**บทที่ 5**

**สรุป และวิจารณ์ผลการวิจัย**

**5.1 สรุปผลการวิจัย**

 ปักเป้าในพื้นที่ธรรมชาติในแม่น้ำสายหลักในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ได้แก่ แม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง พบปลาปักเป้า 3 ชนิดคือ ปลาปักเป้าดำ (*Tetraodon cochinchinensis*) ปลาปักเป้าควาย (*T. suvattii*) และปลาปักเป้าเขียว (*T. fluviatilis*)

**ตารางที่ 5.1** ตัวอย่างปลาปักเป้าที่พบในแหล่งน้ำภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **ลำดับ** | **ชนิด** | **สกุล** | **แม่น้ำชี** | **แม่น้ำมูล** | **แม่น้ำโขง** |
|  | ปลาปักเป้าดำ(*Tetraodon cochinchinensis*) | *Tetraodon* | 🗸 | 🗸 | 🗸 |
|  | ปลาปักเป้าควาย (*T. suvattii*) | *Tetraodon* | 🗸 | 🗸 | 🗸 |
|  | ปลาปักเป้าเขียว *(T. palembangensis*) | *Tetraodon* | 🗸 | 🗸 | 🗸 |
|  | ปลาปักเป้าเขียวจุด (*T. fluviatilis*) | *Tetraodon* | ป่าพรุโต๊ะแดง |
|  | ปลาปักเป้าท้องตาข่าย(*Dichotomyctere nigroviridis*) | *Dichotomycter* | ป่าพรุโต๊ะแดง |

เมื่อทำการศึกษาจำนวนโครโมโซมดิพลอยด์ของปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย ปลาปักเป้าเขียว และปลาปักเป้าเขียวจุด เท่ากับ 40, 40, 36, 40 และ 42 แท่ง ตามลำดับ และจำนวนโครโมโซมพื้นฐาน เท่ากับ 74, 78, 72, 76 และ 80 ตามลำดับ ทั้งเพศผู้และเพศเมีย ตรวจไม่พบความแตกต่างของลักษณะโครโมโซมเพศ

 สูตรแคริโอไทป์ของปลาทั้ง 5 ชนิด ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมทาเซนทริก-ซับเมทาเซน ทริก-อะโครเซนทริก และเทโลเซนทริก เท่ากับ 12-10-12-6, 16-22-0-2, 20-16-0-0, 16-12-8-4 และ 18-8-12-4 แท่ง ตามลำดับ

จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดา พบว่า ปลาปักเป้าดำ มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิด เมทาเซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดเทโลเซนทริก จากการย้อมแถบสีแบบนอร์พบตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซมเมทาเซนทริกคู่ที่ 4 มีตำแหน่งอยู่ใกล้เซนโทรเมียร์ของโครโมโซมคู่ที่ 4 ปลาปักเป้าควาย มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทา เซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดเทโลเซนทริก พบตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซมเมทาเซนทริกคู่ที่ 5 มีตำแหน่งอยู่ใกล้ เซนโทรเมียร์ของโครโมโซมคู่ที่ 5 ปลาปักเป้าท้องตาข่าย มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทาเซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดซับเมทาเซนทริก พบตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซมเมทาเซนทริกคู่ที่ 6 มีตำแหน่งอยู่ใกล้เซนโทรเมียร์ของโครโมโซมคู่ที่ 5 ปลาปักเป้าเขียว มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทา เซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดเทโลเซนทริก พบตำแหน่งนอร์เพียง 1 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซม แสดงให้เห็นถึงการมีภาวะพหุสัณฐาน มีตำแหน่งนอร์อยู่ใกล้เซนโทรเมียร์ และ ปลาปักเป้า เขียวจุด มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทาเซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดเทโลเซนทริก พบตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซมเมทาเซนทริกคู่ที่ 12 มีตำแหน่งใกล้เทโลเมียร์ ของโครโมโซม คู่ที่ 12

 เมื่อทำการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิค RAPD-PCR ด้วยไพรเมอร์จำนวน 10 ชนิด พบว่ามีจำนวน 3 ไพรเมอร์ คือ S61, S64 และ S70 ที่สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ จำนวน 27 แถบ โดยไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้มากที่สุดคือไพรเมอร์ S61 สามารถสร้างชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ 13 แถบ

ไพรเมอร์ S61 พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 13 แถบ มีขนาดเท่ากับ 200, 250, 400,500, 600, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1,400 และ 2,500 คู่เบส

 ไพรเมอร์ S64 พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 5 แถบ มีขนาดเท่ากับ 100, 200, 250, 300 และ 700 คู่เบส แถบดีเอ็นเอขนาด 700 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าทุกชนิด แถบดีเอ็นเอขนาด 200 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าดำที่พบในแม่น้ำชี และแม่น้ำมูล แถบดีเอ็นเอขนาด 100 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าดำที่พบในแม่น้ำโขง

 ไพรเมอร์ S70 พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 9 แถบ มีขนาดเท่ากับ 300, 350, 400, 500, 600, 700, 800, 900 และ 1,000 คู่เบส แถบดีเอ็นเอขนาด 500 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าดำทุกแหล่งน้ำ แถบดีเอ็นเอขนาด 1,000 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าควายที่พบในแม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง แถบดีเอ็นเอขนาด 400 คู่เบส เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าเขียวที่พบในแม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง

**ภาพที่5.1**UPGMA dendrogram from RAPD analysis of Puffer fish from three river basin in northeast of Thailand. Divide three-group population in Puffer fish.

**ตารางที่** 5.2 ระยะห่างระหว่างพันธุกรรมของปลาปักเป้าทั้ง 3 ชนิด ที่นำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธี RAPD-PCR

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Species** | T. cochinchinens Che1 | *T. cochinchinens* Che2 | *T. cochinchinens* Moon1 | *T. cochinchinens* Moon2 | *T. cochinchinens* Kong1 | *T. cochinchinens* Kong2 | *T. suvattii* Che1 | *T. suvattii* Che2 | *T. suvattii* Moon1 | *T.suvattii* Moon2 | *T. suvattii* Kong1 | *T suvattii* Kong2 | *T. Palembangensi* Che1 | *T. Palembangensi* Che2 | *T. Palembangensi* Moon1 | *T. Palembangensi* Moon2 | *T. Palembangensi* Kong1 | *T. Palembangensi* Kong2 |
| *T. cochinchinens* Che1 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. cochinchinens* Che2 | 0.96 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. cochinchinens* Moon1 | 0.93 | 0.89 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. cochinchinens* Moon2 | 0.93 | 0.89 | 1.00 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. cochinchinens* Kong1 | 0.52 | 0.56 | 0.52 | 0.52 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. cochinchinens* Kong2 | 0.59 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.85 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. Suvattii* Che1 | 0.59 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.56 | 0.63 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. Suvattii* Che2 | 0.56 | 0.52 | 0.56 | 0.56 | 0.52 | 0.67 | 0.89 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. Suvattii* Moon1 | 0.63 | 0.59 | 0.63 | 0.63 | 0.59 | 0.67 | 0.52 | 0.63 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| **Species** | T. cochinchinens Che1 | *T. cochinchinens* Che2 | *T. cochinchinens* Moon1 | *T. cochinchinens* Moon2 | *T. cochinchinens* Kong1 | *T. cochinchinens* Kong2 | *T. suvattii* Che1 | *T. suvattii* Che2 | *T. suvattii* Moon1 | *T.suvattii* Moon2 | *T. suvattii* Kong1 | *T suvattii* Kong2 | *T. Palembangensi* Che1 | *T. Palembangensi* Che2 | *T. Palembangensi* Moon1 | *T. Palembangensi* Moon2 | *T. Palembangensi* Kong1 | *T. Palembangensi* Kong2 |
| *T. Suvattii* Moon2 | 0.56 | 0.52 | 0.56 | 0.56 | 0.52 | 0.59 | 0.44 | 0.48 | 0.78 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. Suvattii* Kong1 | 0.70 | 0.67 | 0.70 | 0.70 | 0.59 | 0.67 | 0.59 | 0.70 | 0.93 | 0.70 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |  |
| *T. Suvattii* Kong2 | 0.74 | 0.70 | 0.74 | 0.74 | 0.63 | 0.70 | 0.63 | 0.67 | 0.89 | 0.74 | 0.96 | 1.00 |  |  |  |  |  |  |
| *T. Palembangensi* Che1 | 0.56 | 0.59 | 0.56 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.52 | 0.48 | 0.56 | 0.56 | 0.48 | 0.52 | 1.00 |  |  |  |  |  |
| *T. Palembangensi* Che2 | 0.56 | 0.59 | 0.56 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.52 | 0.48 | 0.56 | 0.56 | 0.48 | 0.52 | 1.00 | 1.00 |  |  |  |  |
| *T. Palembangensi* Moon1 | 0.63 | 0.67 | 0.63 | 0.63 | 0.59 | 0.59 | 0.52 | 0.48 | 0.56 | 0.56 | 0.56 | 0.59 | 0.93 | 0.93 | 1.00 |  |  |  |
| *T. Palembangensi* Moon2 | 0.56 | 0.59 | 0.56 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.59 | 0.56 | 0.56 | 0.56 | 0.48 | 0.52 | 0.93 | 0.93 | 0.85 | 1.00 |  |  |
| *T. Palembangensi* Kong1 | 0.56 | 0.59 | 0.56 | 0.56 | 0.59 | 0.59 | 0.52 | 0.48 | 0.56 | 0.56 | 0.48 | 0.52 | 1.00 | 1.00 | 0.93 | 0.93 | 1.00 |  |
| *T. Palembangensi* Kong2 | 0.59 | 0.63 | 0.59 | 0.59 | 0.70 | 0.70 | 0.48 | 0.44 | 0.52 | 0.52 | 0.52 | 0.56 | 0.89 | 0.89 | 0.89 | 0.81 | 0.89 | 1.00 |

**5.2 อภิปรายผลการวิจัย**

 เป็นรายงานครั้งแรกของการศึกษาพันธุศาสตร์เซลล์ของปลาปักเป้า 4 ชนิด ได้แก่ ปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย และปลาปักเป้าเขียว

1. จำนวนโครโมโซมดิพลอยด์ และจำนวนโครโมโซมพื้นฐาน

จำนวนโครโมโซมดิพลอยด์ของปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย และปลาปักเป้าเขียว เท่ากับ 40 แท่ง เมื่อทำการเปรียบเทียบในรายงานการศึกษาของวงศ์ปลาปักเป้าที่มีมาก่อนหน้านี้ พบว่าสอดคล้องกับรายงานศึกษาของ Arai and Nagaiwa (1976) ศึกษาในปลาปักเป้า *Dichotomyctere fluviatilis* จากประชากรในประเทศอินเดีย ปลาปักเป้าท้องตาข่ายมีจำนวนโครโมโซมดิพลอยด์เท่ากับ 36 แท่ง สอดคล้องกับรายงานการศึกษาในปลาปักเป้า *Canthigaster coronate* (Martine *et al*., 2010) สำหรับปลาปักเป้าเขียวจุดมีจำนวนโครโมโซมดิพลอยด์เท่ากับ 42 แท่ง สอดคล้องกับรายงานการศึกษาก่อนหน้านี้ของ Hardie and Hebert (2003) และเมื่อทำการเปรียบเทียบกับปลาที่อยู่ในวงศ์ปลาปักเป้า พบว่าสอดคล้องกับรายงานการศึกษาในปลาปักเป้า *Arothron hispidus* (Gregory, 2008); *A*. *immaculatus* (Choudhury *et al*., 1982); *A*. *manilensis* (Hirata and Urushido, 2000); *D*. *fluviatilis* (Hinegardner and Rosen, 1972; Ojima and Yamamoto, 1900); *Pao palemangensis* (Hinegardner and Rosen, 1972) และ *T*. *cutcutia* (Vinogradov, 1998)

ปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย ปลาปักเป้าเขียว และปลาปักเป้าเขียวจุด มีจำนวนโครโมโซมพื้นฐาน เท่ากับ 74, 78, 72, 76 และ 80 ตามลำดับ สอดคล้องกับรายงานการศึกษาก่อนหน้านี้ในวงศ์ปลาปักเป้าที่พบว่ามีจำนวนโครโมโซมพื้นฐานที่มีความหลากหลายมาก โดยมีจำนวนน้อยที่สุดเท่ากับ 36 ในปลาปักเป้า *Canthigaster coronate* (Arai, 983) และมากที่สุดเท่ากับ 72 ในปลาปักเป้า *Arothron manilensis* (Hirata and Urushido, 2000)

จากสมมุติฐานที่ส่งผลทำให้ปลามีแคริโอไทป์ที่หลากหลาย เมื่อมีการพิจารณาลงไปในระดับชนิดของปลาแต่ละวงศ์ พบว่าจะมีความผันแปรของจำนวนโครโมโซมที่แตกต่างกัน จากการศึกษาพบว่ากลไกการจัดเรียงตัวใหม่ของโครโมโซม ที่ทำให้เกิดความผันแปรของโครโมโซมของปลาจะเกี่ยวข้องกับกระบวนการที่สำคัญ 3 กระบวนการ ได้แก่ 1) การหักและต่อสลับใหม่แบบมีเซนโทรเมียร์ร่วมด้วย หรือ pericentric inversion 2) การเชื่อมรวมกัน (fusion) ของโครโมโซม และ 3) การหัก (fission) ของชิ้นส่วนของโครโมโซม วงศ์ปลาที่มีวิวัฒนาการเปลี่ยนแปลงทางโครโมโซมนั้น อาจจะเกี่ยวข้องกับกระบวนการใดกระบวนการหนึ่ง หรือทุกกระบวนการก็เป็นไปได้ (King, 1993 และ Galetti *et al*. 2000)

2. ชนิดของโครโมโซม

ปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย ปลาปักเป้าเขียว และปลาปักเป้าเขียวประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมทาเซนทริก ซับเมทาเซนทริก อะโครเซนทริก และเทโลเซนทริก เท่ากับ 12-10-12-6, 16-22-0-2, 20-16-0-0, 16-12-8-4 และ 18-8-12-4 แท่ง ตามลำดับ สอดคล้องกับรายงานก่อนหน้านี้ที่พบว่าปลาปักเป้าในสกุล *Dichotomyctere* (Hardie and Hebert, 2003) และ *Tetraodon* (Vinogradov, 1998) โครโมโซมประกอบด้วยชนิดเมทาเซนทริก ซับเมทาเซนทริก อะโครเซนทริก และเทโลเซนทริก

**3. โครโมโซมเครื่องหมาย**

ปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย และปลาปักเป้าเขียวจุดมีตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง ที่สอดคล้องกับรายงานการศึกษาก่อนหน้านี้ในปลาปักเป้า *Sphoeroides greeleyi* (Brum et al., 1995) และ *S*. *testudineus* (Sá-Gabriel and Molona, 2005) ที่พบว่ามีตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่งเช่นเดียวกันเทคนิคการย้อมแถบสีแบบนอร์มีจุดประสงค์เพื่อหาตำแหน่งของ nucleolar organizer regions (NORs) ซึ่งเป็นตำแหน่งรอยคอดที่สองของโครโมโซม (secondary constriction) โครโมโซมเครื่องหมายที่มีรอยคอยที่สองนี้จะถูกเรียกว่าแซทเทิลไรด์โครโมโซม (satellite chromosome) ยีนที่อยู่บริเวณนี้ คือ rDNA มีหน้าที่ควบคุมการสร้างไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ (ribosomal RNA) ชนิด 18S และ 28S จากรายงานการศึกษาที่มีมาก่อนหน้านี้ พบว่าในปลาส่วนใหญ่จะมีตำแหน่งของยีนสร้างไรโบโซมอลอาร์เอ็นเออยู่บนโครโมโซม 1 คู่ (2 ตำแหน่ง) (Sharma *et al*., 2002)

จากรายงานการศึกษาก่อนหน้านี้จะเห็นได้ว่าแม้ว่าปลาจะอยู่วงศ์เดียวกัน แต่จำนวนโครโมโซมที่มีนอร์มีจำนวนไม่เท่ากัน หรือแม้กระทั่งปลาชนิดเดียวกัน ตำแหน่งที่เกิดนอร์ก็อาจแตกต่างกันไป นั่นคือในบางกรณีอาจมีขนาดของนอร์บนโครโมโซมคู่เหมือนที่แตกต่างกัน เรียกว่าการเกิดภาวะพหุสัณฐาน (polymorphism) ซึ่งบริเวณของนอร์นั้นจะประกอบไปด้วยอาร์ดีเอ็นเอ (rDNA) อาร์เอ็นเอ (RNA) และโปรตีนเป็นจำนวนมาก ยีนบริเวณนี้เป็นยีนที่ซ้ำกันหลายร้อยชุด (repetitive DNA) ภาวะพหุสัณฐานของนอร์อาจเกิดจากการเพิ่มปริมาณการทำงานของยีน (gene amplification) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการสังเคราะห์โปรตีน เพราะอาร์อาร์เอ็นเอเมื่อรวมกับไรโบโซมอลโปรตีน (ribosomal protein) จะกลายเป็นไรโบโซม (ribosome) มีหน้าที่สังเคราะห์โปรตีน ยิ่งนอร์ยืดยาวหรือมีขนาดใหญ่มากเท่าใด จำนวนยีนที่สังเคราะห์อาร์อาร์เอ็นเอก็จะมากตามไปด้วย (อมรา คัมภิรานนท์, 2546) ซึ่งปรากฏการณ์ดังกล่าวสามารถพบได้ในโครโมโซมปลาหลายชนิด (Yuksel and Gaffaroglu, 2008) เช่น ปลาวงศ์ปลาช่อน *Channa punctata* (Sahoo *et al*., 1997) และในการศึกษาครั้งนี้ที่พบว่าในปลาปักเป้าเขียวมีตำแหน่งนอร์เพียง 1 ตำแหน่งทั้งในปลาเพศผู้และเพศเมีย สำหรับในปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย ปลาปักเป้าท้องตาข่าย และปลาปักเป้าเขียวจุด มีตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่งที่เท่ากันทั้งในปลาเพศผู้และเพศเมีย

**4. เครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดลายพิมพ์ดีเอ็นเอ**

 เครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของปลาเนื้ออ่อนทั้ง 3 ชนิดในครั้งนี้ เมื่อนำไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยวิธี UPGMA พบความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลามีค่าค่อนข้างสูง การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญระหว่างตัวอย่างปลาปักเป้าในแต่ละประชากร เมื่อแบ่งประชากรทั้งหมดออกเป็น 3 พื้นที่ (แม่น้ำชี แม่น้ำมูนและแม่น้ำโขง) แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญระหว่างพื้นที่ ดังภาพที่ 5.2 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงการแบ่งกลุ่มประชากรปลาอ่อนออกเป็น 3 กลุ่มคือ ปลาปักเป้าดำ ปลาปักเป้าควาย และปลาปักเป่าเขียว ซึ่งหากพิจารณาจากเดนโดรแกรมที่สร้างด้วยวิธี UPGMA จะพบว่าปลาปักเป้าดำ และปลาปักเป้าควายมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากกว่าปลาปักเป้าเขียว และเมื่อพิจารณาปลาแต่ละชนิดตามแหล่งภูมิศาสตร์ พบว่าปลาปักเป้าที่พบในแม่น้ำมูน และแม่น้ำโขงจะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากกว่าปลาปักเป้าที่พบในแม่น้ำชีซึ่งการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าการใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้สร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอนั้นสามารถใช้แยกประชากรของสิ่งมีชีวิตที่มาจากสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันได้ ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ ธีระรักษ์ ศรีนวลกราย และ ศานิต ปิยพัฒนากร (2552) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลาทูโดยการใช้ เครื่องหมาย Inter-simple sequence repeat (ISSR) จาก 8 สถานี ได้แก่ สงขลา สุราษฎร์ธานี ประจวบคีรีขันธ์ สมุทรสงคราม ระยอง จันทบุรี สตูล และกระบี่ พบว่าแถบดีเอ็นเอให้โพลิมอร์ฟิซึม 80.77 เปอร์เซ็นต์ พบ ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาทูมีค่าค่อนข้างสูง การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญระหว่างตัวอย่างปลาทูในแต่ละประชากร (*P*<0.001) เมื่อแบ่งประชากรทั้งหมดออกเป็น 2 พื้นที่ (อ่าวไทยและทะเลอันดามัน) แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญระหว่างพื้นที่ (*P*=0.0342) แผนภูมิ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงการแบ่งกลุ่มประชากรปลาทูออกเป็น 3 กลุ่มคือ อ่าวไทยตอนบน อ่าวไทยตอนล่างและ ทะเลอันดามัน และพบความสัมพันธ์ระหว่างความห่างทางพันธุกรรมกับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ของแต่ละประชากร (*P*<0.0003)

**5.3 ข้อเสนอแนะในงานวิจัยครั้งต่อไป**

1. การศึกษาความหลากชนิดของพืช หรือสัตว์ เพื่อความถูกต้องของข้อมูลควรทำการสำรวจซ้ำทุกๆ ปี หรืออาจจะเว้นช่วงในการสำรวจ 2-5 ปี เพื่อดูความต่อเนื่องของข้อมูล และดูการเปลี่ยนแปลงทางนิเวศวิทยาได้ด้วย
2. การใช้ดีเอ็นเอเครื่องหมายแบบบาร์โค้ดสามารถใช้ในการจัดจำแนกชนิดของปลาหมูได้ และสามารถใช้ศึกษาวิวัฒนาการ และความใกล้ชิดของสายพันธุ์ปลาได้ แต่หากต้องการความถูกต้องและแม่นยำมากขึ้นควรมีการใช้ยีนหลายๆ บริเวณ เช่น *COI*, *Cytochrome b* หรือ *ND4* ซึ่งเป็นบริเวณยีนที่มีความแปรผันที่นิยมนำมาใช้ในการหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสัตว์
3. การใช้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอยังสามารถใช้แยกกลุ่มประชากรของสิ่งมีชีวิตได้ และยังคงให้ความแม่นยำในการศึกษา ซึ่งจะเป็นประโยชน์อย่างมากถ้านำไปใช้ในการติดตามการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างวิวัฒนาการของประชากรสัตว์น้ำในระบบแหล่งน้ำธรรมชาติ