

นพดล คงฤทธยาพันธ์ 2551: การแปรผันของอะเซลล์โฟพาราไรซ์และสัณฐานวิทยาของสาหร่ายวุ้น *Gracilaria salicornia* (C. Agardh) Dawson ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาศาสตร์การประมง) สาขาวิทยาศาสตร์การประมง ภาควิชาชีววิทยาประมง ปรธานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์ อนงค์ จีร์ภัทร์, Ph.D. 310 หน้า

การเปลี่ยนแปลงลักษณะทางสัณฐานวิทยาของสาหร่ายวุ้น *Gracilaria salicornia* และอะเซลล์โฟพาราไรซ์ถูกตรวจสอบจากตัวอย่างที่พบในแหล่งแตกต่างกัน ตัวอย่างสาหร่ายได้จากการสุ่มเก็บ ในช่วงฤดูแล้งและฤดูมรสุม จาก 11 จุดศึกษา ใน 5 จังหวัด บริเวณชายฝั่งทะเลตะวันออกและตะวันตกของอ่าวไทยตอนบน พร้อมตรวจวัดปัจจัยแวดล้อมบางประการในแต่ละจุดศึกษา สภาวะแวดล้อมทั่วไปของจุดศึกษาแบ่งออกเป็น แหล่งที่ชายฝั่งทะเลเปิดและสัมผัสคลื่นลม แหล่งชายฝั่งทะเลกึ่งปิดและคลื่นลมสงบ และแหล่งน้ำปิด ไม่มีคลื่นลม ได้แก่บริเวณเกาะสีชัง อ่างศิลา ท่าเรือศรีราชา และแสมสาร จังหวัดชลบุรี บริเวณชายฝั่งบ้านเพ จังหวัดระยอง บริเวณชายฝั่งแหลมสอก แหลมเทียน และอ่าวช่อ จังหวัดตราด ชายฝั่งตาม่องล่ายและหาดวนกร จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ และหาดทุ่งวัวแล่น จังหวัดชุมพร ตัวอย่างสาหร่ายส่วนหนึ่งที่รวบรวมได้ นำมาเก็บรักษาในน้ำยาฟอร์มาลดีไฮด์ 4% และอีกส่วนหนึ่งนำมาทำแห้งบนกระดาษการคั่ว ตัวอย่างสาหร่าย *G. salicornia* และอะเซลล์โฟพาราไรซ์ที่ได้ นำมาตรวจวิเคราะห์ โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา 8 และ 7 ลักษณะ ตามลำดับ การวิเคราะห์ความคล้ายคลึงกันของ *G. salicornia* สามารถจัดแบ่งกลุ่มประชากรได้ 2 กลุ่มคือ (1) ตัวอย่างจากแหลมสอก แหลมเทียน ตาม่องล่าย หาดทุ่งวัวแล่น อ่าวช่อ อ่างศิลาและท่าเรือศรีราชา และ (2) ตัวอย่างจากเกาะสีชัง หาดวนกร แสมสารและบ้านเพ เช่นเดียวกัน อะเซลล์โฟพาราไรซ์สามารถจัดแบ่งกลุ่มประชากรได้ 2 กลุ่มคือ (1) ตัวอย่างจากแสมสาร แหลมสอกและอ่าวช่อ และ (2) ตัวอย่างจากหาดทุ่งวัวแล่น ตาม่องล่ายและหาดวนกร การจัดกลุ่มประชากรตามลักษณะทางอนุกรมวิธานและวิเคราะห์โดยใช้ discriminant analysis ให้ผลการจัดแยกกลุ่มประชากรต่ำ ($p = 0.05$)

ผลการศึกษาชิ้นนี้ยืนยันได้ด้วยการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิค RAPD การตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ โดยใช้ primer 20 ชนิด เพื่อทดสอบ primer ที่ให้แถบดีเอ็นเอ ซึ่ง primer ที่ปรากฏแถบ DNA มีจำนวน 12 primer ได้แก่ Meyer and Mitchell, OPA10, OPA11, OPK7, primer 2, primer 3, primer 5, primer 7, primer 9, primer 11, primer 14 และ primer 15 แถบดีเอ็นเอที่ได้ นำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่าง ด้วยโปรแกรม TFPGA และทดสอบด้วยโปรแกรม UPGMA ซึ่งให้ค่า similarity index ใกล้เคียง 1 ทั้ง *G. salicornia* และอะเซลล์โฟพาราไรซ์ ที่เก็บจากทุกจุดศึกษา ผลการศึกษาสอดคล้องกับผลที่ได้จากการวิเคราะห์ discriminant การศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดระหว่างกลุ่มตัวอย่างสาหร่าย *G. salicornia* เช่นเดียวกับกลุ่มตัวอย่างอะเซลล์โฟพาราไรซ์ ที่เจริญในแหล่งที่แตกต่างกัน นอกจากนี้ การผันแปรของตัวอย่างที่ศึกษามีสาเหตุหลักจากการเปลี่ยนแปลงสภาพแวดล้อมภายนอกของแต่ละจุดศึกษา

Noppadol Kongkittayapun 2008: Variation in Adelphoparasite and Morphology of the Agarophyte, *Gracilaria salicornia* (C. Agardh) Dawson. Master of Science (Fisheries Science), Major Field: Fisheries Science, Department of Fishery Biology. Thesis Advisor: Associate Professor Anong Chirapart, Ph.D. 310 pages.

Changes in morphology of *Gracilaria salicornia* and its adelphoparasite were examined with reference to different habitats. The algal specimens were randomly collected during dry and monsoon seasons, from 11 sites of five provinces along the east and the west coast of the upper Gulf of Thailand. Some environmental parameters were also determined at each study sites. A general environment of the study sites appeared a distinct of an exposure, semi-exposed and sheltered conditions. The collections were done at Ko Si Chang, Ang-Sila, Sri Racha harbour, and Samaesan in Chonburi, Ban Phe in Rayong, Laem Sok, Laem Tien, and Ao Cho in Trat, Ta Mong Lai and Haad Wanakon in Prachuap Khiri Khan, and Haad Thung Wua Laen in Chumporn provinces. A part of the collected samples was preserved in 4% formaldehyde solution and another specimen was dried on herbarium sheets. Eight and seven morphological variables were used for analysis plants of *G. salicornia* and the adelphoparasite, respectively. The multivariate data set was analyzed by canonical discriminant analysis in combination with a clustering procedure. The multivariate data showed that morphology of *G. salicornia* is clustered into two groups: (1) specimens of Laem Sok, Laem Tien, Ta Mong Lai, Haad Thung Wua Laen, Ao Cho, Ang Sila, and Sri Racha harbor, (2) specimens of Ko Si Chang, Haad Wanakon, Samaesan and Ban Phe. The adelphoparasite specimens could also divide into two groups: (1) Samaesan, Laem Sok and Ao Cho, and (2) Haad Thung Wua Laen, Ta Mong Lai and Haad Wanakon. The discriminant analysis gave a very low degree of separation ($p = 0.05$).

This result was confirmed as detected by DNA-fragment polymorphism using RAPD technique. Twenty primers were selected to amplify for DNA polymorphism. Twelve random primers, Meyer and Mitchell, OPA10, OPA11, OPK7, primer 2, primer 3, primer 5, primer 7, primer 9, primer 11, primer 14 and primer 15, successfully amplified the DNAs. The polymorphisms generated by these twelve primers were analyzed and then the cluster analysis was done using a program of TFPGA, and then tested by the UPGMA statistic program. The UPGMA test gave the similarity index values close to one for both *G. salicornia* and the adelphoparasite of all study sites. This result corresponded to the discriminant analysis obtained. This study showed that there have closely correlations among specimens of *G. salicornia* as well as the adelphoparasite grown at different habitats. On the other hand, theirs variation are thought to be mainly cause of changing in external environment of each study sites