

ชัยเรศน์ ฉลาดชัยญกิจ 2550: การวิเคราะห์เพื่อการจัดจำแนกมดสกุล *Pheidole* โดยอ้างอิงจากลักษณะภายนอกและลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ ITS2 ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาวิชาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์ ประชานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์พรรณภา ศักดิ์สูง, Ph.D. 118 หน้า

สกุล *Pheidole* เป็นมดกลุ่มใหญ่เป็นอันดับสองในตระกูล Formicidae มีบทบาทที่สำคัญในห่วงโซ่อาหาร เพราะเป็นทั้งผู้ล่าและผู้ทำลาย โครงการวิจัยนี้ได้ทำการสำรวจความหลากหลายของมดที่มีถิ่นอาศัยในบริเวณป่าสะแกราช โดยศึกษาความแตกต่างในด้านลักษณะภายนอกและความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของส่วน ITS2 ของอินที่สร้าง rRNA และจัดจำแนกกลุ่มโดยสร้างความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ

ผลการการศึกษาทางด้านฐานวิทยาของลักษณะเด่นสามารถนำมาสร้างเป็นคีย์เพื่อการจัดจำแนกชนิดของมดได้ปรากฏว่ามดสกุล *Pheidole* ที่สำรวจในรอบปี 2548 ณ ป่าสะแกราชมีทั้งสิ้น 13 ชนิดเป็นชนิดที่เคยมีการพบกันมาแล้ว 7 ชนิดและเป็นชนิดใหม่อีก 6 ชนิด เมื่อนำความแตกต่างทางลักษณะมาสร้างเป็นความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการในรูปต้นไม้พันธุกรรมโดยโปรแกรม Pcord version 4 สามารถแยกชนิดมดได้เป็น 12 ชนิดเพราะไม่อาจแยกสปีชีส์ E และ F ออกจากกัน อย่างไรก็ตามก็ศึกษาสปีชีส์ที่มีวิวัฒนาการในส่วนของ ITS2 แตกต่างกันในด้านความยาวซึ่งแปรผันอยู่ระหว่าง 764 คู่เบสในมด *P. sp.C* จนถึง 1,117 คู่เบสในมด *P. sp.A* จากการเปรียบเทียบชนิดของนิวคลีโอไทด์พบว่าปริมาณเปอร์เซ็นต์ GC แปรผันน้อยคืออยู่ระหว่าง 64.8 % - 67.6 % และมีการเปลี่ยนแปลงของนิวคลีโอไทด์ทั้งในรูปของ transversion, transition และ insertion/deletion ในสัดส่วนแตกต่างกัน เมื่อนำข้อแตกต่างนี้มาประมวลเป็นความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการโดยใช้โปรแกรม Mega version 3.1 ด้วยวิธีการ maximum parsimony และวิธีของ neighbour - joining ปรากฏให้ต้นไม้พันธุกรรมเหมือนกันทั้งสองวิธีกล่าวคือ จำแนกมดออกได้เป็น 10 ชนิด และมีรูปแบบความสัมพันธ์ภายในกลุ่มคล้ายกันมาก แต่เมื่อเปรียบเทียบต้นไม้พันธุกรรมระหว่างของฟีนไทป์กับของลำดับนิวคลีโอไทด์ปรากฏว่าไม่สอดคล้องกัน แสดงว่าอัตราวิวัฒนาการในระดับโมเลกุลส่วนของ ITS2 ช้ากว่าอัตราวิวัฒนาการด้านลักษณะวิทยา

Chairest Chaladthanyakij 2007: Cladistic Analysis of Ants from Genus *Pheidole* Inferring from Morphological and ITS2 Sequence Variations. Master of Science (Genetics), Major Field: Genetics, Department of Genetics. Thesis Advisor: Associate Professor Panapa Saksoong, Ph.D. 118 pages.

Genus *Pheidole* is a second large ant group of the Family Formicidae, playing an important role in the food chain as consumers and decomposers. This research surveyed the species diversity of ants living in Sakaerat Forest area, basing species identification on morphological and nucleotide of ITS2 differences.

The results of morphological study of dominant characters of ant sample, collected during the year 2005 were used to build a species key for genus *Pheidole*. Accordingly 13 species were identified, seven of which have been previously reported and six were potentially new species. However, the phenogram, drawn from morphological similarity by the Pcord version 4 program, produced one cluster less than that of the morphological differences. In regarding the ITS2 nucleotides analysis, the length variation, ranging from 764 basepairs in *Pheidole* sp.C to 1,117 basepairs in *Pheidole* sp.A, was noted. From pairwise nucleotide comparisons among 13 species, it appeared that the percent of GC content varied very little i.e., 64.8 - 67.6 %. Nevertheless, the nucleotide changes occurred differently in the forms of transversion, transition and insertion/deletion. These differences were used to build genetic distant values, then being transformed into the species phylogenetic relationships by the Mega version 3.1 program employing maximum parsimony and neighbour - joining methods. Both yielded similar phylogenetic trees with ten clusters. Hence, the rate of molecular evolutions of ITS2 was surprisingly slower than the rate of that of the morphology generally expected by evolutionists.