

บทคัดย่อ

แม้ว่าการจัดจำแนกโดยใช้ลักษณะภายนอก (morphology) ยังมีความจำเป็นในการแยกชนิดสิ่งมีชีวิต และเป็นวิธีมาตรฐานที่นักอนุกรมวิธานใช้ทั่วโลก แต่เครื่องมือดังกล่าวก็มีข้อจำกัดในบางกรณี เนื่องจากบางลักษณะที่ใช้แยกจันัส หรือสปีชีส์อาจไม่ได้สะท้อนถึงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ หรือมีความคาบเกี่ยวของลักษณะในกลุ่มอนุกรมวิธานที่ต่างกัน การศึกษานี้จึงได้ศึกษาความหลากหลายของปู และกุ้งน้ำเค็ม 4 กลุ่มชนิด คือกลุ่มปูใบ *Leptodius exaratus*, ปูม้าหิน *Thalamita* spp., ปูลม *Ocypode ceratophthalmus* และกุ้งตืดชันสกุล *Alpheus* ที่พบบริเวณหมู่เกาะแสมสารโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน COI และ 16S rRNA บนไมโทคอนเดรีย และ Histone H3 บนนิวเคลียส ซึ่งในปีที่ 3 ของการวิจัย เน้นการวิเคราะห์ชนิดพันธุ์ที่มีคำถามทางอนุกรมวิธานที่ชัดเจน

ขนาดสายนิวคลีโอไทด์ของยีน COI ที่ใช้วิเคราะห์ (หลังจากการจัดเรียงนิวคลีโอไทด์) ในการศึกษาครั้งนี้ มีความยาวทั้งสิ้น 623 (ปูลม) - 686 (ปูใบ) คู่เบส และสายนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA มีความยาวทั้งสิ้น 516 (กุ้งตืดชัน) - 542 (ปูม้าหิน) คู่เบส ในขณะที่ยีน Histone H3 ที่วิเคราะห์มีความยาว 297 (ปูลม) - 349 (ปูใบ) ในตัวอย่างกุ้งปูทุกชนิด ยีน COI มีระดับความแปรปรวนมากที่สุด และยีน Histone H3 มีความแปรปรวนต่ำสุด

จากผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งสามตำแหน่ง กลุ่มตัวอย่างที่รวบรวมจากหมู่เกาะแสมสารที่ประกอบไปด้วยสัตว์สปีชีส์เดียว ได้แก่กลุ่มปูใบที่มีสีและลายบนลำตัวแตกต่างกัน ปูลมที่มีลักษณะตาไม่เหมือนกัน และ *Thalamita pryma/danae* ในกรณีปูม้าหิน *Thalamita* ที่รวบรวมจากหมู่เกาะแสมสารน่าจะเป็นชนิด *T. danae* อย่างไรก็ตาม เพื่อยืนยันข้อสังเกตนี้ จึงควรมีการเพิ่มตัวอย่างกลุ่มตัวอย่างที่คาดว่าจะจะเป็นปูทั้งสองชนิดนี้จากแหล่งอื่นๆในประเทศไทยด้วย ข้อมูลที่ได้เป็นพื้นฐานสำหรับการศึกษาทางชีววิทยา และนิเวศวิทยาของปูม้าหินสกุล *Thalamita* ต่อไป

การศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน 16S rRNA ของกุ้งตืดชันสกุล *Alpheus* จำนวน 3 สปีชีส์ ที่เก็บได้จากบริเวณชายฝั่งทะเลและทำเทียบเรือประมงในบางพื้นที่ของจังหวัดชลบุรีซึ่งพบว่ายีน 16S rRNA ขนาดประมาณ 493 คู่เบส สามารถจัดตัวอย่างชนิดเดียวกันอยู่ในกลุ่มเดียวกันได้ชัดเจน (Bootstarp = 99-100%) โดยเมื่อพิจารณาจากค่าระยะห่างทางพันธุกรรมแล้ว *Alpheus* sp. น่าจะเป็นชนิดที่แตกต่างจาก *A. rapacida* และ *A. serenie* (ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.03 และ 0.18-0.19 ตามลำดับ) นอกจากนี้แผนภูมิทางวิวัฒนาการยังแสดงว่า *A. rapacida*, *Alpheus* sp., และ *A. distinguendus*, มีความใกล้ชิดกันทางวิวัฒนาการ ในขณะที่ *A. serenie*, *Alpheus* aff. *Euphrosyne*, *A. microrhynchus* แบ่งกลุ่มออกอีกกลุ่มหนึ่งอย่างชัดเจน ข้อมูลที่ได้เป็นพื้นฐานสำหรับการศึกษาทางชีววิทยา และนิเวศวิทยาของกุ้งตืดชันสกุล *Alpheus* ต่อไป

Abstract

Although morphological characters are essential for taxonomic classification, the variation in some characters may not reflect evolutionary relationships among taxa due to convergent evolution. Also, morphological species identification may be challenging when diagnostic characters are highly variable. Molecular information can be very informative especially when using in a combination with morphological examination. This study, therefore, utilized nucleotide sequence analyses to resolve some taxonomic uncertainties for crustaceans found on a marine protected area, the Samae-sarn Islands, Chon Buri province. We focused on four taxonomic groups: (1) *Leptodius exaratus* (individuals with variation on body color and pattern), (2) swimming crab species (*Thamita danae* and *T. prymna* with only few obscure diagnostic characters), (3) Ghost crab (*Ocypode ceratophthalmus*), and (4) snapping shrimp (*Alpheus* spp.) We analyzed partial sequences of mitochondrial Cytochrome Oxidase subunit I (COI) and 16S rRNA genes and a nuclear Histone H3 gene.

DNA fragment sizes ranged from 623 – 686 bp for COI, 493-542 bp for 16S rRNA and 297-349 bp for Histone H3 gene. COI and 16S rRNA sequences were more informative than those of Histone H3 gene. Histone H3 sequences were least variable.

Taxonomic groups consisting of only one species included *Leptodius exaratus* (despite the different color patterns), ghost crab (*Ocypode ceratophthalmus*) swimming crab (*Thalamita prymna/danae*). For the *Thalamita* spp., the Samae-sarn samples are likely *T. danae*. However, this observation needs to be confirmed with cross-examination of specimens from other areas of Thailand and from other parts of the world.

Based on partial sequences of 16S rRNA genes (493 bp), the three *Alpheus* snapping shrimp morphospecies from coastal areas of Chon Buri province were genetically distinct. *Alpheus* spp. belonged to a monophyletic group and the phylogenetic analysis assigned species according to their morphological identification (bootstrap value = 99-100%). Genetic distances and phylogenetic trees suggested genetic differentiation between *Alpheus* sp. and two other species, *A. rapacida* and *A. serenie* (Genetic distances = 0.03 and 0.18-0.19 respectively). In addition, phylogenetic analyses suggested at least two clusters consisting of (1) *A. rapacida*, *Alpheus* sp., and *A. distinguendus* and (2) *A. serenie*, *Alpheus* aff. *Euphrosyne* and *A. microrhynchus*. Insights gained from this study can further facilitate the ecological studies of snapping shrimp in Thailand and South East Asian region.