

# บทที่ 1

## บทนำ

การกระจายตัวของสิ่งมีชีวิตทั้งพืชและสัตว์เป็นอิทธิพลที่เกิดจากปฏิสัมพันธ์ระหว่างสิ่งมีชีวิตและสิ่งแวดล้อม ระบบนิเวศที่หลากหลายทำให้สิ่งมีชีวิต โดยเฉพาะสัตว์นั้นมีการกระจายตัวไปยังสิ่งแวดล้อมที่เหมาะสมได้หลากหลายมากขึ้นทำให้สัตว์ชนิดเดียวกันสามารถกระจายตัวอยู่ในระบบนิเวศและภูมิศาสตร์ที่ต่างกัน (allopatric distribution) (Butlin et al., 2008) ความสามารถในการปรับตัวของสิ่งมีชีวิตต่อระบบนิเวศทำให้เกิดสิ่งมีชีวิตใหม่ (speciation) (Twomey et al., 2016) ในสิ่งมีชีวิตบางชนิดที่อาศัยในระบบนิเวศเดียวกันแต่มีลักษณะความต้องการทางระบบนิเวศวิทยาบางอย่างที่แตกต่างกันเล็กน้อย (sympatric distribution) (Rosser et al., 2015) บางกลุ่มสิ่งมีชีวิตมีลักษณะพันธุกรรมแยกออกมาจากกลุ่มสิ่งมีชีวิตขนาดใหญ่ (peripatric distribution) เพื่อปรับตัวต่อการดำรงชีวิต (Baker and Bickham, 1986) ในบางกลุ่มสิ่งมีชีวิตมีลักษณะพันธุกรรมคล้ายคลึงกัน (sister population) และอาศัยอยู่ในระบบนิเวศในพื้นที่ติดกัน (parapatric distribution) อย่างเช่นการศึกษาของสกุล *Raorchestes* ที่พบในแนวเทือกเขา Western Ghats พบว่าในแต่ละชนิดจะมีลักษณะสัณฐานที่แตกต่างกันเพียงเล็กน้อยแสดงถึงวิวัฒนาการเพื่อปรับตัวให้เหมาะสมต่อถิ่นที่อยู่อาศัย (microhabitat) (Vijayakumar et al., 2016) จะเห็นได้ว่าการกระจายตัวเป็นสิ่งสำคัญที่ทำให้เกิดความหลากหลายทางชีวภาพเนื่องจากปัจจัยความต้องการทางนิเวศวิทยาของสิ่งมีชีวิตที่ต่างกันจึงให้เกิดการขัดขวางการผสมข้ามสายพันธุ์และทำให้เกิดสิ่งมีชีวิตสปีชีส์ใหม่ (Mayr, 1963; Rivas, 1964)

สัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกเป็นสิ่งมีชีวิตที่มีความหลากหลายสูงมากและมีความคลุมเครือในการระบุชนิดสูงรวมทั้งพบว่ากบมีการอพยพต่ำ เช่นเดียวกับ กบหงอน (*Limnodynastes dorsalis*) และกบหัวขำป๋มเหนือ (*Limnodynastes taylori*) ที่มีกระจายตัวอยู่ได้ทั้งภาคเหนือและภาคอีสานของประเทศไทยพบว่าการอาศัยอยู่ในพื้นที่ติดกัน โดยกบหัวขำป๋มเหนือจะอาศัยอยู่บนภูเขาที่มีการวางไข่ในพื้นที่น้ำไหลและกบหงอนจะอาศัยอยู่ในหนองน้ำดินเขา จะวางไข่ในน้ำนิ่ง ดังนั้นการศึกษครั้งนี้ใช้กบหงอนและกบหัวขำป๋มเหนือเป็นโมเดลในการศึกษากลไกการเกิดสิ่งมีชีวิตชนิดใหม่ ที่มีการกระจายตัวแบบ parapatric โดยใช้วิธีการทางอณูชีววิทยาที่เรียกว่า Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างส่วนของไมโทคอนเดรียสองบริเวณ กระจายอยู่ทั่วไปในจีโนมของสิ่งมีชีวิตและมีความหลากหลายสูง เนื่องจากเทคนิคนี้มีประโยชน์ในการศึกษาความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตที่มีความใกล้ชิดกันในระดับประชากร

และไม่จำเป็นต้องรู้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตนั้นมาก่อน โดยการตรวจหาอัลลีลที่จำเพาะต่อสิ่งมีชีวิตในระดับสายพันธุ์ (อรุณรัตน์, 2552) อีกทั้งขั้นตอนในการเก็บตัวอย่างนั้นต้องอาศัยความรวดเร็วในการจำแนกและส่วนมากจะพบในระยะตัวอ่อน (juvenile) เป็นส่วนมากซึ่งมีลักษณะสัณฐานที่คล้ายคลึงกัน อาจเกิดข้อผิดพลาดในการจำแนกทางสัณฐานในเบื้องต้นและกบในสกุล *Limnectes* มีความแปรผันทางด้านพันธุกรรมค่อนข้างสูง เทคนิคนี้จึงเหมาะต่อการศึกษาและผลของการศึกษาที่ได้จะเป็นประโยชน์ต่อการอนุรักษ์สายพันธุ์ต่อไป

#### วัตถุประสงค์ของการศึกษา

เพื่อวิเคราะห์ทางพันธุกรรมของกบหนอง ( *Limnectes gyldenstolpei* ) และกบหัวขาปุ่มเหนือ ( *Limnectes taylori* ) ในบางพื้นที่ของประเทศไทย



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Copyright© by Chiang Mai University  
All rights reserved