

โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอกดำ (*Liza subviridis*)
ในประเทศไทย

Population Genetic Structure and Demographic History of
Greenback Mullet (*Liza subviridis*) in Thailand

จุฑามาศ ศุภพันธ์¹, แจ่มจันทร์ เพชรศิริ², ประดิษฐ์ แสงทอง³ และ วีระเกียรติ ทรัพย์มี⁴
Juthamas Suppapan¹, Jamjun Petchsiri², Pradit Sangthong³ and Verakiat Supmee⁴

¹หลักสูตรครุศาสตรมหาบัณฑิต คณะครุศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏนครศรีธรรมราช จ. นครศรีธรรมราช 80280

²สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยทักษิณ วิทยาเขตพัทลุง จ. พัทลุง 93100

³ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เขตจตุจักร กรุงเทพฯ 10900

⁴สาขาวิทยาศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย วิทยาเขตนครศรีธรรมราช จ.นครศรีธรรมราช 80110

¹Science Program, Faculty of Education, Nakhon Si Thammarat Rajabhat University, Nakhon Si Thammarat, 80280

²Biotechnology Program, Faculty of Science, Thaksin University, Phattalung Campus, Phattalung 93100

³Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok, 10900

⁴Department of Science, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of technology Srivijaya, Nakhon Si Thammarat Campus, Nakhon Si Thammarat 80110

บทคัดย่อ

ศึกษาโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลากระบอก (*Liza subviridis*) ในประเทศไทย โดยวิเคราะห์จากความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียบริเวณคอนโทรลรีเจียนเก็บตัวอย่างจาก 10 จังหวัดคือสตูล กระบี่ พังงา ปัตตานี สงขลา นครศรีธรรมราช เพชรบุรี สมุทรสงคราม ระยองและตราด จำนวนทั้งหมด 175 ตัว พบว่ามีจำนวนแฮพลอไทป์ทั้งหมด 50 แฮพลอไทป์ ประกอบไปด้วย shared haplotype 21 แฮพลอไทป์ และ rare haplotype 29 แฮพลอไทป์ การที่มีจำนวน rare haplotype จำนวนมากแสดงว่าประชากรปลากระบอกในอ่าวไทยมีจำนวนเพศเมียที่มีความสามารถในการขยายพันธุ์เป็นจำนวนมาก ค่า haplotype diversity และ nucleotide diversity มีค่า 0.916 และ 0.063 ตามลำดับ จากการทดสอบ neutrality test พบว่าค่า Tajima's *D* และ Fu' *F_s* มีค่า -2.240 และ -4.614 และมีนัยสำคัญทางสถิติซึ่งเบี่ยงเบนไปจากสมมติฐาน (neutral population) แสดงว่าประชากรปลากระบอกในประเทศไทยเคยมีการขยายขนาดมาก่อน โดยจากการทดสอบ mismatch distribution พบว่าประชากรน่าจะมีการขยายขนาดมาประมาณ 150,000 – 50,000 ปีที่ผ่านมาในยุคไพลสโตซีนจนถึงยุคโฮโลซีน การทดสอบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยวิธี AMOVA พบว่าประชากรปลากระบอกในประเทศไทยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมเกิดขึ้น ผลการศึกษานี้สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลในการจัดการปลากระบอกในประเทศไทยได้

Abstracts

Population genetic structure and demographic history of the Greenback Mullet (*Liza subviridis*) living along the Thailand's Gulf coast was analysed based on the variation of the nucleotide sequence of mitochondrial DNA control region (mtDNA CR). The mtDNA CR sequences of 175 individual collecting from 10 sampling sites: Satun, Krabi, Phang Nga, Pattani, Songkhla, Nakorn Si Thammarat, Petchburi, Samut Songkram, Rayong and Trat province, were analyzed. A total of 50 haplotypes, consisting of 21 shared and 29 rare haplotypes, were identified. An excess of rare haplotypes indicated that the female effective population size of *L. subviridis* living in the Gulf of Thailand is large. Estimated values of haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.916 and 0.063, respectively. The results of neutrality tests, both Tajima's D and Fu's F_S statistics, yielded negative values (-2.240 and -4.614, respectively) and statistically significant deviation from the neutrality, indicating that the *L. subviridis* living in the Thailand's Gulf coast had experienced population expansion. Mismatch distribution analysis indicated that a possible expansion that would occur 150,000 - 50,000 years ago during Pleistocene to Holocene glaciations period. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed the genetic structure of the population living in Thailand. This study are necessary information contributing to efficient strategies to conserve this species in Thailand.