

บทคัดย่อ

ตุ๊กแกบ้าน *Gekko gekko* เป็นตุ๊กแกขนาดใหญ่ที่มีการแพร่กระจายบนแผ่นดินใหญ่และหมู่เกาะของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เอเชียใต้และทางใต้ของประเทศไทย ซึ่งมีความผันแปรของลักษณะทางสัณฐานวิทยาจากตัวอย่างต่างพื้นที่จึงอาจจัดเป็นชนิดพันธุ์ซ่อนเร้น (cryptic species) โดยก่อนหน้านี้มีรายงานของลักษณะสัณฐานวิทยาสองรูปแบบคือ “Red tokay” และ “Black tokay” ซึ่งจากการศึกษาครั้งนี้พบประชากรตุ๊กแกบ้าน *G. gekko* ในประเทศไทยมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเฉพาะ “Red type” และได้วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจาก 14 ประชากรในประเทศไทยโดยใช้ข้อมูลจากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอคือ Cytochrome-b (1127 คู่เบส) โดยผลการศึกษาพบแฮพลไทป์จำนวน 44 รูปแบบที่มีรูปแบบที่จำเพาะจำนวน 28 รูปแบบ และจากการการวิเคราะห์พบโครงสร้างประชากรที่แยกออกเป็นสองกลุ่มใหญ่คือ กลุ่มประชากรที่ 1 ที่ประกอบด้วยประชากรตุ๊กแกบ้านในพื้นที่ส่วนใหญ่ของประเทศไทย (ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคกลาง ภาคตะวันตกและภาคใต้) และกลุ่มประชากรที่ 2 ประกอบด้วยประชากรจากพินธุโลกและจันทบุรีซึ่งมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับประชากรในจีน ลาวและเวียดนามมากกว่าประชากรกลุ่มที่ 1 และเมื่อพิจารณาค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรสองกลุ่มใหญ่พบมีค่าอยู่ระหว่าง 8.1-9.9 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งเป็นค่าความแตกต่างที่สูงมากสำหรับประชากรสัตว์ชนิดเดียวกัน ดังนั้นจึงควรมีการศึกษาเพิ่มเติมในด้านสัณฐานวิทยาและขยายพื้นที่การศึกษาให้ครอบคลุมการแพร่กระจายของชนิดพันธุ์ต่อไป

Abstract

The tokay gecko, *Gekko gecko* (Linnaeus, 1758) is a large body size gecko, and distributed natively in the mainland and islands of Southeast Asia, South Asia and extreme southern part of China. It has been proposed that the tokay gecko is the species complex due to morphological differences of *G. gecko* samples from different localities and two morphotypes of the tokay gecko, “Black tokay” and “Red tokay” were recognized. In Thailand, genetic relationships among populations of *G. gecko* (Red tokay) were investigated from 15 localities based on cytochrome-*b* gene (1127 bp). Sequence analyses revealed 44 haplotypes, containing 28 unique haplotypes. The phylogenetic analyses showed two lineages, clades A and B. The clade A consists of most Thai populations i.e., East, Northeast, Central, West and South populations whereas the clade B contains populations from two localities i.e., Phitsanulok and Chanthaburi. The populations from Phitsanulok and Chanthaburi are closely related with the populations from China, Laos and Vietnam. The genetic divergence among clades was 8.1-9.9%, indicating high level of genetic differentiation among these two clades. Further investigation should be focus on morphological differences and the extension of geographic samplings should be conducted for understanding the genetic relationships among populations of *G. gecko* across its geographic distribution.