

STUDY ON GENETIC VARIATION OF FRUIT FLY PARASITIDS  
(*DIACHASMIMORPHA SP.*) IN THAILAND BY  
ELECTROPHORETIC TECHNIQUES



DUANGTA JUNESIRIKUL

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF  
THE REQUIREMENTS FOR THE DEGREE OF  
MASTER OF SCIENCE  
(ENVIRONMENTAL BIOLOGY)

**With compliments  
of**

ศาสตราจารย์ ดร. วิจิตร วัฒนานนท์

IN

FACULTY OF GRADUATE STUDIES  
MAHIDOL UNIVERSITY

TH  
D812.5  
1997

1997



ค่าเฉลี่ยของเฮเทอโรไซโกซิตี ค่าที่แสดงความแตกต่างของแต่ละประชากร ซึ่งได้แก่ ค่าเจเนติกไอเดนติตี และ เจเนติกดิสแทนซ์ และความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการที่เป็นไปได้ระหว่างประชากร ซึ่งคำนวณโดยใช้วิธี UPGMA clustering analysis

จากการวิเคราะห์ข้อมูลทั้ง 13 โลไซ พบว่า ค่าเฉลี่ยของเฮเทอโรไซโกซิตี ของทุกประชากรมีค่าต่ำ ( 0.027 - 0.094 ) อาจเนื่องจาก แตนเบียนชนิดนี้มีการสืบพันธุ์แบบ pathogenesis ประกอบกับปัจจัยอื่น ๆ ที่เข้ามามีบทบาท และจากการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระหว่างประชากร พบว่า แตนเบียนทั้ง 2 สปีชีส์ แยกออกจากกันที่ค่าเจเนติกไอเดนติตี = 0.43472 ในกลุ่มประชากรแตนเบียนสปีชีส์ C ประชากรแตนเบียนจาก นครปฐม กับ สระบุรี มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันที่สุด คือ มีค่าเจเนติกไอเดนติตี = 0.939 และในกลุ่มประชากรแตนเบียนสปีชีส์ B ประชากร แตนเบียนจาก เชียงใหม่ กับ ชุมพร มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันที่สุด คือ มีค่าเจเนติก ไอเดนติตี = 0.923 จากค่าดังกล่าว แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกันของแตนเบียน ในแต่ละกลุ่มประชากรได้เป็นอย่างดี

อย่างไรก็ตาม การศึกษาครั้งนี้ เป็นการเริ่มต้นที่จะทดลองศึกษาในด้านพันธุศาสตร์ กับแตนเบียนชนิดนี้ ผลการศึกษาที่ได้จึงจำเป็นที่จะต้องนำไปเปรียบเทียบกับการศึกษาในด้านอื่น ๆ เพื่อให้ได้ผลการศึกษาที่ชัดเจนแน่นอนต่อไป

**Thesis Title** Study on Genetic Variation of Fruit Fly  
Parasitoids ( *Diachasmimorpha sp.* ) in Thailand  
by Electrophoretic Techniques

**Name** Duangta Junesirikul

**Degree** Master of Science (Environmental Biology)

**Thesis Supervisory committee**

Sangvorn Kitthawee Ph.D.

Visut Baimai Ph.D.

Sujinda Thanaphum Ph.D.

**Date of Graduation** 26 February B.E. 2540 (1997)

**Abstract**

Horizontal polyacrylamide gel electrophoresis of nine enzyme systems are used to study genetic variations of *Diachasmimorpha sp.* in natural population of Thailand, which are Nakornpathom, Saraburi, Petchabun, Nakornratchasima, Chiang Mai, Ranong and Chumporn. Data analysis is performed using pooled data of genotype frequencies from all population and analyzed by computer program BIOSYS-1. Intrapopulation and interpopulation genetic variability estimates such as mean heterozygosity, genetic identity and

genetic distance estimates for genetic differentiation among groups of population and dendrograms showing possible phylogenetic relationship among groups of population are presented.

From data analysis, mean heterozygosity of all population is quite low (0.024-0.094) because of pathenogenesis and other factor effecting. From cluster analysis, the population of species C and species B diverged at the identity value of 0.43472. In population of species C, clustering level between Nakornpathom versus Saraburi is separated at the identity value of 0.939 and in population of species B, clustering level between Chiang Mai versus Chumporn is separated at the identity value of 0.923. These values show that the relationship between these groups of population are closely related.

However, this study is the first attempt to study the genetic variation of this parasitoid. It is better to confirm the result with other methods to obtain the complete result.