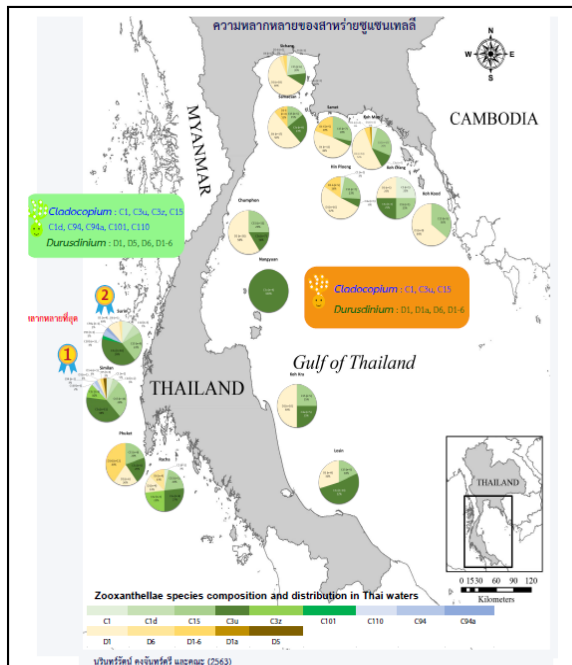


ปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาวในประเทศไทย เกิดขึ้นบ่อยครั้งและทวีความรุนแรงมากขึ้น การสูญเสียความหลากหลายทางชีวภาพในแนวปะการัง ส่วนหนึ่งเกี่ยวข้องกับความหลากหลายทางพันธุกรรมและการปรับตัวของสาหร่ายซูแซนเทลล์ (*zooxanthellae*) ต่อสิ่งแวดล้อม ซึ่งองค์ความรู้เกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของสาหร่ายซูแซนเทลล์ในปะการังแต่ละชนิดมีข้อมูลค่อนข้างน้อยเป็นข้อจำกัดในการนำไปใช้ประโยชน์ ดังนั้น โครงการฯ มุ่งเน้นศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) ของสาหร่ายซูแซนเทลล์ที่อาศัยอยู่ร่วมกับปะการังในทะเลอ่าวไทยและอันดามัน โดยใช้เทคนิค Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE) และ Next-Generation Sequencing (NGS) เพื่อนำไปวางแผนการจัดการทรัพยากรปะการังอย่างเหมาะสมและยั่งยืน



แผนที่ความหลากหลายทางพันธุกรรมของซูแซนเทลล์ในทะเลอ่าวไทยและอันดามัน

รายละเอียดผลงาน

- โครงการฯ ได้ฐานข้อมูล genetic diversity ของสาหร่ายซูแซนเทลล์ด้วยเทคนิค NGS เป็นข้อมูลชุดแรกของประเทศไทยที่ยังไม่เคยมีรายงานมาก่อน ข้อมูลมีความละเอียดมากกว่าเทคนิค DGGE แต่ค่าใช้จ่ายสูงกว่า โดยเทคนิค NGS พบสาหร่ายซูแซนเทลล์มากถึง 22 ชนิดในปะการัง 2 สกุล ส่วนเทคนิค DGGE พบเพียง 14 ชนิดในปะการัง 24 สกุล และเทคนิค NGS ยังได้พบชนิดที่ไม่มีในฐานข้อมูลของ DGGE 1 ชนิด อีกด้วย
- พื้นที่แนวปะการังในทะเลไทยที่พบความหลากหลายของสาหร่ายซูแซนเทลล์สูงที่สุด คือ สถานีหมู่เกาะสิมิลัน รองลงมา คือ สถานีหมู่เกาะสุรินทร์
- สาหร่ายซูแซนเทลล์ชนิดเด่นพบได้ในปะการังทุกสกุลทั้งอ่าวไทยและอันดามัน คือ *Durusdinium* D1 (ยกเว้นหมู่เกาะสุรินทร์-สิมิลัน) สาหร่ายบางชนิดมีความจำเพาะเจาะจงกับปะการัง (host-specific) ได้แก่ สาหร่าย *Cladocopium* C15 จำเพาะกับปะการังโขด ส่วนสาหร่าย *Cladocopium* C3u มักพบในปะการังเขากวางและปะการังก้อนในวงศ์ Merulinidae ขณะที่สาหร่ายบางชนิดพบเฉพาะฝั่งทะเลอันดามันเท่านั้น ได้แก่ *Cladocopium* C1d, C3z, C101, C94, C94a และ *Durusdinium* D5
- ปัจจัยหลักที่ทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงทางสรีรวิทยาของสาหร่ายคือ ออกซิเจน ปัจจัยเสริม คือ ปริมาณธาตุอาหารไนโตรเจนในน้ำทะเล โดยพื้นที่ที่มีความหลากหลายของสาหร่ายซูแซนเทลล์ค่อนข้างน้อย บ่งชี้ถึงความอ่อนไหวในการปรับตัวของสาหร่ายซูแซนเทลล์ให้มีความจำเพาะและอยู่ร่วมกับปะการังได้ในสภาพแวดล้อมที่ถูกรบกวน
- ได้จัดทำแผนที่ hot spot ของสาหร่ายซูแซนเทลล์ที่พบในอ่าวไทยและอันดามัน เพื่อนำมาใช้ประเมินพื้นที่ที่อ่อนไหวต่อการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมและวางแผนการอนุรักษ์แนวปะการัง

กลุ่มเป้าหมายนำไปใช้ประโยชน์: นักวิจัย นักวิชาการ ผู้สนใจด้านปะการัง จากหน่วยงานต่างๆ เช่น กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง, กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช, สถาบันการศึกษา, การท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย รวมถึงผู้ประกอบการท่องเที่ยว

แนวทางการนำผลงานไปใช้ประโยชน์:

- ฐานข้อมูล genetic diversity ของสาหร่ายซูแซนเทลล์ใช้เป็นข้อมูลอ้างอิงการวิจัยเกี่ยวกับ endosymbiotic algae ของปะการังแต่ละชนิด
- ใช้ในการประเมินพื้นที่ที่มีความเปราะบางหรืออ่อนไหวต่อการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมและช่วยวางแผนการอนุรักษ์ พื้นที่แนวปะการังอย่างเหมาะสมและยั่งยืน

Specification ของผลงาน:

- องค์ความรู้ genetic diversity ของสาหร่ายซูแซนเทลล์ในปะการังแข็งและปะการังอ่อนบริเวณพื้นที่ท่องเที่ยวในทะเลฝั่งอ่าวไทยและอันดามัน โดยใช้เทคนิค NGS และ DGGE เพื่อนำไปวางแผนการจัดการอนุรักษ์พื้นที่อย่างเหมาะสม

หน่วยงาน/องค์กร ที่มีความร่วมมือ:

- กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง
- กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช
- มหาวิทยาลัยบูรพา