

ตารางที่ 14 (ต่อ)

	2222222222	2222222333	3333333333	3333333333	3344444444	4444444444	4444555555	5555555555
	4445566677	7888999000	0111233334	4555667889	9900011222	2333456667	8889000112	2333444555
	3692514703	9235147036	9258403692	8157012183	6925817036	9258702584	0365147392	6147036256
BB01_Cytb	GTGTCAAATC	CTCCCTCTGC	TTCTCTCTCA	TAGACTTATT	CTCGAAAACG	TTCTCCCGTT	CCCTTATTCC	TTATCTCTTC
BB02_Cytb	G....				A.....	A.....		
BB03_Cytb	G....				A.....	A.....		C.
BB05_Cytb							A.....	
BB14_Cytb	G....							
BB20_Cytb	G....			A.....	A.....	A.....		
RB65_Cytb	G....				A.....	A.....		C.
RB68_Cytb								
RB69_Cytb								
RB71_Cytb	G....				A.....	A.....		
RB80_Cytb	G....							
RB83_Cytb	G....				A.....	A.....		
SB05_Cytb								
SB08_Cytb	G....				A.....	A.....		
SB11_Cytb	G....							
SB12_Cytb								
SB14_Cytb	G....					T.....		
TB35_Cytb								
TB40_Cytb	G....							
TB43_Cytb								
TB44_Cytb	G....							
TB47_Cytb	G....							A
TB49_Cytb	G....	T.....			A.....	C.....		
RG06_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG07_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	GAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG10_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG15_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG16_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG17_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG20_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG21_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG22_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG23_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG24_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.T.AA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG25_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG33_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..C.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG34_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.T.AA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG37_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RG38_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RW07_Cytb	AAA.TG.T..	...TT.TCAA	.CTT.T..T.	A.....	T..A....TA	AAT.T..AC.	.TACG.CCTT	...CTC.C..
RV01_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV02_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV11_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV12_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV13_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV02_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV03_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TGAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV04_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV05_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV06_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV27_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV28_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV29_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TGAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RV31_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV09_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
TV13_Cytb	AAACTG.T.T	.C..T.TAAT	..TT.TTCT.	A..T.C....	T.TC....TA	A.T..ATT.G	.TT....TT	C...T.T.C.
RW03_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
RW04_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
RW08_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
RW09_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW02_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW03_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW04_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW05_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW06_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
SW08_Cytb	CAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAT....	.C...T.C.
TW22_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
TW34_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	...A.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG...A.A	TT.CAC....	.C...T.C.
TW38_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
TW44_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
TW53_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
RW14_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
RW18_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
TW54_Cytb	TAA.TGCT.T	T..TT.TCAT	.TA.T..T.	A...T.C.CC	T..AG...A	.TG....A	TT.CAC....	.C...T.C.
PP01_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CA.C..T...
PP02_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP03_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP04_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CA.C..T...
PP05_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP06_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP07_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CA.C..T...
PP08_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP09_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...
PP10_Cytb	T.....TTCT	.A.TC.GT.	CC..CT....	AG.TT.AG..	.GTA.TGTTA	A.A..TTT.G	TA.....T	CAGC..T...

ตารางที่ 14 (ต่อ)

	5555555555	6666666666	6666666666	6666666666	6677777777	7777777777	7777777777	7777888888
	5667788999	0000011222	2233334444	5556667789	9900111122	2222344445	5555667788	8899000112
	8171358147	0136923014	7803692568	1370362570	6958457803	4679214780	1369281403	6728147032
BB01_Cytb	CCTGCTTTCT	CCCTGGGACC	CCGCTACACT	CACCTTCCTT	GTTATACTAG	ACTACCTCC	TAACCTTTTT	TTATTTTGCC
BB02_Cytb		.T.....					.G.....	
BB03_Cytb		.T..C....					.G.....	
BB05_Cytb								
BB14_Cytb		.T.....					.G.....	
BB20_Cytb		.T.....					.G.....	
RB65_Cytb		.T..C....					.G.....	
RB68_Cytb								
RB69_Cytb								
RB71_Cytb		.T.....					.G.....	
RB80_Cytb		.T.....					.G.....	
RB83_Cytb		.T.....					.G.....	
SB05_Cytb				C				
SB08_Cytb		.T.....					.G.....	
SB11_Cytb		.T.....					.G.....	
SB12_Cytb		.T.....					.G.....	.G.....
SB14_Cytb		.T.....					.G.....	
TB35_Cytb								
TB40_Cytb		.T.....					.G.....	
TB43_Cytb		.T.....					.G.....	
TB44_Cytb		.T.....					.G.....	T
TB47_Cytb		.T.....		T.....			.G.....	
TB49_Cytb		.T.....					.G.....	
RG06_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG07_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG10_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG15_Cytb	TT..A...C	TTG.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG16_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG17_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG20_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG21_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG22_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	.C..AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG23_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG24_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG25_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG33_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG34_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	TGA.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG37_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RG38_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...GT.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RW07_Cytb	TT..A..C.C	TTA.A...T.	..TC.A.TA	T.A.C.T...	...AC..GA	.T..T.ACTA	...T.C...	A.TCG...AT
RV01_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV02_Cytb	TT.TA.CC..	T.TAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV11_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV12_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV13_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV02_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV03_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAAC.T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...CAA.
TV04_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV05_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV06_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV27_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV28_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RV29_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...CAA.
RV31_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV09_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
TV13_Cytb	TT.TA.CC..	T.TCAA..T.	.TAT..A..A	T.TT..T.C.	A...ACTC.A	.T.GT.T..T	...T.CC..	A.C...AA.
RW03_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
RW04_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
RW08_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
RW09_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW02_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW03_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW04_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW05_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW06_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
SW08_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	..TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW22_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW34_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..AGTA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW38_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW44_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW53_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
RW14_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
RW18_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
TW54_Cytb	T.C.A.C.T.	..A.AC..T.	T.AT..A.TA	T.TT..TC..	A...ACTC.A	.T..TTAC.A	.T.T...C.	ACT.C..AAT
PP01_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP02_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP03_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP04_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T.TCC.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP05_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP06_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP07_Cytb	TT.TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP08_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACGGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP09_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT
PP10_Cytb	TT..TC..TC	TTAC.T...T	.T.A.TAGTA	T...C.C..	ACAGAC.CTA	.C...G.TA	CGGTTC.C.C	.T...C.AGT

ตารางที่ 14 (ต่อ)

							1	1111111111	1111111111
	8888888888	8888888888	8888899999	9999999999	9999999999	9999999999	0000000000	0000000000	0000000000
	2333444455	5666777788	8899900112	2222333344	4455566667	7888889990	0001222234	4455556666	
	5147036925	8145703923	5814706351	4789036925	6814701360	8235780670	5681036921	7803690235	
BB01_Cytb	CTTCATTGAT	TTACTGGTCT	GCAAAATTAC	CCGCTATTAT	CTACCTCATA	TGTCAGCCTG	TCCTTCATCT	TCTAAGGCTA	
BB02_Cytb		.C...A....	.T.....	..CGCTATTAT	..CTACCTCATA	..TGTCAGCCTG	..TCCTTCATCT	..TCTAAGGCTA	
BB03_Cytb		.C...A....	.T.....					A....	
BB05_Cytb								G....	
BB14_Cytb									
BB20_Cytb	..T.....	.C...A....	.T.....T						
RB65_Cytb		.C...A....	.T.....			C.....		A....	
RB68_Cytb									
RB69_Cytb									
RB71_Cytb		.C...A....	.T.....						
RB80_Cytb									
RB83_Cytb		.C...A....	.T.....						
SB05_Cytb	A....								
SB08_Cytb		.C...A....	.T.....					A....	
SB11_Cytb									
SB12_Cytb					T..				
SB14_Cytb									
TB35_Cytb	A....					A....			
TB40_Cytb						A....			
TB43_Cytb		C....							
TB44_Cytb				T..			C....		
TB47_Cytb									
TB49_Cytb							G....		
RG06_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG07_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG10_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG15_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG16_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG17_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG20_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG21_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG22_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG23_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG24_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG25_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG33_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG34_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG37_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RG38_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RW07_Cytb	T...T.CC.C	A...A..T.	.TTT..C...	TT.T...CTA	TA.TTA..C.	...T..TG.A	.A.ATG.AC	.G..TAAT..	
RV01_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV02_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV11_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV12_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV13_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV02_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV03_Cytb	..CTT.CA..	A...AA.TC	ATT.....T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV04_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV05_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV06_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV27_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV28_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV29_Cytb	..CTT.CA..	A...AA.TC	ATT.....T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RV31_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV09_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
TV13_Cytb	..CTT.C...	A...AA.TC	ATT..G...T	TTA.....A	TG...CT...	...T..TA.A	.T.AT...G	AA...AA...	
RW03_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
RW04_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
RW08_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
RW09_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW02_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW03_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW04_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW05_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW06_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
SW08_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW22_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW34_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW38_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW44_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW53_Cytb	T...T.CAA.C	A...AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
RW14_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
RW18_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
TW54_Cytb	T...T.CAA.C	A.G..AAC.C	ATTG...C.T	.TA....C..	.A.TT.T...	...T..TACA	.T.AT...A	.A..TAAT..	
PP01_Cytb	TC.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC...ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP02_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP03_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP04_Cytb	TC...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC...ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP05_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP06_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP07_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP08_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP09_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	
PP10_Cytb	.C.T...CATC	..GTAAA..C	T.CTTC.CTT	T.A.ATC..A	TAT...CTG.T	CAC.C.ATC	CTAAAA.AA	ATATT.ATCT	

ตารางที่ 14 (ต่อ)

	1111111111	1111111111	1111
	0000000000	0000011111	1111
	6677778888	8899900000	1112
	8912470123	4625812457	0469
BB01_Cytb	TGCACTCTCC	CCTCTGCCCA	CAAC
BB02_Cytb	..T.....		
BB03_Cytb	..T.....		
BB05_Cytb			
BB14_Cytb			
BB20_Cytb	..T.....		
RB65_Cytb	..T.....		
RB68_Cytb			
RB69_Cytb			
RB71_Cytb	.AT.....		
RB80_Cytb			
RB83_Cytb	..T.....	..T.....	
SB05_Cytb			
SB08_Cytb	..T.....		
SB11_Cytb			
SB12_Cytb		..A.....	
SB14_Cytb			
TB35_Cytb			
TB40_Cytb			
TB43_Cytb			
TB44_Cytb			
TB47_Cytb			
TB49_Cytb			
RG06_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG07_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG10_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG15_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG16_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG17_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG20_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG21_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG22_Cytb	..T...T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG23_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG24_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG25_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG33_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG34_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG37_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RG38_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RW07_Cytb	T... .	.T.T.A.AT.	T..T
RV01_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV02_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV11_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV12_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV13_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV02_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV03_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV04_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV05_Cytb	.ATTTCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV06_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV27_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV28_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV29_Cytb	.AA.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RV31_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV09_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
TV13_Cytb	.AT.TCT..T	.A.TCTTA..	T.TT
RW03_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
RW04_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
RW08_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
RW09_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW02_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW03_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW04_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW05_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW06_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
SW08_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW22_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW34_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW38_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW44_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW53_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
RW14_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
RW18_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
TW54_Cytb	.AT.T.T...T	.A.T.ATAT.	T.CT
PP01_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP02_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP03_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP04_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP05_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP06_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP07_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP08_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP09_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..
PP10_Cytb	A.T.A...CTA	TACTCT.T.T	TG..

ตารางที่ 15 แสดงค่าเฉลี่ยของ nucleotide divergence ของยีน *Cytb* เมื่อเปรียบเทียบภายในและระหว่างปูกลุ่มต่างๆ

	Black	Green	Violet	White	Pelagicus
Black	0.0080 (46)	166.749	165.342	165.225	205.217
Green	0.1469	0.00123 (11)	130.544	142.575	224.818
Violet	0.1457	0.1150	0.0023 (14)	124.688	201.575
White	0.1456	0.1256	0.1099	0.00154 (14)	213.072
Pelagicus	0.1808	0.1981	0.1776	0.1877	0.0055 (23)

เส้นทแยงมุม = Nucleotide diversity, Pi [ภายในวงเล็บคือ Number of polymorphic (segregating) sites]

ใต้เส้นทแยงมุม = Average number of nuc. subs. per site between populations, Dxy

เหนือเส้นทแยงมุม = Average number of nucleotide differences between populations

4.4.2 ยีน *16S rRNA*

ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ในยีน *16S rRNA* ของปูทะเล 4 ชนิด ผลการวิเคราะห์ลำดับในปูขาว ปูเขียว ปูม่วง และปูม้า มีคุณภาพน่าเชื่อถือมาก แต่ของปูทะเลมีคุณภาพต่ำในบางชิ้นส่วนของ *16S rRNA* แต่ยังไม่อาจแก้ปัญหาได้ (ให้ดูในหมายเหตุหน้าถัดไป) ในขณะนี้ แต่เมื่อนำยีน *16S rRNA* ของปูดำ ปูขาว ปูเขียว ปูม่วง และปูม้า มีความยาว 1,446 นิวคลีโอไทด์ซึ่งมี 901 variable sites และ parsimony informative site 632 ตำแหน่ง(ตารางที่ 18) และมีองค์ประกอบเบส (base composition) (ตารางที่ 16) ที่มี composition bias ต่อ C กล่าวคือ ปูดำมี C = 9.20% ปูเขียว C = 8.22% ปูขาว = 7.97% ปูม่วง = 8.35 และปูม้ามี C = 11.11% ซึ่งโดยเฉลี่ยจะมี A+T content (75.31%) มากกว่า G+C content (24.49%) ลักษณะ composition bias ของยีน *16S rRNA* เหมือนกับกรณีที่พบในกุ้ง Western Atlantic shrimp (Maggioni *et al.*, 2001) และปูน้ำจืดแอฟริกา (*Potamonantes spp.*) (Daniels *et al.*, 2002)

ตารางที่ 16 แสดง base composition ของยีน *16S rRNA* ของปู 5 กลุ่ม

	Base composition				Nucleotide bias	
	A	C	G	T	χ^2 ; df = 3	P
Black	38.01	9.20	17.44	35.36	23.33	P < 0.001
Green	41.61	8.22	15.09	35.08	30.29	P < 0.001
Violet	40.47	8.39	15.47	35.67	28.79	P < 0.001
White	40.76	7.97	14.92	36.36	30.77	P < 0.001
<i>P. pelagicus</i>	37.58	11.11	15.69	35.62	22.03	P < 0.001

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งหมดของ *16S rRNA* ของปูทะเล 74 ตัว และปูม้าอีก 10 ตัวไปวิเคราะห์ nucleotide divergence ด้วยโปรแกรม DnaSP V4.10 (Rozas *et al.*, 2003) ผล nucleotide divergence แสดงไว้ในตารางที่ 17 ผลของ average nucleotide divergence ภายในชนิดของปูทะเลมีตั้งแต่ 0.002 ถึง 0.89 ซึ่งมีค่าสูงอยู่ที่ปูดำ ซึ่งสูงกว่าของปูขาว ปูเขียว และปูม่วง เหตุอาจเป็นเพราะคุณภาพของข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ (nucleotide sequence) ที่ต่ำกว่าของปูอื่นๆ แต่เมื่อพิจารณาค่า nucleotide ระหว่างชนิดซึ่งมีค่ามากกว่าภายในชนิดประมาณ 9-10 เท่า ซึ่งพอจะประเมินได้ว่า ปูแต่ละชนิด คือ ปูดำ, ปูขาว, ปูเขียว และปูม่วง เมื่อเปรียบเทียบกับปูม้า ซึ่งเป็น outgroup จึงพอสรุปได้ว่า ปูทั้ง 4 นี้มีสถานะเป็น reproductively isolated species เหมือนกรณีของยีน *Cytb*

ตารางที่ 17 แสดง nucleotide divergence ของยีน *16S rRNA* ของปูตัวอย่าง 5 กลุ่ม

	Black	Green	Violet	White	Pelagicus
Black (N=23)	0.08975 (535)	230.913	214.440	218.437	311.765
Green (N=17)	0.18297	0.00204 (11)	128.136	134.448	267.182
Violet (N=16)	0.17392	0.09872	0.03992 (312)	88.323	268.381
White (N=18)	0.17350	0.10132	0.06773	0.01823 (63)	270.656
Pelagicus (N=10)	0.25062	0.20427	0.20789	0.20645	0.00246 (14)

เส้นทแยงมุม = Nucleotide diversity, Pi [ภายในวงเล็บคือ Number of polymorphic (segregating) sites]

ใต้เส้นทแยงมุม = Average number of nuc. subs. per site between populations, Dxy

เหนือเส้นทแยงมุม = Average number of nucleotide differences between populations

หมายเหตุ

กรณีข้อมูลคุณภาพต่ำ ผู้วิจัยได้พยายามแก้ไขด้วยการวิเคราะห์ซ้ำ แต่ก็พบกับปัญหาเช่นเดิมแต่คนละตำแหน่งที่เคยพบมาก่อน ซึ่งเกิดเป็น peak ซ้อนขึ้นมาประมาณตรงกลางของลำดับทั้งหมด ทั้ง ๆ ที่ peak ปกติมาตลอด สาเหตุไม่อาจสรุปให้ชัดเจนได้ แต่อาจเนื่องจากการใช้ PCR primer ที่ออกแบบเองเป็น sequencing primer อาจมีไพรเมอร์ที่อยู่ใน n-1 population กล่าวคือมีความยาวน้อยกว่าไพรเมอร์ปกติอยู่ 1 นิวคลีโอไทด์อยู่ทางปลาย 3' แต่ปลาย 5' เสมอกัน ผลคือจึงเกิด peak ซ้อนกัน ทางแก้จำเป็นต้องออกแบบไพรเมอร์ของแต่ละตัวอย่างใหม่ ซึ่งการแก้ปัญหาคงต้องเสียเวลาและเสียเงินมาก อาจไม่คุ้มกัน

ตารางที่ 18 แสดงตำแหน่ง polymorphic site ของยีน *Cytb*

111111111222222222333333333344444444455555566666666777777777888888888
12345890123456890123456789012345678901234567890157890134567890123456789012345678

```
BB01 -TTATGGGATTAATGCT--TGTTTTCAAAGAATTTTAGAAGA-GTTCCAATATTTAAAG-GGTTTGTGGT-AATTAATA--A
BB02 -G...T.G...T...A...-TA...A...C.C...-A.TTT..GG.GA.ACT.T.A...--AA.A..T...T...T...--G
BB03 -...T.G...T...T...-TA...AA.C...C...-TA...GGA.....T.....--A.A..A...-T.....--G
BB05 -...T.TA...TGGT...--A.....A.....AC...G..A.A...T..A.....-...A..T...-T...G...--G
BB14 -...T.G...T.GT...-TA...AA.C...C...-TA...GGA.....T.....--AA.A..T...-T.....--G
BB20 -...T.G...T.AT...-TG...CA.C...C...-TT..GG.....T.....--AA..G.A...-T.....--G
RB65 -G...T.G...T.GT...-TA...CA.....C...-TA...GAA...A.T...A.....-A...T...-T...T...--G
RB68 -G...T.G...T.ATG.CTA...AA...C...-A.TA...GAA.....T.....--A...TT..T...T..T...-G
RB69 -G..AT.G...T.ATG.TT...AA...C...-TA...GA.....T.....--...T...-T...T..T...-G
RB71 -...T.G...T.T...-TC...AA...C...-TA...GGA.....T.....--A...T...-T...T...--G
RB80 -...T.G...T.AT...-TA...AA.C.CC...-TT..GGA.....T.....--A...A...-T...T...--G
RB83 -...T.G...T.AT...-TA...AA.C.C...-TA...GGA.....T.....--CA.A..A...-...T...--G
SB05 -G...T...T...T...--A...A.....C.T....-A.T...TA.....-...T...T...T...--
SB08 -...T.G...T...T...-TA...AA...C...-A.TA...GAA...A.T.....--A.A..A...C...--G
SB11 -GG...T.G...T.G...-CA.A.AA...C..A-AATA...GAA.....T.....G...A...A...TT.GCGA--G
SB12 -...T.G...T.G.G.-TA.A.AA...C...-AATA...GAA...A.T.....--A...T..AT...C.AG--
SB14 -...T.G...T.T...-TA...AA...C...-TA...GGA.....T.....--A.A..T...-...T...--G
TB35 -G...T.G...T.T...-TA...AA...C...-A.TA...GAA.....T.....--A...T...-T...T...--G
TB40 -AG.GT.G...G...-CA.A.AA...C..A.AATA...GAA...A.T.....G.A..A...T...-GT.GTGC.ATG
TB43 -G...T.G...T.TG.-TA...AA.C.C...-A.TA...GGA.....T.....--A...T...-T...T...--G
TB44 -G...T.G...T.AT.C-TA...CA...C...-TA...GGA.....T.....--A...T...-T...T...--G
TB47 -...T.G...T.T...-TA...AA...C...-A.TA...GAA...A.T...A...-CA.A..T...C...--G
TB49 -G...T.G...T.T...-TA...AA...C...-A.TA...GAA...A.T...A...-A...T...-T...T...--G
RG06 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG07 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG10 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG15 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG16 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG17 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG20 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG21 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG22 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG23 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG24 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG25 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG33 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG34 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG37 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RG38 -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RW07g -AA..TA.A.T...T...-...AAT...ATT.AG.TTT.A.AA.GTA.TA..AT...A-TAAA..A...-...T...--
RV01 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV02 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV11 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV12 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV13 TA...TA.A.T...T...-...AGAT...AGT.AG.TT-TA.GT.ATA.TA..AT.G.A-AAA..A...-...T...--
RV27 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV28 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RV29 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...G.GT.AG.TT-.A.GT...TA.TA..AT...A-AAA..A...-...T...--
RV31 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV02 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV03 TA...TA.A.T...T...-...AGAT...AGT.AG.TT-TA.GT.ATA.TA..ATGG.A-AAA..A...-...T...--
TV04 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV05 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV06 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV09 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
TV13 GAA..TA.A.T...T...-...AAAT...GT.AA.TT-.A.GA.ATA.CA..AT...A-TAAG..A...-...T...--
RW03 -GA..TT.A.TT.T...-...AGTT...GT..A.CT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C.T-.T...T...-T
RW04 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
RW08 -GA..TT.A.TT.TG...-...AGTT...GT..A.TT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C.T-.T...T...-T
RW09 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA..AA.TA..A...T-TAAG.C...-...T...--
RW14 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
RW18 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
SW02 -GA..TT.AATT.TG...-...AGTT...GT..A.CT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C...-T...T...-T
SW03 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.T.TA.AAA.TA..A...T-TAAG.C...-...T...--
SW04 -GA..TT.A.TT.TG...-...AGTT...GT..A.CT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C...-T...T...-T
SW05 -GA..TT.A.TT.TG...-...AGTT...GT..A.CT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C...-T...T...-T
SW06 GAA..TA.A.TT.T...-...AGTT...GT..A.CT-TATAT..TA.T...T...ATTAGG.C.T-.T...T...-T
SW08 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
TW22 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
TW34 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...T-TAAG.C...-...T...--
TW38 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
TW44 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...AATAAG.CA..-...T...--
TW53 GAA..TA.A.T...T...-...AAT...GT.AA.CT-.ATAA.ATA.T...T...ATTAGC.C.TA-.T...TA...-T
TW54 GAA..TA.A.T...T...-...AGAT...GA.T..ACTT-.A.TA.AAA.TA..A...A-TAAG.CA..-...T...--
PP01 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TCAGAAA.C.A...-AG.T...-T
PP02 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-A..T...-T
PP03 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP04 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TCAAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP05 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP06 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP07 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP08 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP09 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
PP10 --A..AA.AAT..T..A-AT.A.CT...TGTA AAA.T.T.A.TC..TA.CA..AT.TTAAAAA.C.A...-AG.T...-T
```

[illegible]

[illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

BB01	AATGTATTAGTTTTTTGTAAACATAAATTATAA-TAAATATTA-ATGA-GACGAAA-GTTT-AT---AATACTGG-----
BB02	..A.....G.....-G..G...C...C.C...T-----
BB03	..A.....C.....T.....-G...G.C...C.C...T-----
BB05	..A.A.....G...C...T.T.TC.....-GTG.G...G...C...GA-----A.G.....
BB14	..T.A...T.....C.G...C-A.....-G-GA...G.C.C...C.C...-A-----T.TG-----
BB20	G.....GA.....C.....-G.C...T.....C.....
RB65	..A...C.....T.....-G...T.C.....T-----
RB68	..T.A.....A.....T...T.T...-GA...G.C...C...-T...T-----
RB69	..A.....C.....T...T.T...-G...G.C...C...-T-----
RB71	..A.....T.....-G...C...C...-T-----
RB80	-G...T.C.....T-----
RB83	G.GA.A...G.....-G...C...T.....C.....T-----
SB05	-G...T.C.....T-----
SB08	C..A.....G...TC.....C...-CG...-A...T-----
SB11	..AAAT.....A.....AG.G.C...T.....C...-T...T.C-----A-----
SB12	-T.....T.....T-----
SB14	C...G...G.C...C...-T-----
TB35	..A.....-C...C...-T-----
TB40	..T.TG.....G.CGGC.....-G.G...C...A...-T...-AC...GAAGAGTCG...TCTATTAG
TB43	C..A.....T.....C...-GA...G.C.C...C...-A-T...A.T-----
TB44	T.....-G...GT.C.....T-----
TB47	C..A.....T.....-C...-A.A.T-----
TB49	..A.....C.....C...-C...T-----
RG06	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG07	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG10	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG15	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG16	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG17	..A.C.A.....GT.....-A.T...C...TTTT
RG20	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG21	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG22	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG23	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG24	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG25	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG33	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG34	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG37	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RG38	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RW07g	..A.C.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RV01	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
RV02	..A.G.A.....-T...C...TTTT
RV11	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
RV12	..A.G.A.....-T...C...TTTT
RV13	..A.A.....G.....-A.T...C...TTTT
RV27	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
RV28	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
RV29	..A.G.A.....G...C.....G...G...A.T...C.C.T...TTTTTAG
RV31	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
TV02	..A.G.A.....-T...C...TTTT
TV03	..A.A.....G.....G.....-A.T...C...TTTT
TV04	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
TV05	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
TV06	..A.G.CA.....-T...C...TTTT
TV09	..A.G.A.....-T...C...TTTTT
TV13	..A.G.A.....-T...C...TTTTT
RW03	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
RW04	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
RW08	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
RW09	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
RW14	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
RW18	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW02	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW03	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW04	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW05	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW06	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
SW08	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW22	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW34	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW38	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW44	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW53	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
TW54	..A.C.A.....G.....-A.T...C...G...TTTT
PP01	GG.T.GC.AG.C...T.T...GC...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP02	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP03	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP04	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP05	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP06	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP07	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP08	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP09	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC
PP10	GG.T.GC.AG.C...T.T...G...C.C...-T.T.T...C...GC--T...CCTC

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

BB01	-----TTTGGGAAAAATATATTGG-TTTATGGAAAA-AATAAGTTCATATTAGG-GGAGGGTTTTCAC
BB02	-----A.A.A.A.A.A.A.T.A.T.T.T.G.G.A.A.A-AA.T.CC.A.
BB03	-----A.A.A.A.A.T.A.T.T.T.G.G.A.A.A-AA.T.CC.A.
BB05	-----G.....A.A.A.....TG-.GT.....-A.....CC.A..T.
BB14	---ATGAATCTTTT.A.A.A.A.T.A.G.A.AG.-T...GA.G.A...TA-AA.T.CC.A.
BB20	-----A.A.A.A.A.T.A.A.A.-G.....A.A.A.-A.C.CC.A.
RB65	-----A.A.A.A.A.T.A.T.A.T...G.....-AA.C.CC.A.
RB68	-----A.G...A.A.A.T.-G...AT...T...G...GCAT.T.A-TA.T.CC.A.
RB69	-----A.T...A.T.-G.T.T...-G...GCAT...A-TAGT.G.A.C.T.
RB71	-----A.A.A.A.T.A.T.T...-G.G.A.A.A.GTA.T.CC.A.
RB80	-----A.A.A.A.T.A.A.A.-G.....A.A.-AA.C.CC.A.
RB83	-----A.A.A.A.T.A.A.A.-G.....A.A.-A.C.CC.A.
SB05	-----A.A.A.A.T.A.A.A.-G.....A.A.-AA.CC.A.
SB08	-----G.A.....A.A.TA.T.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
SB11	GAATAAAATTGTAT..GA...G.TATA.A.A...AAT...A.TGTGTAAA.A...A-AA.T.CC.A.
SB12	-----A.A.A.A.A.T.A.T.T...G.....A.A.-A.C.CC.A.
SB14	-----A.A.A.A.T.A.A.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
TB35	-----A.A.A.A.T.A.T.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
TB40	GAATAAAATATAA...GATT.CG...A.A.AA.-...AAT.TT.TT.AGTTAAA.A...T.A-AA.T.CC.A.
TB43	-----A.A.A.A.A.T.A.T.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
TB44	-----A.A.A.A.T.A.T.T...G.....A.A.-A.C.CC.A.
TB47	-----A.A.A.A.T.A.T.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
TB49	-----A.A.A.A.T.A.T.T...-G.G.A.A...A-AA.T.CC.A.
RG06	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG07	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG10	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG15	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG16	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG17	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG20	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG21	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG22	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG23	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG24	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG25	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG33	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG34	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG37	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RG38	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW07g	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV01	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV02	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV11	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV12	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV13	-----A.....A.TA-A..AT...-GA...ACAAT..A..AATCGG.ATT
RV27	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV28	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A.C.T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RV29	G---AATAAAATT.A.A...G...TAA.TA-AG.T.C.T.T-T...GGGT.G..GGAAT..T-AA.AA.C-G.A.
RV31	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV02	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV03	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A.A.T.AA-AA.AA.C-C.ATT
TV04	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV05	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV06	-----A.A.T...A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV09	-----A.....A.TA-A.T.T...-GA...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TV13	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW03	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW04	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW08	-----A.A.T...A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW09	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW14	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
RW18	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW02	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW03	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW04	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW05	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW06	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
SW08	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW22	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW34	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW38	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW44	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW53	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
TW54	-----A.....A.TA-A.T.T...-A...A...T.AA-AA.AA.C-C.AT.
PP01	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP02	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP03	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP04	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP05	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP06	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP07	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP08	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP09	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.
PP10	A.A.T...A.T.-AC..TA.GT...TTAC.T.A.A...A-AA.TT.CC.AC.

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

BB01	.G..TTAA..G.-A.....-.....-.....T.....G.....G.....
BB03	.G..TTAA.TG.-A.T.....T---...T---.....-G..T.....-.....
BB05	G...T---.....T.....-.....G.....
BB14	.G.ATTAA..G.-A.T.....-AT.....-G..T.....G.....
BB20	...T---...CT.....T.....AG.G.....T.C...T.A.TCTG
RB65	...T---...CT.....G.....G.....A.TCTG
RB68	.G.GTTAA.....T.....T---...T---...G..G.....T.....
RB69	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....G.....G.....
RB71	.G..TTAA..G.-A.....T---...-.....T.....G.....
RB80	G..T---...CT.....T.....-G.G.....AT.....A.TCTG
RB83	...T---G.....CT.....-G.....T.....-G.G.....CT.....T.A.TC.G
SB05	...T---...CT.....-.....-G.....
SB08	.G..TTAA..G.-A.....-.....G.....T.....G.G
SB11	.G...-AA.GG.-T.TC-...T---...T-.AT.G..G.....-G..T.....G.....G.G
SB12	...T---...CT.....-.....G.....A.TCTG
SB14	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....T.....G.....G.G
TB35	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....G.....G.G
TB40	.G..T-TA..G.-A..C-...T---...T-.AT.G..G.....TG..T.....G.....G.G
TB43	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....G.....G.G
TB44	...T---...CT.....-.....G.....A.TCTG
TB47	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....G.....G.G
TB49	.G..TTAA..G.-A.....-.....T.....G.....G.G
RG06	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG07	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG10	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG15	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG16	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG17	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG20	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG21	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG22	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG23	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG24	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-C...T.A-...A-.A.TCTG
RG25	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG33	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RG34	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-C...T.A-...A-.A.TCTG
RG37	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-C...T.A-...A-.A.TCTG
RG38	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.A-TA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RW07g	...TGAAAAT.ATT.TAC..A.AATA.....TTAG.AT.....A.TT.A-...T.A-...A-.A.TCTG
RV01	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RV02	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RV11	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RV12	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RV13	G-..AG.A.G.T--..T.T...GA---TATT.G.G.TTA.T..ACTTG..-GG.TT.A--T.CA-..A.TCTG
RV27	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.AATCTG
RV28	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RV29	-.TAAA.G-----T.TCGG-----T.....TTA.T.TG..T.GG.TTAG-T.CA-..A.TCTG
RV31	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV02	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV03	G-..TAAA..T--..TCT...GA---TATT.G..TTA.....A.TTG..-G.T.A-...A-.AATCTG
TV04	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV05	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV06	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV09	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
TV13	-.TAAA.....T.AC.G-----TA.....A.T.....T.A-...A-.A.TCTG
RW03	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
RW04	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
RW08	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-C...T.A-...A-GA.TCTG
RW09	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-C...T.A-...A-GA.TCTG
RW14	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
RW18	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
SW02	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
SW03	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
SW04	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
SW05	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-.A.TCTG
SW06	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
SW08	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW22	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW34	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW38	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW44	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW53	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
TW54	...TGAA.G.TTA.T.T.G.GA---TATT.G..TTA.....A.T.C-...T.A-...A-GA.TCTG
PP01	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP02	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP03	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP04	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP05	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP06	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----TC.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP07	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP08	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T..A..A..GTGA...AG-T..TCTG
PP09	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG
PP10	TTAATAAAAAAT---TCAAAAT..G.TG-----T.T..TA.T.AG...T---A..GTGA...AG-T..TCTG

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible][illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible][illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

[illegible][illegible]

ตารางที่ 16 (ต่อ)

	11111111111111111111
	44444444444444444444
	22222333333333344444
	345672345678901456
BB01	CA-TTTAATAATTGATA-
BB02	..-.....-
BB03	..-.....-
BB05	..-.....-
BB14	..-.....-
BB20	..-.....-
RB65	..-.....-
RB68	..-.....-
RB69	..-.....-
RB71	..-.....-
RB80	..-.....-
RB83	..-.....-
SB05	A.-.....-
SB08	..-.....-
SB11	..-.....-
SB12	..-.....-
SB14	..-.....-
TB35	..-.....-
TB40	..-.....-
TB43	..-.....-
TB44	..-.....-
TB47	..-.....-
TB49	..-.....-
RG06	A.---.TTA..AAA..T-
RG07	A.-...TTA..AAA..T-
RG10	A.-...TT...AAA..T-
RG15	A.-...TTA..AAA..T-
RG16	A.-...TT...AA...T-
RG17	A.-...TTA..AAA.ATT
RG20	A.---.TTA..AAA.ATT
RG21	A.-...TTA..AAA..T-
RG22	A.---.TTA..AAA..T-
RG23	A.A...TT...AAA..T-
RG24	A.-...TTA..AA..GTT
RG25	A.---.TT...AAA..T-
RG33	A.-...TT...AA...T-
RG34	A.-...TT...AA...T-
RG37	A.-...TTA..A-...T-
RG38	A.-...TT...AAA..T-
RW07g	A.---.TTA..AAA..T-
RV01	AT-.....---
RV02	AT-.....---
RV11	AT-.....---
RV12	AT-.....---
RV13	ATT...G.....---
RV27	AT-.....---
RV28	AT-.....---
RV29	AT-....G.....G---
RV31	AT-.....---
TV02	AT-.....---
TV03	A.T..-.G.....G---
TV04	AT-.....---
TV05	AT-.....---
TV06	AT-.....---
TV09	AT-.....---
TV13	AT-.....---
RW03	A.-...G.....---
RW04	A.-...G.....---
RW08	A.-...G.....---
RW09	A.-...G.....---
RW14	A.-...G.....---
RW18	A.-...G.....---
SW02	A.-...G.....---
SW03	A.-...G.....---
SW04	A.-...G.....---
SW05	A.-...G.....---
SW06	A.-...G.....---
SW08	A.-...G.....---
TW22	A.-...G.....---
TW34	A.-...G.....---
TW38	A.-...G.....---
TW44	A.-...G.....---
TW53	A.-...G.....---
TW54	A.-...G.....---
PP01	A.G.AA..ATT.....---
PP02	A.G.AA..ATT.....---
PP03	A.G.AA..ATT.....---
PP04	A.G.AA..ATT.....---
PP05	A.G.AA..ATT.....---
PP06	A.G.AA..ATT.....---
PP07	A.G.AA..ATT.....---
PP08	A.A.AA..ATT.....---
PP09	A.G.AA..ATT.....---
PP10	A.G.AA..ATT.....---

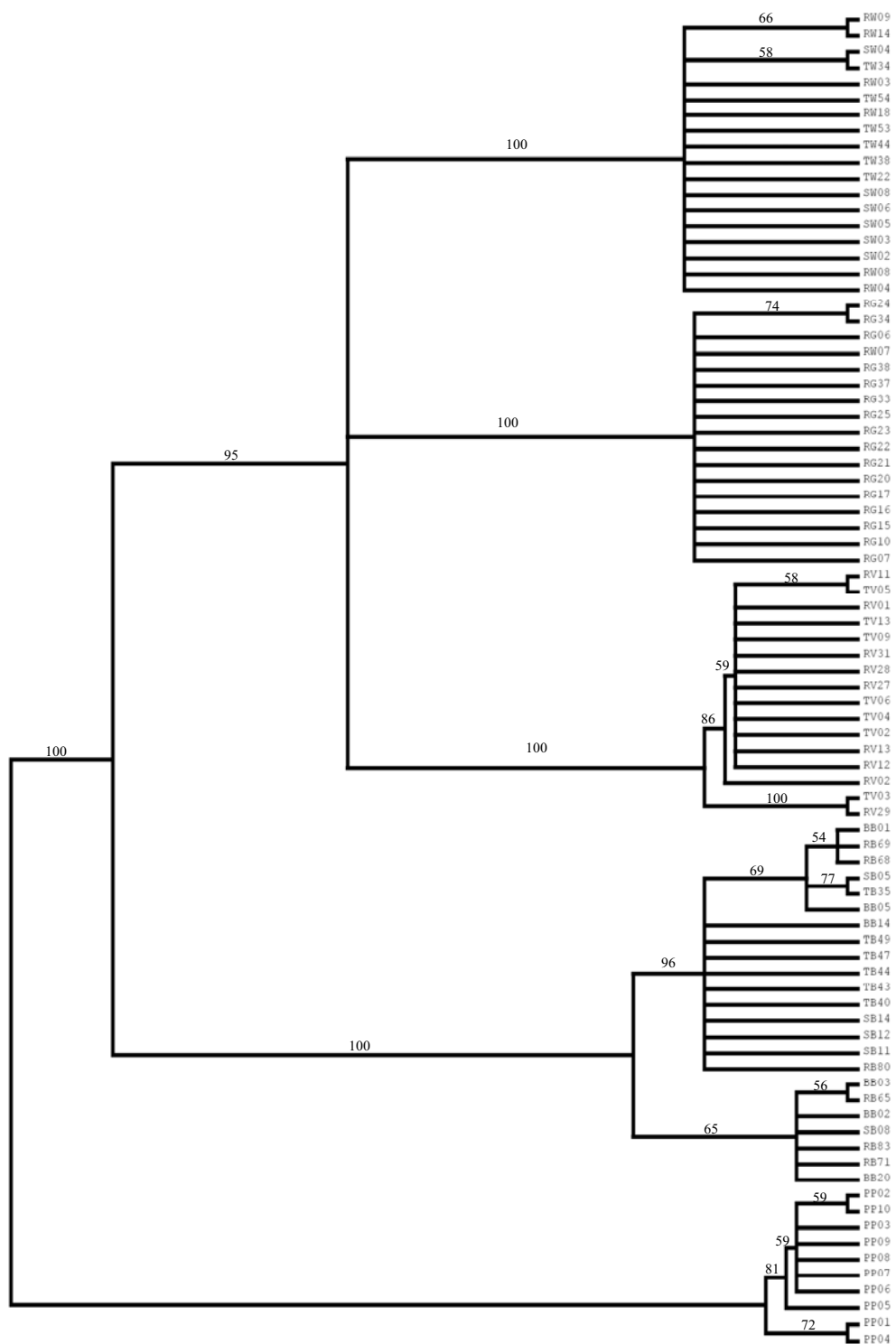
4.5 ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (phylogenetic relationships)

ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง *Cytb* และ *16S rRNA* ถูกนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการโดยใช้โปรแกรม PAUP 4.0b10 (Swofford, 2002) โดยใช้ maximum parsimony (MP), neighbor joining (NJ) และ maximum likelihood (ML) method แต่การวิเคราะห์ ML ใช้ MODELTEST v3.06 (Posada and Crandall, 1998) ในการคัดเลือก substitution model และนำเอาข้อมูลที่ได้จาก optimal ML model มาใช้ในการคำนวณ sequence divergence สำหรับการสร้าง NJ topology การทดสอบความเชื่อมั่นของ nodes ที่ได้ใน MP และ NJ จึงได้คำนวณ bootstrap 100 replicates (เพิ่มรอบมากกว่านี้ไม่ได้เนื่องจากเครื่องคอมพิวเตอร์ที่ไม่มีศักยภาพที่จะคำนวณได้) สำหรับ bootstrap values ที่ได้ ถ้าน้อยกว่า 50% เท่ากับ not support, bootstrap values ระหว่าง 50 – 70% เท่ากับ weakly supported และ bootstrap values ที่มากกว่า 90% เท่ากับ supported

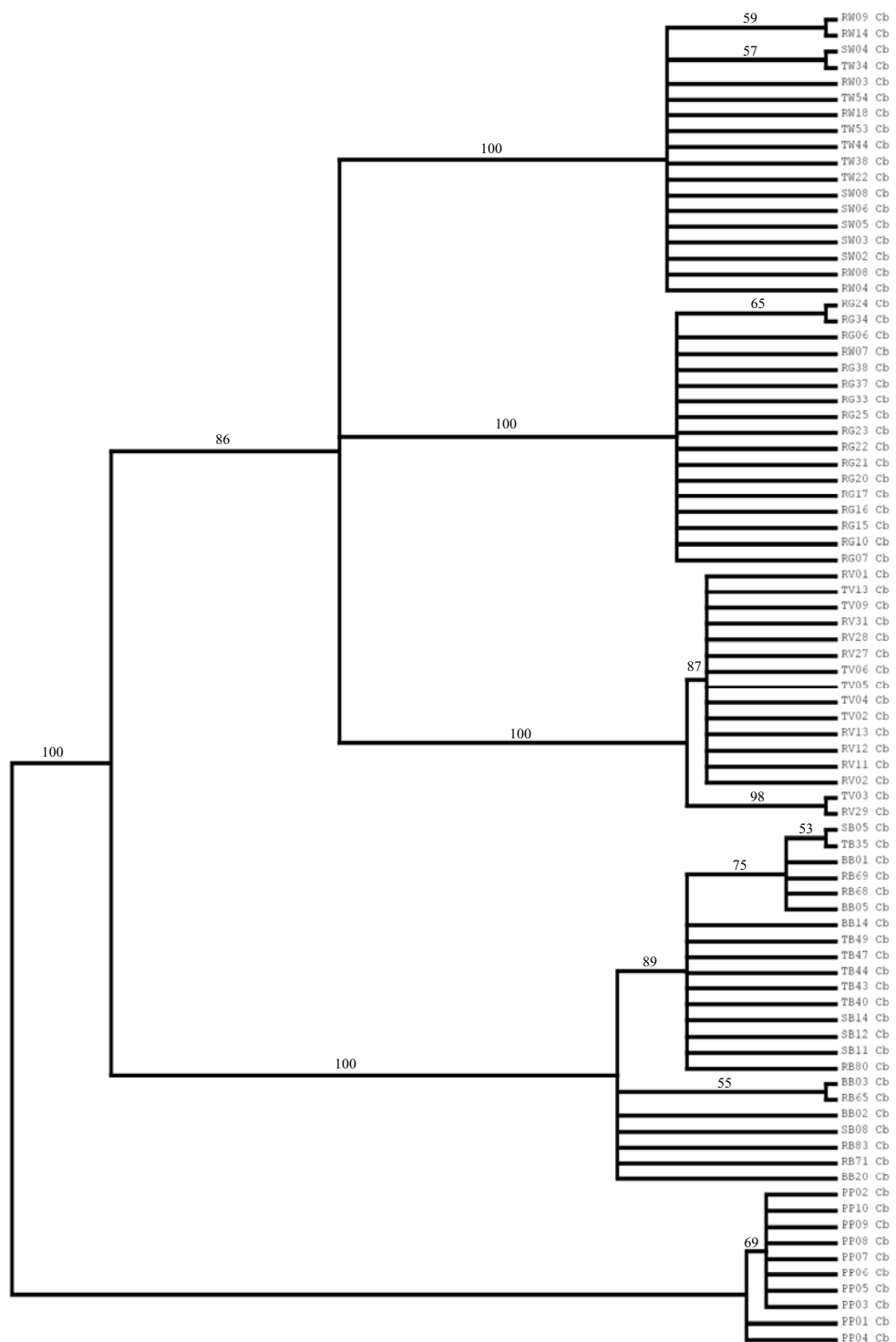
4.5.1 *Cytb* topology

สำหรับข้อมูล *Cytb* maximum likelihood model ที่เลือกใช้คือ GTR+I+G ซึ่ง model นี้เป็นแบบจำลองการแทนที่เบสที่อนุญาตให้นิวคลีโอไทด์แต่ละชนิดมีความถี่ไม่เท่ากัน (unequal base frequency) และพิจารณาอัตราการแทนที่เบส 6 แบบ (r_{AC} , r_{AG} , r_{AT} , r_{CG} , r_{CT} และ r_{GT}) โดยกำหนดให้โอกาสเกิดการแทนที่เบสคู่ใดคู่หนึ่งเท่ากันทั้งในกรณีเกิดการกลายพันธุ์แบบ forward และ reverse (reversible) และมีอัตราการกลายพันธุ์แตกต่างกันเมื่อเปรียบเทียบระหว่างตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ (site) โดยความต่างนั้นมีการแจกแจงแบบ gamma (gamma distribution; G) และยังพบว่ามีสัดส่วนของนิวคลีโอไทด์ที่ไม่มีการเปลี่ยนแปลง (proportion of invariable site; I) ข้อมูลที่ได้นำไปสร้าง phylogenetic tree รูปที่ 15 แสดง phylogenetic tree ของ *Cytb* โดยวิธี distance method (NJ) ส่วนรูปที่ 16 แสดง phylogenetic tree โดยวิธี maximum parsimony method และ รูปที่ 17 แสดง phylogenetic tree โดย maximum likelihood method ตาม tree ที่ได้ แสดงให้เห็นว่ามี major clade อยู่ 1 clade กล่าวคือปูขาว ปูเขียว ปูม่วง อยู่ใน clade เดียวกัน และ node ต่างๆ ในแต่ละ node ค่อนข้างจะเป็น strong supported ทั้งในกรณี NJ tree และ MP tree ส่วนในกรณีของ ML tree ส่วนใหญ่นั้นเหมือนกับของ 2 tree ที่กล่าวแล้ว คือ เพียงปูขาวแยกไปจากปูม่วง แทนที่จะแยกไปจากปูดำเหมือนกับกรณี NJ และ MP tree ซึ่งทั้งสองกรณีนี้สอดคล้องกับ UPGMA cluster ของ Keenan *et al.* (1998) ซึ่งใช้ข้อมูลจากยีน *COI* ในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ และ Imai and Namachi (2002) ซึ่งใช้ RFLP ของ mtDNA ของปูทะเล 3 ชนิด ซึ่งแสดงให้เห็นโดยชัดเจนว่า ปูดำ แยกอยู่ต่างหากจากปูขาว ปูเขียว และปูม่วง แต่ทางเป็นไปได้มี 2 วิธีการคือ จากปูทะเลวิวัฒนาการไปเป็นปูขาว ปูเขียว และปูม่วง ในเวลาพร้อมกัน หรือว่า ปูเขียวแยกไปจากปูดำ หลังจากนั้นจึงมีการแยกไปเป็นปูขาว และปูม่วง แต่ที่สำคัญก็คือ ข้อมูล *Cytb* ของปูแต่ละชนิดจะไปจับกลุ่มอยู่ในกลุ่มตัวเอง แสดงว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ *Cytb* สามารถใช้เป็น DNA barcode เพื่อใช้ระบุชนิดปูได้เป็นอย่างดี ซึ่ง DNA barcode คือ ดีเอ็นเอท่อนสั้น ๆ โดยเฉพาะใน mtDNA ซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะชนิดของสัตว์ ที่ใช้กันทั่วไปที่เป็น

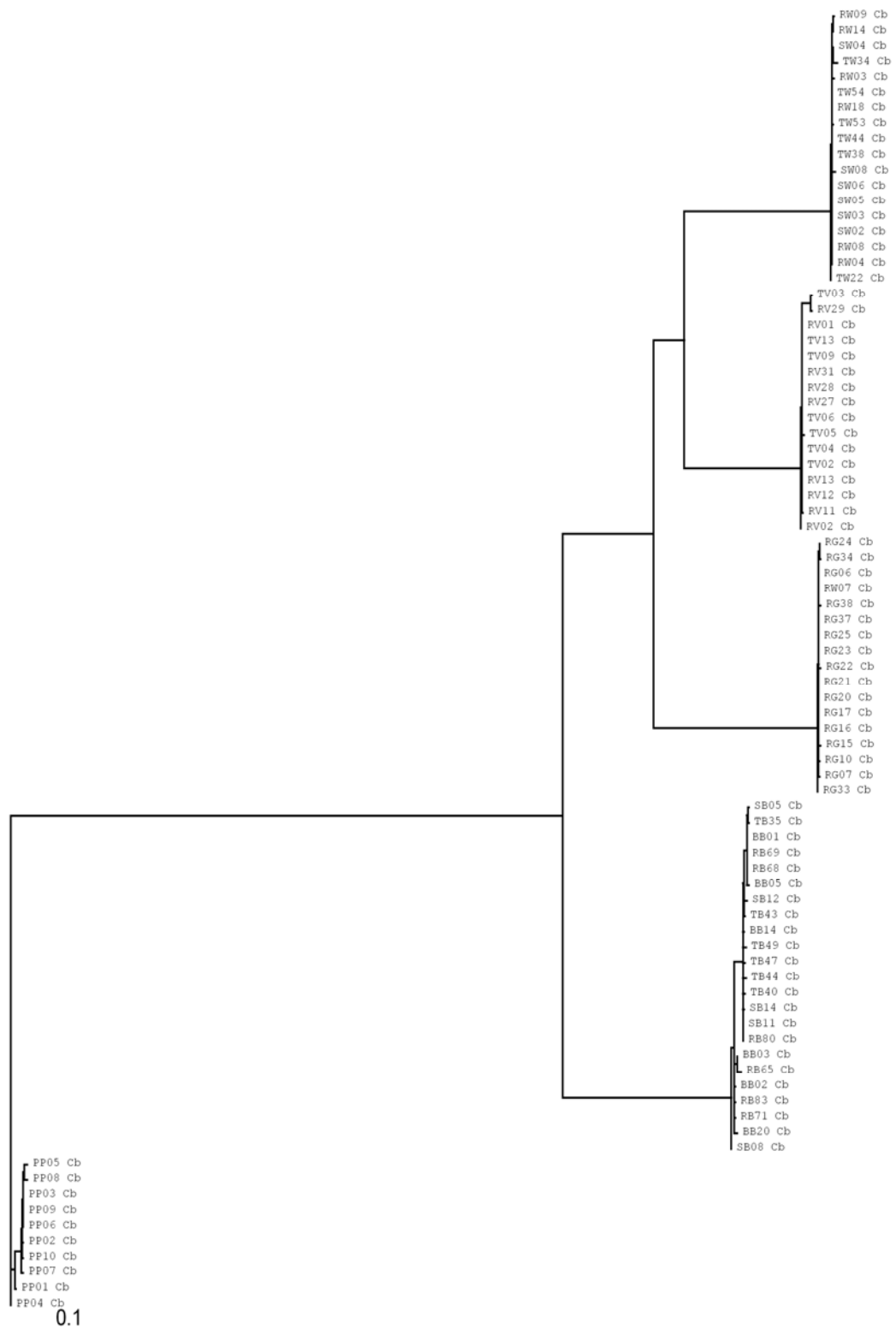
mitochondrial DNA คือ cytochrome oxidase I (*COI*) ซึ่งถือว่าเป็น potential DNA barcode อย่างเช่น Hebert *et al.* (2004) ใช้ลำดับของยีน *COI* ในการจำแนก neotropical skipper butterfly (*Astraptes fulgerator*) ซึ่งมีลักษณะ caterpillar และสถานที่อยู่อาศัยแตกต่างกันว่าเป็นชนิดเดียวกัน แต่เป็น cryptic species ใน species complex มีอยู่ 10 ชนิด และได้เสนอแนะว่า การใช้ DNA barcode ควบกับการจำแนกอนุกรมวิธานตามปกติ จะช่วยให้เราแก้ไขปัญหาความหลากหลายของชนิดออกไปได้ ซึ่งปัจจุบันนี้มีการใช้ DNA barcode ในการจำแนกปลิง *Heobella triserialis* Complex (Siddal and Budinoff, 2005) และ ตัวอ่อนปลาขั้วโลก (Antarctic marine laevae) (Webb *et al.*, 2006)



รูปที่ 15 แสดง phylogenetic tree ที่สร้างด้วยวิธี NJ ของยีน *Cytb* โดยตัวเลขที่กำกับบนแต่ละเส้น แสดงผลการทดสอบ bootstrap ของเส้น (branch) นั้นๆ



รูปที่ 16 แสดง phylogenetic tree ที่สร้างด้วยวิธี MP ของยีน *Cytb* โดยตัวเลขที่กำกับบนแต่ละเส้น แสดงผลการทดสอบ bootstrap ของเส้น (branch) นั้นๆ

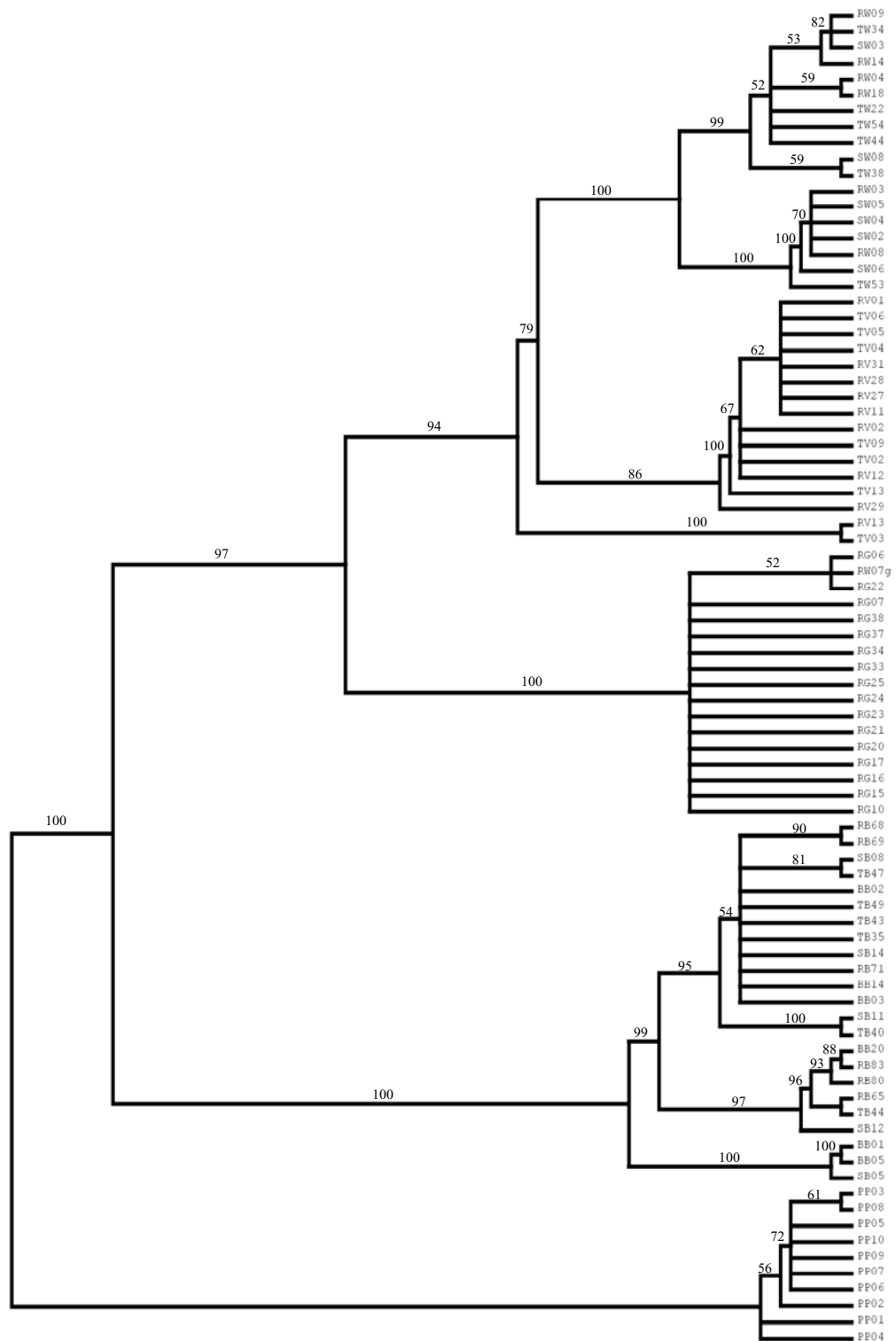


รูปที่ 17 แสดง phylogenetic tree ที่สร้างด้วยวิธี ML ของยีน *Cytb*

4.5.2 16S rRNA topology

สำหรับ substitution model ที่เลือกใช้คือ GTR + G ซึ่ง model คล้ายกับที่พบใน *Cytb* แต่ไม่พบ proportion of invariable site (I) ข้อมูลที่ได้จึงนำไปสร้าง phylogenetic tree โดย รูปที่ 18 แสดง NJ tree รูปที่ 19 แสดง MP tree และ รูปที่ 20 แสดง ML tree โดยสรุปในทั้ง 3 phylogenetic tree ที่ปรากฏ ให้ผลสอดคล้องกันทั้ง 3 วิธี คือ 1 major clade อันประกอบด้วย ปูเขียว ปูม่วง และ ปูขาว ส่วนปูดำ แยกออกมาอยู่ใกล้กับปูม้า กรณีนี้จะเห็นว่าแตกต่างจากกรณีของ *Cytb* ซึ่งปูใน major clade แยกออกมาแล้วพัฒนาไปเป็นปู 3 ชนิดพร้อมๆกัน แต่กรณี 16S rRNA ปูดำแยกไปเป็นปูเขียวก่อนแล้วแยกไปเป็นปูขาวและปูม่วง โดยเมื่อพิจารณาค่า bootstrap value แล้ว MP tree node supported ค่อนข้างสูง ทั้งๆ ที่กรณีของ 16S rRNA ข้อมูลที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับ (sequencing) บางส่วนคุณภาพต่ำ แต่ถึงอย่างไรก็ตาม ข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของยีน 16S rRNA ของปูแต่ละชนิดเมื่อวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์แล้วจะเข้าไปสู่กลุ่มปูแต่ละชนิด ซึ่งแสดงให้เห็นว่าข้อมูลนิวคลีโอไทด์ 16S rRNA ก็สามารถใช้เป็น DNA barcode เพื่อการจำแนกชนิดปูทะเลได้เช่นเดียวกัน เหมือนกรณีข้อมูล *Cytb* ของปูทุกชนิด แต่ที่แน่ชัดที่สุดคือปูทะเลทั้ง 4 ชนิดมีศักยภาพเป็น reproductively isolated species

ข้อสังเกตในกรณี ปูเขียว (RW07) ซึ่งจำแนกครั้งแรกเป็นปูขาว แต่เมื่อวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอในส่วนของยีน *Cytb* คณะวิจัยได้เริ่มวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการทันที ผลปรากฏว่าลำดับดีเอ็นเอของปูตัวนี้ไปอยู่ในกลุ่มปูเขียว จึงย้อนกลับไปดูตัวอย่างจริงและพบความจริงว่าได้จำแนกครั้งแรกโดยใช้ลักษณะภายนอกผิดพลาดไป แต่ก็มีได้แก้ไขให้ถูกต้อง เพราะต้องการที่จะคงไว้เป็นตัวอย่างข้อสังเกตว่าตัวอย่างดีเอ็นเอของปูแต่ละชนิดจะไปอยู่ในกลุ่มปูที่ถูกต้อง ถ้าดีเอ็นเอชิ้นเป้าหมายที่ใช้นั้นสามารถนำมาใช้ในการจำแนกชนิดได้จริง หรือเป็น DNA barcode ได้ แต่ก็อาจมีข้อสงสัยว่าอาจมีการสลับตัวอย่างกันก็ได้ ข้อสงสัยดังกล่าวคงเป็นไปได้ทั้งนี้เพราะ การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Cytb* และ 16S rRNA ต้องกระทำขึ้นละ 3 ครั้ง ที่สำคัญ คือลำดับนิวคลีโอไทด์ท่อนกลางของยีนทั้งสองต้องใช้ specific sequencing primer สำหรับปูแต่ละชนิด กล่าวคือกรณี RW07 จะต้องใช้ไพรเมอร์จำเพาะสำหรับปูเขียวเท่านั้น จึงจะหาลำดับนิวคลีโอไทด์ได้ สำหรับกรณีข้อสงสัยเรื่อง interspecific hybridization นั้น โครงการวิจัยนี้ได้เลือกใช้ mitochondrial gene ซึ่งเป็นเครื่องมือที่ไม่อาจใช้ตรวจสอบ interspecific hybridization ได้ เพราะ mitochondrial genome ถ่ายทอดผ่านทางแม่เพียงข้างเดียวเท่านั้น



รูปที่ 18 แสดง phylogenetic tree ที่สร้างด้วยวิธี NJ ของยีน *16S rRNA* โดยตัวเลขที่กำกับบนแต่ละเส้น แสดงผลการทดสอบ bootstrap ของเส้น (branch) นั้น ๆ



รูปที่ 20 แสดง phylogenetic tree ที่สร้างด้วยวิธี ML ของยีน *16S rRNA*

4.6 การพัฒนา species-specific markers เพื่อการจำแนกชนิดปูทะเล

เนื่องจากการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอของ ยีน *Cyt b* จะต้องวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอของ PCR product ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ SS1-SS11 จึงพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลจากการตัด PCR product ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ จึงนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของปูดำ ปูเขียว ปูม่วง และ ปูขาว ที่มีอยู่แล้วไปทดลองการตัดด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ Webcutter 2.0 จาก <http://www.firstmarker.com/cutter/cut2.html> โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะชนิดต่าง ๆ พบว่าเอนไซม์ที่เหมาะสมในการตัดขึ้นดีเอ็นเอเป้าหมายที่เพิ่มปริมาณด้วยไพรเมอร์ SS1- SS11 คือ เอนไซม์ *RsaI* ซึ่งให้ผลการตัดขึ้นดีเอ็นเอเป้าหมายปูแต่ละชนิดให้ผลดังตารางที่ 19

ตารางที่ 19 แสดงผลการจำลองการตัดขึ้นดีเอ็นเอเป้าหมายที่เพิ่มปริมาณได้โดยใช้ไพรเมอร์ SS1-SS11 ด้วยเอนไซม์ *RsaI* ของปูทะเล 4 ชนิด โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ Webcutter

Sample type	Restriction enzyme	No.of restriction sites	Size of cut fragments(bp)	Recognition sequence
ปูดำ	<i>RsaI</i>	1	175, 759	5'-gt/ac-3'
ปูเขียว	<i>RsaI</i>	3	189, 773, 784, 955	5'-gt/ac-3'
ปูม่วง	<i>RsaI</i>	0	1800	5'-gt/ac-3'
ปูขาว	<i>RsaI</i>	4	2, 185, 538, 1290, 1649	5'-gt/ac-3'

จากข้อมูลที่ได้จากการจำลองการตัดขึ้นดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่แสดงให้เห็นว่าเอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI* คือเอนไซม์ที่เหมาะสมในการตัดขึ้นดีเอ็นเอเป้าหมาย เพื่อแสดงความแตกต่างระหว่างปูแต่ละชนิด จึงทดลองใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI* ตัด PCR product ที่เพิ่มปริมาณด้วยไพรเมอร์ SS1 – SS11 ของปูทะเลจำนวน 8 ตัว คือ ปูดำ 2 ตัว (RB65 และ TB49) ปูเขียว 2 ตัว (RG07 และ RG33) ปูม่วง 2 ตัว (TV04 และ RV11) และ ปูขาว 2 ตัว (TW38 และ RW08) โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI* ปริมาณ 5 units/reaction บัฟเฟอร์ 2 μ l และ PCR product 10 μ l/ reaction โดยปริมาตรทั้งหมดของปฏิกิริยาเท่ากับ 12.5 μ l ใช้เวลาบ่มปฏิกิริยานาน 14 ชั่วโมง และตรวจสอบขนาดของขึ้นดีเอ็นเอที่ได้จากการตัดด้วยการทำ agarose gel electrophoresis โดยใช้ความเข้มข้นของ agarose เท่ากับ 2 เปอร์เซ็นต์ กระแสไฟฟ้า 100 โวลต์ ใช้เวลานาน 1 ชั่วโมง ผลดังรูปที่ 21 และแสดงขนาดของขึ้นดีเอ็นเอที่ได้ในตารางที่ 20 ซึ่งปูตัวอย่างแต่ละตัวที่นำมาใช้ให้ผลการตัดดังนี้

ผลการตัด PCR product ของปูดำ RB65 ได้ขึ้นดีเอ็นเอ 3 ชิ้น ขนาด 0.95, 0.53 และ 0.29 kb แต่ของปูดำ TB49 เกิดขึ้นดีเอ็นเอ 4 ชิ้น คือ 1.10, 0.95, 0.53 และ 0.29 kb จากผลการตัดในปูดำจะเห็นว่าได้มีขึ้นดีเอ็นเอขนาด 1.10 kb ปรากฏใน TB49 แต่ไม่ปรากฏในผลการตัด PCR product จาก RB65 ซึ่งเมื่อเทียบผลการตัดด้วยคอมพิวเตอร์และผลรวมของขนาดดีเอ็นเอที่ได้เทียบกับขนาดของ PCR product พบว่า ขึ้นดีเอ็นเอขนาด 1.10 kb ดังกล่าว ควรจะเป็นขึ้นดีเอ็นเอที่เกิดจากการตัดไม่สมบูรณ์ กล่าวคือ

PCR product บางส่วนยังเหลืออยู่ โดยแถบดีเอ็นเอที่เป็นโมเลกุลเครื่องหมายของกลุ่มปูดำคือ ซีนดีเอ็นเอ ขนาด 0.95, 0.53 และ 0.29 kb

ปูเขียว RG07 และ RG33 เกิดซีนดีเอ็นเอ 2 ขนาดคือ 0.98 และ 0.60 kb ดังนั้นโมเลกุลเครื่องหมายของกลุ่มปูเขียว คือ ซีนดีเอ็นเอขนาด 1.80 kb

ปูม่วง TV04 และ RV11 เกิดแถบดีเอ็นเอ 1 แถบ ขนาด 1.80 กล่าวคือ ไม่มีการตัดซีน PCR product ดังนั้นโมเลกุลเครื่องหมายของกลุ่มปูม่วงคือ ซีนดีเอ็นเอขนาด 1.80 kb

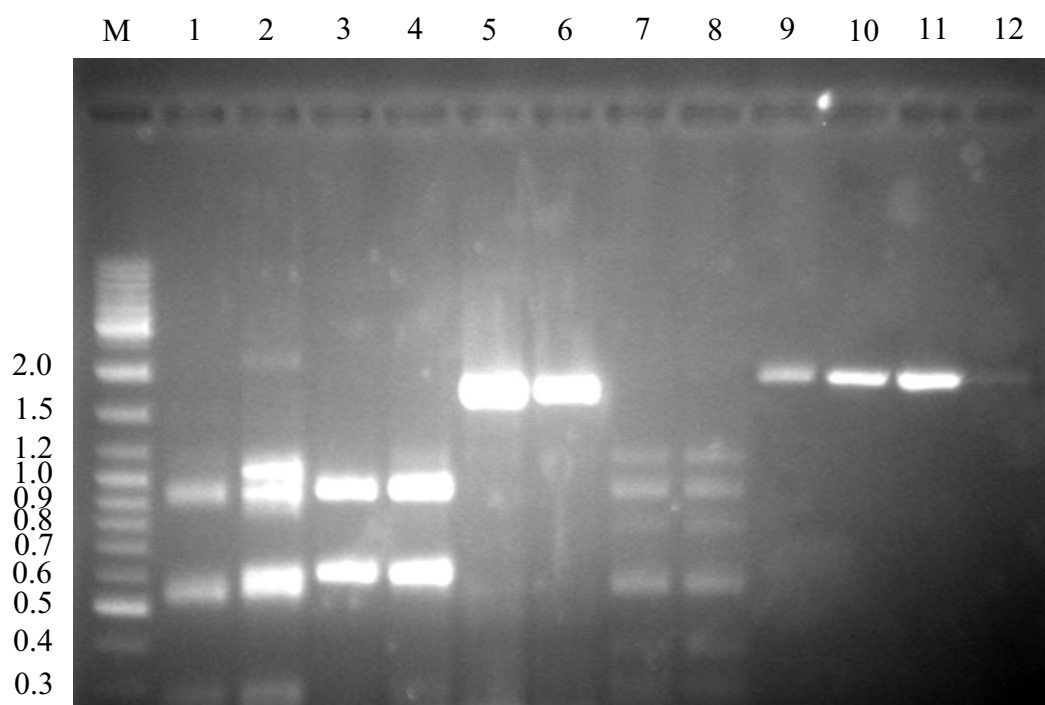
สำหรับปูขาว TW38 และ RW08 ได้แถบดีเอ็นเอ 5 แถบคือ 1.20, 1.00, 0.80, 0.58, 0.39, 0.30 ซึ่งเมื่อรวมขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้จะพบว่ามีความถึง 4.27 kb ซึ่งมีขนาดใหญ่กว่าขนาดของ PCR product ที่ใช้ ซึ่งแสดงให้เห็นว่าจะต้องมีแถบดีเอ็นเอบางแถบที่เป็นแถบที่เกิดจากการตัดไม่สมบูรณ์ โดยเมื่อเปรียบเทียบขนาดของผลที่ได้กับผลจากการตัดโดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์พบว่าแถบดีเอ็นเอ 0.80, 0.58, 0.39 และ 0.30 kb ดังนั้นเครื่องหมายโมเลกุลของปูขาวควรจะเป็น ซีนดีเอ็นเอ 0.80, 0.58, 0.39 และ 0.30 kb

โดยได้แสดงภาพจำลองของโมเลกุลเครื่องหมายของแต่ละชนิดไว้ในรูปที่ 22 จากผลความแตกต่างของซีนดีเอ็นเอที่ได้ จึงเป็นแนวทางที่จะใช้ความแตกต่างเหล่านี้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกปูแต่ละชนิดได้ ในกรณีที่มียาจำแนกได้โดยอาศัยลักษณะภายนอก

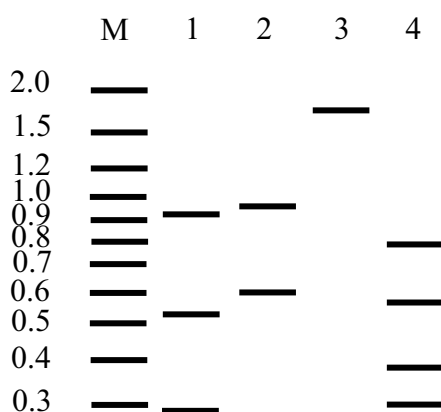
ตารางที่ 20 แสดงขนาดของซีนดีเอ็นเอที่ได้จากตัด PCR product ของปูทะเล 4 ชนิด คือ ปูดำ (RB65 และ TB49) ปูเขียว (RG07 และ RG33) ปูม่วง (TV04 และ RV11) และปูขาว (TW38 และ RW08) ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI*

ปูตัวอย่าง	ขนาดของซีนดีเอ็นเอ (kb)
RB65	0.95, 0.53, 0.29
TB49	1.10 [*] , 0.95, 0.53, 0.29
RG07	0.98, 0.60
RG33	0.98, 0.60
TV04	1.80
RV11	1.80
TW38	1.20 [*] , 1.00 [*] , 0.80, 0.58, 0.39, 0.30
RW08	1.20 [*] , 1.00 [*] , 0.80, 0.58, 0.39, 0.30

หมายเหตุ เครื่องหมาย * หมายถึงขนาดของซีนดีเอ็นเอที่เกิดจากการตัดไม่สมบูรณ์ (incomplete digest)



รูปที่ 21 แสดงผลการทำ gel electrophoresis ของผลการตัด PCR product ของพุทธรักษา 4 ชนิดด้วย เอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI* โดยช่อง M แทนดีเอ็นเอเครื่องหมาย (DNA marker) ช่อง 1 และ 2 แสดงผลที่ได้จากการตัด PCR product ของพุทธรักษา ช่อง 3 และ 4 แสดงผลที่ได้จากการตัด PCR product ของ พุทธรักษา ช่อง 5 และ 6 แสดงผลที่ได้จากการตัด PCR product ของพุทธรักษา ช่อง 7 และ 8 แสดงผลที่ได้จากการตัด PCR product ของพุทธรักษา ช่อง 9 10 11 และ 12 แสดงขนาด ของ PCR product ของ พุทธรักษา พุทธรักษา พุทธรักษา และ พุทธรักษา ตามลำดับ



รูปที่ 22 แสดงภาพจำลองของโมเลกุลเครื่องหมายของพุทธรักษา 4 ชนิด คือ (1) พุทธรักษา (2) พุทธรักษา (3) พุทธรักษา (4) พุทธรักษา และ โมเลกุลเครื่องหมาย (M)

4.7 การศึกษาลักษณะภายนอก ลักษณะ morphometric พันธุศาสตร์ และการเรียกชื่อทางวิทยาศาสตร์

การศึกษาวิจัยนี้เป็นงานวิจัยแรกที่ได้รวบรวมปูตามลี้ที่ชาวประมงรู้จัก แล้วนำมาศึกษาลักษณะภายนอก (morphology) และลักษณะที่ต้องวัด (morphometric) ควบคู่กับการศึกษาทางพันธุศาสตร์ (phylogenetic relationship) เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการจำแนกชนิดปูทะเลของประเทศไทย อันจะนำไปสู่การนำข้อมูลไปประยุกต์ใช้เพื่อการเพาะเลี้ยง และการอนุรักษ์ปูทะเลเพื่อใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนในอนาคต ในหัวข้อ 3.2 ได้สรุปลักษณะภายนอกปูทั้ง 4 ชนิดไว้และพร้อมทั้งได้นำเสนอลักษณะที่แตกต่างของปูแต่ละชนิด แต่ต้องไม่ลืมว่า ตัวอย่างปูที่ศึกษาเป็นปูขนาดใหญ่ ลักษณะบางอย่างที่เสนอเพื่อการจำแนกชนิดปูอาจคลาดเคลื่อนไปจากลักษณะของปูขนาดเล็ก รูปที่ 23 แสดง phenetic tree ซึ่งเป็นผลจากการศึกษาลักษณะ morphometric ของปูทะเลและ phylogenetic tree ซึ่งได้จากการวิเคราะห์ยีน *Cytb* และ *16S rRNA* ซึ่งทั้ง 3 กรณีที่นำเสนอไว้แสดงผลอย่างชัดเจนว่า ปูทะเลในประเทศไทยนั้นมีอยู่ 4 ชนิด คือ ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วง ซึ่งปูทั้ง 4 ชนิด ชื่อทางวิทยาศาสตร์สับสนมากภายหลังการแก้ไขการจำแนกปูทะเลใหม่ของ Keenan *et al.* (1998)

การศึกษาค้นคว้านี้ได้ทำการรวบรวมตัวอย่างจากแหล่งปู 3 แหล่งคือ 1. จังหวัดจันทบุรี-ตราด 2. จังหวัดสุราษฎร์ธานี และ 3. จังหวัดระนอง ซึ่งจากจังหวัดระนองนี้สามารถซื้อปูตัวอย่างประเทศพม่า จึงทำให้ปูตัวอย่างจากจังหวัดระนองมีมากกว่าจังหวัดอื่นๆ แต่ผลการศึกษาลักษณะภายนอกและพันธุศาสตร์ปรากฏว่า

1. จังหวัดจันทบุรี-ตราด พบปู 3 ชนิด คือ ปูดำ ปูขาว และปูม่วง(เดิมเรียกว่า ปูเขียว หรือปูทองโหลง)
2. จังหวัดสุราษฎร์ธานี พบปูเพียง 2 ชนิด คือ ปูดำ และปูขาว
3. จังหวัดระนองพบปู 4 ชนิด คือ ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วง (ซึ่งเป็นการนำเสนอครั้งแรกในรายงานนี้ ปูชนิดนี้มีอยู่ที่ตราด แต่ชาวประมง เรียก ว่าปูเขียว หรือ ปูทองโหลง คำว่า ปูม่วงเกิดขึ้นภายหลังการสัมมนาเริ่มโครงการที่จังหวัดระนอง แต่เพื่อไม่ให้ซ้ำกับปูเขียว จึงเรียกว่า ปูม่วง)

สำหรับชื่อวิทยาศาสตร์ของปูแต่ละชนิด มีการใช้กันสับสน สำหรับในประเทศไทยเรารู้จักปูทะเลเพียงชนิดเดียวคือ ปูดำ (*Scylla serrata*) (Suvati , 1950) จนกระทั่งปี พ.ศ. 2522 มีรายงานของ ชูชาติและบุรณ์ (2522) ซึ่งได้จำแนกปูเป็น 3 กลุ่มคือ ปูแดง ปูขาว และปูเขียวหรือปูทองโหลง และเสนอแนะว่า กลุ่มปูแดงน่าจะเป็น *S. serrata* (Forsk. 1775) และ *S. serrata* var. *paramamosain* (Estampador, 1949a) กลุ่มปูเขียวหรือทองโหลง คือ *S. tranquebarica* (Fabricius 1798) และปูขาวคือ *S. oceanica* ซึ่งถ้าพิจารณาตามลักษณะการจัดจำแนกตาม Estampador (1949a) ซึ่งใช้ลักษณะสำคัญ 6 ลักษณะ แต่มีเพียงลักษณะสีอย่างเดียวที่ใช้จำแนกปูแต่ละชนิดออกจากกัน ส่วนลักษณะที่เหลือ 5 ลักษณะ ซึ่งลักษณะหนึ่งเป็นลักษณะ morphometric จะต้องใช้ประกอบกันเพื่อจำแนกปูออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือ ปูดำ-ปูขาว และปูม่วง-ปูเขียว กล่าวคือต้องใช้ลักษณะภายนอกประกอบกันเพื่จำแนกปูแต่ละชนิด ส่วนลักษณะอื่น เช่น ลักษณะการ

ดำรงชีวิต Estampador (1949a) เรียกปูดำ-ปูขาว ว่า “ mamosain “ หมายถึงปูที่อยู่ในรู ซึ่งเน้นว่าเป็น *S. serrata* และเรียกกลุ่มปูเขียว-ปูม่วง ว่า “ banhawin “ หมายถึงปูที่มีชีวิตท่องเที่ยวไป (roving life)

ซึ่งถ้าพิจารณาหลักฐานที่อ้าง Fuseya and Watanabe (1996) อ้างว่าได้รวบรวมปูทะเล 2 ชนิดจากประเทศไทย โดยเฉพาะที่จังหวัดสุราษฎร์ธานีว่าเป็น *S. serrata* และ *S. tranquebarica* (ปูม่วง) แต่ผลการศึกษาวิจัยครั้งนี้เราไม่พบปูม่วงจากสุราษฎร์ธานี ซึ่งเป็นไปได้ว่าอาจมีปูข้ามเขตมาขายก็ได้ ส่วนในกรณี Klinbunga *et al.* (2000) ซึ่งอ้างว่ารวบรวมปูเฉพาะจังหวัดจันทบุรี-ตราด ชนิดที่เกินมาก็คือ *S. oceanica* ส่วนบรรจงและบุญรัตน์ (2545) ซึ่งนำเสนอปูทะเลในประเทศไทยว่า ปูขาวควรจะเป็น *S. oceanica* ซึ่งน่าจะคลาดเคลื่อนจากข้อเท็จจริงของ Estampador(1949a)

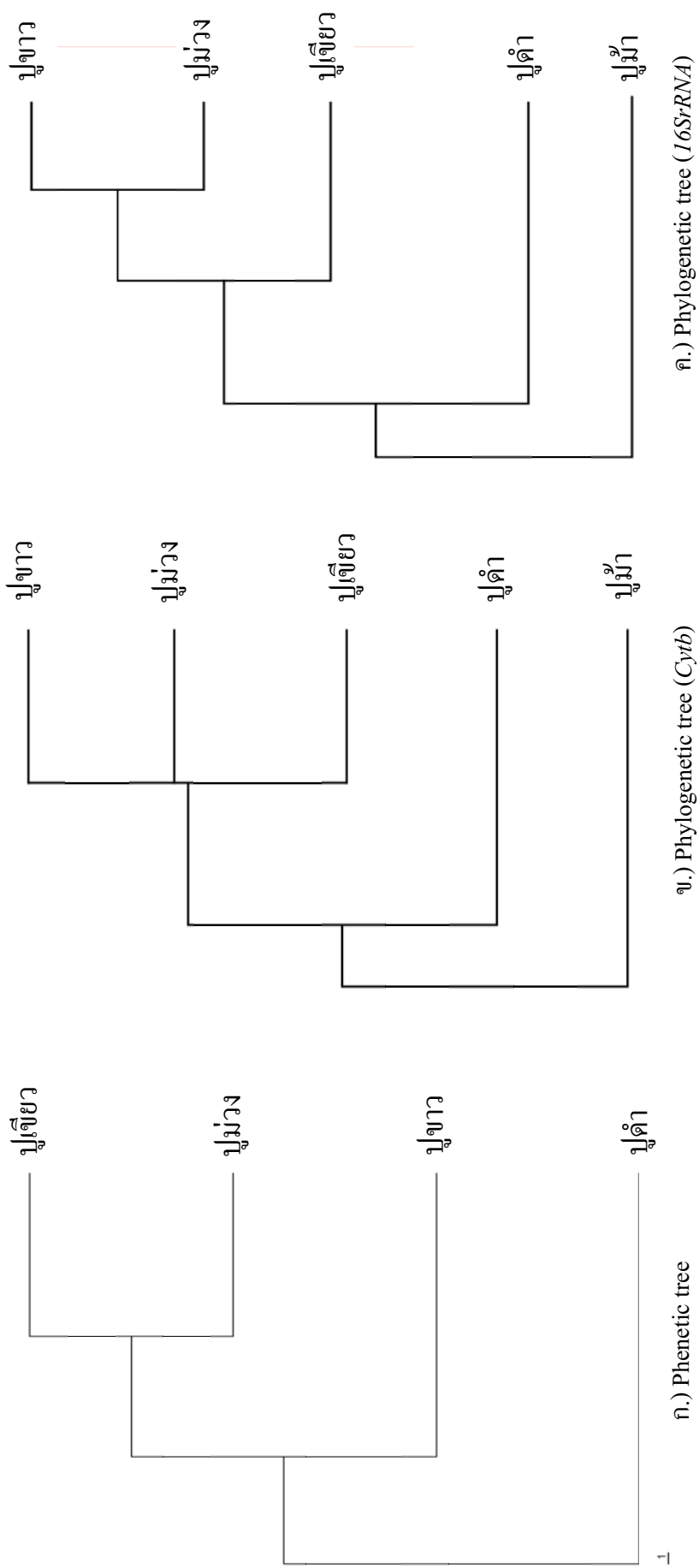
ส่วน Keenan *et al.* (1998) ได้ทำการปรับเปลี่ยนชื่อวิทยาศาสตร์ของปูทั้ง 4 ชนิดใหม่เป็นดังนี้

ปูดำ	เป็น	<i>S. olivacea</i>
ปูขาว	เป็น	<i>S. paramamosain</i>
ปูม่วง	เป็น	<i>S. tranquebarica</i>
ปูเขียว	เป็น	<i>S. serrata</i>

ดังที่ได้วิเคราะห์ไว้แล้วภายใต้หัวข้อ 3.2 ว่า Keenan *et al.*(1998) ใช้ลักษณะต่างๆ 5 ลักษณะในการจำแนกชนิดปูทะเล โดยอาศัยลักษณะ frontal lobe และลักษณะหนามที่ก้าม (carpus and propodus spine) ส่วนอีก 3 ลักษณะเป็น morphometric character ซึ่งก่อให้เกิดความยุ่งยากในการวัด ส่วนลักษณะอื่นๆที่ใช้ก็เป็นลักษณะตามที่ Estampador (1949a) ได้นำเสนอไว้แล้ว แต่ Keenan *et al.* (1998) ได้อ้างปัญหาที่ holotype สูญหายไปและจัดตั้ง neotype ขึ้นมาใหม่และเปลี่ยนชื่อปูเสียใหม่ แต่จุดเด่นของ Keenan *et al.* (1998) คือใช้ข้อมูลทั้ง 3 ชนิด คือ morphology, morphometric และ genetics มาใช้ประกอบกันในการจำแนกชนิดปูทะเล

จากที่กล่าวแล้วทั้งหมดนี้จะเห็นได้ว่าชื่อวิทยาศาสตร์ปูทะเลในประเทศไทยเกิดความสับสนอยู่ การจะเรียกชื่อวิทยาศาสตร์ปูทะเลว่าอย่างไร คงต้องขึ้นอยู่กับเอกสารอ้างอิงที่ใช้ในการจำแนกชนิด สำหรับคณะผู้วิจัยเองไม่อาจให้คำแนะนำทางวิชาการใด ๆ ได้ด้วยเหตุที่ได้กระทำเพียงรวบรวมปูตัวอย่างจากเพียง 3 แหล่งเท่านั้นมาศึกษาและไม่ได้ดำเนินการสอบเทียบลักษณะปูตัวอย่างที่เก็บรวบรวมได้กับ holotype, lectotype หรือ neotype ตามพิพริภันต์ใด ๆ เลย แต่ผู้ทรงคุณวุฒิอยากให้คณะผู้วิจัยเสนอชื่อเรียกทางวิทยาศาสตร์จึงขอเพียงเสนอความเห็นส่วนตัวที่ไม่เป็นวิทยาศาสตร์ดังต่อไปนี้คือ

1. Estampador (1949a) แบ่งปูทะเลเป็น 2 กลุ่ม คือ “banhawin” และ “manosain” กลุ่มแรก คือ ปูว่ายน้ำ ซึ่งน่าจะได้แก่ปูเขียว (*S. oceanica*) การแพร่กระจายของปูเขียวจะอยู่ในบริเวณมหาสมุทรอินเดีย (Indian Ocean) ผ่านช่องแคบมะละกาไปถึงทางเหนือของออสเตรเลีย (Gopurenko, *et al.* 1999- หมายถึงปูเขียวที่เรียกชื่อปูเขียวว่า *S. serrata*) แต่จากการวิจัยนี้จะไม่พบปูเขียวในน่านน้ำภายใน เช่น อ่าวไทย ส่วนกลุ่มหลังคือพวกที่อยู่รูในดิน จึงมีชื่อทั่วไปว่า “mud crab หรือ mangrove crab” ซึ่งน่าจะเป็นปูดำ (*S. serrata*) เหมือนที่เคยใช้ในประเทศไทยมาก่อน



รูปที่ 23 แสดง phylogenetic tree ของปูทะเลจากข้อมูล ก.) ลักษณะ morphometric ข.) ยีน *cytb* และ ค.) ยีน *16S rRNA*

2. Kathirvel and Srinivasagam (1991) ได้รายงานว่าปูทะเลในอ่าวประเทศอินเดียมีเพียง 2 ชนิดคือ ปูดำ (*S. serrata*) และ ปูเขียว (*S. tranquebarica* หรือ synonym *S. oceanica* (Estampador, 1949) ซึ่งตั้งชื่อตามชื่อเมืองที่ค้นพบครั้งแรก Tranquebar (Tarangambadi) ซึ่งน่าจะเป็นเช่นนั้น แต่ปูเขียวได้ถูกเปลี่ยนชื่อมานานแล้ว จึงน่าจะคงไว้เป็น *S. oceanica*

3. ผู้วิจัยไม่เห็นด้วยกับเหตุผลของ Keenan *et al.* (1998) ในการนำชื่อ *S. olivacea* มาใช้แทน *S. serrata* ซึ่งใช้อยู่เดิมด้วยเหตุผลว่า การแพร่กระจายของปูชนิดนี้จะอยู่ทางตะวันออกของอินเดียจนถึงบริเวณ Indo-Malaysian region และตามรูปสีของ Herbst (1796) แต่ specimen หายไปสุดท้าย Keenan *et al.* (1998) จึงตั้ง neotype ขึ้นใหม่ แต่ผู้วิจัยเห็นด้วยกับ Keenan *et al.* (1998) ที่เปลี่ยนชื่อปูขาวด้วยการยกชื่อ variety มาเป็นชื่อ species คือ *S. paramamosain*

ด้วยเหตุผลหลายประการที่กล่าวแล้ว ผู้วิจัยใคร่ขอเรียกชื่อวิทยาศาสตร์ปูทะเลทั้ง 4 ชนิด ตาม Estampador (1949a) และผสมรวมกับการแก้ไขของ Keenan *et al.* (1998) ดังต่อไปนี้

1. ปูดำ *Scylla serrata* (Forsk., 1775)
2. ปูขาว *Scylla paramamosain* (Estampador, 1949)
3. ปูเขียว *Scylla oceanica* (Estampador, 1949)
4. ปูม่วง หรือ ปูทองโหลง *Scylla tranquebarica* (Fabricius, 1798)

4.8 แนวโน้มการนำผลการวิจัยไปใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืน

ซึ่งควรพิจารณาในเรื่องเหล่านี้

1. การผลิตลูกปูเพื่อการเพาะเลี้ยง ช่วงเวลาผ่านมา การเพาะเลี้ยงปูเพียงแต่การนำแม่ปูที่มีไข่อยู่แล้วที่จับมาได้มาฟักไข่ โดยนำแม่ปูที่รวบรวมได้โดยไม่คำนึงชนิด การจัดการอาจมีความคลุมเครืออยู่บ้าง เพราะปูแต่ละชนิดมีชีวประวัติไม่เหมือนกัน แต่ผลการวิจัยที่ได้ก็นำเสนอแนะลักษณะภายนอกที่บอกชนิดปูทะเลที่แน่นอน ดังนั้นการเพาะเลี้ยงแม่พันธุ์ชนิดใดชนิดหนึ่งทำได้แล้ว

2. การเพาะเลี้ยงปูนี้ปูแต่ละชนิดจะมีชีวประวัติและระยะเวลาการลอกคราบที่แตกต่างกัน (ยังไม่มีข้อมูลวิจัย) การเพาะเลี้ยงปูนี้แต่ละชนิดขณะนี้ทำได้แล้ว (ปูดำ หรือปูขาว หรือปูอื่น) เมื่อการจำแนกชนิดได้แน่นอนแล้ว การรวบรวมข้อมูลเฉพาะชนิดจะให้ข้อมูลที่ชัดเจน จึงดำเนินการต่าง ๆ ได้อย่างถูกต้องว่าควรจัดการอย่างไร

3. การจัดการทรัพยากรปูทะเล ซึ่งมีอยู่หลายประเด็น

3.1 การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรปูทะเล ผลการวิจัยนี้ได้เสนอเครื่องหมายพันธุกรรม 2 ชนิด (คือ *Cytb* และ *16S rRNA*) รวมทั้งไพรเมอร์ (primer) เพื่อใช้การศึกษาดังกล่าวได้ ผู้สนใจสามารถนำไปใช้ได้ทันที

3.2 การจำแนกชนิดปูทะเลในช่วงเป็นปูเล็ก ปูเล็กเป็นปูที่มีลักษณะบางลักษณะยังไม่เด่นชัด หรือมี แต่เมื่อเปลี่ยนเป็นปูใหญ่ ลักษณะดังกล่าวจะหายไป ลายร่างแหบนขาเดิน ผลการวิจัยนี้จึงได้นำเสนอ molecular species specific marker 2 ชนิด คือ RELP marker และ DNA barcode (*Cytb* และ *16S rRNA*) แต่ปัญหาว่าจะคุ้มค่าใช้จ่ายในการดำเนินการหรือไม่เป็นอีกประเด็นหนึ่งที่ต้องพิจารณาความสำคัญของงาน แต่คงมิใช่เพื่อการเพาะเลี้ยงชนิดใดชนิดหนึ่งเพียงชนิดเดียว

3.3 การปล่อยลูกปูทะเลลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติ ผลการวิจัยนี้บอกได้ว่าปูทะเลในประเทศไทยมี 4 ชนิด แต่เชื่อว่าผู้ปล่อยปูจะนำเอาลูกปูทุกชนิดไปปล่อยในที่ต่าง ๆ ได้ทุกแห่ง ผลการเก็บตัวอย่างพบว่า ทางฝั่งทะเลอันดามันมีปู 4 ชนิด จันทบุรี-ตราด มีปู 3 ชนิด และสุราษฎร์ธานีมีปู 2 ชนิด เรื่องนี้ไม่ใช่เรื่องบังเอิญของความไม่สมบูรณ์ของการสำรวจ เรื่องแหล่งอยู่อาศัย (habitat) ของปูแต่ละชนิดเป็นเรื่องต้องคำนึงถึง ไม่ใช่ที่ว่าปูทะเลทุกชนิดจะอยู่ในอ่าวไทยได้ทุกบริเวณ การปล่อยลูกปูทะเลในอ่าวไทยตะวันตก ปล่อยได้เพียง 2 ชนิดเท่านั้น คือ ปูดำ และปูขาว จะปล่อยลูกปูชนิดใดที่บริเวณใดต้องคำนึงแหล่งอยู่อาศัยของปูด้วย

5. ข้อสรุป

1. ผลการเก็บรวบรวมตัวอย่างปูทะเลจาก 3 แหล่งคือ จังหวัดจันทบุรี-ตราด จังหวัดระนอง และ จังหวัดสุราษฎร์ธานี โดยสามารถซื้อปูดำจากพม่าได้จำนวนหนึ่งจากแหล่งเก็บตัวอย่างจังหวัดระนอง จำนวน 195 ตัว พบว่า ปูที่รวบรวมได้สามารถจำแนกตามลักษณะภายนอก (ตามสี) ได้เป็น 4 กลุ่ม คือ ปูดำ ปูขาว ปูม่วง และปูเขียว โดยปูดำเป็นปูที่สามารถพบได้จากทุกแหล่งเก็บตัวอย่าง กล่าวได้ว่าเป็นปูที่มีชุกชุมในทุกแหล่งอยู่อาศัย โดยเฉพาะจังหวัดระนอง ปูขาวสามารถพบได้จากทุกแหล่งเช่นเดียวกัน แต่จะพบมากจากแหล่งจันทบุรี-ตราด และสุราษฎร์ธานี ส่วนในจังหวัดระนองจะพบน้อย ปูม่วงสามารถพบได้จาก 2 แหล่งเก็บตัวอย่างคือ จันทบุรี-ตราด และระนอง แต่ไม่พบในจังหวัดสุราษฎร์ธานี ปูม่วงจะพบได้มากใน จังหวัดจันทบุรี-ตราด ส่วนจังหวัดระนองจะพบได้ยากเช่นเดียวกับปูขาว สำหรับปูเขียวนั้นสามารถพบได้จากแหล่งเก็บตัวอย่างเดียว คือ จังหวัดระนอง เป็นปูที่หายากที่สุดในบรรดาปูทะเลทั้ง 4 กลุ่ม

2. ผลจากการเปรียบเทียบลักษณะภายนอกของปูทะเล 4 กลุ่มที่พบในประเทศไทย คือ ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วง พบว่า ในการจำแนกชนิด ไม่พบว่ามีลักษณะใดของปูทะเลที่สามารถจำแนกปูทะเลทั้ง 4 ชนิดออกจากกันได้อย่างชัดเจน แต่จำเป็นต้องใช้ลักษณะมากกว่า 1 ลักษณะ โดยพบว่าปูทะเลสามารถจำแนกความแตกต่างได้จาก ลายร่างแห (polygonal pattern) บนขาว่ายน้ำและขาเดิน รูปร่างของหนามระหว่างตา และ สัณฐานด้านนอกของก้าม โดยจากตัวอย่างที่รวบรวมได้แสดงให้เห็นว่า ถึงแม้จะใช้ลักษณะที่ไม่ใช่โครงสร้างแข็ง (hard anatomy) เช่นกรณีของลายร่างแห หรือสัณฐานด้านนอกของก้าม ก็สามารถจำแนกกลุ่มปูได้อย่างแม่นยำ เนื่องจากไม่พบว่าลักษณะเหล่านี้เปลี่ยนแปลงตามถิ่นอาศัย โดยลักษณะดังกล่าวนี้พบได้จากปูจากทุกแหล่งที่รวบรวมได้

3. ผลการวิเคราะห์ความแตกต่างของลักษณะ morphometric ด้วยการวิเคราะห์ CVA และ Mahalanobis' Distance แสดงให้เห็นว่า ปูทะเลในประเทศไทยแบ่งเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มปูดำ กลุ่มปูขาว กลุ่มปูเขียว และกลุ่มปูม่วง ผลของ CVA แสดงให้เห็นว่าลักษณะ morphometric สามารถแบ่งปูออกเป็นกลุ่มที่แต่ละกลุ่มมีขอบเขต และแยกตัวออกจากปูกลุ่มอื่น ๆ อย่างชัดเจน ในขณะที่ Mahalanobis' Distance แสดงให้เห็นความแตกต่างของลักษณะ morphometric ภายในกลุ่มที่ต่ำกว่าความแตกต่างระหว่างกลุ่มอย่างชัดเจน จากผลที่ได้จากวิเคราะห์ดังกล่าวนี้แสดงให้เห็นว่าปูแต่ละกลุ่มที่มีอยู่ควรถูกจัดให้มีสถานะเป็นชนิด (species)

4. ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วงที่รวบรวมจากแหล่งปู 3 จังหวัดจำนวน 74 ตัว และปูม้า 10 ตัว ถูกนำมาสกัด total DNA เพื่อใช้สำหรับการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยอาศัยวิธี PCR (polymerase chain reaction) การเพิ่มปริมาณยีน *Cytb* ในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ SS1 และ SS11 ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,700 นิวคลีโอไทด์ สำหรับปูม้า การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ SS1 และ SS10 ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดประมาณ 4,000 นิวคลีโอไทด์ ภายหลังการทำให้บริสุทธิ์แล้ว PCR product ถูกส่งไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่บริษัทให้บริการ เมื่อกำหนดตำแหน่งแล้ว พบว่ายีน *Cytb* มีขนาด 1,135 นิ

วคลีโอไทด์ ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของปูดำ ปูขาว ปูเขียว ปูม่วงและ ของปูม้าซึ่งใช้เป็น outgroup ถูกนำมาใช้วิเคราะห์ nucleotide divergence และ phylogenetic relationship ซึ่งผลทั้งสองส่วนนี้ยืนยันตรงกันว่า ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วง มีสถานะที่เป็นชนิด หรือ reproductively isolated species

การเพิ่มปริมาณยีน *16S rRNA* ได้จากการทำ PCR โดยอาศัยไพรเมอร์ SS19 และ SS20 ผลปรากฏว่าได้ PCR product ขนาดประมาณ 1,700 นิวคลีโอไทด์เช่นเดียวกัน ภายหลังจากนั้นได้ดำเนินการเช่นเดียวกับกรณียีน *Cytb* ผลปรากฏว่าได้ยีน *16S rRNA* ของปูดำ ปูขาว ปูเขียว ปูม่วง และ ของปูม้า มีขนาด 1,446 นิวคลีโอไทด์ แต่ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *16S rRNA* ได้คุณภาพต่ำกว่าที่คาดไว้ แต่เมื่อไปวิเคราะห์ nucleotide divergence และ phylogenetic relationship โดยใช้ปูม้าเป็น outgroup เช่นเดียวกัน และให้ผลยืนยันเช่นเดียวกับกรณียีน *Cytb* กล่าวคือ ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และปูม่วงควรมีสถานะเป็นชนิด ทั้งข้อมูล *Cytb* และ *16S rRNA* สามารถนำมาใช้เป็น DNA barcode เป็นอย่างดี

5. การพัฒนา species-specific markers เพื่อการจำแนกชนิดปูทะเล โครงการวิจัยได้พัฒนาเครื่องมือที่ใช้ในการจำแนกชนิดปูทะเลในห้องปฏิบัติการ โดยนำเอา PCR product ของยีน *Cytb* ไปตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *RsaI* ผลปรากฏว่าปูชนิดต่างๆมีเครื่องหมายโมเลกุลเป็นชิ้นดีเอ็นเอดังนี้ คือ ปูดำ มี ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 0.95, 0.53 และ 0.29 kb ปูเขียว มี ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 0.98 และ 0.60 kb ปูม่วง มี ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 1.80 kb และ ปูขาว คือ ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 0.80, 0.58, 0.39 และ 0.30 kb

6. การเรียกชื่อวิทยาศาสตร์ของปูทะเล ด้วยเหตุผลต่างๆที่วิจารณ์ไว้แล้ว ผู้วิจัยใคร่ขอเรียกชื่อวิทยาศาสตร์ของปูทะเลโดยยึดตาม Estampador (1949a) และการปรับปรุงของ Keenan *et al.* (1998) ดังนี้

- 1.ปูดำ *Scylla serrata* (Forsk., 1775)
- 2.ปูขาว *Scylla paramamosain* (Estampador, 1949)
- 3.ปูเขียว *Scylla oceanica* (Estampador, 1949)
- 4.ปูม่วง หรือ ปูทองโหลง *Scylla tranquebarica* (Fabricius, 1798)

7. แนวโน้มการนำผลการวิจัยไปใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืน ผลการวิจัยนี้อาจนำไปประยุกต์ใช้ การผลิตลูกปูเพื่อการเพาะเลี้ยง การเพาะเลี้ยงปูน้ำ และการจัดการทรัพยากรปูทะเล ได้อย่างมีประสิทธิภาพแล้วหลายประเด็น

6. ข้อเสนอแนะ

ถึงแม้ว่าผลการศึกษาวิจัยของโครงการนี้ได้บรรลุตามวัตถุประสงค์ที่วางไว้ก็ตาม แต่ก็มีคำถามที่น่าสนใจเกิดขึ้นระหว่างการดำเนินการ โดยมีประเด็นที่น่าสนใจและสมควรจะได้มีการวิจัยเพิ่มเติมเพื่อใช้ประโยชน์ในการจัดการทรัพยากรปูทะเล ดังต่อไปนี้

1. ข้อเสนอแนะสำหรับการจำแนกชนิดปูทะเลจากผลการวิจัยนี้ได้จากการศึกษาปูทะเลขนาดใหญ่(ขนาดกว่า 200 กรัม) ดังนั้นการจะนำไปใช้จำแนกปูขนาดเล็กอาจมีปัญหาได้ ซึ่งลักษณะภายนอกของปูขนาดเล็กอาจแตกต่างไปจากลักษณะของปูขนาดใหญ่ก็ได้ ซึ่งขณะนี้ยังไม่มีข้อมูลเลย

2. การพัฒนา species-specific markers ยังไม่สมบูรณ์มากนัก เพราะยังเป็น RFLP markers ซึ่งต้องใช้ 2 ขั้นตอน ควรจะพัฒนาให้เหลือเพียงขั้นตอนเดียว คือ polymerase chain reaction (PCR) ควรจำแนกชนิดได้ทันที เมื่อทราบผล PCR product ซึ่งพัฒนาต่อยอดได้จากข้อมูลในส่วนของยีน *Cytb* หรือ *16S rRNA*

3. ในการจัดการทรัพยากรปูทะเลในอนาคต จะต้องมีความรู้เรื่องพันธุศาสตร์ประชากรของปูทะเล ผลจากการวิจัยนี้สามารถนำไปศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของปูทะเลได้เป็นอย่างดี จึงใคร่ขอเสนอแนะกับ สกว. ว่าควรให้การสนับสนุนการวิจัยพันธุศาสตร์ประชากรของปูทะเลให้ตลอดทั้งชายฝั่งทะเลของประเทศไทย ทั้งนี้เพราะจากข้อมูลที่ได้ขณะนี้ปรากฏว่ามีการเคลื่อนย้ายปูทะเลเพื่อการเพาะเลี้ยงอย่างกว้างขวาง ส่งผลให้เกิดการปนเปื้อนทางพันธุกรรมของปูทะเลจากแหล่งพันธุกรรมอื่น อันอาจส่งผลกระทบต่อแหล่งพันธุกรรมในอนาคตได้

บรรณานุกรม

- ชูชาติ ชัยรัตน์ และ บุณย์ แก้วฤทธิ์. 2522. การแบ่งกลุ่มปูทะเล, น. 29-47. รายงานประจำปี สถานีประมงจันทบุรี. กรมประมง, กรุงเทพฯ.
- นวลมณี พงศ์ธนา สุภาพ ไพโรพนาพงษ์ กฤตพล ยังวนิชเศรษฐ เบญจพร สัมฤทธิ์เวช เครือมาส สมปอง และ อำนาจ อุณหฤกษ์. 2547. โครงการวิจัยและพัฒนการผลิตปูทะเลเชิงการค้า. เอกสารประกอบการสัมมนา ณ. โรงแรมมารวยการ์เด็น, กรุงเทพฯ. 19 กรกฎาคม 2547.
- บรรจง เทียนสังข์ศรี และ บุญรัตน์ ประทุมชาติ. 2545. ปูทะเล ชีววิทยา การอนุรักษ์ทรัพยากร และการเพาะเลี้ยงในเชิงพาณิชย์แบบยั่งยืน. โรงพิมพ์ดอกเบี๋ย, กรุงเทพฯ. 264น.
- Afifi, A.A. and V. Clark. 1996. **Computer-aided Multivariate Analysis**. Chapman & Hall, UK.455p.
- Avise, J.C., 1994. **Molecular markers, natural history and evolution**. Chapman & Hall, NY.
- Boore, J.L. 1999. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Res.* 27:1767-1780.
- Chu, K.H., J. Tong and T.-Y. Chan. 1999. Mitochondrial cytochrome oxidase I sequence divergence in some Chinese species of *Charybdis* (Crustacea: Decapoda: Portunidae). **Biochemical Systematics and Ecology** 27: 461-468.
- Creech, S. 1992. A multivariate morphometric investigation of *Atherina boyeri* Risso, 1810 and *A. presbyter* Cuvier, 1829 (Teleostei: Atherinidae): morphometric evidence in support of the two species. **J. Fish Biol.** 41: 341-353.
- Daniels, S.R., B.A. Stewart , G. Gouws, M. Cunningham and A. Matthee. 2002. Phylogenetic relationships of the southern African freshwater crab fauna (Decapoda: Potamonautidae: *Potamonautes*) derived from multiple data sets reveal biogeographic patterning. **Mol. Phylogenet. Evol.** 25:511-523.
- Estampador, E.P. 1949a. Studies on *Scylla* (Crustacea: Portunidae) I. Revision of the genus. **Philipp. J. Sci.** 78: 95-108.
- _____ 1949b. *Scylla* (Crustacea: Portunidae) II. Comparative studies on spermatogenesis and oogenesis. **Philipp. J. Sci.** 78: 301-353.
- Felsenstein, J. 2004. **PHYLIP (phylogeny inference package) version 3.63**. <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>.
- Fuseya, R. and S. Watanabe. 1996. Genetic variability in the mud crab genus *Scylla* (Brachyura: Portunidae). **Fisheries Sci.** 62: 705-409.
- Gopurenko, D., J.M. Hughes, C.P. Keenan. 1999. Mitochondrial DNA evidence for rapid colonisation of the Indo-West Pacific by the mudcrab *Scylla serrata*. **Marine Biol.** 134: 227-233.

- Hebert, P.D.N., E.H. Penton, J.M. Burns, D.H. Janzen, and W. Hallwachs. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. **PNAS** 101:14812-14817.
- Harrison, M.K. and B.J. Crespi. 1999. Phylogenetics of *Cancer* crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura). **Mol. Phylogenet. Evol.** 12: 186-199.
- Imai, H. and K.-I. Numachi. 2002. Intra- and interspecific genetic variability and relationships among mud crab, *Scylla* spp. (Decapoda: Portunidae). Demonstrated by RFLP analysis of mitochondrial DNA. **J. Anim. Genet.** 29: 3-11.
- Jobson, J.D. 1992. **Applied Multivariate Data Analysis**. Springer-Verlag Inc., New York. 731 p.
- Kathirvel, M. and S. Srinivasagam. 1991. **Taxonomy of the Mud Crab, *Scylla serrata* (Forsk.)**, From India of the central institute of Brackishwater Aquaculture, Madras 200 028 Mud crab. Report on the Seminar Convened In Surat Thani, Thailand, November 5-8. BOBP/REF/51.
- Keenan, C.P., P.J.F. Davie and D.L. Mann. 1998. A revision of the genus *Scylla* DE HAAN, 1833 (Crustacea: Decapoda: Brachyura: Portunidae). **Raffles Bull. Zool.** 46: 217-245.
- Klinbunga, S., A. Boonyapakdee and B. Pratoomchat. 2000. Genetic diversity and species-diagnostic markers of mud crabs (Genus *Scylla*) in eastern Thailand determined by RAPD analysis. **Mar. Biotechnol.** 2: 180-187.
- Klingenberg, C.P., M. Barluenga and A. Meyer. 2003. Body shape variation in cichlid fishes of the *Amphilophus citrinellus* species complex. **Biological Journal of the Linnean Society** 80: 397-408.
- Kumar, S., K. Tamura and M. Nei. 2004. MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment. **Briefings in Bioinformatics** 5:150-163.
- Maggioni, R., A.D. Rogers, N. Maclean and F. D'Incao. 2001. Molecular phylogeny of Western Atlantic *Farfantepenaeus* and *Litopenaeus* shrimp based on mitochondrial 16S partial sequences. **Mol. Phylogenet. Evol.** 18: 66-73.
- Meyer, A. 1993. **Evolution of mitochondrial DNA in fishes**. In Molecular biology frontiers. Edited by, P.W. Hochachka and T.P. Mommsen. Elsevier science publishers, Netherlands.
- Overton, J.L., D.J. Macintosh and R.S. Thorpe. 1997. Multivariate analysis of the mud crab *Scylla serrata* (Brachyura: Portunidae) from four locations in Southeast Asia. **Marine Biol.** 128: 55-62.

- Parnaby, H.E. 2002. A new species of long-eared bat (*Nyctophilus: vespertilionidae*) from new Caledonia. **Australian Mammalogy** 23: 115-124.
- Pfeiler, E., L.A. Hurtado, L.L. Knowles, J. T.-Cosio, L. B.-Moreno, J.F. M.-Farias and G.M.-Lopez. 2005. Population genetics of the swimming crab *Callinectes bellicosus* (Brachyura: Portunidae) from the eastern Pacific Ocean. **Mar. Biol.** 146: 559-569.
- Posada, D. and K.A. Crandall. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. **Bioinformatics** 14: 817-818.
- Reuschel., S. and C.D. Schubart. 2005. Phylogeny and genographic differentiation of Atlanto-Mediterranean species of the genus *Xantho* (Crustacea: Brachyura: Xanthidae) base on genetic and morphometric analysis. **Marine Biol.** 148: 853-566.
- Rozas, J., J.C. Sanchez-Delbarrio, X. Messeguer and R. Rozas. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analysis by the coalescent and other methods. **Bioinformatics** 19: 2496-2497.
- Siddall,M.E. and R.B. Budinoff.2005. DNA-barcoding evidence for widespread introductions of a leech from the South American *Helobdella triserialis* complex. **Conservation Genet.** 6:467-472.
- Stephenson, W. and B. Campbell.1960. The Australian portunids(Crustacea: Portunidae). IV. Remaining genera. **Aust. J. Mar. Freshw. Res.** II(I) 73-122.
- Stillman, J. and C.A. Reeb. 2001. Molecular Phylogeny of Eastern Pacific Porcelain Crabs, genera *Petrolisthes* and *Pachycheles*, based on the mtDNA 16S rDNA sequence: phylogeographic and systematic implication. **Mol. Phylogenet. Evol.** 19: 236-245.
- Swofford, D.L. 202 PAUP^{*}. Phylogenetic Analysis using parsimony (^{*} and other methods). Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Suvatti, C. 1950. **Fauna of Thailand**. Department of Fisheries, Bangkok.
- Tang, Q., H. Liu., R. Mayden and B. Xiong. 2005. Comparison of evolutionary rates in the mitochondrial DNA cytochrome b gene and control region and their implications for phylogeny of the Cobitoidea (Teleostei: Cypriniformes). **Mol. Phylogenet. Evol.** (In press).
- Thompson, J.D., Higgins, D.G. and Gibson, T.J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucleic Acids Res.** 22:4673-4680.
- Zardoya, R. and A. Meyer. 1996. Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates. **Mol. Biol. Evol.** 13: 933-942.

ภาคผนวก

(ตัวอย่างลำดับดีเอ็นเอ)

>BB01-Cytb

ATGACAACACCCATACGAAAACCTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTAAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGAGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTCGGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACTTTC
CATTTTGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCCTCCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGAGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCCTAATAAACCCTGGAGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTCTACCCCTCTAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGACAGGTCTTAACGTGCACCTATTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAGATGAGATAAAATACTAAAA

>BB02-Cytb

ATGACAACACCCATACGAAAACCTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTAAATTGATATACCTCTCCCTCGAACATTTCTACTTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATGCACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTCGGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCATATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACTTTC
CATTTTGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCCTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCCTAATAAACCCTGGAGGGGTAATTGCCTTGGTTGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTCTACCCCTCTAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGACAGGTCTTAACGTGTACCTATTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAGATGAGATAAAATACTAAAA

>BB03-Cytb

ATGACAACACCCATACGAAAACCTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTAAATTGATATACCTCTTCCCTCGAACATTTCTACTTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATGCACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTCGGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCATATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACTTTC
CATTTTGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCCTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCCTAATAAACCCTGGAGGGGTAATTGCCTTGGTTGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTCTACCCCTCTAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGACAGATCTTAACGTGTACCTATTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAGATGAGATAAAATACTAAAA

>BB05-Cytb

ATGACAACACCCATACGAAAACCTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTAAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTCGGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTAGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACTTTC
CATTTTGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCCTCCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGAGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCCTAATAAACCCTGGAGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTCTACCCCTCTAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGGCAGGTCTTAACGTGCACCTATTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAGATGAGATAAAATACTAAAA

>BB14-Cytb

ATGACAACACCCATACGAAAACCTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTAAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTCGGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACTTTC
CATTTTGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCCTCCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCCTAATAAACCCTGGAGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTCTACCCCTCTAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGGCAGGTCTTAACGTGCACCTATTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAGATGAGATAAAATACTAAAA

ATGACAACACCCATACGAAAACCTCACCCCTTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCGAACATTTCTACTT
TTTGAACATTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGAGACTAATTTCTAGCTATGCACATACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTTCTAGTAGTACGTCTAATTTGCCGAGATGTAATAATTACGGTCTACTTCTCGGACATGTCATGCCAATGGGGCATCATTTTTCT
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGTGGGGAGCTTATATACGGCTCTTATAAACCCTCCATGCTGTAATAGTTGGAGTAATAACTTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCATATATTTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACTCGATTTTTTCACCTTC
CATTTTGGTTCTCCCTTTTATTATTGCCGCAATACTATTATTATCATCTTTTTCTTCATCAGTCCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTTT
CAAGCAACCTTGACAAAGTCCCTTTTCATCCTCACTTTACATTTAAAGATTTGAGGGTTATTGTTATATTACTATCTATTAGCTCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGGACCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCTGCTCATATTCAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTATGCAATTCTTCGGTCAATTCTTAACAAACTTGGAGGGTAATTGCCTTGGTTGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACTTTTTACCACGCTTCAAATTTTGAAGTCTTACATTTACCCTTCAAATCAAATTATATTTTGAAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTTGGTCCCGACCTTTGCGAAGAACCTTATGTTCTTACAGGACAGGTCCTAACTGTTACCTATTTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCAAGAATGAGATAAAATACTAAAT

ATGACAACACCCATACGAAACCTCACCCCTTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCGAACATTTCTACTT
TTTGAACATTTGGATCTCTACTAGGTTATGTTTAGTTATTTCAAATCGCCACAGAGCATTTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTTGA
TTTAGCACTTTTCTAGTAGTACTCATATATTTGCCGAGATGTAAATACGGCTGACTTCTTCGGAGTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTCT
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGTGGGGCATTTATTAGCGCTCTTATAAACCCTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCATATATTTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGAATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACTCGATTTTTCACCTTC
CATTTTGTCTCCCTTTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTATATCTTTTTCTCTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAATTTGACAAAGTCCCTTTTCTCATCTTATCTTTACATTTAAAGATATTGAGGTTTATTGTTATTTATTACATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAAACCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTACGCCCGGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTTCTCGGTCAATTTCTTAACAAACTTGGAGGGTAATTGCCTTGGTTGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTTACCACAGCTTCAAATTTTGGAAGTCTTACATTTTACCCTCTAAATCAAATTATATTCTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAAATGGTGCCGACCTTTCGGAAGAACCTTATGTTCTTACAGGACAGATCTTAACCTGTTACCTATTTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTATAAGTAGAGATAAAATACTAAAT

ATGACAACACCCATACGAAAACCTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAACAACTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTT
TTTGAACATTTGGATCTCTGCTAGGGTATTGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACATATTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCACTTCTATAGTAGTCTCATATTGTCGGAGATGTAATAATACGGCTGACTTCTCGGACTATGCATGCCAATGGAGACATATTTTTT
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGTGGGGAGCTTATATACGGCTCTTATAAACCTTCCATGCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACTCGATTTTTCACCTTC
CATTTTGGTCTCCCTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTATCATATCTTTTTCTCCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGGTT
CAAGGCAACTTGCACAAAGTCCCTTTTCATCTTACTTTACATTAAAGATATTTGAGGTTTATTGTTATTTATTCATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAAACCCATCTCTTAGGAGACCCCGATAATTTTATAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCTGCTCATATTACGCCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGGTCAATTCTTAATAAACTTGGGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTACCCACGCTTCAAATTTTGCAGAGCTTACATCTTACCCTCAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTTGGTGGCCGACCTTTCGGAAGAACCTTATGTTCTTACAGGACAGGCTTAACTGTCACCTATTTCTCCCTCTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTAAGTAGAGATAAAATACTAAAT

ATGACAACACCCATACGAAAACCTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTT
TTTGAACATTTGGATCTCTGCTAGGGTATTGTTTAGTTATTTCAAATCGCCACAGGACATTTTCTAGCTATACACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCACTTCTAGAGTAGCTCATATTGTCGGAGATGTAATAATACGGCTGACTTCTTCGGAGATATGCATGCCAATGGAGACATCATTTTTT
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGTGGGGCATTTATATACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGAATTTTTCACCTTC
CAATTTGTTCTCCCTTTTATTATTGCCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTCCCTCCATCAGTCGGGTGCTAACACACCCCTGGGCGTTT
CAAGCACAATTGACAAAGTCCCTTTTCATCCTTACTTACATTTAAAGATATTGGTAGGTTTATTGTTATATTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTTTAAACCCCTATCTCTTAGGACCCCGGATAATTTTATTAGAGCTAATCCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCTTCGTCAATTCTTAATAAACTTGGGGGGTAATTGCCTTGGTCGATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTTACCACCGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATTTTACCCTCTAAATCAAATTATATTTTGGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCAGTTGAATTTGGTCCCGACCTTGTGCAAGAACCTTATGTTCTTACAGGACAGGCTTAACTGTACCTATTTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATGAAGAATGAGATAAAATACTAAAT

ATGACAACACCCATACGAAACCTCACCCCTTTATTCAAATTTGTTAAACAACCTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCGAACATTTCTACTT
TTTGAACATTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTAATCAAATCGCCACAGGACATAATTTCTAGCTATGCATACACTGCTCATATTGA
TTTAGCAATTTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATAATACGGCTGACTTCTTCGGAGTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTT
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCCGTGGGGCATTTATTAACGGCTCTTATAAACCCTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCATATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACTCGATTTTTCACATTTT
CATTTTGGTTCTCCCCTTTTATTATGCCGCAATAACTATTATTTTCATATCTTTTTCTTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCAACTTTGACAAGTCCCTTTTCACTCTTATTACATTTTAAAGATATTGAGGTTTATTGTTATATTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATTAGAGCTAACTCCTTTAGTAACCTCCTGCTCATATTCAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTTCTTCGTCAATTTCTTAACAACTTTGGAGGGTAATTGCCTTGGTTGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACTTTTACCACAGCTTCAAATTTGCGAAGTCTTACATTTACCCCTCAAATCAAATTATATTTTGAGTTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTTGGTCCCGACCTTGTCGAGAAGCTTATGTTCTTACAGGACAGGCTTAACTATTACCTATTTCTCCCCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTATAAGTAGAGATAAAATACTAAAT

ATGACAACACCCATACGAAACTTCACCCCTTATTCAAATTTGTTAACTCTTTAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTT
TTTGAACCTTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATGCACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTCTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAATACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTGCGGGCATTTATTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCTTAT

TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTTATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACTCGATTTTTCACCTTTC
CATTTTGGTTATCCCTTTATATTGCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTGATAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAAATTTTATAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCGCTCATATTCAGCCCGAATGA
TACTTCTTATTTGCTTACGCAATTCCTCGGTCAATTCCTAATAAACTTGGGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATCAGTAGCAATTATTATAA
TTTTACCTTTCACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATCTACCCTCTAAATCAAATATATTTTGGAGTCTAGTCTAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGACAGGTCTTAACGTGCACCTATTTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAAGATGAGATAAAATACTAAAA
>TB49-Cytb
ATGACAACACCCATACGAAAACCTCACCCCTTATTCAAATGTTTAACAACCTCTTAATTGATATACCTCTTCCCTCAAACATTTCTACTT
TTTGAAACCTTGGATCTCTGCTAGGGTTATGTTTAGTTATTCAAATCGCCACAGGACTATTTCTAGCTATGCACTACACTGCTCATATTGA
TTTAGCATTTCTTAGAGTAGCTCATATTTGCCGAGATGTAAATTACGGCTGACTTCTTCGGACTATGCATGCCAATGGGGCATCATTTTTC
TTTATCTGTCTCTATATCCATATCGGTGCGGGTATTATTTACGGCTCTTATATAACCTTCCATGCCTGAATAGTTGGAGTAGTAATCCTTAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTACGTTCTCCCGTGAGGACAAATATCATTCTGGGGTGCTACCGTCACTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGTACAGACCTCGTCCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGATTTTTCACCTTC
CATTTTGTTCCTCCCTTTATTATTGCGCAATAACTATTATTCATATCTTTTTCCTTCATCAGTCGGGTGCTAACAAACCCCTGGGCGTTT
CAAGCCAACCTTGACAAAGTCCCCTTTCATCCTTACTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTACTATCTTATTGATCTT
ATCCCTTCTTAACCCCTATCTCTTAGGGGACCCCGATAATTTTATAGAGCTAATCCTTTAGTAACCTCGCTCATATTACGCCGAATGA
TACTTCTTATTTGGTTACGCAATTCCTCGGTCAATTCCTAATAAACTTGGGGGGTAATTGCCTTGGTCGCATAGTAGCAATTATATATAA
TTTTACCTTTCACCCACGCTTCAAATTTTCGAAGTCTTACATCTACCCTCTAAATCAAATATATTTTGGAGTCTAGTCTCAGTCTTAGT
TCTTCTCACTTGAATTGGTGCCCGCCTGTGGAAGAACCCTATGTTCTTACAGGACAGGTCTTAACGTGCACCTATTTCTCCCTCTTTATT
ATCAATCCGCTCCTACTCATAAGATGAGATAAAATACTAAAA
>RG06_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAATTCATCCTTTATTTAAAATGTTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTACTAGGTTTATGTTTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGCTCATATTGA
TCTAGCATTTCTTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAAACTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTC
TTTATCTGTCTTTATATTATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCTTATATAAATTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATCCTTAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTTTTATTATTGCAGCAATAACTATTATTCACATCTTCTTTTACATCAATCGGGTGCTAATAACCCCTGGGTGTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTTACACTCTTGTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAATTTTATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTCACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAACTTTTATCCACTAAACCAAATTATATTTTGGAGTTTGGTTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTACCTATTTTTCCCTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTATAAGATGAGATAAAATATTAATA
>RG07_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAATTCATCCTTTATTTAAAATGTTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTACTAGGTTTATGTTTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGCTCATATTGA
TCTAGCATTTCTTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAAACTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTC
TTTATCTGTCTTTATATTATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCTTATATAAATTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATCCTTAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGGGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTTTTATTATTGCAGCAATAACTATTATTCACATCTTCTTTTACATCAATCGGGTGCTAATAACCCCTGGGTGTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTTACACTCTTGTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAATTTTATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTCACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAACTTTTATCCACTAAACCAAATTATATTTTGGAGTTTGGTTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTACCTATTTTTCCCTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTATAAGATGAGATAAAATATTAATA
>RG10_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAATTCATCCTTTATTTAAAATGTTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTACTAGGTTTATGTTTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGCTCATATTGA
TCTAGCATTTCTTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAAACTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTC
TTTATCTGTCTTTATATTATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCTTATATAAATTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATCCTTAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTTTTATTATTGCAGCAATAACTATTATTCACATCTTCTTTTACATCAATCGGGTGCTAATAACCCCTGGGTGTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTTACACTCTTGTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAATTTTATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTCACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAACTTTTATCCACTAAACCAAATTATATTTTGGAGTTTGGTTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTACCTATTTTTCCCTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTATAAGATGAGATAAAATATTAATA
>RG15_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAATTCATCCTTTATTTAAAATGTTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTACTAGGTTTATGTTTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGCTCATATTGA
TCTAGCATTTCTTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAAACTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTC
TTTATCTGTCTTTATATTATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCTTATATAAATTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATCCTTAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTTTTATTATTGCAGCAATAACTATTATTCATATCTTCTTTTGCATCAATCGGGTGCTAATAACCCCTGGGTGTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTATTGTTATATTTTACACTCTTGTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAATTTTATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTCACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAACTTTTATCCACTAAACCAAATTATATTTTGGAGTTTGGTTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTACCTATTTTTCCCTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTATAAGATGAGATAAAATATTAATA

TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCCTGTAGAAGAACCCATATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTCACCTATTTTTCCCTTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTTATAAGATGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RG38F_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAAATTCATCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTGCTAGGTTTATGTTTGTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGGTCATATTGA
TCTAGCATTCTCTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAACCTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTC
TTTATCTGCTTTATATTCATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCCTATATAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACACTCTTGTTAAATTTT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTCTTTTATTTATTCGAGCAATAACTATTATTTCACATCTTCTTTTTACATCAATCGGGTGCTAGTAACCCCTCGGGTGCTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACACTCTTGTTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTTACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAAACATTTTATCCACTAAACCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTCACCTATTTTTCCCTTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTTATAAGATGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RW07g_Cytb
ATGGCAATACCTATACGAAAAATTCATCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTCTAATTGACATACCCCTACCTTCAAATATCTCTACTT
TTTGAAATTTTGGATCATTACTAGGTTTATGTTTGTAGTTATCCAAATTGCTTCTGGTCTATTTTTAGCGATACATTATACGGGTCATATTGA
TCTAGCATTCTCTAGGGTTGCCACATTTGCCGAGATGTAACCTATGGATGACTACTCCGAACAATACATGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCTTTTATATTCATATTGGCCGAGGAATTTACTATGGTTCCTATATAAAGTATTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATCTTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTCCCATGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCAACTGTTATTACTAATCTCTTTTC
AGCTATCCCATACATTGGTACAGACCTTGTACAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTCGATAATGCTACATTAACCTCGATTCTTTACCTTC
CATTTCTGTTCTTCTCTTTTATTTATTTGAGCAATAACTATTATTTCACATCTTCTTTTTACATCAATCGGGTGCTAATAACCCCTGGGTGCTCT
CAAGACAATTAGATAAAGTACCCTTCCATCCTTATTTTACATTTAAAGATATTGTAGGGTTTATTGTTATATTTACACTCTTGTTAAATTTT
ATCTCTTCTTAAACCCATACTTATTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATTAGAGCTAATCCATTAGTTACTCCCGCGCATATTACGCCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTACGCTATTCTCCGCTCAATCCCAAATAAACTTGGAGGGGTAATTGCTTTGGTTGCTTCTGTAGCAATTATCATAA
TTTTACCTTTTACCTCATGTTTCAAATTTCCGTAGATTAAACATTTTATCCACTAAACCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTGTTAAT
TCTTCTAACTTGAATTGGAGCTCGGCCTGTAGAAGAACCCTATGTTGTTACAGGTCAAATTTTAACTGTCACCTATTTTTCCCTTTTTATT
ATTAATCCACTATTACTTTATAAGATGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RV01-Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAACTCACCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTTTAATTGATATACCCCTTCCTTCAAATATTTCTACCT
TCTGAAATTTTGGATCTTTACTAGGTTTATGTTTGTAGTGATCCAAATTGCTACTGGCTTATTTTTAGCAATACACTATACTGCTCATATTGA
CTTAGCATTTTCTAGAGTTGCTCATATTTGCCGAGATGTAATATTATGGATGACTTCTCCGAACAATACACGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCCTCTATATTCATATTGGACGAGGTATTTATTATGGTTCCTATATAAAGTATTTTACGCTTGAATAGTAGGAGTAGTTATCCTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCCTATTTTC
AGCTATTCCTTATATTTGGGACAGACCTTGTTCATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACTCGATTTTTTACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATTTATTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAACCTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCTCTTCTTAAACCCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACCTCTGCTCATATTCAACCAGAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGTCATTTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTATATA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATTCFACCCCTTAAATCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTAATTACAGGACAAATCTTAACTATTACTTACTTTTTCTCTATTTATT
ATTAACCCTTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RV02-Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAACTCACCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTTTAATTGATATACCCCTTCCTTCAAATATTTCTACCT
TCTGAAATTTTGGATCTTTACTAGGTTTATGTTTGTAGTGATCCAAATTGCTACTGGCTTATTTTTAGCAATACACTATACTGCTCATATTGA
CTTAGCATTTTCTAGAGTTGCTCATATTTGCCGAGATGTAATATTATGGATGACTTCTCCGAACAATACACGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCCTCTATATTCATATTGGACGAGGTATTTATTATGGTTCCTATATAAAGTATTTTACGCTTGAATAGTAGGAGTAGTTATCCTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCCTATTTTC
AGCTATTCCTTATATTTGGGACAGACCTTGTTCATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACTCGATTTTTTACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATTTATTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAACCTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCTCTTCTTAAACCCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACCTCTGCTCATATTCAACCAGAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGTCATTTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTATATA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATTCFACCCCTTAAATCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTAATTACAGGACAAATCTTAACTATTACTTACTTTTTCTCTATTTATT
ATTAACCCTTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RV11-Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAACTCACCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTTTAATTGATATACCCCTTCCTTCAAATATTTCTACCT
TCTGAAATTTTGGATCTTTATTAGGTTTATGTTTGTAGTGATCCAAATTGCTACTGGCTTATTTTTAGCAATACACTATACTGCTCATATTGA
CTTAGCATTTTCTAGAGTTGCTCATATTTGCCGAGATGTAATATTATGGATGACTTCTCCGAACAATACACGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCCTCTATATTCATATTGGACGAGGTATTTATTATGGTTCCTATATAAAGTATTTTACGCTTGAATAGTAGGAGTAGTTATCCTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCCTATTTTC
AGCTATTCCTTATATTTGGGACAGACCTTGTTCATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACTCGATTTTTTACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATTTATTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAACCTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCTCTTCTTAAACCCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACCTCTGCTCATATTCAACCAGAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGTCATTTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTATATA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATTCFACCCCTTAAATCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTAATTACAGGACAAATCTTAACTATTACTTACTTTTTCTCTATTTATT
ATTAACCCTTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAATATTTAAAAAT
>RV12-Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAACTCACCCCTTTATTTAAAAATTGTTAATAATTCTTTAATTGATATACCCCTTCCTTCAAATATTTCTACCT
TCTGAAATTTTGGATCTTTACTAGGTTTATGTTTGTAGTGATCCAAATTGCTACTGGCTTATTTTTAGCAATACACTATACTGCTCATATTGA
CTTAGCATTTTCTAGAGTTGCTCATATTTGCCGAGATGTAATATTATGGATGACTTCTCCGAACAATACACGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCCTCTATATTCATATTGGACGAGGTATTTATTATGGTTCCTATATAAAGTATTTTACGCTTGAATAGTAGGAGTAGTTATCCTAT
TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCCTATTTTC
AGCTATTCCTTATATTTGGGACAGACCTTGTTCATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACTCGATTTTTTACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATTTATTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAACCTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCTCTTCTTAAACCCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTTTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACCTCTGCTCATATTCAACCAGAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGTCATTTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTATATA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATTCFACCCCTTAAATCAAATATATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTATGTAATTACAGGACAAATCTTAACTATTACTTACTTTTTCTCTATTTATT
ATTAACCCTTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAATATTTAAAAAT

TTATAGTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCTATTTTC
AGCTATTCTCTATATTGGGACAGACCTTGTTCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACCTCGATTTTTTACTTTTT
CATTTTGTCTCTCTTTTTATTTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAAC TAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCCTCTCTTAACCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACTCCTGCTCATATTTCAACCAGAAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGGTCAATTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTATAA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATCTACCCCTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTAGGATTAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTTATGTAATTACAGGACAAATCTTAAC TATTACTTACTTTTTCTCTATTATT
ATTAACCCCTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>TV13_Cytb

ATGACAATACCTCTTCGAAAACTCACCCCTTATTTTAAAATTGTTAATAATTCTTTAATTGATATACCCCTTCCTTCAAATATTTCTACCT
TCTGAAATTTTGGATCTTTTACTAGGTTTATGTTTTAGTGATCCAAATTGCTACTGGCTTATTTTTAGCAATACACTATACTGCTCATATTGA
CTTAGCATTTTCTAGAGTTGCTCATATTTGCCGAGATGTA AATTATGGATGACTTCTCCGAACAATACACGCTAATGGGGCATCTTTTTTTT
TTTATCTGCTCTATATTATTCATATTGGACGAGGTATTTATTTATGGTTCTTTATATAACTTTTTCACGCTTGAATAGTAGGAGTAGTTATCCAT
TTATAGTTTATAGCAACAGCTTTTTTAGGTTATGTTCTTCCCTGAGGACAAATATCATTTTTGAGGAGCTACTGTTATTACTAACCTATTTTC
AGCTATTCTCTATATTGGGACAGACCTTGTTCAATGAATTTGAGGTGGATTTTCAGTTGATAATGCTACACTAACCTCGATTTTTTACTTTTT
CATTTTGTCTTCTCTTTTATTTTTCAGCAATAACTATTATCCACATCTTTTTTCTTCACCAATCAGGTGCTAATAACCCCTTAGGTGTTT
CAAGACAAC TAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTACATTTAAAGACATTGTAGGATTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
GTCCTTCTTAACCTTATCTTTTAGGAGACCCTGATAAATTCATCAGAGCTAATCCATTAGTCACTCCTGCTCATATTCAACCAGAATGA
TACTTCTTATTTGGCTATGCTATTCTCCGGTCAATTCCAAATAAACTTGGAGGAGTAATTGCTCTAGTTGCTTCAGTAGCGATTATTTATAA
TTTTACCTTTTACTCATACTTCAAATTTTCGAAGATTGACATCTACCCCTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTTAGTTTCAGTATTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTGGAAGAACCCTTATGTAATTACAGGACAAATCTTAAC TATTACTTACTTTTTCTCTATTATT
ATTAACCCCTTACTACTTTATAAGTTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>RW03_Cytb

ATGACAATACCTCTTCGAAAAAGTTCATCCTTTATTCAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCTCTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTTAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTGCGAGACGTA AATTATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGCTTTTATTTCTATTTGGCCGAGGTATTTATTTATGGATCTTTATATAACTTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTC AATGAATCTGAGGGGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCTCTTTATCATTTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTCTTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTCATTTAAAGATATTGTAGGATTATTGTTGATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAA TTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAAC TATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>RW04_Cytb

ATGACAATACCTCTTCGAAAAAGTTCATCCTTTATTCAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCTCTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTTAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTGCGAGACGTA AATTATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGCTTTTATTTCTATATTGGCCGAGGTATTTATTTATGGATCTTTATATAACTTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTC AATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCTCTTTTATCATTTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTCTTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTCATTTAAAGATATTGTAGGATTATTGTTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAA TTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAAC TATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>RW08_Cytb

ATGACAATACCTCTTCGAAAAAGTTCATCCTTTATTCAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCTCTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTTAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTGCGAGACGTA AATTATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGCTTTTATTTCTATATTGGCCGAGGTATTTATTTATGGATCTTTATATAACTTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTC AATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCTCTTTTATCATTTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTCTTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTCATTTAAAGATATTGTAGGATTATTGTTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAA TTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAAC TATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>RW09_Cytb

ATGACAATACCTCTTCGAAAAAGTTCATCCTTTATTCAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCTCTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTTAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTGCGAGACGTA AATTATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGCTTTTATTTCTATATTGGCCGAGGTATTTATTTATGGATCTTTATATAACTTTTCCATGCTTGGATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTC AATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCTCTTTTATCATTTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTCTTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCCTTTTCATCCTTATTTTCATTTAAAGATATTGTAGGATTATTGTTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAA TTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATATATTTTGGTGTAGTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAAC TATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAAATATTA AAAAT

>TW22_Cytb

>TW34 Cytb

>TW38 Cytb

>TW44 Cytb

```
>CP01 Cvtb
```

TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAACTATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAATATTAAAAAT
>RW14_Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAGTTCATCCTTTATTCAAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCCTTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTCTATGTTTAAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTCGAGACGTAATATATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGTCTTTATATTCAATATTGGCCGAGGTATTTATTATGGATCTTATATAACTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTCCAATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATCATTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTTTCCCTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTACATTTAAAGATATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAATTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACCTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATTATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAACTATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAATATTAAAAAT
>RW18_Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAGTTCATCCTTTATTCAAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCCTTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTAAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTCGAGACGTAATATATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGTCTTTATATTCAATATTGGCCGAGGTATTTATTATGGATCTTATATAACTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTCCAATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATCATTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTTTCCCTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTACATTTAAAGATATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAATTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACCTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATTATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAACTATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAATATTAAAAAT
>TP01_Cytb
ATGACAATACCTCTTCGAAAAGTTCATCCTTTATTCAAAATCGTAAATAATTCTTTAATTGATATACCTCTTCCTTCAAATATTTCTACTT
TCTGAAATTTTGGATCTCTTCTAGGTTTATGTTTAAATTATTCAAATCGCCACAGGTCTGTTTTTAGCAATGCACTATACTGCCCATATTGA
CTTAGCATTTCTAGAGTAGCACATATCTGTCGAGACGTAATATATGGGTGACTCCTTCGTACAATACATGCTAATGGGGCCTCTTTTTTT
TTTATTTGTCTTTATATTCAATATTGGCCGAGGTATTTATTATGGATCTTATATAACTTTCCATGCTTGAATAGTAGGAGTAGTAATTTTAT
TTATAGTCATAGCAACAGCTTTTCTAGGCTATGTTCTCCCATGGGGACAAATATCATTCTGAGGTGCTACTGTGATTACTAACCTCTTTTC
AGCTATCCCGTATATTGGAACAGATCTTGTCCAATGAATCTGAGGAGGCTTTTCAGTTGATAACGCCACATTAACCTCGCTTTTTCACTTTT
CATTTTGTCTTCCCTTTTATCATTGCAGCAATAACTATTATCCATATTTTTTTTCCCTACATCAATCCGGTGCTAATAACCCCTCTAGGTGTTT
CAAGACAATTAGATAAAGTTCCTTTTCATCCTTATTTACATTTAAAGATATTGTAGGATTTATTGTTATATTTACACTTCTATTAATTTT
ATCTCTTCTTAATCCATACCTATTAGGTGACCCTGATAATTTTATTAGAGCCAATCCACTAGTTACTCCTGCCCATATTCAACCAGAATGA
TATTTTTTATTTGCTTATGCAATCCTACGATCAATCCCAAATAAGCTTGGAGGAGTAATCGCCCTAGTTGCTTCGGTAGCAATTATTATAA
TTCTACCTTTTACCCATACCTTCAAATTTCCGAAGTCTAACATTTTATCCTTTAAATCAAATTATATTTTGAGTTTTAGTTTCAGTACTAAT
TCTTCTTACTTGAATTGGAGCTCGACCTGTAGAAGAACCCTTATGTTATTACAGGTCAAATTTTAACTATTACTTATTTTTCTCTATTATT
ATTAATCCATTATTACTTTATAAGCTGAGATAAAATATTAAAAAT

ตารางเปรียบเทียบวัตถุประสงค์ กิจกรรมที่วางแผนไว้ กิจกรรมที่ดำเนินการได้ และผลที่ได้รับตลอดโครงการ(1)

วัตถุประสงค์	กิจกรรมที่วางแผนไว้	กิจกรรมที่ดำเนินการได้	ผลที่ได้
เพื่อการจำแนกชนิดของปูทะเลในสกุล <i>Scylla</i> ในประเทศไทย โดยการอาศัยการเปรียบเทียบระหว่างลักษณะ morphometric และปริมาณ nucleotide divergence ใน”มโตคอนเดรียดีเอ็นเอ	1.เก็บรวบรวมตัวอย่างปูทะเล 2.เก็บข้อมูลลักษณะ morphometric ด้วยการวัด และ วิเคราะห์ผลทางสถิติ 3.ออกแบบไพรเมอร์สำหรับเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขึ้นเป้าหมาย 4.สกัด total DNA ของปูตัวอย่าง เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขึ้นเป้าหมาย วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของขึ้นเป้าหมาย และวิเคราะห์ผลจากลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยวิเคราะห์ nucleotide divergence และ phylogenetic relationship ระหว่างปูตัวอย่างทั้งหมด 5.สรุปข้อมูลที่ได้ทั้งหมด และ รายงานสรุปโครงการ	1.ได้ดำเนินการรวบรวมปูทะเลที่บริเวณ 3 ท้องที่ คือ จังหวัดจันทบุรีและตราด สุราษฎร์ธานี และจังหวัดระนองและปูทะเลจากประเทศพม่า 2.ศึกษาลักษณะ morphometric จำนวน 51 ลักษณะ ของปูตัวอย่าง โดยแบ่งเป็นปูดำ 80 ตัว จาก 4 แหล่งเก็บตัวอย่าง ปูขาว 58 ตัว จากแหล่งเก็บ 3 แหล่ง ปูม่วง 36 ตัว จาก 2 แหล่ง และปูเขียว 9 ตัว จาก 1 แหล่ง (จำนวนน้อยกว่าปูชนิดอื่น เพราะตัวอย่างหายาก) 3.ออกแบบไพรเมอร์ จำนวน 2 คู่ เพื่อเพิ่มปริมาณยีน <i>Cytb</i> และยีน <i>16S rRNA</i> 4.สกัดดีเอ็นเอปูทะเล 74 ตัว และปูม้า 10 ตัวเพื่อใช้เป็น outgroup และนำดีเอ็นเอที่ได้ไปใช้เป็นต้นแบบ เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีน <i>Cytb</i> และ <i>16S rRNA</i> นำ PCR product ที่ไปทำให้บริสุทธิ์ และส่งไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ และ ได้ลำดับของยีน ทั้งสองของปูทุกตัว และนำไปวิเคราะห์ nucleotide divergence และ phylogenetic relationship ระหว่างปูตัวอย่าง 5.ได้นำเสนอรายงานผลการวิจัยทุก 6 เดือน ตลอดระยะเวลาโครงการ	1.ได้ปูทะเลขนาดประมาณ 200 กรัม แบ่งเป็นปูดำ 80 ตัว ปูเขียว หรือปูทองโหลง 21 ตัว ปูม่วง 36 ตัว ปูขาว 58 ตัว และปูม้า 10 ตัว 2.ผลการวิเคราะห์ข้อมูลลักษณะ morphometric ทางสถิติ พบว่าปูแต่ละสี จะเข้าไปรวมที่จุดศูนย์กลางเดียวกัน โดยแหล่งเก็บตัวอย่างไม่มีอิทธิพลต่อการรวมกลุ่ม แสดงว่า ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และ ปูม่วง มีสถานะเป็นชนิด 3.ไพรเมอร์แต่ละคู่สามารถใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน <i>Cytb</i> และ <i>16S rRNA</i> ได้ อย่างมีประสิทธิภาพ 4.ผลการวิเคราะห์ nucleotide divergence และ phylogenetic relationships แสดงว่าปูดำ ปูขาว ปูเขียว และ ปูม่วง มีสถานะเป็นชนิด (reproductively isolated species) 5.ได้ทำข้อเสนอว่า ปูดำ ปูขาว ปูเขียว และ ปูม่วง หรือปูทองโหลง ควรใช้ชื่อวิทยาศาสตร์ว่า <i>Scylla serrata</i> , <i>S. paramamosain</i>, <i>S. oceanica</i> และ <i>S. tranquebarica</i> ตามลำดับ

ตารางเปรียบเทียบวัตถุประสงค์ กิจกรรมที่วางแผนไว้ กิจกรรมที่ดำเนินการได้ และผลที่ได้รับตลอดโครงการ(2)

วัตถุประสงค์	กิจกรรมที่วางแผนไว้	กิจกรรมที่ดำเนินการได้	ผลที่ได้
เพื่อการจำแนกชนิดของปูทะเลในสกุล <i>Scylla</i> ในประเทศไทย โดยการอาศัยการเปรียบเทียบระหว่างลักษณะ morphometric และปริมาณ nucleotide divergence ใน”มโตคอนเดรียดีเอ็นเอ	6.ตีพิมพ์ผลงานวิจัยระดับนานาชาติ 1 เรื่อง	6.. ได้นำเสนอรายงานผลการวิจัยระหว่างการประชุมประจำปีของสำนักประสานงาน ฯ ที่จังหวัดตรัง สำหรับการนำเสนอผลงานวิจัยระดับนานาชาติ คาดว่าจะกระทำได้สำเร็จในปี 2551	6. ได้นำเสนอผลงานวิจัยที่งาน “ การนำเสนอผลงานวิจัยแห่งชาติ 2549” ซึ่งจัดโดยสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ระหว่างวันที่ 9-13 กันยายน 2549 ที่ศูนย์การค้าเซ็นทรัลพลาซ่า ลาดพร้าว กรุงเทพฯ