

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การวิเคราะห์ทางพันธุกรรมของกบหางอน *Limnonectes gyldenstolpei* และ กบหัวขาป้อมเหนือ *Limnonectes taylori*

ผู้เขียน

นางสาวพิมพ์วิภา ชีระวัณญ์

ปริญญา

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (ชีววิทยา)

อาจารย์ที่ปรึกษา

ผศ.ดร. สิริวิดี ชมเดช

บทคัดย่อ

การศึกษาครั้งนี้ใช้กบหางอน (*Limnonectes gyldenstolpei*) และกบหัวขาป้อมเหนือ (*Limnonectes taylori*) เป็นโมเดลในการศึกษากลไกการเกิดสิ่งมีชีวิตชนิดใหม่ ที่มีการกระจายตัวแบบ parapatric โดยเก็บตัวอย่างกบทั้งสองชนิดจากจังหวัดเชียงใหม่ แม่ฮ่องสอน เชียงราย น่าน เลยและ นครราชสีมา นำมาวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมด้วยวิธี Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) โดยใช้ไพรเมอร์ ISSR จำนวน 20 ไพรเมอร์ทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ และทำการหาความแตกต่าง ลำดับดีเอ็นเอของยีน tyrosinase ในกบหัวขาป้อมเหนือเพื่อยืนยันผล ISSR จากการศึกษาพบว่า มี 5 ไพรเมอร์สามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่แตกต่างกันขึ้นทั้งหมด 96 แถบ มีขนาดประมาณ 100-3000 คู่เบส พบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อกลุ่มประชากรกบหางอนจากไพรเมอร์ UBC811 และกบหัวขาป้อมเหนือจากไพรเมอร์ UBC824 มีประสิทธิภาพในการแยกกบทั้งสองชนิดออกจากกันอย่างชัดเจน และมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมข้อมูล ISSR ภายในกลุ่มประชากรของกบหางอนอยู่ที่ 0.2836 ถึง 1.2603 ภายในกลุ่มประชากรของกบหัวขาป้อมเหนืออยู่ที่ 0.0000 ถึง 2.5852 เช่นเดียวกับการศึกษาในยีน tyrosinase พบว่ากบหัวขาป้อมเหนือแต่ละพื้นที่มีการจัดกลุ่มคล้ายกัน มีระยะห่างทางพันธุกรรม 0.000 ถึง 0.0680 และข้อมูลระยะห่างทางพันธุกรรม ISSR ของกบหัวขาป้อมเหนือนั้นยังมีความสัมพันธ์กับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ (IBD) อีกทั้งพบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม (AMOVA) ภายในกลุ่มประชากรของทั้งสองชนิดสูงมาก แสดงให้เห็นว่ามีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมมากจะเห็นได้ว่าถิ่นที่อยู่อาศัย (microhabitat) นั้นมีความสำคัญต่อการกระจายตัวของยีนอย่างมาก และผลของการศึกษานี้สามารถพิสูจน์สมมติฐานได้ว่ากบทั้งสองชนิดนี้มีการกระจายตัวแบบ parapatric

คำสำคัญ; กบหงอน กบหัวขาป้อมเหนือ Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR), Parapatric distribution



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title	Genetic Analysis of <i>Limnonectes gyldenstolpei</i> and <i>Limnonectes taylori</i>
Author	Miss Pimwipa Teerawarunyoo
Degree	Master of Science (Biology)
Advisor	Asst. Prof. Dr. Siriwadee Chomdej

ABSTRACT

Limnonectes gyldenstolpei and *Limnonectes taylori* were used as models to study speciation process in populations with parapatric distribution. The samples of the two species were collected from Chiang Mai, Mae Hong Son, Chiang Rai, Nan, Loei and Nakorn Ratchasima provinces. The genetic analyzes by Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) method was done using 20 ISSR primers. Moreover, the phylogenetic tree was constructed from DNA sequences of the tyrosinase gene of *L. taylori* to confirm the ISSR data. The ISSR result showed five primers that can produce different DNA fingerprint of 96 fragments. The amplified fragment sizes ranged from 100 to 3,000 base pairs. Species specific ISSR fragments that can be used to classify *L. gyldenstolpei* were found from UBC811 primer and *L. taylori* from UBC824 primer and, among populations within species, the genetic distance from ISSR data of *L. gyldenstolpei* populations ranged from 0.2836 to 1.2603 and the genetic distance from ISSR data of *L. taylori* populations ranged from 0.0000 to 2.5852. Similarly, from the tyrosinase gene data, *L. taylori* is grouped together and the genetic distance within species among individual ranged from 0.0000 to 0.0680. Genetic distance from ISSR data of *L. taylori* showed relationship with the geographic distance (IBD). Results of the analysis of molecular variance within population were obviously high, showing that they were very close genetically and that microhabitat is an important of influencer genetic distribution. Taken together, this study can prove the hypothesis that the distribution of the two frog species is in parapatric form.

Keywords: *Limnonectes gyldenstolpei*, *Limnonectes taylori*, Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR), parapatric distribution