

บทที่ 5

อภิปรายและสรุปผล

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์

ระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายนิวคลีโอไทด์ของทั้งสองยีน มีค่าใกล้เคียงกับระดับที่พบในการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งกลุ่ม Penaeidae ของ Lavery et al. (2004) Maggioni et al. (2001) และ Quan et al. (2004) อย่างไรก็ตาม เป็นที่น่าสังเกตว่า ดัชนีแสดงความหลากหลายทางพันธุกรรม บ่งชี้ว่า สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่ายีน 16S rRNA ซึ่งอาจมีสาเหตุจาก (1) ยีน 16S rRNA มีอัตราวิวัฒนาการช้ากว่ายีน COI (Lefébure et al., 2006) และ (2) สายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA ที่ใช้มีขนาดสั้นกว่าสายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI โดยสายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA ที่ใช้มีขนาดเพียง 429 และ 477 คู่เบส จากสายนิวคลีโอไทด์ 1,366 คู่เบส (National Center for Biotechnology Information, 2006) ในขณะที่สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI มีขนาด 741 และ 749 คู่เบส จากสายนิวคลีโอไทด์ 1,538 คู่เบส (National Center for Biotechnology Information, 2006) ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายนิวคลีโอไทด์โดยเฉพาะอย่างยิ่งจำนวน Informative Sites เป็นคุณลักษณะที่สำคัญต่อความสามารถของยีนในการแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ใกล้เคียงกับความเป็นจริง (Zardoya and Meyer, 1996) โดยสายนิวคลีโอไทด์ที่มีขนาดสั้นเกินไป อาจไม่เป็นตัวแทนที่แท้จริงของระดับการวิวัฒนาการของจีโนม

การศึกษาของ Zardoya and Meyer (1996) พบว่า รูปแบบความแปรปรวนของยีนทั้งหมดบนไมโทคอนเดรียของสัตว์มีกระดูกสันหลังมีความสัมพันธ์เชิงบวกกับระดับความแตกต่างทางวิวัฒนาการระหว่างกลุ่มอนุกรมวิธานที่แยกจากกันน้อยกว่า 100 ล้านปี อย่างไรก็ตาม ยีนบางกลุ่ม เช่น ND 2, ND 4, ND 5 (NADH Subunit 2, 4, 5 ตามลำดับ), CYT B (Cytochrome b) และ COI มีความสม่ำเสมอในการแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการมากกว่ายีนอื่น ๆ บนไมโทคอนเดรีย (Zardoya and Meyer, 1996) ในการประเมินความสัมพันธ์ของกุ้งทะเลโดยใช้ข้อมูลยีน COI และ 16S rRNA น่าจะสามารถตรวจสอบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการภายในครอบครัว Penaeidae ได้เนื่องจากสกุลในกุ้งกลุ่มนี้ มีการแยกทางวิวัฒนาการน้อยกว่า 100 ล้านปี จากการศึกษาของ Quan et al. (2004) ช่วงเวลาการแยกระหว่างกุ้งสกุล *Penaeus* และ *Metapenaeus* อยู่ในช่วงประมาณ 6.38-7.98 ล้านปีก่อนยุค Post-Miocene ส่วนการแยกชนิดภายในกุ้งกลุ่ม *Penaeus* และ *Metapenaeus* อยู่ในช่วงประมาณ 0.08-0.4 ล้านปีก่อนยุค Late Pleistocene

ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่ของลำดับนิวคลีโอไทด์

สายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ สามารถตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานที่ระดับชนิดและสูงกว่าระดับชนิดของกุ้งกลุ่ม Penaeidae ได้ โดยระยะห่างทางพันธุกรรมที่คำนวณได้ของทุกหน่วยอนุกรมวิธานที่สูงกว่าระดับชนิดมีค่า 0.029-0.274 ซึ่งการศึกษาของ Lefebure et al. (2006) รายงานว่า ยีน COI มีความสามารถในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานที่ระดับชนิดได้ดีกว่ายีน 16S rRNA แต่ในระดับอนุกรมวิธานที่สูงกว่าระดับชนิด ยีนทั้งสองมีความสามารถในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ในระดับใกล้เคียงกัน ข้อสังเกตดังกล่าวอาจอธิบายความแตกต่างของค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่คำนวณได้จากข้อมูลของยีน COI และ 16S rRNA ที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ (ตาราง 4-3 – 4-4) โดยข้อมูลยีน COI ให้ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างชนิดที่สูงกว่ายีน 16S rRNA เช่น ภายในสกุล *Metapenaeus* มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกุ้ง *M. brevicornis* และ *M. tenuipes* (มีความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรม) ที่ได้จากยีน COI มีค่ามากกว่าค่าที่ประเมินจากข้อมูลยีน 16S rRNA 6.10-7.22 เท่า ในขณะที่ทั้ง 2 ยีน ให้ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสกุลในระดับที่ใกล้เคียงกัน

การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการและอนุกรมวิธานระดับสกุล

ในการศึกษาครั้งนี้ ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการในระดับสกุลของกุ้งกลุ่ม Penaeidae ที่พบทางภาคตะวันออกได้เป็น 2 กลุ่ม คือ (1) สกุล *Metapenaeus*, *Parapenaeopsis* และ *Trachypenaeus* และ (2) สกุล *Penaeus*, *Fenneropenaeus* และ *Litopenaeus* การจัดกลุ่มในระดับสกุลของข้อมูลชุดนี้เหมือนกับ การจัดกลุ่มโดยใช้ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ของยีน COI (Baldwin et al., 1998) ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA (Maggioni et al., 2001) ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์รวมของยีน COI และ 16S rRNA (Lavery et al., 2004; Quan et al., 2004; Voloch, Freire, & Russo, 2005) ข้อมูลของขนาด ชิ้นดีเอ็นเอในนิวเคลียสที่เกิดจากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP) (Wang, Tsoi, & Chu, 2004) และเป็นไปตามการแบ่งกลุ่มโดยใช้ลักษณะบางลักษณะของกุ้งกลุ่ม (ภาพที่ 2-1) (นงนุช ลีลาปิยะนาถ, 2532; Pérez-Farfante & Kensley, 1997; Kubo, 1949)

การจัดกลุ่มในระดับสกุลมีรูปแบบเปลี่ยนไปเมื่อรวมข้อมูลจากภาคตะวันออกกับข้อมูลจากฐานข้อมูล GenBank โดยกุ้งสกุล *Metapenaeus* และ *Metapenaeopsis* (มีข้อมูลเฉพาะยีน

16S rRNA) มีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากทั้งกลุ่ม *Parapenaeopsis*+*Trachypenaeus* และกลุ่มสกุล *Fenneropenaeus*+*Penaeus*+*Litopenaeus*+*Masupenaeus*+*Melicertus* รูปแบบที่เปลี่ยนไปนี้อาจเกิดจากจำนวนตัวอย่างชนิดของแต่ละสกุลมีความสมดุลมากขึ้น

นอกเหนือจากความสมดุลของจำนวนชนิดภายในแต่ละสกุลแล้ว ยังมีปัจจัยอื่นๆ ที่ควรพิจารณาในการเลือกยีนในการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการนั้น คือ (1) อัตราวิวัฒนาการที่แตกต่างกันระหว่างกลุ่มอนุกรมวิธาน (2) ความแตกต่างของวิธีการวิเคราะห์ และ (3) การเลือก Outgroup

อัตราวิวัฒนาการที่แตกต่างกันระหว่างกลุ่มอนุกรมวิธานนั้น เป็นผลให้เครื่องหมายทางพันธุกรรมต่างตำแหน่ง มีความเหมาะสมในการประเมินและให้รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่แตกต่างกัน (Zardoya and Meyer, 1996; Lefébure et al., 2006) แม้ว่ายีนทั้งสองที่นำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นยีนที่ผู้วิจัยอื่นๆ นิยมนำมาศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสัตว์กลุ่มกลุ่มครัสเตเชีย (อมรรรัตน์ พงศ์คารา และคณะ, 2547; Baldwin et al., 1998; Hualkasin, 2003; Lavery et al., 2004; Maggioni et al., 2001; Quan et al., 2004; Zardoya and Meyer, 1996) ซึ่งสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการได้ดีในบางสกุล แต่ขีดความสามารถของแต่ละยีนอาจยังไม่เพียงพอที่จะแยกความแตกต่างระดับสกุลในบางสกุล เช่น กลุ่มสกุล *Melicertus* + *Masupenaeus* และกลุ่มสกุล *Parapenaeopsis* + *Trachypenaeus*

วิธีการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่แตกต่างกันอาจให้รูปแบบ Phylogenetic Tree ที่แตกต่างกัน เนื่องจาก วิธีคำนวณและการให้น้ำหนักของอัตราวิวัฒนาการ โดยในบางวิธี (ML) จำเป็นต้องระบุค่าต่าง ๆ ที่ได้จากแบบจำลองการแทนที่ของสายนิวคลีโอไทด์ เช่น อัตราความถี่ของเบส อัตราการแทนที่เบสของสายนิวคลีโอไทด์ เป็นต้น ในขณะที่บางวิธี (MP) ใช้เพียงจำนวนการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่าง OTUs เท่านั้น อย่างไรก็ตาม หากอัตราการวิวัฒนาการระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานค่อนข้างคงที่และความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มชัดเจน ทุกวิธีการวิเคราะห์ควรให้รูปแบบความสัมพันธ์ที่ใกล้เคียงกัน นอกจากนี้ การเลือกตัวอย่างที่เป็น Outgroup อาจมีผลต่อรูปแบบความสัมพันธ์ที่ได้ เช่น ในการศึกษาของ Voloch et al. (2005) ที่ใช้ปู (*Portunus trituberculatus*) เป็น Outgroup วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกุ้งครอบครัว Penaeidae ร่วมกับ Solenoceridae พบว่ากุ้งครอบครัว Penaeidae สกุล *Parapenaeus* มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับกุ้งครอบครัว Solenoceridae มากกว่ากุ้งสกุลอื่นในครอบครัว Penaeidae

ในกุ้งสกุล *Penaeus* (เดิม) ประกอบด้วยสกุลย่อยทั้งหมด 6 สกุลย่อย ได้แก่ สกุลย่อย *Penaeus*, *Fenneropenaeus*, *Litopenaeus*, *Farfantepenaeus*, *Melicertus* และ *Masupenaeus* แต่

Pérez-Farfante & Kensley (1997) ได้เสนอให้เปลี่ยนแปลงการเรียกชื่อกุ้งสกุล *Penaeus* (เดิม) โดยยกระดับสกุลย่อยเป็นสกุล แต่ข้อถกเถียงการยกระดับสกุลดังกล่าวยังไม่เป็นที่สิ้นสุด ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ ข้อมูลของยีน 16S rRNA ยังคงไม่แสดงรูปแบบความสัมพันธ์อย่างชัดเจนระหว่างกุ้งสกุล *Fenneropenaeus*, *Penaeus* และ *Litopenaeus* โดยค่าเฉลี่ยระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสกุลในกลุ่ม *Penaeus* (เดิม) มีค่าระหว่าง 0.67 (*P. monodon* กับ *F. merguensis*) ถึง 0.107 (*P. monodon* กับ *L. vannamei*) ซึ่งมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสกุล *Metapenaeus* กับ *Parapenaeopsis* (0.137) และค่าเฉลี่ยระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสกุลรวมของยีน 16S rRNA (0.144) แต่มากกว่าค่าเฉลี่ยระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างชนิดภายในสกุล *Metapenaeus* (0.079)

กุ้ง *L. vannamei* เป็นสายพันธุ์กุ้งทะเลในกลุ่มกุ้งขาวแปซิฟิก มีการเพาะเลี้ยงกันอย่างแพร่หลายในหลายประเทศ เช่น สหรัฐอเมริกา เม็กซิโก ปานามา อีคิวาดอร์ เปรู เป็นต้น เนื่องจากเป็นสายพันธุ์ที่มีความแข็งแรง ทนต่อโรค และมีการขยายพันธุ์ตามธรรมชาติได้กว้างในแถบชายฝั่งทะเลของมหาสมุทรแปซิฟิก ดังนั้น *L. vannamei* จึงเป็น 1 ใน 6 กุ้งสายพันธุ์หลักในการผลิตกุ้งของโลก (ปิยะบุตร วานิชพงษ์พันธุ์, 2545) ประเทศไทยได้นำเข้ากุ้งชนิดนี้ เพื่อการเพาะเลี้ยงอย่างแพร่หลายมาตั้งแต่ปี พ.ศ. 2543-2544 Senanan et al. (In press) พบกุ้ง *L. vannamei* ในธรรมชาติบริเวณปากแม่น้ำบางปะกงตั้งแต่ พ.ศ. 2547 คำถามทางนิเวศหนึ่ง คือเป็นไปได้หรือไม่ที่กุ้ง *L. vannamei* ที่หลุดรอดสู่ธรรมชาติสามารถผสมพันธุ์กับกุ้งทะเลของประเทศไทย คำถามดังกล่าวต้องการข้อมูลความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของกุ้งต่างชนิดและข้อมูลชีววิทยาการสืบพันธุ์ ซึ่งจากผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งในกลุ่ม Penaeidae ในครั้งนี้พบว่า กุ้งในสกุล *Litopenaeus* มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระดับสกุลห่างจากกุ้งท้องถิ่นในสกุล *Fenneropenaeus* และ *Penaeus* (ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม) และกุ้งสกุล *Litopenaeus* มีรูปแบบพฤติกรรมการผสมพันธุ์ที่ต่างจากกุ้งท้องถิ่นทั้ง 2 สกุล โดยมีอวัยวะเพศเมียเป็นแบบปิด (Close Thelycum) ดังนั้นการผสมข้ามสายพันธุ์น่าจะเกิดขึ้นในธรรมชาติได้ยาก

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการภายในสกุล *Metapenaeus*

การศึกษานี้เป็นการศึกษาแรกที่ทำให้ความสำคัญกับกุ้งทะเลสกุล *Metapenaeus* โดยประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้ง 5 ชนิด (6 ชนิดในยีน 16S rRNA) ภายในสกุล *Metapenaeus* ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ของทั้งยีน 16S rRNA และ COI สามารถใช้แยกชนิดกุ้งภายในสกุลนี้ได้อย่างชัดเจน (ภาพที่ 5-1) แม้ว่าลักษณะภายนอกจะคล้ายกันมาก เช่น ลักษณะสันกริ จำนวนฟันกรีดล่าง ลวดลาย สีของลำตัวและหาง เป็นต้น (นงนุช ลีลาปิยะนวด, 2532)

	125	135	145	155	165	175	185	195	205	
<i>M. moyebi</i> (1)	AA	CTCTCAAAAA	AGATTACGCT	GTTATCCCTA	AAGTAACCTG	ATCTTTTGAT	CTTTAAGAAA	GGATCA-ATC	TTTACCAATT	ATTTA
<i>M. moyebi</i> (2)										
<i>M. affinis</i> (1)	G.	G.			A	A	T	T	AC.....AA	C
<i>M. affinis</i> (2)	G.	G.			A	A	T	T	AC.....AA	C
<i>M. ensis</i> (1)		G.			A	A	T	T	C.....AA	
<i>M. ensis</i> (2)		G.			A	A	T	T	C.....AA	
<i>M. tenuipes</i> (1)		G.			A	A	T	AC.....T	AA	C.....
<i>M. tenuipes</i> (2)		G.			A	A	T	AC.....T	AA	C.....
<i>M. brevicornis</i> (1)		G.			A	A	T	AC.....T	AA	
<i>M. brevicornis</i> (2)		G.			A	A	T	AC.....T	AA	

หมายเหตุ: เครื่องหมาย . แสดงนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนกัน

ภาพที่ 5-1 การจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA ของกุ้งสกุล *Metapenaeus*

พื้นฐานของ Phylogenetic Tree ที่ใช้ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ของทั้งสองยีน ผลที่แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการภายในสกุล *Metapenaeus* เป็นแบบโมโนไฟล์เลติก (Monophyletic) ซึ่งแสดงถึงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ใกล้ชิดกันภายในสกุล *Metapenaeus* อย่างไรก็ตาม ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI แสดงการจัดกลุ่มภายในสกุลนี้ได้ชัดเจนกว่าข้อมูลของยีน 16S rRNA โดย (1) กุ้ง *M. brevicornis* มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับ *M. tenuipes* (ยีน COI และ 16S rRNA) ซึ่งสอดคล้องกับการแบ่งกลุ่มโดยใช้ฐานบางลักษณะที่ใช้ในการแยกชนิดกุ้งสกุล *Metapenaeus* (ภาพที่ 2-2) (นงนุช ลิลาปิยะนาถ, 2532; Kubo, 1949) (2) กุ้ง *M. ensis* มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับ *M. affinis* (เฉพาะยีน COI) และ (3) กุ้ง *M. moyebi* ถูกจัดเป็นกลุ่มแยกจากสองกลุ่มแรก (ยีน COI และ 16S rRNA) ความสามารถของสายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ระดับชนิด ในการศึกษาครั้งนี้สอดคล้องกับการศึกษาของ Lefébure et al. (2006) ที่พบว่า ยีน COI มีความสามารถในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานที่ระดับชนิดได้ดีกว่ายีน 16S rRNA โดยเฉพาะกุ้งภายในสกุลเดียวกันที่ความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมมาก (*M. ensis*, *M. affinis* และ *M. moyebi*)

การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ระหว่าง *M. ensis*, *M. affinis* และ *M. moyebi* ของยีน COI ขัดแย้งกับแบ่งกลุ่มโดยใช้ฐานภายนอกบางลักษณะในการแยกชนิดกุ้งสกุล *Metapenaeus*

(ภาพที่ 2-2) (นงนุช ตีลาปิยะนาถ, 2532; Kubo, 1949) โดย *M. moyebi* มีสัณฐานภายนอกบางลักษณะ (การเบสมีขนปกคลุม) คล้ายคลึงกับกึ่ง *M. ensis* และ *M. affinis* มากกว่ากลุ่ม *M. brevicornis*+*M. tenuipes* ความขัดแย้งดังกล่าวอาจเป็นผลจากสัณฐานบางลักษณะที่ใช้ในการแยกอาจไม่สะท้อนความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม หรือเครื่องหมายพันธุกรรมที่ใช้ยังไม่สามารถตรวจสอบระดับความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกันมาก ๆ ดังตัวอย่างใน Lefébure et al. (2006)

ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ใช้ในการศึกษาสามารถแยกความแตกต่างระหว่างชนิดภายในสกุล *Metapenaeus* ได้อย่างชัดเจน แม้ว่ากึ่งบางชนิดจะมีสัณฐานภายนอกคล้ายกันมาก (*M. brevicornis* คล้ายคลึงกับ *M. tenuipes* และ *M. ensis* คล้ายคลึงกับ *M. affinis*) ความแตกต่างทางพันธุกรรมของกึ่งสกุล *Metapenaeus* อาจเกิดจากสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ (Geographic Barrier) หรือ ปัจจัยทางชีววิทยาอื่นๆ (Biological Barrier) ที่ลดการผสมพันธุ์ระหว่างชนิด (อุทัยรัตน์ ณ นคร, 2543) จากข้อมูลการสำรวจตัวอย่างกึ่งบริเวณปากแม่น้ำบางปะกง จังหวัดฉะเชิงเทรา พบว่ากึ่ง *M. brevicornis* และ *M. affinis* พบชุกชุมบริเวณชายฝั่งที่น้ำทะเลมีความเค็มสูง ส่วนกึ่ง *M. tenuipes* และ *M. ensis* มักพบชุกชุมบริเวณปากแม่น้ำที่มีความเค็มต่ำ (ดร.นงนุช ตั้งเกริก โสภาร, คิดต่อเป็นส่วนตัว) หรืออาจเนื่องมาจากมีชีววิทยาบางประการ เช่น พฤติกรรมการผสมพันธุ์และเวลาของการสืบพันธุ์ที่แตกต่างกัน ซึ่งข้อมูลทางชีววิทยาและนิเวศวิทยาของกึ่งในสกุล *Metapenaeus* มีน้อย ซึ่งควรมีการศึกษาเพิ่มเติมในส่วนนี้ประกอบผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการจัดลำดับอนุกรมวิธาน ความเข้าใจเชิงวิวัฒนาการ เชิงนิเวศวิทยา และประกอบในการวางแผนการจัดการทรัพยากรกึ่งสกุล *Metapenaeus* ในระยะยาว

สรุปผลการวิจัย

1. สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ที่ใช้ในการศึกษานี้ มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่ายีน 16S rRNA
2. การจัดกลุ่มตามความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกึ่งกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank ในระดับสกุลแบ่งเป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ (1) สกุล *Metapenaeus*, *Parapenaeopsis* และ *Trachypenaeus* และ (2) สกุล *Fenneropenaeus*, *Penaeus*, *Litopenaeus*, *Masupenaeus* และ *Melicertus*
3. ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA ตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างสกุลของกึ่งภายในครอบครัว Penaeidae อย่างชัดเจน ยกเว้น ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดระหว่างสกุล *Melicertus* กับ *Marsupenaeus* และกลุ่มสกุล *Parapenaeopsis* กับ *Trachypenaeus*

4. มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ใกล้ชิดกันระหว่างชนิดภายในสกุล *Metapenaeus* โดย *M. brevicornis* มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับ *M. tenuipes* และ *M. ensis* มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับ *M. affinis* ส่วน *M. moyebi* เป็นชนิดที่แยกจาก 2 กลุ่มข้างต้น

5. ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA ให้ผลตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานที่ระดับสกุลของกุ้งกลุ่ม Penaeidae ในทิศทางเดียวกัน แต่สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างหน่วยอนุกรมวิธานที่ระดับชนิดได้ดีกว่ายีน 16S rRNA โดยเฉพาะอย่างยิ่งในสกุล *Metapenaeus*

ข้อเสนอแนะ

1. ควรเพิ่มขนาดของสายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA หรือเพิ่มตำแหน่งยีนที่ใช้ในการวิเคราะห์กลุ่มอนุกรมวิธานที่ยังแสดงความสัมพันธ์ไม่ชัดเจน
2. อาจใช้เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทอื่นร่วมด้วย เช่น ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย
3. ควรมีการศึกษาเพิ่มเติมข้อมูลทางชีววิทยาและนิเวศวิทยาของกุ้งในสกุล *Metapenaeus* เพื่อใช้ประกอบผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการจากข้อมูลทางพันธุกรรม