

บทคัดย่อ

การศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตมีความสำคัญต่อความเข้าใจถึงกระบวนการวิวัฒนาการรวมทั้งบทบาทของปัจจัยต่างๆที่มีผลต่อแบบแผนและระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตตลอดจนการเกิดสปีชีส์ใหม่ นอกจากนี้ความเข้าใจรูปแบบของโครงสร้างและความหลากหลายทางพันธุกรรมมีความสำคัญในการจัดการทรัพยากรชีวภาพ ในการศึกษานี้ได้ทำการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของแมลงรืนดำ 3 ชนิดที่มีการกระจายทางภูมิศาสตร์อย่างกว้างขวาง ได้แก่ *Simulium tani*, *S. nakhonense* และ *S. quinquestriatum* โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ cytochrome oxidase subunit I (COI) ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายพันธุกรรม โครงสร้างทางพันธุกรรมของแมลงรืนดำทั้ง 3 ชนิดมีความคล้ายคลึงกัน โดยประชากรภาคเหนือมีความแตกต่างของโครงสร้างและความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูงและมีความแตกต่างจากประชากรภูมิภาคอื่นๆ โดยปัจจัยทางภูมิศาสตร์ เช่น แนวเทือกเขา รวมทั้งปัจจัยทางนิเวศวิทยาของแหล่งอาศัยมีผลต่อระดับการถ่ายยีนและนำไปสู่ความแตกต่างทางพันธุกรรม ผลของการวิเคราะห์ประวัติศาสตร์ประชากรพบว่าประชากรภาคเหนือของรืนดำทั้งสามชนิดมีประวัติศาสตร์ที่ยาวนานกว่าประชากรภาคใต้ โดยประชากรภาคใต้เกิดจากการ colonization ของประชากรบางส่วนจากภาคเหนือตอนล่างหรือภาคกลางเมื่อประมาณ 100,000 – 200,000 ปีตามด้วยการขยายตัวของประชากรทั้ง 3 ชนิดซึ่งอาจมีผลให้ไม่เกิดความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ความคล้ายคลึงกันของรูปแบบโครงสร้างและความหลากหลายทางพันธุกรรมของรืนดำทั้งสามชนิดอาจเป็นผลจากอิทธิพลของสภาพนิเวศวิทยาในปัจจุบันที่เหมือนกันหรือเป็นผลของการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศในยุคไพลโทซีน (Pleistocene) ที่นำไปสู่การเปลี่ยนแปลงสภาพแวดล้อมของภูมิภาคนี้ซึ่งอาจมีผลต่อแหล่งอาศัยของรืนดำ หรือเกิดจากผลของปัจจัยทั้งสองอย่างร่วมกัน ถึงแม้แมลงรืนดำทั้ง 3 ชนิดจะมีความคล้ายคลึงกันทั้งรูปแบบโครงสร้างและความหลากหลายทางพันธุกรรมรวมทั้งประวัติศาสตร์ประชากร อย่างไรก็ตามโครงสร้างทางพันธุกรรมของรืนดำแต่ละชนิดมีความแตกต่างกันทั้งนี้เนื่องจากความแตกต่างของนิเวศวิทยาของรืนดำแต่ละชนิด นอกจากนี้ยังพบว่ามี genetic introgression เกิดขึ้นระหว่าง *S. nakhonense* และ *S. quinquestriatum* ซึ่งอาจเกิดในอดีตที่มีผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของรืนดำทั้งสองชนิดแม้ว่า genetic introgression ยังคงดำเนินต่อไปแต่ไม่มีผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมมาก

Abstract

Understanding population genetic structure is an important component of evolutionary study because it allows us to determine the evolutionary forces involved in the generation of biodiversity including the generation of genetic diversity within species and particularly speciation. In addition, understanding the pattern of genetic structure and diversity also has a role to play in biological resource management and conservation. In this study, the population genetic structures of three black fly species, namely, *Simulium tani*, *S. nakhonense* and *S. quinquestriatum*, were determined using 720 base pairs of the cytochrome oxidase I (COI) gene of mitochondrial DNA. All of these black flies had similar patterns of population genetic structure and diversity. Populations from the northern region have greater diversity and highly structure in this region as well as genetic differentiation from populations in other regions. Both geographical (e.g. mountain ranges) and ecological conditions of the habitat seem to be important factors in limiting gene flow and allowing populations to genetically differentiate. The greater diversity and higher genetic structure of the northern populations is likely due to the longer history of populations in this region. In contrast, populations from the south were colonized recently from a subset of the haplotypes from the lower north or central regions approximately 100,000 to 200,000 years ago followed by population expansion. The absence of genetic structure in the southern populations is most likely due to the recent history of populations in this region rather than a high level of gene flow between populations. The similar pattern of genetic structure and diversity among geographically co-distributed species observed here reflects the shared contemporary ecological or historical (e.g. due to Pleistocene climatic change) conditions of the region. Although these black fly species share a common pattern of genetic structure and diversity each species also has species-specific pattern which can be explained in large part by the differing ecological conditions of these species. The similarity of pattern of genetic structure and diversity between *S. nakhonense* and *S. quinquestriatum* revealed by mitochondrial DNA could also be due to mitochondrial introgression which is inferred from the greater genetic similarity between sympatric populations of different species than between allopatric populations of the same species. Although ongoing genetic introgression is probably still occurring historical introgression seems to have played a greater role in determining the genetic structure and diversity of these species.