

แตนเบียนแมลงหวี่ขาวเอ็นคาเซีย (*encarsia* spp.) (อันดับ Hymenoptera วงศ์ Aphelinidae) เป็นแตนเบียนแมลงหวี่ขาวสกุลที่มีขนาดเล็กมาก ซึ่งเป็นแตนเบียนสำคัญที่ใช้ในการควบคุมแมลงหวี่ขาว (*Aleyrodidae*) และมีความแปรปรวนทางรูปร่างและหลากหลายชนิด ซึ่งการจัดจำแนกโดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาภายนอกอย่างเดียวทำได้ยาก ดังนั้น การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจสอบความหลากหลายทางพันธุกรรมของแตนเบียนแมลงหวี่ขาวเอ็นคาเซียโดยใช้วิธีการทางชีวโมเลกุลสำหรับเป็นข้อมูลในการจัดสร้างชุดตรวจเครื่องหมายทางพันธุกรรมของแมลงเบียนเอ็นคาเซียสายพันธุ์ต่างๆที่มีในประเทศไทย ซึ่งเป็นประโยชน์เพื่อใช้เป็นแนวทางในการผลิตแมลงเบียนเอ็นคาเซียสำหรับการค้าต่อไป โดยทำการเก็บตัวอย่างของแตนเบียนแมลงหวี่ขาวที่ได้จากการเก็บตัวอย่างแมลงหวี่ขาวที่มีการระบาดในต้นพืชจำนวน 47 ตัวอย่างจาก 29 เขตพื้นที่ใน 7 จังหวัดได้แก่ หนองคาย อุดรธานี ขอนแก่น กาฬสินธุ์ มหาสารคาม หนองบัวลำภู กรุงเทพฯ พบว่ามีเพียง 17 ตัวอย่างของแมลงหวี่ขาวที่ถูกแตนเบียน *encarsia* เข้าทำลาย นำดีเอ็นเอของแตนเบียนแมลงหวี่ขาวมาทำการตรวจสอบเครื่องหมายพันธุกรรม โดยทำปฏิกิริยา PCR ใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะในส่วนของ mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) gene คือ CI-J-2183 forward (5- CAACATTTATTTTGATTTTTTGG-3) และ TL2-N-3014 reverse (5- TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA-3) หลังจากนั้นทำการเปรียบเทียบความแตกต่างของยีน COI ของแตนเบียนแมลงหวี่ขาว โดยทำการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิดต่างๆ ได้แก่ EcoRI, SacI, SacII, KpnI, PstI, DdeI, EcoRV, HhaI และ HinfI ซึ่งเอนไซม์ตัดจำเพาะ SacI และ EcoRI สามารถ ตัดดีเอ็นเอได้หนึ่งตำแหน่งทำให้ได้ขนาดของดีเอ็นเอสองขนาดที่ประมาณ 750 คู่เบสและ 150 คู่เบส คือดีเอ็นเอของแตนเบียนแมลงหวี่ขาวที่อาศัยอยู่ใน มะยมจากจังหวัดอุดรธานี, พืช ไม้ยืนต้น จากกรุงเทพฯ และ ฝรั่ง จากจังหวัดขอนแก่น และ ฝ้ายจากจังหวัดขอนแก่น ตามลำดับ และจากการนำรูปแบบดีเอ็นเอในส่วนของ COI ยีน ที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ EcoRI, SacI, SacII, KpnI, PstI, DdeI, EcoRV, HhaI และ HinfI มาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยการสร้าง dendrogram โดยวิธี UPGMA พบว่ายีน COI มีความสัมพันธ์แตกต่างกันถึง 3 รูปแบบ คือ รูปแบบที่ 1 (*encarsia* sp 1) ตัวอย่างแตนเบียนแมลงหวี่ขาวที่อาศัยในมะยมจากจังหวัดอุดรธานี และ ฝรั่งจากจังหวัดขอนแก่นเป็นชนิดเดียวกัน โดยมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดและค่าสัมประสิทธิ์ของความเหมือนกัน 0.89 กับแตนเบียนแมลงหวี่ขาวที่เก็บจากฝรั่งจังหวัดหนองคาย รูปแบบที่ 2 (*encarsia* sp 2) ได้แก่ ตัวอย่างแตนเบียนแมลงหวี่ขาวในฝ้ายจากขอนแก่น มีค่าสัมประสิทธิ์ของความเหมือน 0.70 ส่วนตัวอย่างแตนเบียนแมลงหวี่ขาวที่อาศัยในไม้ยืนต้นจากกรุงเทพฯ มีความเหมือนกับตัวอย่างอื่นๆ น้อยที่สุด คือ 0.56 (*encarsia* sp 3) โดยสรุปรูปแบบความหลากหลายทางพันธุกรรมของแตนเบียนแมลงหวี่ขาวเอ็นคาเซียมี 3 ชนิด ที่ได้จากการสำรวจจากตัวอย่างแมลงหวี่ขาวในพื้นที่ต่างๆ 7 จังหวัด

*Encarsia* species (Hymenoptera: Aphelinidae) are minute parasitoid wasps of whiteflies (Aleyrodidae) and widely used for whiteflies biological control programme. *Encarsia* species are difficult to distinguish by using only morphological characters. Therefore, this project aims to genetically characterize *encarsia* species by using molecular methods. *Encarsia* populations were surveyed from 29 locations of 7 provinces. Forty seven samples of different kind of host plants contained whiteflies colonies were collected. Among those only 17 samples of whiteflies were infected with *encarsia* species. Ten individuals of *Encarsia* samples were pooled and DNA was extracted from them. PCR was performed on *encarsia* DNA by amplifying mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) gene with primer CI-J-2183 forward (5- CAACATTT ATTTTGATTTTTTGG-3) and TL2-N-3014 reverse (5- TCCAATGCACTA ATCTGCCATATTA-3) followed by cutting amplified DNA with restriction enzymes EcoRI, SacI, SacII, KpnI, PstI, DdeI, EcoRV, HhaI and HinfI. The result showed that only five *encarsia* populations resulted in an amplified DNA fragment of 900 bp. The 900 bp of *encarsia* sp amplified CO gene was not cut with the three restriction enzymes SacII, KpnI, PstI, DdeI, EcoRV, HhaI and HinfI whereas two restriction enzymes EcoRI and SacI cut at one position, resulting in two bands of 750 and 150 bp for SacI and two bands of 800bp and 100 bp for Eco RI. DNA from populations of Tree-Bangkok, Mayom- Udonthanee, Guava –Khon Kaen, Guava- Nongkai and cotton-Khon Kaen were cut with SacI and EcoRI, respectively, whereas DNA from the remained population did not cut. The dendrogram of *encarsia* genetic diversity obtained from this survey showed a pattern consistent with three species. These data show genetic diversity on *encarsia* populations, and provide a mean of indentifying specific populations