

อัญชลี แซ่หลี่ : การศึกษากลุ่มประชากรแมลงวันผลไม้ *Bactrocera tau* complex (Diptera: Tephritidae) ในประเทศไทย โดยใช้เทคนิคอิเล็กโทรโฟรีซิส (ELECTROPHORETIC STUDY OF THE *BACTROCERA TAU* COMPLEX (DIPTERA: TEPHRITIDAE) IN CERTAIN POPULATIONS IN THAILAND). คณะกรรมการควบคุมวิทยานิพนธ์ : วิสุทธิ ใบไม้, Ph.D., John Milne, Ph.D., สัจวรรณ กิจทวี, Ph. D., ปรีชา ประเทพา, Ph.D. 124 หน้า. ISBN 974-663-006-7

แมลงวันผลไม้กลุ่ม *Bactrocera (Zeugodacus) tau* เป็นแมลงศัตรูพืชที่สำคัญของพืชตระกูลแตง (cucurbit) ในประเทศไทย นอกจากนี้ยังก่อให้เกิดความสับสนแก่นักอนุกรมวิธาน เนื่องจากแมลงวันผลไม้กลุ่มนี้มีความแตกต่างแปรผันทางรูปร่างลักษณะภายนอก ซึ่งยากต่อการตัดสินใจว่าเป็นความแปรผันทางสัณฐานภายในสปีชีส์เดียวกัน หรือเป็นความแตกต่างระหว่างสปีชีส์ การศึกษาทางสัณฐานวิทยาและเซลล์พันธุศาสตร์ได้ศึกษาและจำแนกแมลงวันผลไม้กลุ่มนี้ ออกเป็น 7 สปีชีส์ คือ สปีชีส์ A (= *B. tau*), C, D, E, F, G และ I

งานวิจัยนี้ได้ศึกษาความแปรผันทางพันธุกรรมของแมลงวันผลไม้กลุ่ม *B. tau* complex โดยใช้เทคนิคโพลีอะครีลาไมด์เจล อิเล็กโทรโฟรีซิสในแนวราบ ของเอนไซม์ 9 ระบบ ซึ่งประกอบด้วย 12 โลไซ เพื่อค้นหาเครื่องหมายทางพันธุกรรม (genetic markers) ที่สามารถใช้ในการจำแนกสปีชีส์ของแมลงวันผลไม้กลุ่มนี้ นอกจากนี้ยังศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการระหว่างสปีชีส์อีกด้วย จากผลการวิเคราะห์ความแปรผันทางพันธุกรรมระหว่างประชากรของแมลงวันผลไม้ *B. tau* ทั้ง 28 ประชากร ในประเทศไทย พบว่า ค่าเฉลี่ยเฮเทโรไซโกซิตี (\bar{H}) และค่าเฉลี่ยความแตกต่างทางพันธุกรรม (\bar{D}) มีค่าต่ำมาก และไม่มีความสัมพันธ์กับชนิดของพืชอาศัยและภูมิศาสตร์ นอกจากนี้พบว่ามีเอนไซม์บางโลไซ ซึ่งมีระยะทางการเคลื่อนที่บนเจล เปรียบเทียบกับมาตรฐาน เป็นแบบเฉพาะ สามารถใช้ในการจำแนกสปีชีส์ *B. tau* complex ได้ สำหรับบางสปีชีส์ ซึ่งมีการแสดงอัลลีลร่วมกันอยู่ในบางโลไซ สามารถใช้โลไซมากกว่า 2 โลไซขึ้นไปร่วมกันเพื่อจำแนกสปีชีส์ได้ในระดับความเชื่อมั่นสูง จากการวิเคราะห์ค่าความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของ *B. tau* complex โดยใช้เทคนิค UPGMA cluster analysis พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มแมลงวันผลไม้ตามความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ ออกเป็น 3 กลุ่มหลัก คือ กลุ่มที่หนึ่ง ประกอบด้วย กลุ่มแมลงวันผลไม้ที่มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกันมาก (*B. tau*, สปีชีส์ E, F และ G) กลุ่มที่สอง ประกอบด้วย สปีชีส์ C และ I กลุ่มสุดท้ายคือสปีชีส์ D

KEY WORDS : *BACTROCERA TAU* / ELECTROPHORESIS / ALLELE
FREQUENCIES / GENETIC VARIATION / PHYLOGENETIC
RELATIONSHIPS

ANCHALEE SAELEE: ELECTROPHORETIC STUDY OF THE
BACTROCERA TAU COMPLEX (DIPTERA: TEPHRITIDAE) IN CERTAIN
POPULATIONS IN THAILAND. THESIS ADVISORS: VISUT BAIMAI, Ph.D.,
JOHN MILNE, Ph.D., SANGVORN KITTHAWEE, Ph.D., PREECHA
PRATHEPHA, Ph.D. 124 P. ISBN 974-663-006-7

The *Bactrocera (Zeugodacus) tau*-like flies are some of the most important agricultural pests of south-east Asian cucurbit crops and form a complex of species. There has always been taxonomic confusion regarding the separation of species within this species complex. This is because it is difficult to determine if differences between *B. tau* flies are due to genetic variation within species or genetic differentiation between species. Morphological observations coupled with cytological evidence has revealed at least seven genetic species within this taxon, temporarily designated as species A (= *B. tau*), C, D, E, F, G and I. In this thesis electrophoretic evidence is used to verify the existence of these seven genetic species within the *B. tau* complex. Genetic markers for species separation and phylogenetic relationships of these species are also described.

The genetic variability of and differences among 43 collected samples of seven species of the *B. tau* complex were evaluated electrophoretically. Nine enzyme systems, which were composed of twelve loci, were used. Twenty-eight populations of *B. tau* were characterized by low genetic variability as indicated by low values of average heterozygosity (\bar{H}_0) and mean genetic distance (\bar{D}). No geographical pattern relationships were displayed because the level of genetic differentiation was similar between populations in the same geographical region and between populations originating from different geographical regions. In the same manner, populations from the same host plant species had similar levels of genetic differentiation as those from different host species. Single diagnostic alleles with specific relative mobilities, which can be used as genetic markers for species classification within the *B. tau* complex, were discovered only in species D. Although, no single allele was diagnostic for the other six species, the use of more than two alleles permitted the correct classification of nearly all individuals of even the two most closely related species. A phylogenetic tree was estimated by using a UPGMA clustering of Nei's unbiased genetic distance. The tree indicates that three main lineages exist in the *B. tau* complex. The first group consists of a complex of extremely similar species (*B. tau*, species E, F and G). The second group consists of species C and I and the last group consists of species D.