

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของปลากะรังดอกแดงจากธรรมชาติ ทางภาคใต้ของประเทศไทย ศึกษาจากตัวอย่างประชากรที่รวบรวมจาก 3 อำเภอ ในจังหวัดตรัง คือ สี่เกา กันตัง และปะเหลียน ซึ่งอยู่ทางด้านฝั่งทะเลอันดามัน และตัวอย่างประชากรจาก บ้านปากนคร จังหวัดนครศรีธรรมราช ที่อยู่ทางฝั่งอ่าวไทย จากการศึกษาเอนไซม์จำนวน 15 เอนไซม์ (AAT, ACP, EST, GPDH, G6PDH, IDH, LAP, LDH, MDH, ME, MPI, PGM, SDH, SP, 6PGD) กับทั้ง 4 ประชากร พบยีนควบคุมการสร้างเอนไซม์ 23 ตำแหน่ง พบยีนที่แสดงสภาวะหลากหลายรูปแบบ 2 ตำแหน่ง คือ *EST** และ *G6PDH** ที่พบได้ในทุกประชากร ตำแหน่ง *SDH** พบได้ในประชากรจากนครศรีธรรมราช และปะเหลียน และ ตำแหน่ง *6PGD** พบเฉพาะในประชากรจากนครศรีธรรมราช และอีก 6 ตำแหน่ง (*IDH**, *MDH-2**, *MPI**, *PGM**, *SDH** and *6PGD**) เป็นวาเรียนท์โลไซ ที่พบได้ในอย่างน้อย 1 ประชากร ความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ โดยมีระดับเฮเทอโรไซโกซิตี ระหว่าง 0.039 ถึง 0.061 มีค่าเฉลี่ย 0.046 ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรมีค่าระหว่าง 0.00 ถึง 0.108 โดยไม่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลากะรังจากจังหวัดตรัง แต่พบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรปลากะรังจากจังหวัดตรังและนครศรีธรรมราชที่ศึกษาในครั้งนี้

Genetic differentiation among natural populations of orange spotted grouper in south of Thailand was detected. Three populations were collected from Trang province; Sikao, Kantang and Palian (Andaman sea). The another population was collected from Nakhon Si Thammarat province; Ban Pak Nakhon (Gulf of Thailand). Fifteen enzymes (AAT, ACP, EST, GPDH, G6PDH, IDH, LAP, LDH, MDH, ME, MPI, PGM, SDH, SP, 6PGD) were examined in four populations. Twenty three isozyme loci were detected. The polymorphic loci revealed 2 loci, *EST** and *G6PDH**, in all populations, locus *SDH** in Nakhon Si Thammarat and Palian populations and locus *6PGD** in Nakhon Si Thammarat population. The other six loci (*IDH**, *MDH-2**, *MPI**, *PGM**, *SDH** and *6PGD**) revealed rare allele, which variously appeared in at least one population. The genetic variability of four populations was low level. The observed heterozygosity was in range in 0.039 to 0.061 and 0.046 in average. The genetic distance among four local populations varied from 0.00 to 0.108. The population differentiation presented not significant difference among three populations from Trang but revealed significant between Trang and Nakhon Si Thammarat populations.