

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : RTA 3880008

ชื่อโครงการ : การศึกษาชีววิทยาเชิงประชากรของแมลงวันผลไม้และยุงกันปล่อง

ชื่อนักวิจัย : วิสุทธิ์ ไปไม้¹, ปัทมาภรณ์ กฤตยพงษ์¹, สวรรณ์ กิจทวี¹, เฉลียว กุวัจนะดิกล¹,
สุจินดา ฐานะภูมิ¹, แสน ดิควัฒนันท², Paul J. Grote³, อรรรณ สัตยาลัย⁴
¹มหาวิทยาลัยมหิดล, ²สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
³มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ⁴จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

E-mail Address : scvbm@mahidol.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : ตุลาคม 2538-ธันวาคม 2541

วัตถุประสงค์ : เพื่อศึกษาพันธุศาสตร์เชิงประชากรและนิเวศวิทยาของแมลงที่มีความสำคัญทางการเกษตรและทางการแพทย์ในประเทศไทย ได้แก่ แมลงวันผลไม้และยุง รวมทั้งแมลงเบียนและริ้นดำ ด้วย โดยใช้วิธีการทางด้านสัณฐานวิทยา เซลล์พันธุศาสตร์ และอณูชีววิทยา เพื่อให้ได้องค์ความรู้พื้นฐานและความเข้าใจในกระบวนการเปลี่ยนแปลงวิวัฒนาการ ซึ่งจะเป็นรากฐานสำคัญสำหรับการหามาตรการควบคุมแมลงเหล่านี้โดยชีววิธี และเพื่อผลิตบัณฑิตปริญญาโทและปริญญาเอกด้านชีววิทยาเซตร้อน

ผลการศึกษา : การสำรวจในโครงการนี้พบแมลงวันผลไม้กว่า 87 ชนิด ใน 2 วงศ์ย่อย ใน 9 สกุล ส่วนใหญ่จัดอยู่ในสกุล *Bactrocera* และพบว่าเป็นชนิดใหม่มากถึง 50 ชนิด โดยเฉพาะในกลุ่ม *B. dorsalis* complex และ *B. tau* complex ซึ่งมีชนิดใหม่ 27 ชนิด และ 8 ชนิด ตามลำดับ บางชนิดมีความสำคัญทางการแพทย์ การค้นพบแมลงวันผลไม้ชนิดใหม่เหล่านี้มาจากข้อมูลด้านสัณฐานวิทยา, นิเวศวิทยา, เซลล์พันธุศาสตร์ และอิเล็กโทรฟอริซิส ข้อมูลยังสะท้อนให้เห็นว่าสปีชีส์ที่ใกล้ชิดกันในกลุ่ม *B. tau* complex เป็นผลพวงจากกระบวนการแปรเปลี่ยนแปลงแยกทางพันธุกรรมที่เกิดจากปัจจัยด้านพืชอาศัยและ/หรือปัจจัยการแบ่งแยกทางภูมิศาสตร์ การค้นพบสปีชีส์ที่ใกล้ชิดกันในกลุ่ม *B. tau* complex นี้ได้รับการยืนยันจากการวิเคราะห์ดีเอ็นเอของหน่วยพันธุกรรมสัณฐานกลุ่ม *hobo* แมลงวันผลไม้บางชนิดในกลุ่มนี้ยังเป็นศัตรูพืชผลที่สำคัญด้วย ดังนั้น *B. tau* complex จึงเป็นกลุ่มแมลงวันผลไม้ต้นแบบ (model) ที่ดีและน่าสนใจสำหรับการศึกษาหารายละเอียดเกี่ยวกับวิวัฒนาการร่วมกัน (coevolution) โดยใช้วิธีการศึกษาด้านชีววิทยาเชิงโมเลกุลต่อไป ส่วนกลุ่มซับซ้อน *B. dorsalis* complex นั้นมีหลากหลายชนิดและซับซ้อนยุ่งยากมากกว่ากลุ่ม *B. tau* complex จึงอาจไม่เหมาะสมที่จะใช้ศึกษากระบวนการสปีชีเอชัน อย่างไรก็ตามข้อมูลจากการศึกษารังนี้บ่งชี้ชัดว่า เฮเทอโรโครมาทินมีบทบาทสำคัญในวิวัฒนาการของโครโมโซมที่อาจเชื่อมโยงกับกระบวนการสปีชีเอชันของสมาชิกในกลุ่มซับซ้อนเหล่านี้

การศึกษาไมโททิกคาริโอไทป์ของแมลงเบียนชนิด *Diachasmimorpha longicaudata* นับว่าเป็นครั้งแรกในบ้านเรา และพบว่ามีโครโมโซมขนาดเล็กจำนวน $2n=40$ ข้อมูลจากการศึกษาอิเล็กโทรฟอริซิสของแมลงเบียนชนิดนี้จากประชากรธรรมชาติบ่งชี้ว่าน่าจะมีสปีชีส์ใกล้ชิดกัน 2 ชนิด ที่ยัง

ไม่สามารถจำแนกได้โดยลักษณะทางสัณฐานวิทยา ในทำนองเดียวกันการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของริ้นดำชนิด *Simulium feuerborni* ในพื้นที่ดอยอินทนนท์ ได้ข้อมูลที่สะท้อนให้เห็นว่ามีความหลากหลายของสปีชีส์ของริ้นดำมากมาย บางชนิดมีศักยภาพที่จะเป็นพาหะนำโรคเขตร้อนด้วย จึงสมควรศึกษาชีววิทยาเชิงประชากรของริ้นดำในพื้นที่อื่น ๆ ของประเทศไทยให้มากขึ้น นอกจากนั้นยังได้จัดทำแผนที่มาตรฐานของโพลีทินโครโมโซมของ *S. feuerborni* เพื่อใช้อ้างอิงในการศึกษาในอนาคต

การศึกษาจุลินทรีย์กลุ่ม *Wolbachia* ที่มีชีวิตแบบ endosymbiont พบว่ามีอยู่ในแมลงวันผลไม้ 13 ชนิด และแมลงเบียน 2 ชนิด (*Diachasmimorpha* sp. และ *Biosteres* sp.) แต่ยังไม่พบในยุงก้นปล่อง จุลินทรีย์พวก *Wolbachia* ที่พบนี้อาจมีสายพันธุ์ใหม่ด้วย ซึ่งอาจมีประโยชน์สำหรับการพัฒนาหาวิธีการควบคุมแมลงศัตรูที่สำคัญในประเทศไทยโดยชีววิธีต่อไป

การวิเคราะห์ดีเอ็นเอพบว่ามีพันธุกรรมสัณญูจร *mariner* ในยุงก้นปล่องของไทย 9 ชนิดในจำนวน 23 ชนิดที่ตรวจสอบ และในจำนวน 9 ชนิดนี้มี 3 ชนิดที่เป็นสมาชิกของกลุ่มซับซ้อน *An. dirus* complex พันธุกรรมสัณญูจร *mariner* ที่พบนี้มีประโยชน์สำหรับใช้เป็นเครื่องหมายทางโมเลกุลเพื่อการจำแนกชนิดที่ใกล้เคียงกันของยุงก้นปล่องได้ดี และมีศักยภาพที่จะใช้ในการศึกษาแมลงกลุ่มซับซ้อนอื่น ๆ ในประเทศไทยต่อไป

Abstract

Project Code : RTA 3880008

Project Title : Population Biology of Fruit Flies and Anopheline Mosquitoes

Investigators : V. Baimai¹, P. Kittayapong¹, S. Kitthawee¹, C. Kuvangkadilok¹,
S. Thanaphum¹, S. Tigvatananont², Paul J. Grote³, O. Satayalai⁴
¹Mahidol University, ²King Mongkut Institute of Technology at Lat Krabang,
³Suranaree University of Technology, ⁴Chulalongkorn University

E-mail Address : scvbm@mahidol.ac.th

Project Period : October 1995 - December 1998

Objectives : To study the population genetics and ecology of important agricultural and medical insects in Thailand. The focus of study is mainly fruit flies and mosquitoes, but fruit fly parasitoids and blackflies are also included. Our methodology involves morphology, cytogenetics and molecular biology. Such an approach will provide basic knowledge for better understanding of evolutionary processes and for development of strategies for biological control of these pest and vector insects. This project also aims to train graduate students leading to master and doctoral degrees in tropical biology.

Results : A total of 87 species of fruit flies were recorded in 2 subfamilies and 9 genera. Most of these species belong to the genus *Bactrocera*. A total of 50 new species have been discovered including 27 new species in the *B. dorsalis* complex and 8 in the *B. tau* complex, based on morphological, ecological, cytogenetic and electrophoretic data. Most species of the *B. tau* complex that were distinguished by these methods have been confirmed by DNA analysis of the *hobo*-like transposable element. Some of these new species are important agricultural pests. Of particular interest, a phylogenetic tree of distinct but closely related species of the *B. tau* complex reflects the important role of genetic differentiation in adaptation to specific host-plant species and/or geographic isolation. Thus, the *B. tau* complex represents an excellent candidate for further detailed studies on coevolution, particularly by using molecular tools. In contrast, the many closely related but not clearly distinguishable species of the *B. dorsalis* complex make it more difficult to look into their speciation processes than those of the *B. tau* complex. However, the data obtained in this study suggest the significance of heterochromatin accumulation in chromosomal evolution and speciation of members of both these fruit fly complexes.

We reported, for the first time, the mitotic karyotype ($2n=40$) of *Diachasmimorpha longicaudata*, a *Bactrocera* parasitoid. Electrophoretic data of natural populations of

D. longicaudata have revealed at least 2 sibling species within this taxon. Likewise, a cytogenetic study of blackflies, *Simulium feuerborni*, from Doi Inthanon National Park, northern Thailand, shows the existence of species diversity in that area. Some of these blackfly species are potential vectors of tropical diseases and they warrant further investigation. A standard polytene chromosome map of *S. feuerborni* has been constructed as reference for future work.

The endosymbiotic microorganism, *Wolbachia*, has been found in 13 species of *Bactrocera* fruit flies and 2 species of parasitoid (*Diachasmimorpha* sp. and *Biosteres* sp.) but not in anopheline mosquitoes. Some of the *Wolbachia* found in Thai populations may represent new strains. The findings of *Wolbachia* could be useful for future biological control of some important pests in Thailand.

DNA analysis has revealed the presence of *mariner* transposable element in 9 of the 23 Thai *Anopheles* species. Three of the 9 species belong to the *An. dirus* complex. The *mariner* element was found to be useful as a molecular marker for separating closely related *Anopheles* species and has great potential for studying other complexes of insect species in Thailand.