

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของหอยชักตีน (*Strombus canarium*) ในภาคใต้ ของประเทศไทย

บทคัดย่อ

ศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของหอยชักตีน (*Strombus canarium*) ในภาคใต้ของประเทศไทย วิเคราะห์จากความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรีย จากยีน cytochrome oxidase subunit I (*COI* gene) เก็บตัวอย่างจาก 9 จังหวัด คือสตูล ตรัง กระบี่ ภูเก็ต พังงา ระนอง ปัตตานี สุราษฎร์ธานี และชุมพร จำนวนทั้งหมด 140 ตัว พบว่ามีจำนวนแฮพลไทป์ทั้งหมด 24 แฮพลไทป์ ประกอบไปด้วย shared haplotype 11 แฮพลไทป์ และ rare haplotype 13 แฮพลไทป์ การที่มีจำนวน rare haplotype จำนวนมาก แสดงว่าประชากรหอยชักตีนมีจำนวนเพศเมียที่มีความสามารถในการขยายพันธุ์เป็นจำนวนมาก ค่า haplotype diversity และ nucleotide diversity มีค่า 0.746 และ 0.003 ตามลำดับ จากการทดสอบ neutrality test พบว่าค่า Tajima's D และ F_s มีค่า -1.843 และ -15.815 และมีนัยสำคัญทางสถิติซึ่งเบี่ยงเบนไปจากสมดุล (neutral population) แสดงว่าประชากรหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยเคยมีการขยายขนาดมาก่อน โดยจากการทดสอบ mismatch distribution พบว่าประชากรน่าจะมีการขยายขนาดมาประมาณ 98,979 ปีที่ผ่านมาในยุคไพลสโตซีน การทดสอบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยวิธี AMOVA พบว่าประชากรหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยมีโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรเกิดขึ้นโดยแบ่งเป็นประชากรฝั่งทะเลอันดามันและฝั่งทะเลอ่าวไทย ผลการศึกษาครั้งนี้สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลในการจัดการหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยได้