยมีการเพาะเลี้ยงทั้งในบริเวณอ่าวไทยและทะเลอันดามัน ในการเพาะเลี้ยงหอยตะไกรมจะมีการจับลูกหอยมาจากแหล่งที่อยู่อาศัยในธรรมชาติ ซึ่งส่งผลต่อการลดจำนวนประชากรหอยตะไกรมในธรรมชาติ (Jarayabhand *et al.*, 1994) ดังนั้น ความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับความผันแปรทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของหอยตะไกรมในประเทศไทยจึงมีความสำคัญต่อการพัฒนาวิธีการเพาะเลี้ยงและการขยายพันธุ์อย่างเหมาะสม รวมไปถึงการจัดการประชากรในธรรมชาติของหอยชนิดนี้เพื่อการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไป จากการสำรวจประชากรหอยตะไกรมกรมดำโดย Bussarawit & Simonsen (2006) จากทั้งบริเวณแหล่งเพาะเลี้ยงและแหล่งที่อยู่อาศัยในธรรมชาติของอ่าวไทย จำนวน 6 ประชากร ได้แก่ บริเวณบ้านสลัก (จังหวัดตราด) อ่างศิลา (จังหวัดชลบุรี) คลองพิทยาลงกรณ์ (จังหวัดสมุทรสาคร) คลองบางนางรม (จังหวัดประจวบคีรีขันธ์) นาทับ (จังหวัดสงขลา) และคลองตากใบ (จังหวัดนราธิวาส) ผลจากการวิเคราะห์เอนไซม์จากเนื้อเยื่อหอยพบว่า ประชากรหอยตะไกรมกรมดำจากบริเวณอ่าวไทยทั้ง 6 ประชากร ไม่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม เช่นเดียวกับผลการศึกษาหอยตะไกรมกรมขาวจากบริเวณอ่าวไทย (Bussarawit & Simonsen, 2006) จากประชากรบ้านสลัก (จังหวัดตราด) ท่าใหม่ (จังหวัดจันทบุรี) กาญจนดิษฐ์ (จังหวัดสุราษฎร์ธานี) และคลองตากใบ (จังหวัดนราธิวาส) ซึ่งอาจเป็นผลมาจากการแลกเปลี่ยนประชากรหอยตะไกรมทั่วบริเวณอ่าวไทยเพื่อการเพาะเลี้ยง

หอยเซลล์ (*Amusium pleuronectes*) หอยชนิดนี้จัดเป็นสัตว์น้ำเศรษฐกิจสร้างมูลค่ามหาศาล หอยเซลล์มีการแพร่กระจายตั้งแต่จังหวัดชลบุรีไปจนถึงระยอง จันทบุรี และตราด อีกทั้งยังแพร่กระจายลงไปทางใต้ของอ่าวไทยไปจนถึงจังหวัดนราธิวาส Mahidol *et al.* (2007) ได้ทำการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของหอยเซลล์ที่พบตลอดแนวชายฝั่งของอ่าวไทยโดยการวิเคราะห์ความผันแปรของยีนบางส่วนของบริเวณ 16S rRNA ในไมโทคอนเดรีย จากการศึกษาไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรในอ่าวไทยที่ทำการสำรวจจากประชากรจังหวัดระยอง จังหวัดจันทบุรี จังหวัดตราด จังหวัดเพชรบุรี และจังหวัดนราธิวาส แม้ว่าประชากรจากจังหวัดระยองและจังหวัดตราดจะมีการวางไข่ในฤดูที่แตกต่างกัน (Nugranad, 1990; Roongratri, 1996) แต่กลับไม่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากร จากพฤติกรรมการย้ายถิ่นในช่วงการวางไข่และการแพร่กระจายของหอยเซลล์ในระยะตัวอ่อน (Morton, 1980)

สัตว์ทะเลในกลุ่มกุ้ง

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในกลุ่มกุ้งบริเวณอ่าวไทยพบมีการรายงานทั้งหมด 2 ชนิด ได้แก่ กุ้งกุลาดำ และกุ้งแชบ๊วย ประชากรกุ้งทั้ง 2 ชนิด ตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากการจำกัดการแพร่กระจายของตัวอ่อนจากปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม เช่น อุณหภูมิมีวิน้ำทะเลและการไหลเวียนของกระแสน้ำที่แตกต่างกันระหว่างอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง

กุ้งกุลาดำ (*Penaeus monodon*) จัดเป็นสัตว์น้ำเศรษฐกิจชนิดหนึ่งที่มีความสำคัญ การเพาะเลี้ยงกุ้งกุลาดำในประเทศไทยทั้งหมดขึ้นอยู่กับกุ้งในธรรมชาติซึ่งนำมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ในการเพาะขยายพันธุ์ลูกกุ้งเพื่อส่งต่อไปยังแหล่งเพาะเลี้ยง การจับกุ้งในธรรมชาติมาเป็นพ่อแม่พันธุ์เพื่อการเพาะเลี้ยง ส่งผลกระทบต่อการลดจำนวนลงของกุ้งเพศเมียจากประชากรในธรรมชาติ (Klinbunga *et al.*, 2001) การใช้ประโยชน์กุ้งกุลาดำมากเกินไปจนความจำเป็นสามารถแก้ไขได้โดยการจัดการประชากรในธรรมชาติ โดยอาศัยความรู้พื้นฐานทางด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมและความแตกต่างของประชากรกุ้งกุลาดำในอ่าวไทยระหว่างประชากรจากชุมพรและตราดโดยการใช้เครื่องหมายพันธุกรรม RAPD (random amplified polymorphic DNA) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาโดย Khamnamtong *et al.* (2009) และ Tassanakajon (2003)

โดยการวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมบริเวณ COI (cytochrome oxidase subunit I) ในไมโตคอนเดรีย และบริเวณ microsatellites ตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นถึงประชากรย่อยภายในอ่าวไทย

กุ้งแชบ๊วย (*Penaeus merguensis*) เป็นสัตว์น้ำที่สำคัญในการทำประมงของประเทศไทย มีการศึกษาความหลากหลายและความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรกุ้งแชบ๊วยในอ่าวไทย จากจังหวัดตราด สุราษฎร์ธานี และสงขลา โดยการวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมบริเวณนิวเคลียร์ดีเอ็นเอ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ microsatellites, DALP (direct amplification of length polymorphism) และ EPIC-PCR (exon-primed intron-crossing PCR) (Wanna *et al.*, 2004) ผลการศึกษาพบว่าประชากรจากอ่าวไทยทั้งสามประชากรมีความแตกต่างกัน สอดคล้องกับการศึกษาในกุ้งกุลาดำ *P. monodon* (Tassanakajon *et al.*, 1997; Klinbunga *et al.*, 2001) ที่ตรวจพบการแบ่งแยกของประชากรภายในอ่าวไทย ซึ่งน่าจะมีสาเหตุมาจากการจำกัดการแพร่กระจายของตัวอ่อนกุ้งแชบ๊วยจากสิ่งแวดล้อม ทำให้การถ่ายเทยีนระหว่างประชากรถูกจำกัดไปด้วย (Wanna *et al.*, 2004) ในอ่าวไทย ฤดูฝนในบริเวณตอนเหนือ (จังหวัดตราด) และตอนใต้ของอ่าวไทย (จังหวัดสงขลา) เกิดขึ้นในช่วงเวลาต่างกัน โดยบริเวณตอนเหนือฤดูฝนจะเกิดขึ้นระหว่างเดือนสิงหาคมถึงตุลาคม และตอนใต้จะเกิดขึ้นระหว่างเดือนธันวาคมถึงกุมภาพันธ์ ความแตกต่างของช่วงเวลาในการเกิดฤดูฝนส่งผลกระทบต่ออุณหภูมิผิวน้ำทะเล ซึ่งหากประชากรกุ้งแชบ๊วยมีการปรับตัวเพื่อการสืบพันธุ์ให้สอดคล้องกับฤดูกาลย่อมจะทำให้เกิดอุปสรรคต่อการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรบริเวณตอนเหนือและใต้ของอ่าวไทย นอกจากนี้แล้วในช่วงมรสุมกระแสน้ำยังทำหน้าที่คล้ายสิ่งกีดขวางจำกัดการแพร่กระจายระหว่างประชากรบริเวณตอนเหนือและตอนใต้ของอ่าวไทย

สัตว์ทะเลในกลุ่มปู

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในกลุ่มปูบริเวณอ่าวไทยพบมีการรายงานเพียงชนิดเดียวคือ ปูม้า ประชากรปูม้าตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากระยะห่างระหว่างประชากร ความแตกต่างของเวลาที่ปูเจริญเติบโต และพฤติกรรมการย้ายถิ่นของปูม้า

ปูม้า (*Portunus pelagicus*) จัดเป็นสัตว์ทะเลชนิดหนึ่งที่มีความสำคัญ ในประเทศไทย พบปูม้าตลอดแนวชายฝั่งของทะเลอันดามันและอ่าวไทย (Naiyanetr, 1998) การทำประมงปูม้ามีแนวโน้มลดลงในช่วงไม่กี่ปีที่ผ่านมา โดยเฉพาะในอ่าวไทย ปูม้ามีช่วงชีวิตในระยะที่เป็นแพลงก์ตอนสัตว์ค่อนข้างยาว ประมาณ 26-45 วัน และในช่วงตัวเต็มวัยพบมีการเคลื่อนที่สูง (Kangas, 2000) จึงคาดว่า ปูม้าน่าจะมีอัตราการถ่ายเทยีนระหว่างประชากรที่สูงด้วยเช่นกัน (Edgar, 1990) Klinbunga *et al.* (2010) ได้ทำการศึกษาประชากรปูม้าบริเวณอ่าวไทย จากจังหวัดจันทบุรี ประจวบคีรีขันธ์ และสุราษฎร์ธานี โดยการวิเคราะห์ด้วยวิธี RAPD ผลการศึกษาพบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรทั้งหมด ซึ่งสอดคล้องกับการตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในประชากรปูม้าของอ่าวไทย จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี AFLP (amplified fragment length polymorphism) (Klinbunga *et al.*, 2007) แม้ว่าปูม้าเป็นสัตว์ทะเลที่มีอัตราการเคลื่อนที่สูง แต่กลับตรวจพบการจำกัดการแพร่กระจายของยีนระหว่างประชากร โดยความแตกต่างระหว่างประชากรภายในอ่าวไทยอาจเป็นผลเนื่องมาจากระยะห่างระหว่างประชากร ความแตกต่างของเวลาที่ปูเจริญเติบโต จนถึงระยะตัวเต็มวัยในปูเพศผู้และเพศเมีย (Kangas, 2000) และพฤติกรรมการย้ายถิ่นของปูม้า

สัตว์ทะเลในกลุ่มปลา

การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในกลุ่มปลาบริเวณอ่าวไทยพบมีการรายงานทั้งหมด 4 ชนิด เป็นปลาเศรษฐกิจ 3 ชนิด ได้แก่ ปลากะพงขาว ปลาช่อนทะเล และปลาทู อีกหนึ่งชนิดคือ ม้าน้ำดำ มีประชากรปลาเพียงชนิดเดียวคือ ปลาทู ที่ตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากความแตกต่างของรูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำและความแตกต่างของปัจจัยทางกายภาพระหว่างอ่าวไทยตอนบน

และตอนล่าง เช่น ความเค็มและอุณหภูมิของน้ำทะเล ส่วนสาเหตุที่ประชากรปลาชนิดอื่น ได้แก่ ปลากะพงขาว ปลาช่อนทะเล และมัน้ำดำ ไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย อาจเป็นผลเนื่องมาจากหลายสาเหตุ ได้แก่ การนำเข้าหรือขนย้ายประชากรเพื่อประโยชน์ในการเพาะเลี้ยง การเคลื่อนที่หรือแพร่กระจายของประชากรที่อยู่ห่างกันในระยะตัวเต็มวัย การแพร่กระจายของประชากรในระยะตัวอ่อนโดยอาศัยกระแสน้ำหรือเกาะไปกับสัตว์ทะเลขนาดใหญ่ เป็นต้น

ปลากะพงขาว (*Lates calcarifer*) เป็นปลาน้ำจืดที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจอีกชนิดหนึ่งของประเทศไทย ปัจจุบันการเพาะเลี้ยงปลากะพงขาวในประเทศไทยมีทั้งการเพาะเลี้ยงเพื่อบริโภคภายในประเทศ และส่งออกไปยังต่างประเทศเป็นจำนวนมาก ในการเพาะเลี้ยงปลากะพงขาว ผู้ผลิตลูกพันธุ์ปลาส่วนใหญ่ต้องการผลิตลูกปลาให้เพียงพอ กับความต้องการของผู้เลี้ยงเท่านั้น โดยไม่ได้คำนึงถึงเรื่องพันธุกรรมของประชากร สายพันธุ์ที่ใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ รวมถึงการบริหารจัดการพ่อแม่พันธุ์ เพื่อรักษาสายพันธุ์ของปลากะพงอันเป็นปัจจัยสำคัญต่อการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำอย่างยั่งยืน ดังนั้น จึงได้มีการประเมินศักยภาพทางพันธุกรรมของประชากรปลากะพงขาวโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม microsatellites (Sodsuk *et al.*, 2012) ผลการศึกษาพบว่าความแตกต่างระหว่างประชากรภายในอ่าวไทย (ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงชายฝั่ง จังหวัดระยองและจังหวัดนครศรีธรรมราช) มีค่าน้อยมาก คาดว่าเกิดจากการนำเข้าหรือขนย้ายพ่อแม่พันธุ์ปลากะพงขาวระหว่างประชากร จากประชากรของอ่าวไทยฝั่งตะวันออกไปยังแหล่งเพาะพันธุ์ปลาในบริเวณอ่าวไทยตอนล่าง

ปลาช่อนทะเล (*Rachycentron canadum*) ปลาช่อนทะเลเป็นปลาที่มีการเจริญเติบโตรวดเร็ว จึงจัดเป็นปลาที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจอีกชนิดหนึ่งในประเทศไทย มีการทำฟาร์มปลาช่อนทะเลขนาดเล็กมากมาย โดยผู้เลี้ยงจับลูกปลาจากแหล่งธรรมชาติ และนำมาเพาะเลี้ยงให้เจริญเติบโตในฟาร์ม ในปัจจุบัน มีการสนับสนุนให้พัฒนาการเพาะเลี้ยงปลาช่อนทะเลเพื่อทดแทนการจับปลาจากในธรรมชาติ โดยได้มีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรในธรรมชาติของปลาช่อนทะเลที่พบในอ่าวไทย (Phinchongsakuldit *et al.*, 2013) เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการช่วยวางแผนและจัดการประชากรปลาช่อนทะเลเพื่อการเพาะเลี้ยงอย่างยั่งยืน จากการศึกษาวิเคราะห์โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม microsatellites ไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย (ตราด ชลบุรี และประจวบคีรีขันธ์) สอดคล้องกับการตรวจสอบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลาช่อนทะเลโดยใช้ mitochondrial DNA ซึ่งครอบคลุมบริเวณ 3' end ของ cytochrome *b*, tRNA-Thr, tRNA-Pro และ 5' end ของ control region นั่นคือ ไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรภายในอ่าวไทย (ตราด ชลบุรี ประจวบคีรีขันธ์ และสงขลา) (Khongchatee, 2011) ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากมีการแพร่กระจายของประชากรในระยะตัวเต็มวัยเพื่อการผสมพันธุ์ หรือการแพร่กระจายของประชากรในระยะที่เป็นตัวอ่อนโดยอาศัยกระแสน้ำ หรือการเกาะไปกับสัตว์ทะเลขนาดใหญ่ (Shaffer & Nakamura, 1989) ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรที่อยู่ห่างกันมากได้

ปลาทุ (*Rastrelliger brachysoma* Bleeker, 1851) ในอดีตปลาทุเป็นปลาที่มีราคาถูก เป็นแหล่งอาหารและโปรตีนของคนไทยโดยทั่วไป แต่เนื่องจากการทำประมงที่มากเกินไปจนเกิดความจำเป็นบริเวณอ่าวไทยทำให้ ประชากรปลาทุ มีแนวโน้มลดจำนวนลง จากการศึกษาล่าสุดเกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาทุโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม ISSR (Srinulgray, 2008) คาดว่า ประชากรปลาทุในอ่าวไทยประกอบไปด้วยสองประชากรย่อย โดยประชากรแรกอาศัยอยู่บริเวณตอนบนของอ่าวไทย (ทั้งฝั่งตะวันตกและตะวันออก รวมถึงบริเวณอ่าวไทยตอนบน) ประชากรที่สองอาศัยอยู่บริเวณตอนล่างของอ่าวไทย (บริเวณจังหวัดสุราษฎร์ธานีลงไป) สอดคล้องกับผลการศึกษาโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรม microsatellites ตรวจสอบประชากรปลาทุบริเวณอ่าวไทยตอนบน (สมุทรสงครามและเพชรบุรี) ซึ่งไม่พบความแตกต่างภายในประชากร (Munpholsri, 2014) ความแตกต่างระหว่างประชากรในอ่าวไทย อาจเป็นผลเนื่องมาจากความ

แตกต่างของรูปแบบการไหลเวียนของกระแสไฟฟ้า ซึ่งเป็นสาเหตุสำคัญที่จำกัดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากร นอกจากนี้แล้ว การเกิดประชากรย่อยภายในอ่าวไทย อาจเป็นผลเนื่องมาจากความแตกต่างของปัจจัยทางกายภาพบริเวณตอนบนกับตอนล่างของอ่าวไทย เช่น ความแตกต่างของความเค็มและอุณหภูมิของน้ำทะเล (Srinulgray, 2008)

ม้าน้ำ (สกุล *Hippocampus*) ในประเทศไทย มีรายงานว่าพบม้าน้ำทั้งหมด 7 ชนิด (Chaiyapu, 2003) ปัจจุบันประชากรม้าน้ำมีจำนวนลดลงเป็นอย่างมาก ม้าน้ำหลายชนิดถูกจัดไว้ในบัญชีแดงของสหภาพเพื่อการอนุรักษ์ธรรมชาติ (IUCN Red List of Threatened Species) ว่าเป็นสิ่งมีชีวิตที่เกือบอยู่ในข่ายใกล้การสูญพันธุ์ (vulnerable) และมีการควบคุมการนำเข้าหรือส่งออกม้าน้ำทุกชนิดในสกุล *Hippocampus* โดยจะต้องมีใบอนุญาตจากอนุสัญญาว่าด้วยการค้าระหว่างประเทศ ซึ่งชนิดสัตว์ป่าและพืชป่าที่ใกล้จะสูญพันธุ์ (Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, CITES) การวางแผนและจัดการอนุรักษ์ประชากรม้าน้ำจำเป็นต้องอาศัยความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรม และโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของม้าน้ำที่พบในธรรมชาติ การตรวจสอบสถานะภาพของประชากรม้าน้ำในประเทศไทยได้มีการศึกษาในม้าน้ำดำ (*Hippocampus kuda*) โดยการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมบริเวณ mitochondrial DNA (mtDNA) control region ผลการศึกษาพบว่าประชากรม้าน้ำดำจากอ่าวไทยตอนบน (หาดบางแสน จังหวัดชลบุรี และชายทะเล อำเภอยะลา จังหวัดยะลา) และอ่าวไทยฝั่งตะวันออก (เกาะเสม็ด จังหวัดระยอง และหมู่เกาะช้าง จังหวัดตราด) ไม่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม (Panithanarak *et al.*, 2010) นั่นคือ มีการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและอ่าวไทยฝั่งตะวันออกจากการเคลื่อนที่หรือแพร่กระจายของประชากรในระยะตัวเต็มวัย

การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทย

จากการรวบรวมและวิเคราะห์รายงานการวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน โดยสรุปสาระสำคัญและเปรียบเทียบผลการศึกษานี้ตามกลุ่มของสัตว์ทะเลดังแสดงในตารางที่ 1 พบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนกับอ่าวไทยตอนล่างในสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลหลายชนิดที่พบในธรรมชาติ เช่น หอยลาย หอยเสียบ กุ้งกุลาดำ กุ้งแชบ๊วย และปูม้า (ตารางที่ 1) ตรงกันข้ามกับผลการศึกษาในประชากรสัตว์มีกระดูกสันหลังในทะเล เช่น ปลากะพงขาว ปลาทูทะเล และม้าน้ำดำ ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากสัตว์ในกลุ่มปลาที่มีอัตราการเคลื่อนที่สูงเมื่ออยู่ในระยะตัวเต็มวัยเมื่อเปรียบเทียบกับสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเล นอกจากนี้แล้ว ในปลาชนิดที่เป็นสัตว์เศรษฐกิจ มีการนำเข้าและส่งออกพ่อแม่พันธุ์ปลาเพื่อการเพาะเลี้ยง จึงอาจทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรที่อยู่ห่างไกลกันได้ ทำให้ความแตกต่างทางพันธุกรรมลดน้อยลงไป ยกเว้นในปลาที่พบมีการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรเฉพาะบริเวณตอนบนของอ่าวไทย (ตั้งแต่จังหวัดสุราษฎร์ธานีขึ้นไป) (ตารางที่ 1)

การตรวจพบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลหลายชนิดที่พบในอ่าวไทย มีข้อยกเว้นในประชากรสัตว์ในกลุ่มหอยบางชนิด เช่น หอยแมลงภู่ หอยตะไกรมกราคมดำ หอยตะไกรมกราคมขาว และหอยเชลล์ (ตารางที่ 1) ซึ่งนิยมนำมาเพาะเลี้ยงเพื่อบริโภคเป็นอาหาร และพบหลักฐานการเคลื่อนย้ายของประชากรโดยมนุษย์เพื่อประโยชน์ในการเพาะเลี้ยง จึงอาจทำให้เกิดการถ่ายเทยีนระหว่างประชากร ทำให้ไม่พบความแตกต่างระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง นอกจากนี้แล้ว สัตว์ในกลุ่มหอยยังมีการแพร่กระจายสูงเมื่ออยู่ในระยะตัวอ่อน ทำให้ความแตกต่างระหว่างประชากรลดน้อยลงไป

ตารางที่ 1 สรุปและเปรียบเทียบรายงานการวิจัยการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน จำแนกผลการศึกษิตตามกลุ่มของสัตว์ทะเล

| ชนิด | เครื่องหมายพันธุกรรม | ประชากร (จำนวน) | ผลการศึกษา | อ้างอิง |
|--|----------------------|---|---|---------------------------------|
| หอย | | | | |
| -หอยลาย (<i>Paphia undulata</i>) | ISSR | สมุทรปราการ (1) สมุทรสาคร (1) สมุทรสงคราม (1) สุราษฎร์ธานี (1) | พบความแตกต่างระหว่างอ่าวไทยตอนบน (สมุทรปราการ สมุทรสาคร สมุทรสงคราม) กับอ่าวไทยตอนล่าง (สุราษฎร์ธานี) | Donrung <i>et al.</i> , 2011 |
| -หอยเสียบ (<i>Donax spp.</i>) | ISSR | บางแสน ชลบุรี (1) ชะอำ เพชรบุรี (1) หาดสวนสน ประจวบคีรีขันธ์ (1) | พบความแตกต่างระหว่างหาดสวนสนกับบางแสนและชะอำ | Manatrinon <i>et al.</i> , 2012 |
| -หอยแมลงภู่ (<i>Perna viridis</i>) | microsatellites | ปากแม่น้ำ อ่าวไทยตอนใน (4) ปากแม่น้ำ อ่าวไทยตอนล่าง (1) ศรีราชา ชลบุรี (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Prakoon <i>et al.</i> , 2010 |
| -หอยตะไกรมกรามดำ (<i>Crassostrea belcheri</i>) | isozymes | ตราด (1) ชลบุรี (1) สมุทรสาคร (1) ประจวบคีรีขันธ์ (1) สงขลา (1) นราธิวาส (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Bussarawit & Simonsen, 2006 |
| -หอยตะไกรมกรามขาว (<i>Crassostrea iredalei</i>) | isozymes | ตราด (1) จันทบุรี (1) สุราษฎร์ธานี (1) นราธิวาส (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Bussarawit & Simonsen, 2006 |
| -หอยเชลล์ (<i>Amusium pleuronectes</i>) | 16S rRNA | ระยอง (2) จันทบุรี (1) ตราด (1) เพชรบุรี (1) นราธิวาส (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Mahidol <i>et al.</i> , 2007 |

ตารางที่ 1 (ต่อ) สรุปและเปรียบเทียบรายงานการวิจัยการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน จำแนกผลการศึกษาตามกลุ่มของสัตว์ทะเล

| ชนิด | เครื่องหมาย พันธุกรรม | ประชากร (จำนวน) | ผลการศึกษา | อ้างอิง |
|--|--------------------------|---|--------------------------------------|---|
| กุ้ง | | | | |
| - กุ้งกุลาดำ (<i>Penaeus monodon</i>) | COI | ตราด (1) ชุมพร (1) | พบความแตกต่างระหว่าง ตราดกับชุมพร | Khamnamtong <i>et al.</i> , 2009 |
| | microsatellites | ตราด (1) ชุมพร (1) | พบความแตกต่างระหว่าง ตราดกับชุมพร | Tassanakajon, 2003 |
| | RAPD | ตราด (1) ชุมพร (1) | พบความแตกต่างระหว่าง ตราดกับชุมพร | Klinbunga <i>et al.</i> , 2001 |
| - กุ้งแชบ๊วย (<i>Penaeus merguensis</i>) | microsatellites | ตราด (1) | พบความแตกต่างระหว่าง | Wanna <i>et al.</i> , 2004 |
| | DALP | สงขลา (1) | สามประชากร | |
| | EPIC-PCR | สุราษฎร์ธานี (1) | | |
| ปู | | | | |
| - ปูม้า (<i>Portunus pelagicus</i>) | RAPD | จันทบุรี (1) | พบความแตกต่างระหว่าง | Klinbunga <i>et al.</i> , 2010 |
| | AFLP | ประจวบคีรีขันธ์ (1) สุราษฎร์ธานี (1) | สามประชากร | |
| ปลา | | | | |
| - ปลากะพงขาว (<i>Lates calcarifer</i>) | microsatellites | ระยอง (1) นครศรีธรรมราช (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Sodsuk <i>et al.</i> , 2012 |
| | mitochondrial DNA | ตราด (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Khongchatee, 2011 |
| ชลบุรี (1) | | | | |
| ประจวบคีรีขันธ์ (1) สงขลา (1) | | | | |
| - ปลาช่อนทะเล (<i>Rachycentron canadum</i>) | microsatellites | ตราด (1) ชลบุรี (1) ประจวบคีรีขันธ์ (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Phinchongsakuldit <i>et al.</i> , 2013 |

ตารางที่ 1 (ต่อ) สรุปและเปรียบเทียบรายงานการวิจัยการศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลในอ่าวไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบัน จำแนกผลการศึกษตามกลุ่มของสัตว์ทะเล

| ชนิด | เครื่องหมาย พันธุกรรม | ประชากร (จำนวน) | ผลการศึกษา | อ้างอิง |
|--|--------------------------|--|--|--------------------------------------|
| -ปลาทุ (<i>Rastrelliger brachysoma</i>) | ISSR | จันทบุรี (1) ระยอง (1) สมุทรสงคราม (1) ประจวบคีรีขันธ์ (1) สุราษฎร์ธานี (1) สงขลา (1) | พบความแตกต่างระหว่างประชากรทั้งหมดกับสงขลา | Srinulgray, 2008 |
| | microsatellites | สมุทรสงคราม (1) เพชรบุรี (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Munpholsri, 2014 |
| -ม้าน้ำดำ (<i>Hippocampus kuda</i>) | mtDNA control region | หาดบางแสน ชลบุรี (1) เกาะเสม็ด ระยอง (1) เกาะช้าง ตรวด (1) ชะอำ เพชรบุรี (1) | ไม่พบความแตกต่าง | Panithanarak <i>et al.</i> , 2010 |

จากการรวบรวมและวิเคราะห์รายงานการวิจัย ปัจจัยที่มีผลต่อการตรวจพบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลภายในอ่าวไทยมีหลายประการ ได้แก่

1. การไหลเวียนของกระแสน้ำ รูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำที่แตกต่างกันระหว่างอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างในแต่ละฤดูฤดูกาล เป็นสาเหตุสำคัญของความแตกต่างทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ซึ่งพบในสัตว์ทะเลหลายชนิด เช่น กุ้งแชบ๊วย (Wanna *et al.*, 2004) ปลาทุ (Srinulgray, 2008) และหอยลาย (Donrung *et al.*, 2011) เป็นต้น รูปแบบการไหลเวียนของกระแสน้ำที่แตกต่างกันระหว่างอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างทำหน้าที่คล้ายสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ กันไม่ให้ประชากรจากอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างมีการแลกเปลี่ยนหรือถ่ายเทยีนระหว่างประชากร โดยเฉพาะชนิดที่อาศัยอิทธิพลของกระแสน้ำในการเคลื่อนที่ในระยะตัวอ่อนหรือแพลงก์ตอน เนื่องจากในระยะตัวเต็มวัยมีอัตราการเคลื่อนที่ต่ำ เช่น สัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลจำพวกหอย

2. ระยะห่างระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่าง ระยะห่างระหว่างประชากรทำให้มีการจำกัดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรในช่วงที่ประชากรอยู่ในระยะตัวอ่อน เช่น ความแตกต่างของประชากรหอยลายที่พบบริเวณอ่าวไทยตอนบน (สมุทรสงคราม สมุทรสาคร และสมุทรปราการ) และอ่าวไทยตอนล่าง (สุราษฎร์ธานี) ซึ่งอยู่ห่างกันประมาณ 450 กิโลเมตร (Donrung *et al.*, 2011)

3. ความแตกต่างของปัจจัยทางกายภาพ เช่น อุณหภูมิและความเค็มของน้ำทะเล อ่าวไทยตอนบนมีความเค็มของน้ำทะเลน้อยกว่าบริเวณอื่นเนื่องมาจากอิทธิพลของการไหลของแม่น้ำสายหลัก 4 สายลงสู่อ่าวไทย และอุณหภูมิของน้ำทะเลภายในอ่าวไทยมีค่าสูงกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับอุณหภูมิของน้ำทะเลที่พัดมาจากทะเลจีนใต้เนื่องมาจากลมมรสุม

(Ascharyaphotha *et al.*, 2008) Srinulgray (2008) ได้อธิบายว่าความแตกต่างของอุณหภูมิและความเค็มของน้ำทะเล อาจเป็นอีกสาเหตุหนึ่งของความแตกต่างของประชากรปลาที่พบในอ่าวไทย

4. สาเหตุอื่น ๆ เช่น ความแตกต่างของช่วงเวลาการเจริญเติบโตไปจนถึงตัวเต็มวัยในปูเพศผู้และเพศเมีย และ พฤติกรรมการย้ายถิ่นของปูม้า (Klinbunga *et al.*, 2010) เป็นต้น

สำหรับรายงานการวิจัยที่ไม่พบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากร ภายในอ่าวไทย ได้อธิบายปัจจัยที่ส่งผลต่อความคล้ายคลึงกันของประชากรไว้หลายประการ ได้แก่

1. การแพร่กระจายในระยะตัวอ่อน กลุ่มสัตว์ทะเลชนิดที่มีระยะตัวอ่อนยาวนาน อัตราการแพร่กระจายของตัวอ่อนจะมีมากกว่า ทำให้ความแตกต่างระหว่างประชากรมีน้อยกว่าในกลุ่มที่มีระยะตัวอ่อนสั้น เช่น หอยแมลงภู่มีระยะตัวอ่อนค่อนข้างนาน ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรที่อยู่ห่างไกลกัน (Prakoon *et al.*, 2010) สัตว์ทะเลบางชนิด เช่น ปลาช่อนทะเล ตัวอ่อนมีการแพร่กระจายโดยอาศัยกระแสน้ำหรือเกาะไปกับสัตว์ทะเลขนาดใหญ่ ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรที่อยู่ห่างกันมากได้ (Phinchongsakuldit *et al.*, 2013)

2. การนำเข้าหรือแลกเปลี่ยนประชากรเพื่อการเพาะเลี้ยง ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนของยีนระหว่างประชากร เช่น ในหอยตะโกรม พบว่ามีการแลกเปลี่ยนประชากรทั่วบริเวณอ่าวไทยเพื่อการเพาะเลี้ยง (Bussarawit & Simonsen, 2006) ในหอยแมลงภู่มักนำเข้าประชากรจากอ่าวไทยตอนบนมาเพาะเลี้ยงบริเวณแม่น้ำตาปี จังหวัดสุราษฎร์ธานี (Prakoon *et al.*, 2010) ในปลากะพงขาว คาดว่ามีการนำเข้าหรือขนย้ายพ่อแม่พันธุ์ปลาระหว่างประชากร จากอ่าวไทยฝั่งตะวันออกไปยังอ่าวไทยตอนล่าง (Sodsuk *et al.*, 2012)

3. สาเหตุอื่น ๆ เช่น พฤติกรรมการแพร่กระจายของประชากรในระยะตัวเต็มวัยเพื่อผสมพันธุ์ในปลาช่อนทะเล (Phinchongsakuldit *et al.*, 2013) และพฤติกรรมการย้ายถิ่นในช่วงการวางไข่ในหอยเชลล์ (Mahidol *et al.*, 2007) เป็นต้น

นอกจากปัจจัยที่กล่าวมาแล้ว ความสามารถในการตรวจพบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรในอ่าวไทยยังอาจขึ้นอยู่กับกำลังในการตรวจสอบของเครื่องหมายพันธุกรรมแต่ละชนิดที่ใช้ โดยเครื่องหมายพันธุกรรมที่เลือกใช้อาจไม่เพียงพอในการตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรม รวมไปถึงการเลือกแหล่งเก็บตัวอย่างที่ไม่ครอบคลุมพื้นที่ทั้งหมดเพื่อใช้เป็นตัวแทนในการศึกษาอาจส่งผลกระทบต่อ การตรวจสอบ โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรได้

บทสรุปและข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาและวิเคราะห์งานวิจัยโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลที่พบในอ่าวไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 จนถึงปัจจุบันในสัตว์ทะเลกลุ่มหอย กุ้ง ปู และปลา พบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอ่าวไทยตอนบนและตอนล่างในสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังในทะเลหลายชนิด เช่น สัตว์ทะเลในกลุ่มหอย (หอยลาย และหอยเสียบ) กุ้ง (กุ้งกุลาดำ และกุ้งแชบ๊วย) และปู (ปูม้า) แต่มีข้อยกเว้นในสัตว์กลุ่มหอยบางชนิด (หอยแมลงภู่มิ หอยตะโกรม และหอยเชลล์) ที่ได้รับอิทธิพลจากการนำเข้าหรือแลกเปลี่ยนประชากรเพื่อการเพาะเลี้ยงและมีการแพร่กระจายในระยะตัวอ่อนสูง ส่งผลต่อการแลกเปลี่ยนหรือถ่ายเทยีนระหว่างประชากร ทำให้ความแตกต่างระหว่างประชากรลดน้อยลงไป ปัจจัยที่ส่งผลต่อการตรวจพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสัตว์ทะเลบางชนิดในอ่าวไทย คือ การไหลเวียนของกระแสน้ำ ระยะห่างระหว่างประชากร และความแตกต่างของปัจจัยทางกายภาพ และปัจจัยทางชีวภาพ

องค์ความรู้ที่ได้จากการศึกษาวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลที่พบในอ่าวไทยสามารถนำไปทำงานวิจัยต่อยอด และอาจนำมาประยุกต์ใช้เป็นแนวทางในการกำหนดนโยบายการจัดการและอนุรักษ์ทรัพยากรชีวภาพทางทะเลของประเทศไทย เพื่อการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไป การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของสัตว์ทะเลเป็นการศึกษาเพียงด้านเดียว หากต้องการให้การจัดการและการอนุรักษ์ทรัพยากรชีวภาพทางทะเลเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพจำเป็นต้องมีการศึกษาแบบบูรณาการจากหลากหลายสาขาวิชา ได้แก่ ชีววิทยา (เช่น การสืบพันธุ์ พฤติกรรม และฤดูกาลในการวางไข่) วิทยาศาสตร์การประมง (เช่น การอพยพย้ายถิ่น การเจริญเติบโตและการฟื้นตัวของประชากร) การเปลี่ยนแปลงของประชากร (เช่น การศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร) และการศึกษาทางสังคมศาสตร์ (เช่น การมีส่วนร่วมของชุมชนในการอนุรักษ์ทรัพยากรชีวภาพทางทะเล)

เอกสารอ้างอิง

- Ascharyaphotha, N., Wongwises, P., Wongwises, S., Humphries, W. U. & Xiaobao, Y. (2008). Simulation of seasonal circulations and thermohaline variabilities in the Gulf of Thailand. *Advances in Atmospheric Sciences*, 25(3), 489-506.
- Benzie, J. A. H. (1992). Review of the genetics, dispersal and recruitment of Crown-of-thorns starfish (*Acanthaster planci*). *Australian Journal of Marine and Freshwater Research*, 43, 597-610.
- Bleeker, P. (1851). Bijdrage tot de kennis der ichthyologische fauna van Borneo, met beschrijving van 16 nieuwe soorten van Zoetwaterfischen. *Natuurkundig Tijdschrift voor Nederlandsch Indië*, 1, 1-16.
- Buranapratheprat, A. (2008). Circulation in the upper Gulf of Thailand: a review. *Burapha Science Journal* 13(1), 75-83.
- Buranapratheprat, A. & Bunpapong, M. (1998). Two-dimensional hydrodynamic model of seasonal variation in circulation in the Gulf of Thailand. *Aquatic Science Journal*, 4(1-2), 27-39. (in Thai)
- Bussarawit, S. & Simonsen, V. (2006). Genetic variation in populations of white scar (*Crassostrea belcheri*) and black scar oysters (*C. iredalei*) along the coast of Thailand by means of isozymes. *Phuket Marine Biological Center Research Bulletin*, 67, 11-21.
- Chaiyapu, M. (2003). *Taxonomy of pipefishes and seahorses (PISCES: SYNGNATHIDAE) found in Thai waters*. MSc Thesis, Chulalongkorn University. (in Thai)
- Donrung, P., Tunkijjanukij, S., Jarayabhand, P. & Poompuang, S. (2011). Spatial genetic structure of the surf clam *Paphia undulata* in Thailand waters. *Zoological Studies*, 50(2), 211-219.
- Edgar, G. J. (1990). Predator-prey interactions in seagrass beds. II. Distribution and diet of the blue manna crab *Portunus pelagicus* Linnaeus at Cliff Head, Western Australia. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 139, 23-32.
- Hanebuth, T., Stategger, K. & Grootes, P. M. (2000). Rapid flooding of the Sunda Shelf: a late-glacial sea level record. *Science*, 288, 1033-1035.
- Haq, B. U., Hardenbol, J. & Vail, P. R. (1987). Chronology of fluctuating sea levels since the Triassic. *Science*, 235, 1156-1167.

- Hellberg, M. E. (2009). Gene flow and isolation among populations of marine animals. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 40, 291-310.
- Jarayabhand, P., Jaraeontia, S., Srisaard, C. & Menasveta, P. (1994). Experiments on larviculture of Thai oyster species. *Thai Journal of Aquatic Science*, 1(1), 43-53.
- Jitmahantakul, S. (2017). *Geology of the Gulf of Thailand*. Retrieved October 16, 2017, from <http://www.geothai.net/gulf-of-thailand/> (in Thai)
- Kangas, M. I. (2000). Synopsis of the biology and exploitation of the blue swimmer crab, *Portunus pelagicus* Linnaeus, in Western Australia. *Fisheries Research Report, Fisheries Department (Western Australia)*, 121, 1-22.
- Khamnamtong, B., Klinbunga, S. & Menasveta, P. (2009). Genetic diversity and geographic differentiation of the giant tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in Thailand analyzed by mitochondrial COI sequences. *Biochemical Genetics*, 47, 42-55.
- Khongchatee, A. (2011). Phylogeography of cobia (*Rachycentron canadum*) in Thailand. MSc Thesis, Walailak University.
- Kijima, A. & Fujio, Y. (1990). Genetic analysis of population structure in marine teleost around Japan. In: *Isozyme: Structure, Function, and Use in Biology and Medicine*. (pp. 177-206). New York: Wiley-Liss, Inc.
- Klinbunga, S., Khetpu, K., Khamnamtong, B. & Menasveta, P. (2007). Genetic heterogeneity of the blue swimming crab (*Portunus pelagicus*) in Thailand determined by AFLP analysis. *Biochemical Genetics*, 45, 725-736.
- Klinbunga, S., Siludjai, D., Wudthijinda, W., Tassanakajon, A., Jarayabhand, P. & Menasveta, P. (2001). Genetic heterogeneity of the giant tiger shrimp (*Penaeus monodon*) in Thailand revealed by RAPD and mitochondrial DNA RFLP analyses. *Marine Biotechnology*, 3, 428-438.
- Klinbunga, S., Yuvanatemiy, V., Wongphayak, S., Khetpu, K., Menasveta, P. & Khamnamtong, B. (2010). Genetic population differentiation of the blue swimming crab *Portunus pelagicus* (Portunidae) in Thai waters revealed by RAPD analysis. *Genetics and Molecular Research*, 9(3), 1615-1624.
- Lourie, S. A., Green, D. M. & Vincent, A. C. J. (2005). Dispersal, habitat differences, and comparative phylogeography of Southeast Asian seahorses (Syngnathidae: *Hippocampus*). *Molecular Ecology*, 14, 1073-1094.
- Mahidol, C., Na-Nakorn, U., Sukmanomon, S., Taniguchi, N. & Nguyen, T. T. T. (2007). Mitochondrial DNA diversity of the Asian moon scallop, *Amusium pleuronectes* (Pectinidae), in Thailand. *Marine Biotechnology*, 9, 352-359.
- Manatriron, S., Thonglor, O.-U. & Boonyapakdee, A. (2012). Genetic and morphological variation in three populations of *Donax* spp. in the Gulf of Thailand. *Thai Journal of Genetics*, 5(1), 79-88.

- McManus, J. W. (1985). Marine speciation, tectonics and sea level changes in Southeast Asia. In. *Fifth International Coral Reef Congress, Tahiti*. (pp. 133-138).
- Morton, N. (1980). Swimming in *Amusium pleuronectes* (Bivalvia: Pectinidae). *Journal of Zoology*, 190, 375-404.
- Munpholsri, N. (2014). *Development of microsatellite markers and their application in population genetics studies of short mackerel Rastrelliger brachysoma (Bleeker, 1851) and Indian mackerel R. Kanagurta (Cuvier, 1816)*. MSc Thesis, Kasetsart University. (in Thai)
- Naiyanetr, P. (1998). *Checklist of the Crustacean Fauna in Thailand (Decapoda and Stomatopoda)*. Bangkok: Office of Environmental Policy and Planning Biodiversity.
- Nugranad, J. (1990). *Population Dynamics of the Asian Moon Scallop (Amusium pleuronectes, Linn) Around the Chang Islands, Trat Province*. MSc Thesis, Chulalongkorn University.
- Panithanarak, T., Karuwancharoen, R., Na-Nakorn, U. & Nguyen, T. T. T. (2010). Population genetics of the spotted seahorse (*Hippocampus kuda*) in Thai waters: implications for conservation. *Zoological Studies*, 49(4), 564-576.
- Phinchongsakuldit, J., Chaipakdee, P., Collins, J. F., Jaroensutasinee, M. & Brookfield, J. F. Y. (2013). Population genetics of cobia (*Rachycentron canadum*) in the Gulf of Thailand and Andaman Sea: fisheries management implications. *Aquaculture International*, 21, 197-217.
- Prakoon, W., Tunkijjanukij, S., Nguyen, T. T. T. & Na-Nakorn, U. (2010). Spatial and temporal genetic variation of green mussel, *Perna viridis* in the Gulf of Thailand and implication for aquaculture. *Marine Biotechnology*, 12, 506-515.
- Rajagopal, S., Venugopalan, V. P., Nair, K. V. K., Van der Velde, G., Jenner, H. A. & Den, H. (1998). Reproduction, growth rate and culture potential of the green mussel, *Perna viridis* (L.) in Edaiyur backwaters, East coast of India. *Aquaculture*, 162, 187-202.
- Roongratri, M. (1996). *Biology of the Asian Moon Scallop (Amusium pleuronectes, Linn) in Royong Bay, Rayong Province*. Rayong: Eastern Marine Fisheries Development Center, Department of Fisheries, Ministry of Agriculture and Cooperatives.
- Shaffer, R. & Nakamura, E. (1989). *Synopsis of biological data on the cobia, Rachycentron canadum (Pisces: Racycentridae)*. Seattle, Washington DC: U.S. Department of Commerce, National Oceanic and Atmospheric Administration, National Marine Fisheries Service.
- Sodsuk, P. K., Praipanapong, S., Sain-in, N., Sodsuk, S. & Pewnain, P. (2012). Microsatellite-based analysis of genetic variation in hatchery populations of Asian seabass, *Lates calcarifer* (BLOCH, 1790). *Thai Journal of Genetics* 5(2), 166-182. (in Thai)
- Srinulgray, T. (2008). *Genetic diversity of short mackerel Rastrelliger brachysoma populations in the Gulf of Thailand and Andaman Sea*. MSc Thesis, Chulalongkorn University.

- Sutthakorn, P. & Tuaycharoen, S. (1993). *Biological aspects of short necked clam Paphia undulata (Born, 1778) off the west coast of Thailand*. Phuket: Marine Life History Unit, Andaman Sea Fisheries Research and Development Center, Marine Fisheries Division, Department of Fisheries.
- Tassanakajon, A. (2003). Genetic diversity and population structure of the black tiger shrimp, *Penaeus monodon*, in Thailand revealed by microsatellite markers. *Journal of Research Methodology*, 16(3), 359-373. (in Thai)
- Tassanakajon, A., Pongsomboon, S., Rimpanitchayakit, V., Jarayabhand, P. & Boonsaeng, V. (1997). Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers for determination of genetic variation in wild populations of the black tiger prawn (*Penaeus monodon*) in Thailand. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 6, 110-115.
- Voris, H. K. (2000). Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems, time durations. *Journal of Biogeography*, 27, 1153-1167.
- Wangvoralak, S., Kaewnoen, M., Ajjimangkool, S. & Srisomvongse, C. (2006). Study on culture pattern, using of woods and cost-benefit analysis in green mussel (*Perna viridis*) culture: a case study in Chachoengsao and Surat Thani province. In. *Proceedings of 44th Kasetsart University Annual Conference: Fisheries Section*. (pp. 501-509). Bangkok: Kasetsart University.
- Wanna, W., Rolland, J.-L., Bonhomme, F. & Phongdara, A. (2004). Population genetic structure of *Penaeus merguensis* in Thailand based on nuclear DNA variation. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 311, 63-78.