

## บทคัดย่อภาษาไทย

หอยทรายสกุล *Mekongia* เป็นหอยน้ำจืดที่มีการกระจายกว้างในภูมิภาคอินโดจีน พบในประเทศไทยและประเทศข้างเคียง การจัดจำแนกหอยทรายสกุลนี้ในอดีตใช้เพียงลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเปลือกเพียงอย่างเดียว อย่างไรก็ตามลักษณะของเปลือกในหอยสกุลนี้มีความแปรปรวนสูง จึงส่งผลให้เกิดความคลุมเครือในการจัดจำแนก ดังนั้นในการศึกษาคั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการด้วยยีนไมโทคอนเดรีย 16S rRNA และ CO1 และยีนจากนิวเคลียส 28S rRNA โดยเก็บตัวอย่างหอยทราย 5 ชนิด จำนวน 84 ตัวอย่าง จากพื้นที่ของไทย และประเทศข้างเคียง จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทป์มาสร้างแผนภูมิต้นไม้ทางวิวัฒนาการ 2 วิธี คือ Maximum Likelihood และ Bayesian Inference ผลการศึกษา พบว่า หอยทรายสกุลนี้แสดงสายวิวัฒนาการเดี่ยว ภายในสายวิวัฒนาการเดี่ยวนี้แยกออกเป็น 6 สายวิวัฒนาการย่อย ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะภูมิศาสตร์ของแม่น้ำ การวิเคราะห์สายวิวัฒนาการของข้อมูลทางพันธุกรรมในบริบททางภูมิศาสตร์ในหอยทรายสนับสนุนการจำแนกก่อนหน้านี้คือ *M. swainsoni*, *M. rattei* และ *M. lamarcki* อย่างไรก็ตามการศึกษาคั้งนี้ไม่สนับสนุนการจำแนกหอยทรายสปีชีส์ *M. pongensis* และระดับซับสปีชีส์ของ *M. swainsoni* นอกจากนี้ผลการศึกษายังได้ค้นพบสปีชีส์ซ่อนเร้น 3 สปีชีส์ภายใน *M. sphaericula* และสนับสนุน *M. sphaericula sphaericula* และ *M. sphaericula extensa* เป็นระดับสปีชีส์ แต่ไม่สนับสนุน *M. sphaericula spiralis* เป็นระดับสปีชีส์

## บทคัดย่อภาษาอังกฤษ

Genus *Mekongia* is widely distributed in Thailand and nearby countries and are currently identified on the basis of their shell morphology. However, the classification depending on shell morphology could contribute to the over and under estimate of species diversity due to phenotypic plasticity. Phylogenetic analyses of 84 individuals representing five nominal species, plus two related outgroup species, from Thailand and nearby countries were performed using DNA sequence data of nuclear (28S rRNA gene) and mitochondrial (mt)DNA (cytochrome oxidase subunit 1 and 16S rRNA) gene fragments with maximum likelihood and Bayesian inference. The genus *Mekongia* was recovered as monophyletic under all analyses in agreement with the geographic location according to drainages system. The phylogeography confirmed the species level classification of *M. swainsoni*, *M. rattei* and *M. lamarcki*. However, our analyses did not support the validity of *M. pongensis* and subspecies level within *M. swainsoni*. The genetic analyses yielded three cryptic species of *M. sphaericula* supporting the validity of *M. sphaericula sphaericula* and *M. sphaericula extensa* as a distinct species rather than subspecies but did not support *M. sphaericula spiralis* as a valid species.