บทที่ 5
อภิปรายผลและข้อเสนอแนะ

โดยทั่วไปการจัดจำแนกชนิดของปลา มักจะจำแนกโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานหรือลักษณะภายนอกเป็นเกณฑ์ เช่น ลักษณะรูปร่างของลำตัว ลักษณะของเกล็ด สีสัน ขนาด ลักษณะของเส้นข้างลำตัว จำนวนหนวดและครีบปลา เป็นต้น ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะใช้ได้ดีในกรณีที่ตัวอย่างปลามีลักษณะภายนอกแตกต่างกันมาก แต่หากเป็นปลาที่มีลักษณะภายนอกใกล้เคียงกันมาก ๆ อาจต้องใช้นักอนุกรมวิธานที่มีความชำนาญสูงในการจัดจำแนก หรือในกรณีที่ตัวอย่างอยู่ในสภาพที่ไม่สมบูรณ์ผ่านการรักษาสภาพด้วยสารเคมี หรือเป็นลูกปลาวัยอ่อน ที่มีลักษณะไม่เหมือนปลาโตเต็มวัยก็อาจทำให้มีปัญหาในการจัดจำแนกชนิดได้ ดังนั้นข้อมูลทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียว อาจไม่เพียงพอที่จะนำมาใช้ในการจัดจำแนกชนิดของปลาได้ ข้อมูลทางพันธุกรรมจึงเป็นทางเลือกสำคัญที่จะนำมาใช้ในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิต ซึ่งปัจจุบันเป็นข้อมูลที่ได้รับการยอมรับกันอย่างกว้างขวาง

โครงการวิจัยนี้มีจุดมุ่งหมายในการศึกษาการจำแนกชนิดของปลาจากแม่น้ำจันทบุรี จังหวัดจันทบุรี โดยใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ด ซึ่งเป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนของยีนไซโตโครม ออกซิเดส วัน (Cytochrome oxidase I; COI) ในไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอ ซึ่งยีน COI นี้ มีรายงานวิจัยพบว่าสามารถนำมาใช้ในการจัดจำแนกชนิดของสิ่งมีชีวิตได้อย่างหลากหลาย รวมถึงการจัดจำแนกชนิดของพรรณปลาได้หลากหลายกลุ่ม เช่น การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของปลาเศรษฐกิจจำนวน 5 ชนิด ในแม่น้ำปิง จังหวัดตาก (ประภาส ยมเกิด และดุจฤดี ปานพรหมมินทร์, 2556 : หน้า 64-70) การศึกษาการจำแนกชนิดของปลาชิววงศ์ย่อย Rasborinae จำนวน 12 ชนิด (ดุจฤดี ปานพรหมมินทร์, บุษบง ศรีอ่อนคง และนนทรี ปานพรหมมินทร์, 2556 : หน้า 459-465) การศึกษาการจำแนกปลา 14 ชนิด ในบึงบอระเพ็ด (ดุจฤดี ปานพรหมมินทร์ และสาธิต พุทธวงศ์, 2557 : หน้า 310-317) การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของปลาทะเลในประเทศออสเตรเลีย (Ward และคณะ, 2005 : pp. 1847-1857) และการจำแนกปลาการ์ตูนโดยใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ด (Steinke, Zemlak & Hebert, 2009 : pp. 1-5)

ในการศึกษาครั้งนี้ ทำการรวบรวมตัวอย่างปลาจากแม่น้ำจันทบุรี ได้จำนวนทั้งสิ้น 26 ตัวอย่าง ซึ่งจัดจำแนกชนิดได้ 26 ชนิด ในจำนวนนี้มี 15 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ด้วยเทคนิค PCR ได้ โดยใช้คู่ไพรเมอร์ดังแสดงในตารางที่ 4.3 ส่วนตัวอย่างที่เหลืออีก 11 ตัวอย่าง ไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีนดังกล่าวได้ ทั้งนี้อาจเป็นเพราะว่าไพรเมอร์ที่นำมาใช้นั้นไม่มีความจำเพาะกับตัวอย่างปลาดังกล่าว ซึ่งตัวอย่างที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ พบว่ามีความหลากหลายมาก โดยพบว่าเป็นปลาที่อยู่ในอันดับ (Order) และวงศ์ (Family) ต่าง ๆ จำนวน 10 อันดับ ได้แก่ อันดับ Cypriniformes, Gobiiformes, Anabantiformes, Cichliformes, Osteoglossiformes, Beloniformes, Ovalentaria, Gerreiformes, Perciformes และ Spariformes และ 16 วงศ์ ได้แก่ วงศ์ Cyprinidae, Cobitidae, Eleotridae, Osphronemidae, Pristolepididae, Anabantidae, Channidae, Cichlidae, Notopteridae, Zenarchopteridae, Ambassidae, Gerreidae, Siganidae, Scatophagidae, Sparidae และ Leiognathidae โดยตัวอย่างปลาที่อยู่ในวงศ์

Cyprinidae (ปลาซิวควาย ปลาซิวหางดอก และปลาซิวหางแดง) และวงศ์ Ambassidae (ปลาข้าวเม่า) พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ได้ด้วยคู่ไพรเมอร์ FishF1/FishR2 (Ward et al., 2005 : pp. 1847-1857) ดังมีรายงานในการศึกษาก่อนหน้า เช่น รายงานการวิจัยของประภาส ยมเกิด และดุจฤดี ปานพรหมมินทร์ (2556 : หน้า 64-70) ที่ทำการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของปลาเศรษฐกิจ จำนวน 5 ชนิด ที่อยู่ในวงศ์ Cyprinidae ในแม่น้ำปิง จังหวัดตาก รายงานการวิจัยของดุจฤดี ปานพรหมมินทร์, บุษบง ศรีอ่อนคง และนนทรี ปานพรหมมินทร์ (2556 : หน้า 459-465) ที่ทำการศึกษาการจำแนกชนิดของปลาซิววงศ์ย่อย Rasborinae ที่อยู่ในวงศ์ Cyprinidae จำนวน12 ชนิด โดยใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ด และรายงานการวิจัยของดุจฤดี ปานพรหมมินทร์ และศิริภรณ์ อ่วมเจริญ (2557 : หน้า 226-232) ที่ทำการศึกษาการจำแนกชนิดปลาในพื้นที่ปกปักพันธุกรรมพืช มหาวิทยาลัยพะเยา โดยใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ด ซึ่งพบปลาที่อยู่ในวงศ์ Cyprinidae และ Ambassidae เป็นต้น ส่วนปลาที่อยู่ในวงศ์ Eleotridae (ปลาบู่ทราย) วงศ์ Osphronemidae (ปลากระดี่หม้อ ปลาแรด และปลากระดี่นาง) วงศ์ Pristolepididae (ปลาหมอช้างเหยียบ) วงศ์ Anabantidae (ปลาหมอไทย) วงศ์ Cichlidae (ปลาหมอเทศข้างลาย) วงศ์ Notopteridae (ปลากราย) วงศ์ Zenarchopteridae (ปลาเข็มหม้อ) และวงศ์ Gerreidae (ปลาดอกหมาก) พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ได้ ด้วยคู่ไพรเมอร์ FishBarCOI-1L และ FishBarCOI-1H และคู่ FishBarCO1-1L/ FishR2 หรือ FishF2/ FishBarCO1-1H โดยคู่ไพรเมอร์ FishBarCOI-1L และ FishBarCOI-1H เป็น Universal primer ที่สามารถใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ได้ดีในปลาทะเล แต่ก็พบว่าสามารถใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ได้ในปลาน้ำจืดบางชนิด ดังผลที่แสดงในการศึกษาครั้งนี้ (ตารางที่ 4.3) และได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนของยีน COI ที่มีความยาว 700-790 คู่เบส ซึ่งเป็นขนาดยาวกว่าที่เคยมีรายงานสำหรับการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดในปลาน้ำจืดที่ใช้คู่ไพรเมอร์ FishF1/FishR1 และ FishF2/FishR2 ที่มีความยาวโดยเฉลี่ยไม่เกิน 650 คู่เบส (ดุจฤดี ปานพรหมมินทร์ บุษบง ศรีอ่อนคง และนนทรี ปานพรหมมินทร์, 2556 : หน้า 459-465; ประภาส ยมเกิด และดุจฤดี ปานพรหมมินทร์, 2556 : หน้า 64-70) และเพื่อให้การศึกษาวิจัยทางด้านดีเอ็นเอบาร์โค้ดของปลาน้ำจืดสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น จึงควรมีการศึกษาเพิ่มเติม เพื่อหาไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ของปลาน้ำจืดได้หลากหลายชนิดมากยิ่งขึ้น

ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของตัวอย่างที่ได้ในครั้งนี้กับฐานข้อมูลพันธุกรรม GenBank และ BOLD พบว่าสามารถระบุชนิดปลาจากข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดได้ทั้งหมด 15 ชนิด โดยทุกชนิดมีค่าความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 98-100% ซึ่งเป็นค่าที่สูงและยอมรับได้ในการนำมาใช้ระบุชนิดในสัตว์ (ดุจฤดี ปานพรหมมินทร์, 2556 : หน้า 174-184) การใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาเป็นเครื่องมือในการจำแนกชนิดปลาในการศึกษาครั้งนี้ยังเป็นการช่วยลดปัญหาในการจำแนกชนิดปลาที่มีลักษณะทางสัณฐานคล้ายคลึงกัน เช่น ปลาหมอเทศข้างลาย (*Oreochromis aureus*) และปลากระดี่นาง (*Trichopodus microlepis*) ซึ่งในการศึกษาครั้งนี้ เมื่อจำแนกชนิดจากลักษณะทางสัณฐานจำแนกได้เป็นปลานิล (*O. niloticus*) และปลาสลิด (*T. pectoralis*) ตามลำดับ ซึ่งเป็นปลาที่อยู่ในสกุลเดียวกัน และพบว่ามีรูปร่างทั่วไปคล้ายคลึงกันมาก

เมื่อเปรียบเทียบกับรายงานการศึกษาของสิทธิพัฒน์ แผ้วฉ่ำ และคณะ (2551 : หน้า 1-60) ซึ่งศึกษาองค์ประกอบของชนิดและชีววิทยาบางประการของพรรณปลาในแม่น้ำจันทบุรี จังหวัดจันทบุรี โดยพบปลาจำนวนทั้งสิ้น 28 ชนิด ซึ่งมากกว่าการศึกษาในครั้งนี้ที่พบ 26 ชนิด อีกทั้งยังพบความหลากชนิดของปลาที่แตกต่างกัน อาจเป็นผลมาจากจุดเก็บตัวอย่างที่แตกต่างกัน โดยการศึกษาของสิทธิพัฒน์ แผ้วฉ่ำ และคณะ (2551 : หน้า 1-60) มีจุดเก็บตัวอย่างจำนวน 10 จุด ซึ่งมากกว่าการศึกษาในครั้งนี้ โดยจุดเก็บตัวอย่างที่เพิ่มมา คือจุดเก็บตัวอย่างในพื้นที่อำเภอเขาคิชฌกูฏ 1 จุด พื้นที่ตำบลวังแซ้ม อำเภอมะขาม 2 จุด พื้นที่ตำบลมะขาม อำเภอมะขาม 2 จุด พื้นที่ตำบลท่าหลวง อำเภอมะขาม 1 จุด และพื้นที่ตำบลหนองบัว อำเภอเมือง 1 จุด ชนิดปลาที่พบในการศึกษาของสิทธิพัฒน์ แผ้วฉ่ำ และคณะ (2551 : หน้า 1-60) แต่ไม่พบในการศึกษาครั้งนี้ มีจำนวน 17 ชนิด ได้แก่ ปลาสลาด (*Notopterus notopterus*) ปลาตะเพียนน้ำเค็ม (*Anodontostoma thailandae*) ปลาแปบหางดอก (*Parachela maculicauda*) ปลากระสูบขีด (*Hampala macrolepidota*) ปลาเสือสุมาตรา (*Puntius partipentazona*) ปลาดุกด้าน (*Clarias batrachus*) ปลาเข็ม (*Dermogenys pusilla*) ปลากระทิง (*Mastacembelus armatus*) ปลาจิ้มฟันจระเข้ (*Doryichthys martensii*) ปลากระบอก (*Mugil cephalus*) ปลาเห็ดโคน (*Sillago asiatica*) ปลาดอกหมากกระโดง (*Gerres imbatus*) ปลาบู่เกล็ดแข็ง (*Butis butis*) ปลาบู่เขือ (*Pseudapocryptes elongatus*) ปลาบู่ขาว (*Acentrogobius caninus*) ปลากริมควาย (*Trichopsis vittata*) และปลากริมมุก (*Trichopsis pumila*) ชนิดปลาที่พบในการศึกษาครั้งนี้ แต่ไม่พบในการศึกษาของสิทธิพัฒน์ แผ้วฉ่ำ และคณะ (2551 : หน้า 1-60) มี 15 ชนิด ได้แก่ ปลาตะเพียนขาว ปลาหมอเทศข้างลาย ปลากราย ปลากริม ปลาเข็มหม้อ ปลารากกล้วย ปลาชะโด ปลาหมอไทย ปลากระดี่นาง ปลาข้าวเม่า ปลาสลิดหิน ปลาตะกรับ ปลาแป้นเขี้ยว ปลาดอกหมาก และปลาคุด ส่วนชนิดปลาที่พบเหมือนกันกับการศึกษาของสิทธิพัฒน์ แผ้วฉ่ำ และคณะ (2551 : หน้า 1-60) มีจำนวน 11 ชนิด ได้แก่ ปลาซิวควาย ปลาบู่ทราย ปลาหมอช้างเหยียบ ปลาซิวหางดอก ปลาซิวหางแดง ปลาสร้อยนกเขา ปลาช่อน ปลากระสง ปลาแป้นแก้ว ปลาแรด และปลากระดี่หม้อ

การศึกษาครั้งนี้เป็นรายงานการวิจัยครั้งแรกที่มีรายงานเกี่ยวกับการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของปลาในแม่น้ำจันทบุรี จังหวัดจันทบุรี จากผลที่ได้จะเห็นได้ว่าดีเอ็นเอบาร์โค้ด สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลในการจัดจำแนกชนิดปลา ร่วมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้เป็นอย่างดี โดยองค์ความรู้ที่ได้ในครั้งนี้ สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในงานทางการประมงด้านต่าง ๆ เช่น การจำแนกชนิดลูกปลาวัยอ่อน การจำแนกปลาที่มีลักษณะทางสัณฐานคล้ายคลึงกันมาก การจำแนกชนิดปลาที่ตัวอย่างไม่สมบูรณ์หรือผ่านการแปรรูป การจำแนกปลาชนิดใหม่ ตลอดจนการจัดการทรัพยากรประมงและการอนุรักษ์

ข้อเสนอแนะการวิจัย

1. ควรเพิ่มพื้นที่ในการเก็บตัวอย่าง โดยให้ครอบคลุมพื้นที่ต้นน้ำ กลางน้ำ และปลายน้ำ เพื่อให้ได้ข้อมูลความหลากชนิดของปลามากขึ้น และควรระบุตำแหน่งที่เก็บตัวอย่าง โดยกำหนดตำแหน่ง GPS เพื่อให้ได้ข้อมูลที่สมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

2. ควรมีการศึกษาเพื่อพัฒนาไพรเมอร์คู่ใหม่ ให้สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน COI ได้ในตัวอย่างปลาที่มีความหลากหลายมากยิ่งขึ้น

3. ควรเพิ่มจำนวนตัวอย่างต่อชนิด เพื่อให้ได้ข้อมูลที่มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี