

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_u มีค่า -1.843 และ -15.815 และมีนัยสำคัญทางสถิติซึ่งเบี่ยงเบนไปจากสมมติฐาน (neutral population) แสดงว่าประชากรหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยเคยมีการขยายขนาดมาก่อน โดยจากการทดสอบ mismatch distribution พบว่าประชากรน่าจะมีการขยายขนาดมาประมาณ 98,979 ปีที่ผ่านมาในยุคไพลสโตซีน การทดสอบโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรด้วยวิธี AMOVA พบว่าประชากรหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยมีโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรเกิดขึ้นโดยแบ่งเป็นประชากรฝั่งทะเลอันดามันและฝั่งทะเลอ่าวไทย ผลการศึกษาครั้งนี้สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลในการจัดการหอยชักตีนในภาคใต้ของประเทศไทยได้

Population genetic structure of Dog Conch (*Strombus canarium*) in Southern of Thailand

Abstracts

Population genetic structure and demographic history of the Dog Conch (*Strombus canarium*) living along the southern of Thailand coast was analysed based on the variation of the nucleotide sequence of mitochondrial DNA in cytochrome oxidase subunit I (*COI* gene). The mtDNA sequences of 140 individual collecting from 9 sampling sites: Satun, Trang, Krabi, Phuket, Phang Nga, Ranong, Pattani, Surat Thani and Chumporn province, were analyzed. A total of 24 haplotypes, consisting of 11 shared and 13 rare haplotypes, were identified. An excess of rare haplotypes indicated that the female effective population size of *S. canarium* living in the Thailand coast is large. Estimated values of haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.746 and 0.003, respectively. The results of neutrality tests, both Tajima's D and Fu's F_S statistics, yielded negative values (-1.843 and -15.815, respectively) and statistically significant deviation from the neutrality, indicating that the *S. canarium* living in the Thailand coast had experienced population expansion. Mismatch distribution analysis indicated that a possible expansion that would occur 98,979 years ago during Pleistocene glaciations period. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed the genetic structure of the *S. canarium* population living in southern Thailand into Andaman sea population and Gulf of Thailand population. This study are necessary information contributing to efficient strategies to conserve this species in southern Thailand.