

หอยหวานเป็นหอยทะเลฝาเดียวที่พบกระจายทั่วไปในอ่าวไทย การสำรวจครั้งนี้ได้พบความแตกต่างของลักษณะสีเปลือกของหอยหวานจากตัวอย่างหอยหวานที่เก็บมาจาก 8 สถานี คือ ตราด ชลบุรี ระยอง เพชรบุรี ประจวบคีรีขันธ์ นครศรีธรรมราช สงขลา และปัตตานี โดยสามารถแบ่งออกได้เป็น 5 ลักษณะคือ น้ำตาล ส้ม ขาว สนิม และ แดงน้ำตาลเข้ม โดยหอยสีน้ำตาลจะพบในหอยหวานที่ได้จากทุกสถานี ตรงกันข้ามหอยสีแถบน้ำตาลเข้มจะพบเฉพาะหอยที่ได้จากจังหวัดประจวบคีรีขันธ์เท่านั้น อีกสามสีที่เหลือจะพบกระจายอยู่ในบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันตกจากจังหวัดนครศรีธรรมราชถึงปัตตานี แต่เฉพาะสีสนิมที่มีการพบจากตัวอย่างที่ได้จากจังหวัดตรังด้วย ความหลากหลายทางพันธุกรรม และ โครงสร้างพันธุกรรมของหอยทะเลชนิดนี้ได้ถูกทำการศึกษาโดยการใช้เครื่องหมายพันธุกรรม ISSR จากการสำรวจ ISSR primer 49 ตัว มีเพียง 4 ตัวที่ให้ผลที่เชื่อถือได้ และมี polymorphisms คือ UBC814 UBC841 UBC845 และ T8707 หลังจากที่ได้ทำการสำรวจความแปรปรวนทางพันธุกรรมของตัวอย่างหอยหวานจำนวน 203 ตัวอย่าง ที่ได้จาก 7 สถานี คือ ตราด ชลบุรี ระยอง เพชรบุรี ประจวบคีรีขันธ์ นครศรีธรรมราช และสงขลา พบว่า มีแถบ DNA ที่สามารถเก็บข้อมูลได้ทั้งหมด 27 แถบ โดย 24 แถบจากทั้งหมดให้ polymorphisms ซึ่งคิดเป็น 88.89% ความหลากหลายทางพันธุกรรมของตัวอย่างหอยหวานทั้งหมดมีค่าค่อนข้างสูง (PPB: 88.89%, H: 0.2329, I: 0.3563) ประชากรที่มีความหลากหลายสูงสุดและต่ำสุดคือ ประชากรจากจังหวัดตราด (PPB: 74.07%, H: 0.2380, I: 0.3572) และจังหวัดนครศรีธรรมราช (%PB = 40.74, H = 0.1163, I = 0.1800) ตามลำดับ ความห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรแต่ละกลุ่มมีค่าตั้งแต่ 0.0145 ถึง 0.1276 แผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรหอยหวานแสดงการแบ่งกลุ่มของประชากรทั้งหมดออกเป็น 2 กลุ่มอย่างชัดเจนคือ อ่าวไทยตอนบน(ตราด ชลบุรี ระยอง เพชรบุรี ประจวบคีรีขันธ์) และอ่าวไทยตอนล่าง(นครศรีธรรมราช และสงขลา) การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุกรรมของประชากรหอยหวานด้วยวิธี AMOVA ซึ่งแสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญระหว่างตัวอย่างทั้งหมดในแต่ละประชากร (F_{st} : 0.2602, $p < 0.001$) ระหว่างประชากรในแต่ละพื้นที่ (0.1505, $p < 0.001$) และระหว่างพื้นที่ทั้งหมด (F_{ct} : 0.1291, $p < 0.049$) มีความสัมพันธ์ระหว่าง ความห่างทางพันธุกรรม (genetic distances) กับ ระยะความห่างทางภูมิศาสตร์ (geographical distances) ของแต่ละประชากรเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Mantel's test ($r = 0.6289$, $p = 0.008$) การพบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรทั้งหมด อาจเป็นผลมาจากในแต่ละประชากรที่ความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่สูงซึ่งน่าจะมีสาเหตุมาจากการอพยพเข้ามาเป็นสมาชิกใหม่ของตัวอ่อนสามารถได้มาจากหลายแหล่ง หรืออาจจะมีสาเหตุมาจากการคัดเลือกทางธรรมชาติที่มีความจำเพาะต่อประชากรแต่ละประชากร ข้อมูลโครงสร้างพันธุกรรมของประชากรหอยหวานบริเวณอ่าวไทยที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์อย่างมากในการอนุรักษ์ประชากรหอยหวานในพื้นที่ดังกล่าว

Babylonia areolata is a common marine gastropod found widely distributed in the Gulf of Thailand. In this investigation, the variations in shell color patterns were found among the samples collected from eight sampling sites (Trat, Chanthaburi, Rayong, Phetchaburi, Prachuapkhirikhan, Nakorn Si Thammarat, Songkhla, and Pattani). There were five different color patterns described as brown, orange, white, rust, and dark-brown stripe. The brown samples were obtained from all sites. In contrast, the dark-brown stripe samples were found only in the samples from Prachuapkhirikhan. The other three color patterns commonly distributed on the West coast of the Gulf (from Nakorn Si Thammarat to Pattani), but samples having rust color also occur in one site from the East coast (Trad). The genetic diversity and population genetic structure of this marine species were investigated using ISSR markers. Forty nine ISSR primers were screened and four reliable and polymorphic primers (UBC 814, UBC841, UBC845, and T8707) were obtained and used. After, the investigation on genetic variation of two hundred and three spotted babylon samples from seven sites (Trat, Chanthaburi, Rayong, Phetchaburi, Prachuapkhirikhan, Nakorn Si Thammarat, and Songkhla), twenty-seven DNA bands can be scored, of which twenty-four were polymorphic (88.89%). High genetic diversity, at species level, was found (PPB: 88.89%, H: 0.2329, I: 0.3563). The highest and lowest genetic diversity within population were detected in Trat (PPB: 74.07%, H: 0.2380, I: 0.3572) and Nakorn Si Thammarat (%PB = 40.74, H = 0.1163, I = 0.1800) respectively. Pairwise genetic distances among populations ranged from 0.0145 to 0.1276. UPGMA dendrogram based on Nei's genetic distances divided the populations of *B. areolata* into two groups, the upper area (Trat, Chanthaburi, Rayong, Phetchaburi, and Prachuapkhirikhan) and the southern area of the Gulf (Nakorn Si Thammarat and Songkhla). The hierarchical analysis of molecular variance tested by AMOVA showed significant genetic differentiation among the populations (F_{st} : 0.2602, $P < 0.0001$) and among populations within group (F_{sc} : 0.1505, $P < 0.0001$) but non-significant genetic differentiation among regions (F_{ct} : 0.1291, $P < 0.049$). Mantel's test showed high correlation between genetic distances and geographical distances ($r = 0.6289$, $p = 0.008$). High genetic differentiation among the populations can be effected by high genetic variation within populations, caused by various sources of larval supply or specific-local selection. The genetic structure between the populations in the upper and the South area of the Gulf of Thailand, found in this study, is useful information for the conservation of this marine gastropod species.