

บทที่ 1

บทนำ

ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

กุ้งสกุล *Metapenaeus* เป็นสกุลที่มีความหลากหลายของชนิดสูงสกุลหนึ่งในครอบครัว Penaeidae มีการแพร่กระจายบริเวณมหาสมุทรแปซิฟิกฝั่งตะวันตก (Indo-West Pacific) และแอตแลนติกฝั่งตะวันออก (Eastern Atlantic) (Pérez-Farfante & Kensley, 1997) ในประเทศไทยพบความหลากหลายของกุ้งในสกุล *Metapenaeus* สูงถึง 12 ชนิด (นงนุช ลีลาปิยะนาถ, 2532) จากที่พบทั่วโลกทั้งหมด 26 ชนิด (Pérez-Farfante & Kensley, 1997) และมีการกระจายทั่วไปในหลายพื้นที่ตลอดแนวชายฝั่งทะเล ทั้งบริเวณ ปังชายเลน ปากแม่น้ำ ชายฝั่งทะเล รวมทั้งทะเลสาบน้ำกร่อย (อังสุณีย์ จุณห์ปราง และชัชวาล อินทรมนตรี, 2545; Chu, Chen, Huang, & Wong, 1995) จึงทำให้กุ้งในสกุล *Metapenaeus* มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในหลายๆ ประเทศ เช่น ไทย ใต้หวัน ออสเตรเลีย และคูเวต เป็นต้น (กรมประมง, 2546; Bishop & Khan, 1999; Chu et al., 1995; Courtney, Masel, & Die, 1995)

กุ้งในสกุล *Metapenaeus* หลายชนิดมักมีลักษณะทางสัณฐานคล้ายคลึงกัน โดยเฉพาะอย่างยิ่ง กุ้งที่ยังไม่ถึงวัยเจริญพันธุ์ ในการแยกชนิดกุ้งสกุลนี้ส่วนใหญ่มักดูความแตกต่างของพีแทสมา (Petasma) ที่ไถกัม (Thelycum) รวมถึงลักษณะกรีและหนาม (นงนุช ลีลาปิยะนาถ, 2532) ซึ่งต้องใช้ทักษะความชำนาญในการจำแนกชนิด ดังนั้นข้อมูลความแตกต่างทางพันธุกรรมน่าจะช่วยในการจำแนกชนิดให้ชัดเจนยิ่งขึ้น นอกจากนี้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งในสกุลนี้ ยังสามารถใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการจัดลำดับอนุกรมวิธาน ความเข้าใจเชิงวิวัฒนาการและเชิงนิเวศวิทยาของกุ้งในสกุลนี้ได้

การประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตในปัจจุบัน นิยมใช้การวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์บนสายดีเอ็นเอของยีนตำแหน่งเดียวกันบนไมโทคอนเดรีย เนื่องจากไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ (Mitochondrial DNA) มีคุณลักษณะที่เหมาะสมในการประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ เช่น มีอัตราการเกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์สูงกว่าดีเอ็นเอในนิวเคลียส (ประมาณ 5-10 เท่า) มีการคงอยู่ของลำดับนิวคลีโอไทด์บนยีนส่วนที่มีการเกิดวิวัฒนาการ การไม่พบการรวมยีนหรือการแลกเปลี่ยนสารพันธุกรรม (Recombination) มีการถ่ายทอดสารพันธุกรรมจากแม่สู่ลูก ลักษณะทางพันธุกรรมจึงคงอยู่ และถูกถ่ายทอดสู่ลูกหลานในรุ่นถัดไป ดังนั้นจึงสามารถประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสิ่งมีชีวิตที่มีบรรพบุรุษร่วมกันโดยวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนบนไมโทคอนเดรียได้

(Avice, 2004; Billington, 2003; Lowe, Harris, & Ashton., 2004) โดยยีนบนไมโทคอนเดรียที่มีอัตราวิวัฒนาการช้ากว่ายีนอื่น ๆ เช่น Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) ซึ่งทำหน้าที่สังเคราะห์เอนไซม์ไซโตโครม ออกซิเดส (Cytochrome Oxidase) ที่ให้ในกระบวนการหายใจระดับเซลล์ (Respiratory Chain) (สุนันทา ภิณูญาวัชรน์, 2535) และ 16S Ribosomal RNA (16S rRNA) ซึ่งเป็นยีนที่ควบคุมการสร้างกรดไรโบนิวคลีอิกที่เป็นส่วนประกอบของไรโบโซม (Ribosomal Ribonucleic Acid: rRNA) (อาภัสสรฯ ชมิดท์, 2543) สามารถใช้ประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างชนิดและสกุลของสิ่งมีชีวิต (Quan, Zhuang, Deng, Dai, & Zhang, 2004; Hualkasin, Sirimontaporn, Chotigeat, Querci, & Phongdara, 2003; Zardoya and Meyer, 1996; Lefébure, Douady, Gouy, & Gibert, 2006)

ดังนั้นการศึกษานี้จึงวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์บนสายดีเอ็นเอของยีน 16S rRNA และ COI บนไมโทคอนเดรีย เพื่อประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างชนิดกึ่งทะเลในสกุล *Metapenaeus* และระหว่างสกุลในครอบครัว Penaeidae ที่พบมากทางภาคตะวันออกของประเทศไทยและที่มีการรายงานลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล GenBank ข้อมูลที่ได้จะเป็นข้อมูลพื้นฐานในการจัดลำดับอนุกรมวิธาน ความเข้าใจเชิงวิวัฒนาการ เชิงนิเวศวิทยา และประกอบในการวางแผนการจัดการทรัพยากรกุ้งสกุล *Metapenaeus* ในระยะยาว

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. ประเมินลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างชนิดกึ่งทะเลในสกุล *Metapenaeus* 5 ชนิด และระหว่างสกุลกึ่งในครอบครัว Penaeidae ที่พบในบริเวณภาคตะวันออกของประเทศไทยและที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank โดยการวิเคราะห์ความแตกต่างลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรีย
2. เปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรีย

สมมติฐานของการวิจัย

1. การจัดลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยเครื่องหมายพันธุกรรมต้องสอดคล้องกับการจัดกลุ่มโดยใช้สัณฐาน
2. ข้อมูลความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรียให้ผลที่สอดคล้องกัน

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับการวิจัย

1. ทราบลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างชนิดกึ่งทะเลในสกุล *Metapenaeus* 5 ชนิด ที่พบทางภาคตะวันออกของประเทศไทยกับชนิดที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank
2. ทราบลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสกุลในครอบครัว Penaeidae
3. สามารถใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรีย ในการประเมินลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกึ่งทะเลชนิดอื่นของครอบครัว Penaeidae
4. เป็นข้อมูลพื้นฐานในการจัดลำดับอนุกรมวิธาน ความเข้าใจเชิงวิวัฒนาการเชิงนิเวศวิทยา และประกอบในการวางแผนการจัดการทรัพยากรของกึ่งทะเลต่อไป

ขอบเขตของการวิจัย

1. วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วน (Partial Sequences) ของยีน COI และยีน 16S rRNA เพื่อประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างชนิดตัวอย่างกึ่งทะเลภายในสกุล *Metapenaeus* จำนวน 5 ชนิด ที่พบทางภาคตะวันออก คือ *Metapenaeus ensis*, *M. moyebi*, *M. affini*, *M. brevicornis* และ *M. tenuipes* และชนิดที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank จำนวน 1 ชนิด คือ *Metapenaeus joyneri*
2. ประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสกุลครอบครัว Penaeidae จำนวน 5 สกุล ซึ่งได้แก่ สกุล *Metapenaeus*, *Penaeus*, *Fenneropenaeus*, *Litopenaeus* และ *Parapenaeopsis* และสกุลที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank จำนวน 11 สกุล คือ *Metapenaeus*, *Penaeus*, *Fenneropenaeus*, *Farfantepenaeus*, *Litopenaeus*, *Parapenaeopsis*, *Parapenaeus*, *Metapenaeopsis*, *Melicertus*, *Masupenaeus* และ *Trachypenaeus* (*Metapenaeus joyneri*, *Penaeus monodon*, *Fenneropenaeus merguensis*, *F. indicus*, *F. penicillatus*, *F. chinensis*, *Farfantepenaeus subtilis*, *F. paulensis*, *Litopenaeus vannamei*, *L. stylisrostris*, *L. setiferus*, *L. schmitti*, *Parapenaeopsis hungerfordi*, *P. hardwickii*, *Metapenaeopsis lamellate*, *M. barbata*, *Melicertus latisulcatus*, *M. longistylus*, *Masupenaeus japonicus* และ *Trachypenaeus curvirostris*)
3. สร้างแผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างกลุ่ม (Operation Taxonomic Unit: OTUs) โดยวิธี Maximum Parsimony, Maximum Likelihood และ Neighbor-Joining (Distance Method)
4. กึ่งในสกุล *Solenocera* (*Solenocera crassicornis*) ครอบครัว *Solenoceridae* จากฐานข้อมูล GenBank ใช้สำหรับเป็นกลุ่มอนุกรมวิธานนอกกลุ่ม (Outgroup)

5. การจำแนกและการเรียกชื่อทางอนุกรมวิธานกุ้งครอบครัว Penaeidae ในสกุล *Penaeus* เดิม ตาม Pérez-Farfante and Kensly (1997) โดยมีการเปลี่ยนแปลงการเรียกชื่อสกุล ดังนี้ สกุลย่อย *Penaeus (Penaeus)* เป็นสกุล *Penaeus*, สกุลย่อย *Penaeus (Fenneropenaeus)* เป็นสกุล *Fenneropenaeus*, สกุลย่อย *Penaeus (Litopenaeus)* เป็นสกุล *Litopenaeus*, สกุลย่อย *Penaeus (Melicertus)* เป็นสกุล *Melicertus* และสกุลย่อย *Penaeus (Masupenaeus)* เป็นสกุล *Masupenaeus* ส่วนกุ้งสกุล *Metapenaeus* และ *Parapenaeopsis* ยังคงมีการเรียกชื่อเหมือนเดิม แต่ในส่วนของงานวิจัยที่เกี่ยวข้องยังคงใช้การวงเล็บสกุลย่อยตามฉบับเดิม เพื่อป้องกันการสับสน