

บทคัดย่อ

ความเข้าใจทางด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมและการแพร่กระจายเชิงภูมิศาสตร์ของทรัพยากรมีความจำเป็นอย่างมากในการจัดการและการอนุรักษ์แหล่งทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่งของประเทศไทย สาหร่ายทะเล *Gracilaria salicornia* พบแพร่กระจายอยู่ทั่วไปในเขตร้อนและเขตกึ่งร้อน ถึงแม้ว่าสาหร่าย *G. salicornia* มีการแพร่กระจายเป็นบริเวณกว้างและมีความหลากหลายทางนิเวศวิทยา การศึกษาทางด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมเชิงพื้นที่และโครงสร้างประชากรของสาหร่ายชนิดนี้ยังมีอยู่อย่างจำกัด โดยเฉพาะบริเวณคาบสมุทรมลายู การศึกษาในครั้งนี้มีจุดประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม สายวิวัฒนาการเชิงภูมิศาสตร์ และโครงสร้างประชากรของสาหร่าย *G. salicornia* ในประเทศ โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนในคลอโรพลาสต์ (RuBisCo spacer) ไมโทคอนเดรีย (COI) และในนิวเคลียส (ITS2) ตัวอย่างสาหร่าย *G. salicornia* จำนวน 140 ตัวอย่างถูกเก็บจาก 14 กลุ่มประชากร ครอบคลุมทั้งทะเลอันดามัน (9 กลุ่มประชากร) และอ่าวไทย (5 กลุ่มประชากร) จากการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมพบว่า *G. salicornia* มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ โดยประกอบไปด้วย 6 แฮพโลไทป์ (GS1 – GS6) ของยีน RuBisCo spacer 8 แฮพโลไทป์ (GC1 – GC8) ของยีน COI และ 5 แฮพโลไทป์ (GI1 – GI5) ของยีน ITS2 นอกจากนี้ยังพบว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรในอ่าวไทยมีความคล้ายคลึงกันมาก ในขณะที่ประชากรบริเวณทะเลอันดามันมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง การวิเคราะห์ความแตกต่างของประชากรด้วยค่า F_{ST} ชี้ให้เห็นว่าประชากรทางชายฝั่งทะเลอันดามันและอ่าวไทยมีความแตกต่างทางพันธุกรรม ผลการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี SAMOVA จากข้อมูลยีน COI ทำให้ทราบว่าประชากรทางชายฝั่งอันดามันและอ่าวไทยแยกออกจากกันอย่างชัดเจน จากการศึกษาในครั้งนี้ทำให้พบว่าสายวิวัฒนาการทางภูมิศาสตร์ของประชากรสาหร่าย *G. salicornia* บริเวณคาบสมุทรมลายูมีการแยกออกจากกันระหว่างชายฝั่งทะเลทางด้านตะวันตกและตะวันออก และรูปแบบการแพร่กระจายดังกล่าวอาจเกิดจากเหตุการณ์ทางชีวภูมิศาสตร์ของแผ่นดินซุนดา การเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศและกระแสน้ำและการเคลื่อนย้ายของมวลน้ำในมหาสมุทร

คำสำคัญ: การแพร่กระจาย ความหลากหลายทางพันธุกรรม ประชากร วงศ์วานวิวัฒนาการ สาหร่ายขนาดใหญ่ สาหร่ายทะเล

Abstract

For long-term management and conservation of marine resources in Thailand an understanding of their genetic diversity and geographic distribution is necessary. *Gracilaria salicornia* is a marine red alga, which commonly found in tropical and subtropical regions. Despite its diverse ecology and board distribution, spatial genetic variation and population structure of this species remains understudied, especially in Thai-Malay peninsula. We analyzed genetic diversity, phylogeographic patterns and population structure of *G. salicornia* using nuclear (ITS2), chloroplast (RuBisCo spacer) and mitochondrial DNA (COI) sequence from eastern and western coasts of Thailand. A total of 140 samples was collected from 14 populations (9 populations from Andaman Sea and 5 populations from the Gulf of Thailand). Our genetic analysis indicated a relatively low genetic diversity, consisting of six haplotypes of RuBisCo spacer (GS1 – GS6), eight haplotypes for COI (GC1 – GC8) and five haplotypes for ITS2 (GI1 – GI5). Our data also demonstrated a genetically homogeneous populations in the Gulf of Thailand. While, a high genetic diversity was observed from Andaman Sea populations. Population pairwise F_{ST} values indicated that Andaman Sea population was genetically distinct from the gulf populations. Results of SAMOVA based on COI sequences also indicated weak but significant genetic break between eastern and western populations. Our study suggests the east–west phylogeographic break of *G. salicornia* population in Thai-Malay peninsula and this pattern can likely be facilitated by historical biogeographic events of Sundaland, climate change and regional and local current pattern.

Keyword: genetic diversity, distribution, macroalgae, phylogeny, population, seaweed