

## บทที่ 4 ผลการวิจัย

### Sampling surrogacy

1. กำหนดหาความสัมพันธ์ของข้อมูล (DI EF RBA1 RBA2 และ RBA3) แต่ละข้อมูลทั้งในระดับ family genus และ species แบบ ANOVA

พบว่าแมงมุมที่เก็บได้ของคอยอินทนนท์ตลอดทั้งปี (DI) (4,000ตัว 213 species) จะมีจำนวน family, genus และ species มากกว่าตัวอย่างที่เก็บทั้งปีจากบริเวณป่าดิบเขาพื้นที่ทางเข้าอำเภอแม่แจ่ม (EF) ตัวอย่างที่เก็บในเดือนมกราคม 2548 (RBA1) ตัวอย่างที่เก็บได้ในเดือนกันยายน 2548 (RBA2) และตัวอย่างที่เก็บได้ในเดือนมกราคม 2549 (ตาราง 1) โดยทั้ง 3 RBA สามารถเก็บแมงมุมได้ 1,471 ตัว 140 species

ตาราง 1 เปรียบเทียบตัวอย่างแมงมุมที่เก็บได้ในอุทยานแห่งชาติคอยอินทนนท์กับตัวอย่างแมงมุมที่เก็บได้เฉพาะในป่าดิบเขาในเวลาแตกต่างกัน

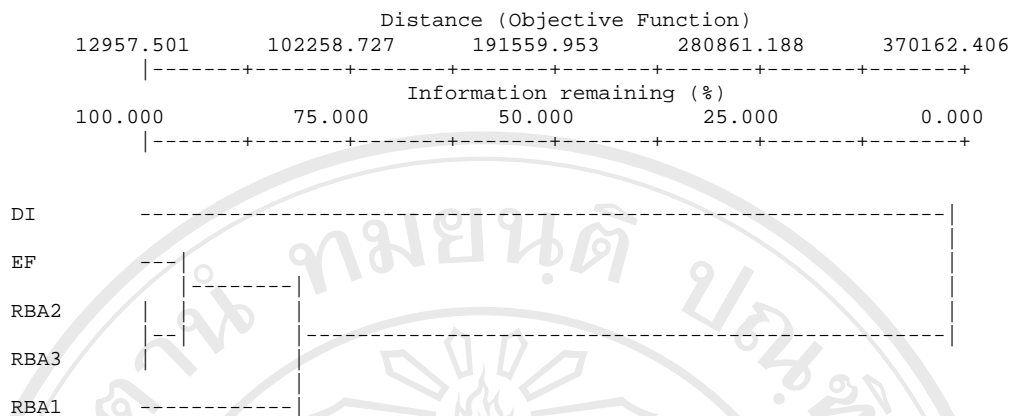
	DI <sup>a</sup>	EF <sup>ab</sup>	RBA1 <sup>ab</sup>	RBA2 <sup>b</sup>	RBA3 <sup>ab</sup>
family	44	32	32	30	31
genus	148	65	74	57	62
species	213	88	87	64	72

\* หมายเหตุ a, ab และ b เป็นสัญลักษณ์แทนความสัมพันธ์ทางสถิติ

จะเห็นว่าข้อมูลที่ได้ไม่แตกต่างกันมากนักในส่วนของ EF และ RBA เมื่อทำการทดสอบความสัมพันธ์ของข้อมูลในตาราง 1 โดยใช้ ANOVA ในแบบ LSD ที่ระดับความเชื่อมั่นที่ 95% พบว่าความสัมพันธ์ของข้อมูลเป็น DI<sup>a</sup> EF<sup>ab</sup> RBA1<sup>ab</sup> RBA2<sup>b</sup> และ RBA3<sup>ab</sup>

2. กำหนดข้อมูลจำนวนชนิดของแมงมุมด้วยวิธีการของ WARD'S METHOD

พบว่าการคำนวณจำนวนชนิดของแมงมุม โดยการทดสอบในโปรแกรมทางนิเวศวิทยาซึ่งนำปัจจัยการพบจำนวนตัวในแต่ละ species มาคำนวณด้วยโดยใช้โปรแกรม PC-Ord มาคำนวณพบว่า EF, RBA1, RBA2 และ RBA3 จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันอย่างเห็นได้ชัดส่วน DI นั้นแตกต่างออกไป (ภาพ 3)



ภาพ 3 การจัดกลุ่มของแมงมุมที่จับได้ในอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์เมื่อเวลาแตกต่างกัน โดย DI เก็บตัวอย่างทั้งปี EF เก็บตัวอย่างเฉพาะในป่าดิบเขาทั้งปี RBA1 RBA2 RBA3 เก็บตัวอย่างในป่าดิบเขาในเดือนมกราคม กันยายน 2548 และมกราคม 2549 ตามลำดับ

3. จำนวนข้อมูลจำนวนชนิดของแมงมุมเพื่อหาค่า species richness (S), evenness (E), diversity (H), Simpson's diversity index (D') ของตัวอย่างแมงมุม DI EF RBA1 RBA2 และ RBA3 พบว่าค่า E, H, D' ไม่มีความแตกต่างกันเลยในแต่ละข้อมูล ทั้งที่ ค่า S ของข้อมูล DI นั้นมีค่าสูงมากกว่าข้อมูลอื่น (ตาราง 2)

ตาราง 2 ค่า richness, evenness, diversity และ Simpson's diversity index ของแมงมุมที่เก็บได้ในอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์

Site	S	E	H	D'
DI	213	0.758	4.066	0.9618
EF	88	0.756	3.383	0.9384
RBA1	87	0.734	3.277	0.9280
RBA2	64	0.867	3.605	0.9617
RBA3	72	0.747	3.193	0.9315

S = Richness = number of species

E = Evenness =  $H / \ln(\text{Richness})$

H = Diversity =  $-\sum (P_i \cdot \ln(P_i))$  = Shannon's diversity index

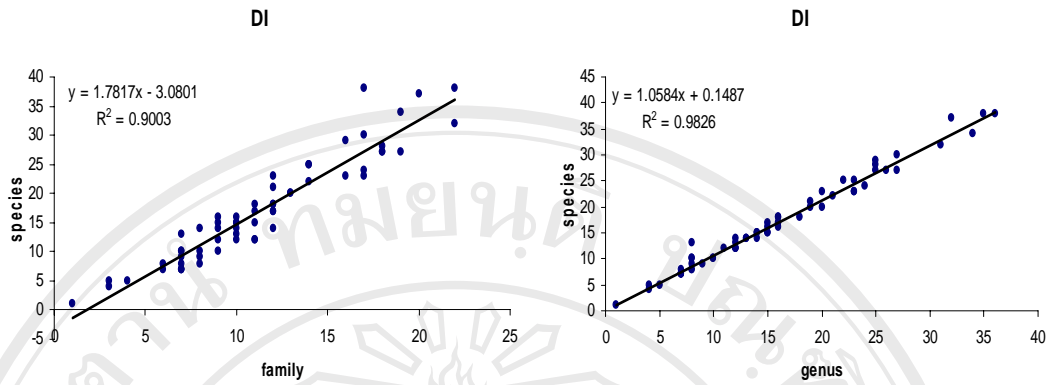
D' = Simpson's diversity index for infinite population =  $1 - \sum (P_i^2)$

where  $P_i$  = importance probability in element i (element i relativized by row total)

### Species surrogacy

1 นำข้อมูลของจำนวน species ทั้งของ DI และ EF มาเขียนกราฟแสดงจำนวน family ต่อ species และ genus ต่อ species ด้วยกราฟความสัมพันธ์ในแบบเอ็กซ์โพเนนเชียล ลอการิทึมและเชิงเส้น จำนวนหาสมการถดถอยและค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ( $R^2$ )

การทำ species surrogacy ของ DI (ภาพ 4-9) พบว่าข้อมูลของ DI ได้ค่าสัมประสิทธิ์สัมพันธ์ของกราฟความสัมพันธ์แบบเชิงเส้นมีค่าเข้าใกล้ 1 มากที่สุดทำให้คาดว่าความสัมพันธ์ของจำนวน family และ genus ต่อ species มีความสัมพันธ์เป็นแบบเส้นตรง ส่วนข้อมูลของ EF (ภาพ 10-15) ก็มีรูปแบบคล้ายคลึงกัน

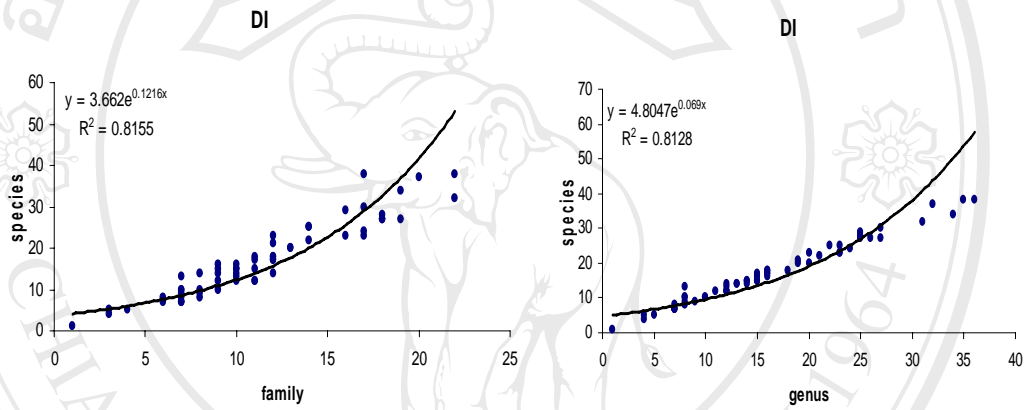


family

genus

ภาพ 4

ภาพ 5

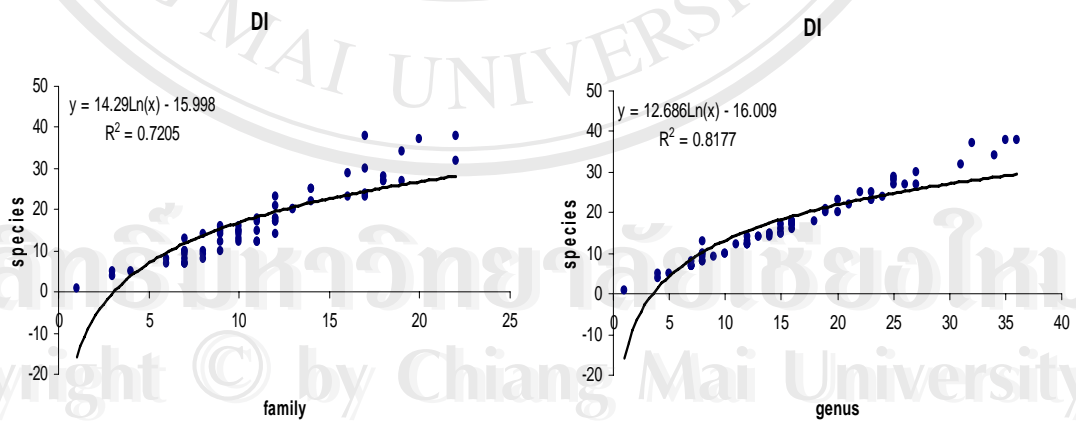


family

genus

ภาพ 6

ภาพ 7



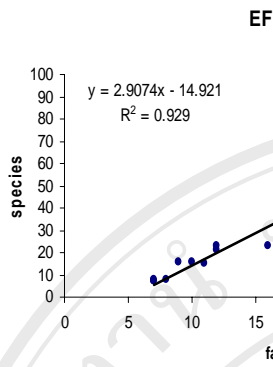
family

genus

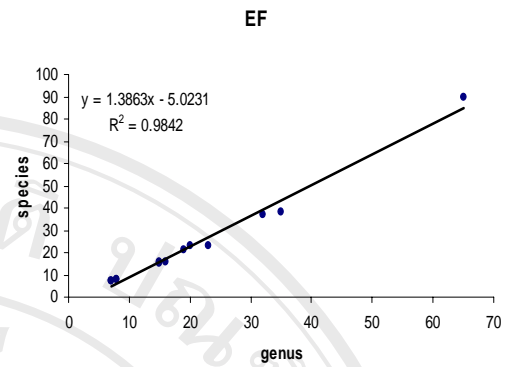
ภาพ 8

ภาพ 9

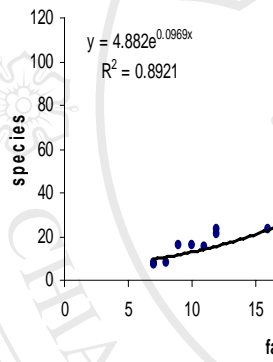
ภาพ 4-9 แสดงความสัมพันธ์ของป่าของอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus หรือ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์



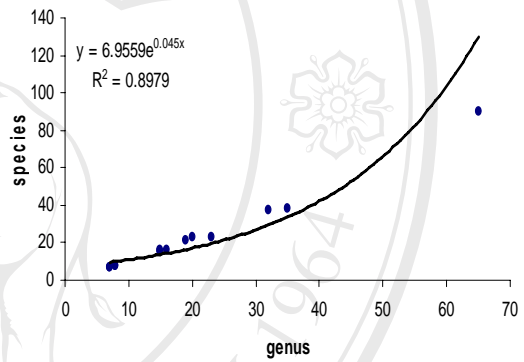
ภาพ 10



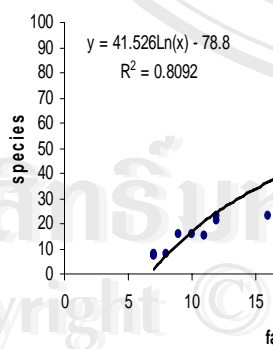
ภาพ 11



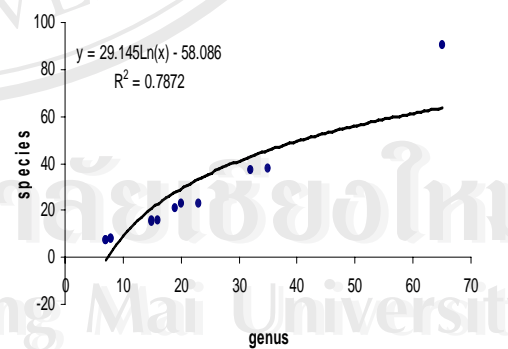
ภาพ 12



ภาพ 13



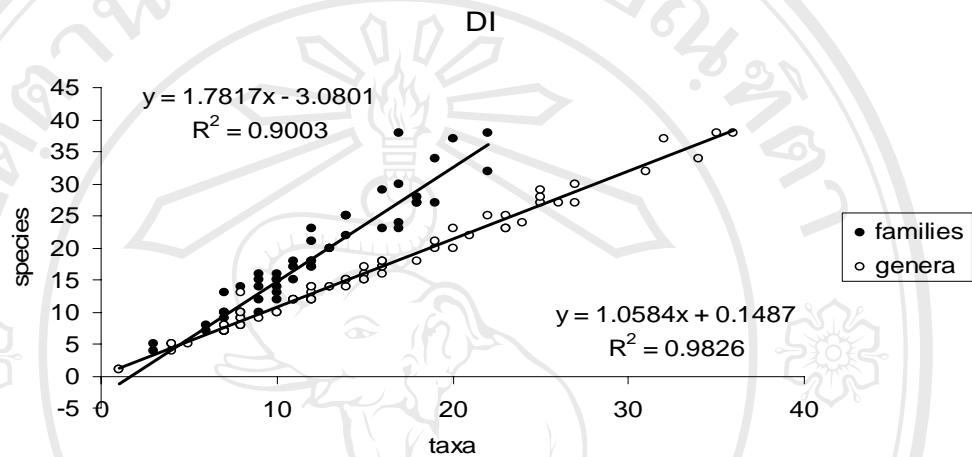
ภาพ 14



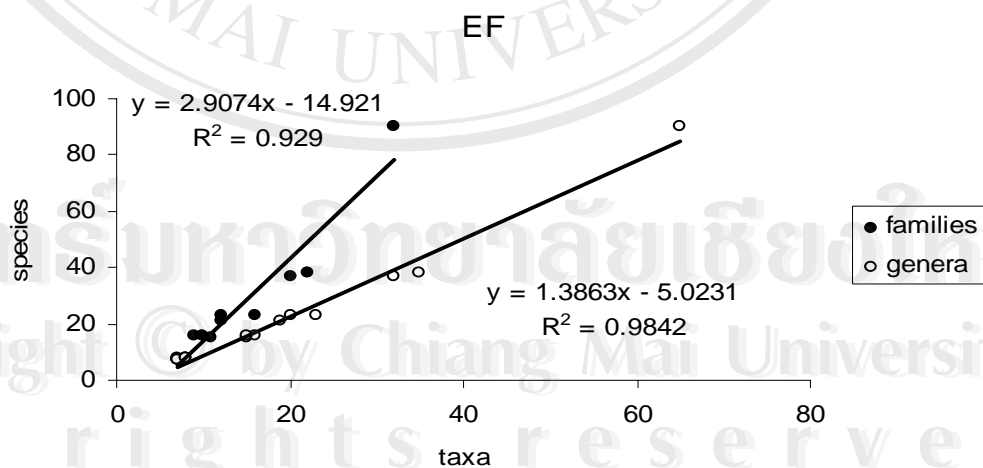
ภาพ 15

ภาพ 10-15 แสดงความสัมพันธ์ของป่าดิบเขาของอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus หรือ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์

เมื่อนำข้อมูลจำนวน species ของแมงมุมที่เก็บได้ทั้งใน DI และ EF มาแสดงด้วยกราฟเชิงเส้น กราฟเอ็กซ์โพเนนเชียล และกราฟลอการิทึม พร้อมทั้งแสดงสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์หรือค่า  $R^2$  โดยแยกเป็นระดับ family และระดับ genus แล้วเปรียบเทียบค่า  $R^2$  ทั้ง 3 กราฟจะพบว่ากราฟเชิงเส้นให้ค่า  $R^2$  ที่เข้าใกล้ 1 มากที่สุด (ภาพ 16-17) จึงเลือกกราฟเชิงเส้นมาใช้ในการศึกษาต่อไป

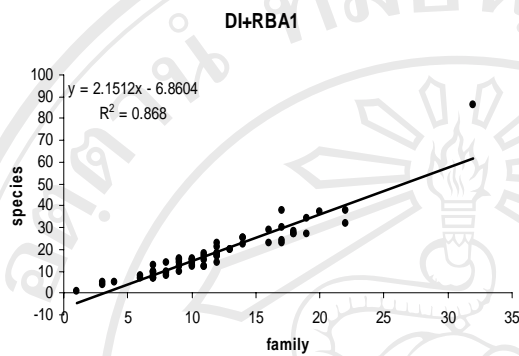


ภาพ 16 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูลแมงมุมในอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus และ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์

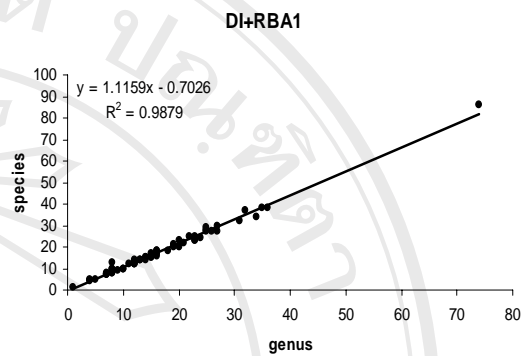


ภาพ 17 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูลแมงมุมในป่าดิบเขาของอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ในระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus และ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์

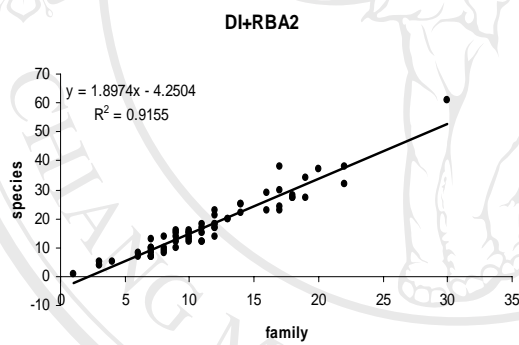
จากภาพ 16-17 จะเห็นว่าความชันของเส้นตรงของข้อมูลจาก family ต่อ species มีความชันมากกว่าเส้นตรงของข้อมูลจาก genus ต่อ species จึงนำข้อมูลที่ได้จากการทำ RBA ในแต่ละครั้ง มาใส่ลงในกราฟเชิงเส้นของ DI ทั้ง family ต่อ species และ genus ต่อ species เพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ของข้อมูล (ภาพ 18-23)



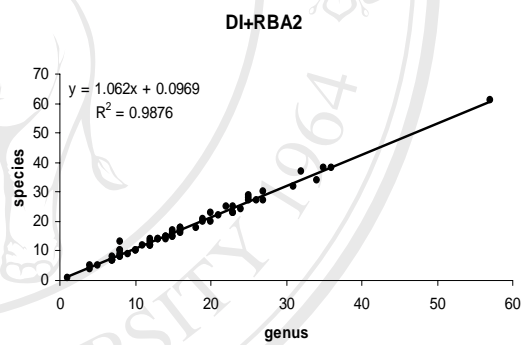
ภาพ 18



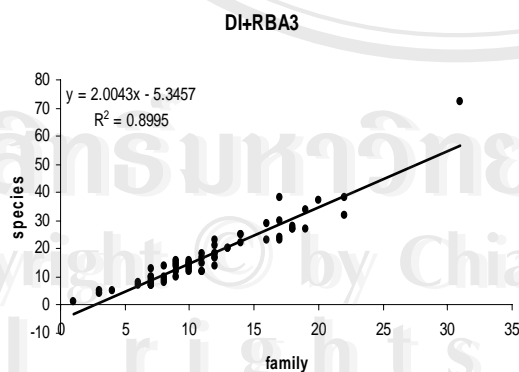
ภาพ 19



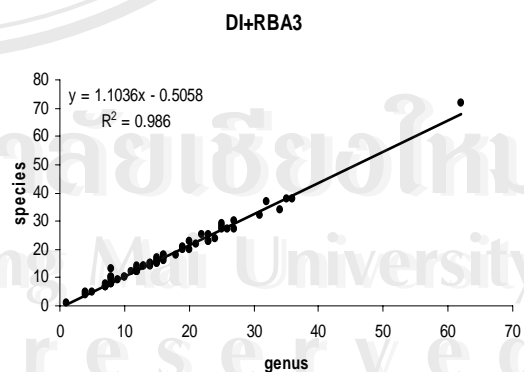
ภาพ 20



ภาพ 21



ภาพ 22

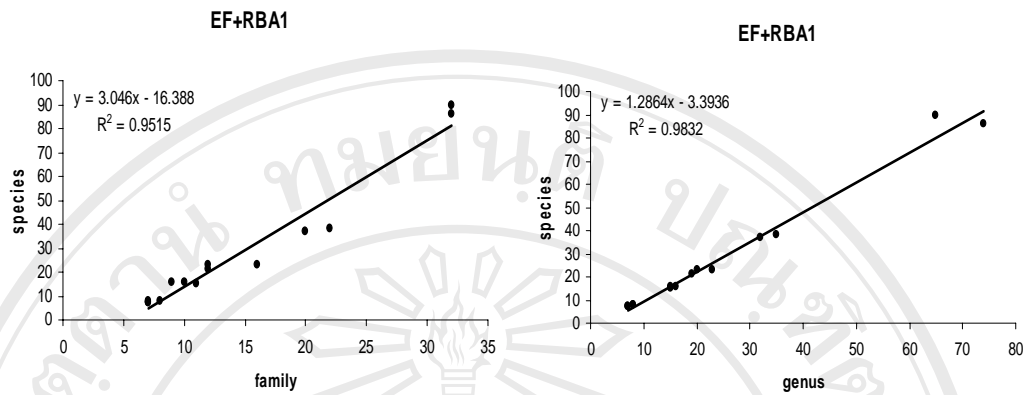


ภาพ 23

ภาพ 18-23 แสดงความสัมพันธ์ของอุทยานแห่งชาติโดยอินทนนท์และ RBA ระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus หรือ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์

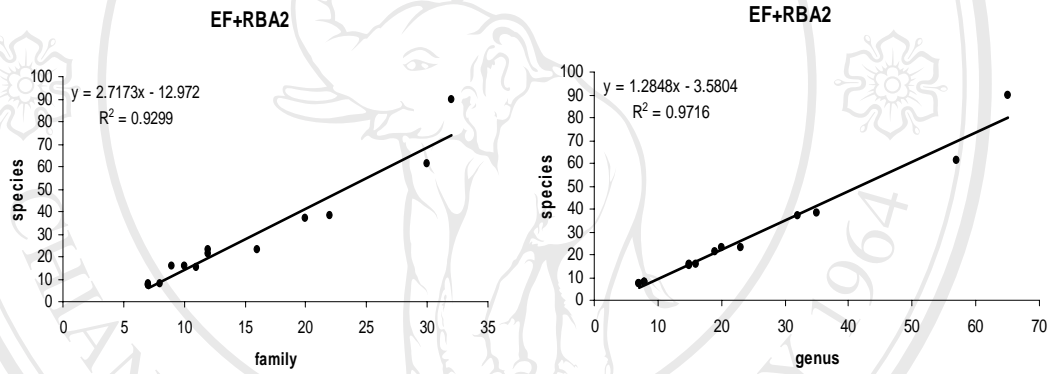


ส่วนความสัมพันธ์ของข้อมูล RBA กับ EF ก็เป็นไปในทำนองเดียวกัน (ภาพ 24-29)



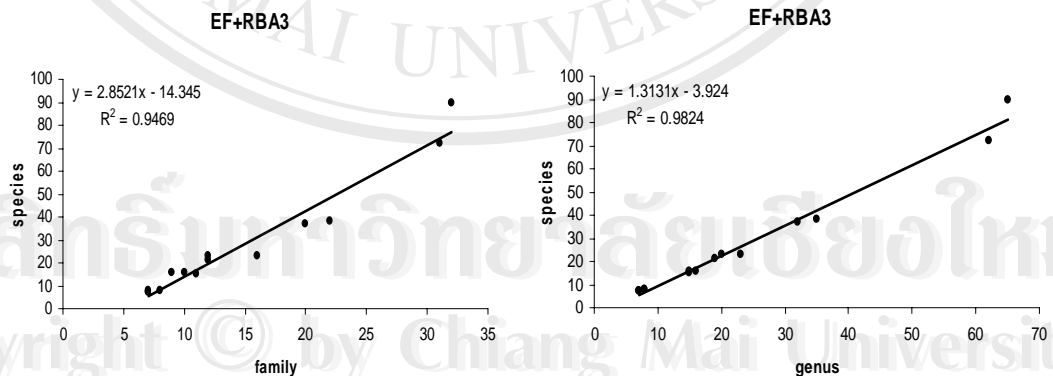
ภาพ 24

ภาพ 25



ภาพ 26

ภาพ 27



ภาพ 28

ภาพ 29

ภาพ 24-29 แสดงความสัมพันธ์ของป่าดิบเขาของอุทยานแห่งชาติคยอินทนนท์และ RBA ระหว่าง species (ตัวแปร y) และ genus หรือ family (ตัวแปร x) พร้อมด้วยสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์



จากภาพ 18-29 พบว่าเมื่อใส่ข้อมูลของ RBA ทั้ง 3 ลงไปในกราฟข้อมูลของ DI และ EF แล้วค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์หรือ  $R^2$  ยังคงมีค่าที่สูงและยิ่งสูงมากเมื่อใส่ในข้อมูล genus ต่อ species

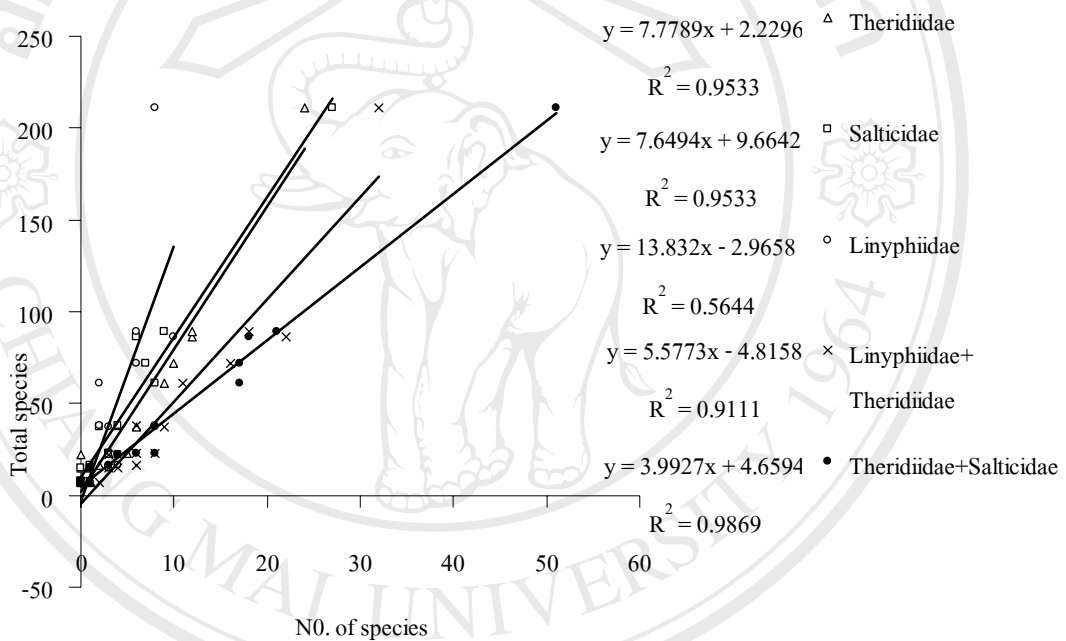
2 หากความสัมพันธ์ทางคณิตศาสตร์ของข้อมูล RBA1 RBA2 และ RBA3 กับความสัมพันธ์แบบเชิงเส้นของ family ต่อ species และ genus ต่อ species ของข้อมูล DI และ EF พบว่าข้อมูล RBA ที่ถูกปฏิเสธ (reject) โดยไม่ตกอยู่บนพื้นที่ยอมรับ (acceptable area) ภายใต้อาณัติค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อน (average error) ของกราฟความสัมพันธ์ในแบบเชิงเส้น DI และ EF คือข้อมูลของ RBA1 และ RBA3 กับกราฟความสัมพันธ์ในแบบเชิงเส้น DI ของ family ต่อ species RBA2 กับกราฟความสัมพันธ์ในแบบเชิงเส้น EF ของ family ต่อ species และ RBA1 และ RBA2 กราฟความสัมพันธ์ในแบบเชิงเส้น EF ของ genus ต่อ species เนื่องจากข้อมูลดังกล่าวมีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนของข้อมูล DI หรือ EF (ตาราง 3)

ตาราง 3 แสดงผลการคำนวณหาความสัมพันธ์ทางคณิตศาสตร์ของข้อมูลระหว่าง RBA กับ DI และ EF ทั้งระดับ species ต่อ family และ species ต่อ genus

Data	Include RBA	Average error	RBA data	Result	Note	
DI	X = family Y = species	RBA1	3.3317	24.0220	reject*	ภาพ 19
		RBA2	3.3317	3.3244	accept	ภาพ 21
		RBA3	3.0090	15.2124	reject*	ภาพ 23
	X = genus Y = species	RBA1	1.2677	1.0232	accept	ภาพ 20
		RBA2	1.1722	0.3691	accept	ภาพ 22
		RBA3	1.2326	1.0053	accept	ภาพ 24
EF	X = family Y = species	RBA1	5.8349	4.9160	accept	ภาพ 25
		RBA2	5.9247	7.5470	reject*	ภาพ 27
		RBA3	5.7537	2.0701	accept	ภาพ 29
	X = genus Y = species	RBA1	3.1445	5.8000	reject*	ภาพ 26
		RBA2	3.8507	8.6532	reject*	ภาพ 28
		RBA3	2.9613	2.8756	accept	ภาพ 30

### Taxon focusing

ในการศึกษา Taxon focusing ใช้ข้อมูลของแมงมุม family Theridiidae Linyphiidae และ Salticidae จากข้อมูลทั้งหมด (DI EF RBA1 RBA2 และ RBA3) เนื่องจากแมงมุมทั้ง 3 family นี้พบได้มากที่สุดและพบได้ทุกวิธีการเก็บ จึงนำมาแสดงด้วยกราฟเพื่อหาตัวแทนของ family ที่จะใช้ในการประเมินความหลากหลายของแมงมุมในป่า ซึ่งใช้ความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนตัวของแมงมุมของแต่ละ family ที่เก็บได้กับจำนวน species ทั้งหมดที่พบ (ภาพ 30) พบว่าการใช้ family Theridiidae รวมกับ Salticidae มากำหนดในสมการถดถอยน่าจะใช้ได้ดีที่สุดเนื่องจาก  $R^2$  มีค่าเข้าใกล้ 1 มากที่สุดและ family Linyphiidae ได้ค่า  $R^2$  น้อยที่สุด



ภาพ 30 กราฟเชิงเส้นแสดงสมการถดถอยและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของแมงมุมใน family Theridiidae Salticidae และ Linyphiidae โดยแกน X เป็นจำนวนตัวและแกน Y เป็นจำนวน species

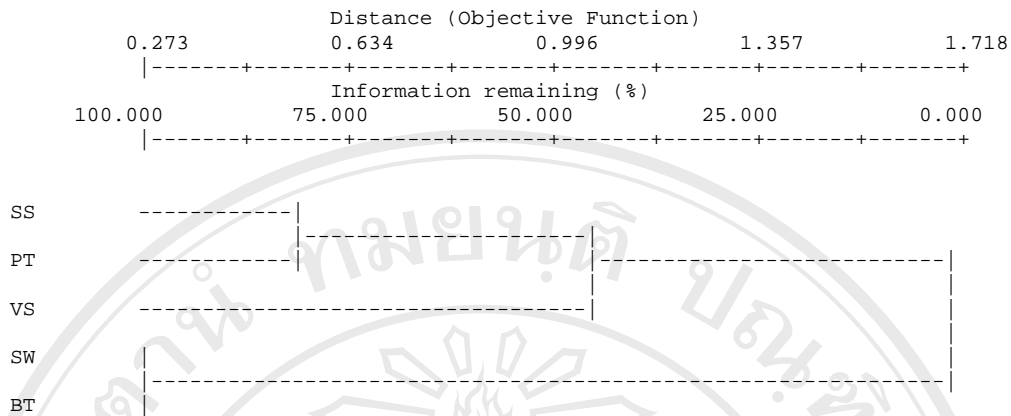
### เปรียบเทียบวิธีการเก็บ

ข้อมูลที่ได้ทั้งหมดของแต่ละวิธีการเก็บแมงมุมนำมาแสดงผลดังตาราง 4 จะเห็นว่า จำนวน species ที่ได้แต่ละข้อมูล (DI EF RBA1 RBA2 และ RBA3) แต่ละวิธีนั้นมีความใกล้เคียงกัน ยกเว้นข้อมูลของ DI มีมาก ส่วนข้อมูลของ PT ใน RBA3 และข้อมูลของ VS ใน EF มีค่าน้อยที่สุด

ตาราง 4 จำนวนแมงมุมในแต่ละลำดับอนุกรมวิธานที่เก็บจาก DI EF RBA1 RBA2 และ RBA3 ด้วยวิธีการเก็บตัวอย่างที่แตกต่างกัน

		<b>BT</b>	<b>PT</b>	<b>SS</b>	<b>SW</b>	<b>VS</b>
DI	Family	22	32	36	21	15
	Genus	67	62	73	68	15
	Species	<b>86</b>	<b>79</b>	<b>90</b>	<b>91</b>	<b>16</b>
EF	Family	14	18	18	11	4
	Genus	23	27	27	22	4
	Species	<b>26</b>	<b>29</b>	<b>36</b>	<b>31</b>	<b>4</b>
RBA1	Family	17	10	23	12	10
	Genus	35	12	36	18	10
	Species	<b>39</b>	<b>13</b>	<b>43</b>	<b>19</b>	<b>10</b>
RBA2	Family	12	12	24	10	9
	Genus	20	12	30	15	11
	Species	<b>22</b>	<b>12</b>	<b>35</b>	<b>16</b>	<b>11</b>
RBA3	Family	13	4	23	9	8
	Genus	23	4	36	10	8
	Species	<b>28</b>	<b>4</b>	<b>46</b>	<b>10</b>	<b>8</b>

1 นำข้อมูลการเก็บแมงมุมด้วยวิธีต่างๆคือ BT PT SS SW และ VS แล้วคำนวณหา multivariate ด้วยวิธีการของ WARD'S METHOD ในแบบของ Correlation นำมาคำนวณหา multivariate ในโปรแกรม PC-Ord จะเห็นได้ว่าวิธีการ SW และ BT อยู่ในกลุ่มเดียวกันมีความสัมพันธ์ถึง 100% ส่วนวิธีการ SS PT และ VS นั้นแยกออกมาโดยที่วิธีการ SS และ PT นั้นมีความสัมพันธ์กับ VS แค่ 50% ส่วนวิธีการ SS กับ PT นั้นมีความสัมพันธ์กันถึง 75% (ภาพ 31)



ภาพ 31 การจัดกลุ่มแมงมุมที่เก็บโดยวิธีการต่างๆ ในอุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์

2. คำนวณเปรียบเทียบข้อมูลแต่ละวิธีการเก็บตัวอย่างแมงมุมด้วยวิธีการของ WARD'S METHOD โดยใช้โปรแกรม PC-ORD (McCune *et al.*, 2002) เพื่อหาค่า species richness (S), evenness (E), diversity (H) และ Simpson's diversity index (D') ของแมงมุมด้วย 5 วิธีพบว่าค่า E, H และ D' มีความแตกต่างกันน้อยทั้งที่ค่า S ที่ได้นั้นมีความแตกต่างกันค่อนข้างมาก (ตาราง 5)

ตาราง 5 ค่า richness, evenness, diversity และ Simpson's diversity index ของแมงมุมที่เก็บด้วยวิธี SS SW PT BT และ VS

Method	S	E	H	D'
1 SS	138	0.762	3.753	0.9589
2 SW	113	0.743	3.511	0.9270
3 PT	95	0.746	3.398	0.9176
4 BT	123	0.711	3.422	0.9047
5 VS	27	0.797	2.627	0.8845

S = Richness = number of species

E = Evenness =  $H / \ln(\text{Richness})$

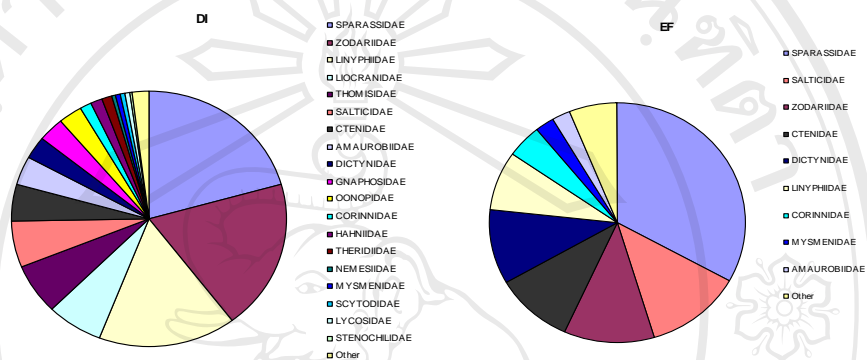
H = Diversity =  $-\sum (P_i \cdot \ln(P_i))$  = Shannon's diversity index

D' = Simpson's diversity index for infinite population =  $1 - \sum (P_i \cdot P_i)$

where  $P_i$  = importance probability in element i (element i relativized by row total)

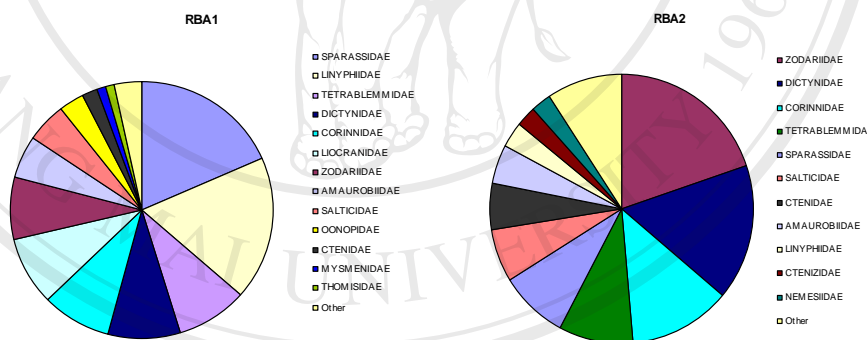
(1) Soil sample (SS)

เมื่อดูในแง่ของจำนวนแมงมุมในแต่ละ family ที่เก็บด้วยวิธี soil sample จะเห็นได้ว่า family ที่เก็บได้มากที่สุดของ DI คือ Sparassidae, Zodariidae และ Linyphiidae EF คือ Sparassidae, Salticidae และ Zodariidae RBA1 คือ Sparassidae, Linyphiidae และ Tetrabremmidae RBA2 คือ Zodariidae, Dictynidae และ Corinnidae RBA3 คือ Dictynidae, Tetrabremmidae และ Sparassidae ตามลำดับ (ภาพ 32-36)



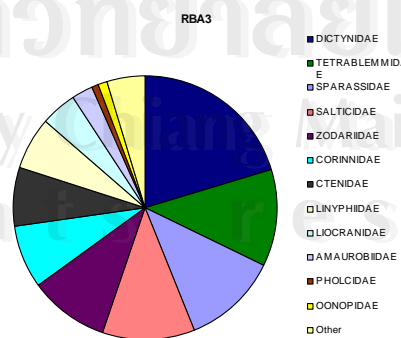
ภาพ 32

ภาพ 33



ภาพ 34

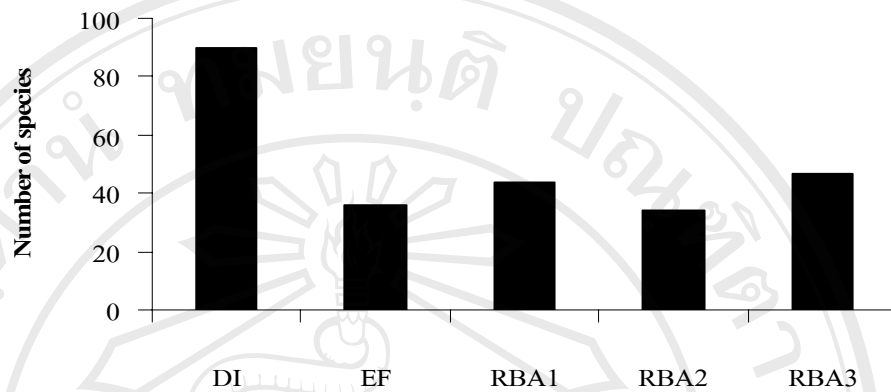
ภาพ 35



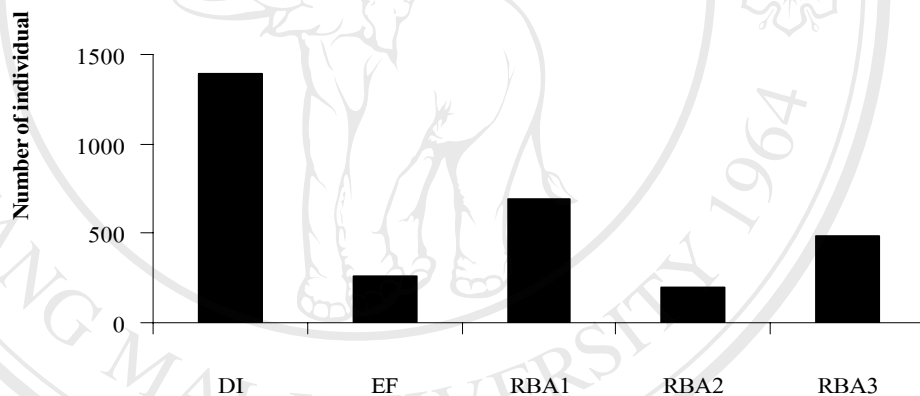
ภาพ 36

ภาพ 32-36 แสดงจำนวนตัวของ family แมงมุมจากตัวอย่างที่เก็บด้วยวิธี soil sample ในแต่ละพื้นที่

เห็นได้ว่าจำนวนชนิดแมงมุมและจำนวนตัวอย่างแมงมุมที่เก็บได้ของ DI จะมีจำนวนที่มากที่สุดเมื่อเทียบกับตัวอย่างอื่นอย่างเห็นได้ชัด (ภาพ 37 และ 38)

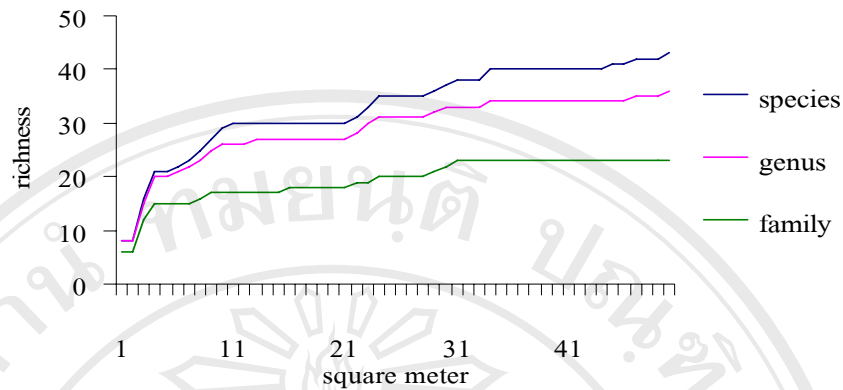


ภาพ 37 เปรียบเทียบจำนวนชนิดของแมงมุมที่เก็บได้โดยวิธี soil sample ในแต่ละครั้ง

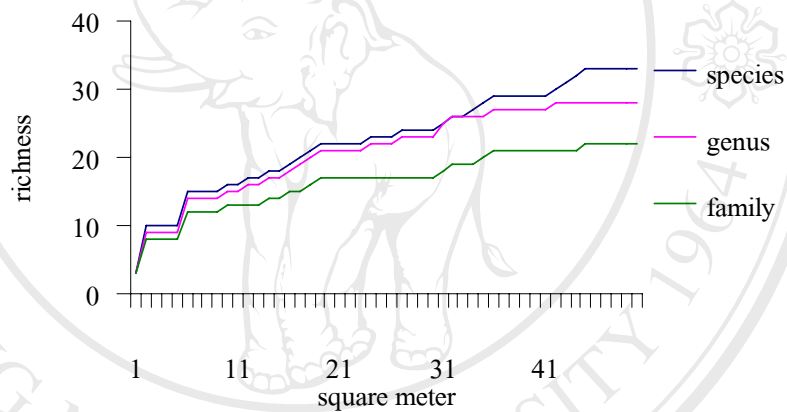


ภาพ 38 เปรียบเทียบจำนวนตัวของแมงมุมที่เก็บได้โดยวิธี soil sample ในแต่ละครั้ง

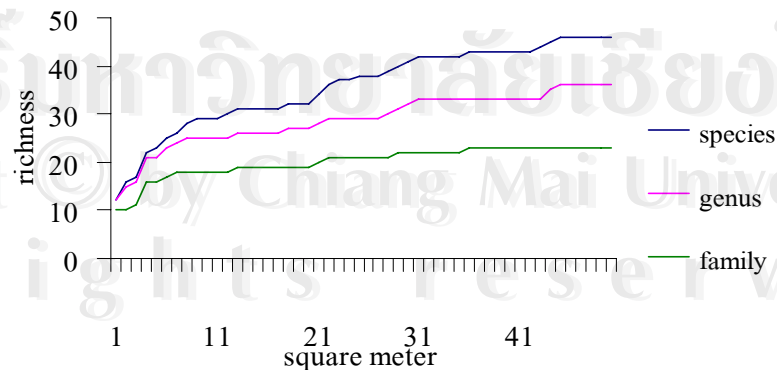
เมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ของ RBA ทั้งหมดพบว่าจำนวนชนิดและจำนวนตัวของแมงมุมใน RBA1 กับ RBA3 และ EF กับ RBA2 ค่อนข้างใกล้เคียงกัน (ภาพ 37 และ 38) ส่วนปริมาณดินในพื้นที่เก็บตัวอย่างเมื่อนำมาแสดงโดยใช้กราฟเส้นความถี่สะสมพบว่า RBA1 จำนวน genus และ species ยังคงเพิ่มสูงขึ้นไปเรื่อยๆ แต่จำนวนของ family คงที่ตั้งแต่ 30 ตารางเมตร (ภาพ 39) RBA2 จำนวน family genus และ species มีการเพิ่มขึ้นของกราฟในระดับที่พอๆกันและกราฟน่าจะยังไม่มีแนวโน้มคงที่ (ภาพ 40) และ RBA3 พบว่า family genus และ species นั้นเริ่มคงที่ที่ 35 ตารางเมตรในระดับ family ส่วน genus และ species เริ่มคงที่ที่ระดับ 43 ตารางเมตร (ภาพ 41) เมื่อรวมแต่ละ RBA เข้าด้วยกันเห็นได้ว่ากราฟ RBA1 ที่ได้ยังมีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นแต่ RBA2 และ RBA3 เริ่มคงที่ (ภาพ 42)



ภาพ 39 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี soil sample ระหว่างจำนวนชนิดของแมลงมดกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA1 (Taxonomic accumulation curve)

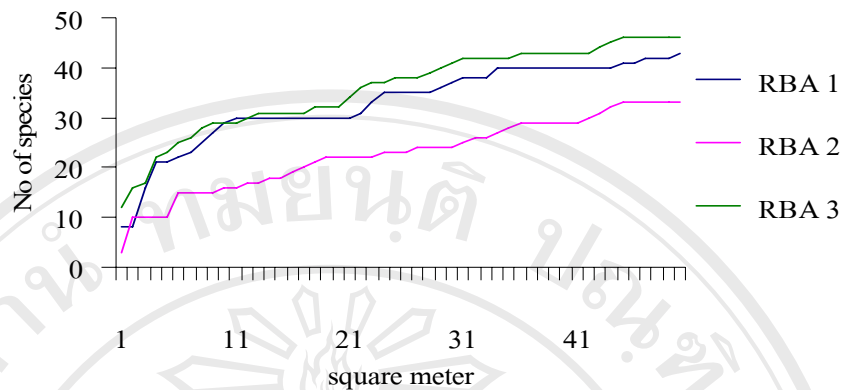


ภาพ 40 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี soil sample ระหว่างจำนวนชนิดของแมลงมดกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA2 (Taxonomic accumulation curve)



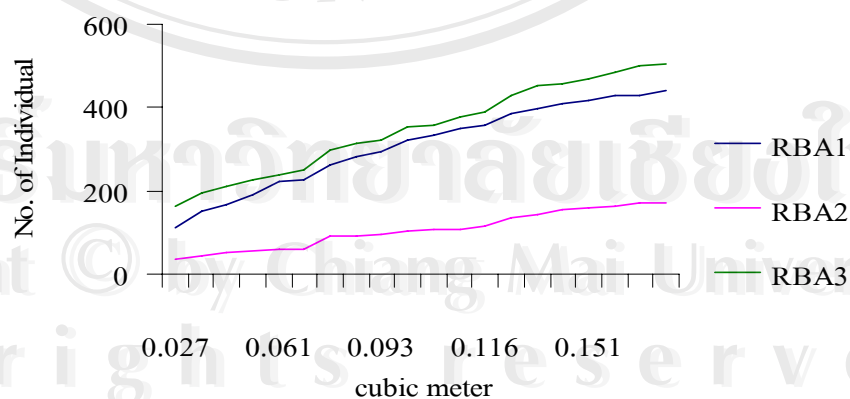
ภาพ 41 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี soil sample ระหว่างจำนวนชนิดของแมลงมดกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA3 (Taxonomic accumulation curve)



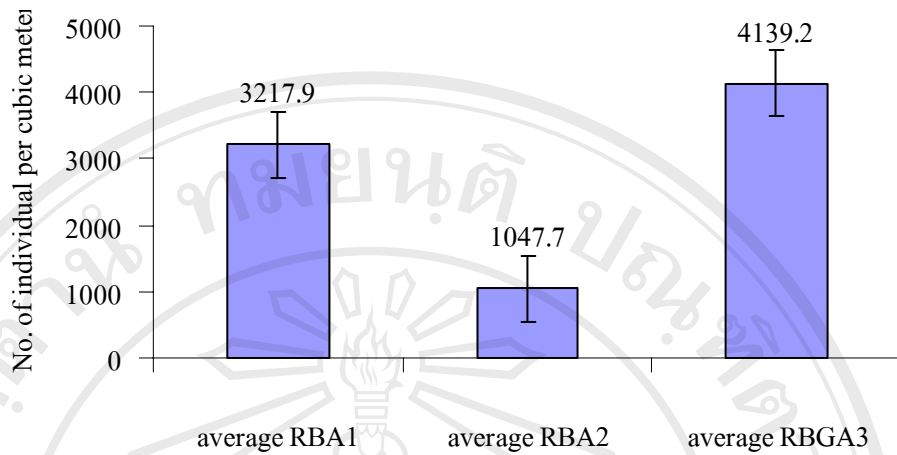


ภาพ 42 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี soil sample ระหว่างจำนวนชนิดของแมงมุมกับข้อมูลการเก็บตัวอย่าง

เมื่อคิดความสัมพันธ์ของจำนวนตัวแมงมุมที่ได้กับปริมาตรดินในพื้นที่เพื่อดูและบอกถึงจำนวนแมงมุมในหน่วยของลูกบาศก์เมตร แสดงโดยกราฟเส้น จะเห็นได้ว่า RBA1 และ RBA3 ใกล้เคียงกันกว่า RBA2 โดยที่ RBA1 RBA2 และ RBA3 ได้จำนวนตัวแมงมุม 321 103 และ 353 ตัวต่อ 0.1 ลูกบาศก์เมตรตามลำดับ (ภาพ 43) เมื่อนำมาคำนวณประมาณหาค่าเฉลี่ยจำนวนตัวต่อ 1 ลูกบาศก์เมตรและนำเสนอโดยกราฟแท่งพบว่า RBA1 RBA2 และ RBA3 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 3217.9 1047.7 และ 4139.2 ตัวต่อปริมาตรและมีค่า SD เท่ากับ 492.0155 127.372 และ 1153.229 ตามลำดับ และจากตารางเดียวกันจะเห็นได้ว่าข้อมูลทั้งหมดมีความสัมพันธ์กันดังนี้ RBA1<sup>a</sup> RBA2<sup>b</sup> และ RBA3<sup>a</sup> (ภาพ 44)



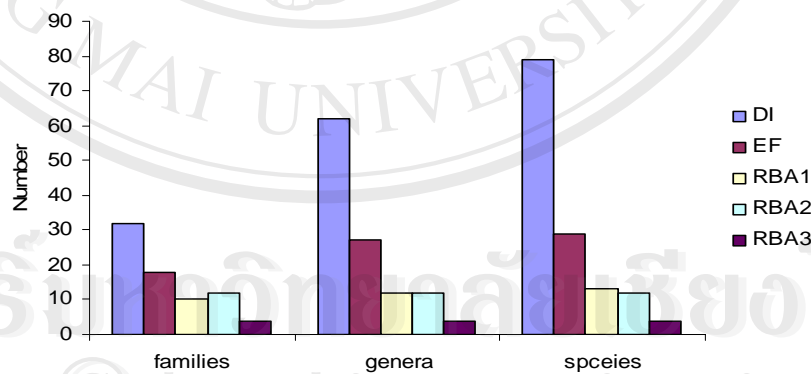
ภาพ 43 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี soil sample ระหว่างจำนวนของแมงมุมกับปริมาตรดินของพื้นที่เก็บตัวอย่าง



ภาพ 44 แสดงค่าเฉลี่ยจำนวนตัวต่อปริมาตรดินในหน่วยลูกบาศก์เมตร ของข้อมูล RBA1 RBA2 และ RBA3

(2) Pitfall trap (PT)

จากการเก็บตัวอย่างแมงมุมด้วยวิธี pitfall trap แล้วนำมาเปรียบเทียบโดยใช้กราฟแท่งจะเห็นว่า DI เป็นกลุ่มที่เก็บแมงมุมได้มากที่สุดและมากกว่ากลุ่มอื่น ส่วน RBA3 มีข้อมูลที่น้อยที่สุด (ภาพ 45)

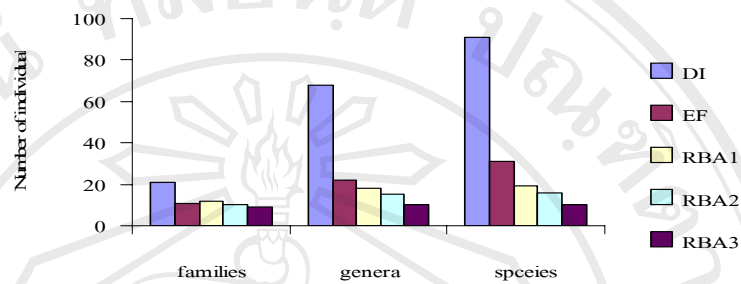


ภาพ 45 เปรียบเทียบจำนวนแมงมุมที่เก็บด้วยวิธี pitfall trap

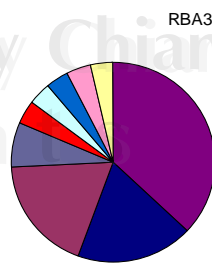
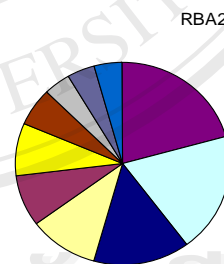
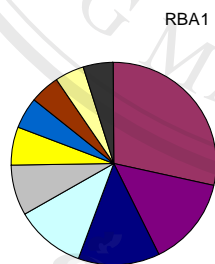
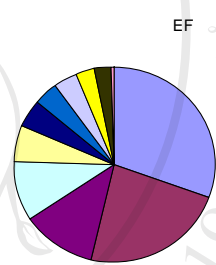
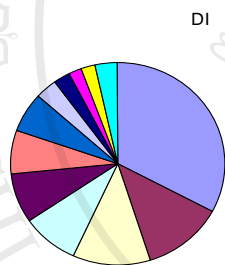
(3) Sweeping (SW)

การเก็บตัวอย่างแมงมุมด้วยวิธี sweeping และนำมาเปรียบเทียบโดยใช้กราฟแท่งจะเห็นว่า DI เป็นกลุ่มที่เก็บแมงมุมได้มากที่สุดและมากกว่ากลุ่มอื่น (ภาพ 46) และเมื่อนำ family ที่มีมาก

ที่สุดของ DI คือ Tetragnathidae, Linyphiidae และ Salticidae EF คือ Tetragnathidae, Linyphiidae และ Thomisidae RBA1 คือ Linyphiidae, Thomisidae และ Pholcidae RBA2 คือ Thomisidae, Theridiidae และ Pholcidae และ RBA3 คือ Linyphiidae, Pholcidae และ Thomisidae มาแสดงโดย ภาพ 47-51 ตามลำดับ



ภาพ 46 เปรียบเทียบจำนวนแมงมุมที่สำรวจพบด้วยวิธี sweep



ภาพ 47

ภาพ 48

ภาพ 49

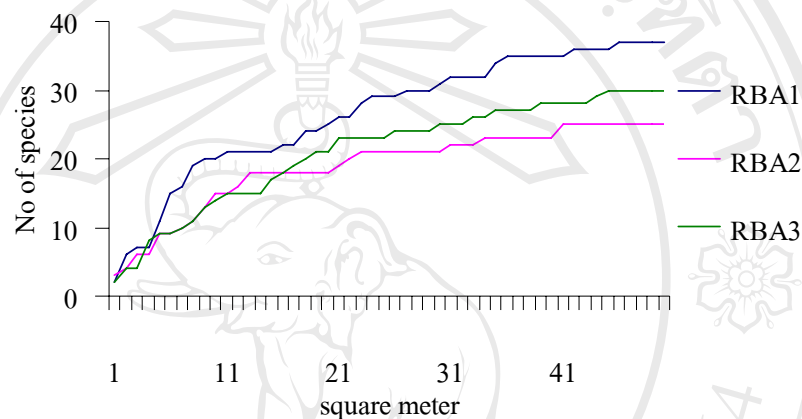
ภาพ 50

ภาพ 51

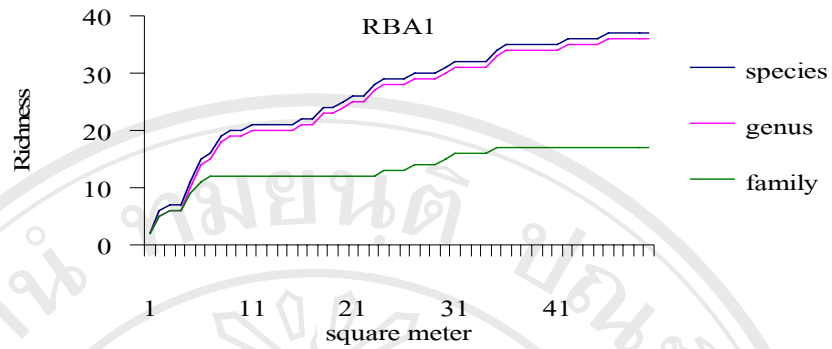
ภาพ 47-51 แสดงจำนวนตัวของ family แมงมุมจากการเก็บตัวอย่างด้วยวิธี sweep ในแต่ละพื้นที่

#### (4) Beating (BT)

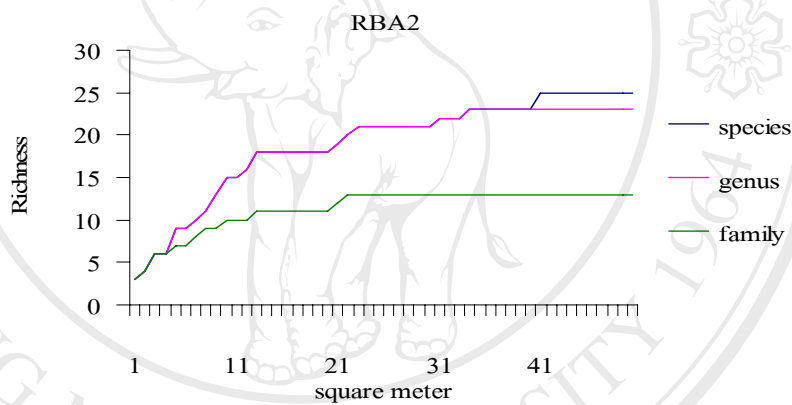
จากการเก็บตัวอย่างด้วยวิธีนี้พบว่า RBA3 ได้จำนวน species ของแมงมุมมากที่สุดและน้อยที่สุดก็คือ RBA2 โดยกราฟทั้งหมดยังมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นไปอีก (ภาพ 52) และข้อมูลของ species genus และ family ได้แสดงในภาพ 53-55 โดย RBA1 จำนวน family เริ่มคงที่ประมาณ 35 ตารางเมตร (ภาพ 53) ส่วน RBA2 ทั้ง family, genus และ species คงที่ที่ 41 ตารางเมตร (ภาพ 54) แต่ RBA3 คงที่ที่มากกว่า 41 ตารางเมตร (ภาพ 55)



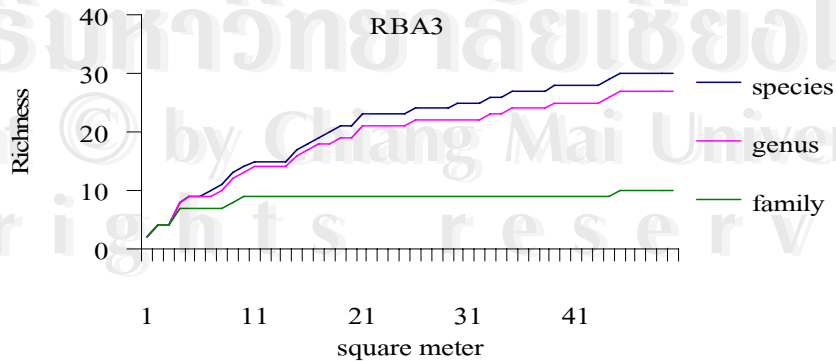
ภาพ 52 แสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนชนิดของแมงมุมที่เก็บด้วยวิธี beating กับพื้นที่เก็บตัวอย่าง



ภาพ 53 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี beating ระหว่างจำนวนชนิดของแมงมุมกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA1 (Taxonomic accumulation curve)



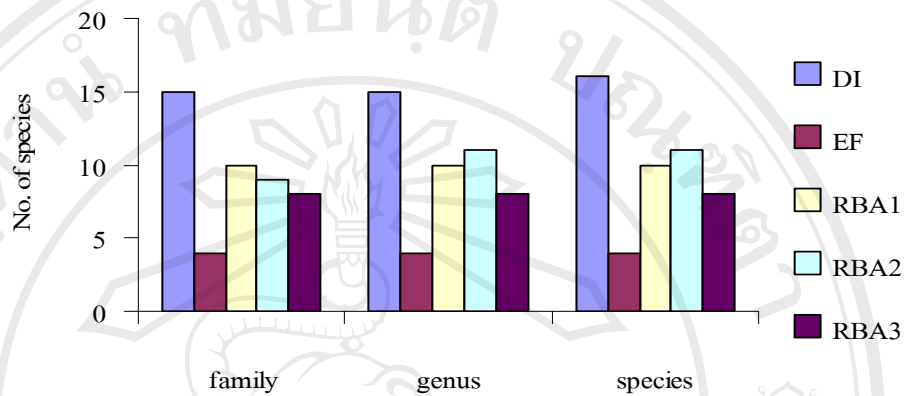
ภาพ 54 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี beating ระหว่างจำนวนชนิดของแมงมุมกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA2 (Taxonomic accumulation curve)



ภาพ 55 แสดงความสัมพันธ์การเก็บตัวอย่างด้วยวิธี beating ระหว่างจำนวนชนิดของแมงมุมกับพื้นที่เก็บตัวอย่างจาก RBA3 (Taxonomic accumulation curve)

(5) Visual search (VS)

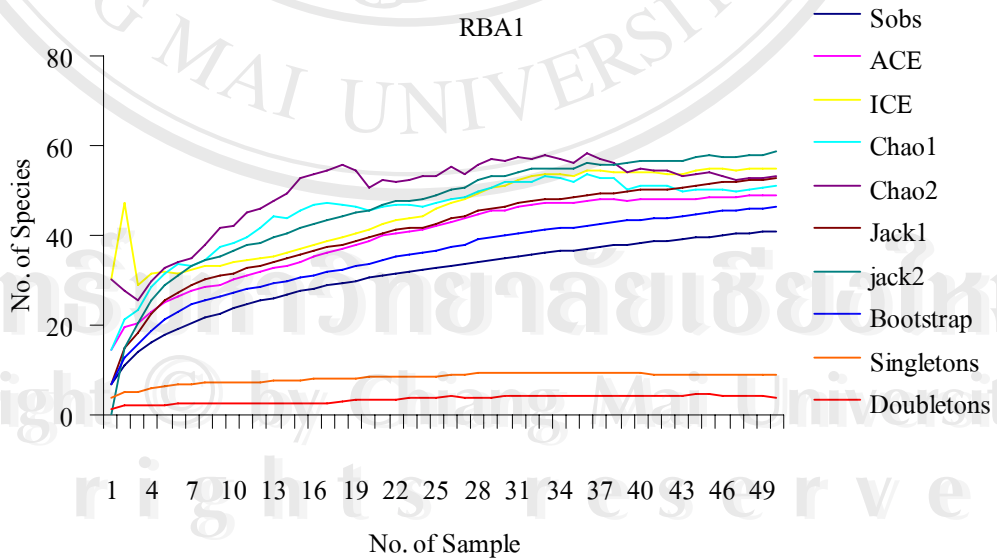
ในการเก็บด้วยวิธีนี้พบว่าข้อมูลของ DI ได้ค่าที่สูงที่สุดส่วนข้อมูลที่ได้น้อยที่สุดคือข้อมูลของ EF (ภาพ 56)



ภาพ 56 เปรียบเทียบจำนวนแมลงมูมที่สำรวจพบด้วยวิธี VS

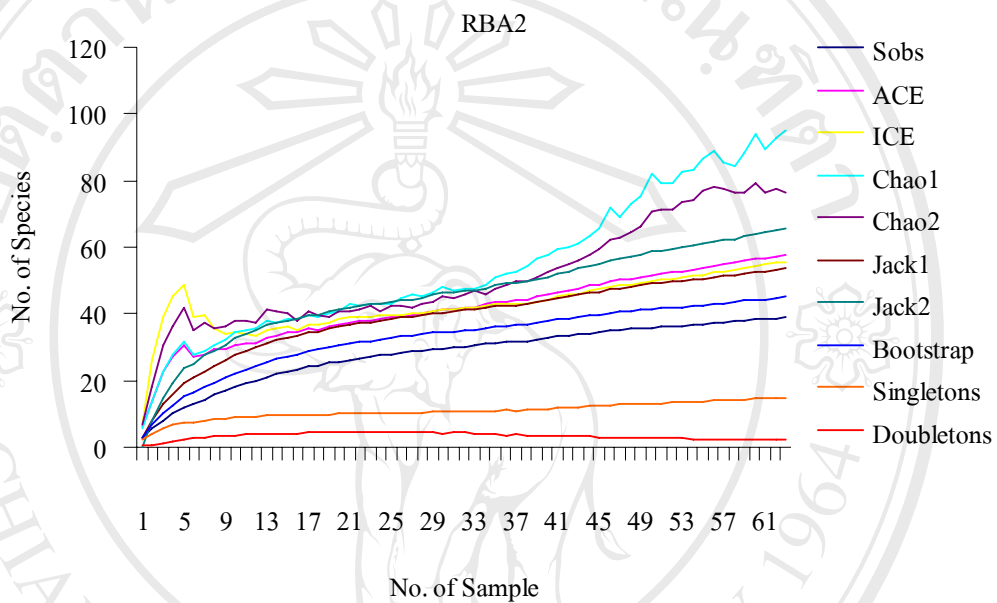
**Non-parametric species estimator**

ข้อมูลวิธี soil sample ของ RBA1 RBA2 และ RBA3 คำนวณด้วยโปรแกรม EstimateS 7.5.0 แล้วนำมาแสดงด้วยกราฟความถี่สะสมดังภาพ 57-59



ภาพ 57 แสดงค่าประมาณในรูปแบบกราฟความถี่สะสมของข้อมูลวิธี soil sample (Sobs) ใน RBA1 ซึ่งแสดงโดยใช้ค่าประมาณ ACE ICE Chao1 Chao2 Jack1 Jack2 และ Bootstrap รวมถึงแสดงค่า Singletons และ Doubletons

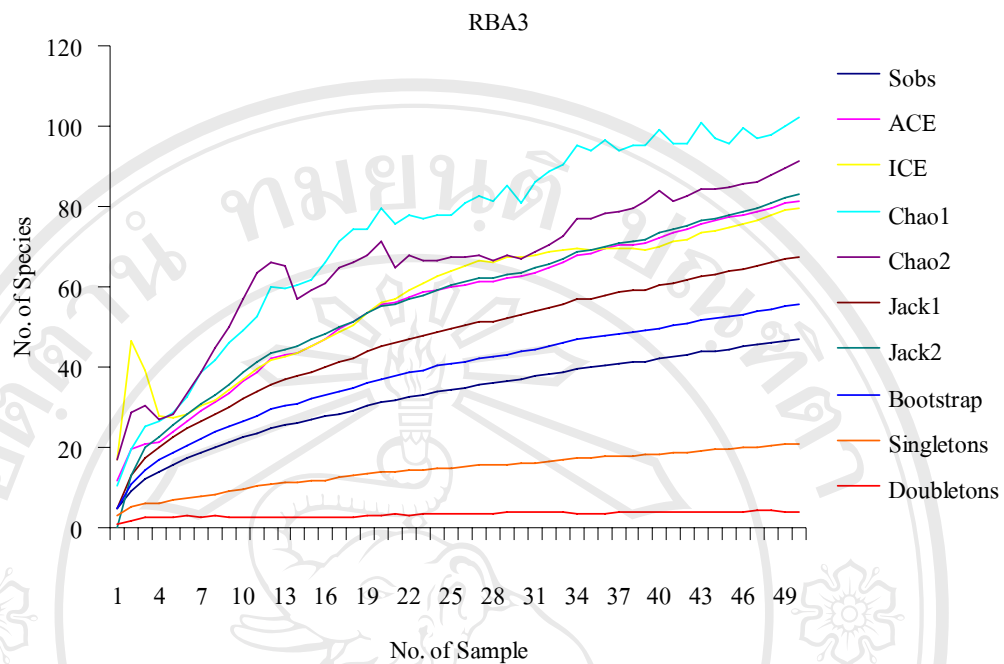
ภาพ 57 แสดงให้เห็นว่าค่า Sobs หรือค่าจากการเก็บตัวอย่างจริงมีค่าต่ำที่สุดเมื่อเทียบกับค่าประมาณทั้งหมดโดยมีค่าที่เข้า asymptotic 4 ค่าจากมากไปน้อยตามลำดับคือ ACE ICE Chao1 และ Chao2 ส่วน Jack1 Jack2 และ Bootstrap ยังมีค่าสูงขึ้นเรื่อยๆ โดยค่าประมาณที่มีค่าสูงที่สุดคือ Jack2 น้อยที่สุดคือ Bootstrap ส่วนค่า Singletons และ Doubletons เป็นกราฟที่ค่อนข้างขนานกันไปโดย Doubletons มีค่าต่ำกว่า Singletons



ภาพ 58 แสดงค่าประมาณในรูปแบบกราฟความถี่สะสมของข้อมูลวิธี soil sample (Sobs) ใน RBA2 ซึ่งแสดงโดยใช้ค่าประมาณ ACE ICE Chao1 Chao2 Jack1 Jack2 และ Bootstrap รวมถึงแสดงค่า Singletons และ Doubletons

ภาพ 58 แสดงให้เห็นว่าค่า Sobs (soil sifting observed) หรือค่าจากการเก็บตัวอย่างจริงมีค่าต่ำที่สุดเมื่อเทียบกับค่าประมาณทั้งหมดโดยมีค่าที่เข้า asymptotic มีอยู่ 1 ค่าคือ Chao2 ส่วน ACE ICE Chao1 Jack1 Jack2 และ Bootstrap ยังมีค่าสูงขึ้นเรื่อยๆ โดยค่าประมาณที่มีค่าสูงที่สุดคือ Chao1 น้อยที่สุดคือ Bootstrap ส่วนค่า Singletons และ Doubletons เป็นกราฟที่แยกจากกันโดย Singletons มีค่าสูงขึ้นแต่ Doubletons มีค่าที่ลดต่ำลง





ภาพ 59 แสดงค่าประมาณในรูปแบบกราฟความถี่สะสมของข้อมูลวิธี soil sample (Sobs) ใน RBA3 ซึ่งแสดงโดยใช้ค่าประมาณ ACE ICE Chao1 Chao2 Jack1 Jack2 และ Bootstrap รวมถึงแสดงค่า Singletons และ Doubletons

ภาพ 59 แสดงให้เห็นว่าค่า Sobs หรือค่าจากการเก็บตัวอย่างจริงยังมีค่าต่ำที่สุดเมื่อเทียบกับค่าประมาณทั้งหมดโดยไม่มีค่าที่เข้า asymptotic เลยแต่ค่าประมาณ ACE ICE Chao1 Chao2 Jack1 Jack2 และ Bootstrap ยังมีค่าสูงขึ้นเรื่อยๆ โดยค่าประมาณที่มีค่าสูงที่สุดคือ Chao1 น้อยที่สุดคือ Bootstrap ส่วนค่า Singletons และ Doubletons เป็นกราฟที่แยกห่างกันโดย Singletons มีค่าสูงขึ้น ส่วน Doubletons ค่อนข้างคงที่