

บทที่ 2

ทบทวนเอกสาร

ในปัจจุบันประเทศไทยมีความสนใจไส้เดือนดินในแง่มุมต่าง ๆ มากขึ้น อาทิ การศึกษาวิจัยในด้านสิ่งแวดล้อม ด้านปศุสัตว์ ด้านเกษตรกรรม ด้านการแพทย์ และโดยเฉพาะอย่างยิ่งด้านการเกษตร โดยพบว่าไส้เดือนดินมีบทบาทสำคัญในการปรับปรุงคุณภาพดินให้มีความสมบูรณ์ส่งผลให้พืชเจริญเติบโตได้ดีขึ้น (อานัฐ, 2555) นักวิชาการจึงเริ่มสนใจไส้เดือนดินเพิ่มมากขึ้น โดยเฉพาะไส้เดือนดินในพื้นที่การเกษตร โดยสายพันธุ์ที่นิยมเพาะเลี้ยงในปัจจุบันมีทั้งจากสายพันธุ์ท้องถิ่นในประเทศไทยเองและนำมาเข้ามาจากต่างประเทศเช่น สายพันธุ์ African night crawler ที่มีถิ่นกำเนิดมาจากทวีปแอฟริกาและสายพันธุ์ tiger ที่มีถิ่นกำเนิดมาจากทวีปยุโรป โดยไส้เดือนดินทั้งสองสายพันธุ์สามารถนำมาเพาะเลี้ยงและใช้ประโยชน์ในการเกษตรในประเทศไทยได้ดีแต่ยังคงต้องอยู่ในโรงเพาะเลี้ยงเท่านั้น จึงมีความพยายามรวบรวมสายพันธุ์ไส้เดือนดินท้องถิ่นเพื่อนำมาใช้ประโยชน์ทดแทนสายพันธุ์ที่นำเข้ามา แต่ประสบปัญหาในการระบุถึงชนิดที่แท้จริงของสายพันธุ์ไส้เดือนดินท้องถิ่นเนื่องจากในแต่ละพื้นที่มีชื่อเรียกแตกต่างกันไปเช่น ไส้เดือนดินชนิด *Metaphire peguana* มีลำตัวสีเทาและพบได้ทั่วไปตามพื้นที่การเกษตร มีชื่อเรียกในท้องถิ่นโดยเฉพาะทางภาคเหนือว่าจิ้งตาแร่ กับสายพันธุ์การค้าของไส้เดือนดินในสกุล *Perionyx* เป็นไส้เดือนดินที่มีสีแดง แต่พบว่าบ่อยครั้งถูกเรียกชื่อเหมือนกันกับจิ้งตาแร่เป็นชนิด *M. peguana* เป็นต้น

2.1 อนุกรมวิธานของไส้เดือน

ไส้เดือน (earthworm) เป็นสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลัง จัดรูปร่างอยู่ในสัคดิ์แอนนิลิดา (phylum Annelida) ชั้น โอลิโกคีตา (class Oligochaeta) และเรียกกลุ่มสัตว์ในชั้นดังกล่าวว่า โอลิโกคีต (Oligochaet) มีลักษณะสำคัญคือ ตรวจพบโคลเทลลัมในระยะตัวเต็มวัย มีช่องเปิดเพศผู้และเพศเมียในตำแหน่งที่ต่างกัน ปัจจุบันชั้นโอลิโกคีตมีอยู่ 3 อันดับ (orders) คือ อันดับ Lumbriculida อันดับ Tubificina และอันดับ Haplotaxida โดย 2 อันดับแรกเป็นไส้เดือนน้ำ (aquatic earthworm) และไส้เดือนกึ่งน้ำ (semi-aquatic earthworm) ส่วนไส้เดือนดิน (terrestrial earthworm) พบอยู่ในอันดับ

Haplotaxida เท่านั้น ทั้งนี้ องค์การ International Commission on Zoological Nomenclature หรือ ICZN ได้จัดจำแนกไส้เดือนดินทั่วโลกทั้งสามอันดับไว้ทั้งหมด 32 วงศ์ (families) และมีมากกว่า 8,000 ชนิด (species) (บพิธ และนันทพร, 2552; Ruppert and Barnes, 1994) สำหรับในประเทศไทย พบไส้เดือนดินกระจายอยู่ใน 6 วงศ์ ได้แก่ วงศ์ Glossoscolecidae, Moniligastridae, Octochaetidae, Megascolecidae, Eudrilidae และ Lumbricidae และได้รับการยืนยันชนิดแน่นอนมีเพียง 41 ชนิด (Gate, 1939; Bantaowong *et al.*, 2011)

2.2 ความหลากหลายของชนิดและการแพร่กระจายตัวของไส้เดือนดิน

มีรายงานสำรวจพบไส้เดือนดินทั่วโลกมากกว่า 8,000 ชนิด (Edwards, 2004) ในทวีปยุโรป อเมริกา ออสเตรเลียและเอเชีย โดยไส้เดือนดินส่วนใหญ่จัดอยู่ในวงศ์ Megascolecidae และ วงศ์ Lumbricidae โดยสองวงศ์นี้มีสมาชิกรวมแล้วมากกว่า 500 ชนิด ในทวีปแอฟริกาพบไส้เดือนดิน ในวงศ์ Lumbricidae มากถึง 274 ชนิด นอกจากนี้ในแถบทวีปอเมริกามีรายงานพบไส้เดือนดิน 130 ชนิด ส่วนใหญ่อยู่ในวงศ์ Megascolecidae วงศ์ Ocerodrilidae และวงศ์ Glossoscolecidae (Fragoso *et al.*, 1999) ส่วนประเทศที่มีรายงานว่ามีความหลากหลายของไส้เดือนดินมากที่สุดคือประเทศอินเดีย ซึ่งมีมากถึง 385 ชนิด (Raynold, 1994)

สำหรับการศึกษาความหลากหลายของไส้เดือนดินในประเทศไทยนั้นพบว่าในระยะแรกยังขาดนักวิชาการที่มีความชำนาญหรือสนใจถึงประโยชน์ของไส้เดือนดิน จำเป็นต้องอาศัยนักวิชาการจากต่างประเทศเข้ามาให้ความรู้ และทำการสำรวจความหลากหลายของไส้เดือนดินโดยพบว่าส่วนใหญ่อยู่ในกลุ่ม Pheretimid (*Pheretima* sp., *Metaphire* sp., *Amyntas* sp.) ดังรายงานของ Gate (1939) ที่ระบุว่าไส้เดือนดินในประเทศไทยส่วนใหญ่จัดอยู่ในวงศ์ Megascolecidae กลุ่ม Pheretimid มากกว่า 24 ชนิด สอดคล้องกับรายงานของ Sims and Easton (1972) ที่ระบุว่าในทวีปเอเชียส่วนใหญ่พบไส้เดือนดินสกุล *Amyntas* และสกุล *Metaphire* เป็นสองสกุลหลักในกลุ่ม Pheretimid ที่มีจำนวนสูงสุดตามลำดับ

ในเวลาต่อมาเริ่มมีนักวิชาการไทยได้ทำการสำรวจไส้เดือนดินในพื้นที่ต่าง ๆ กันอย่างกว้างขวาง และในปัจจุบันประเทศไทยได้ทำการจัดจำแนกชนิดไส้เดือนดินไว้แล้ว 41 ชนิด (Bantaowong *et al.*, 2014) โดยรวบรวมข้อมูลมาจากรายงานหลายฉบับ อาทิเช่น ปี ค.ศ. 2007 มีรายงานจาก Chantaravisoot ว่าพบไส้เดือนดินสกุล *Metaphire* ที่คาดว่าจะป็นชนิดใหม่อีก 4 ชนิด นอกจากนี้ยังมีรายงานที่แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายของไส้เดือนดินที่เพิ่มมากขึ้น เช่น

Somniyam and Suwanwaree (2009) ได้รายงานพบไส้เดือนดินชนิดใหม่เพิ่มเติมในจังหวัดนครราชสีมา เป็นไส้เดือนดินสกุล *Metaphire* จำนวน 5 ชนิดที่ยังไม่สามารถจำแนกได้อย่างชัดเจน เช่นเดียวกันกับการศึกษาของ Bantawong *et al.* (2011) ที่รายงานพบไส้เดือนดินชนิดใหม่คือ *M. grandipenes* เป็นครั้งแรกในจังหวัดน่าน

สำหรับไส้เดือนดินสกุล *Amyntas* จากรายงานของ Sims and Easton (1972) สํารวจพบไส้เดือนดินในสกุล *Amyntas* จำนวน 14 ชนิดในประเทศไทย และมีรายงานเพิ่มเติมจาก Kosavitikul (2005) ว่าพบไส้เดือนดินในสกุลนี้อีก 6 ชนิดในอุทยานแห่งชาติเขาใหญ่ โดยมี 3 ตัวอย่าง ที่ยังไม่สามารถระบุชนิดได้ชัดเจน เช่นเดียวกับรายงานของ Chantaravisoot (2007) และ Somniyam and Suwanwaree (2009) ที่พบไส้เดือนดินสกุล *Amyntas* จำนวน 5 ชนิดที่คาดว่าจะป็นชนิดใหม่ และ 7 ชนิดที่ยังไม่สามารถระบุชนิดได้ นอกจากนี้ Bantaowong *et al.* (2011) ได้รายงานพบไส้เดือนดินสกุลดังกล่าวเพิ่มอีก 4 ชนิดในจังหวัดน่าน ได้แก่ *A. phatubensis*, *A. tontong*, *A. borealis* และ *A. srinan* โดยในประเทศไทยสํารวจพบไส้เดือนดินในสกุล *Amyntas* แล้วกว่า 19 ชนิด (Bantaowong *et al.*, 2014) และล่าสุด Bantaowong *et al.* (2014) ได้รายงานสํารวจพบไส้เดือนดินในสกุล *Amyntas* เพิ่มเติมอีก 4 ชนิด เป็นไส้เดือนดินในกลุ่ม *aeliamus* species-group จำนวน 2 ชนิดได้แก่ *A. arenulus* และ *A. longicaeca* และอีก 2 ชนิดเป็นไส้เดือนดินในกลุ่ม *cortices* species-group ได้แก่ *A. thakhantho* และ *A. phucheevah* โดยที่ชนิด *A. arenulus* กับ *A. thakhantho* สํารวจพบในที่อยู่อาศัยแบบดินทราย และชนิด *A. longicaeca* กับ *A. phucheevah* สํารวจพบบริเวณของดินเหนียวในพื้นที่ป่าผลัดใบ

ไส้เดือนดินมีจุดกำเนิดขึ้นที่ใดยังไม่สามารถให้คำตอบได้ แต่มีหลักฐานการกระจายตัวไปในพื้นที่ต่าง ๆ ทั่วโลก โดยการสํารวจไส้เดือนดินในพื้นที่ต่าง ๆ มักพบไส้เดือนดินท้องถิ่น (native species หรือ endemic) ที่อาศัยอยู่ ณ บริเวณนั้นอยู่ก่อนแล้ว และไส้เดือนดินต่างถิ่น (peregrine หรือ exotic) ซึ่งอาจเป็นไส้เดือนดินที่มีการนำเข้ามา หรือแพร่กระจายบุกรุกมาจากพื้นที่อื่นในภายหลัง (Raynold, 1994) เช่น เคลื่อนย้ายมาจากการขนส่งผลิตภัณฑ์ทางการเกษตรที่อาจมีการปนเปื้อนไข่หรือตัวอ่อนไส้เดือนดินติดมาด้วย โดยมีรายงานอ้างอิงดังกล่าวส่งผ่านมาทางเรือขนส่งสินค้าทางการเกษตร (Smith, 1892) นักวิชาการจึงเชื่อว่า สาเหตุของความหลากหลายดังกล่าวนี้ เกิดจากการโยกย้ายของประชากรไส้เดือนดินต่างถิ่นเข้ามาสู่กรรณและปรับตัวอยู่รอดร่วมกับชนิดท้องถิ่นเดิม อีกทั้งเชื่อว่า ความหลากหลายในชนิดของไส้เดือนดินจะเปลี่ยนแปลงไปตามลักษณะของที่อยู่อาศัย สภาพอากาศ และอินทรีย์วัตถุ ซึ่งเป็นแหล่งอาหารในการดำรงชีพ (Lee, 1985)

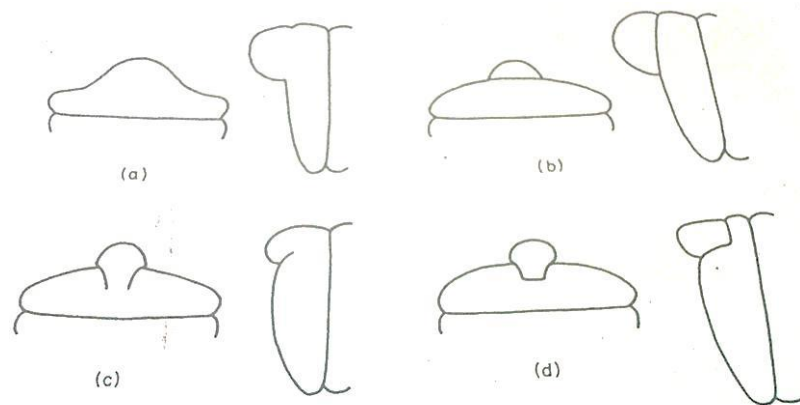
2.3 ลักษณะที่ใช้สำหรับการจัดจำแนกไส้เดือนดินและสัณฐานวิทยาไส้เดือนดินที่เกี่ยวข้อง

สำหรับกุญแจ (key) ที่ใช้สำหรับการจัดจำแนกสัณฐานวิทยามีที่มาจากตำราหลายเล่ม แต่ละเล่มมีความเหมาะสมแตกต่างกันออกไป ทั้งนี้ Edwards and Bohlen (1996) ได้แนะนำกุญแจสำคัญสำหรับไส้เดือนดินในพื้นที่ต่าง ๆ ดังนี้ ไส้เดือนในทวีปสหรัฐอเมริกาใช้กุญแจของ Fender (1992) และ Ernst (1995) สำหรับกุญแจไส้เดือนในประเทศเขตร้อนใช้ของ Gate (1939) ในสหราชอาณาจักร ใช้กุญแจของ Sims and Gerard (1985) ส่วนในประเทศฝรั่งเศสใช้กุญแจของ Bouche (1972) ส่วนไส้เดือนในประเทศนิวซีแลนด์ใช้กุญแจของ Lee (1959) และไส้เดือนในประเทศออสเตรเลียใช้กุญแจของ Baker and Barrett (1994) สำหรับปัจจุบัน ไส้เดือนในแถบเอเชีย Blackmore (2008) ได้พยายามสำรวจ และตรวจสอบความถูกต้องใหม่ในหลายประเทศ ในการทดลองครั้งนี้ได้เลือกใช้กุญแจของ Gate (1972) และกุญแจของ Sims and Easton (1972) ร่วมกันอ้างอิงโดย Julka (1988) และพัฒนา และวิรุฬ (2556) (ภาคผนวก ค) ทั้งนี้มีรายละเอียดของลักษณะสัณฐานวิทยาในแต่ละส่วนดังนี้

1. ปล้อง (segment)

ปล้องของไส้เดือนดินเกิดจากร่องลึกระหว่างปล้อง (intersegment groove) (บพิริ และ นันทพร, 2552) การนับปล้องแรกจะถือตำแหน่งของปากที่เรียกว่า peristomium เป็นปล้องที่ 1 โดยเหนือปากจะพบริมฝีปากรวมอยู่ด้วยเรียกว่า prostomium หรือ acron โดยทั่วไปจะพบรูปแบบของริมฝีปากไส้เดือนดิน 4 รูปแบบใหญ่ ๆ ได้แก่ แบบ zygotobous (a) แบบ prolobous (b) แบบ epilobous (c) และแบบ tanylobous (d) (ภาพ 2.1) (Edwards and Bohlen, 1996)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

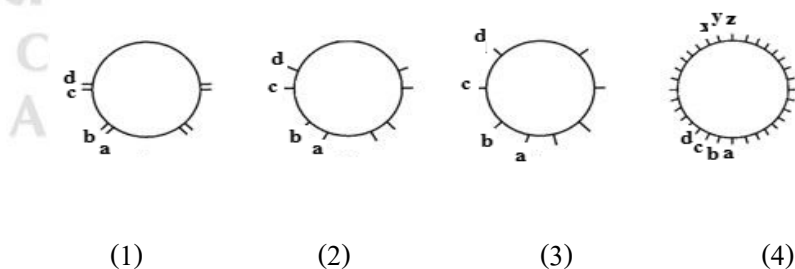


ภาพ 2.1 รูปแบบของปากและริมฝีปากของไส้เดือนดินโดยอักษร a = zygolobous, b = prolobous, c = epilobous และ d = tynylobous

ที่มา: คัดแปลงจาก Edwards and Lofty (1972)

2. เตื่อย (setae)

เตื่อยของไส้เดือนดินเป็นเนื้อเยื่อที่ยึดและหดตัวได้ โดยทั่วไปมีอยู่ประมาณ 8 เส้นต่อปล้อง แต่บางชนิดอาจมีถึง 100 เส้นต่อปล้อง การเรียงตัวของเตื่อยจำแนกได้ 2 รูปแบบ ได้แก่ แบบที่ 1 เป็นแบบ lumbricine แบ่งเป็นแบบ closely paired (1) แบบ wildly paired (2) และแบบ distant paired (3) และแบบที่ 2 เป็นแบบ perichaetine (4) ซึ่งจะกระจายรอบลำตัว (arrangement) การนับจะเริ่มตั้งแต่ปล้องที่ 2 ไปจนถึงสิ้นสุดที่ปล้องก่อนสุดท้าย และกำหนดให้เรียกเตื่อยบริเวณหน้าท้องคู่แรกว่า aa และเส้นถัดไปจะเป็น b และ c ตามลำดับ (ภาพ 2.2) (Edwards and Bohlen, 1996)



ภาพ 2.2 การจัดเรียงตัวของเตื่อยไส้เดือนดินรูปแบบต่าง ๆ โดยหมายเลข 1 = closely paired, 2 = wildly paired, 3 = distant paired และ 4 = perichaetine

ที่มา: คัดแปลงจาก Edwards and Lofty (1972)

3. อวัยวะที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ (reproductive system) (Edwards and Bohlen, 1996)

3.1 ช่องรับอสุจิ (spermatheca)

ไส้เดือนดินมีช่องรับอสุจิอยู่ที่ตำแหน่งด้านท้อง (ventral) หรือด้านท้องก่อนมาทางด้านข้างลำตัว (ventro-laterally) ช่องส่วนใหญ่จะอยู่บริเวณรอยต่อของปล้อง (inter-septum) ที่เรียกว่าข้อ แต่บางชนิดอาจมีช่องอยู่ในปล้อง (intra-septum) ช่องเปิดรับน้ำอสุจิมีตั้งแต่ 1 ถึง 5 คู่หรือมากกว่า โดยที่จำนวน รูปร่างและตำแหน่งเริ่มต้น สามารถใช้ร่วมกับช่องเปิดเพศผู้ในการจำแนกไส้เดือนดินออกจากกันได้ สำหรับไส้เดือนดินในกลุ่ม Pheretimid จะอยู่ข้อที่ 4/5 ถึงข้อ 8/9 มีลักษณะคล้ายตะเข็บ (slit-like depression)

3.2 ช่องเปิดเพศผู้ (male pore)

ช่องเปิดเพศผู้ เป็นตำแหน่งสำคัญในการจำแนกชนิดของไส้เดือนดิน อาจมีจำนวน 1 หรือ 2 คู่ มี 2 รูปแบบคือ แบบเว้า (invaginate) และแบบนูน (superficial) นอกจากนี้ไส้เดือนดินบางชนิดยังมีปุ่มยี่ด้อยู่ใกล้ช่องเปิดเพศผู้ที่เรียกว่า genital papillae โดยทั้งตำแหน่งและรูปร่างปุ่มนี้ ถือเป็นบริเวณสำคัญที่ใช้จำแนกไส้เดือนดิน ในไส้เดือนดินสกุล *Metaphire* ช่องเปิดเพศผู้ส่วนใหญ่อยู่ที่ปล้อง 16 และมีท่อเชื่อมต่อกับช่องเปิดของต่อมลูกหมาก (prostatic pore)

3.3 ช่องเปิดเพศเมีย (female pore)

ช่องเปิดเพศเมีย จะอยู่กึ่งกลางด้านท้องและมีความแตกต่างกันไปตามวงศ์ของไส้เดือนดิน แต่ส่วนใหญ่จะอยู่ปล้องที่ 14 อาจมี 1 หรือ 2 ช่อง เปิดทะลุผ่านโคลเทลลัมติดต่อกับรังไข่ด้านในของลำตัว

3.4 โคลเทลลัม (clitellum)

โคลเทลลัม มีหน้าที่ผลิต cocoon ผลิตเมือกและไข่ขาว มีลักษณะเป็นกล้ามเนื้อหนาพองตัวขึ้นและมีสีแตกต่างจากลำตัว ในไส้เดือนดินตัวเต็มวัยจะปรากฏสีเข้มขึ้นอย่างชัดเจน แต่ในไส้เดือนดินวงศ์ Moniligastridae สกุล *Drawida* แม้จะอยู่ในวัยเจริญพันธุ์แต่โคลเทลลัมจะมีขนาดเล็ก สังเกตได้ยาก โดยทั่วไปจำแนกโคลเทลลัมได้ 4 รูปแบบ ได้แก่ แบบ saddle-shape แบบ annular-shape แบบ half-circular และแบบ thick muscle

3.5 ปุ่ม genital marking (ปุ่ม GM)

ปุ่ม genital marking ทำหน้าที่สำหรับยึดเกาะขณะที่ไส้เดือนดินมีการจับคู่เพื่อผสมพันธุ์ (copulation) รูปร่าง ขนาด จำนวนและตำแหน่งของปุ่มนี้มีความสำคัญอย่างมากต่อการจัดจำแนกชนิดของไส้เดือนดิน

3.6 อัณฑะ (testis) และ รังไข่ (ovary)

อัณฑะและรังไข่ ในไส้เดือนวงศ์ Megascolecidae พบอัณฑะอยู่ในปล้องที่ 10 และ 11 เรียกแบบนี้ว่า Holandry ถ้าพบเฉพาะปล้องที่ 10 เรียกว่า Proandric และถ้าพบเฉพาะปล้องที่ 11 เรียกว่า Metandric สำหรับรังไข่ ถ้าพบปล้องที่ 12 และ 13 เรียกว่าแบบนี้ว่า Hologyny ถ้าพบเฉพาะปล้องที่ 12 เรียกว่า Progyny และถ้าพบเฉพาะปล้องที่ 13 เรียกว่า Metagyny

3.7 ถุงเซมินอล เวสซิกเคิล (seminal vesicle)

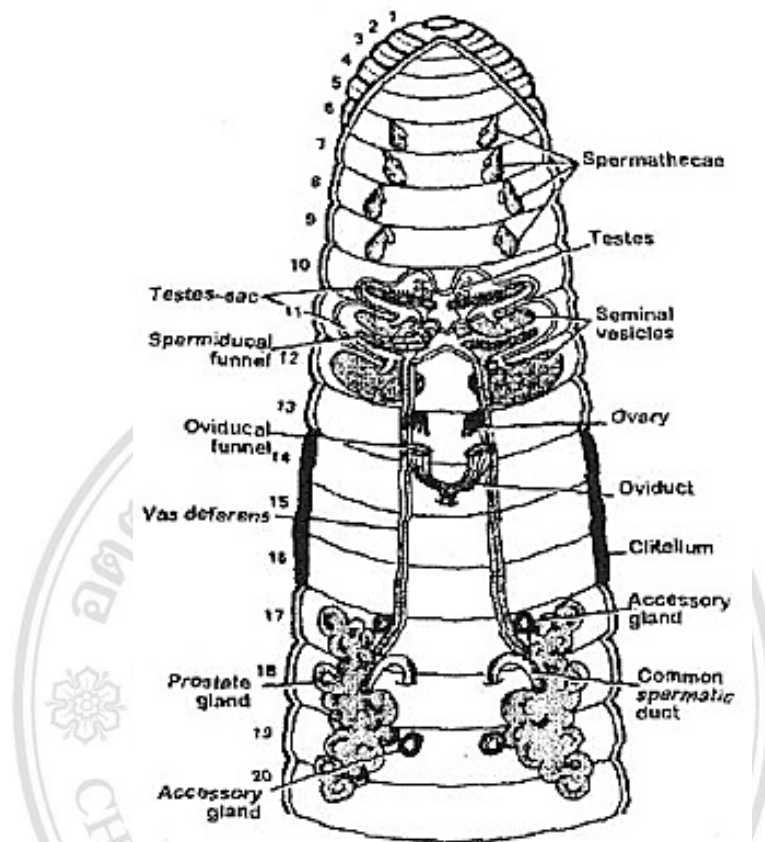
ถุงเซมินอล เวสซิกเคิล ในไส้เดือนวงศ์ Megascolecidae จะพบอยู่ปล้องที่ 11 และ 12 มี 2 คู่อยู่ติดกันกับหลอดอาหาร โดยแต่ละอันจะประกอบด้วย 2 ถุง ด้านบน 1 ถุง และด้านล่าง 1 ถุง และขนาดจะมีความแตกต่างกันไปในไส้เดือนดินแต่ละชนิด

3.8 สเปอิร์มาทิกา (spermatheca)

สเปอิร์มาทิกา เป็นโครงสร้างสำคัญอย่างหนึ่งที่ใช้สำหรับจำแนกไส้เดือนดิน โดยถุง 1 ถุงประกอบด้วย 2 ส่วนคือ แอมพูลลา (ampulla) และไคเวอร์ติคูลัม (diverticulum)

3.9 ต่อมลูกหมาก (prostate gland)

ต่อมลูกหมาก เป็นโครงสร้างที่จำเป็นในการสร้างสารอาหารเลี้ยงอสุจิ มีส่วนสำคัญ 2 ส่วน ได้แก่ ส่วนของต่อม (prostate gland) และส่วนท่อ (prostate duct) ที่เชื่อมไปที่รูเปิดเพศผู้ โดยต่อมลูกหมากจะมีท่อนำอสุจิ (vas deferential) มาบรรจบ อยู่ที่รูเปิดเพศผู้ หรือบริเวณท่อของต่อมลูกหมาก หรือบริเวณของต่อมลูกหมาก ขึ้นอยู่กับชนิดของไส้เดือนดิน และโดยทั่วไปจะจำแนกต่อมนี้ได้ 2 แบบได้แก่ แบบ recemose และแบบ tubular



ภาพ 2.3 ตำแหน่งอวัยวะที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ไส้เดือนดิน

ที่มา: Edwards and Lofty (1972)

4. อวัยวะที่เกี่ยวข้องกับระบบทางเดินอาหาร (gastro-intestinal system)

4.1 ก้อน (gizzard)

ก้อน มีความสำคัญสำหรับจัดจำแนกไส้เดือนดินออกเป็นสกุล เช่น ไส้เดือนดินชนิด *Drawida* มีจำนวนก้อนมากกว่า 1 อัน แต่ไส้เดือนดินสกุล *Perionyx* มีก้อนมีเพียง 1 อัน (Edwards and Bohlen, 1996)

4.2 ส่วนต้นของลำไส้

จุดเริ่มต้นของลำไส้ โดยทั่วไป จะอยู่ในตำแหน่งใกล้เคียงกันมากในสกุลเดียวกัน จุดนี้สามารถนำไปบอกความยาวของหลอดอาหารได้ (Edwards and Bohlen, 1996)

4.3 ต่อมสร้างแคลเซียม (calcififerous gland)

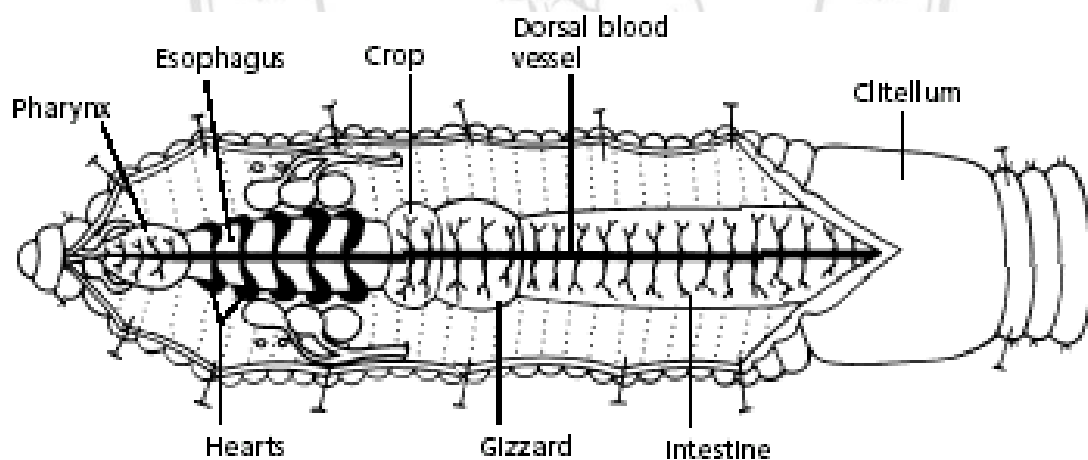
ต่อมสร้างแคลเซียม ทำหน้าที่สำหรับหลั่งสารแคลเซียมคาร์บอเนตเข้าทางเดินอาหาร มีตำแหน่งอยู่บนหลอดอาหาร ต่อมนี้จะพบในวงศ์ Glossoscolecidae แต่ในวงศ์ Megascolecidae จะไม่พบต่อมดังกล่าว (Edwards and Bohlen, 1996)

4.4 ไส้ติ่ง (caeca)

ไส้ติ่ง มีลักษณะเป็นท่อเล็ก ๆ ยื่นออกมาด้านนอกของลำไส้ และยื่นไปทางด้านหน้าของลำตัว มีหน้าที่สร้างเมือกให้แก่ลำไส้ โดยทั่วไปในไส้เดือนวงศ์ Megascolecidae จะปรากฏอยู่ที่ปล้อง 27 (Edwards and Bohlen, 1996)

4.5 ไทโฟลโซล (typhlosole)

ไทโฟลโซล มีลักษณะเป็นรอยพับยื่นไปด้านในของลำไส้ ทำหน้าที่เพิ่มพื้นที่สำหรับย่อยอาหาร โดยจุดเริ่มต้นของโครงสร้างใช้จำแนกชนิดไส้เดือนดินได้เช่นกัน (Edwards and Bohlen, 1996)



ภาพ 2.4 ตำแหน่งอวัยวะที่เกี่ยวข้องกับระบบทางเดินอาหารไส้เดือนดินสกุล *Lumbricus*

ที่มา: Edwards and Lofty (1972)

5. สัตฐานวิทยาไส้เดือนดินบางชนิด

1. ชนิด *Pontoscolex corethrurus* (Muller, 1856)

ก. สัตฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีสีใส สีแดง สีเหลืองหรือส้มอ่อน มีความยาว 3 ถึง 9 เซนติเมตร ไคลเทรลัมมีความกว้าง 2 ถึง 4 มิลลิเมตร เป็นแบบ saddle จำนวนปล้อง 140 ถึง 280 ปล้อง มีช่องสเปอร์มาทิกา 3 คู่ อยู่ที่ข้อ 6/7/8/9 ไม่ปรากฏช่องเปิดกลางหลัง ช่องเปิดเพศเมียอยู่ทางด้านท้องก่อนไปทางด้านข้างซ้าย มีสีค่อนข้างใส อยู่ติดกับด้านหน้าข้อ 14/15 ช่องเปิดเพศผู้อยู่ทางด้านท้องก่อนไปทางด้านข้างขวาของลำตัวเล็กน้อย อยู่ที่ข้อ 20/21 หรือบริเวณใกล้เคียง มีเคียวแบบ lumbricine เริ่มตั้งแต่ปล้องแรกจนถึงปลายหางและเรียงตัวเป็นแนวซิกแซก

ข. สัตฐานวิทยาภายใน

พบผนังกันอยู่ข้อ 5/6 มีลักษณะบาง แต่ที่ข้อ 6/7 ถึง 13/14 มีลักษณะหนา ลำไส้เริ่มที่ปล้อง 14 หรือ 15 มีไทโฟลโซลเริ่มที่ปล้อง 21 มีถุงเซมินอล เวสซิเคิล 1 คู่อยู่ปล้อง 13 มีลักษณะค่อนข้างแบน สังเกตพบไดยาก สเปอร์มาทิกามีขนาดเล็กและมีสีใส จึงทำให้สังเกตพบไดยากมีจำนวน 1 ถึง 3 คู่ อยู่ปล้องที่ 7 ถึง 9 มีท่อสเปอร์มาทิกาวางยาว แต่ไม่ปรากฏไคเวอร์ติคูลัม มีต่อมสร้างแคลเซียม 3 คู่ อยู่ปล้องที่ 6 ถึง 8 ปรากฏหัวใจ 2 คู่ อยู่ปล้องที่ 10 ถึง 11 พบต่อมลูกหมาก 1 อัน อยู่ปล้องที่ 15 ทางด้านขวา และยาวคลุมทางเดินอาหารอ้อมมาทางด้านซ้าย

2. ชนิด *Amyntas alexandri* (Sims and Easton, 1972)

ก. สัตฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีสีแดงถึงน้ำตาลเข้ม ไคลเทรลัมมีสีเข้มกว่าสีของลำตัว วางตัวอยู่ปล้องที่ 14 ถึง 16 หรือ 17 เป็นแบบ annular จำนวนปล้อง 90 ถึง 141 ปล้อง มีช่องสเปอร์มาทิกา 4 คู่ อยู่ที่ข้อ 5/6/7/8/9 ปรากฏช่องเปิดกลางหลังที่ข้อ 12/13 ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบเดี่ยวอยู่ตรงกลางด้านท้องภายในไคลเทรลัมบริเวณปล้องที่ 14 ช่องเปิดเพศผู้อยู่ที่ปล้อง 18 มีลักษณะนูนขึ้น แต่บริเวณกึ่งกลางขยุบตัวลงเล็กน้อยเรียงกันอยู่มีลักษณะคล้ายรูปตัวยูหรือใบหู ไม่มีสำหรับปุ่ม genital marking และมีเคียวแบบ perichaetine

ข. สัณฐานวิทยาภายใน

พบผนังกันอยู่ช่วงข้อที่ 6/7/8/9/10/11/12 หรือบางครั้งอาจพบเริ่มที่ข้อ 5/6 มีลักษณะค่อนข้างหนา แต่สำหรับข้อที่ 8/9/10 พบว่าไม่มีผนังกัน แต่มาปรากฏอีกครั้งที่ข้อ 10/11/12 แต่มีลักษณะค่อนข้างบาง ลำไส้เริ่มที่ปล้อง 14 หรือข้อที่ 15 มีไทโฟลโซล อยู่บริเวณกึ่งกลางความยาวของลำตัว มีถุงเซมินอล เวสซิเคิลขนาดใหญ่อยู่ปล้องที่ 11 และ 12 พบท่อต่อมลูกหมากที่มีลักษณะหนาและยื่นเป็นติ่ง

3. ชนิด *Metaphire anomala* (Michaelsen, 1907)

ก. สัณฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาวประมาณ 134 ถึง 154 มิลลิเมตร ไคเลเทลล์มีสีเหลืองเป็นแบบ annular อยู่ปล้องที่ 14 ถึง 16 มีผิวเรียบ จำนวนปล้อง 116 มีช่องสเปอร์มาทิกา 3 คู่ อยู่ข้อ 5/6/7/8 ปรากฏช่องเปิดกลางหลังที่ข้อ 12/13 ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบปล้องที่ 14 ช่องเปิดเพศผู้อยู่ที่ปล้อง 18 และมีปุ่ม genital marking ที่ปล้อง 17-19 เตือยเป็นแบบ perichaetine

ข. สัณฐานวิทยาภายใน

พบผนังกันอยู่ข้อ 5/6/7/8/9/10 ลำไส้เริ่มที่ปล้อง 15 มีไทโฟลโซลอยู่บริเวณกึ่งกลางความยาวของลำตัว พบถุงเซมินอล เวสซิเคิลขนาดใหญ่อยู่ที่ปล้องที่ 11 และ 12 พบต่อมลูกหมากแบบ racemose และพบท่อต่อมลูกหมากที่ค่อนข้างยาวที่ปรากฏแอมพูลาที่ยาวกว่าก้านชูไคเวอร์ติคูลัม

4. ชนิด *Metaphire peguana* (Rosa, 1890)

ก. สัณฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาว 95 ถึง 160 มิลลิเมตร ไคเลเทลล์มีลักษณะเป็นแบบ annular อยู่ปล้องที่ 14 ถึง 16 ปรากฏเคียวรอบปล้อง พบจำนวนปล้อง 77 ถึง 130 มีช่องสเปอร์มาทิกา 3 คู่ อยู่ข้อ 6/7/8/9 ปรากฏช่องเปิดกลางหลังที่ข้อ 12/13 ช่องเปิดเพศเมียปล้องที่ 14 ช่องเปิดเพศผู้ที่ปล้อง 18 และมีปุ่ม genital marking จำนวน 2 คู่ที่ข้อ 16/17 และ 18/19

ข. สัณฐานวิทยาภายใน

ลำตัวมีผนังกันอยู่ข้อ 5/6/7/8 และมีลักษณะค่อนข้างหนา แต่พบว่าข้อ 8/9/10/11 ไม่มีผนังกัน มีไคเวอร์ติคูลัมเริ่มจากฐาน และมีท่อนำอสุจิมิขนาดที่ยาวมากกว่ากระเปาะของไคเวอร์ติคูลัม

พบไทโฟลโซลมีขนาดเล็กมาก และพบถุงเซมินอล เวสซิเคิลอยู่ปล้องที่ 11 และ 12 และต่อมลูกหมาก เป็นแบบ racemose

5. ชนิด *Metaphire posthuma* (Vaillant, 1972)

ก. สัตฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาวประมาณ 70 ถึง 120 มิลลิเมตร ไคเลเทลดัมเป็นแบบ annular อยู่ปล้อง 14 ถึง 16 มีผิวเรียบและตรวจพบเคียวบ้างบางบริเวณ จำนวนปล้อง 84 ถึง 96 ปล้อง มีช่องสเปอร์มาทิกา 4 คู่ อยู่ที่ข้อ 5/6/7/8/9 ปรากฏช่องเปิดกลางหลังที่ข้อ 12/13 ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบเคียวอยู่ปล้องที่ 14 ช่องเปิดเพศผู้อยู่ปล้อง 18 และมีปุ่ม GM ที่ปล้อง 17 และ 19 เคียวเป็นแบบ perichaetine

ข. สัตฐานวิทยาภายใน

ลำตัวมีผนังกันอยู่ข้อที่ 5/6/7/8 และมีลักษณะเป็นกล้ามเนื้อหนา แต่ข้อ 9/10 ไม่มีผนังกัน ลำไส้เริ่มต้นที่ปล้อง 15 และมีไทโฟลโซล อยู่บริเวณดังกล่าว มีถุงเซมินอล เวสซิเคิลอยู่ปล้องที่ 11 พบต่อมลูกหมากแบบ tubular ปล้องที่ 17 ถึง 19 มีรูปร่างขดเป็นรูปตัวยู

6. ชนิด *Metaphire hollecti* (Perrier, 1872)

ก. สัตฐานวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาวประมาณ 50 ถึง 140 มิลลิเมตร ไคเลเทลดัมมีสีค่อนข้างเหลืองเป็นแบบ annular อยู่ปล้อง 14-16 มีผิวเรียบและไม่พบเคียวบริเวณดังกล่าว จำนวนปล้อง 132 ปล้อง มีช่องสเปอร์มาทิกา 3 คู่ อยู่ที่ข้อ 6/7/8/9 ปรากฏช่องเปิดกลางหลังข้อ 12/13 ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบเคียวอยู่ตรงกลางด้านท้องภายใน ไคเลเทลดัมบริเวณปล้องที่ 14 ช่องเปิดเพศผู้อยู่ที่ปล้อง 18 เคียวเป็นแบบ perichaetine

ข. สัตฐานวิทยาภายใน

ลำตัวมีผนังกันอยู่ข้อ 5/6/7/8 เป็นกล้ามเนื้อหนา แต่ข้อที่ 8/9/10 ไม่มีผนังกัน พบไคเวอร์ติคูลมค่อนข้างแหลมไปเชื่อมกับฐานของแอมพูลา พบลำไส้เริ่มปล้องที่ 15 มีไทโฟลโซล และถุงเซมินอล เวสซิเคิลขนาดเล็ก แต่พบต่อมลูกหมากขนาดใหญ่เป็นแบบ racemose

7. ชนิด *Perionyx excavatus* (Perrier, 1872)

ก. ลักษณะวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาวประมาณ 50 ถึง 180 มิลลิเมตร มีลำตัวค่อนข้างแบน พบไคลเทลลัมเป็นแบบ annular ปล้องที่ 13 ถึง 17 และมีเดือยปรากฏอยู่บนไคลเทลลัม มีจำนวนปล้อง 115 ถึง 178 ปล้อง มีช่องสเปอร์มาทิกา 2 คู่ในข้อ 7/8 และ 8/9 ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบรูเปิดวงกลมเล็ก ๆ ที่ปล้อง 14 จำนวน 2 ช่อง ช่องเปิดเพศผู้อยู่ที่ปล้อง 18 จำนวน 1 คู่ พบเดือยรอบปล้องเป็นแบบ perichaetine

ข. ลักษณะวิทยาภายใน

ลำตัวมีผนังกันหนที่ข้อ 7/8/9 มีสเปอร์มาทิกา 2 คู่ อยู่ปล้องที่ 8 และ 9 พบแอมพูลลาขนาดใหญ่ มีท่อนำสุจิไม่ยาวมาก แต่ไคเวอร์ติคูลัมมีขนาดสั้น รังไข่มี 1 คู่ อยู่ปล้องที่ 13 อัณฑะมี 2 คู่ อยู่ปล้องที่ 10 และ 11 พบ ถุงเซมินอล เวสซิเคิลในปล้องที่ 9 ถึง 12 พบต่อมลูกหมากเป็นแบบ racemose 1 คู่ อยู่ปล้องที่ 18

8. ชนิด *Eudrilus eugeniae* (สุภาพรณี, 2550)

ก. ลักษณะวิทยาภายนอก

ลำตัวมีความยาว 85 ถึง 150 มิลลิเมตร ไคลเทลลัมมีสีขาวนูนอยู่ปล้องที่ 14 ถึง 18 จำนวนปล้อง 188 ถึง 297 ปล้อง ผิวด้านหลังมีสีดำม่วง ตรวจพบเดือยรอบปล้องเป็นแบบ lumbricine มีช่องสเปอร์มาทิกาแต่สังเกตพบได้ค่อนข้างยาก ไม่ปรากฏช่องเปิดกลางหลัง ช่องเปิดเพศเมียเป็นแบบรูเปิดวงกลม อยู่ปล้องที่ 14 จำนวน 1 คู่ และช่องเปิดเพศผู้อยู่ข้อ ที่ 17/18

ข. ลักษณะวิทยาภายใน

ลำตัวมีต่อมสร้างแคลเซียมเป็นผลึกแข็งสีดำ รวมกันเป็นกระจุกสองข้างของหลอดทางเดินอาหาร พบอัณฑะที่ผนังกันหนที่ข้อ 9/10 และ 10/11 รังไข่อยู่ข้อที่ 12/13 และต่อมลูกหมากเป็นแบบ racemose

2.4 ความหลากหลายทางพันธุกรรม

ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) เกิดขึ้นจากความผันแปรของพันธุกรรม (DNA polymorphism) ภายในสิ่งมีชีวิตและอาจส่งผลให้ลักษณะทางสรีรวิทยาและสัณฐานวิทยาเปลี่ยนแปลงไป (ศุภมิตร, 2553) โดยความหลากหลายทางพันธุกรรมส่งผลดีในเชิงวิวัฒนาการในแง่ที่ว่า สิ่งมีชีวิตนั้นอาจมีความคงทนต่อการเปลี่ยนแปลงของสิ่งแวดล้อมเพิ่มขึ้น ในทางตรงกันข้าม หากความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลงจะเกิดภาวะเลือดชิดและส่งผลต่อการคงอยู่ของสายพันธุ์ลดลงได้ (สมชัย และพิรศักดิ์, 2546)

สำหรับการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมสามารถทำได้หลายรูปแบบขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ของการศึกษา อาทิ ในเชิงวิวัฒนาการนิยมประเมินค่าความถี่ของอัลลีล (allele diversity) หรือค่าสัมประสิทธิ์เลือดชิด (inbreeding coefficient) หรือค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) (ศุภมิตร, 2553) โดยเฉพาะค่าระยะห่างทางพันธุกรรม เป็นค่าที่นิยมใช้อ้างอิงและประเมินความสัมพันธ์ภายในสิ่งมีชีวิตหรือระหว่างประชากรสิ่งมีชีวิตเพื่อนำมาจัดกลุ่มได้ (Nei, 1972) อย่างไรก็ตาม การแสดงผลลัพธ์จากความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมนิยมเปลี่ยนให้อยู่ในรูปของแผนภูมิต้นไม้ (phylogenetic tree) ซึ่งจำแนกกว้าง ๆ เป็น 2 รูปแบบคือ แผนภูมิต้นไม้แบบ phylogram แผนภูมินี้จะเชื่อมโยงการเกิดวิวัฒนาการให้ทราบ และแผนภูมิต้นไม้แบบ cladogram ที่จะไม่เชื่อมโยงการเกิดวิวัฒนาการ (อัจฉริยา, 2555) ทั้งนี้แผนภูมิทั้ง 2 รูปแบบจะต้องผ่านการคำนวณก่อน โดยมีวิธีที่นิยมอยู่ 2 วิธีได้แก่ วิธีที่อาศัยลำดับของนิวคลีโอไทด์หรือกรดอะมิโนมาเปรียบเทียบกันเป็นคู่ ๆ เรียกว่า character-based method และวิธีที่อาศัยการเปลี่ยนข้อมูลดิบเป็นค่าระยะห่างทางพันธุกรรมก่อน โดยนิยมใช้ระบบตัวเลข 0 หรือ 1 มาสร้างเป็นตารางเมทริกซ์เรียกว่า distance-based methods (สุรินทร์, 2552) ทั้งนี้แผนภูมิต้นไม้ที่ได้อาจเป็นแผนภูมิที่แสดงถึงบรรพบุรุษร่วม (common ancestor) เรียกว่า แผนภูมิต้นไม้แบบมีราก (rooted tree) ในทางตรงกันข้าม แผนภูมิที่ไม่มีบรรพบุรุษร่วมจะเรียกว่า แผนภูมิต้นไม้แบบไม่มีราก (unrooted tree) โดยแผนภูมิต้นไม้จะมีความน่าเชื่อถือเพียงใดจะแสดงเป็นค่า bootstrap ไว้บนกิ่งของแผนภูมิต้นไม้ ยิ่งมีค่ามากความน่าเชื่อถือของสิ่งมีชีวิตในกลุ่มที่ถูกจัดไว้ด้วยกันย่อมมากตามไปด้วย

ในการศึกษาครั้งนี้ได้เลือกการสร้างแผนภูมิต้นไม้แบบไม่มีรากด้วยวิธี distance-based methods และจัดกลุ่มตัวอย่างด้วยวิธี unweighted pair group method with arithmetic means (UPGMA) ซึ่งเป็นวิธีการจัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตที่ถือว่าสิ่งมีชีวิตที่ศึกษามีอัตราวิวัฒนาการคงที่ และจะจัด

กลุ่มให้สิ่งมีชีวิตที่มีระยะห่างทางพันธุกรรมแตกต่างกันน้อยให้อยู่ในกลุ่มเดียวกัน โดยมีรายงานยืนยันว่าการสร้างแผนภูมิต้นไม้ด้วยวิธี UPGMA สามารถนำมาจัดกลุ่มเพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในสิ่งมีชีวิตได้จริง อาทิ การศึกษาของอภิชา และสิริพร (2558) สามารถจัดกลุ่มประชากรของต้นหนอนตากหยาก (*Stemona* spp.) ออกได้ถึง 7 กลุ่มและสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานวิทยาของดอก เช่นเดียวกับการศึกษาของ Alasaad *et al.* (2008) ที่จัดกลุ่มพยาธิใบไม้ชนิด *Fasciola hepatica* และพยาธิใบไม้ *Fasciola gigantica* ด้วยวิธี UPGMA ออกได้ 4 กลุ่ม และ 3 กลุ่ม สอดคล้องกับตำแหน่งที่อาศัยอยู่ของพยาธิใบไม้ตามลำดับ

2.5 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอและเครื่องหมายทางชีววิทยาที่สำคัญ

ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) เป็นเครื่องมือทางชีววิทยาระดับโมเลกุลอย่างหนึ่งที่นิยมนำมาใช้กันอย่างกว้างขวาง โดยวิธีการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอมีอยู่ด้วยกันหลายวิธี แต่โดยทั่วไปที่นิยมใช้ในปัจจุบันคือวิธีที่อาศัยเทคนิค polymerase chain reaction (PCR) ซึ่งเป็นวิธีที่จำลองแบบมาจากกระบวนการจำลองตัวของดีเอ็นเอในเซลล์สิ่งมีชีวิต เป็นวิธีที่ไม่ยุ่งยากอีกทั้งยังใช้เวลาไม่นานมากนักเมื่อเทียบกับวิธีอื่น อาทิ วิธีการไฮบริดไคเซนซ์ของสารพันธุกรรม (DNA hybridization) เป็นต้น โดยปฏิกิริยาของ PCR จะเกิดขึ้นในหลอดขนาดเล็ก ซึ่งประกอบด้วยสารเคมีที่สำคัญได้แก่ ดีเอ็นเอแม่แบบ (DNA template) ไพรมเมอร์ (primer) นิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด (dNTPs) เอนไซม์ DNA polymerase และสารเร่งปฏิกิริยาเพิ่มเติมได้แก่ บัฟเฟอร์ซึ่งมีสารประกอบจำพวก $MgCl_2$ เป็นองค์ประกอบหลัก ทั้งนี้ปฏิกิริยา PCR จะดำเนินไปจนเสร็จสิ้นประกอบไปด้วย 3 ขั้นตอนต่อเนื่องกันดังนี้ 1. ขั้นตอนการแยกสายดีเอ็นเอ (denaturation) 2. ขั้นตอนอุณหภูมิให้ไพรมเมอร์เข้าจับกับสายดีเอ็นเอ (annealing) 3. ขั้นตอนสร้างดีเอ็นเอสายใหม่ (extension) เมื่อสิ้นสุดปฏิกิริยา PCR จะได้ผลผลิตเป็นดีเอ็นเอจำนวนมาก และจะถูกนำมาตรวจสอบด้วยวิธีเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส (สุรินทร์, 2552; ศุภมิตร, 2553)

รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิต อาจมีความแตกต่างกันออกไปขึ้นอยู่กับชนิดของเครื่องหมายโมเลกุลที่เลือกใช้ ซึ่งในปัจจุบันได้มีการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลชนิดต่าง ๆ ให้ใช้งานอย่างหลากหลาย ขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ งบประมาณและระดับข้อมูลที่ต้องการทราบ โดยในแต่ละเครื่องหมายโมเลกุลมีทั้งข้อดี ข้อเสียปลีกย่อยแตกต่างกันออกไป ยกตัวอย่างเครื่องหมายโมเลกุลที่นิยมใช้กันมานาน อาทิ เครื่องหมายโมเลกุล random amplified polymorphic DNA (RAPD) (William *et al.*, 1990) เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่นิยมใช้ศึกษาชนิดของสิ่งมีชีวิตอย่างกว้างขวาง

เนื่องจากมีข้อดีคือ เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่มีวิธีการไม่ยุ่งยาก สามารถตรวจสอบพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตได้โดยไม่จำเป็นต้องทราบลำดับเบส จึงถือเป็นเครื่องหมายโมเลกุลอย่างสุ่มสำหรับตรวจสอบพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่ยังไม่ทราบลำดับเบสได้ แต่ทั้งนี้เครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวมีข้อเสียในแง่ของการให้ผลลัพธ์ในการทดลองซ้ำที่อาจคลาดเคลื่อนไปจากเดิม และเหตุผลนี้จึงถือเป็นข้อจำกัดของเครื่องหมายโมเลกุล RAPD นอกจากนี้เครื่องหมายโมเลกุลอีกชนิดหนึ่งที่มีประสิทธิภาพสูงคือ เครื่องหมายโมเลกุล amplified fragment length polymorphism (AFLP) (Vos *et al.*, 1995) โดยข้อดีของเครื่องหมายโมเลกุลชนิดนี้คือ สามารถใช้ในการตรวจสอบพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตได้อย่างจำเพาะ เนื่องจากไพรเมอร์ของเครื่องหมายโมเลกุล AFLP เกิดจากการนำสายดีเอ็นเอที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะให้ได้ปลายเหนียว (sticky end) และนำมาต่อเข้ากับอะแดปเตอร์ (adaptor) ที่เพิ่มเบสเข้าที่ปลาย 3' ทำให้ไพรเมอร์ที่ได้เลือกเข้าจับกับลำดับเบสของสายดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจง ส่งผลให้ผลลัพธ์ในการทดลองซ้ำคงที่ (สุรินทร์, 2552) แต่ในทางปฏิบัติเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวมีความยุ่งยากและมีราคาค่อนข้างสูง จึงถือเป็นข้อจำกัดประการหนึ่ง

ประเทศไทยมีรายงานการใช้เครื่องหมายโมเลกุลต่าง ๆ เพื่อศึกษาความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตที่น่าสนใจ อาทิ การศึกษาของ ฟาริเด และคณะ (2555) ได้รายงานว่า เครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถนำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาฉลามลำพัน พบแถบดีเอ็นเอขนาด 100 ถึง 600 คู่เบส และพบว่าแถบดีเอ็นเอของปลาฉลามลำพันจังหวัดพัทลุงมีความแตกต่างจากปลาฉลามลำพันในจังหวัดสุราษฎร์ธานี แต่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับปลาฉลามลำพันในจังหวัดนราธิวาส นอกจากนี้ในพืชก็มีการใช้เครื่องหมายโมเลกุล AFLP เพื่อสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ อาทิ การศึกษาของ ณริพร (2555) ได้ศึกษาพบว่าเครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอต้นหอมตายหยาก และสามารถแยกประชากรหอมตายหยากออกได้ถึง 4 กลุ่ม ในขณะที่วาทีนิ (2556) ได้รายงานว่า เครื่องหมายโมเลกุล RAPD สามารถนำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของสัตว์ในอันดับงูและกิ้งก่า พบว่ามีรูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของงูและกิ้งก่าที่แตกต่างกัน

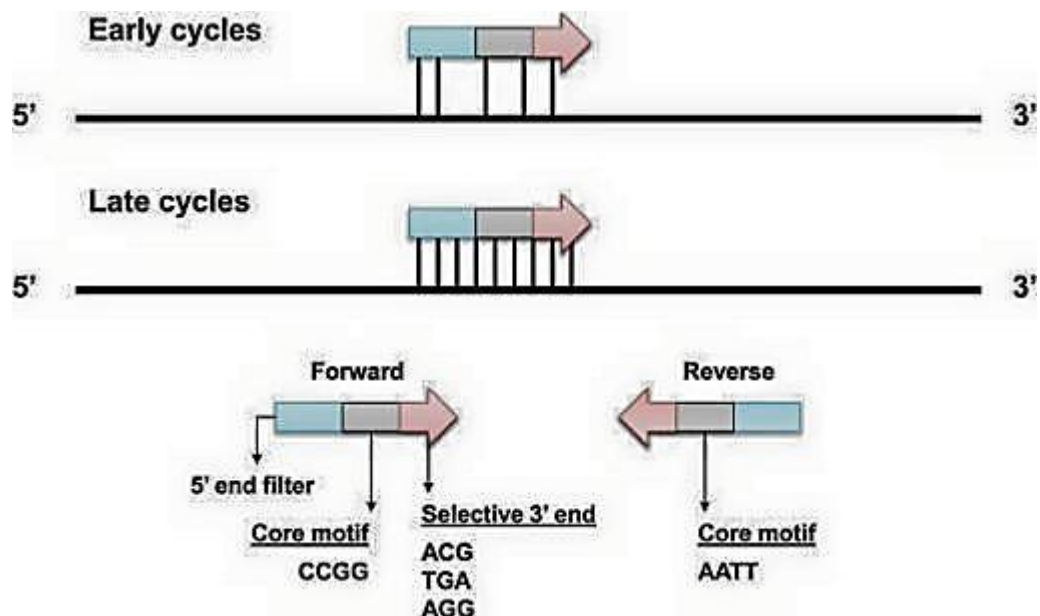
2.6 เครื่องหมายโมเลกุล SRAP และตัวอย่างงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เครื่องหมายโมเลกุล sequence-related amplified polymorphism (SRAP) ถูกพัฒนาขึ้นโดย Li and Quiros (2001) เครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวอาศัยหลักการเข้าจับกันแบบสุ่มของไพรเมอร์ 2 ตัว ได้แก่ ไพรเมอร์ชนิด forward และไพรเมอร์ชนิด reverse ซึ่งไพรเมอร์ทั้ง 2 ชนิดถูกออกแบบให้มีลำดับเบสสอดคล้องกับ exon และ intron ของยีนในจีโนมสิ่งมีชีวิตตามลำดับ และเครื่องหมาย

โมเลกุล SRAP ให้ความน่าเชื่อถือของข้อมูลเทียบเท่าเครื่องหมายโมเลกุล AFLP แต่มีวิธีการปฏิบัติไม่ยุ่งยากเท่าเครื่องหมาย AFLP

หลักการสำคัญของเครื่องหมายโมเลกุล SRAP อยู่ที่การออกแบบไพรเมอร์ชนิด forward และไพรเมอร์ชนิด reverse ให้มีความแตกต่างกัน โดยไพรเมอร์ชนิด forward ถูกออกแบบให้มีจำนวนเบส 17 เบส โดยมีลำดับเบส core sequence จำนวน 14 เบส ในจำนวนนี้ลำดับเบส 10 ลำดับแรกจากตำแหน่งปลาย 5' เรียกลำดับเบสในส่วนนี้ว่า filler sequence ซึ่งจะมีรหัสของนิวคลีโอไทด์คงที่เหมือนกันทุกไพรเมอร์ ตามด้วยลำดับเบส 4 ลำดับคือเบส CCGG และอีก 3 เบส ที่ออกแบบมาให้ความแตกต่างกันเรียกว่า selection base โดยคาดหวังว่าไพรเมอร์ชนิดนี้จะเข้าจับกับตำแหน่งของยีนในส่วนของ exon เนื่องจากความถี่ของเปอร์เซ็นต์ CG ที่สูงในยีนส่วนดังกล่าว สำหรับไพรเมอร์ชนิด reverse เป็นไพรเมอร์ที่มีส่วนประกอบเหมือนกันกับไพรเมอร์ชนิด forward แตกต่างเพียงจำนวนของเบสและลำดับของเบส ที่ออกแบบให้มีจำนวนเบส 18 เบส โดยมีลำดับเบส core sequence จำนวน 15 เบส ในจำนวนนี้ลำดับเบส 11 ลำดับแรกจากตำแหน่งปลาย 5' ซึ่งจะมีรหัสของนิวคลีโอไทด์คงที่เหมือนกันทุกไพรเมอร์ ตามด้วยลำดับเบสที่ซ้ำกัน 4 ลำดับคือเบส AATT และอีก 3 เบสที่ออกแบบมาให้ความแตกต่างกัน และคาดหวังว่าไพรเมอร์ชนิดนี้จะเข้าจับกับตำแหน่งของยีนในส่วนของ intron เนื่องจากยีนในส่วนดังกล่าว พบความถี่ของเบส AT ที่สูง

สำหรับเงื่อนไขการทำงานของคู่ไพรเมอร์ของเครื่องหมายโมเลกุล SRAP นั้นจะออกแบบให้เพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอโดยอาศัยวิธี step up PCR คือการใช้อุณหภูมิในขั้น annealing ที่แตกต่างกัน 2 อุณหภูมิ โดยที่ 5 รอบแรกจะใช้อุณหภูมิที่ 35 องศาเซลเซียส เพื่อให้ลำดับเบส 7 ลำดับสุดท้ายที่ประกอบด้วย 4 เบสในส่วนของ filler sequence และ 3 เบสของ selection base ทั้งไพรเมอร์ forward และไพรเมอร์ reverse เข้าจับกับดีเอ็นเอเป้าหมายได้ดี ส่งผลให้ได้ดีเอ็นเอที่ไพรเมอร์แต่ละชนิดเข้าจับมีจำนวนมาก เพื่อใช้เป็นแม่แบบให้กับปฏิกิริยา PCR ในช่วงที่สองอีกประมาณ 30 รอบ ดีเอ็นเอที่ได้จึงมีความคงตัว และสามารถนำมาตรวจสอบด้วยวิธีเจลอเล็กโทรโฟรีซิส



ภาพ 2.5 แสดงส่วนประกอบของไพรเมอร์ชนิด forward และชนิด reverse

ที่มา: Poczai *et al.*, 2013

ปัจจุบันเครื่องหมายโมเลกุล SRAP นิยมนำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอมากขึ้น และสามารถจัดกลุ่มประชากรสิ่งมีชีวิตในยูคาริโอตได้อย่างกว้างขวาง รวมไปถึงได้มีการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวเป็นเครื่องหมายโมเลกุลอื่น ๆ อีกด้วย อาทิ การศึกษาในพืชเช่น รายงานของ อภิชา และสิริพร (2558) ได้ทดลองศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของต้นหนอนตายหยาก (*Stemona* spp.) จำนวน 160 ตัวอย่าง และสร้างลายพิมพ์จากคู่ไพรเมอร์จำนวน 10 คู่ พบว่าให้แถบลายพิมพ์จำนวนทั้งหมด 225 แถบ และเป็นแถบชนิด polymorphic 222 แถบ มีดัชนีความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.923 ถึง 0.998 และสามารถจัดกลุ่มประชากรหนอนตายหยากได้เป็น 5 กลุ่ม สำหรับในสัตว์มีรายงานว่ เครื่องหมายโมเลกุล SRAP สามารถนำมาศึกษาได้ทั้งในสัตว์ไม่มีกระดูกสันหลังและสัตว์มีกระดูกสันหลัง อาทิ Alasaad *et al.* (2008) รายงานการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรพยาธิใบไม้ชนิด *Fasciola hepatica* จำนวน 34 ตัวอย่าง จากพื้นที่สำรวจ 16 แบบ จากตัวให้อาศัย 6 ชนิดในประเทศสเปน เพื่อสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากคู่ไพรเมอร์จำนวน 10 คู่ และสามารถจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ได้ทั้งหมด 4 กลุ่ม และมีดัชนีความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.75 ถึง 0.90 สอดคล้องกับการศึกษาของ Li *et al.* (2009) ที่ทำการศึกษาพยาธิใบไม้เพิ่มเติมอีก 2 ชนิด ได้แก่ *Fasciola gigantica* และ *Fasciola* spp.

ในระยะ intermediate โดยใช้ไพรเมอร์ 5 คู่ สำหรับสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ได้ทั้งหมด 3 กลุ่ม นอกจากนี้ในการปรับปรุงพันธุ์ปลากี่สนใจนำเครื่องหมายโมเลกุล SRAP มาศึกษาเช่นกัน อาทิ Ding *et al.* (2010) ศึกษาพบว่า เครื่องหมายโมเลกุล SRAP สามารถตรวจสอบพันธุกรรมของปลาเฉาหรือ grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) 3 กลุ่ม จากประชากรปลาเฉาในบ่อเพาะเลี้ยง 2 แหล่งคือ Freshwater Fisheries Research Center และ Qianzhou และจากแหล่งธรรมชาติ ได้แก่ Hanjiang ในตอนกลางของแม่น้ำ Yangtze พบว่าสามารถจัดกลุ่มปลาเฉาออกจากกันได้ ในขณะที่ Ling-xue *et al.* (2011) ได้ทำการทดลองคล้ายกัน พบว่าเครื่องหมายโมเลกุล SRAP สามารถตรวจสอบพันธุกรรมของปลา 3 ชนิดได้แก่ ปลาไทเมน (*Hucho Taimen*) เพศเมีย และ ปลา manchurian trout (*Brachymystax lenok*) เพศผู้ และปลาลูกผสม พบว่าปลาพ่อแม่พันธุ์มีแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เหมือนกันภายในประชากรปลา *H. Taimen* เท่ากับร้อยละ 48.29 และภายในประชากรปลา *B. lenok* เท่ากับร้อยละ 48.53 ซึ่งให้เห็นว่าประชากรปลาทั้งสองชนิดมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกันสูงมาก สำหรับในประชากรปลาลูกผสมพบว่ามีความเหมือนกับปลาฝ่ายแม่เท่ากับร้อยละ 30.30 และเหมือนกับปลาฝ่ายพ่อเท่ากับร้อยละ 25.54 และมีแถบที่ไม่เหมือนทั้งฝ่ายพ่อและฝ่ายแม่คิดเป็นร้อยละ 39.39 (mutual band) แสดงว่าปลาลูกผสมได้รับพันธุกรรมมาจากปลาทั้งฝ่ายพ่อและฝ่ายแม่ จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างปลาลูกผสมด้วยกันพบว่า มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.2553 และ 0.3858 จาก ปลา *H. Taimen* และปลา *B. lenok* ตามลำดับ แสดงว่าปลาลูกผสมมีแนวโน้มได้รับพันธุกรรมส่วนใหญ่มาจากปลาฝ่ายแม่มากกว่า นอกจากนี้ในประเทศจีนได้ทดลองนำเครื่องหมายโมเลกุล SRAP มาศึกษาในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนม อาทิ Zhang and Bai (2013) ได้ศึกษาพบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าว สามารถจัดกลุ่มประชากรสุนัขขั้วโลก (Arctic fox) โดยใช้เนื้อเยื่อจากส่วนของ germplasm จากสุนัขจำนวน 421 ตัว แบ่งเป็นเพศผู้ 212 ตัว เพศเมีย 209 ตัว สามารถจัดกลุ่มได้ 7 กลุ่ม ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่า ประชากรของสุนัขขั้วโลกในประเทศจีนมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

จากรายงานการศึกษาข้างต้นแสดงให้เห็นว่า เครื่องหมายโมเลกุล SRAP มีประสิทธิภาพและสามารถที่จะใช้สำหรับจัดกลุ่มประชากรของสัตว์เคี้ยวเอื้องได้ อย่างไรก็ตามที่ผ่านมายังไม่เคยมีรายงานถึงการใช้เครื่องหมายโมเลกุล SRAP เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรสัตว์เคี้ยวเอื้องทั้งในประเทศและต่างประเทศมาก่อน แต่มีการศึกษาความหลากหลายในประชากรสัตว์เคี้ยวเอื้องด้วยเครื่องหมายโมเลกุลอื่นอยู่บ้าง ซึ่งจะได้ให้รายละเอียดในลำดับถัดไป

2.7 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการใช้เครื่องหมายโมเลกุลสำหรับศึกษาไส้เดือนดิน

ระยะแรก มีการนำเครื่องหมายโมเลกุลโปรตีนมาตรวจสอบไส้เดือนดินที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจอย่างกว้างขวาง อาทิ การศึกษาของ McElroy *et al.* (1999) ที่ศึกษาจากเครื่องหมายโปรตีน allozyme 6 ตำแหน่งในไส้เดือนดินชนิด *Eisenia andrei*

อย่างไรก็ตามการใช้เครื่องหมายโมเลกุลโปรตีนมีข้อจำกัดจากหลายปัจจัย อาทิ อายุของไส้เดือนดิน สภาพแวดล้อม เป็นต้น ต่อมาจึงมีการนำเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอมาใช้ศึกษาในไส้เดือนดิน เช่น Kautenburger (2006) ได้รายงานว่าการใช้เครื่องหมายโมเลกุล RAPD สามารถตรวจสอบความแปรผันทางพันธุกรรมของไส้เดือนดินชนิด *Lumbricus terrestris* จำนวน 90 ตัวอย่าง จาก 5 พื้นที่ในประเทศเยอรมนี โดยอาศัยไพรเมอร์ 4 ชนิดพบว่า มีแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 61 แถบเป็นแถบ polymorphic 49 แถบ คิดเป็นร้อยละ 80.3 มีค่าดัชนีความเหมือนทางพันธุกรรมภายในประชากร 0.756 ถึง 0.795 และระหว่างกลุ่มประชากรมีค่า 0.635 และสามารถบ่งบอกได้ว่าไส้เดือนดินชนิด *L. terrestris* สามารถใช้เป็นดัชนีชี้วัดทางชีวภาพได้ดี

ขณะที่ Sharma *et al.* (2011) ได้รายงานว่าการใช้เครื่องหมายโมเลกุล random amplified polymorphic DNA (RAPD), inter-simple sequence repeat (ISSR) และ universal rice primers (URPs) สามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของไส้เดือนดินชนิด *Eisenia fetida* จำนวน 20 ตัวอย่าง และไส้เดือนดินชนิด *E. engeniae* จำนวน 4 ตัวอย่าง จากผลการทดลองพบว่าลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิดให้ผลแตกต่างกัน ได้แก่ เครื่องหมายโมเลกุล RAPD มีความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอระหว่างไส้เดือนดินชนิด *E. engeniae* กับไส้เดือนดินชนิด *E. fetida* ร้อยละ 95.7 สำหรับเครื่องหมายโมเลกุล ISSR มีความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอร้อยละ 96.7 และร้อยละ 98.3 สำหรับเครื่องหมายโมเลกุล URPs แสดงให้เห็นว่า การใช้ข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอคนละชนิดให้ผลแตกต่างกัน อย่างไรก็ตามในภายหลังพบว่าเครื่องหมายโมเลกุล RAPD ไม่สามารถให้ผลการสร้างลายพิมพ์และจัดกลุ่มประชากรไส้เดือนดินได้ทุกกลุ่ม โดยเฉพาะไส้เดือนดินที่มีระบบโครโมโซมแบบโพลีพอยด์ (polyploid) เพราะเครื่องหมายโมเลกุล RAPD เป็นเครื่องหมายโมเลกุลอย่างสุ่ม บ่อยครั้งอาจให้ผลของลายพิมพ์ในการทดลองซ้ำแตกต่างกันไปจากเดิม

ต่อมาได้มีการนำเครื่องหมายโมเลกุล AFLP มาตรวจสอบประชากรของไส้เดือนดินแทนเครื่องหมาย RAPD และรายงานส่วนใหญ่มุ่งเน้นไปที่การหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ

ชนิดไส้เดือนดิน เพื่อหวังผลการศึกษา มาประยุกต์ใช้ในการเกษตรเป็นหลัก อาทิ Shen *et al.* (2012) พบว่าเครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถแยกไส้เดือนดินสกุล *Amythas* 2 ชนิดได้แก่ *A. catenus* และ *A. hohuanmontis* ออกจากกันโดยอาศัยไพรเมอร์ 62 คู่ พบว่าไส้เดือนดินชนิด *A. catenus* มีค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.87-0.98 ส่วนชนิด *A. hohuanmontis* มีค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.90-0.98 ขณะที่ Dupont *et al.* (2012) ได้รายงานเช่นกันว่าเครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของไส้เดือนดินชนิด *Pontoscolex corethrulus* ในประเทศฝรั่งเศสจำนวน 113 ตัวอย่าง จากพื้นที่การเกษตรที่แตกต่างกันถึง 3 แห่ง พบว่าสามารถจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ได้ถึง 2 กลุ่ม โดยแต่ละกลุ่มมีแนวโน้มถูกแยกเป็นกลุ่มย่อยรวมถึง 6 กลุ่ม ซึ่งให้เห็่นว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างสูงในไส้เดือนดิน *P. corethrulus* ที่ได้มาจากพื้นที่การเกษตรดังกล่าว และเชื่อว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของไส้เดือนดิน *P. corethrulus* น่าจะมีความสัมพันธ์กับกิจกรรมของมนุษย์ ที่มีส่วนทำให้เกิดการเคลื่อนย้ายของไส้เดือนดินไปในพื้นที่แตกต่างกัน

ภายหลังจากที่มีการค้นพบยีน cytochrome oxidase I (COI) ของไมโทคอนเดรีย นักวิจัยจึงเริ่มศึกษายีนดังกล่าวเปรียบเทียบกับยีน 16s และ 18s ของไมโทคอนเดรีย ไส้เดือนดินจึงเป็นหนึ่งในบรรดาสัตว์ที่เริ่มมีรายงานออกมาเช่นกัน อาทิ Pop *et al.* (2007) ทำการจัดกลุ่มไส้เดือนดิน lumbricid โดยอาศัยข้อมูลลำดับเบสของยีน 16s, 18s ของ rDNA และลำดับเบสของยีน COI เพื่อยืนยันการจัดกลุ่มไส้เดือนดินสกุล *Octodrilus* สกุล *Octolasion* และสกุล *Dendrobaena* จากแผนภูมิ cladogram ที่ได้ สามารถจัดแยกไส้เดือนดินสกุล *Aporrectodea* บางชนิดออกจากไส้เดือนดินสกุล *Allolobophora* แต่เมื่อพิจารณาข้อมูลลำดับเบสของทั้งสามยีนพบว่า มีเพียงยีน 16s rDNA และยีน COI ที่ให้ข้อมูลน่าเชื่อถือและสอดคล้องกับข้อมูลการจัดจำแนกด้วยวิธีทางสัณฐานวิทยา ขณะที่ข้อมูลจากลำดับเบสของยีน 18s rDNA ให้ข้อมูลที่แตกต่างไปจากข้อมูลทางสัณฐานวิทยา จึงถือว่ายีนดังกล่าวไม่เหมาะสมกับการวิเคราะห์ผลการจัดจำแนกในระดับวงศ์ของไส้เดือนดิน

ในประเทศไทยมีรายงาน Loongyai *et al.* (2011) ที่ตรวจสอบไส้เดือนดินที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในประเทศไทย 4 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์ red worm สายพันธุ์ African night crawler สายพันธุ์ blue และสายพันธุ์ Loa worm จากการตรวจสอบด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลำดับเบสของยีน 2 ตำแหน่งได้แก่ 16s rDNA และยีน COI ร่วมกันพบว่า ไส้เดือนสายพันธุ์ red worm (*M. peguana*) มีลักษณะสัณฐานวิทยาเหมือนกันกับสายพันธุ์ blue และสายพันธุ์ Loa จึงจัดให้ไส้เดือนดินสายพันธุ์ red worm เป็น *Perionyx* sp. 1 สอดคล้องกับข้อมูลของยีน 16s rDNA ที่พบว่าไส้เดือน

ดินสายพันธุ์ blue และสายพันธุ์ Loa ไม่มีความแตกต่างกัน แต่ผลจากการใช้ข้อมูลลำดับเบสของยีน COI ให้ผลแตกต่างไปโดยสามารถแยกไส้เดือนดินสายพันธุ์ blue และสายพันธุ์ Loa ออกจากกันได้ โดยมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมร้อยละ 0.16 จึงเรียกสายพันธุ์ blue ว่า *Perionyx* sp. 2 และสายพันธุ์ Loa ว่า *Perionyx* sp. 3

จากรายงานที่ผ่านมามีเพียงยีน 16s rDNA และยีน COI ที่ให้ผลการจัดกลุ่มไส้เดือนดิน สอดคล้องกับข้อมูลทางสัณฐานวิทยา แต่ปัจจุบันยังไม่สามารถสร้างแผนที่ยีนของไส้เดือนดินได้ทั้งหมด ซึ่งหากทราบข้อมูลของยีนของไส้เดือนดินได้จะสามารถจัดจำแนกไส้เดือนดินได้อย่างแม่นยำ ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุล SRAP เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่นอกจากจะสามารถนำมาจัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตได้อย่างแม่นยำแล้วยังสามารถพัฒนาเป็นเครื่องหมายโมเลกุล SCAR ในการระบุชนิดไส้เดือนดินได้อีกด้วย และหากมีการศึกษาในวงกว้างและรวมเป็นฐานข้อมูลขึ้นจะสามารถพัฒนาเพื่อเป็นแผนที่ยีนและตรวจสอบชนิดไส้เดือนดินได้อย่างแม่นยำในภายหน้า จนอาจนำไปสู่การค้นพบยีนกลุ่มใหม่ที่ดีกว่าหรือพัฒนาต่อยอดได้ด้านการเกษตรได้เป็นอย่างดี

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved