บทที่ 5
สรุปผล อภิปรายผลและข้อเสนอแนะ

สรุปผล

1. ผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา

การศึกษาลักษณะทางสัณฐาน วิทยาเชิงประมาณ ของปลาดุกลำพัน 24 ลักษณะจากตัวอย่าง ทั้งหมด 14 ตัวอย่าง ที่เก็บตัวอย่างมา จาก 3 แหล่งประชากร (ประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานี จังหวัดพัทลุง และจังหวัดนราธิวาส) พบว่ามีลักษณะทางสัณฐานวิทยาทั้ง 24 ลักษณะดังต่อไปนี้

1) ความยาวหัว อยู่ในช่วง 43.00 – 63.00 มิลลิเมตร

2) มีความลึกของหัว อยู่ในช่วง 40.00 – 66.04 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

3) ความกว้างของหัว อยู่ในช่วง 74.60 – 94.00 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

4) มีความยาวของจะงอยปาก อยู่ในช่วง 33.33 - 46.00 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

5) มีเส้นผ่านศูนย์กลางตา อยู่ในช่วง 4.75 – 9.30 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

6) มีระยะห่างระหว่างตา อยู่ในช่วง 38.10 – 62.26 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

7) มีระยะห่างระหว่างรูจมูก อยู่ในช่วง 17.46 – 30.16 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

8) มีความยาวร่องหัวส่วนหน้า อยู่ในช่วง 8.00 – 17.46 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

9) มีความกว้างร่องหัวส่วนหน้า อยู่ในช่วง 3.85 – 9.30 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

10) มีความยาวร่องหัวส่วนหลัง อยู่ในช่วง 3.85 – 14.89 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

11) มีความกว้างร่องหัวส่วนหลัง อยู่ในช่วง 1.92 – 7.69 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

12) มีความยาวเงี่ยง อยู่ในช่วง 19.05 – 44.00 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

13) มีความสูงของฐานท้ายทอย อยู่ในช่วง 26.08 – 48.08 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

14) มีความกว้างของฐานท้ายทอย อยู่ในช่วง 12.00 - 19.23 เปอร์เซ็นต์ของค่าความยาวหัว

15) มีความยาวลำตัว อยู่ในช่วง 33.00 – 56.50 เซนติเมตร

16) มีความลึกของลำตัว อยู่ในช่วง 8.14 – 15.68 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

17) ความลึกคอดหาง อยู่ในช่วง 3.01 - 5.93 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

18) มีความยาวระหว่างกะโหลกถึงครีบหลัง อยู่ในช่วง 4.55 – 8.33 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

19) มีความยาวฐานครีบหลัง อยู่ในช่วง 67.57 – 90.14 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

20) มีความยาวฐานครีบก้น อยู่ในช่วง 54.05 – 67.42 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

21) มีความยาวครีบหู อยู่ในช่วง 2.62 – 4.35 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

22) มีความยาวครีบท้อง อยู่ในช่วง 2.62 – 4.35 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

23) มีความยาวของหัว อยู่ในช่วง 11.15 – 15.94 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

24) มีความยาวของกะโหลก อยู่ในช่วง 14.16 – 16.32 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน

2. ผลการเปรียบเทียบความแตกต่างของลักษณะทางสัณฐานวิทยาระหว่างประชากร

พบว่ามี 2 ลักษณะ ที่มีความแตกต่าง กันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P<0.05$) คือ เส้นผ่านศูนย์กลางตา (Eye Diameter, ED) และความยาวครีบท้อง (Ventral Fin Length, VFL) และพบว่ามี 3 ลักษณะที่มีความแตกต่าง กันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) คือ ความกว้างร่องหัวส่วนหน้า (Frontal Fontanel Width, FFW) ความยาวฐานครีบก้น (length of anal fin base, AL) และความยาวของกะโหลก (Head Length to Occipital Process, HLOP) (ตารางที่ 4.1) และผลการเปรียบเทียบความแตกต่างของลักษณะทางสัณฐานเป็นรายคู่ พบว่าประชากรพัทลุงต่างกับประชากรนราธิวาส 3 ลักษณะ คือ เส้นผ่านศูนย์กลางตา ความกว้างร่องหัวส่วนหน้า และ ความยาวของกะโหลก ประชากรพัทลุงต่างกับประชากรสุราษฎร์ธานี 2 ลักษณะ คือ ความกว้างร่องหัวส่วนหน้า และความยาวฐานครีบก้น ส่วนประชากรสุราษฎร์ธานีกับประชากรนราธิวาสมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาแตกต่างกัน 2 ลักษณะ คือ ความยาวครีบท้อง และความยาวของกะโหลก

3. ผลการวิเคราะห์ตัวประกอบหลัก (PCA)

พบว่าปลาดุกลำพันจาก จังหวัดสุราษฎร์ธานี พัทลุงและนราธิวาส สามารถ อธิบายได้ว่าประชากรจาก จังหวัดนราธิวาส กับพัทลุงมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันมากกว่าประชากรจาก จังหวัดสุราษฎร์ธานี (ภาพที่ 4.1)

4. ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยเทคนิคเอเอฟแอลพี

ผลการ วิเคราะห์ ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดย ใช้เอเอฟแอลพี 5 คู่ไพรเมอร์ พบแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดระหว่าง 100 – 600 คู่เบส ทั้งหมด 120 แถบ แถบดีเอ็นเอที่ต่างกัน 119 แถบ คิดเป็น 99.17 เปอร์เซ็นต์ และพบว่าประชากรจากจังหวัดพัทลุงมีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกสูงที่สุด (97.91%) รองลงมาเป็นประชากรจากจังหวัดนราธิวาส (97.25%) และประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีมีค่าเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกต่ำที่สุด (93.91%)

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรปลาดุกลำพันจาก 3 แหล่งประชากร พบว่า ประชากรจากจังหวัดพัทลุงมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร สูงสุด คือ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิก เท่ากับ 97.48 เปอร์เซ็นต์ Nei's Gene Diversity (H_T) เท่ากับ 0.3939 ±

0.1233 และค่า Shannon's Information Index (I_s) เท่ากับ 0.5732 ± 0.1533 รองลงมาเป็นประชากรจากจังหวัดนราธิวาส คือ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิก เท่ากับ 97.25 เปอร์เซ็นต์ Nei's Gene Diversity (H_T) เท่ากับ 0.3583 ± 0.1365 และค่า Shannon's Information Index (I_s) เท่ากับ 0.5315 ± 0.1690 และประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีมี ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร ต่ำสุด คือ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิก เท่ากับ 93.91 เปอร์เซ็นต์ Nei's Gene Diversity (H_T) เท่ากับ 0.3108 ± 0.1517 และค่า Shannon's Information Index (I_s) เท่ากับ 0.4714 ± 0.1962 (ตารางที่ 4.3)

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลาดุกลำพันจาก 3 แหล่งประชากร พบว่าเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิก เท่ากับ 99.17 เปอร์เซ็นต์ Nei's Gene Diversity (H_T) เท่ากับ 0.4009 ± 0.0122 ค่า Shannon's Information Index (I_s) เท่ากับ 0.5835 ± 0.1322 และค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (G_{ST}) เท่ากับ 0.1526 (ตารางที่ 4.3)

ส่วนค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพัน 3 แหล่ง เมื่อเปรียบเทียบประชากรเป็นคู่ๆ พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.1203 – 0.2017 โดยประชากรปลาดุกลำพันจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับประชากร จังหวัดนราธิวาสมีระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด (0.2017) รองลงมาคือ ประชากรจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับประชากร จังหวัดพัทลุง (0.1244) ส่วนประชากรจังหวัดพัทลุงกับประชากรจังหวัดนราธิวาสมีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด (0.1203) (ตารางที่ 4.4) เมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้าง Dendrogram เพื่อจัดแบ่ง ระยะทาง ทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพัน โดยวิธี UPGMA สามารถแบ่งปลาดุกลำพัน 3 แหล่ง ออกเป็น 2 กลุ่ม คือกลุ่มที่ หนึ่ง ประชากรปลาดุกลำพัน จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี และกลุ่มที่ สอง ประชากร จากจังหวัดพัทลุง กับจังหวัดนราธิวาส (ภาพที่ 4.2)

สรุปว่าผลจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงปริมาณกับการศึกความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ผลที่ต่างกัน แสดงให้เห็นว่าการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงปริมาณเพียงอย่างเดียวอาจเกิดการผิดพลาดได้ เนื่องจากลักษณะทางสัณฐานขึ้นกับสิ่งแวดล้อมที่ปลาอาศัยจึงทำให้มีการเปลี่ยนแปลงตามสภาพแวดล้อม ส่วนการศึกษาทางพันธุกรรมจะขึ้นกับยีนของสิ่งมีชีวิต ถึงแม้ว่าปลาจะมีแหล่งอาศัยที่ต่างกันแต่ลักษณะของยีนจะไม่เปลี่ยนแปลงตาม ดังนั้นการศึกษาลักษณะทางสัณฐานเชิงปริมาณคู่กับการศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมเป็นวิธีการที่ดีที่สุด

อภิปรายผลการศึกษา

การศึกษาลักษณะทางสัณฐานบางประการ

การศึกษาลักษณะทางสัณฐาน วิทยาเชิงปริมาณของปลาดุกลำพัน (*Clarias nieuhofii*) พบว่าปลาดุกลำพันมีขนาดความยาวประมาณ 33 – 56.5 เซนติเมตร มีความลึกของลำตัวขนาด 8.14 – 15.68 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน และมีระยะห่างระหว่างกะโหลกถึงครีบหลัง อยู่ในช่วง 4.55 – 8.33 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน ซึ่งสอดคล้องกับ ชวลิต วิทยานนท์ (2548 : 83) ; ศราวุธ เจะโส๊ะ และคณะ (2538 : 330) ที่พบปลาดุกลำพันมีความยาวประมาณ 20 – 57 เซนติเมตร และมีความลึกของลำตัวอยู่ในช่วง 8.0 – 9.3 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน เช่นเดียวกับปลา *Clarias pseudoleiacanthus*, *C. kapuasensis* (Sudarto, Teugels and Pouyaud. 2003 : 153 - 161) และปลา *C. nigricans* (Ng. 2003 : 393 - 398) ที่มีระยะห่างระหว่างกะโหลกถึงครีบหลังเท่ากับ 4.5 – 5.6, 6.4 – 8.7 และ 8.1 – 9.8 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน ตามลำดับ ซึ่งต่างจาก *Clarias batu* ที่พบว่าระยะห่างระหว่างกะโหลกถึงครีบหลังอยู่ในช่วง 9.9 – 11.8 เปอร์เซ็นต์ของความยาวมาตรฐาน (Kelvin, Lim and Ng. 1999 : 157 - 167)

ผลการเปรียบเทียบความแตกต่างของลักษณะต่างๆ ระหว่างประชากร พบว่ามี 2 ลักษณะที่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P<0.05$) และพบว่ามี 3 ลักษณะที่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) สาเหตุที่ปลาชนิดเดียวกันมาจากแหล่งอาศัยต่างกันมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางลักษณะต่างกัน อาจเนื่องมาจาก ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงปริมาณ ซึ่งการแสดงออกของลักษณะสัณฐานเชิงปริมาณขึ้นอยู่กับ พันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ดังนั้นปลาชนิดเดียวกันที่อาศัยอยู่ในสภาพแวดล้อมต่างกันจะทำให้มีลักษณะรูปทรงที่แตกต่างกัน เพื่อที่จะสามารถปรับตัวให้เหมาะสมในสภาพแวดล้อมนั้นๆ ได้ (วิมล เหมะจันทร. 2540 : 20)

การเปรียบเทียบความแตกต่างทางสัณฐานวิทยาของประชากรปลาดุกลำพันจากจังหวัดสุราษฎร์ธานี พัทลุง และนราธิวาส โดยเปรียบเทียบเป็นคู่ๆ พบว่าประชากรจาก จังหวัดพัทลุงกับนราธิวาส มีความแตกต่างกัน มากที่สุด คือ 3 ลักษณะ รองลงมาเป็นประชากรจาก จังหวัดพัทลุงกับสุราษฎร์ธานี และ ประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับนราธิวาส มีความแตกต่างกัน 2 ลักษณะ ในขณะที่ประชากรจาก จังหวัดพัทลุงกับนราธิวาสมีความแตกต่างกันน้อยที่สุด ดังตาราง ผนวกที่ 2 ซึ่งสอดคล้องกับ สัมพันธ์ จันทร์ดำ. (2545 : 1 - 66) ที่พบว่าลักษณะภายนอกของปลาดุกลำพันจากพรุโต๊ะแดง จังหวัดนราธิวาส และพรุควนเคร็ง จังหวัดพัทลุง ไม่มีความแตกต่างกัน เช่นเดียวกับผลของกราฟ PCA (ภาพที่ 4.1) ที่แสดงให้เห็นว่าประชากรจาก จังหวัดพัทลุงกับนราธิวาสมีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกัน จากผลการเปรียบเทียบความแตกต่างแสดงให้เห็นว่าประชากรปลาดุกลำ

พันมีการกระจายตัว อาจเนื่องจากตัวอย่างในการศึกษามีจำนวนน้อย ส่งผลให้ไม่สามารถแบ่งประชากรปลาดุกลำพันได้อย่างชัดเจน

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

การสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างปลาดุกลำพัน

การเตรียมดีเอ็นเอของปลาสามารถนำตัวอย่างจากส่วนต่างๆ ได้หลายส่วนด้วยกัน เช่น กรณีที่เป็นปลาตัวเล็กอาจจะใช้ตัวอย่างทั้งตัว แต่ถ้าเป็นปลาตัวใหญ่อาจใช้กล้ามเนื้อ ตับ ไต เลือด หรือ ครีบหางของปลา การเตรียมดีเอ็นเอจากเลือดหรือครีบหางมีข้อได้เปรียบกว่าการใช้ ส่วนอื่นๆ ในการสกัด เนื่องจากไม่จำเป็นต้องฆ่าปลาก็สามารถสกัดดีเอ็นเอได้ (ศรีจรรยา สุขมโนมนต์. 2546 : 10) ในการเตรียมดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อสัตว์มักมีปัญหาการปนเปื้อนของโปรตีน ซึ่งมีผลต่อการทำเอเอฟแอลพี เนื่องจากเทคนิคเอเอฟแอลพีเป็นการตรวจจับชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ โดยการเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ ซึ่งดีเอ็นเอต้องมีความบริสุทธิ์สูง จึงจะทำให้เอนไซม์ตัดจำเพาะสามารถย่อยได้อย่างสมบูรณ์ การทดลองครั้งนี้ได้เตรียมดีเอ็นเอจากครีบหางปลาดุกลำพัน โดยดัดแปลงวิธีการของโรมานา – เอควา และคณะ (Romana – Eguia *et al*. 2004 : 131 – 150) โดยนำส่วนครีบหางปลาดุกลำพันย่อยด้วย Proteinase K และกำจัดโปรตีนโดยใช้ฟีนอล / คลอโรฟอร์ม (Phenol/Chloroform) เมื่อตรวจสอบความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอที่เตรียมได้ พบว่ามีค่าอัตราส่วน OD_{260}/OD_{280} อยู่ระหว่าง 1.455 – 2.110 ซึ่งต่างกับสุรินทร์ ปิยะโชคณากุล (2552 : 249) ที่กล่าวว่าดีเอ็นเอที่บริสุทธิ์ จะมีค่าอัตราส่วนระหว่าง OD_{260}/OD_{280} ประมาณ 1.7 – 1.8 ถ้าได้ค่ามากกว่าแสดงว่าอาจมีอาร์เอ็นเอปนและถ้าค่าต่ำแสดงว่ามีการเปื้อนของโปรตีนหรือฟีนอล แสดงว่าดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองนี้ตัวอย่างที่มีค่าอัตราส่วน OD_{260}/OD_{280} ช่วง 1.455 – 1.600 อาจจะมีการปนเปื้อนของโปรตีนหรือฟีนอล ส่วนตัวอย่างที่มีค่าอัตราส่วน OD_{260}/OD_{280} ที่ 1.900 - 2.110 อาจมีการปนเปื้อนของ อาร์เอ็นเอ แต่เมื่อ ตรวจสอบดีเอ็นเอที่สกัดได้ด้วยวิธีอิเล็กโตรโฟเรซิส พบว่าดีเอ็นเอปรากฏแถบเดียวอย่างชัดเจน (ภาพผนวกที่ 1 - 3) แสดงว่าดีเอ็นเอมีคุณภาพดีและบริสุทธิ์พอที่จะนำไปตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะและทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพีได้

การย่อยดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะและเชื่อมต่อปลายดีเอ็นเอกับ Adapter

จากการนำดีเอ็นเอมาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 2 ชนิด คือ *Eco*RI และ *Mse*I ซึ่งเอนไซม์ดังกล่าวสามารถย่อยดีเอ็นเอของปลาได้ดีและมีราคาถูก เป็นที่นิยมใช้อย่างแพร่หลาย เช่น ปลาดุกอุย (สุภาวดี พุ่มพวง และวงศ์ปฐม กมลรัตน์. 2544 : 184 - 190) ปลาหางนกยูง (สุไหลหมาน หมาดโหยด และสุวิทย์ วุฒิสุทธิเมธาวี. 2553 : 84 - 93) ปลาแรด (สมนึก คงทรัตน์, พลชาติ ผิวเณร และ ถาวร จันหมิก. 2547 : 579 – 584) ปลาคาร์ฟ (Wang, *et a*l. 2000 : 139 - 147) และปลาหมู

(Yasuhikotakia) (Arthainsee, *et al*. 2010 : 761 - 766) เป็นต้น ซึ่งจากการใช้เอนไซม์ *Eco*RI และ *Mse*I ย่อยดีเอ็นเอของปลาดุกลำพันพบว่าเกิดการย่อยสม บูรณ์ โดยสังเกตจากรอยยาว (Smear) ดังที่ สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552 : 115) ได้กล่าวไว้ว่าเมื่อนำดีเอ็นเอมาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 2 ชนิด แล้วตรวจสอบผลโดยย้อมเจลด้วยเอธิเดียมโบรไมด์จะพบรอยยาว (Smear) ในช่วงขนาดไม่เกิน 1 กิโลเบส ซึ่งสามารถนำไปเชื่อมต่อกับ *Eco*RI และ *Mse*I Adapter ได้

การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยเทคนิคเอเอฟแอลพี

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอใช้ไพรเมอร์ *Eco*RI และ *Mse*I เพิ่มเบสคัดเลือกที่ปลาย 3 ในขั้นแรกเพิ่ม 1 เบส และขั้นที่สองเพิ่ม 3 เบส เป็นการช่วยลดชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่จำเพาะลง โดยชิ้นดีเอ็นเอที่จะเพิ่มได้ต้องมีลำดับของ Adapter ที่อยู่กับตำแหน่งตัดจำเพาะของเอนไซม์เป็นคู่สม (Complementary) กับเบสที่เพิ่มเข้าไป ซึ่งจะทำให้การเพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอเกิดการเพิ่มอย่างจำเพาะและถูกต้องมากขึ้น (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552 : 105)

ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการทำเอเอฟแอลพีจำนวน 5 คู่ไพรเมอร์ พบว่าสามารถให้แถบดีเอ็นเอจำนวน 120 แถบ เฉลี่ยเท่ากับ 24 แถบต่อหนึ่งคู่ไพรเมอร์ มีแถบดีเอ็นเอที่ ต่างกัน 119 แถบ เท่ากับ 99.17 เปอร์เซ็นต์ เมื่อพิจารณาในแต่ละประชากรพบว่า ประชากรจ ากจังหวัดพัทลุงให้แถบดีเอ็นเอมากที่สุด 119 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่ ต่างกันจำนวน 116 แถบ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเท่ากับ 97.91 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ประชากรจากจังหวัดนราธิวาส ได้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 109 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่ต่างกันจำนวน 106 แถบ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเท่ากับ 97.25 เปอร์เซ็นต์ และประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีให้แถบดีเอ็นเอน้อยที่สุด คือ 115 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่ ต่างกัน จำนวน 108 แถบ มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเท่ากับ 93.91 เปอร์เซ็นต์ จากผลการศึกษาพบว่าปลาดุกลำพันมีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกสูงกว่าปลาในกลุ่ม Catfish ชนิดอื่นๆ ที่ศึกษาโดยใช้เทคนิคเดียวกัน (เทคนิคเอเอฟแอลพี) เช่น การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกอุยและปลาดุกยักษ์ พบว่ามีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิก ร่วมกันเฉลี่ยเท่ากับ 31.40 เปอร์เซ็นต์ โดยปลาดุกอุยและปลาดุกยักษ์มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิ กเท่ากับ 50.30 และ 49.70 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (สุภาวดี พุ่มพวง และวงศ์ปฐม กมลรัตน์ . 2544 : 184 - 190) ปลา Channel Catfish (*Ictalurur punctatus*) มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกอยู่ระหว่าง 18.26 – 100 เปอร์เซ็นต์ (Mickett, *et al*. 2003 : 91 - 105) ปลากดเหลือง (*Mystus nemurus*) พบเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเฉลี่ย 85.10 เปอร์เซ็นต์ (Chong, *et al.* 2000 : 67 - 76) ปลารุ่นลูก F_1 และ F_2 ของปลา Channel Catfish (*Ictalurus punctatus*) ที่ผสมกับปลา Blue Catfish (*I. furcatus*) มีเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเท่ากับ 38.6 – 75.7 เปอร์เซ็นต์ (Liu, *at el*. 1998 : 260 - 268) เช่นเดียวกับที่พบในปลากระพงขาวมีเปอร์เซ็นต์โพ

ลีมอร์ฟิกเท่ากับ 52.00 เปอร์เซ็นต์ (Adiputra, *et al*. 2009 : 101 - 112) และกุ้ง โดยพบเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์-ฟิกภายในชนิดและภายในประชากร เท่ากับ 1.8 และ 0.7 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (Wang, Tsui and Chu. 2004 : 399 - 407) ส่วนในปูม้า พบเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกมีค่าอยู่ในช่วง 66.19 – 94.38 เปอร์เซ็นต์ (Klinbunga, *et al*. 2007 : 725 - 736)

สาเหตุที่เปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกของปลาดุกลำพันมีค่าสูงกว่าปลาในกลุ่ม Catfish ชนิดอื่นๆ รวมทั้งในประชากรปลากระพงขาว กุ้ง และปูม้า อาจเนื่องมาจากปลาดุกลำพันเป็นปลาที่ยังไม่มีการเพาะเลี้ยงกันอย่างแพร่หลาย และมีแหล่งอาศัยจำเพาะ จึงไม่มีการผสมพันธุ์กับปลาต่างถิ่นหรือไม่มีการผสมพันธุ์กับประชากรจากโรงเพาะฟักซึ่งส่วนใหญ่มีค่าความหลากหลากทางพันธุกรรมที่ต่ำ (Tave. 1999 : 122) จึงทำให้ปลาดุกลำพันจากธรรมชาติยังคงรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมไว้ได้

ค่า Gene Diversity (H_T) ของปลาดุกลำพัน 3 ประชากรมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.3543 ± 0.1372 ซึ่งมีค่าความหลากหลายทางพันธุ กรรมภายในประชากรปลาดุกลำพัน ในระดับ สูง เมื่อเทียบ กับการศึกษาของสัมพันธ์ จันทร์ดำ. (2544 : 1 - 66) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพัน 5 ประชากร โดยเทคนิคไอโซไซม์ ซึ่งมีค่า Gene Diversity เฉลี่ยเท่ากับ 0.041 ± 0.019 และผลการศึกษาของพลชาติ ผิวเณร (2545 : 1 - 77) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม ของปลาดุก 5 ชนิด โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี พบว่าค่า Gene Diversity เฉลี่ยเท่ากับ 0.333 ± 0.026 เช่นเดียวกับ อรรถอินทรีย์ และคณะ (Arthainsee, *et al*. 2010 : 761 - 766) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาหมู (*Yasuhikotakia*) 5 ชนิด โดยเทคนิคเอเอฟแอลพี พบว่าค่า Gene Diversity เท่ากับ 0.19 แต่มีค่าต่ำเมื่อเทียบกับการศึกษาของศรีจรรยา สุขมโนมนต์ (2546 : 1 - 103) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกอุย ด้วยเทคนิคไมโครแซท เทลไลท์ พบว่าค่า Gene Diversity เฉลี่ยเท่ากับ 0.692

สาเหตุที่ค่า Gene Diversity ของปลาดุกลำพันที่ศึกษาด้วยเทคนิคเอเอฟ แอลพีมีค่าต่ำ เมื่อเทียบกับปลาดุกอุยที่ศึกษาด้วยไมโค รแซทเทลไลท์ เนื่องจากเทคนิค ไมโครแซทเทลไลท์ เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีการข่มร่วมกันและมีจำนวนอัลลีลต่อตำแหน่งสูง ส่งผลให้ค่า Gene Diversity มีค่าค่อนข้างสูง ส่วนเทคนิคอาร์เอพีดีและเอเอฟแอลพีเป็นเครื่องหม ายดีเอ็นเอที่มีการข่มสมบูรณ์หรือข่มร่วมกันที่มีเพียง 2 อัลลีลต่อตำแหน่งจะมีค่า Gene Diversity ไม่เกิน 0.5 (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552 : 203)

ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพัน 3 ประชากร พบว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร มีค่าเท่ากับ 0.1526 แสดงว่าความแตกต่างทาง

พันธุกรรมระหว่างประชากร ของปลาดุกลำพันจากจังหวัดสุราษฎร์ธานี พัทลุง และนราธิวาส มีแตกต่างในระดับสูง เมื่อเทียบกับศรีจรรยา สุขมโนมนต์. (2546 : 1 - 104) ที่ศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ปลาดุกอุย ทางภาคเหนือตอนล่าง โดยใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ ซึ่งมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรม ในระดับปานกลาง (F_{ST} = 0.0637) ซึ่งสอดคล้องกับงุเยน และคณะ (Nguyen, *et al*. 2006 : 77) ที่กล่าวว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ที่มีค่าสูงมีค่าอยู่ระหว่าง 0.15 – 0.25 เช่นเดียวกับที่พบในปลา Yellow Catfish (*Horabagrus brachysoma*) จากธรรมชาติ โดยใช้เทคนิคเอเอฟแอลพี (F_{ST} = 0.154, N_m = 1.376) (Muneer, *et al*. 2007 : 637 - 645) และปลาดุกอุย จากธรรมชาติ ที่ศึกษาด้วยเทคนิคไอโซไซม์ (F_{ST} = 0.163) พบว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในระดับสูง (Na-Nakorn, Kamonrat and Ngamsiri. 2004 : 145 - 163)

สาเหตุที่ปลาจากธรรมชาติมี ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรสูง อาจเนื่องมาจากปลามีความจำเพาะต่อแหล่งที่อยู่อาศัยและแหล่งวางไข่ มีการผสมพันธุ์เฉพาะภายในกลุ่มประชากรเดียวกัน ไม่ ผสมพันธุ์กับปลาต่างประชากรจึงทำให้ความแ ตกต่างทางพันธุกรร ม ระหว่างประชากรมีค่าสูง สอดคล้องกับคำกล่าวของ จีล์เลนส์เทน (Gyllensten. 1985 : 691 - 699) ที่ว่าปลาน้ำจืดมีความแตกต่างระหว่ างประชากรในระดับสูง เนื่องจากมี การจำกัดการผสมข้ามระหว่างประชากร

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพัน 3 ประชากรมีค่าอยู่ระหว่าง 0.1203 – 0.2017 ประชากรจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับประชากรจาก จังหวัดนราธิวาสมีระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด (0.2017) และประชากรจาก จังหวัดพัทลุงกับประชากรจาก จังหวัดนราธิวาสมีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด (0.1203) เมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้าง Dendrogram เพื่อจัดแบ่งความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าประชากรปลาดุกลำพันจาก จังหวัดพัทลุงมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับประชากรจาก จังหวัด นราธิวาสมากกว่า ประชากรจาก จังหวัด สุราษฎร์ธานี ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรสอดคล้องกับความสัมพันธ์ที่ศึกษาจากลักษณะทางสัณฐานวิทยา ในส่วนที่แสดงว่าประชากรจากจังหวัด สุราษฎร์ธานีกับ นราธิวาสมีความแตกต่างกันมากที่สุด แสดงให้เห็นว่า ระยะห่างทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพันมีความสัมพันธ์กับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ สอดคล้องกั บปลาดุกด้านที่พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมมีความสัมพันธ์กับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ (Khedkar, *et al*. 2010 : 1355 - 1362) เช่นเดียวกับประชากร Channel Catfish (*Ictalurus punctatus*) (Simmons, *et al*. 2006 : 133 - 146) แต่ต่างจากปลาดุกอุยที่พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรม ไม่สัมพันธ์กับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ (Na-Nakorn, *et al*. 1998 : 526 - 530) ทั้งนี้เนื่องจากปลาดุกลำพันเป็นปลาที่ยังไม่มีการเพาะเลี้ยงกันอย่างแพร่หลายจึงไม่มีการ

เคลื่อนย้ายพ่อแม่พันธุ์เพื่อนำไปเพาะพันธุ์ที่อื่น ต่างจากปลาดุกอุยที่มีการขนย้ายลูกพันธุ์หรือพ่อแม่พันธุ์ไปเลี้ยงในที่ต่างๆ ทั่วประเทศ

ข้อเสนอแนะ

1. ควรมีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกลำพันจากแหล่งอื่นๆ เพิ่ม
2. ส่งเสริมให้มีการเพาะพันธุ์และเลี้ยงปลาดุกลำพันเพื่อลดการจับจากธรรมชาติ
3. รักษาแหล่งที่อยู่ของปลาดุกลำพัน ให้คงสภาพเดิมเพื่อรักษาความหลาก หลายทางพันธุกรรม

\

บรรณานุกรม