

สำนักหอสมุด มหาวิทยาลัยบูรพา
ต.แสนสุข อ.เมือง จ.ชลบุรี 20131



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการความหลากหลายทางพันธุกรรมและระดับการเข้าทำลายของเพลี้ย
แป้งในมันสำปะหลังในภาคตะวันออกโดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์กูเกิล

**Genetic diversity and damage levels of mealybug in cassava in the
Eastern Thailand display via Google geographic maps**

ประทีป อุปแก้ว
หัวหน้าโครงการวิจัย

ก.ท.0107330
- 8 ม.ค. 2558

3 4 6 9 4 3
101 7 2 7 7 0

กันยายน พ.ศ. 2557

เจริญรัตน์

- 3 ก.ค. 2558

รหัสโครงการ 44523 2554A10862002

รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการความหลากหลายทางพันธุกรรมและระดับการเข้าทำลายของเพลี้ย
แป้งในมันสำปะหลังในภาคตะวันออกโดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์กูเกิล

**Genetic diversity and damage levels of mealybug in cassava in the
Eastern Thailand display via Google geographic maps**

หัวหน้าโครงการผู้รับทุน ดร. ประทีป อุปแก้ว
ที่ปรึกษาโครงการวิจัย รศ.ดร. ศันสนีย์ จำจด
ผู้ร่วมวิจัย ว่าที่ ร.ต.กิตติศักดิ์ อ่อนเอื่อน
นายยุทธจักร วงศ์วัฒนา

คณะเทคโนโลยีการเกษตร
มหาวิทยาลัยบูรพา วิทยาเขตสารแแก้ว

สนับสนุนโดย สำนักบริหารโครงการส่งเสริมการวิจัยในอุดมศึกษา
และพัฒนามหาวิทยาลัยวิจัยแห่งชาติ
สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา

กิตติกรรมประกาศ

รายงานวิจัยฉบับนี้สำเร็จลุล่วงเป็นอย่างดี ผู้วิจัยขอขอบคุณหน่วยงานส่งเสริมการวิจัย มหาวิทยาลัยบูรพา รวมทั้งสำนักบริหารโครงการส่งเสริมการวิจัยในอุดมศึกษาและพัฒนา มหาวิทยาลัย วิจัยแห่งชาติ สำนักคณะกรรมการการอุดมศึกษา ที่ได้ให้การสนับสนุนทุนอุดหนุนการวิจัย ซึ่งได้รับ การจัดสรรงบประมาณการวิจัยประจำปี 2554 ในการทำวิจัยครั้งนี้

ขอขอบพระคุณ รศ.ดร.ศันสนีย์ จำจด ที่ปรึกษาโครงการที่ให้ความรู้คำแนะนำ ทำให้โครงการ มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น ในการศึกษาวิจัยครั้งนี้

ขอขอบคุณ นายยุทธจักร วงศ์วัฒนะ ที่เคยให้คำปรึกษาและแนะนำ ตลอดจนสนับสนุนใน เรื่องต่าง ๆ

ขอขอบพระคุณ เกษตรผู้ปลูกมันสำปะหลัง ที่ให้การสนับสนุนเพื่อในการทำวิจัย

ขอขอบคุณ คณะเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยบูรพา วิทยาเขตระแก้ว ที่ให้การ สนับสนุนในการวิจัย

ขอขอบพระคุณ คุณพ่อ คุณแม่ และญาติๆ ที่ให้การสนับสนุนการศึกษาและกำลังใจที่มีให้ เสมือนมานานมีวันนี้

ประทีป อุปแก้ว

บทคัดย่อ

เพลี้ยแป้งเป็นแมลงศัตรูที่สำคัญของมันสำปะหลังในประเทศไทย การเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งทำให้ผลผลิตและเบอร์เช็นต์แป้งลดลง การวิเคราะห์การเข้าทำลายและการจำแนกหมวดหมู่ของแมลงจึงมีความสำคัญ ดังนั้นการทดลองนี้จึงมีวัตถุเพื่อประเมินการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง 4 ชนิดคือ เพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียว และเพลี้ยแป้งสีชมพู ประเมินความหลากหลายของชนิดเพลี้ยแป้งที่มีการเข้าทำลายมากสุดและเพื่อไปประยุกต์ใช้กับแผนที่ภูมิศาสตร์ภูเก็ต โดยการทดลองแบ่งเป็น 3 การทดลองคือ การทดลองที่ 1 การสำรวจการเข้าทำลายเพลี้ยแป้งในสำปะหลังพันธุ์ระยอง 5 ในพื้นที่ 7 จังหวัดในภาคตะวันออกคือ ยะลา ยะลา ยะรังษี ยะรังษี ยะรังษี ยะรังษี ยะรังษี และในพื้นที่ 1 จังหวัดที่อยู่ในภาคเหนือคือ กำแพงเพชร พบฯว่าเพลี้ยแป้งทั้ง 4 ชนิดมีการเข้าทำลายมันสำปะหลังใน 10 จังหวัด ยกเว้นจังหวัดปราจีนบุรีไม่พบการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งสีชมพู ซึ่งพบว่าการเข้าทำลายเพลี้ยแป้งสีเขียวมีจำนวนเต็วต่อต้นมากกว่าชนิดอื่น การทดลองที่ 2 ประเมินความหลากหลายของเพลี้ยแป้งพบว่าความยาวของลำตัวในเพลี้ยแป้งลาย 3.8 – 4.8 มม. เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย 3.7 – 4.5 มม. เพลี้ยแป้งเขียว 2.0 – 3.0 มม. และเพลี้ยแป้งสีชมพู 1.8 – 2.6 มม. โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.22 0.20 0.22 และ 0.21 ตามลำดับ ส่วนความกว้างของลำตัวในเพลี้ยแป้งลาย 1.2 – 1.5 มม. เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย 1.2 – 2.1 มม. เพลี้ยแป้งเขียว 1.1 – 1.8 มม. และเพลี้ยแป้งสีชมพู 0.8 – 1.7 มม. โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.08 0.24 0.13 และ 0.17 ตามลำดับ เมื่อนำเพลี้ยแป้งสีเขียวที่มีการเข้าทำลายมากสุดมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล ด้วยเทคนิค ISSR จำนวน 4 ตำแหน่ง พบร้าความหลากหลายทางพันธุกรรม (H_e) 0 – 0.256 โดยมีค่ามากที่สุดในจังหวัดนครราชสีมา สามารถแบ่งกลุ่มเพลี้ยแป้งสีเขียวออกเป็น 7 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 จังหวัดนครราชสีมา กลุ่มที่ 2 จังหวัดบุรีรัมย์ กลุ่มที่ 3 จังหวัดชลบุรีและจันทบุรี กลุ่มที่ 4 จังหวัดยะรังษี และยะลา กลุ่มที่ 5 จังหวัดสุรินทร์ กลุ่มที่ 6 จังหวัดกำแพงเพชร และกลุ่มที่ 7 จังหวัดปราจีนบุรีและระยอง การทดลองที่ 3 การพัฒนาระบบฐานข้อมูลการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง ผู้วิจัยได้ดำเนินการจัดเก็บข้อมูลและใช้กระบวนการวิเคราะห์ การออกแบบและพัฒนาเป็นฐานข้อมูลการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง โดยนำข้อมูลสำรวจการเข้าทำลายจำนวน 29 แห่งใน 10 จังหวัด และแสดงผลข้อมูลผ่านแผนที่ทางภูมิศาสตร์ที่ใช้กุกเกิล

คำสำคัญ: เพลี้ยแป้ง ความหลากหลาย แผนที่ทางภูมิศาสตร์ที่ใช้กุกเกิล

Abstract

The mealy bug is important insect pest of cassava in Thailand. The infestation of mealy bug can lead to yield and percentage of powder losses. The analysis of mealy bug infestation and group classification are important. The objective of this study was evaluated the infestation of mealy bug in 4 types such as striped mealy bug, jack beard mealy bug, green mealy bug and pinkish mealy bug. To assessed the genetic diversity in highly infestation of mealy bug type and application of display via google Geographic Map. The studies were consisted of three experiments. The first experiment was conducted that the survey infestation of mealy bug in Rayong5 cassava variety in seventh provinces of East; Sakaeo, Chachoengsao, Buriram, Chanthaburi, Rayong, Chonburi and Prachinburi, in two provinces of Norhtern; Surin and Nakhon Ratchasima and in one province of North: Kamphang Phet. The result showed that the infestation of mealy bugs were found in four types in ten provinces but the pinkish mealy bug was not found in Prachinburi province. The infestation of green mealy bug was higher of number mealy bug than other types. The experiment second was conducted to evaluate the genetic diversity of mealy bug. The results shown that the length of mealy bug body ranged from 3.8 – 4.8 mm. in striped mealy bug, 3.7 – 4.5 mm. in jack beard mealy bug, 2.0 - 3.0 in green mealy bug and 1.8 - 2.6 mm. in pinkish mealy bug. The coefficient of variance was 0.22 0.20 0.22 and 0.21, respectively. The width of mealy bug body ranged from 1.2 – 1.5 mm. in striped mealy bug, 1.2 – 2.1 mm. in jack beard mealy bug, 1.1 - 1.8 mm. in green mealy bug and 0.8 - 1.7 mm. in pinkish mealy bug. The coefficient of variance was 0.08 0.24 0.13 และ 0.17, respectively. Moreover, the molecular analysis of genetic diversity in highly infestation of green mealy bug by using four markers in ISSR method. The result shown that the genetic diversity (H_e) ranged from 0 – 0.256 and the highest in Nakhon Ratchasima province. Cluster analyses of the green mealy bug can be divided into 6 groups: the first group is from Nakhon Ratchasima province, the second group is from Buriram province, the third group is from Chonburi and Chanthaburi provinces, the forth group is from Chachoengsao and Sakaeo province, the fifth group is form Surin province, the sixth group is from Kamphaeng Phet province and the seventh group is from Prachinburi and Rayong province. The last experiment developed the data system of mealy bug infestation. The data system of mealy bug infestation from twenty nine locations in ten provinces were collected by researcher for analyze, design and develop to database system and display via Google Geographic Maps.

Keywords: Mealy bug genetic diversity Google Geographic Maps

สารบัญเรื่อง

เรื่อง	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อ	ข
สารบัญเรื่อง	ง
สารบัญตาราง	จ
สารบัญภาพ	ฉ
บทที่ 1 บทนำ	1
บทที่ 2 วิธีการดำเนินการวิจัย	8
บทที่ 3 ผลการวิจัย	14
บทที่ 4 อภิปรายและวิจารย์ผลการวิจัย	34
บทที่ 5 สรุปและเสนอแนะเกี่ยวกับการจิจัยในขั้นต่อไป	37
ผลผลิต	38
รายงานการเงิน	41
บรรณานุกรม	42
ภาคผนวก	45
ประวัตินักวิจัยและคณะ	48

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 แหล่งที่มาของประชากรเพลี้ยแบงค์ที่ทำการสำรวจ	8
2 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไอเมอร์ที่ใช้ในปฏิกริยาพีซีอาร์โดยเทคนิค ISSR	11
3 การพับเพลี้ยแบงค์ 4 ชนิดคือเพลี้ยแบงค์ลาย เพลี้ยแบงค์เจ็คเบียสเลเยอร์หรือสีเทา เพลี้ยแบงค์สีเขียว เพลี้ยแบงค์สีชมพู ที่พบในพื้นที่ 10 จังหวัด	14
4 ความกว้างลำตัวของเพลี้ยแบงค์ 4 ชนิดคือเพลี้ยแบงค์ลาย เพลี้ยแบงค์เจ็คเบียสเลเยอร์หรือสีเทา เพลี้ยแบงค์สีเขียว เพลี้ยแบงค์สีชมพู ที่พบในพื้นที่ 10 จังหวัด	19
5 ความยาวลำตัวของเพลี้ยแบงค์ 4 ชนิดคือเพลี้ยแบงค์ลาย เพลี้ยแบงค์เจ็คเบียสเลเยอร์หรือสีเทา เพลี้ยแบงค์สีเขียว เพลี้ยแบงค์สีชมพู ที่พบในพื้นที่ 10 จังหวัด	20
6 ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรเพลี้ยแบงค์สีเขียวจาก 10 จังหวัด ที่ประเมินจาก ISSR locus 4 ตำแหน่ง	22
7 แสดงค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distances) ของประชากรเพลี้ยแบงค์สีเขียวจาก 10 จังหวัด	23
8 ค่าความคล้ายกันทางพันธุกรรม (similarity coefficients) ของประชากรเพลี้ยแบงค์สีเขียวจาก 10 จังหวัด	23

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
1 เพลี้ยแป้งลายที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง	45
2 เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลย์หรือสีเทาที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง	45
3 เพลี้ยแป้งสีเขียวที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง	46
4 เพลี้ยแป้งสีชมพูที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง	46
5 การเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลัง	47
6 จำนวนเพลี้ยแป้งลาย (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด	16
7 จำนวนเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลย์หรือสีเทา (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด	16
8 จำนวนเพลี้ยแป้งสีเขียว (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด	17
9 จำนวนเพลี้ยแป้งสีชมพู (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด	17
10 Dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของประชากรของประชากรเพลี้ยแป้งสีเขียวจาก 10 จังหวัดด้วยวิธี UPGMA โดยอาศัยค่า Nei's (1972) genetic distance	24
11 Use case Diagram ระบบ Farm Buu System	25
12 Activity Diagram การบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง	26
13 Sequence Diagram การบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง	27
14 Class Diagram การจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยแป้ง	28
15 E-R Diagram ระบบฐานข้อมูลเพลี้ยแป้ง	29
16 ภาพแสดงหน้าจอแสดงผลข้อมูลเพลี้ยแป้งทั้งหมดที่จัดเก็บ	30
17 ภาพแสดงพื้นที่การจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยแป้งแบบระบุแผนที่	31
18 หน้าจอการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง	31
19 หน้าจอแสดงผลการบันทึกข้อมูลเรียบร้อยพร้อมระบุรหัสพื้นที่	32
20 ภาพแสดงพื้นที่เพลี้ยแป้งในแต่ละรายการ	33

บทที่ 1 บทนำ

1. เอกสารงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

มันสำปะหลัง

มันสำปะหลังจัดเป็นพืชหัวชนิดหนึ่ง มีชื่อสามัญเรียกหลายชื่อด้วยกัน ตามภาษาต่างๆ ที่ได้อินมากเช่น Cassava, yuca, manioca, manioc, madioc, tapioca เป็นต้น เดิมที่คนไทยเรียกว่า มันไม้ มันสำโรง ทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือเรียกว่า มันดันเตี้ย ภาคใต้เรียkmันเทศ (เรียkmันเทศว่ามันนาลา) ปัจจุบันคนส่วนใหญ่เรียก มันสำปะหลัง มันสำปะหลังเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีความสำคัญต่อประเทศไทย จะมุ่งเน้นไปที่การผลิตเป็นแบ่งเพื่อใช้ในอุตสาหกรรมอาหารและการแปรรูป อีกส่วนหนึ่งเป็นเรื่องของการผลิตมันเส้นและมันอัดเม็ดเพื่อใช้ในอุตสาหกรรมอาหารและการแปรรูป แต่ผลผลิตทั้งประเทศยังอยู่ในเกณฑ์ต่ำ ในขณะที่ความต้องการใช้ในประเทศไทยในการส่งออกมีมากขึ้น มันสำปะหลังเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีความสำคัญของประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกมากกว่า 7.6 ล้านไร่ต่อปี ผลผลิตเฉลี่ย 3.7 ตันต่อไร่ พื้นที่ปลูกอยู่ในทั้งภูมิภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคกลาง ภาคเหนือและภาคตะวันออก (สำนักงานเศรษฐกิจ, 2550)

มันสำปะหลังเป็นพืชที่ปลูกในเขตร้อน ตั้งแต่เส้นรุ้งที่ 30 องศาใต้ถึงเส้นรุ้งที่ 30 องศาเหนือในเขตหนาวหรือในเขตอบอุ่นที่มีอุณหภูมิเย็นจัดถึงร้อนมีพืชมันสำปะหลังจะไม่สามารถทนชื้นได้ ในเขตร้อนที่ปลูกมันสำปะหลัง จะพบว่าพืชนี้ชื้นได้ในสภาพดินฟ้าอากาศแตกต่างกันอย่างกว้างขวาง คือชื้นได้ในสภาพที่มีฝนตกชุก ตินมีความสมบูรณ์ต่ำและเป็นเกรดในที่ที่ค่อนข้างแห้งแล้งแบบทวีปอฟริกาหรือในที่บริเวณเทือกเขาแอนดีสที่มีความสูงถึง 2,000 เมตร จากระดับน้ำทะเล

มันสำปะหลังมีการเจริญเติบโตดีในเขตร้อน พื้นที่ปลูกมันสำปะหลังส่วนใหญ่มีปริมาณน้ำฝนเฉลี่ยต่อปีมากกว่า 1,000 มิลลิเมตร จนถึง 1,300 มิลลิเมตรต่อปี แต่ทั้งนี้ในพื้นที่ที่มีฝนตกชุก จะต้องมีการระบายน้ำดี เพราะหากมีน้ำท่วมเพียงวันเดียวอาจทำให้เสียหายได้มันสำปะหลังเป็นพืชทนแล้งได้ดี หลังจากปลูกและต้นมันสำปะหลังตั้งตัวได้แล้ว แม้จะขาดฟันเป็นระยะเวลานานถึง 6 เดือนต่อปี ในสภาพที่กรอบแล้งมันสำปะหลังจะลดพื้นที่ใบโดยใบแก่จะร่วงไป การสร้างใบใหม่จะน้อยลงและมีขนาดเล็ก ปากใบบางส่วนจะปิดทำให้การดูดน้ำอย่าง จนกระทั่งมีฝนมันสำปะหลังจะดึงcaribe ใจเดรตที่สะสมในต้นและหัวมาใช้สร้างใบและยอดใหม่

มันสำปะหลังปรับตัวได้ดีในดินที่มีความอุดมสมบูรณ์ต่ำ และทนทานต่อสภาพดินที่เป็นกรดจัด เช่น ในดินที่มีความเป็นกรดเป็นต่าง (pH) ต่ำ 4.4 ก็ไม่มีผลกระทบกระเทือนต่อผลผลิตซึ่งมีพืชน้อยชนิดที่มีคุณสมบัตินั่นต่อสภาพดินกรด เช่นเดียวกับมันสำปะหลัง แต่มันสำปะหลังมีข้อจำกัด คือไม่สามารถชื้นได้ดีในดินที่เป็นต่าง (pH) มากกว่า 8 ขึ้นไป และนอกจากนี้มันสำปะหลังไม่สามารถทนต่อสภาพของดินที่มีน้ำแข็งโดยทั่วไปมันสำปะหลังชื้นได้ดีในดินทุกชนิด ขอบดินร่วนปนทราย มีความอุดมสมบูรณ์ปานกลางมี (pH) อยู่ระหว่าง 5.5–8 เป็นพืชwan สั้น ผลผลิตจะลดลงถ้าช่วงแสงของวันยาวเกิน 10–12 ชั่วโมง (จรุสิทธิ์ และคณะ, 2547)

ชนิดและพันธุ์มันสำปะหลังมันสำปะหลังที่ป่วยในแหล่งปลูกทั่วโลกและในประเทศไทย แบ่งเป็น 2 ชนิด คือ

1. ชนิดหวาน (Sweet type) เป็นมันสำปะหลังที่มีปริมาณกรดไฮโดรไซานินิตต่ำไม่มีรสขม ใช้เพื่อการบริโภคของมนุษย์ มีทั้งชนิดเนื้อร่วน นุ่ม และชนิดเนื้อแน่น เหนียว ในประเทศไทยไม่มีการปลูกเป็นพื้นที่ใหญ่ๆ เนื่องจากมีตลาดจำกัด ส่วนใหญ่จะปลูกรอบๆ บ้าน หรือตามร่องสวน เพื่อบริโภคเองในครัวเรือนหรือเพื่อจำหน่ายตามตลาดสดในท้องถิ่นในปริมาณไม่มาก

2. ชนิดขม (Bitter type) เป็นมันสำปะหลังที่มีปริมาณกรดไฮโดรไซานินิตสูง เป็นพิษและมีรสขม ไม่เหมาะสมสำหรับการบริโภคของมนุษย์หรือใช้หัวสดเลี้ยงสัตว์โดยตรง แต่จะใช้สำหรับอุดสาหกรรมประปต่างๆ เช่น แบ่งมัน มันอัดเม็ด และกอซอล เนื่องจากมีปริมาณแบ่งสูง

มันสำปะหลังที่ป่วยในประเทศไทยส่วนใหญ่เป็นชนิดขมสำหรับใช้ในอุดสาหกรรมพันธุ์ที่ป่วยกันปัจจุบันมีพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อการอุดสาหกรรมที่ได้รับการรับรองพันธุ์เป็นพันธุ์แนะนำแล้วจากการวิชาการเกษตร (วัลยพร และคณะ, 2552) เช่น พันธุ์ระยะ 5 ระยะ 9 หัวยง 60 หัวยง 80 และเกษตรศาสตร์ 50 เป็นต้น

เพลี้ยแบঁง

อนุกรมวิธานและลักษณะทางสัณฐาน

เพลี้ยแบঁง (mealy bug) มันสำปะหลัง (โอลกาช, 2553) มี 4 ชนิด ได้แก่

1. เพลี้ยแบঁงตัวลาย (striped mealybug, *Ferrisia virgata* (Cockerell)) เพลี้ยแบঁงชนิดนี้พบว่าระบาดทั่วไปในพื้นที่ป่วยมันสำปะหลัง ที่ผ่านมา มีระดับความรุนแรงไม่ถึงขั้นเสียหายทางเศรษฐกิจ เนื่องจากมีการควบคุมโดยศัตรูตามธรรมชาติอย่างสมดุลจากตัวตัวและตัวเบียน ลักษณะเด่นของเพลี้ยแบঁงชนิดนี้คือ ลำตัวคล้ายลิ่ม ผนังลำตัวสีเทาเข้ม มีไข่แบঁงปักกลุ่มลำตัว เส้นขนขึ้นบนหนาแน่น โดยขันที่ปักกลุ่มลำตัวยาวและเป็นเงาคล้ายไยแก้ว มีแถบดำบนลำตัว 2 แถบชัดเจน ที่ปลายหัวมีหาง คล้ายเส้นแบঁง 2 เส้นยาวครึ่งหนึ่งของความยาวลำตัว (ภาพที่ 1)

2. เพลี้ยแบঁงแจ็คเบียดเลย์ (Jack-Beardsley mealybug, *Pseudococcus jackbeardleyi* Gimpel & Miller) เพลี้ยแบঁงชนิดนี้พบว่าระบาดโดยทั่วไปในพื้นที่ป่วยมันสำปะหลัง ลักษณะเด่นของเพลี้ยแบঁงชนิดนี้คือ ลำตัวรูปไข่ค่อนข้างแบน ผนังลำตัวสีเทาอมชมพู มีไข่แบঁงสีขาวปักกลุ่มลำตัว ด้านข้างลำตัว มีเส้นแบঁงเรียงกันจำนวนมาก เส้นแบঁงที่ปลายส่วนห้องยาวกว่าเส้นแบঁงด้านข้างลำตัว (ภาพที่ 2)

3. เพลี้ยแบঁงสีเขียว (Madeira mealybug, *Phenacoccus madeirensis* Green) เพลี้ยแบঁงชนิดนี้พบว่าระบาดเฉพาะบางห้องที่ในพื้นที่ป่วยมันสำปะหลัง ลักษณะเด่นของเพลี้ยแบঁงชนิดนี้คือ ลำตัวรูปไข่ ผนังลำตัวสีเขียวอมเหลือง มีไข่แบঁงสีขาวปักกลุ่มลำตัว ด้านข้างลำตัวมีเส้นแบঁงแบนเรียงกันจำนวนมาก เส้นแบঁงที่ปลายส่วนห้องยาวกว่าเส้นแบঁงด้านข้างลำตัว (ภาพ 3)

4. เพลี้ยแบঁงสีชมพู (Pink mealybug, *Phenacoccus manihoti*) เพลี้ยแบঁงชนิดนี้พบว่าระบาดโดยทั่วไปในพื้นที่ป่วยมันสำปะหลัง ในปี พ.ศ. 2551 มีการระบาดของเพลี้ยแบঁงชนิดนี้อย่างรุนแรง มีผลเสียหายทางเศรษฐกิจในทุกภาคของพื้นที่ป่วยมันสำปะหลัง ลักษณะเด่นของเพลี้ยแบঁงชนิดนี้คือ

ลำตัวรูปไข่ ผนังลำตัวสีชมพู มีไข้แบงสีขาวปุกคุณลำตัว ด้านข้างลำตัวมีเส้นแบงสันหรืออาจไม่ปรากฏให้เห็นเลย เส้นแบงที่ปลายส่วนท้องค่อนข้างสั้น (ภาพ 4)

ชีวและนิเวศวิทยาของเพลี้ยแบง

เพลี้ยแบงเพศเมียเติมวัยสามารถขยายพันธุ์ได้ โดย ไม่ต้องผสมพันธุ์จากเพศผู้ มีทั้งสามารถออกลูกเป็นตัว และออกลูกเป็นไข่แล้วฟักเป็นตัวอ่อนได้ แต่ส่วนใหญ่ออกลูกเป็นไข่ โดย วางไข่เป็นเม็ด เวลาวางไข่จะสร้างถุงไข่ไว้ใต้ท้องมีลักษณะเป็นไอลคล้ายสำลีหุ้มไข่ไว้อีกชั้นหนึ่ง มีขนาดกว้าง 0.20 มิลลิเมตร ยาว 0.40 มิลลิเมตร ถุงไข่มีจำนวนไข่ ตั้งแต่ 50-600 ฟอง ใช้เวลาวางไข่ 7 วัน ไข่ มีลักษณะเป็นเม็ดเดียว สีเหลืองอ่อน รูปร่างยาวรี ส่วนตัวอ่อนวัยแรกที่ฟักออกจากไข่ มีสีเหลืองอ่อน ลำตัวยาวรี สามารถเคลื่อนที่ได้ หลังจากนั้นลอกครรภ 3-4 ครั้ง ระยะตัวอ่อนใช้เวลา 18-59 วัน ตัวอ่อนมีขนาดกว้าง 1.00 มิลลิเมตร ยาว 2.09 มิลลิเมตร โดย ตัวอ่อนเริ่มมีหาง สามารถสร้างแบงและไข้แบงสีขาวห่อหุ้มรอบลำตัวได้ สำหรับตัวเมียเติมวัย มีลักษณะตัวค่อนข้างแบน บนหลังและรอบลำตัวมีไข้แบงปุกคุณมาก มีขนาดกว้าง 1.83 มิลลิเมตร ยาว 3.03 มิลลิเมตร และหางยาว 1.57 มิลลิเมตร ตัวเมียเติมวัยอายุประมาณ 10 วัน สามารถวางไข่หรือออกลูกได้ ส่วนตัวผู้เติมวัยมีปีกมีได้และหนวดยาว ขนาดกว้าง 0.45 มิลลิเมตร ยาว 1.35 มิลลิเมตร ปีกยาว 1.57 มิลลิเมตร เพลี้ยแบงบางชนิดเท่านั้นที่ไข้พัฒนาเป็นตัวเติมวัยเพศผู้ รวมซึ่งพัจการเพลี้ยแบง ตั้งแต่ 35-92 วัน (โอกาส 2553)

การกระจายตัวของเพลี้ยแบง

การระบาดของเพลี้ยแบงในมันสำปะหลังมีนานานั้นแล้ว แต่ไม่เคยทำความเสียหายรุนแรง และไม่พบปัญหาการระบาดของแมลงศัตรู เนื่องจากเป็นพืชที่ปลูกง่าย ทนทานและปรับตัว มักพบปัญหาเฉพาะเรื่องโรคหัวเน่า แต่ยังไม่เคยพบปัญหาสำคัญเนื่องมาจากโรคแมลงศัตรูอื่นๆ ศัตรุพืชที่อาจพบในมันสำปะหลังเป็นประจำ ได้แก่ เพลี้ยไฟ ไรแดง เพลี้ยแบง แมลงหวีขาว แมลงนูนหลวง โรคใบไหม้ โรคแอนแทรกโนส เป็นต้น แต่ไม่รุนแรงถึงระดับก่อให้เกิดความเสียหาย แต่จากการขยายพื้นที่ปลูกมากขึ้น ในหลายพื้นที่ของประเทศไทย ทำให้ในปัจจุบันพบปัญหาการระบาดของเพลี้ยแบงมันสำปะหลังสีชมพู ;*Phenacoccus manihoti* ในปี พ.ศ. 2551/2552 พบรการระบาดของเพลี้ยแบงมันสำปะหลังสีชมพู ทั้งประเทศเป็นพื้นที่มากกว่า 1,417,628 ไร่ โดยแบ่งออกเป็น 2 ระดับ คือ ระดับรุนแรง 650,207 ไร่ ไม่สามารถเก็บผลผลิตได้เลย และ ระดับไม่รุนแรง 767,601 ไร่ ผลผลิตจะลดลงแต่ยังสามารถเก็บผลผลิตได้ ต้นปี 2552 ที่ผ่านมาพบการระบาดของเพลี้ยแบงมันสำปะหลังขยายเป็นพื้นที่บริเวณกว้าง

การเข้าทำลาย

เพลี้ยแบงคุดกินน้ำเลี้ยงจากบริเวณยอด กิ่ง และใบ มีมดเป็นพาหะ ช่วยพากไปตามส่วนต่าง ๆ ของพืช ส่วนของพืชที่ถูกทำลายจะแคระแกรนและเกิดราสีดำ โดยเฉพาะผลที่มีเพลี้ยแบงทำลายอยู่ มักจะเป็นที่รังเกียจของผู้บริโภค ซึ่งลักษณะอาการที่สังเกตได้ชัด คือ อาการใบหก รูปร่างบิดเบี้ยวโค้ง งอ จนอาจทำให้แห้งตายในที่สุด ยอดอ่อนเจริญเติบโตผิดปกติ ยอดใหม่แตกพุ่มเป็นกระฉุกคล้ายหัว

กะหล่ำปลี ข้อปล้องสันกว่าปกติ หากพบรากกระน้ำดรุนแรงจะทำให้ผลผลิตลดลง 80 เปอร์เซ็นต์ หรือไม่ให้ผลผลิตเลย มีรายงานพบการระบาดของเพลี้ยแป้งในพื้นที่ป่ากูมันสำปะหลังที่สำคัญหลายจังหวัด เช่น นครราชสีมา บุรีรัมย์ เลย ขอนแก่น ลพบุรี ชลบุรี ปราจีนบุรี ระแหง ระยอง และ จันทบุรี โดยเฉพาะจังหวัดนครราชสีมา มีรายงานพื้นที่การระบาดของเพลี้ยแป้งมันสำปะหลังมากกว่า 300,000 ไร่ นอกจากนั้น ยังพบมีการระบาดของแมลงศัตรูอื่นๆ ได้แก่ แมลงหรีขาว แมลงนูนหลวง และไรแดง ซึ่งมีแนวโน้มทวีความรุนแรงมากขึ้นในอนาคต (ภาพที่ 5)

การจำแนกความหลากหลายชีวชนิด

การจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) โดยใช้เครื่องหมายหรือ marker ของสิ่งมีชีวิตทั้งทางปริมาณและคุณภาพอาจเป็นการจำแนกความแตกต่างในระหว่างและภายในสปีชีส์ (between and within species) ระหว่างและภายในประชากร (between and within populations) หรือระหว่างแต่ละตัว (between individuals) (Frankel et al., 1995) สามารถจำแนกได้โดยเครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา (Morphological marker) ใช้วิธีเปรียบเทียบลักษณะภายนอกทางสัณฐานวิทยาหรือทางสรีรวิทยา และเครื่องหมายทางโมเลกุล (Molecular marker) เครื่องหมายทางโมเลกุลในระดับดีเอ็นเอ ซึ่งตรวจสอบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลของดีเอ็นเอเป็นที่นิยมอย่างแพร่หลาย ดีเอ็นเอเครื่องหมายที่ใช้วิธีการ DNA-DNA hybridization เช่น FISH (Fluorescence in situ Hybridization) และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้วิธีการพีซีอาร์ (PCR: Polymerase Chain Reaction) เช่น SSR (Simple Sequence Repeat), ISSR (intersimple sequence repeat), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) และ AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)

การวิเคราะห์สารพันธุกรรมของแมลงการจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) โดยใช้เครื่องหมายหรือ marker มีการใช้เพื่อประเมินความหลากหลายและชีวชนิดของแมลงเป็นต้น เทคนิค RAPD ได้ถูกนำมาใช้ในโดยเฉพาะอย่างยิ่งแมลงตัวเล็กๆ เช่น ใช้วิเคราะห์สายพันธุ์ของแมลงตัวเมี้ยน (Landry et al., 1993) และแมลงวันผลไม้ (Haymer and McInnis, 1994) Thongphak (1999) ได้จัดจำแนกลักษณะทางพันธุกรรมของแมลงบัว โดยใช้เทคนิค RAPD-PCR จาก 14 กลุ่มประชากร พบรากสามารถแบ่งได้เป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มเอ ประกอบด้วยจังหวัด จังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ และจังหวัดเชียงราย กลุ่มนี้ ประกอบด้วยจังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดลำปาง จังหวัดพะ夷า จังหวัดอุตรารานี จังหวัดหนองคาย และจังหวัดอุบลราชธานี กลุ่มซี ประกอบด้วยจังหวัดนครพนม และกลุ่มดี ประกอบด้วยจังหวัดฉะเชิงเทรา และเมืองวิเคราะห์ความสัมพันธ์พบว่าแมลงบัวกลุ่มเอมีความใกล้ชิดกับกลุ่มนี้ และประชากรแมลงบัวกลุ่มนี้มีความใกล้ชิดกับแมลงบัวกลุ่มเอและบีมากกว่ากลุ่มดี การสร้าง dendrogram และแสดงความสัมพันธ์ของประชากรบัวในแต่ละแหล่ง โดยดูจากข้อมูลความแตกต่างของเส้นดีเอ็นเอ พนบัวบัวจากภาคกลางและภาคเหนือจะมีความใกล้ชิดกันมากกว่าบัวจากภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ Katiyar et al. (2000) ได้นำเทคนิค AFLP มาศึกษาถึงความหลากหลายทางชีวภาพของแมลงบัว สามารถแบ่งความสัมพันธ์ของแมลงบัวออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่หนึ่งประกอบด้วย ประชากรจากประเทศไทย 2 กลุ่มประชากร และประชากรจากสาธารณรัฐประชาธิปไตย

ประชาชนลาวและอินเดีย ประเทศละ 1 กลุ่มประชากร กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยประชากรจากประเทศอินเดีย 11 กลุ่มประชากร และประชากรจากประเทศเนปาลและศรีลังกา ประเทศละ 1 กลุ่มประชากร จากประเทศอินเดีย บ้าจุนเมืองการนำเทคโนโลยี ISSR มาใช้ศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ เช่น การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอในไก่ (บุญเรืองรัตน์และกอบกุล, 2553) การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเห็ดหลินจือ (เรือนแก้วและดันวัต, 2553)

การประยุกต์ใช้แผนที่ภูมิศาสตร์ภูเก็ต

ระบบสารสนเทศเป็นระบบที่มีการใช้งานอย่างแพร่หลาย โดยเฉพาะระบบสารสนเทศทางภูมิศาสตร์ที่มีการสำนักงานอตัวแทนที่ตั้งของสถานที่ต่าง บอกทาง ข้อมูลรายละเอียดพื้นที่ต่าง ๆ ซึ่งช่วยในการตัดสินใจ แนวความคิดที่ใช้ประโยชน์จากการระบบสารสนเทศทางภูมิศาสตร์ เช่น การพัฒนาระบบฐานข้อมูลสถานที่ราชการและเอกชนในจังหวัดเชียงใหม่ โดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์ภูเก็ต พัฒนาขึ้น เพื่อให้บริการข้อมูลสารสนเทศทางภูมิศาสตร์และพัฒนาระบบฐานข้อมูลสถานที่ราชการและเอกชนในจังหวัดเชียงใหม่ โดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์ภูเก็ต พัฒนาขึ้นในรูปแบบเว็บเพจ โดยใช้โปรแกรมมาโครมีเดีย ดรีมวิฟเวอร์ชีเอสสาม ร่วมกับภาษาพีเอชพีในการติดต่อ กับฐานข้อมูลมายเซ็คอล ซึ่งทำงานบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ต โดยแบ่งระบบเป็น 3 ส่วน คือ ส่วนของผู้ดูแลหรือเจ้าหน้าที่ ทำหน้าที่จัดการดูแลข้อมูลสถานที่และข้อมูลของสมาชิก ส่วนที่สองคือส่วนของสมาชิก ทำหน้าที่เพิ่ม ลบ และแก้ไขข้อมูลสถานที่และข้อมูลของตัวเอง ส่วนสุดท้ายคือส่วนของบุคคลที่ไม่ใช่ผู้ใช้งาน สามารถเข้ามาดูข้อมูลต่าง ๆ ของเว็บไซต์ (สารัตถ์, 2551) ประยุกต์ใช้ระบบสารสนเทศโดยแพทที่ภูเก็ตสำหรับศูนย์พัฒนาฝีมือแรงงาน ซึ่งทดลองใช้กับฐานข้อมูลของศูนย์พัฒนาแรงงานจังหวัดตากเป็นจังหวัดนำร่อง การศึกษาจะทดลองพัฒนาขึ้นใช้งานในรูปแบบเว็บเบส โดยใช้โปรแกรมพีเอชพีและซอฟต์แวร์ในการพัฒนาส่วนติดต่อ กับผู้ใช้ และดึงข้อมูลจากฐานข้อมูล ใช้ภูเก็ตแม็บเอพีไอ ซึ่งเป็นโปรแกรมรหัสเปิดสร้างแม็บแม่ข้อพัท ในการแสดงผลข้อมูลเชิงภูมิศาสตร์ (โปรด, 2554) ประยุกต์ใช้ระบบจัดการการจราบทุนอุปกรณ์พกพา โดยใช้ปฏิทินภูเก็ตเพื่อการแสดงผล ผลการศึกษาพบว่าระบบจัดการการจราบทุนเป็นประโยชน์ต่อผู้ใช้ โดยสามารถเข้าใช้ระบบจากการเข้าทางเว็บไซต์ หรือสามารถเข้าใช้ระบบจากอุปกรณ์พกพา อีกทั้งยังมีการใช้ปฏิทินภูเก็ตในการแสดงผลเพื่อให้ผู้ใช้สะดวกต่อการจัดการการจราบทุนเอง และยังเป็นประโยชน์ต่อองค์กรที่เลือกใช้ระบบนี้อีกด้วย (ศรรุทธิ, 2555)

1.2 ความสำคัญและที่มาของบัญชา

เพลี้ยแป้ง (mealybug) เป็นแมลงศัตรุสำคัญที่ทำลายผลผลิตมันสำปะหลังในหลายจังหวัดของประเทศไทย ในช่วงระยะเวลา 3-4 ปี ที่ผ่านมาได้พบว่าเพลี้ยแป้งได้ระบาดขึ้นในหลายจังหวัด เช่น นครราชสีมา บุรีรัมย์ กำแพงเพชรและสระบุรีเป็นต้น ในขณะที่ข้อสันนิษฐานว่าการระบาดขึ้นที่ของเพลี้ยแป้งนี้มีสาเหตุมาจากการโลกร้อนนัยน์ต้องรอการพิสูจน์ ความเสียหายจากเพลี้ยแป้งต่อผลผลิตมันสำปะหลังของเกษตรกรในพื้นที่ภาคตะวันออกกำลังต้องการการแก้ไขอย่างเร่งด่วนการวิเคราะห์ถึงความสัมพันธ์ของจำแนกหมวดหมู่ของแมลงและระดับการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งจึงมีความสำคัญ

อย่างยิ่ง โดยทั่วไปการจำแนกหมวดหมู่ของแมลงใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเป็นสำคัญ ซึ่งสามารถใช้จำแนกแมลงได้ถึงระดับ สปีชีส์ (species) แต่เป็นที่ทราบกันว่า แมลงในสปีชีส์เดียวกันอาจไม่มีความแตกต่างกันทางสัณฐานวิทยา (Thongphak, 1999) บังคับนการศึกษาสิ่งมีชีวิตที่มีความผันแปรสูงได้ทั้งภายในและระหว่างสปีชีส์ (Majer et al., 1996) มีประโยชน์ในการจำแนกหมวดหมู่ อนุกรมวิธาน (taxonomy) พันธุศาสตร์ประชากร (population genetics) ตลอดจนการปรับปรุงพันธุ์ รวมทั้งช่วยในการจำแนกสายพันธุ์ที่เกิดการผ่าเหล่า (mutation) ได้อีกด้วย (Kartiyan et al., 2000) ดังนั้นการศึกษาลักษณะและความหลากหลายทางพันธุกรรม รวมทั้งการจำแนกหมวดหมู่ของประชากรเพลี้ยแบ้งในแต่ละพื้นที่ ทั้งทางด้านสัณฐานวิทยาและในพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล ผลที่ได้จะทำให้ทราบถึงความสัมพันธ์ในกลุ่มประชากรและความจำเพาะเจาะจงในแต่ละพื้นที่อย่างไรก็ตามในปัจจุบัน ระบบสารสนเทศทางภูมิศาสตร์เป็นระบบที่กำลังได้รับความสนใจมากขึ้น เนื่องจากเป็นระบบที่มีการนำเสนอข้อมูลในเชิงพื้นที่ ล้วนแต่เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์ในการประกอบการตัดสินใจในด้านต่างๆ ได้จากการที่ได้ศึกษาเกี่ยวกับบริการของภูเกิลในด้านสารสนเทศทางภูมิศาสตร์แล้ว จึงมีแนวความคิดที่จะนำประโยชน์ที่ได้จากการใช้สารสนเทศทางภูมิศาสตร์ เพื่อให้บริการกับสมาชิกที่จะล็อกอินเข้ามาจัดการข้อมูลเกี่ยวกับการเข้าทำลายของเพลี้ยแบ้งในมันสำปะหลัง เพื่อเผยแพร่ข้อมูล ผ่านทางแพนท์ของภูเกิล ซึ่งจะช่วยทำให้ผู้ที่เข้ามายังสถานที่ ได้ทราบถึงตำแหน่งที่แน่นอนและสถานที่นั้นๆ ได้ไม่เพียงเท่านี้ ข้อมูลทั้งหมดซึ่งเก็บในฐานข้อมูลของเราราจเป็นประโยชน์ที่จะนำไปใช้ในด้านต่างๆ เช่น การจัดทำเขตโชนน์ การทำให้เว็บเกิดเป็นสังคมหรือคอมมูนิตี้หนึ่ง ที่ผู้ชมเข้ามาเพื่อค้นหาข้อมูลและอย่างจะเผยแพร่ข้อมูลของตน จึงเกิดเป็นช่องทางในการทำข้อมูลออนไลน์ต่อไปได้ดังนั้น โครงการนี้จะนำไปสู่การวิเคราะห์หาวิธีการควบคุมเพลี้ยแบ้ง หรือการนำแมลงมาใช้ประโยชน์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ รวมทั้งการป้องกันกำจัดและปรับปรุงสายพันธุ์มันสำปะหลังที่สามารถด้านทานต่อเพลี้ยแบ้งแต่ละใบโถไฟได้ เพื่อจะช่วยลดการเข้าทำลายของเพลี้ยแบ้งและเพิ่มศักยภาพการให้ผลผลิตต่อไป ตลอดจนนำข้อมูลของโครงการได้มีแนวคิดในการประยุกต์ใช้ Google Maps API กับการเข้าทำลายของเพลี้ยแบ้งในมันสำปะหลัง ซึ่งเป็นระบบในการรวมแหล่งข้อมูล แบบ Dynamic webpage เพื่อจะได้เป็นข้อมูลพื้นฐานในงานวิจัยอื่นต่อไป

1.3 วัตถุประสงค์และขอบเขตงานวิจัย

1. เพื่อศึกษาลักษณะและความหลากหลายของประชากรของเพลี้ยแบ้งในมันสำปะหลังที่มีการระบาดในภาคตะวันออกของประเทศไทยโดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาและพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล
2. เพื่อประเมินระดับการเข้าทำลายของเพลี้ยแบ้งในมันสำปะหลังต่างพันธุ์และต่างแหล่งปลูก
3. เพื่อศึกษาระดับการเข้าทำลาย โดยประยุกต์ใช้ Google Maps API ในพื้นที่ภาคตะวันออก

1.4 วิธีดำเนินการวิจัยโดยสรุปทฤษฎีหรือแนวคิดที่นำมาใช้ในการวิจัย

การวิจัยครั้งนี้เป็นการประเมินการเข้าทำลายของเพลี้ยแบงในมันสำปะหลังในแปลงเกษตรในพื้นที่จังหวัดในภาคตะวันออก โดยทำการสำรวจและเก็บตัวอย่างเพลี้ยแบงเพื่อประเมินความหลากหลายทางด้านสัณฐานวิทยาและความหลากหลายทางด้านพันธุกรรม เพื่อจะใช้ในการจำแนกเพลี้ยแบงเป็นชีวนิตร (Biotype) จากนั้นนำข้อมูลที่ได้จากการทดลองโดยประยุกต์ใช้ Google Maps API ในพื้นที่ภาคตะวันออกเพื่อเผยแพร่และเป็นที่แลกเปลี่ยนข้อมูลต่อไป ซึ่งงานวิจัยนี้จะใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในงานวิจัยต่อยอดหรืออื่น ๆ ต่อไป

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. อธิบายความหลากหลายทางพันธุกรรมของเพลี้ยแบงในมันสำปะหลังในแต่ละพื้นที่
2. อธิบายถึงความสัมพันธ์ระหว่างระดับการเข้าทำลายของเพลี้ยแบงในมันสำปะหลังต่างพันธุ์ในแต่ละพื้นที่
3. ได้ระบบในการบริหารจัดการข้อมูล พื้นที่มีการเข้าทำลายของเพลี้ยแบงในมันสำปะหลังและเกิดความสะดวกในการจัดเก็บข้อมูลของภาคตะวันออกเพื่อเป็นต้นแบบ

บทที่ 2 วิธีการดำเนินการวิจัย

การศึกษาเพื่อแบ่งการทดลองออกเป็น 3 การทดลอง ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

1. ประเมินการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังในภาคตะวันออก

การทดลองนี้ได้ทำการสำรวจการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในสำปะหลังพันธุ์ระยอง 5 ในพื้นที่ 7 จังหวัดในภาคตะวันออกคือ ยะแแก้ว ฉะเชิงเทรา บุรีรัมย์ จันทบุรี ระยอง ชลบุรี และปราจีนบุรี ในพื้นที่ 2 จังหวัดในภาคตะวันออกเฉียงเหนือคือ สุรินทร์ และนครราชสีมา และหัวด้วยจังหวัดที่อยู่ในภาคเหนือคือ กำแพงเพชร (ตารางที่ 1) บันทึกการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งโดยทำการสุ่มนับจำนวนเพลี้ยแป้ง 4 ชนิด คือ เพลี้ยแป้งลาย (*Ferrisia virgata* (Cockerell)) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์หรือสีเทา (*Pseudococcus jackbeardleyi* Gimpel & Miller) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีเขียว (*Phenacoccus madeirensis* Green) และเพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีชิมพู (*Phenacoccus manihoti*) ระหว่างเดือน พฤษภาคม พ.ศ. 2554 ถึงเดือนเมษายน พ.ศ. 2555 ประเมินโดยการนับจำนวนเพลี้ยแป้งต่อต้น จำนวน 3 ช้ำ ช้ำละ 20 ต้น โดยการสุ่มสำรวจ

ตารางที่ 1 แหล่งที่มาของประชากรเพลี้ยแป้งที่ทำการสำรวจ

ลำดับ	แหล่งที่มา	ชื่อในงานทดลอง
1	ต. ชัยมงคล อ. คลองหาด จ. ยะแแก้ว	ยะแแก้ว 1 (SK1)
2	ต. ท้าวไทย อ. ตาพระยา จ. ยะแแก้ว	ยะแแก้ว 2 (SK2)
3	ต. วังสมบูรณ์ อ. วังสมบูรณ์ จ. ยะแแก้ว	ยะแแก้ว (SK3)
4	ต. ทุ่งพระยา อ. สนมชัยเขต จ. ฉะเชิงเทรา	ฉะเชิงเทรา 1 (CCS1)
5	ต. เกาะขันนุน อ. พนมสารคาม จ. ฉะเชิงเทรา	ฉะเชิงเทรา 2 (CCS2)
6	ต. วังเย็น อ. แปลงยาง จ. ฉะเชิงเทรา	ฉะเชิงเทรา 3 (CCS3)
7	ต. หนองหาร อ. กบินทร์บุรี จ. ปราจีนบุรี	ปราจีนบุรี 1 (PCB1)
8	ต. หัวหว้า อ. ศรีมหาโพธิ์ จ. ปราจีนบุรี	ปราจีนบุรี 2 (PCB2)
9	ต. คงชีเหล็ก อ. เมือง จ. ปราจีนบุรี	ปราจีนบุรี 3 (PCB3)
10	ต. ทับช้าง อ. สอยดาว จ. จันทบุรี	จันทบุรี 1 (CTB1)
11	ต. คลองใหญ่ อ. โป่งน้ำร้อน จ. ยะแแก้ว	จันทบุรี 2 (CTB2)
12	ต. ตาสิทธิ์ อ. ปลวกแดง จ. ระยอง	ระยอง 1 (RY1)
13	ต. หนองบัว อ. บ้านค่าย จ. ระยอง	ระยอง 2 (RY2)
14	ต. ห้วยโปง อ. เมือง จ. ระยอง	ระยอง 3 (RY3)
15	ต. สารสีเหลี่ยม อ. พนัสนิคม จ. ชลบุรี	ชลบุรี 1 (CB1)
16	ต. หนองชาກ อ. บ้านบึง จ. ชลบุรี	ชลบุรี 2 (CB2)
17	ต. หนองใหญ่ อ. หนองใหญ่ จ. ชลบุรี	ชลบุรี 3 (CB3)

18	ต. เมืองไฟ อ. หนองกี่ จ. บุรีรัมย์	บุรีรัมย์1 (BR1)
19	ต. สะแกโพรง อ. เมือง จ. บุรีรัมย์	บุรีรัมย์2 (BR2)
20	ต. สันปอย อ. โนนดินแดง จ. บุรีรัมย์	บุรีรัมย์3 (BR3)
21	ต. เชือเพลิง อ. ปราสาท จ. สุรินทร์	สุรินทร์1 (SR1)
22	ต. นาบัว อ. เมือง จ. สุรินทร์	สุรินทร์2 (SR2)
23	ต. ก้าบเชิง อ. ก้าบเชิง จ. สุรินทร์	สุรินทร์3 (SR3)
24	ต. สารภี อ. หนองบูญมาก จ. นครราชสีมา	นครราชสีมา1 (NRM1)
25	ต. ท่าเยี้ยม อ. โชคชัย จ. นครราชสีมา	นครราชสีมา2 (NRM2)
26	ต. หินโตน อ. จักราช จ. นครราชสีมา	นครราชสีมา3 (NRM3)
27	ต. เพชรชมพู อ. โกสัมพี จ. กำแพงเพชร	กำแพงเพชร1 (KPP1)
28	ต. ปางมะค่า อ. ขานธุรลักษณ์บุรี จ. กำแพงเพชร	กำแพงเพชร2 (KPP2)
29	ต. นิคมทุ่งโพทะเล อ. เมือง จ. กำแพงเพชร	กำแพงเพชร3 (KPP3)

การวิเคราะห์ข้อมูล

ลักษณะทางปริมาณวิเคราะห์โดยใช้ค่า ร้อยละ (%) ค่าเฉลี่ย (Mean) และ ความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของการวัด. (Standard Error, SE).

2. ประเมินความหลากหลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลัง

2.1 ประเมินความหลากหลายทางด้านสัณฐานวิทยา

ทำการเก็บตัวอย่างเพลี้ยแป้งจากพื้นที่การทดลองที่ 1 (ตารางที่ 1) โดยสุ่มเก็บตัวอย่างตัวเดียว วัยของเพลี้ยแป้งทั้ง 4 ชนิดคือ เพลี้ยแป้งลาย (*Ferrisia virgata* (Cockerell)) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลัง เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทา (*Pseudococcus jackbeardleyi* Gimpel & Miller) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีเขียว (*Phenacoccus madeirensis* Green) และเพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีชมพู (*Phenacoccus manihoti*) จากนั้นวัดขนาดความยาว และความกว้างของเพลี้ยแป้งตัวเดียววัย

2.2 ประเมินความหลากหลายทางด้านพันธุกรรม

2.2.1 เตรียมตัวอย่างเพลี้ยแป้ง

ทำการเก็บตัวอย่างเพลี้ยแป้งพื้นที่จากการทดลองที่ 1 (ตารางที่ 1) โดยสุ่มเก็บตัวอย่างตัวเดียว วัยของเพลี้ยแป้งทั้ง 4 ชนิดคือ เพลี้ยแป้งลาย (*Ferrisia virgata* (Cockerell)) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังแจ็คเบียสเลียหรือสีเทา (*Pseudococcus jackbeardleyi* Gimpel & Miller) เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีเขียว (*Phenacoccus madeirensis* Green) และเพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีชมพู (*Phenacoccus manihoti*) โดย

นำเพลี้ยแป้งตัวเต็มรัยในใส่ Microcentrifuge Tubes เก็บที่อุณหภูมิ 25 °C เป็นเวลา 2 วัน จากนั้นย้ายไปใส่ Microcentrifuge Tubes อันใหม่ และใส่ในตู้เย็นที่อุณหภูมิ – 20 °C

2.2.2 ขั้นตอนการสกัด DNA

นำตัวอย่างเพลี้ยแป้งที่ได้มาสกัด DNA โดยใช้ชุด kit Genomic DNA from tissue จาก MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG June 2012 / Rev. 012 โดยมีวิธีสกัดดังนี้

1. Prepare sample โดยการเตรียมตัวอย่างเพลี้ยแป้งให้ได้ 25 mg. ใส่ใน microcentrifuge tube
2. Pre-lyse sample เติม 180 μ L Buffer T1 และ 25 μ L Proteinase K ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกับชิ้นส่วนของเพลี้ยแป้ง โดยการการ vortex และ นำไป Incubate ที่ 56 °C จนตัวอย่างเพลี้ยแป้งละลายหมด
3. Lyse sample นำตัวอย่างไป Vortex อีกครั้ง แล้วเติม 200 μ L Buffer B3, จากนั้นนำไป Vortex อีกครั้ง และ นำไป incubate ที่ 70 °C 10 นาที.
4. Adjust DNA binding conditions นำตัวอย่างไป Vortex อีกครั้ง และเติม 210 μ L ethanol (96–100 %) และจากนั้นนำไป Vortex อีกครั้ง
5. Bind DNA นำสารละลายใส่ใน NucleoSpin® Tissue Column into a Collection Tube จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงที่ 11,000 x g 1 นาที เทสารละลายใน Collection Tube ทิ้งและนำกลับมาใส่ NucleoSpin® Tissue Column ที่เติม
- 6 Wash silica membrane
ล้างครั้งที่ 1 เติม 500 μ L Buffer BW จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงที่ 11,000 x g 1 นาที เทสารละลายใน Collection Tube ทิ้งและนำกลับมาใส่ NucleoSpin® Tissue Column ที่เติม
- ล้างครั้งที่ 2 เติม 600 μ L Buffer B5 to the column จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงที่ 11,000 x g 1 นาที เทสารละลายใน Collection Tube ทิ้งและนำกลับมาใส่ NucleoSpin® Tissue Column ที่เติม
7. Dry silica membrane นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 11,000 x g 1 นาที
8. Elute highly pure DNA เอา NucleoSpin® Tissue Column ใส่ 1.5 mL microcentrifuge tube หลอดใหม่ และเติม 100 μ L Buffer BE (อุ่นที่ 70 °C ก่อนเติม) ตั้งไว้ที่อุณหภูมิห้อง 1 นาที จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงที่ 11,000 x g 1 นาที

2.2.3 การประเมินความหลากหลายโดยการใช้เทคนิค ISSR

นำสารละลายดีเอ็นเอ DNA โดยใช้ชุด klt Genomic DNA from tissue จาก MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG June 2012 / Rev. 012 ประยุกต์จากวิธีของ ศักดิ์ (2548) โดยมีรายละเอียดดังนี้

1. ปฏิกริยาพีซีอาร์

สูตรใช้เพรเมอร์ ISSR primers จากบริษัท Operon Technology Alameda Us ทั้งหมดจำนวน 4 เพรเมอร์ (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 2 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของเพรเมอร์ที่ใช้ในปฏิกริยาพีซีอาร์โดยเทคนิค ISSR

Primer	ลำดับของนิวคลีโอไทด์ (nucleotides)	Tm	Ann. T. (°C)
ISSR1	ACACACACACACACACACACACCG	67	62
ISSR2	AGAGAGAGAGAGAGAGAGG	54	49
ISSR3	CACCACCACGC	50	45
ISSR4	GTGGTGGTGGC	50	45

ทำปฏิกริยาพีซีอาร์โดยมีส่วนประกอบดังนี้

2x PCR Master mix Soln	10	ไมโครลิตร
Template DNA	2	ไมโครลิตร
ISSR primer	2	ไมโครลิตร
น้ำกลั่นจากเชื้อ	1.2	ไมโครลิตร
Solution รวม	20	ไมโครลิตร

2. เงื่อนไขของปฏิกริยาพีซีอาร์

นำสารละลายในที่ผสมเข้ากันดีแล้ว มาทำปฏิกริยาพีซีอาร์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ โดยการใช้เครื่องพีซีอาร์ รุ่น MJ merson โดยมีเงื่อนไขของปฏิกริยาพีซีอาร์ดังต่อไปนี้

ขั้นตอนที่ 1 predenaturation	94 องศาเซลเซียส	1.00 นาที	จำนวน 1 รอบ
ขั้นตอนที่ 2 denaturation	94 องศาเซลเซียส	0.30 นาที	
primer annealing	Ann. T. องศาเซลเซียส	0.30 นาที	จำนวน 40 รอบ
extension	72 องศาเซลเซียส	0.30 นาที	
ขั้นตอนที่ 3 primer extension	72 องศาเซลเซียส	5.0 นาที	

3. การ run agarose gel electrophoresis

เตรียมถุงสำหรับเทเจลในแนวราบและหีบเสียบ ให้เรียบร้อยโดยเช็ดด้วย 70% ethanol นำสารละลายอะกราโนสความเข้ม 1.5 เปอร์เซ็นต์ ที่หลอมโดยใช้ไมโครเวฟ จากนั้นทิ้งไว้ให้เย็นลง ประมาณ 50-55 องศาเซลเซียส และเทลงบนถุงที่เตรียมไว้ เมื่อเจลแข็งตัว ดึงหีบเสียบออก และนำมามาสู่เครื่องสำหรับทำอิเล็กโตรโฟรีซซิส เท 0.5X TAE buffer ให้ท่วม จากนั้นทำการ pre-run ที่ความต่างศักย์ 100 โวลท์ เป็นเวลา 60 นาที และจึงนำ ผลิตภัณฑ์ดีเอ็นเอ (DNA product) และหยดลงไปในช่องของแผ่นเจลที่เตรียมไว้ จากนั้นทำการ run electrophoresis ที่ความต่างศักย์ 100 โวลท์ เป็นเวลา 60 นาที เมื่อครบ 60 นาที นำเจลที่ได้ไปแข่ขอทิเดย์โนร์มเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 10 นาที จึงนำไปส่องดูແນບดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเลต ด้วยเครื่อง UV transilluminator และถ่ายภาพเจลด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล (Gel documentation) พร้อมบันทึกภาพ

การวิเคราะห์ข้อมูล

ลักษณะทางโมเลกุล พิจารณานำภาพลายพิมพ์ DNA มาให้ค่าคะแนนการเกิดแผลดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุล (molecular weight) เดียวกัน โดย 0 หมายถึงไม่มีแคน และ 1 หมายถึงประภูมิแคล และนำข้อมูลมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่าง โดยวิธี cluster analysis ด้วยโปรแกรม popgene 32 (population genetic analysis) คำนวณระยะห่างระหว่างพันธุกรรม (genetic distance) (Nei, 1972) และสร้าง dendrogram โดยวิธี UPGMA (Unweight Pair-Group Method Aritmetric Avreage) ด้วยโปรแกรม MEGA 2 (Molecular Evolution Genetic Analysis, Version2) (Kumar, 2001)

2.3 ออกแบบระบบ พัฒนาโปรแกรม ทดสอบและติดตั้ง Google Maps API

จากการดำเนินงานการจัดเก็บข้อมูลของการพบและเข้าท่าสายของเพลี้ยแบ้ง ทางผู้วิเคราะห์ และออกแบบระบบได้ทำการออกแบบฐานข้อมูล โดยมีการพัฒนาตามหลัก

1. System Development Life Cycle : SDLC ซึ่งมีการนำหลักการของ ซิกซิกฟ่า(SIX SIGMA DURING) เข้ามาผสมผสานในการพัฒนาระบบ โดยแบ่งออกเป็นขั้นตอนต่างๆ ได้แก่

1. หาความต้องการของระบบ
2. วิเคราะห์และระบุความต้องการของระบบ
3. ออกแบบระบบ
4. พัฒนาระบบและติดตั้ง
5. ทดสอบระบบ
6. บำรุงรักษาระบบ

โดยจากการหาความต้องการของระบบ ผู้วิจัยได้เขียนเป็นแผนภาพแสดงความต้องการของระบบ โดยใช้ แบบจำลองยูนิฟายด์โมเดล (Unified modeling Language : UML)

2. เป็นเครื่องมือสื่อกลางในการออกแบบระบบเชิงวัตถุ ใช้ในการการทำงานของระบบ โดยสามารถตรวจสอบความถูกต้องของระบบโดยตรวจสอบจากการออกแบบระบบ ซึ่งผู้วิจัยได้นำแบบจำลองใช้ในการอธิบายในการวิเคราะห์และออกแบบเป็นบางไอดีอะแกรม ได้แก่ Use case diagram, Activity diagram, Sequence diagram และ Class Diagram โดยใช้เครื่องมือ

3. Star UML ซึ่งเป็น โปรแกรมที่ช่วยในการออกแบบระบบสารสนเทศเชิงวัตถุ และส่วนของการออกแบบโมเดลข้อมูล (Data Model) ได้ใช้ E-R Diagram โดยใช้

4. โปรแกรม DB Designer ในการออกแบบฐานข้อมูล

บทที่ 3 ผลการวิจัย

การทดลองที่ 1 ประเมินการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังในแปลงเกษตรกรในภาคตะวันออก

จากการสำรวจ 29 พื้นที่ ใน 10 จังหวัด (ตารางที่ 1) พบว่าชนิดของเพลี้ยแป้ง 4 ชนิดคือเพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย์หรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียวและเพลี้ยแป้งสีชมพูพบทุกจังหวัด ยกเว้น จังหวัดปราจีนบุรีไม่พบการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งสีชมพู แต่เมื่อแบ่งตามพื้นดินของเพลี้ยแป้ง พบว่าเพลี้ยแป้งลายไม่พบการเข้าทำลายในจังหวัดระยองและชลบุรีจำนวน 2 พื้นที่และจังหวัดฉะเชิงเทราและนครราชสีมาอย่างละ 1 พื้นที่ เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย์หรือสีเทาไม่พบการเข้าทำลายในจังหวัดชลบุรีจำนวน 1 พื้นที่ และเพลี้ยแป้งสีชมพูไม่พบการเข้าทำลายในจังหวัดปราจีนบุรีและบุรีรัมย์ จำนวน 2 พื้นที่และชลบุรีจำนวน 1 พื้นที่ แต่เพลี้ยแป้งสีเขียวพบการเข้าทำลายทุกพื้นที่ (ตารางที่ 3)

ตารางที่ 3 การพบเพลี้ยแป้ง 4 ชนิดคือเพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย์หรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียว เพลี้ยแป้งสีชมพู ที่พบในพื้นที่ 10 จังหวัด

พื้นที่สำรวจ	เพลี้ยแป้งลาย	เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลีย์หรือสีเทา	เพลี้ยแป้งสีเขียว	เพลี้ยแป้งสีชมพู
สระแก้ว 1	1	1	1	1
สระแก้ว 2	1	1	1	1
สระแก้ว 3	1	1	1	1
ฉะเชิงเทรา 1	0	1	1	1
ฉะเชิงเทรา 2	1	1	1	1
ฉะเชิงเทรา 3	1	1	1	1
ปราจีนบุรี 1	1	1	1	0
ปราจีนบุรี 2	1	1	1	0
ปราจีนบุรี 3	1	1	1	1
จันทบุรี 1	1	1	1	1
จันทบุรี 2	1	1	1	1
ระยอง 1	0	1	1	1
ระยอง 2	0	1	1	1
ระยอง 3	1	1	1	1
ชลบุรี 1	1	1	1	1
ชลบุรี 2	0	1	1	1

ชลบุรี 3	0	0	1	0
บุรีรัมย์ 1	1	1	1	0
บุรีรัมย์ 2	1	1	1	1
บุรีรัมย์ 3	1	1	1	0
สุรินทร์ 1	1	1	1	1
สุรินทร์ 2	1	1	1	1
สุรินทร์ 3	1	1	1	0
นครราชสีมา 1	1	1	1	1
นครราชสีมา 2	1	1	1	1
นครราชสีมา 3	0	1	1	1
กำแพงเพชร 1	1	1	1	0
กำแพงเพชร 2	1	1	1	0
กำแพงเพชร 3	0	1	1	1
รวม	22	28	29	21

หมายเหตุ: 1 – พบรการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง และ 0 – ไม่พบรการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง

การเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง

เพลี้ยแป้งลาย

จากการสำรวจพื้นที่พบว่ามีค่าเฉลี่ยของเพลี้ยแป้งลายเท่ากับ 0.59 ตัวต่อตันและมีจำนวนตัวของเพลี้ยแป้งระหว่าง 0.06 – 11.28 ตัวต่อตันและพบมากสุดในพื้นที่จังหวัดกำแพงเพชร 1 โดยพื้นที่ที่ไม่พบรการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งลายคือ จังหวัดระยอง 1 ongyang 2 ชลบุรี 2 ชลบุรี 3 ฉะเชิงเทรา 1 นครราชสีมา 3 และกำแพงเพชร 3 (ภาพที่ 6)

เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเท่า

จากการสำรวจพื้นที่พบว่ามีค่าเฉลี่ยจำนวนเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทาเท่ากับ 2.76 ตัวต่อตัน และจำนวนตัวของเพลี้ยแป้งอยู่ระหว่าง 0 – 13.35 ตัวต่อตัน โดยพบมากสุดอยู่ในพื้นที่จังหวัดสุรินทร์ 3 และพื้นที่ที่ไม่พบรการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทาในพื้นที่จังหวัดชลบุรี 3 (ภาพที่ 7)

เพลี้ยแป้งสีเขียว

จากการสำรวจพื้นที่พบว่ามีค่าเฉลี่ยจำนวนเพลี้ยแป้งสีเขียวเท่ากับ 12.69 ตัวต่อตัน และมีจำนวนเพลี้ยแป้งระหว่าง 0.03 – 78.33 ตัวต่อตัน โดยพบมากสุดในพื้นที่จังหวัดชลบุรี 1 (ภาพที่ 8)

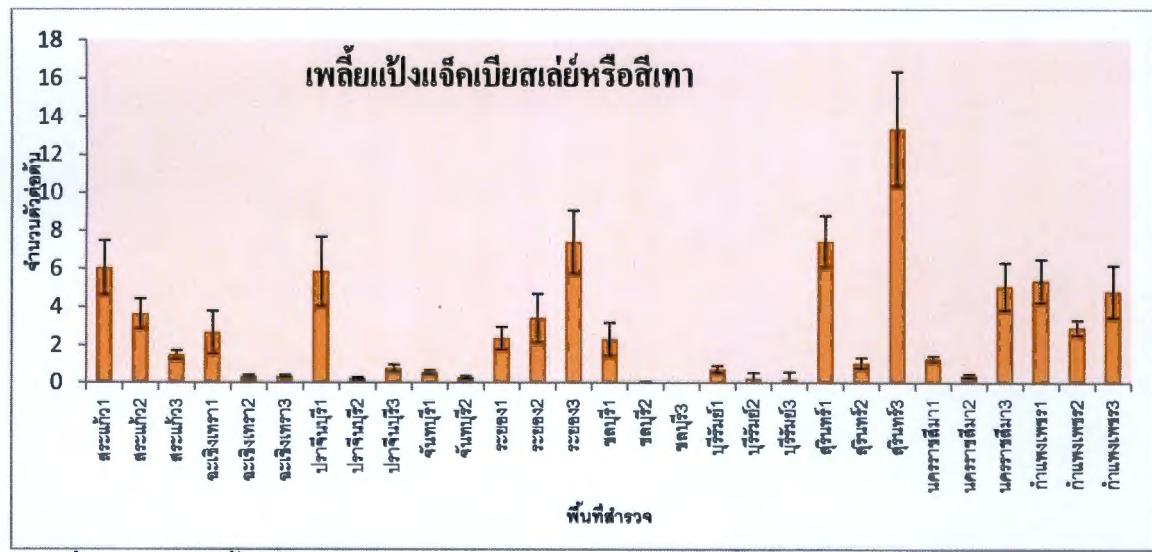
เพลี้ยแป้งสีชมพู

จากการสำรวจพื้นที่พบว่ามีค่าเฉลี่ยจำนวนเพลี้ยแป้งสีชมพูเท่ากับ 2.35 ตัวต่อตัน และมีจำนวนเพลี้ยแป้งระหว่าง 0 - 25.95 ตัวต่อตัน โดยพบมากสุดในพื้นที่จังหวัดกำแพงเพชร 3 และไม่พบในพื้นที่

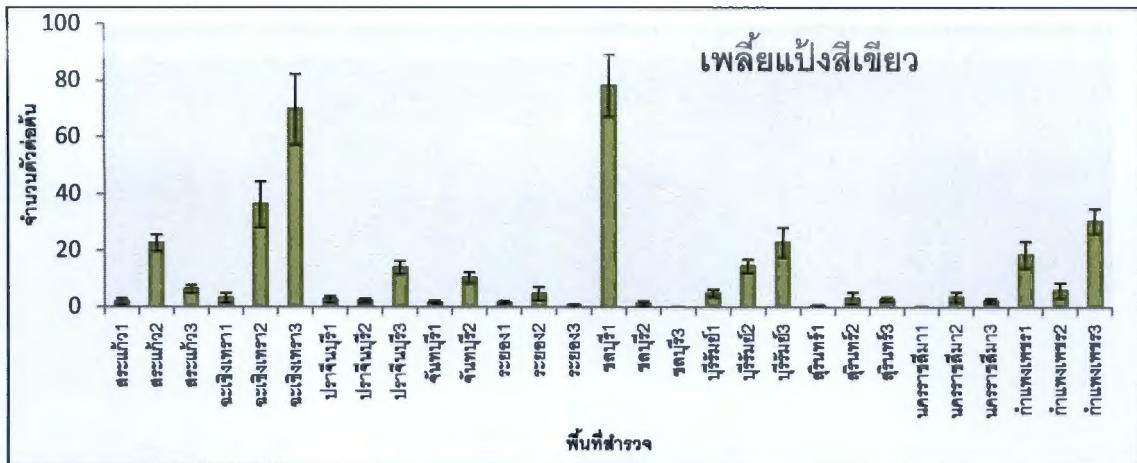
จังหวัดปราจีนบุรี ปราจีนบุรี ชลบุรี บุรีรัมย์ บุรีรัมย์ สุรินทร์ กำแพงเพชร กำแพงเพชร



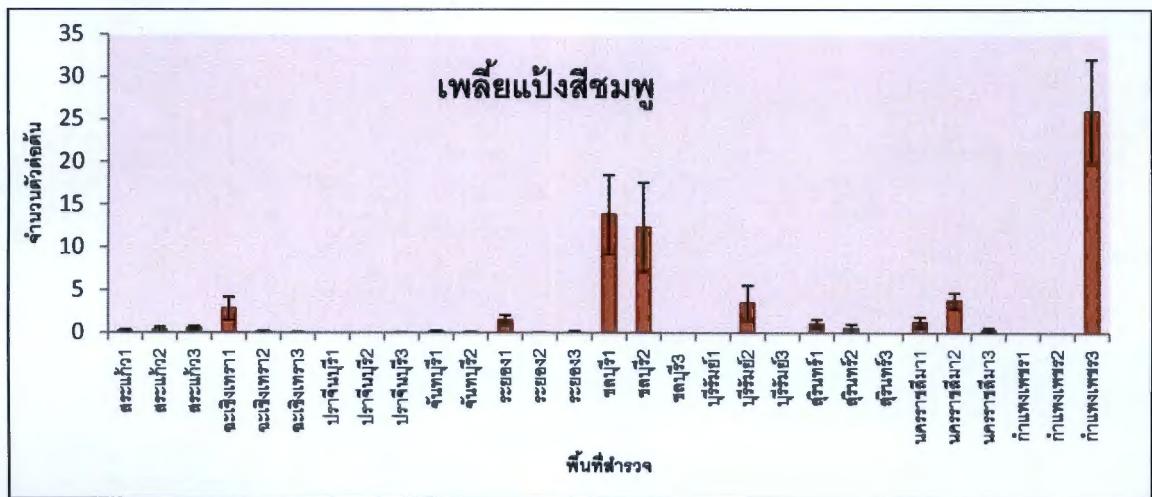
ภาพที่ 6 จำนวนเพลี้ยแป้งลาย (ตัวต่อตร.ม.) ในพื้นที่ 10 จังหวัด



ภาพที่ 7 จำนวนเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลี้ยงหรือสีเทา (ตัวต่อตร.ม.) ในพื้นที่ 10 จังหวัด



ภาพที่ 8 จำนวนเพลี้ยแบงสีเขียว (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด



ภาพที่ 9 จำนวนเพลี้ยแบงสีชมพู (ตัวต่อตัน) ในพื้นที่ 10 จังหวัด

การทดลองที่ 2 ประเมินความหลาภูมิของเพลี้ยแบ้งในแม่น้ำป่าสัก

2.1 ประเมินความหลาภูมิทางด้านสัณฐานวิทยา

ความกว้างของลำตัวเพลี้ยแบ้ง

ความกว้างของลำตัวเพลี้ยแบ้งลายมีเฉลี่ยเท่ากับ 1.36 มิลลิเมตรและค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.08 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 1.2 – 1.5 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดพื้นที่ระยะ 3 ปราจีนบุรี และสะแก้ว 1 มีความกว้างน้อยสุดพื้นที่จันทบุรี 2 (ตารางที่ 4)

ความกว้างของเพลี้ยแบ้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทามีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 1.46 มิลลิเมตรและค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.24 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 1.2 – 2.1 มิลลิเมตร โดยมีความกว้างมากสุดในพื้นที่สะแก้ว 1 และความกว้างน้อยสุดพื้นที่ชลบุรี 1 และสุรินทร์ 2 (ตารางที่ 4)

ความกว้างของเพลี้ยแบ়গসীেয়ামีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 1.32 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.13 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 1.1 – 1.8 มิลลิเมตร โดยมีความกว้างมากที่สุดในพื้นที่ระยะ 3 และมีความกว้างน้อยสุดพื้นที่กำแพงเพชร 1 (ตารางที่ 4)

ความกว้างของเพลี้ยแบ়গসীেয়ামুমีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 1.2 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.17 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 0.8 – 1.7 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดในพื้นที่ฉะเชิงเทรา 1 และมีค่าความกว้างน้อยสุดในพื้นที่ระยะ 3 (ตารางที่ 4)

ความยาวของลำตัวเพลี้ยแบ়গ

ความยาวของเพลี้ยแบ়গলায়মีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 4.22 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.22 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 3.8 – 4.8 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดในพื้นที่สะแก้ว 3 และมีค่าความกว้างน้อยสุดในพื้นที่ปราจีนบุรี 1 (ตารางที่ 5)

ความยาวของเพลี้ยแบ়গজেকเบียสเลียหรือสีเทา มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 4.15 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.21 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 3.7 – 4.5 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดในพื้นที่สะแก้ว 3 และมีค่าความกว้างน้อยสุดในพื้นที่ฉะเชิงเทรา 3 (ตารางที่ 5)

ความยาวของเพลี้ยแบ়গসীেয়ামีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2.29 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.22 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 2.0 – 3.0 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดในพื้นที่นครศรีเมือง 1 และมีค่าความกว้างน้อยสุดในพื้นที่จันทบุรี 2 ระยะ 3 และกำแพงเพชร 1 (ตารางที่ 5)

ความยาวของเพลี้ยแบ়গসীেয়ামুমีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2.19 มิลลิเมตรและมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 0.21 มีค่าเฉลี่ยของแต่ละพื้นที่อยู่ในช่วง 1.8 – 2.6 มิลลิเมตร โดยมีค่าความกว้างมากสุดในพื้นที่ระยะ 3 และมีค่าความกว้างน้อยสุดในพื้นที่ฉะเชิงเทรา 3 (ตารางที่ 5)

ตารางที่ 4 ความกว้างลำตัวของเพลี้ยแบง 4 ชนิดคือเพลี้ยแบงลาย เพลี้ยแบงแจ็คเบียสเลียหรือสีเทา เพลี้ยแบงสีเขียว เพลี้ยแบงสีชมพู ที่พับในพื้นที่ 10 จังหวัด

พื้นที่สำรวจ	ความกว้างลำตัว (มิลลิเมตร)			
	เพลี้ยแบงลาย	เพลี้ยแบงแจ็คเบียส เลียหรือเทา	เพลี้ยแบงสีเขียว	เพลี้ยแบงสี ชมพู
ยะลา 1	1.5	2.1	1.3	1.2
ยะลา 2	1.4	1.8	1.4	1.2
ยะลา 3	1.3	1.8	1.4	1.3
ยะลา 4		2	1.2	1.7
ยะลา 5	1.3	1.3	1.2	1.1
ยะลา 6	1.4	1.4	1.4	1.2
ยะลา 7	1.3	1.3	1.5	
ยะลา 8	1.4	1.3	1.3	
ยะลา 9	1.5	1.3	1.2	1.2
ยะลา 10	1.3	1.4	1.2	1.1
ยะลา 11	1.2	1.8	1.2	1.3
ยะลา 12		1.4	1.5	1.2
ยะลา 13		1.4	1.4	1.3
ยะลา 14	1.5	1.3	1.8	0.8
ยะลา 15	1.4	1.2	1.4	0.9
ยะลา 16		1.3	1.3	1.2
ยะลา 17			1.3	1.1
ยะลา 18	1.3	1.4	1.3	1.2
ยะลา 19	1.4	1.4	1.3	1.3
ยะลา 20	1.4	1.3	1.4	
ยะลา 21	1.3	1.3	1.2	1.2
ยะลา 22	1.4	1.2	1.3	1.3
ยะลา 23	1.3	1.5	1.3	
ยะลา 24	1.3	1.8	1.3	1.2
ยะลา 25	1.3	1.5	1.3	1.2
ยะลา 26		1.4	1.4	1.3

กำแพงเพชร 1	1.4	1.3	1.1	
กำแพงเพชร 2	1.3	1.4	1.3	
กำแพงเพชร 3	1.4	1.3	1.2	1.1
ค่าเฉลี่ย	1.36	1.46	1.32	1.20
SD	0.08	0.24	0.13	0.17

หมายเหตุ: ช่องว่างที่ไม่มีข้อมูล เพราะพื้นที่ไม่พบการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง

ตารางที่ 5 ความยาวลำตัวของเพลี้ยแป้ง 4 ชนิดคือเพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์หรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียว เพลี้ยแป้งสีชมพู ที่พับในพื้นที่ 10 จังหวัด

พื้นที่สำรวจ	ความยาวลำตัว (มิลลิเมตร)			
	เพลี้ยแป้งลาย	เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์หรือเทา	เพลี้ยแป้งสีเขียว	เพลี้ยแป้งสีชมพู
สระแก้ว 1	4.6	3.9	2.2	2.5
สระแก้ว 2	4.3	4.2	2.4	2.3
สระแก้ว 3	4.8	4.5	2.3	2.5
ฉะเชิงเทรา 1		3.8	2.2	2.5
ฉะเชิงเทรา 2	4.5	3.9	2.1	2.3
ฉะเชิงเทรา 3	4.3	3.7	2.4	2.6
ปราจีนบุรี 1	3.8	4	2.3	
ปราจีนบุรี 2	4.2	4.1	2.4	
ปราจีนบุรี 3	4.1	4.3	2.3	2.2
จันทบุรี 1	4	4	2.2	2.2
จันทบุรี 2	4.1	4.1	2	2.1
ระยอง 1		4.1	2.1	2
ระยอง 2		4.2	2.2	1.9
ระยอง 3	4	3.9	2	1.8
ชลบุรี 1	4.1	4.2	2.2	2
ชลบุรี 2		4.3	2.4	2.3
ชลบุรี 3			2.2	2
บุรีรัมย์ 1	4	4.2	2.3	
บุรีรัมย์ 2	4.2	4.3	2.2	2
บุรีรัมย์ 3	4.3	4.2	2.4	

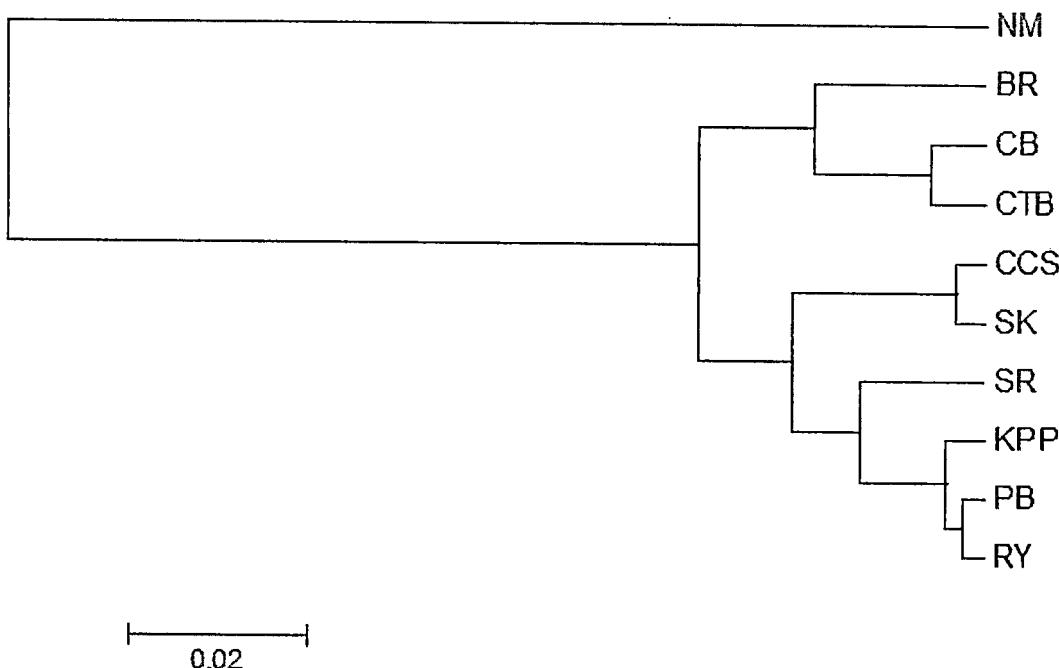
สุรินทร์ 1	4.3	4	2.3	2.1
สุรินทร์ 2	4.2	4.1	2.3	2.1
สุรินทร์ 3	4	4.2	2.2	
นครราชสีมา 1	4.3	4.5	3	2.2
นครราชสีมา 2	4.2	4.3	2.8	2.3
นครราชสีมา 3		4.1	2.5	2.1
กำแพงเพชร 1	4.2	4.5	2	
กำแพงเพชร 2	4.3	4.4	2.1	
กำแพงเพชร 3		4.3	2.4	2.1
ค่าเฉลี่ย	4.22	4.16	2.29	2.19
SD	0.22	0.20	0.22	0.21

หมายเหตุ: ช่องว่างที่ไม่มีข้อมูล เพราะพื้นที่ไม่พบการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้ง

2.2 ประเมินความหลากหลายทางด้านพันธุกรรม

ความหลากหลายในระดับโมเลกุล

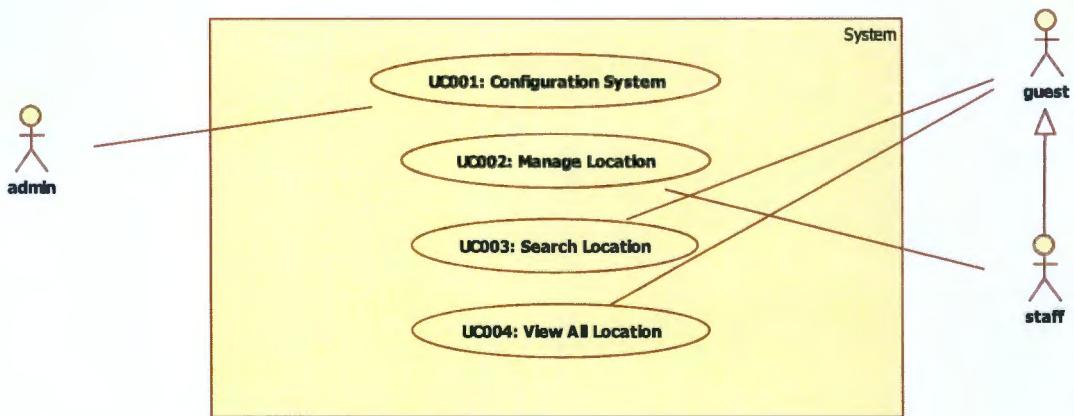
ค่าความหลากหลายในระดับโมเลกุลของตัวอย่างเพลี้ยแป้งเชี่ยว ในพื้นที่ 10 จังหวัด ตัวอย่างที่วิเคราะห์ด้วย ISSR loci จำนวน 4 ตำแหน่ง พบว่าเพลี้ยแป้งสีเชี่ยวทุกจังหวัดพบความหลากหลายภายในประชากร โดยมีค่า gene diversity หรือ heterozygosity (h_e) รวมเท่ากับ 0.097 เมื่อพิจารณาในแต่ละแหล่งที่มาของเพลี้ยแป้งสีเชี่ยวพบว่ามีค่า heterozygosity อยู่ระหว่าง 0 – 0.256 เพลี้ยแป้งสีเชี่ยวที่มีความหลากหลายมากที่สุด คือมี ค่า heterozygosity สูงที่สุดมาจากพื้นที่จังหวัดนครราชสีมา ($h_e = 0.256$) และเพลี้ยแป้งสีเชี่ยวจากพื้นที่จังหวัดระยองมีความหลากหลายภายในประชากรน้อยที่สุด คือมี ค่า heterozygosity ต่ำสุด ($h_e=0.05$) โดยพื้นที่จังหวัดฉะเชิงเทราที่ไม่พบความหลากหลายภายในประชากร มีค่า heterozygosity เท่ากับศูนย์ (ตารางที่ 6)



ภาพที่ 10 Dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของประชากรของประชากรเพลี้ยแบงสีเขียวจาก 10 จังหวัดด้วยวิธี UPGMA โดยอาศัยค่า Nei's (1972) genetic distance

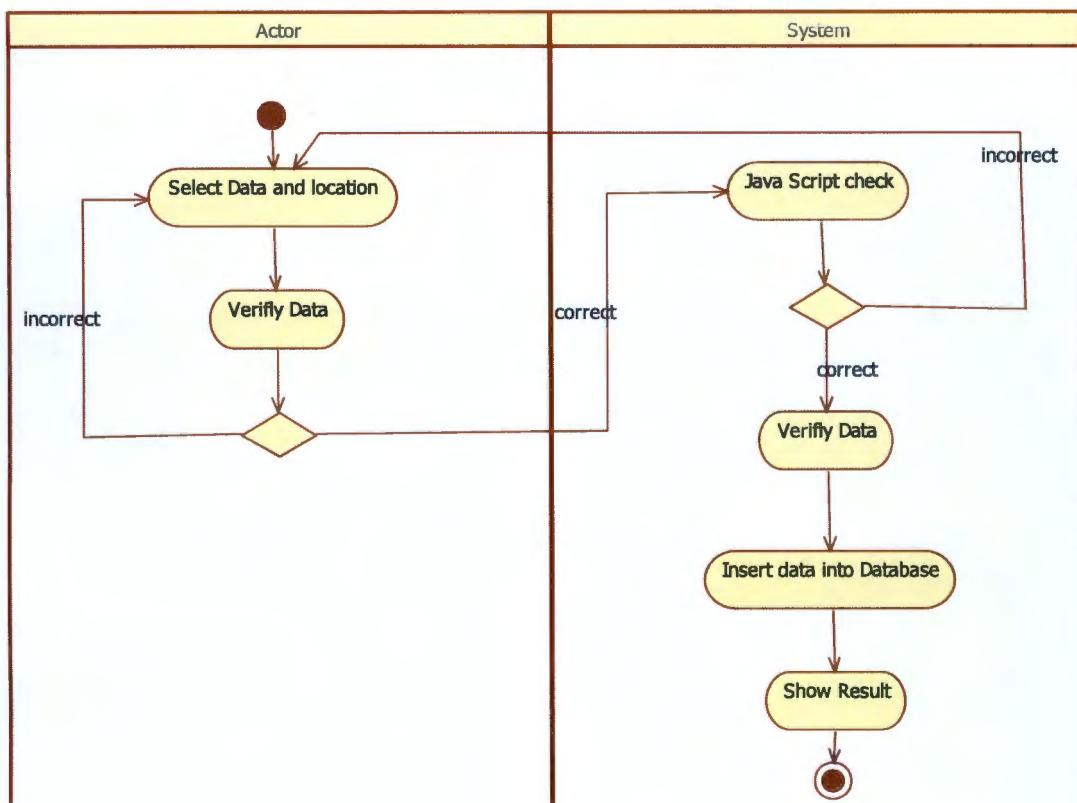
การทดลองที่ 3 ออกแบบระบบ พัฒนาโปรแกรม ทดสอบและติดตั้ง Google Maps API

Use case Diagram แผนภาพอธิบายกระบวนการทำงานของระบบและผู้รับผิดชอบ



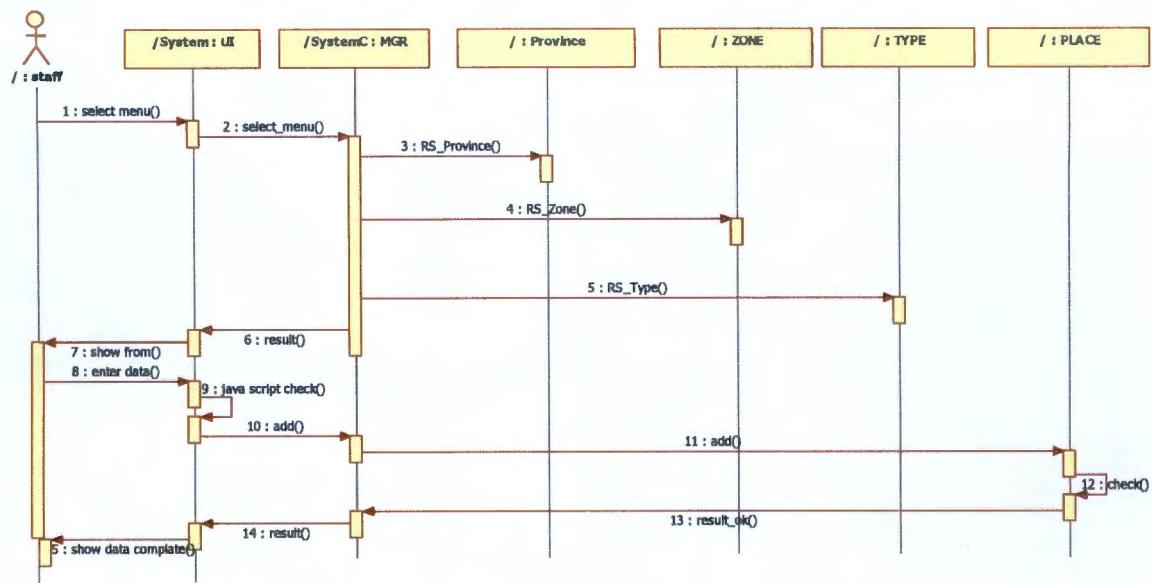
ภาพที่ 11 Use case Diagram ระบบ Farm Buu System

จากภาพที่ 11 อธิบายถึงฟังก์ชัน หรือส่วนการทำงานหลักของระบบโดยมีการแบ่งกระบวนการทำงานออกเป็น 4 ส่วนหลัก และมีผู้เกี่ยวข้องกับระบบทั้งสิ้น 3 บุคคล ได้แก่ admin staff และ guest โดยแต่ละคนจะมีการใช้งานฟังก์ชัน คือ admin เป็นผู้ทำการตั้งค่าระบบหลัก ซึ่งประกอบด้วยกิจกรรม การตั้งค่าเบื้องต้นของระบบ staff เป็นผู้ทำการบันทึกตำแหน่งภาระนาดของเพลี้ยแม้งในระบบฐานข้อมูล และส่วนสุดท้าย คือ guest คือผู้ที่เข้ามาชม และค้นหาข้อมูลภาระนาดของเพลี้ยแม้ง โดยกระบวนการทำงานหลักคือส่วนของการบันทึกข้อมูลภาระนาดของเพลี้ยแม้ง อธิบายได้ดัง Activity Diagram ดังภาพด้านล่าง



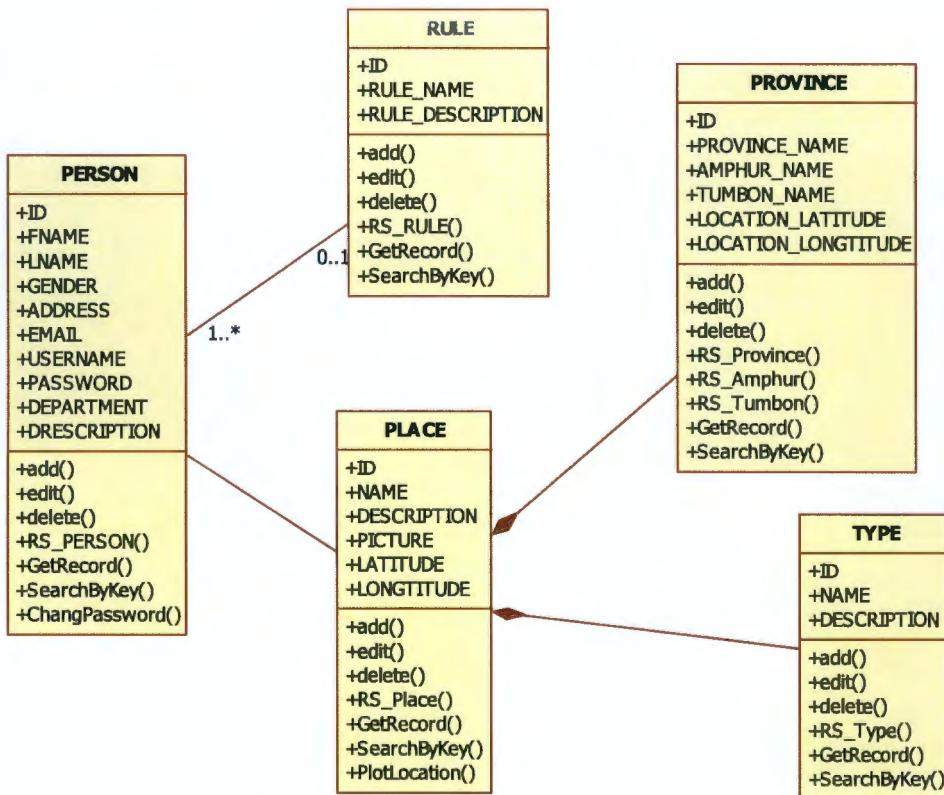
ภาพที่ 12 Activity Diagram การบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง

จากภาพที่ 12 เป็นแผนภาพแสดงกิจกรรมการบันทึกข้อมูลสถานที่ และรายละเอียดของข้อมูลเพลี้ยแป้งในระบบฐานข้อมูล โดยระบบจะทำการตรวจสอบข้อมูลในสองลักษณะได้แก่ การตรวจสอบความครบถ้วนของข้อมูลด้วย Java Script บนหน้าเว็บเพจที่แสดงผล และทำการตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลที่ทำการบันทึกผ่านกระบวนการตรวจสอบการทำงานของระบบ จากนั้นจะทำการบันทึกข้อมูลของสถานที่ลงสู่ฐานข้อมูล MySQL ซึ่งเป็นฐานข้อมูลที่ผู้วิจัยได้นำมาใช้ในการเก็บข้อมูลการระบาดของเพลี้ยแป้ง โดยเป็นฐานข้อมูลที่สามารถใช้งานได้โดยไม่มีลิขสิทธิ์ (Open Source Software) และได้ออกแบบกระบวนการการทำงานหลักในการบันทึกข้อมูลในแผนภาพ Sequence Diagram ดังภาพด้านล่าง



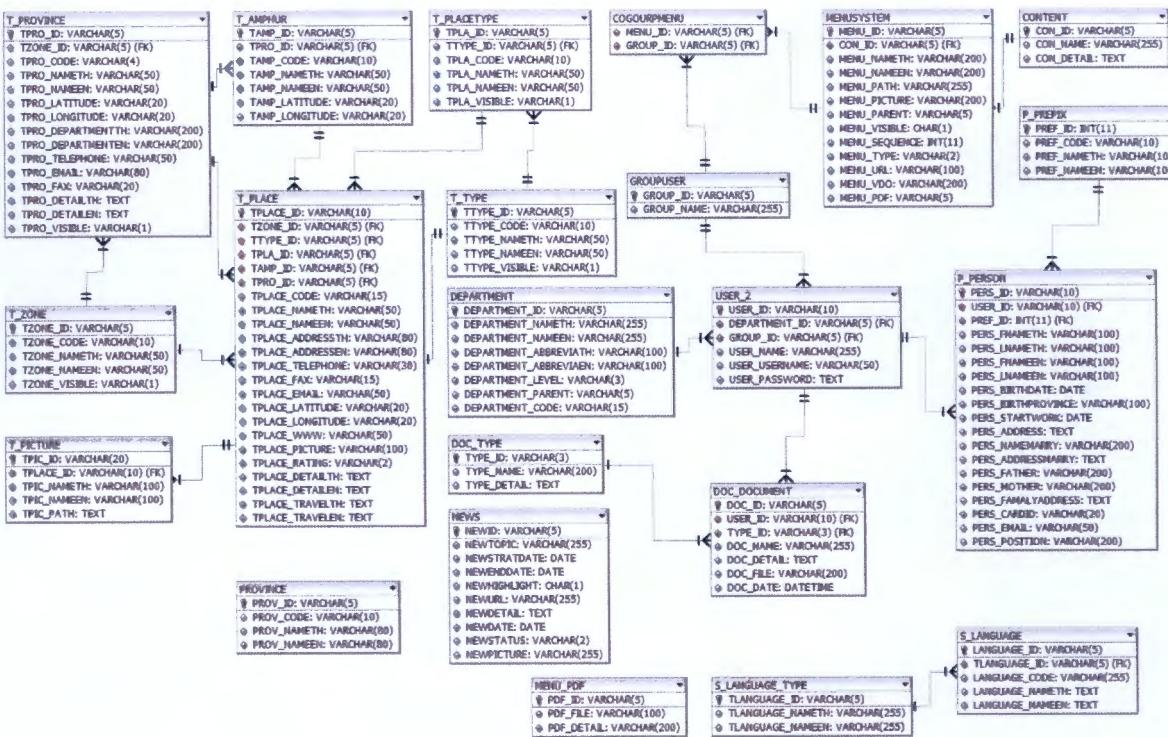
ภาพที่ 13 Sequence Diagram การบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง

จากภาพที่ 3 เป็นภาพแสดงลำดับกระบวนการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง โดยระบบจะเริ่มต้นจาก staff ทำการเรียกเมนูการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง จากนั้นส่วนของระบบจะทำการเรียกข้อมูลการบันทึกข้อมูลจาก class ต่างๆ และแสดงผลกลับมายัง staff ที่ทำการเลือกเมนู จากนั้นสามารถทำการกรอกข้อมูลที่ต้องการในฟอร์ม และทำการส่งไปยังระบบ ระบบจะทำการตรวจสอบข้อมูล และทำการบันทึกลงฐานข้อมูลในลำดับต่อไป โดยการจัดเก็บข้อมูลสามารถแสดงผลได้ดัง Class Diagram ด้านล่าง



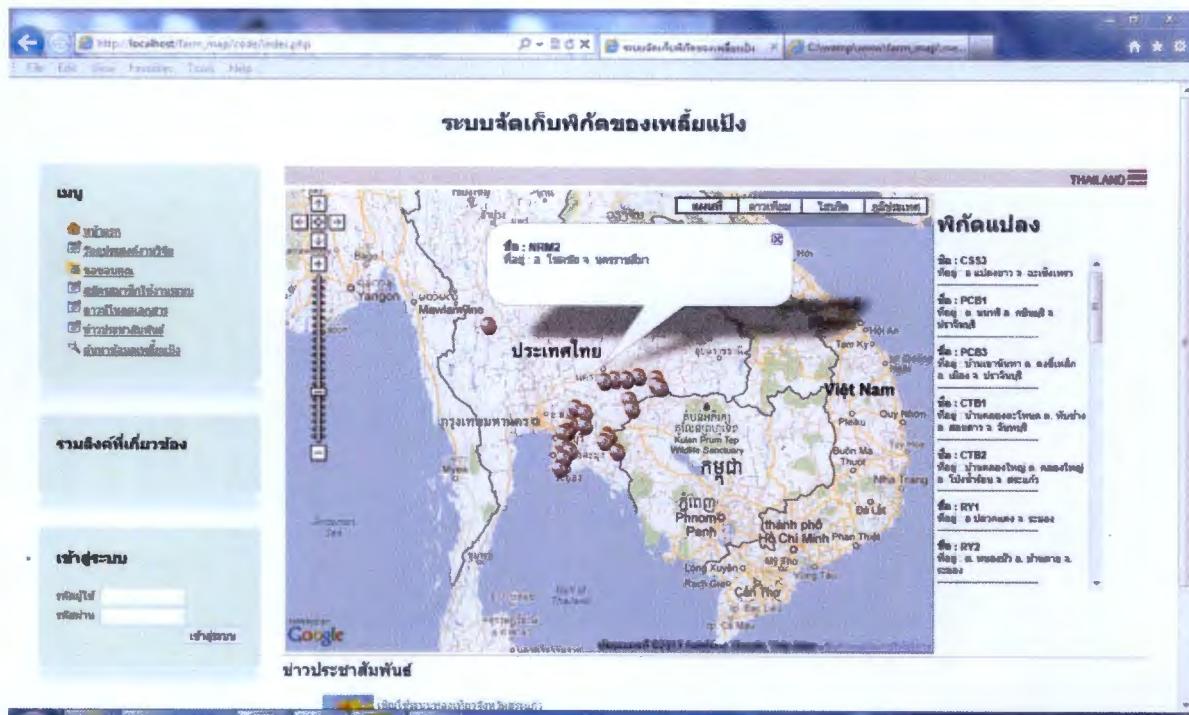
ภาพที่ 14 Class Diagram การจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยบ璞

จากภาพที่ 14 แผนภาพ Class Diagram เป็นแผนภาพที่แสดงถึงการจัดเก็บข้อมูลและการดำเนินการในแต่ละ Class ซึ่งแสดงถึงฟังก์ชันต่างๆ ที่มีในระบบ รวมถึงการจัดเก็บข้อมูลของแต่ละ Class ซึ่งทางผู้วิจัยได้นำแผนภาพ Class Diagram มากรัดทำการจัดทำข้อมูลให้อยู่ในรูปแบบบรรทัดฐาน (Normalization) โดยแสดงได้ดังแผนภาพ E-R Diagram



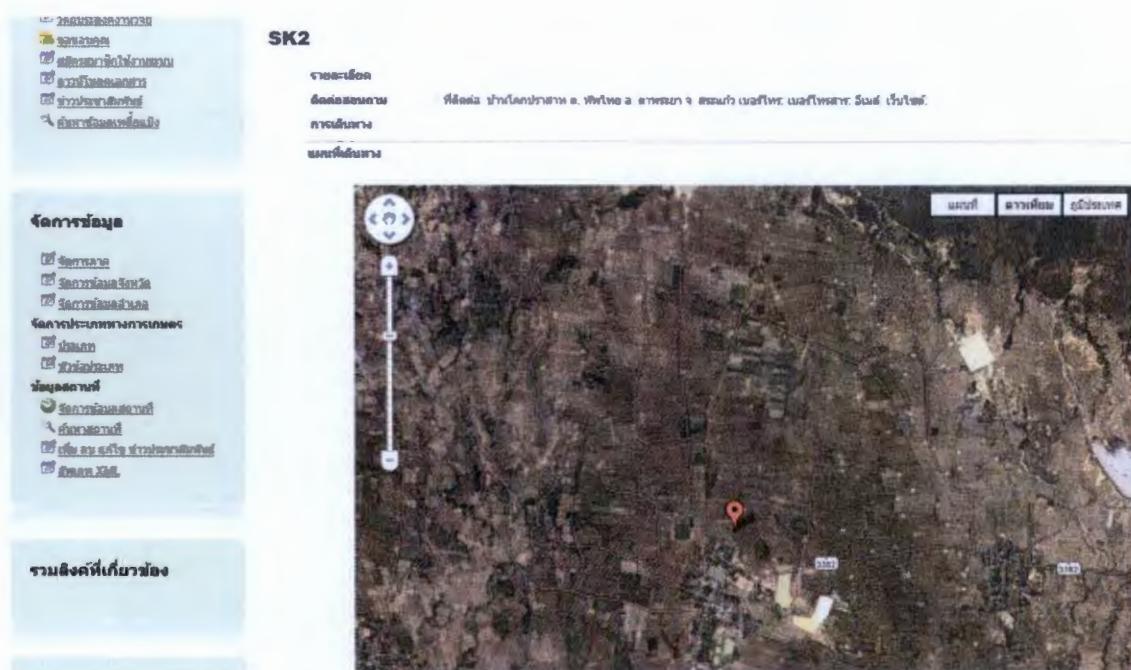
ภาพที่ 15 E-R Diagram ระบบฐานข้อมูลเพลี้ยง

จากภาพที่ 15 แสดงแผนภาพ E-R Diagram ซึ่งเป็นแผนภาพแบบ Conceptual Model แสดงถึงแนวคิดในการออกแบบฐานข้อมูลเพื่อใช้ในการจัดเก็บการลงทะเบียนของโรคเพลี้ยง โดยแบ่งออกเป็น 22 ตารางในการจัดเก็บข้อมูล และทำการพัฒนาโปรแกรมด้วยภาษา PHP ได้ผลดังภาพด้านล่าง



ภาพที่ 16 ภาพแสดงหน้าจอแสดงผลข้อมูลเพลี้ยแป้งทั้งหมดที่จัดเก็บ

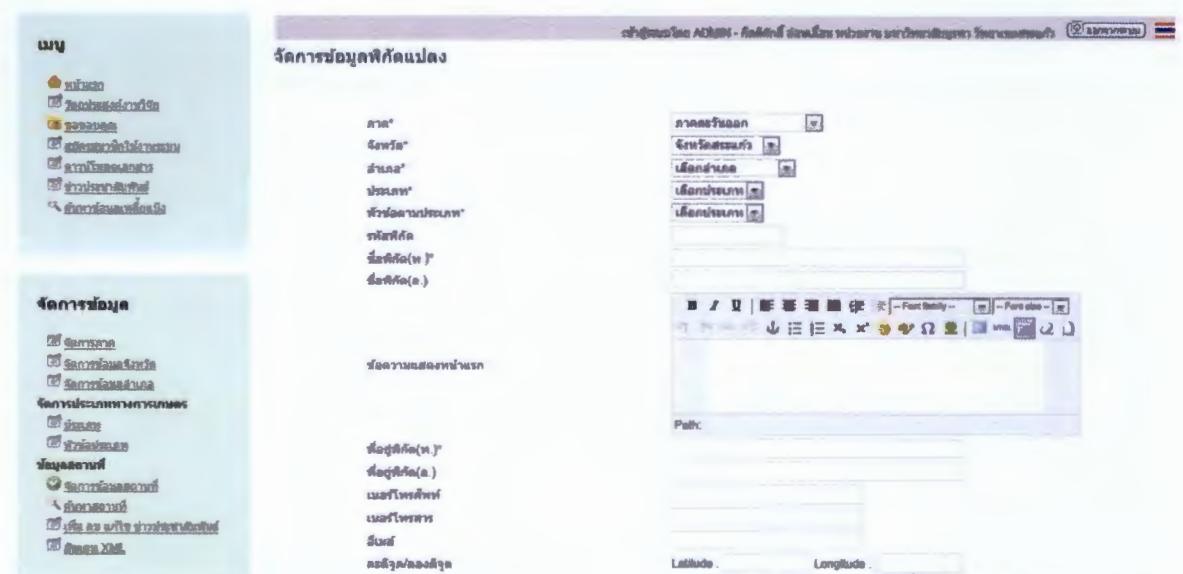
จากภาพที่ 6 เป็นหน้าจอแสดงผลในการจัดเก็บข้อมูลของเพลี้ยแป้ง โดยแสดงในแผนที่ทั้งหมดในภาพรวมซึ่งผู้ต้องการทราบข้อมูลสามารถเรียกข้อมูลแสดงผลผ่านทางหน้าเว็บไซต์โดยไม่ต้องทำการเข้าสู่ระบบ



ภาพที่ 17 ภาพแสดงพื้นที่การจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยแป้งแบบระบุแผนที่

จากภาพที่ 7 เป็นภาพแสดงผลของตำแหน่งเพลี้ยแป้งที่ระบุลงในแผนที่ โดยระบบจะแสดงจุดพร้อมรายการละเอียดของการจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยแป้ง

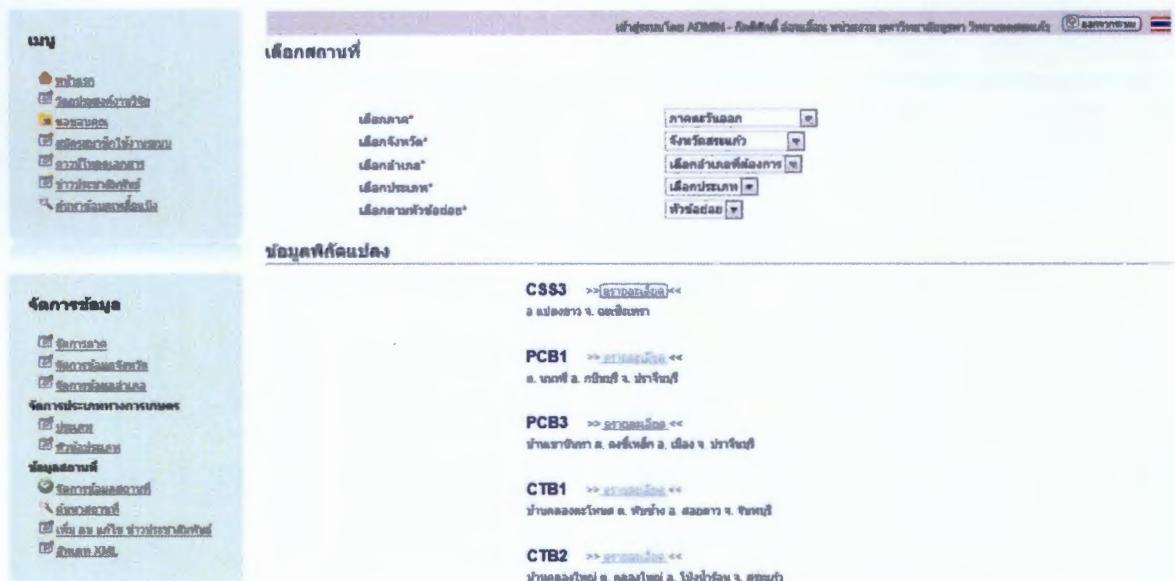
ระบบจัดเก็บพิกัดของเพลี้ยแป้ง



ภาพที่ 18 หน้าจอการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง

จากภาพที่ 18 หน้าจອกการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้ง เป็นหน้าจอที่ใช้สำหรับการบันทึกข้อมูลเพลี้ยแป้งที่จัดเก็บมาจากการสำรวจ ลงพื้นที่ เพื่อบันทึกลงฐานข้อมูล

ระบบจัดเก็บพิกัดของเพลี้ยแป้ง



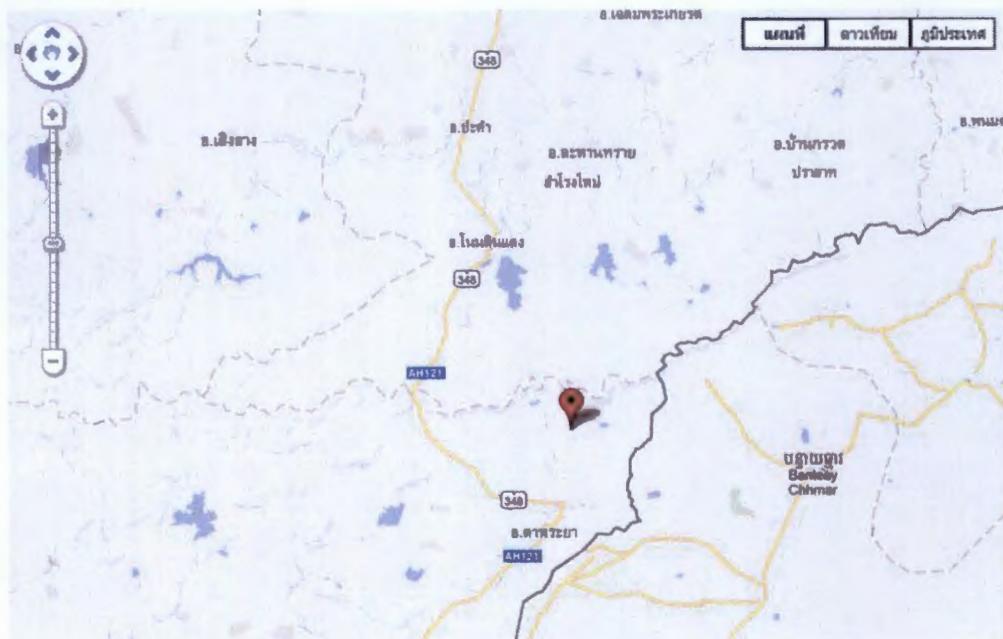
ภาพที่ 19 หน้าจอแสดงผลการบันทึกข้อมูลเรียนร้อยพร้อมระบุรหัสพื้นที่

ภาพที่ 19 แสดงผลรายการพื้นที่เพลี้ยแป้งที่ทำการบันทึกโดยระบบจะแสดง รายการ พื้นที่ที่ทำการบันทึกในระบบโดยแยกออกเป็นส่วนต่างๆ และสามารถเรียกดูพื้นที่ตามแต่ละส่วนได้ดังรูปด้านล่าง

SK2

รายละเอียด
สิ่งที่ต้องขอบคุณ
การเดินทาง
แผนที่เดินทาง

ที่ต้องขอบคุณ: บ้านโภกป่าสักห ต.พหลโยธ อ. ลพบุรี จ. ลพบุรี แม่ริมห แม่ริมสห: วีร์ไชร:



ภาพที่ 20 ภาพแสดงพื้นที่เพลี้ยแม้งในแต่ละรายการ

ภาพที่ 10 ภาพแสดงพื้นที่เพลี้ยแม้ง แต่ละรายการที่ทำการบันทึกสามารถแสดงถึงข้อมูลเชิงพื้นที่ และรายละเอียดที่จัดเก็บในระบบออกแบบหน้าเว็บไซต์

บทที่ 4 อภิปรายและวิจารย์ผลการวิจัย

ความแตกต่างของชีวชนิดของแมลงแต่ละชนิดมีความแปรปรวนในการเข้าทำลายในพืชแตกต่าง ในแต่ละสภาพแวดล้อม (Shen and Bach, 1997). ความรุนแรงของการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังในแต่ละพื้นที่นั้นขึ้นกับช่วงฤดูแล้งหรือฝนทึ่งเป็นเวลานาน (โอลภาณ, 2553) ซึ่งในแต่ละพื้นที่ที่ได้มีการสำรวจจะมีความแตกต่างในช่วงปริมาณและจำนวนที่ฝนตก ทำให้การพบการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งแตกต่างกัน ซึ่งสอดคล้องกับการสำรวจในการทดลองนี้โดยได้สำรวจการกระจายตัวของเพลี้ยแป้ง 4 ชนิดคือ เพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์หรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียวและเพลี้ยแป้งสีชมพู สอดคล้องกับงานทดลองของ สุเทพ (2552) พบรสเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังพืชพบในประเทศไทยพบ 4 ชนิด ได้แก่ เพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีเทา หรือเพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์ เพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีเขียว และเพลี้ยแป้งมันสำปะหลังสีชมพู นอกจากนี้ยังพบร่วมกับการกระจายตัวของเพลี้ยแป้งในแต่ชนิดในแต่ละพื้นที่แตกต่างกัน สอดคล้องกับงานทดลองของ รัตติยา (2549) การกระจายตัวของชีวชนิดแมลงบัวในข้าวจากแหล่งต่างๆ ที่มีระดับน้ำทະแตกต่างกัน แป้งออกเป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 คือ ความสูงจากระดับน้ำทະ 620 เมตร คือ อำเภอเชียงดาว และอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มที่ 2 คือ กลุ่ม ความสูงจากระดับน้ำทະ 162 - 500 เมตร และกลุ่มที่ 3 คือ ความสูงจากระดับน้ำทະ ปานกลาง อย่างไรก็ตามการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งแต่ละชนิดพบมีระดับการเข้าทำลายในต้นมันสำปะหลังแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ใน 10 จังหวัด ซึ่งสอดคล้องกับการทดลองของ พจนีย์ (2549) และ Oupkaeew (2009) กล่าวแมลงบัวต่างแหล่งจะมีระดับการเข้าทำลายในข้าวแตกต่างกัน ซึ่งจากการทดลองยังพบร่วมกับเพลี้ยแป้งสีเขียวมีค่าเฉลี่ยการเข้าทำลายมากกว่าเพลี้ยแป้งชนิดอื่น ๆ ซึ่งมีแนวโน้มที่จะเป็นชนิดของเพลี้ยแป้งที่เป็นปัญหาสำคัญในการปลูกมันสำปะหลังได้

จากการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาภายนอกโดยวัดความยาวและความกว้างของลำตัวของเพลี้ยแป้งทั้ง 4 ชนิด ทั้งหมด 29 พื้นที่ใน 10 จังหวัด พบร่วมกับความแปรปรวนขนาดความยาวและความกว้างของลำตัวของเพลี้ยแป้งในแต่ละชนิด ซึ่งแมลงแต่ชีวชนิดมีลักษณะภายนอกไม่แตกต่างกัน เช่นเดียวกับรายงานของ Behura et al. (2001) และ Ehtesham et al. (1995) แมลงแต่ละชีวชนิดมีความแตกต่างกันเฉพาะในส่วนของขนาดลำตัว รัตติยา (2549) ศึกษาอัตราส่วนความยาวต่อความกว้าง ปีกของแมลงบัวที่เก็บรวบรวมจากธรรมชาติ พบรความหลากหลายทั้งภายในและระหว่างประชากรแมลงบัวในลักษณะขนาดความกว้างและความยาวปีกของแมลงบัวเพศเมีย

จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของเพลี้ยแป้งที่เขียวที่มีการพบการเข้าทำลายทุกพื้นที่และมีการค่าเฉลี่ยตัวต่อตันสูงสุด ที่เก็บมาจากห้องถินต่าง ๆ 29 แหล่ง ใน 10 จังหวัด โดยศึกษาลักษณะในระดับโมเลกุลด้วยเทคนิค ISSR markers พบร่วมกับเพลี้ยแป้งเขียวมีความหลากหลายทาง

พันธุกรรมทั้งภายในและระหว่างประชากรอยู่ในช่วง 0.05 – 0.256 ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในระดับโมเลกุล เพลี้ยแป้งสีเขียวมีความแตกต่างของ DNA ภายในประชากรเดียว สอดคล้องกับงานทดลองของ รัตติยา (2549) กล่าวว่า วิเคราะห์ค่าระยะห่างระหว่างพันธุกรรม (genetic distances) ของแมลงบัวจากแหล่งต่างๆ อยู่ในช่วง 0.09-0.48 และค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายกัน (similarity coefficients) อยู่ในช่วง 0.77-0.99 Garcia et al. (2002) ได้ศึกษาโครงสร้างประชากรและความหลากหลายของกลุ่มประชากรปลวก *Nasutitermes takasagoensis* อันดับ Isoptera วงศ์ Termitidae จาก 7 เกาะ ในประเทศไทย ด้วยเทคนิค AFLP โดยใช้ไฟ雷เมอร์จำนวน 3 คู่ ได้จำนวนแอบดีเอ็นเอทั้งหมด 155 แท็บ และมีเปอร์เซ็นต์ Polymorphic band เท่ากับ 50 เปอร์เซ็นต์ สามารถนำมาศึกษาค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) Takami et al. (2004) ได้ศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างของกลุ่มประชากรผีเสื้อ *Pieris* sp. ที่อยู่ในแหล่งชุมชน โดยอาศัยเทคนิค AFLP พบว่ามีการกระจายตัวทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละประชากร ความแตกต่างนี้ชี้ให้เห็นถึงความสามารถในการปรับตัวและการกระจายตัวของแมลงตั้งกล่าวตอบสนอง ซึ่งสันนิษฐานว่าการกระจายตัวของแมลงเกี่ยวข้องกับลักษณะทางภูมิประเทศ และข้อจำกัดทางกายภาพที่แมลงซึ่งมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงในองค์ประกอบของสารพันธุกรรม

ความหลากหลายในระดับโมเลกุลเมื่อนำมาวิเคราะห์ระยะห่างระหว่างพันธุกรรม ซึ่งแสดงเป็น dendrogram สามารถจำแนกประชากรเพลี้ยแป้งสีเขียวออกเป็น 7 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 จังหวัดนครราชสีมา กลุ่มที่ 2 จังหวัดบุรีรัมย์ กลุ่มที่ 3 จังหวัดชลบุรีและจันทบุรี กลุ่มที่ 4 จังหวัดฉะเชิงเทราและสระแก้ว กลุ่มที่ 5 จังหวัดสุรินทร์ กลุ่ม 6 จังหวัดกำแพงเพชร และกลุ่มที่ 7 จังหวัดปราจีนบุรีและระยอง สอดคล้องกับงานทดลอง Cervera et al. (2000) ได้ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างใบโไอทีของ *Bemisia tabaci* อันดับ Hemiptera วงศ์ Aleyrodidae ด้วยเทคนิค AFLP จาก 13 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มได้เป็น 4 กลุ่ม ตามลักษณะของพื้นที่และตัวอย่างของพืช ได้แก่ กลุ่มที่ 1 แมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศไทยตะวันออกและอินเดีย กลุ่มที่ 2 คือแมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศไทยเจริญจากพืชอาศัยคือถั่วแดง กลุ่มที่ 3 แมลงหวีขาวยาสูบจากทวีปอเมริกา และกลุ่มที่ 4 คือแมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศไทยเจริญจากพืชอาศัยคือมันสำปะหลัง รัตติยา (2549) วิเคราะห์ค่าระยะห่างระหว่างพันธุกรรม (genetic distances) ของแมลงบัวจากแหล่งต่างๆ อยู่ในช่วง 0.09-0.48 และค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายกัน (similarity coefficients) อยู่ในช่วง 0.77-0.99 เมื่อนำมาจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า สามารถจัดกลุ่มประชากรแมลงบัวได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดเชียงราย และจังหวัดอุบลราชธานี ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดตาก ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย แมลงบัวจากจังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดเชียงราย จังหวัดลำปาง จังหวัดลำพูน จังหวัดแม่ฮ่องสอน จังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ จังหวัดพะเยา และจังหวัดตากที่เก็บจากสภาพธรรมชาติ Thongphak et al. (1997) ใช้เทคนิค RAPD-PCR มาศึกษาความหลากหลาย

ทางพื้นที่กรรมของแมลงบัว และสามารถแบ่งแมลงบัวออกเป็น ๓ กลุ่ม คือ กลุ่มที่ ๑ ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ จังหวัดพะ夷า จังหวัดลำปาง จังหวัดฉะเชิงเทรา จังหวัดเชียงราย จังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดกำแพงเพชร และจังหวัดพิจิตร กลุ่มที่ ๒ ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดนครพนม จังหวัดอุบลราชธานี และจังหวัดพัทลุง และกลุ่มที่ ๓ ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดอุดรธานี และจังหวัดหนองคาย

การศึกษา วิเคราะห์และออกแบบการจัดเก็บข้อมูล เพื่อประยุกต์ใช้ระบบการจัดกับข้อมูลผ่านแพนที่ภูมิศาสตร์ภูเกิล ได้เริ่มนำมาใช้และเป็นที่นิยมอย่างแพร่หลาย เพื่อพัฒนาการจัดเก็บข้อมูลแสดงผลข้อมูลผ่านทางเว็บไซต์ ผ่านระบบผู้ดูดต่อโดยใช้ระบบคอมพิวเตอร์ (สารัตถ์, ๒๕๕๑; โปรด, ๒๕๕๔; ศรاثุทธิ, ๒๕๕๕) ซึ่งกับงานทดลองที่ได้ดำเนินการโดยได้มีการจัดเก็บข้อมูลการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังในที่ต่างๆ ในพื้นที่ ๑๐ จังหวัด เมื่อนำมาออกแบบเป็นระบบที่มีการนำเสนอข้อมูลในเชิงพื้นที่ ล้วนแต่เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์ในการประกอบการตัดสินใจในด้านต่างๆ ได้จากการที่ได้ศึกษาเกี่ยวกับบริการของภูเกิลในด้านสารสนเทศทางภูมิศาสตร์แล้ว เพื่อให้บริการกับสมาชิกที่จะล็อกอินเข้ามายัดการข้อมูลเกี่ยวกับการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลัง เพื่อเผยแพร่ข้อมูลผ่านทางแพนที่ของภูเกิล ซึ่งจะช่วยทำให้ผู้ที่เข้ามาค้นหาข้อมูลสถานที่ ได้ทราบถึงตำแหน่งที่แน่นอน และสถานที่นั้นๆ ได้ ใช้เวลาเพียงไม่นานเปิดเว็บไซต์ก็สามารถหาข้อมูลได้ ข้อมูลทั้งหมดซึ่งเก็บในฐานข้อมูลของเราราคาเป็นประโยชน์ที่จะนำไปใช้ในด้านต่างๆ เช่น การจัดทำเขตโฉนด การทำให้เว็บเกิดเป็นสังคมหรือคอมมูนิตี้หนึ่ง ที่ผู้ชุมเข้ามาเพื่อค้นหาข้อมูลและอย่างจะเผยแพร่ข้อมูลของตน จึงเกิดเป็นช่องทางในการทำข้อมูลออนไลน์ต่อไปได้ การประยุกต์ใช้ Google Maps API เป็นระบบในการรวบรวมแหล่งข้อมูล แบบ Dynamic webpage เพื่อจะได้เป็นข้อมูลพื้นฐานในงานวิจัยอื่นต่อไป

บทที่ 5 สรุปและเสนอแนะเกี่ยวกับการวิจัยในขั้นต่อไป

1. เพลี้ยแป้งที่พบเข้าทำลายในมันสำปะหลังมี 4 ชนิดคือ เพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์ หรือสีเทา เพลี้ยแป้งสีเขียวและเพลี้ยแป้งสีชมพู
2. การเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในแต่ละชนิดของเพลี้ยแป้งมีระดับการเข้าทำลายแตกต่างกัน และพื้นที่แต่ละแหล่งที่มีปลูกมันสำปะหลังจะมีระดับการเข้าทำลายแตกต่างกันในแต่ละชนิดของเพลี้ยแป้ง
3. เพลี้ยแป้งสีเขียวมีระดับการเข้าทำลายสูงกว่าเพลี้ยแป้งลาย เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียร์หรือสีเขียว และเพลี้ยแป้งสีชมพู เพราะฉะนั้นต้องมีการเฝ้าระวังและหาวิธีการป้องกันกำจัด
4. ประยุกต์ใช้ Google Maps API ทำให้ได้เครื่องมือหรือระบบสารสนเทศในการจัดเก็บข้อมูล เพลี้ยแป้งและระดับการเข้าทำลายผ่านทาง Google Maps API ซึ่งเป็นส่วนการแสดงผลของระบบการจัดการเก็บข้อมูลเพลี้ยแป้งได้อย่างมีประสิทธิภาพ

แนวทางการวิจัยต่อไป

1. ศึกษาถึงอิทธิพลของความหนาแน่นของเพลี้ยแป้งเขียวและช่วงเวลาในการเข้าทำลายเพื่อหาแนวทางในการป้องกันกำจัด
2. ศึกษาถึงชีวชีวนิດของเพลี้ยแป้งสีเขียวต่อการเข้าทำลายมันสำปะหลังต่างพันธุ์ เพื่อหาพันธุ์ หรือแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังต่อไป

ผลผลิต (Output)

ผลผลิตตีพิมพ์ในวารสารวิชาการทั้งในระดับชาติและนานาชาติ

ประทีป อุปแก้ว กิตติศักดิ์ อ่อนเอื่อง ยุทธจักร วงศ์วัฒน์ และ ศันสนีย์ จำกัด. 2556. การประชุมวิชาการประจำปี ภายใต้โครงการส่งเสริมการวิจัยในอุดมศึกษา (HERP) ครั้งที่ 1. วันที่ 21 – 23 มกราคม 2556 ณ ศูนย์วัฒนธรรมภาคเหนือตอนล่าง มหาวิทยาลัยราชภัฏพิบูลสงคราม จังหวัดพิษณุโลก.

**ความหลากหลายทางพันธุกรรมและดัชนการเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงในปั้นสำปะหลังในภาค
ตะวันออกโดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์รุกGINE**

ประทีป อุปตัว¹, กีระศักดิ์ อ่อนอ้อ², อุมาธิชา จันทร์พันธ์³, พนมสุร จ้าว⁴

¹ คณะแพทย์ไม่ได้ทำการเกณฑ์ มากกว่าห้าด้วยบุคคล วิทยาเขตธรรมศาสตร์

² กรณีวิทยาศาสตร์และสังคมศาสตร์ มหาวิทยาลัยบูรพา วิทยาเขตธรรมศาสตร์

³ ผู้ช่วยศาสตราจารย์

⁴ อาจารย์พิเศษ ภาครัฐวิทยาศาสตร์และวิทยาการชีวภาพ สถาบันวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

วัสดุประสงค์และเครื่องมือในการใช้ทดลอง

๑. เฟิร์สิกษาสังคมและความหลากหลายของประชากรของเพลี้ยแมลงในปั้นสำปะหลังที่มีการระบบที่ไม่สามารถให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้อง
๒. เพื่อประเมินระดับการเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงในปั้นสำปะหลังที่พื้นที่และต่างแหล่งปลูก
๓. เพื่อศึกษาถึงระดับการเข้าทำลายของปีกเพลี้ยแมลง โดยประยุกต์ใช้ Google Maps API ในที่นี่ในการคาดคะเนของ

ผลการดำเนินโครงการตามวัสดุประสงค์ โครงสร้างปัจจุบัน

๑. เพลี้ยแมลงที่พบเข้าทำลายในปั้นสำปะหลังมี ๔ ชนิดคือ เพลี้ยแมลงลาย เพลี้ยแมลงเงือกเสือเพลี้ยแมลงสีขาวและเพลี้ยแมลงสีเขียว
๒. การเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงในแต่ละชนิดมีความแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ดังนี้ที่ต่างกันจากการเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงแต่ละชนิดแตกต่างกัน
๓. ประยุกต์ใช้ Google Maps API ที่ได้ให้เครื่องมือหรือระบบสารสนเทศในการจัดเก็บข้อมูลเพลี้ยแมลงและระดับการเข้าทำลายที่มากทาง Google Maps API ซึ่งเป็นส่วนการและผลของการจัดการเพลี้ยแมลงที่ได้ออกมา

แนวทางการนำผลการค้นคว้าเป็นโครงสร้างให้เข้าไปใช้

๑. ผลค้นคว้าจะสามารถนำไปใช้ในการเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงแต่ละชนิด ทำให้เพลี้ยแมลงแต่ละชนิดมีผลกระทบกับพื้นที่ปั้นสำปะหลังและพื้นที่ปั้นสำปะหลังนี้จะมีผลต่อพื้นที่ปั้นสำปะหลังที่เด่นและให้กับเกษตรกรที่อยู่ในพื้นที่
๒. Google Maps API จะนำไปใช้ในการตัดสินใจในการจัดการเพลี้ยแมลงในพื้นที่ปั้นสำปะหลัง โครงสร้างพื้นฐานและร่องรอยที่ได้รับผลกระทบจากการเข้าทำลายของเพลี้ยแมลงในพื้นที่ปั้นสำปะหลังที่เด่นและให้กับเกษตรกรที่อยู่ในพื้นที่

รายงานการเงิน

เลขที่โครงการ 44523 2554A10862002

**โครงการส่งเสริมการวิจัยในอุดมศึกษาและพัฒนามหาวิทยาลัยวิจัยแห่งชาติ
สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา**

ชื่อมหาวิทยาลัย: มหาวิทยาลัยบูรพา วิทยาเขตสะแกว

โครงการ: โครงการความหลากหลายทางพันธุกรรมและระดับการเข้าทำลายของเพลี้ยแป้งในมันสำปะหลังในการตัววันออกโดยแสดงผ่านแผนที่ภูมิศาสตร์รุ่งอรุณ

ชื่อหัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน นายประทีป อุปแก้ว

รายงานในช่วงตั้งแต่ กันยายน พ.ศ. 2554 ถึง สิงหาคม พ.ศ. 2557

ระยะเวลาดำเนินการ 2 ปี 10 เดือน ตั้งแต่วันที่ 1 กันยายน พ.ศ. 2554 ถึง 30 สิงหาคม พ.ศ. 2557

รายจ่าย

หมวด (ตามสัญญา)	รายจ่ายสะสม จากรายงาน ครั้งก่อน	ค่าใช้จ่ายงวด ปัจจุบัน	รวมรายจ่าย สะสมถึง ปัจจุบัน	งบประมาณ ที่ตั้งไว้	คงเหลือ
1. งบบุคลากร	25,000	30,000	55,000	75,000	20,000
2. ค่าวัสดุ	10,000	10,000	20,000	20,000	-
3. ค่าใช้สอย	160,000	116,000	276,000	295,000	19,000
4. อื่นๆ	-	-	-		-
รวม	195,000	156,000	351,000	390,000	39,000

จำนวนเงินที่ได้รับและจำนวนเงินคงเหลือ

จำนวนเงินที่ได้รับ

งวดที่ 1	<u>195,000</u>	บาท เมื่อ กันยายน พ.ศ. 2554
งวดที่ 2	<u>156,000</u>	บาท เมื่อ เมษายน พ.ศ. 2555

ลงนามหัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน

ลงนามเจ้าหน้าที่การเงินโครงการ

บรรณาธุรกรรม

จรุงสิทธิ์ ลิ่มศิลา, อัจฉรา ลิ่มศิลา, สุรพงษ์ เจริญรักษา, สมพงษ์ กาทอง, อนุชิต ทองกล้า, อรุณี วงศ์ กอบรังษ์, ารินี จันทร์คำ, จินดาเจร์ เศรษฐสุข, พวงเพชร นรินทรพาพร และ สมศักดิ์ ทอง ศรี.

2547. มันสำคัญหลัง. เอกสารวิชาการ กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 113 หน้า.

บัญเรื่องรัตน์ เรืองวิเศษ และ กอบกุล แสนนามวงศ์. 2553. การวิจัยลายพิมพ์ดีเอ็นเอของไข่ม. กลุ่ม ลุ่มวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนา เทคโนโลยีชีวภาพ กรมหม่อนไหม กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

โปรด สงวนศักดิ์. 2554. การประยุกต์ใช้ระบบสารสนเทศภูมิศาสตร์โดยแผนที่ภูเก็ลสำหรับศูนย์พัฒนา ฝึกอบรม. วิทยาศาสตร์ มหาบัณฑิต สาขาวิชาชีวกรรมซอฟต์แวร์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

พจนีย์ สุภามงคล. 2549. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองพันธุ์เมืองนอง. วิทยานิพนธ์ปริญญามหาบัณฑิต สาขาวิชาชีววิทยา มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

รัตติยา ชraphก. 2549. ความหลากหลายทางสายพันธุ์ของประชากรแมลงบัวในภาคเหนือของประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญามหาบัณฑิต สาขาวิชาภูมิศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

เรือนแก้ว ประพฤติ และ ดนุวัต เพ็งอัน. 2553. การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอและความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมของเห็ดหลินจือด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไออีสเออสอาร์. วารสารการแพทย์แผน ไทยและการแพทย์ทางเลือก. ปีที่ 8 ฉบับที่ 1 หน้า 29 – 38.

วลัยพร ศะศิประภา, ณิชา โป๊กง และเตลิงศักดิ์ วีระวุฒิ. 2552. การจำแนกพันธุ์มันสำคัญหลัง. กรม วิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 38 หน้า.

ตราฤทธิ์ ไหวเคลื่อน. 2555. ระบบการจัดการการลับนอปกรณ์พกพาโดยใช้ปฏิกิริยาภูเก็ลเพื่อการ แสดงผล. วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต สาขาวิชาชีวกรรมซอฟต์แวร์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

ศักดิ์ ทองจันทร์, ฉลองชัย ชุมชื่น, สุพรชัย พ้อรี, ณัฐพงษ์ ศรีสมุทร, กฤชญา บุรณารமย์ และกฤชณ์ ปืน ทอง. 2548. เครื่องหมายโมเลกุลไออีสเออสอาร์สำหรับลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกระเบื้องปัลกไทย. การประชุมวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 20 ประจำปี 2548 "ปศุสัตว์ก้าวไกล เกษตรกรไทยก้าวหน้า พัฒนาเศรษฐกิจชาติ 27 - 29 สิงหาคม 2548 กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

- สารัตถ์ ขัดดียะ. 2551. ระบบฐานข้อมูลสถานส่วนที่ราชการและเอกชนภายในจังหวัดเชียงใหม่โดยแสดงผ่านแพนที่ภูมิศาสตร์ภูเก็ล. วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต สาขาวิชาการคอมพิวเตอร์ บัณฑิต วิทยาลัย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.
- สุเทพ สาหยา. 2552. สารป้องกันกำจัดแมลง และไรศัตรูพืช. เอกสารประกอบการฝึกอบรมหลักสูตร แมลงและสัตว์ศัตรูพืชและการป้องกันกำจัด ครั้งที่ 14, 20 – 24 เมษายน 2552 ณ ตึกจักรทอง สำนักวิจัยพัฒนาการอารักษาพืช. 45 หน้า.
- สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2550. เนื้อที่เพาะปลูก เนื้อที่เก็บเกี่ยว ผลผลิต และผลผลิตต่อไร่ ปี 2550. แหล่งที่มา : <http://www.oac.go.th/statistic/export/index.html>, 30 มิถุนายน 2550
- โภภานุ บุญเสิง. 2553. ศูนย์วิจัยพืชไร่ร่อง สถาบันวิจัยพืชไร่ กรมวิชาการเกษตร.
- Behura, S. K., S. C. Sahu, M. Mohan, and S. Nair. 2001. Wolbachia in the Asian rice gall midge, *Orseolia oryzae* (Wood-Mason): correlation between host mitotypes and infection status. *Insect Molecular Biology*. 10 (2): 163 - 171.
- Cervera, M. T., J. A. Cabezas, B. Simon, J. M. Martinez-Zapater, F. Beitia, and J. L. Cenis. 2000. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bulletin of Entomological Research*. 90(5): 391 – 396.
- Ehtesham, N. Z., J. S. Bentur, and J. Bennett. 1995. Characterization of a DNA sequence that detects repetitive DNA elements in the Asian rice gall midge (*Orseolia oryzae*) genome: potential use in DNA fingerprinting of biotypes. *Gene*. 153: 179 - 183.
- Garcia, J., K. Maekawa, T. Miura, and T. Matsumoto. 2002. Population structure and genetic diversity in insular populations of *Nasutitermes takasagoensis* (Isoptera: Termitidae) analyzed by AFLP markers. *Zoological science*. 19: 1141 - 1146.
- Frankel O. H., A. D. H. Brown and J. J. Burdon. 1995. *The conservation of Plant Biodiversity*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Haymer, D. S. and D. McInnis. 1994. Resolution of populations of the Mediterranean fruit fly at the DNA level using random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. *Genome*. 37:244-249.
- Katiyar, S. K., G. Chandel, Y. Tan, Y. Zhang, B. Hang, L. Nugaliyadde, K. Fernando, J. S. Bentur, S. Inthavong, S. Constantino, and J. Bennet. 2000. Biodiversity of Asian rice gall midge *Orseolia oryzae* (Wood-Mason) from five countries examined by AFLP analysis. *Genome* 43(2): 322-332.
- Kumar S., K. Tamura, I. B. Jakobson and M. Nei. 2001. MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis software, Bioinformatics Vol. 17, 12: 1244 - 1245.

- Landry, B. S., L. Dextraze and G. Boivin. 1993. Random amplified polymorphic DNA markers for DNA fingerprinting and genetic variability assessment of minute parasitic wasp species (Hymenoptera: Mymaridae and Trichogrammatidae) used in biological control programs of phytophagous insects. *Genome*. 36: 580-587.
- Majer, D., R. Mithen, B. G Lewis, P. Vos, and R. P. Oliver. 1996. The use of AFLP fingerpringting for the detection of genetic variation in fungi. 100: 1170-1111.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *Am Nat* 106: 283 - 292.
- Prateep Oupkaew. 2009. Physiological and Molecular Variation in a Gall midge Resistance Local Rice Variety, Muey Nawng. Doctor of Philosophy in Agronomy. Chiang Mai University.
- Shen, C.S. and Bach, C. E. 1997. Genetic variation in resistance and resistance to insect herbivory in *Salix cordata*. *Ecological Entomology* 22, 335 – 342.
- Takami, Y., C. Koshio, M. Ishii, H. Fujii, T. Hidaka, and I. Shimizu. 2004. Genetic diversity and structure of urban populations of Pieris butterfly assessed suing amplified fragment length polymorphism. *Molecular Ecology*. 13(2): 245 - 258.
- Thongphak, D. 1997. DNA-based characterization of rice gall midge, *Orseolia oryzae* (Wood-Mason) in Thailand. M. S. Thesis. Kasetsart University, Bangkok.
- Thongphak, D., T. Attatham, and C. Tayathum. 1999. Determination of genetic relatedness of the rice gall midge, *Orseolia oryzae*, in Thailand using RAPD-PCR marker. *Thai Journal Agriculture Science* 32(3): 409-421.

ภาคผนวก



ภาพที่ 1 เพลี้ยแป้งลายที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง (สำนักงานวิจัยและพัฒนา การอวรักษากีฬาชีว กรมวิชาการเกษตร)



ภาพที่ 2 เพลี้ยแป้งแจ็คเบียสเลียหรือสีเทาที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง (สำนักงานวิจัยและพัฒนา การอวรักษากีฬาชีว กรมวิชาการเกษตร)



ภาพที่ 3 เพลี้ยแป้งสีขาวที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง (สำนักงานวิจัยและพัฒนา การอวุรักษ์พืช กรมวิชาการเกษตร)



ภาพที่ 4 เพลี้ยแป้งสีน้ำตาลที่เข้าทำลายในมันสำปะหลัง (สำนักงานวิจัยและพัฒนา การอวุรักษ์พืช กรมวิชาการเกษตร)



ภาพที่ 5 การเข้าทำลายของเพลี้ยแมงในมันสำปะหลัง