

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกิ้งก่า Metapenaeus บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก
ของประเทศไทยโดยการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI
บนไมโทคอนเดรีย

วนิสา กัณฐมณี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาชีววาริชศาสตร์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยบูรพา
กรกฎาคม 2550
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยบูรพา

อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์และคณะกรรมการสอบปากเปล่าวิทยานิพนธ์ ได้พิจารณา
วิทยานิพนธ์ของ วณิสา กัณทามณี ฉบับนี้แล้ว เห็นสมควรรับเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตาม
หลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวาริชศาสตร์ ของมหาวิทยาลัยบูรพาได้

อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์

.....ประธาน
(ดร.วันศุกร์ เสนานาญ)
.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นงนุช ตั้งเกริกโอฬาร)
.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุภารัตน์ สวนจิตร)

คณะกรรมการสอบปากเปล่า

.....ประธาน
(รองศาสตราจารย์ ดร.อำนาจ จรด้าง)
.....กรรมการ
(ดร.วันศุกร์ เสนานาญ)
.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นงนุช ตั้งเกริกโอฬาร)
.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุภารัตน์ สวนจิตร)
.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมถวิล จริตควร)

บัณฑิตวิทยาลัยอนุมัติให้รับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวาริชศาสตร์ ของมหาวิทยาลัยบูรพา

.....คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย
(รองศาสตราจารย์ ดร.ประทุม ม่วงมี)
วันที่ 11 เดือน กรกฎาคม พ.ศ. 2550

การวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนวิทยานิพนธ์ ระดับบัณฑิตศึกษา
จากบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยบูรพา
ประจำภาคปลาย ปีการศึกษา 2549

ประกาศคุณูปการ

ขอขอบคุณอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ดร.วันสุกร์ เสนานานู คณะกรรมการ
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นงนุช ตั้งเกริกโอพาร และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุภารัตน์ สวนจิตร
กรรมการผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก รองศาสตราจารย์ ดร.อำนาจ จรด้วง กรรมการจากบัณฑิต
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมถวิล จริตควร และ ดร.ทรรศิน ปณิธานรักษ์ ที่ให้คำแนะนำในการทำ
วิทยานิพนธ์ และขอขอบคุณโครงการกึ่งชาวที่สนับสนุนงบประมาณในการทำวิจัย

วนิดา กัณทมนี

45911789: สาขาวิชา: วาริชศาสตร์; วท.ม. (วาริชศาสตร์)

คำสำคัญ: ฟีนีอีดี/ *Metapenaeus*/ ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ/ ลำดับนิวคลีโอไทด์

วนิสา กัณทมนธิ: ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งสกุล *Metapenaeus* บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออกของประเทศไทยโดยการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรีย (PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS AMONG SELECTED *METAPENAEUS* SHRIMP FOUND IN EASTERN THAILAND BASED ON MITOCHONDRIAL COI AND 16S rRNA GENES.) อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์: วันศุกร์ เสนานาญ, Ph.D., นงนุช ตั้งเกริกโอฬาร, Ph.D., สุภารัตน์ สานจิตร์, Ph.D. 89 หน้า. ปี พ.ศ. 2550.

การศึกษานี้วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งสกุล *Metapenaeus* และกุ้งบางสกุลในครอบครัว Penaeidae ที่พบทางภาคตะวันออกของประเทศไทยและที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank โดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA และ COI บนไมโทคอนเดรีย และสร้างแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree) ด้วย 3 วิธี คือ Maximum Parsimony (MP) Neighbor-Joining (NJ) และ Maximum Likelihood (ML) สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ที่ใช้มีความหลากหลายนิวคลีโอไทด์สูงกว่ายีน 16S rRNA (ค่าความหลากหลายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI = 0.115 และ 0.159 ตามลำดับ) สายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ยังสามารถบ่งชี้ความแตกต่างระหว่างชนิดกุ้งที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมได้ดีกว่าสายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA (ระยะห่างทางพันธุกรรม GTR ระหว่าง *Metapenaeus tenuipes* และ *M. brevicornis* = 0.018 และ 0.122 เมื่อคำนวณจากข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI ตามลำดับ)

Phylogenetic Tree ส่วนใหญ่แสดงการจัดหมวดหมู่ในระดับสกุลในทิศทางเดียวกัน แต่มีรายละเอียดของความสัมพันธ์ภายในสกุลที่แตกต่างกันขึ้นอยู่กับสายนิวคลีโอไทด์และวิธีการสร้างแผนภูมิ การจัดกลุ่มในระดับสกุลมักแบ่งเป็น 2 กลุ่มใหญ่ๆ คือ (1) สกุล *Metapenaeus* + *Parapenaeopsis* + *Trachypenaeus* และ (2) สกุล *Fenneropenaeus* + *Penaeus* + *Litopenaeus* + *Masupenaeus* + *Melicertus*

การจัดหมวดหมู่ภายในสกุล *Metapenaeus*, *Fenneropenaeus* และ *Litopenaeus* สนับสนุนการจัดหมวดหมู่โดยใช้ฐานวิวัฒนาการ แต่การจัดหมวดหมู่ภายในสกุล *Marsupenaeus*, *Melicertus*, *Trachypenaeus* และ *Parapenaeopsis* ประกอบด้วยกุ้งมากกว่าหนึ่งสกุล ส่วนการจัดกลุ่มภายในสกุล *Metapenaeus* แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ใกล้ชิดกันภายในสกุล โดย

M. brevicornis (ค่า Bootstrap = 66-99%) มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับ *M. tenuipes* (ทุกการวิเคราะห์) และ *M. ensis* มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับ *M. affinis* (ยื่น COI) ส่วน *M. moyebi* มีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากทั้ง *Metapenaeus* ชนิดอื่น ๆ มากที่สุด ข้อมูลที่ได้เป็นพื้นฐานสำคัญสำหรับการศึกษาทางชีววิทยา และนิเวศวิทยาของกุ้งทะเลสกุล *Metapenaeus*

45911789: MAJOR: AQUATIC SCIENCE; M.Sc. (AQUATIC SCIENCE)

KEYWORDS: PENAEIDAE/ *Metapenaeus* / PHYLOGENETIC/ SEQUENCE

WANISA KANTAMANE: PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS AMONG
SELECTED *METAPENAEUS* SHRIMP FOUND IN EASTERN THAILAND BASED ON
MITOCHONDRIAL COI AND 16S rRNA GENES. THESIS ADVISORS: WANSUK
SENANAN, Ph.D., NONGNUD TANGKROCK-OLAN, Ph.D., SUDARAT SUANJIT, Ph.D.
89 P. 2007.

The phylogenetic relationships among selected *Metapenaeus* shrimp species and some
genuses of the family Penaeidae from the east coast of Thailand and from the GenBank database
were examined using partial sequences of mitochondrial 16S rRNA (429 bp) and COI (741 bp)
genes and three phylogenetic tree building methods, Maximum Parsimony (MP), Neighbor-
Joining (NJ) and Maximum Likelihood (ML). The COI gene used in this study revealed higher
levels of polymorphism than 16S rRNA gene (nucleotide diversity = 0.115 and 0.159 for 16S
rRNA and COI genes respectively). Also, the COI gene had higher resolution to differentiate
closely-related species (GTR genetic distance values between *Metapenaeus tenuipes* and
M. brevicornis = 0.018 and 0.122 for values calculated from COI and 16S rRNA genes,
respectively). At a genus level, most phylogenetic trees suggested two clades, (1) *Metapenaeus* +
Parapenaeopsis + *Trachypenaeus* and (2) *Fenneropenaeus* + *Litopenaeus* + *Penaeus*
Marsupenaeus + *Melicertus*. All analyses for both genes did not agree on phylogenetic
relationship within some genera.

Molecular data supported the clustering of species within some genera, namely
Metapenaeus, *Fenneropenaeus* and *Litopenaeus* but did not support those of genera
Marsupenaeus, *Melicertus*, *Trachypenaeus* and *Parapenaeopsis*. Within genus *Metapenaeus*
(bootstrap values = 66-99%), most closely related species included (1) *M. brevicornis* and
M. tenuipes (all topologies) and (2) *M. ensis* and *M. affinis* (COI gene). *Metapenaeus moyebi*
was most distantly related to other *Metapenaeus* species. The results provided fundamental
knowledge for investigation of biology and ecology of *Metapenaeus* spp.

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	จ
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ซ
สารบัญ.....	ซ
สารบัญตาราง.....	ณ
สารบัญภาพ.....	ฐ
บทที่	
1 บทนำ.....	1
ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	2
สมมติฐานของการวิจัย.....	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย.....	3
ขอบเขตของการวิจัย.....	3
2 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
การแพร่กระจายและความหลากหลายกึ่งในครอบครัว Penacidac.....	5
การจัดหมวดหมู่ จำแนกชนิดและลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ.....	7
การจัดหมวดหมู่ จำแนกชนิดโดยใช้ลักษณะสัณฐาน.....	8
การจัดหมวดหมู่ จำแนกชนิดและลำดับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ โดย	
เครื่องหมายพันธุกรรม.....	22
เครื่องหมายพันธุกรรมระดับโปรตีน (Protein Marker).....	22
เครื่องหมายพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอ (DNA Marker).....	23
ข้อมูลที่ใช้ในการประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ.....	28
ส่วนประกอบของแผนภูมิต้นไม้ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree).....	28
แผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree).....	28
วิธีการสร้าง Phylogenetic Tree	29
เทคนิคทางพันธุศาสตร์โมเลกุลอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้อง.....	31
ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส (Polymerase Chain Reaction-PCR).....	31

สารบัญ (ต่อ)

บทที่	หน้า
อิเล็กโทรโฟเรซิส (Electrophoresis).....	32
การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บนสายดีเอ็นเอ (DNA Sequencing).....	34
3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	36
การรวบรวมตัวอย่างกุ้งทะเลจากแหล่งน้ำธรรมชาติ.....	36
การรวบรวมตัวอย่างลำดับนิวคลีโอไทด์จากฐานข้อมูล GenBank.....	36
การศึกษาในห้องปฏิบัติการ.....	42
สกัดดีเอ็นเอ.....	42
วัดปริมาณดีเอ็นเอที่สกัดจากจีโนม (Genomic DNA).....	43
เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่ (Polymerase Chain Reaction, PCR).....	43
ตรวจสอบขนาด ปริมาณ และทำความสะอาดชิ้นดีเอ็นเอที่ได้จาก PCR.....	44
การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ.....	45
การจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ (Alignment of DNA Sequences).....	45
วิเคราะห์ระดับความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์.....	45
ประเมินแบบจำลองการแทนที่นิวคลีโอไทด์.....	46
การคำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่ตัวอย่าง (Pairwise Genetic Distance).....	48
สร้างแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree).....	48
4 ผลการวิจัย.....	50
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI ตัวอย่างกุ้งในกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก.....	50
ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่ตัวอย่างกุ้งในกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก.....	54
แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae.....	59
ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิด ที่พบทางภาคตะวันออก.....	59
ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA กุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบบริเวณภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank.....	63

สารบัญ (ต่อ)

บทที่	หน้า
ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI กุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิด ที่พบทางบริเวณภาคตะวันออก.....	67
ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI กุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิด ที่พบทางบริเวณภาคตะวันออก และฐานข้อมูล Genbank.....	67
5 อภิปราย และสรุปผล	73
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์.....	73
ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างคู่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA และ COI.....	74
การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการและอนุกรมวิธานระดับสกุล.....	74
ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการภายในสกุล <i>Metapenaeus</i>	76
สรุปผลการวิจัย.....	78
ข้อเสนอแนะ.....	79
บรรณานุกรม.....	80
ภาคผนวก.....	84
ประวัติย่อของผู้วิจัย.....	89

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2-1 สกูล จำนวนชนิดที่พบและบริเวณการแพร่กระจายของกิ้งกอบครัว Penacidae	5
2-2 การกระจายชนิดกิ้งในสกุล <i>Metapenaeus</i> บริเวณภาคตะวันออก.....	7
2-3 ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกกิ้งชนิดต่าง ๆ	15
2-4 ช่วงการแยกขนาดโมเลกุลของดีเอ็นเอโดยการใช้อะกาโรสเจลที่ปริมาณอะกาโรสต่าง ๆ.....	33
3-1 ชนิดกิ้งทะเล จำนวนตัวอย่าง และ แหล่งรวบรวมตัวอย่างที่ใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ.....	37
3-2 ความเข้มข้นสารละลายที่ใช้ใน 1 ปฏิกริยา PCR โดยมีปริมาณสุทธิ 10 μ l.....	43
3-3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ สำหรับเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอของยีน 16S rRNA และ COI บนไมโทคอนเดรีย และสภาวะที่เหมาะสมของ PCR.....	44
3-4 แบบจำลองและดัชนีของแบบจำลองการแทนที่นิวคลีโอไทด์ที่เหมาะสมกับข้อมูลด้วยโปรแกรม MODELTEST 3.06 (Posada and Crandall, 1998) สำหรับการสร้างแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการโดยวิธี ML และ NJ.....	47
4-1 ดัชนีความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA และ COI ในตัวอย่างกิ้งกลุ่ม Penacidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล Genbank.....	51
4-2 จำนวนรูปแบบ (Haplotype) ของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA และ COI ตามชนิดกิ้งกอบครัว Penacidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล Genbank.....	52
4-3 ระยะห่างทางพันธุกรรม (GTR Genetic Distance) ของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA กิ้งทะเลกลุ่ม Penacidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออกของประเทศไทย.....	55
4-4 ระยะห่างทางพันธุกรรม (GTR Genetic Distance) ของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI กิ้งทะเลกลุ่ม Penacidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออกของประเทศไทย.....	56

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
4-5 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระดับสกุลของกุ้งในครอบครัว Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก โดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ยีน 16S rRNA ด้วยวิธี Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML) และ Neighbor-Joining (NJ).....	71
4-6 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระดับสกุลของกุ้งในครอบครัว Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ยีน 16S rRNA ด้วยวิธี Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML) และ Neighbor-Joining (NJ).....	71
4-7 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระดับสกุลของกุ้งในครอบครัว Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก โดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ยีน COI ด้วยวิธี Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML) และ Neighbor-Joining (NJ).....	72
4-8 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระดับสกุลของกุ้งในครอบครัว Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ยีน COI ด้วยวิธี Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML) และ Neighbor-Joining (NJ).....	72

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2-1 แผนภูมิแสดงการจัดกลุ่มระดับสกุลของกุ้งรอบครีว Penaeidae โดยใช้สัณฐานบางลักษณะ.....	9
2-2 แผนภูมิแสดงการจัดกลุ่มภายในกุ้งสกุล <i>Metapenaeus</i> โดยใช้สัณฐานบางลักษณะ....	10
2-3 ก. <i>Fenneropenaus merguiensis</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	19
2-4 ก. <i>Litopenaeus vannamei</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	19
2-5 ก. <i>Penaeus monodon</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	19
2-6 ก. <i>Parapenaeopsis hungerfordi</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	20
2-7 ก. <i>Metapenaeus brevicornis</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	20
2-8 ก. <i>Metapenaeus tenuipes</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	20
2-9 ก. <i>Metapenaeus ensis</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	21
2-10 ก. <i>Metapenaeus affinis</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	21
2-11 ก. <i>Metapenaeus moyebi</i> ข. พีแทสมา ค. ที่ไลกัม.....	21
2-12 ส่วนประกอบของแผนภูมิต้นไม้.....	28
2-13 ก. แผนภูมิต้นไม้ทางวิวัฒนาการแบบ Rooted Tree ข. แบบ Unrooted Tree.....	29
2-14 การสร้างแผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการจากข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์.....	31
2-15 ก. ขั้นตอนปฏิกิริยา PCR 1 รอบ ข. การสังเคราะห์เพิ่มจำนวนดีเอ็นเอแบบทวีคูณ...	32
2-16 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์บนสายดีเอ็นเอโดยใช้ Dye Labeled Terminators ด้วยวิธี Capillary Electrophoresis (IDT, 2005).....	35
4-1 Phylogenetic Tree ของยีน 16S rRNA กุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก โดยใช้วิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Parsimony (MP) หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเป็นเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	60

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4-2 Phylogenetic Tree ของยีน 16S rRNA ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก โดยใช้วิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Likelihood (ML) หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 100 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	61
4-3 Phylogenetic Tree ของยีน 16S rRNA ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก โดยใช้วิธีการสร้างแผนภูมิ Neighbor-Joining (NJ) โดยใช้ GTR Genetic Distance หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	62
4-4 Phylogenetic Tree ยีน 16S rRNA กุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออกและฐานข้อมูล GenBank โดยวิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Parsimony (MP) หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเป็นเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้งและเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	64
4-5 Phylogenetic Tree ของยีน 16S rRNA ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยวิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Likelihood (ML) หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่มแสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 100 ครั้งและเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	65
4-6 Phylogenetic Tree ของยีน 16S rRNA ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยวิธีการสร้างแผนภูมิ Neighbor-Joining (NJ) โดยใช้ HKY Genetic Distance หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule.....	66

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4-7 Phylogenetic Tree ของยีน COI ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยวิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Parsimony (MP) Maximum Likelihood (ML) และ Neighbor-Joining (NJ) โดยใช้ GTR Genetic Distance หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จาก แผนภูมิที่สร้าง จากการ สุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule	68
4-8 Phylogenetic Tree ของยีน COI ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยวิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Parsimony (MP) และ Neighbor-Joining (NJ) โดย ใช้ GTR Genetic Distance หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการ สุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 1,000 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule	69
4-9 Phylogenetic tree ของยีน COI ของกุ้งทะเลกลุ่ม Penaeidae บางชนิดที่พบทางภาคตะวันออก และฐานข้อมูล GenBank โดยใช้วิธีการสร้างแผนภูมิ Maximum Likelihood (ML) หมายเลขประจำแต่ละปมของการจัดกลุ่ม แสดงเปอร์เซ็นต์ของแผนภูมิที่สนับสนุนการจัดกลุ่มนั้น ๆ จากแผนภูมิที่สร้างจากการสุ่มซ้ำด้วยวิธี Bootstrap 100 ครั้ง และเลือก Consensus Tree แบบ Majority Rule	70
5-1 การจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA ของกุ้งสกุล <i>Metapenaeus</i>	77