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
1.	ปลาปักเป้าดำ (*Tetraodon cochinchinensis*)	*Tetraodon*	✓	✓	✓
2.	ปลาปักเป้าควาย (*T. suvattii*)	*Tetraodon*	✓	✓	✓
3.	ปลาปักเป้าเขียว (*T. palembangensis*)	*Tetraodon*	✓	✓	✓
4.	ปลาปักเป้าเขียวจุด (*T. fluviatilis*)	*Tetraodon*	ป่าพรุโต๊ะแดง		
5.	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-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

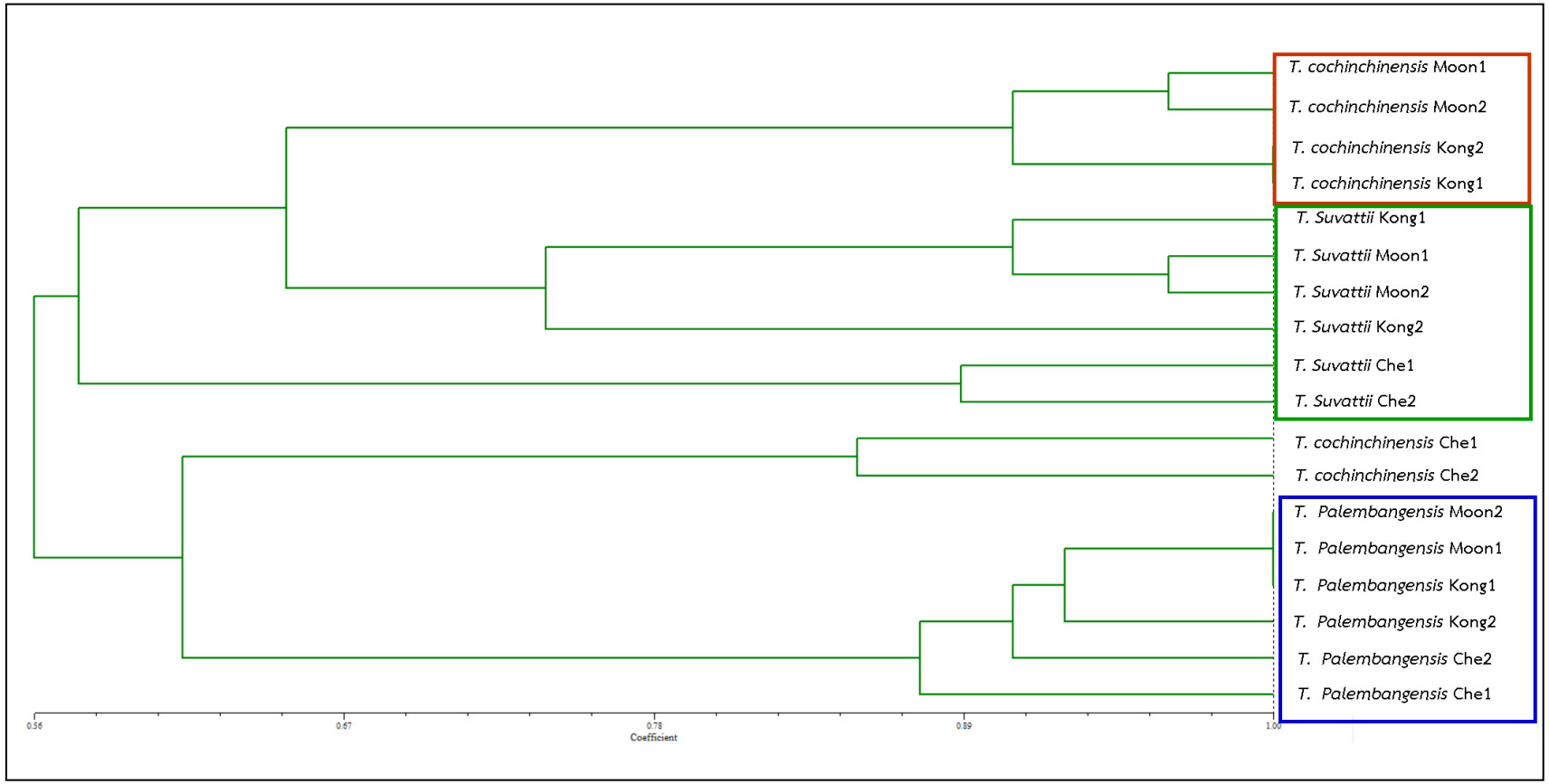
จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดา พบว่า ปลาปักเป้าดำ มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทาเซนทริก และโครโมโซมขนาดเล็กเป็นชนิดเทโลเซนทริก จากการย้อมแถบสีแบบนอร์พบตำแหน่งนอร์ 2 ตำแหน่ง อยู่บนโครโมโซมเมทาเซนทริกคู่ที่ 4 มีตำแหน่งอยู่ใกล้เซนโทรเมียร์ของโครโมโซมคู่ที่ 4 ปลาปักเป้าควาย มีโครโมโซมคู่ใหญ่สุดเป็นชนิดเมทา 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 เป็นแถบที่จำเพาะต่อปลาปักเป้าดำที่พบในแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล 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



ภาพที่ 5.1 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 วงศ์ปลาที่มีวิวัฒนาการเปลี่ยนแปลงทางโครโมโซมนั้นอาจจะเกี่ยวข้องกับกระบวนการใดกระบวนการหนึ่ง 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 และแม่น้ำโขงจะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากกว่าปลาปักเป้าที่พบในแม่น้ำชี ซึ่งการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าการใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้สร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอนั้นสามารถใช้แยกประชากรของสิ่งมีชีวิตที่มาจากสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันได้ 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 อ่าวไทยตอนล่าง และ 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