Thesis Title	Relationship Analysis of Genetic Diversity of Fanged Frogs, Genus *Limnonectes* in Northern Thailand
Author	Mr. Chatmongkon Suwannapoom
Degree	Doctor of Philosophy (Biodiversity and Ethnobiology)
Thesis Advisory Committee	Asst. Prof. Dr. Siriwadee Chomdej Advisor Assoc. Prof. Dr. Narit Sitasuwan Co-advisor Asst. Prof. Dr. Weerah Wongkham Co-advisor

ABSTRACT

The Southeast Asian fanged frog, *Limnonectes* has long been suspected to be a complex of species (Cryptic species). The objectives of this research are to determine genetic relationship in *Limnonectes* from the Northern part of Thailand. Cryptic species are neither taxonomically nor biogeographically unique therefore the combination of morphological comparisons and molecular genetic tools were used for molecular phylogenetic analysis based on molecular data (mtDNA and nuDNA). The sample group consists of four described species: Giant frog (*Limnonectes blythii*), Caped frog (*L. gyldenstopei*), Taylor's Stream Frog (*L. taylori*) and Limborg's frog (*L. limborgi*). 503 total individual of these frogs from 28 populations found in the Northern part of Thailand were collected and phylogenetic analyses among haplotypes were conducted using maximum likelihood (ML) and

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Maximum Parsimony (MP) by MEGA 5.0 software. To assess nodal reliabilities, 2,000 replicates bootstrap analysis (BBP) was used. Molecular genetic study that has broadly sampled populations across the range of a widespread *Limnonectes* in the Northern part of Thailand has uncovered genetic diversity interpreted by the results from this study. Based on the phylogenies obtained, it became clear that there is the presence of distinct genetic divergences among four studied species particular in two species (*L. blythii* and *L. taylori*). It is interesting to note that northern and southern lineages of *L. blythii* in Thailand exhibit different degrees of divergent lineages. The difference seems not to be concordat with geography as there is no boundary of the *L. blythii* distribution. However the northern and southern populations of *L. blythii* having a wide range of habitat in terms of ecological conditions which may cause the different adaptation of both groups and can lead to parapatric speciation. The population of *L. taylori* from Doi Lang, Chiang Mai province presents a genetics specific of the group in which totally different from others found in the Northern Thailand. Two lineages were observed although there is a possibility that both share common ancestor but develop an adaptation in different way which can result in Sympatric speciation. It is somewhat surprising that one of the two lineages found to be similar with *L. bannaensis* from Yunnan. Specimens called *L. bannaensis* probably should be identified as *L. bannaensis* although further evidence needed to be provided.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของความหลากหลายเชิงพันธุกรรมของกบภูเขาสกุล *Limnonectes* ในภาคเหนือของประเทศไทย
ผู้เขียน	นายฉัตรมงคล สุวรรณภูมิ
ปริญญา	วิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต (ความหลากหลายทางชีวภาพและชีววิทยาชาติพันธุ์)
คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	ผศ. ดร. สิริวดี ชมเดช อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก รศ. ดร. นริทธิ์ สีตะสุวรรณ อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ผศ. ดร. วีระ วงศ์คำ อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ

กบภูเขาในสกุล *Limnonectes* มีการกระจายตัวอย่างกว้างขวางในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ภายใต้ความคลุมเครือ (Cryptic species) ในหลายชนิด การศึกษาวิจัยในครั้งนี้มุ่งหวังที่จะศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกบภูเขาสกุล *Limnonectes* ในภาคเหนือของประเทศไทย โดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาร่วมกับเครื่องหมายทางพันธุกรรมในนิวเคลียร์ดีเอ็นเอและไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ ซึ่งมีความเหมาะสมสำหรับใช้ในการศึกษา กลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาคือกบภูเขาระยะเต็มวัยจำนวน 503 ตัวอย่าง จาก 28 กลุ่มประชากรกบภูเขา 4 ชนิด คือ กบทูด (*L. blythii*), กบหงอน (*L. gyldenstopei*), กบห้วยขาปุ่มเหนือ (*L. taylori*) และ กบกา (*L. limborgi*) ในพื้นที่ภาคเหนือของประเทศไทย จากนั้นทำการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยวิธีการทางสถิติและทำการหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและทำการ ทดสอบระดับเชื่อมั่น

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

bootstrap analysis โดยใช้โปรแกรม MEGA 5 ผลจากการศึกษาชี้ให้เห็นว่า ประชากรของทั้งสี่ชนิดพันธุ์มีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน และสองในสี่ชนิดพันธุ์คือ กบทูดและกบห้วยขาปุ่มเหนือ โดยกบทูดสามารถแยกออกเป็นสองเชื้อสายคือ เชื้อสายทางเหนือและเชื้อสายทางใต้ของประเทศไทยอย่างชัดเจน ซึ่งอาจเป็นผลมาจาก ประชากรกบภูเขาชนิดนี้มีการกระจายทางภูมิศาสตร์ที่ติดต่อกันและไม่มีแนวกั้นทางภูมิศาสตร์ที่ชัดเจนแต่ประชากรมีความแตกต่างของแหล่งอาศัย มีความแตกต่างทางนิเวศวิทยาทำให้ ประชากรมีการปรับตัวที่แตกต่างกัน จึงทำให้แต่ละประชากรมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมที่มีลักษณะเฉพาะขึ้นมา ซึ่งอาจนำไปสู่การเกิดเป็นชนิดใหม่ในรูปแบบ Parapatric speciation ถึงแม้ว่าตอนนี้จะยังเป็นกลุ่มชนิดพันธุ์เดียวกัน ผลจากการศึกษากบห้วยขาปุ่มเหนือชี้ให้เห็นว่า ประชากรจากดอยลาง จังหวัดเชียงใหม่ มีลักษณะทางพันธุกรรมที่เฉพาะ ซึ่งมีความแตกต่างจากกลุ่มประชากรอื่นๆที่ศึกษาในภาคเหนือของประเทศไทย สามารถแบ่งออกเป็นสองเชื้อสายอย่างชัดเจน เป็นไปได้ว่ากบห้วยขาปุ่มเหนือสองเชื้อสายมีบรรพบุรุษร่วมกันมา แต่ประชากรมีการปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันและนำไปสู่ความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากร ซึ่งอาจนำไปสู่การเกิดเป็นชนิดใหม่ในรูปแบบ Sympatric speciation ได้ และผลจากการศึกษายังแสดงให้เห็นกบห้วยขาปุ่มเหนือ หนึ่งในสองเชื้อสายยังมีความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมอย่างมากกับกบภูเขา *L. bannaensis* ที่มีการกระจายตัวในสิบสองปันนาของประเทศจีน ซึ่งเป็นไปได้ว่า สองชนิดพันธุ์นี้อาจจะเป็นชนิดเดียวกัน

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved