

แมลงเบียนที่ได้ทำการศึกษาค้นจำแนกอยู่ในอันดับ Hymenoptera วงศ์ Braconidae และสกุล *Diachasmimorpha*, *Psytalia* และ *Fopius* การศึกษาทางอนุกรมวิธานโดยอาศัยข้อมูลทางสัณฐานวิทยาของ Wharton & Gilstrap และ Kitthawee ทำให้ทราบว่าแมลงเบียนกลุ่ม *Diachasmimorpha longicaudata* และบางกลุ่มอื่นๆอาจเป็นกลุ่มชนิดซับซ้อน (complex species) ดังนั้นการศึกษาค้นหาความแตกต่างภายในกลุ่มของแมลงเบียนเหล่านี้จึงทำได้ยาก แมลงเบียนเป็นศัตรูแมลงวันผลไม้ ซึ่งอาจมีความจำเพาะต่อแมลงวันผลไม้ และพืชอาศัย ดังนั้นการเลือกใช้แมลงเบียนชนิดต่างๆได้อย่างถูกต้อง จะยังประโยชน์ในการป้องกันกำจัดแมลงศัตรูพืชโดยชีววิธีได้อย่างมีประสิทธิภาพ เทคนิคทางอณูชีววิทยาเป็นอีกวิธีหนึ่งซึ่งจะช่วยในการจัดจำแนกกลุ่มของแมลงเบียน และจะให้ข้อมูลที่ช่วยให้เข้าใจถึงความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของแมลงเบียนชนิดและสกุลต่างๆได้ดีขึ้น

การวิจัยครั้งนี้ได้แสดงให้เห็นว่าบริเวณ ITS1 และ ITS2 สามารถใช้ในการจัดจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของแมลงเบียนในระดับ intraspecific, interspecific และ intergeneric ได้ phylogenetic trees ที่ได้แสดง *D. longicaudata* clade ซึ่งประกอบด้วย *D. longicaudata* v. A, *D. longicaudata* v. B [RN(GH)-3-DLM] และ *D. longicaudata* v. C [KB(CG)-10M] ซึ่ง *D. longicaudata* v. A มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับ *D. longicaudata* v. C [KB(CG)-10M] มากกว่า *D. longicaudata* v. B [RN(GH)-3-DLM] นอกจากนี้ยังพบ *Psytalia* clade ซึ่งประกอบด้วย *P. incisi*, *P. fletcheri* และ BK(PL)-2-PspF ซึ่ง *P. incisi* มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับ *P. fletcheri* มากกว่า BK(PL)-2-PspF และผลการวิเคราะห์ทาง phylogenetic analysis นี้ยังช่วยสนับสนุนและเพิ่มความน่าเชื่อถือให้กับตัวอย่าง BK(PL)-2-PspF ว่าเป็น species ในกลุ่ม *Psytalia* อย่างแน่นอน

Fruit fly parasitoids under study are classified in Order: Hymenoptera, Family: Braconidae and Genera: *Diachasmimorpha*, *Psytalia* and *Fopius*. Earlier accounts based on morphological characters employed by Wharton & Gilstrap and Kitthawee suggested that *Diachasmimorpha longicaudata* as well as other groups of parasitoids were probably complex species. Therefore, it may be harder to correctly identify them. Parasitoids have been used in the regulation of fruit fly pests (tephritid flies) and may be host-specific. Thus, for biological control schemes to work more effectively suitable parasitoids must be employed. I have therefore taken an alternative approach using molecular data to generate putative phylogenies which provide further understanding of the three genera (*Diachasmimorpha*, *Psytalia* and *Fopius*) in terms of their classifications and relationships among species.

This research showed that ITS1 and ITS2 regions can be used in molecular systematics of parasitoid taxa at intraspecific, interspecific and intergeneric levels. Based on my ITS analyses two important clades were revealed. *D. longicaudata* clade, consisting of *D. longicaudata* v. A, *D. longicaudata* v. B [RN(GH)-3-DLM] and *D. longicaudata* v. C [KB(CG)-10M] indicates that *D. longicaudata* v. A is more closely related to *D. longicaudata* v. C [KB(CG)-10M]. In addition, *Psytalia* clade which includes *P. incisi*, *P. fletcheri* and BK(PL)-2-PspF shows that *P. incisi* is more closely related to *P. fletcheri*. Results of ITS analyses also confirmed that BK(PL)-2-PspF is a species in *Psytalia* despite the fact that it has some overlapping morphological characters with *D. longicaudata*.