

บทที่ 2

วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

1. อ้อยและความสำคัญ

อ้อยเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญ โดยใน พ.ศ. 2544 ประเทศไทยสามารถส่งออกน้ำตาลและผลิตภัณฑ์จากน้ำตาล คิดเป็นมูลค่า 35,446 ล้านบาท ส่วนใหญ่ส่งออกในรูปแบบของน้ำตาลดิบ น้ำตาลทราย กากน้ำตาลดิบและผลิตภัณฑ์น้ำตาลอื่นๆ โดยมีมูลค่า 20,098 10,949 2,684 และ 2,170 ล้านบาท ตามลำดับ ในปีเพาะปลูก 2544/45 มีพื้นที่ปลูกอ้อยรวม 6.320 ล้านไร่ โดยเป็นพื้นที่ปลูกในภาคกลาง ภาคเหนือ ภาคตะวันออกและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เท่ากับ 2.058 1.371 0.388 และ 2.501 ล้านไร่ คิดเป็นร้อยละ 32.6 21.7 6.1 และ 39.6 ตามลำดับ ให้ผลผลิตเฉลี่ย 9.6 9.0 9.1 และ 9.6 ตันต่อไร่ ตามลำดับ อ้อยเป็นพืชอุตสาหกรรมที่ใช้ผลิตน้ำตาล ผลผลิตอ้อยที่ได้จากเกษตรกรเป็นวัตถุดิบที่นำเข้าโรงงานเพื่อใช้ในการแปรรูปเป็นน้ำตาล ถือได้ว่าเป็นการเชื่อมโยงระหว่างภาคเกษตรกรรมและภาคอุตสาหกรรม ที่ก่อให้เกิดประโยชน์มากมายทั้งระบบการผลิต นอกจากจะให้น้ำตาลที่ใช้บริโภคเป็นอาหารประจำวันแล้ว ยังสามารถใช้ประโยชน์ได้หลายอย่าง เช่น ผลิตแอลกอฮอล์และเป็นเชื้อเพลิง นอกจากนี้น้ำตาลยังใช้เป็นวัตถุดิบสำหรับผลิตสารเคมีหลายชนิด เช่น ผงซักฟอก สารเคลือบผิวและสารประกอบทางเคมีหลายชนิด โรงงานน้ำตาลให้ผลิตผลพลอยได้อีกหลายอย่าง เช่น ชานอ้อย (bagasse) นอกจากจะใช้เป็นเชื้อเพลิงสำหรับผลิตพลังงานภายในโรงงานน้ำตาลแล้ว ยังสามารถใช้ผลิตเอี๊ยะกระดาษ พลาสติก วัสดุก่อสร้าง หมึกพิมพ์ และปุ๋ย กากน้ำตาล (molasses) สามารถใช้เป็นอาหารสัตว์และเลี้ยงยีสต์และกากตะกอน (filter mud หรือ filter cake) สามารถใช้เป็นปุ๋ยได้อย่างดี (ประเสริฐ, 2547)

2. ค้างคาวคาว

ค้างคาวคาววงศ์ (family) Cerambycidae มีชื่อสามัญที่เป็นที่รู้จักว่า longhorned beetles, longicorns, capricorns, round-headed borers, timber beetles, goat beetles (bock-käfer), sawyer beetles จัดเป็นค้างคาวกลุ่มที่ใหญ่ในแมลงอันดับ (Order) Coleoptera พบประมาณ 20,000 ชนิด ทั่วโลก ขนาดลำตัวตั้งแต่ขนาดเล็ก 2.5 มิลลิเมตร ได้แก่ *Cyrtinus* sp. จนถึงขนาดใหญ่ประมาณ 17 เซนติเมตร ได้แก่ *Titanus giganteus* ซึ่งพบในเขตลุ่มน้ำอเมซอน ค้างคาวกลุ่มนี้ลำตัวค่อนข้างมีสีส้มและรูปร่างที่หลากหลาย มีลักษณะเฉพาะตัวที่เด่น คือ หนวดที่ยาวเรียวเท่ากับลำตัวหรือเกินลำตัว

ส่วนใหญ่หนวคมีจำนวนปล้อง 11 ปล้อง บางชนิดพบมี 12 ปล้อง มีเขตการแพร่กระจายทั่วโลก ตั้งแต่ระดับใกล้แหล่งทะเลจนกระทั่งบนเขตภูเขาสูงๆ แมลงกลุ่มนี้จัดเป็นแมลงที่สำคัญทั้งทางเศรษฐกิจและระบบนิเวศ หลายชนิดเป็นแมลงศัตรูทางเศรษฐกิจที่สำคัญในอุตสาหกรรมป่าไม้ ไม้ผล และพืชต่างๆ เช่น ป่าไม้สัก มะม่วง ทูเรียน อ้อย มันสำปะหลัง เป็นต้น ซึ่งก่อให้เกิดความเสียหายต่อผลผลิตในแต่ละปีเป็นจำนวนมาก การเข้าทำลายของด้วงกลุ่มนี้จะเข้าทำลายต้นพืชในระยะตัวหนอน โดยตัวหนอนจะเข้าไปกัดกินเนื้อไม้ทั้งที่มีชีวิตและไม้ที่ตายแล้ว แม้หลายชนิดเป็นแมลงศัตรูพืชที่สำคัญ แต่ด้วงหนวคยาวหลายชนิดมีบทบาทที่สำคัญช่วยหมุนเวียนพลังงานในระบบนิเวศ เช่น ช่วยย่อยสลายเนื้อไม้ ช่วยผสมเกสรของพืช นอกจากนั้นยังเป็นตัวบ่งชี้ทางชีวภาพเพื่อประเมินสภาพแวดล้อมป่าไม้ที่ดีอีกกลุ่มหนึ่ง เนื่องจากด้วงหนวคยาวมีวิวัฒนาการร่วมกับพืชอาหาร ดังนั้นจึงค่อนข้างมีความเฉพาะเจาะจงกับพืชอาหาร

ในประเทศไทย มีรายงานการศึกษาด้วงหนวคยาวค่อนข้างน้อย (พนมกร และ คณะ 2529, เกรียงไกร และ ศรุต, 2549) โดยพบว่ามี การเข้าทำลายของด้วงหนวคยาวหลายชนิด ซึ่งส่วนใหญ่เป็นแมลงศัตรูป่าไม้ที่สำคัญ เช่น หนอนเจาะก้านต้นสัก หนอนเจาะลำต้นชอ หนอนเจาะลำต้นพิกุล เป็นต้น (ฉวีวรรณ, 2533) นอกจากนี้ยังพบว่าด้วงหนวคยาวยังเป็นแมลงศัตรูสำคัญของพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศ เช่น หนอนด้วงเจาะทูเรียน (เกรียงไกร และ ศรุต, 2549) ด้วงหนวคยาวอ้อย (ฉัฐกฤต, มปป.) ซึ่งแนวโน้มการระบาดของด้วงหนวคยาวในประเทศไทย โดยเฉพาะด้วงหนวคยาวอ้อยเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ดังนั้นการศึกษานุกรมวิธานและเข้าใจชีววิทยาและความสำคัญของด้วงหนวคยาวจะเป็นพื้นฐานที่สำคัญในการหาแนวทางการบริหารและควบคุม ตลอดจนการประยุกต์ใช้ประโยชน์ในระดับต่อไป

3. การจัดหมวดหมู่ของด้วงหนวคยาวทางสัตววิทยา

อนุกรมวิธานของด้วงหนวคยวนับเป็นด้วงกลุ่มที่น่าสนใจกลุ่มหนึ่ง มีการค้นพบชนิดใหม่ๆ เพิ่มขึ้นเรื่อยๆ มีประวัติความเป็นมาในการเริ่มจำแนกด้วงหนวคยาวตั้งแต่กลางศตวรรษที่ 19 โดยมีนักอนุกรมวิธานหลายท่านได้ทำการศึกษาด้วงกลุ่มนี้ได้แก่ Chemsak, Linsley, Giesbert, Martins, Monné, Galileo, Napp, Leconte, White, Thomsan, Lacardaine เป็นต้น จากโครงสร้างทางอนุกรมวิธานด้วงหนวคยาว ด้วงหนวคยาวจัดอยู่ในกลุ่มวงศ์ (Superfamily) Chrysomeloidea ในปี 1802 Latreille เป็นบุคคลแรกที่ได้จัดด้วงหนวคยาวไว้ในวงศ์ (Family) Cerambycidae ซึ่ง Latreille ได้จำแนกด้วงหนวคยาวเป็น 3 วงศ์ย่อย ได้แก่ วงศ์ย่อย Cerambycinae Lepturinae และ Prioninae หลังจากนั้นได้มีผู้ทำการศึกษาและจำแนกวงศ์ย่อยของด้วงหนวคยาวเพิ่มขึ้น จนปัจจุบัน ด้วงหนวคยาวมีผู้จัดจำแนกวงศ์ย่อยไว้ทั้งหมด 14 วงศ์ย่อย ได้แก่ Anoplodermatinae,

Apatophyseinae, Cerambycinae, Disteniinae, Lamiinae, Lepturinae, Necydalinae, Oxypeltinae, Parandrinae, Philinae, Prioninae, Spondylidinae, Vesperinae และ Aseminae (ITIS, 2007) อย่างไรก็ตามแม้จะมีการจัดด้วงหนวดยาวไว้ถึง 14 วงศ์ย่อย (Subfamily) แต่มีด้วงหนวดยาวเพียงแค่ 5 วงศ์ย่อย (Subfamily) ได้แก่ Cerambycinae, Lamiinae, Prioninae, Lepturinae และ Aseminae เท่านั้นที่มีรายงานว่ามีความสำคัญทางเศรษฐกิจ นอกนั้นไม่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจมากนัก (Lawrence และ Newton, 1995)

โครงสร้างทางอนุกรมวิธานด้วงหนวดยาว (Taxonomic Hierarchy)

อาณาจักร (Kingdom)	Animalia
ไฟลัม (Phylum)	Arthropoda
ไฟลัมย่อย (Subphylum)	Hexapoda
ชั้น (Class)	Insecta
ชั้นย่อย (Subclass)	Pterygota
อินฟราคลาส (Infraclass)	Neoptera
อันดับ (Order)	Coleoptera Linnaeus, 1758
อันดับย่อย (Suborder)	Polyphaga Emery, 1886
กลุ่มวงศ์ (Superfamily)	Chrysomeloidea Latreille, 1802
วงศ์ (Family)	Cerambycidae Latreille, 1802
วงศ์ย่อย (Subfamily)	Anoplodermatinae Guérin-Ménéville, 1840
Subfamily	Apatophyseinae Lacordaire, 1869
Subfamily	Cerambycinae Latreille, 1802
Subfamily	Disteniinae Thomson, 1860
Subfamily	Lamiinae Latreille, 1825
Subfamily	Lepturinae Latreille, 1802
Subfamily	Necydalinae Latreille, 1825
Subfamily	Oxypeltinae Lacordaire, 1869
Subfamily	Parandrinae Blanchard, 1845
Subfamily	Philinae Thomson, 1860
Subfamily	Prioninae Latreille, 1802

Subfamily Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Subfamily Vesperinae Mulsant, 1839

Subfamily Aseminae Thomson, 1864

ที่มา : ดัดแปลงจาก ITIS (2007)

ด้วงหนวดยาวเป็นแมลงที่มีตั้งแต่ขนาดเล็กจนกระทั่งขนาดใหญ่ ซึ่งมีขนาดประมาณ 1.25 มม. – 17 ซม. ผงลำตัวมีสีสั้นค่อนข้างหลากหลาย เช่น สีดำ ดำแดง เหลือง เหลืองแดง เป็นต้น หลายชนิดมีแผงขน (pubescence) ปกคลุมโดยมีรูปแบบสีสั้นแตกต่างกัน การศึกษาอนุกรมวิธานและจัดจำแนกด้วงหนวดยาวในระดับวงศ์ย่อย (subfamily) สกุล (genus) หรือชนิด (species) ได้มีผู้ศึกษากันตั้งแต่ในอดีตจนถึงปัจจุบันมากมายหลายท่าน ได้แก่ Grrissit (1951), Linsley (1959) และ Wang and Chiang (1991) นักอนุกรมวิธานส่วนใหญ่จะจำแนกโดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาภายนอก ตลอดจนโครงสร้างอวัยวะสืบพันธุ์ (genitalia) เป็นหลัก ซึ่งพอสรุปได้ดังนี้ ลักษณะทางอนุกรมวิธานของด้วงหนวดยาวที่นิยมใช้จะพิจารณาความแตกต่างของอวัยวะส่วนหัว ส่วนอก และส่วนท้อง ลักษณะพื้นผิวผนังลำตัว รูปแบบแผงขน (pubescence) อัตราส่วนการวัดขนาดต่างๆ ของลำตัว เป็นต้น

ส่วนหัว (Head) โครงสร้างลักษณะส่วนหัวของด้วงหนวดยาวนับเป็นลักษณะทางอนุกรมวิธานที่สำคัญในการจำแนกวงศ์ย่อยในกลุ่มด้วงหนวดยาว เช่น ลักษณะกราม (Mandible) ฟัน (Maxilla) ระยะห่างระหว่างตารวมบริเวณขอบตาล่างขอบตาบน ความชัดเจนของเส้น Clypeus suture ลักษณะพื้นผิวผนังลำตัวมีทั้งแบบขนเรียบเนียนหรือขรุขระ หนวด (Antennae) เป็นลักษณะทางอนุกรมวิธานที่เด่นชัดของด้วงวงศ์นี้ที่ใช้ในการแยกออกจากด้วงกลุ่มอื่น ด้วงในกลุ่มนี้ส่วนใหญ่มีลักษณะหนวดที่ยาวเรียกว่าเท่ากับลำตัวหรือยาวเกินลำตัว จำนวนปล้องหนวดมีทั้งหมด 11 ปล้อง น้อยชนิดจะพบ 12 ปล้อง ลักษณะปล้องส่วนใหญ่จะเรียวยาวพื้นผิวของหนวดแต่ละปล้องมีตั้งแต่เรียบเนียนถึงรอยหยักคล้ายฟัน รูปทรงกลมเรียวถึงแบนราบ นอกจากนั้นขนาดของหนวดแต่ละปล้องยังมีขนาดแตกต่างกัน ซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเหล่านี้มีประโยชน์มากในการใช้จำแนกด้วงหนวดยาวในแต่ละกลุ่มย่อย (subfamily) โดยปกติหนวดของด้วงหนวดยาวเพศผู้มักจะยาวกว่าเพศเมีย

ส่วนของอก (Thorax) เป็นลักษณะสำคัญหนึ่งที่ใช้ในการจำแนกด้วงหนวดยาวโดยส่วนใหญ่พิจารณาจากรูปทรงของอกปล้องแรก (pronotum) ที่แตกต่างกันแล้วแต่ชนิด ซึ่งมีตั้งแต่รูปร่าง

ทรงกระบอก ทรงกลม บางชนิดมีหนามแข็งหรือปุ่มยื่นจากผนังลำตัว บางชนิดผนังลำตัวมีแผงขน (pubescence) ปกคลุม บางชนิดไม่มี นอกจากนั้นลักษณะปีกคู่หน้า (Elytra) เป็นลักษณะทางอนุกรมวิธานที่ใช้จำแนกชนิดหรือสกุลของด้วงหนวดยาว ลักษณะปีกคู่หน้าโดยทั่วไปปีกจะคลุมส่วนท้อง รูปร่างยาวเรียว โคนปีกจะกว้างกว่าปลายปีก พื้นผิวปีกหลายชนิดมีพื้นผิวขรุขระประมาณ 1/3 ที่บริเวณ โคนปีกและจะค่อยๆ เรียบเนียนจนถึงปลายปีกบางชนิดพบผิวเรียบเนียนทั่วทั้งปีก ด้วงหนวดยาวส่วนใหญ่มีแผงขนหรือเกสัด (pubescence) คลุมปีกมีสีสันสดใสหรือมีการพรางตัวโดยใช้สีสันให้เข้ากับธรรมชาติ ในแต่ละชนิดมีสีสันแตกต่างกันไปตั้งแต่สีน้ำตาลดำหรือดำไปจนถึงสีสว่างเป็นมันวาว รูปทรงของปลายปีก elytra เป็นลักษณะเด่นที่สำคัญในการจำแนกด้วงหนวดยาวหลายกลุ่ม ขาที่ตั้งอยู่บริเวณส่วนนอกลักษณะขาจะเป็นขาเดิน ปลายของ tibia ของขาทุกคู่มี spurs อยู่ 1 คู่ จำนวนปล้อง tarsi มีจำนวน 5 ปล้อง ซึ่งเป็นลักษณะทางอนุกรมวิธานที่เด่นชัดที่ใช้แยกด้วงหนวดยาวออกจากด้วงกลุ่มอื่นๆ

ส่วนท้อง (Abdomen) ลักษณะส่วนท้องของด้วงหนวดยาวท้องปล้องแรกจะกว้างและจะค่อยๆ ลดขนาดลงจนถึงปล้องสุดท้าย ปกติจำนวนปล้องท้องที่พบมีประมาณ 5-6 ปล้อง พื้นผิวบางชนิดเรียบไม่มีขนปกคลุม บางชนิดมีขนปกคลุมหนาแน่น รูปแบบแผงขนที่ปกคลุมจะแตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้ในการจัดจำแนกชนิดด้วงหนวดยาวได้ นอกจากนั้นอวัยวะสืบพันธุ์ที่ตั้งอยู่บริเวณปลายส่วนท้องโดยเฉพาะอวัยวะสืบพันธุ์เพศผู้ (Male genitalia) ซึ่งเป็นลักษณะโครงสร้างที่สำคัญที่นักอนุกรมวิธานนิยมใช้ในการจัดจำแนกชนิดด้วงหนวดยาวในปัจจุบันเนื่องจากเป็นอวัยวะที่ไม่แปรผันตามปัจจัยทางสภาพแวดล้อม (Thongphak และ Wang, 2007)

แม้ว่านักอนุกรมวิธานแมลงส่วนใหญ่จะเน้นศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาตัวเต็มวัยเป็นหลัก แต่ลักษณะสัณฐานวิทยาตัวอ่อนของแมลง เช่น ตัวหนอนและดักแด้ ก็ยังคงมีความสำคัญเท่ากับลักษณะของตัวเต็มวัย (Emden, 1957) นักอนุกรมวิธานหลายท่านได้ทำการศึกษาถึงลักษณะของตัวหนอนในกลุ่มด้วงหนวดยาว (Duffy, 1957, 1960, 1963; Edwards, 1961; Costa et al., 1988; Morelli et al., 2002, 2005, 2006) โดยเฉพาะ Duffy เป็นบุคคลแรกที่ทำการศึกษาบรรยายลักษณะและจัดจำแนกตัวหนอนด้วงหนวดยาวไว้หลายกลุ่มรวมทั้งยังได้ทำกุญแจจำแนกชนิดและชีววิทยาหนอนด้วงหนวดยาว

ลักษณะสัณฐานวิทยาของตัวหนอนด้วงหนวดยาวที่นิยมใช้เป็นลักษณะทางอนุกรมวิธาน เช่น ลักษณะของหัวกะโหลก ลักษณะโครงสร้าง จำนวนปล้องหนวด ลักษณะโครงสร้างส่วนปาก และส่วนท้อง เป็นต้น Morelli et al. (2002, 2005, 2006) ได้ทำการศึกษาบรรยายลักษณะตัวหนอนและดักแด้ของด้วงหนวดยาวหลายชนิด โดยใช้ลักษณะโครงสร้างส่วนหัวและปากเป็นหลัก

4. การแพร่กระจายของด้วงหนวดยาว

ด้วงหนวดยาวมีเขตการแพร่กระจายทั่วโลกทั้งในเขตหนาวและเขตร้อน โดยเฉพาะในเขตร้อน เช่น เอเชียใต้ เอเชียตะวันออกเฉียงใต้ หมู่เกาะแปซิฟิก ออสเตรเลีย เป็นต้น การแพร่กระจายของด้วงหนวดยาวในแต่ละกลุ่มจะแตกต่างกันขึ้นอยู่กับสภาพอากาศและพืชอาหาร ส่วนใหญ่จะแพร่กระจายในเขตร้อนแถบทวีปเอเชีย โดยพบด้วงหนวดยาว 3 กลุ่มหลัก ได้แก่ Lamiinae Cerambycinae และ Prioninae จากรายงานของ Beeson (1931) ประเทศอินเดียพบด้วงหนวดยาวถึง 1,200 ชนิด ส่วนใหญ่เป็นด้วงหนวดยาวในกลุ่ม Lamiinae ส่วนประเทศนิวกีนิมีรายงานพบด้วงหนวดยาวประมาณ 1,000 ชนิด (Gressitt, 1959) ออสเตรเลียพบด้วงหนวดยาวประมาณ 4 กลุ่มย่อย ได้แก่ Cerambycinae, Lamiinae, Prioninae และ Parandrinae (Linsley, 1959) สำหรับในเขตเอเชียตะวันออกเฉียงใต้มีรายงานการศึกษาค่อนข้างน้อย Heffern (2005) ได้ตีพิมพ์ข้อมูลด้วงหนวดยาวที่พบในเกาะบอร์เนียวทั้งหมด 8 กลุ่ม ในขณะที่ Gressitt et al. (1970) รายงานว่า ในประเทศลาวพบการแพร่กระจายของด้วงหนวดยาวประมาณ 1,200 ชนิด (species) ใน 5 วงศ์ย่อย ได้แก่ Disteniinae, Prioninae, Philinae, Cerambycinae และ Lamiinae สำหรับข้อมูลการแพร่กระจายของด้วงหนวดยาวในประเทศไทยยังไม่มีผู้ศึกษามากนักนอกจาก Ek-Amnuay (2002) ได้คาดคะเนว่าด้วงหนวดยาวที่พบในประเทศไทยน่าจะมีชนิดและปริมาณใกล้เคียงกับด้วงหนวดยาวที่พบในลาว เนื่องจากมีลักษณะภูมิประเทศที่คล้ายกัน

5. ชีววิทยาและนิเวศวิทยา

ชีววิทยาและนิเวศวิทยาของด้วงหนวดยาวจนถึงปัจจุบันยังมีผู้ทำการศึกษาไม่มากนัก Linsley (1959) ได้ทำการศึกษาซึ่งพอสรุปได้ดังนี้

ตัวเต็มวัยด้วงหนวดยาวมีลักษณะรูปร่างที่แตกต่างกันออกไปขึ้นอยู่กับแหล่งที่อาศัยและพืชอาหารของด้วงหนวดยาวบางชนิดเป็นพวกไม่ชอบแสง ในขณะที่หลายชนิดชอบบินมาเล่นแสงไฟ อาจพบด้วงกลุ่มนี้ตามกิ่งไม้ต่างๆ ในช่วงกลางคืน พฤติกรรมการกินอาหารของด้วงหนวดยาวค่อนข้างหลากหลาย เช่น บางชนิดกินน้ำหวาน บางชนิดกินใบพืชใบไม้ที่เน่าเปื่อย ผลไม้ และเชื้อรา เป็นต้น ซึ่งโดยปกติตัวเต็มวัยจะกินพืชอาหารที่แตกต่างจากระยะตัวหนอน หนวดของด้วงหนวดยาวจะทำหน้าที่เป็นอวัยวะรับความรู้สึก เพื่อใช้ค้นหาพืชอาหารที่เหมาะสมในการวางไข่ของเพศเมีย ด้วงหนวดยาวเพศผู้จะมีหนวดค่อนข้างยาวกว่าเพศเมียและมักจะใช้เพื่อการหาคู่และปล่อยฟีโรโมนดึงดูดเพศ ปกติตัวเต็มวัยจะมีชีวิตสั้น ในช่วงที่ใกล้ตายจะมีการหาคู่เพื่อสืบพันธุ์และวางไข่ ตัวเมียจะวางไข่ตามกิ่งไม้ ลำต้น ของพืชที่มีชีวิต โดยวางไข่ในบริเวณเนื้อเยื่อชั้นที่อาหาร

(phloem) และตัวหนอนจะอาศัยกัดกินภายในเนื้อเยื่อ โดยอาศัยสารอาหารจากภายในต้นพืช ตัวหนอนจะมีอายุค่อนข้างนานหลายเดือนจนถึงหลายปี ดักแด้จะอาศัยอยู่ในโพรงไม้หรือบริเวณใกล้ผิวไม้ตลอดชั่วชีวิต หลังจากนั้นจะฟักเป็นตัวเต็มวัยมีอายุค่อนข้างสั้น แหล่งที่อยู่อาศัยในระยะตัวหนอนของด้วงกลุ่มนี้ค่อนข้างหลากหลาย เช่นเดียวกับตัวเต็มวัย โดยส่วนมากตัวหนอนจะกัดกินและอาศัยอยู่ในเนื้อไม้หรือท่อนไม้ซุงที่ผุพัง แต่หลายชนิดก็อาศัยกัดกินเนื้อไม้ยืนต้นต่างๆ เช่น ไม้พุ่ม โดยจะกัดกินทั่วทุกส่วนของพืช เช่น กิ่งไม้ ลำต้นและราก บางชนิดพบกัดกินเมล็ดในฝัก ซึ่งทำให้ต้นไม้อาจเกิดความเสียหายหรือตาย หลายชนิดเป็นศัตรูสำคัญทางเศรษฐกิจ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในอุตสาหกรรมป่าไม้ แม้หลายชนิดจะเป็นแมลงศัตรูพืชที่สำคัญ แต่หลายชนิดก็มีบทบาทที่สำคัญในระบบนิเวศป่าไม้ เนื่องจากด้วงหนวดยาวจะเป็นแมลงกลุ่มแรกๆ ที่เข้าไปย่อยสลายเนื้อไม้ นำพลังงานหมุนเวียนกลับเข้าสู่ระบบนิเวศ การที่ตัวหนอนด้วงหนวดยาวสามารถย่อยเนื้อไม้ที่กินได้เนื่องจากในลำไส้ของตัวหนอนมีจุลินทรีย์ที่สร้างเอนไซม์เซลลูเลส (cellulase enzyme) ที่ย่อย cellulose ที่เป็นองค์ประกอบของเนื้อไม้ วงจรชีวิตของด้วงหนวดยาวส่วนใหญ่จะอยู่ระหว่าง 1-3 ปี ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมหรืออากาศโดยด้วงหนวดยาวในระยะตัวหนอนจะนานที่สุด ตัวเต็มวัยอายุค่อนข้างสั้นประมาณสองสามวันจนถึงสองสามเดือน

6. สถานการณ์ด้วงหนวดยาวในประเทศไทย

ข้อมูลด้วงหนวดยาวในประเทศไทยมีค่อนข้างน้อย Ek-Amnuay (2002) รายงานว่าด้วงหนวดยาวที่พบในประเทศไทยที่ถูกจำแนกชนิดแล้วมีประมาณ 100 ชนิด (species) ซึ่งพบทั่วไปในเขตภาคเหนือ อย่างไรก็ตามยังมีด้วงหนวดยาวอีกจำนวนมากที่ในประเทศไทยยังไม่ได้จำแนกชนิดเนื่องจากสภาพภูมิประเทศของประเทศไทยใกล้เคียงกับประเทศลาว ดังนั้น Ek-Amnuay (2002) คาดคะเนว่าด้วงหนวดยาวในประเทศไทยน่าจะมีจำนวนที่ใกล้เคียงกับด้วงหนวดยาวในประเทศลาว คือ ประมาณ 1,200 ชนิด ตามที่ Gressitt et al. (1970) ได้รายงานในส่วนด้วงหนวดยาวที่จำแนกได้ ประกอบด้วย 5 วงศ์ย่อย Disteniinae Prioninae Philinae Cerambycinae และ Lamiinae (Ek-Amnuay, 2002) ซึ่งพบว่าด้วงหนวดยาวในกลุ่ม Lamiinae มีมากที่สุดรองลงมาคือด้วงหนวดยาวกลุ่ม Cerambycinae และ Prioninae ตามลำดับ (ตารางที่ 2.1) ซึ่งด้วงหนวดยาวทั้งสามกลุ่มนี้หลายชนิดเป็นแมลงศัตรูที่สำคัญทางเศรษฐกิจ ดังนี้

ตารางที่ 2.1 จำนวนชนิด (species) และวงศ์ย่อย (Subfamily) ของด้วงหนวดยาวที่พบในประเทศไทย

Subfamily	จำนวนชนิด
Disteniinae	1
Prioninae	19
Philinae	1
Cerambycinae	46
Lamiinae	61

ที่มา: คัดแปลงจาก Ek-Amnuay (2002)

ด้วงหนวดยาวในกลุ่ม Prioninae มีความสำคัญต่ออุตสาหกรรมน้ำตาลเป็นอย่างมาก เช่น ด้วงหนวดยาวอ้อย *Dorysthenes buqueti* Guerin สามารถทำลายอ้อยและมันสำปะหลังได้ (ฉัฐกฤต, มปป.)

ด้วงหนวดยาวในกลุ่ม Lamiinae เป็นศัตรูที่สำคัญของไม้ผลหลายชนิด เช่น ในทุเรียน ชาวสวนทุเรียนทั่วประเทศประสบปัญหาด้วงทุเรียนมีอาการทรุดโทรม ใบร่วง กิ่งแห้ง และยืนต้นตาย ซึ่งด้วงหนวดยาวชนิดที่พบมากที่สุด คือ ด้วงป่าหนามจุกนูนดำ *Batocera rufomaculata* (เกรียงไกรและสรุต, 2549) ในขณะที่ด้วงหนวดยาวในกลุ่ม Cerambycinae ส่วนใหญ่เป็นศัตรูป่าไม้ที่สำคัญ เช่น หนอนเจาะก้านต้นสัก *Dihammus cedvinus*, หนอนเจาะลำต้นชอ *Clenea Indiana*, ด้วงหนวดยาว *Aristobia approximate* เป็นต้น (ฉวีวรรณ, 2533)

7. ด้วงหนวดยาวอ้อย

การระบาดของแมลงศัตรูอ้อยเพิ่มมากขึ้นอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะด้วงหนวดยาวอ้อย จัดเป็นแมลงศัตรูอ้อยที่สำคัญชนิดหนึ่งซึ่งเกษตรกรกำลังประสบปัญหาการเข้าทำลายของด้วงชนิดนี้ การเข้าทำลายของด้วงหนวดยาวชนิดนี้จะเข้าทำลายในระยะตัวหนอนโดยทำลายอ้อยในส่วนของลำต้นที่อยู่ใต้ดินมีผลทำให้อ้อยแห้งตาย ซึ่งพบว่าในแปลงอ้อยที่พบมีการระบาดของแมลงชนิดนี้สามารถทำให้ผลผลิตลดลงถึง 13 – 43% และปริมาณน้ำตาลลดลงถึง 11 – 46% ถ้าทำลายในส่วนของอ้อยต่อจะทำให้สูญเสียผลผลิตถึง 54% น้ำตาลลดลงถึง 57% (พิพัฒน์, 2548) การเข้าทำลายอ้อยของด้วงหนวดยาวชนิดนี้แตกต่างกันไปตามสภาพพื้นที่ ความรุนแรงก็แตกต่างกันไปตามสภาพฤดูกาลซึ่งส่วนใหญ่พบมีการระบาดมากในสภาพอากาศแห้งแล้ง ได้มีรายงานการศึกษาหาวิธีการ

และแนวทางที่เหมาะสมในการควบคุมและป้องกันการระบาดของด้วงหนวดยาวอ้อยหลายๆ วิธี (พิพัฒน์, 2548; ชำนาญ และ โอชา, 2535; สถาบันวิจัยพืชไร่, 2544; ฌฐกฤต และ อนุวัฒน์, 2544) อย่างไรก็ตามข้อมูลด้านอนุกรมวิธานของด้วงหนวดยาวอ้อยซึ่งเป็นข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญในการป้องกันกำจัดยังไม่มีรายงานการศึกษามาก่อน สถาบันวิจัยพืชไร่ (2544) รายงานว่าชนิดหนอนด้วงหนวดยาวที่เข้าทำลายอ้อยในประเทศไทยมีเพียงชนิดเดียวคือ *Dorysthenes buqueti* แต่ในได้ค้นพบว่าชนิดของด้วงหนวดยาวอ้อยที่พบคือ *D. hydropicus* ซึ่งจากการตรวจสอบเบื้องต้นของด้วงหนวดยาวในสกุล (genus) *Dorysthenes* พบว่ามีลักษณะทางสัณฐานวิทยาค่อนข้างคล้ายคลึงกัน ดังนั้นการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของด้วงหนวดยาวอ้อย เพื่อเป็นการตรวจสอบและรวบรวมข้อมูลจำแนกชนิดของด้วงหนวดยาวอ้อยในประเทศไทยให้ครอบคลุม ซึ่งเป็นสิ่งสำคัญเพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐาน เพื่อนำไปใช้เป็นแนวสืบค้นหาข้อมูลเกี่ยวกับลักษณะนิสัยและพฤติกรรมของแมลง เพื่อหาแนวทางควบคุมป้องกันที่เหมาะสมและถูกต้องได้อย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้การศึกษาค่าความแปรปรวนและความหลากหลายในกลุ่มประชากรของด้วงหนวดยาวในแหล่งปลูกอ้อยในแต่ละพื้นที่ที่มีความสำคัญเป็นอย่างยิ่งต่อการพิจารณาปรับปรุงพันธุ์อ้อยด้านทานให้เหมาะสมในแต่ละท้องถิ่น ซึ่งเป็นวิธีการป้องกันที่ประหยัดและไม่กระทบต่อสิ่งแวดล้อม

ลักษณะของด้วงหนวดยาวอ้อย *D. buqueti* ตัวหนอนมีลำตัวสีขาวนวลตลอดลำตัว รูปร่างแบนทรงกระบอกและแบนเล็กน้อย บริเวณอกกว้างกว่าส่วนท้องเล็กน้อย หัวกะโหลกมีสีน้ำตาลและมีขนาดเล็กกว่าลำตัวมาก ปากขนาดเล็กแต่มีเขี้ยวแข็งแรง ขามีขนาดเล็กมากจนแทบมองด้วยตาเปล่าไม่เห็น เมื่อโตเต็มที่มีขนาดใหญ่มาก คือ ยาว 70-100 มิลลิเมตร กว้าง 20-30 มิลลิเมตร หัวกะโหลกกว้าง 12 มิลลิเมตร ตัวเต็มวัยสีน้ำตาลแดง ยาวประมาณ 25-40 มิลลิเมตร กว้าง 10-15 มิลลิเมตร ตัวเมียตรงปลายปล้องสุดท้ายของส่วนท้องมีลักษณะมน ส่วนตัวผู้ตรงปลายเว้าและมีขนที่หน้าอก (สถาบันวิจัยพืชไร่, 2544)

8. การศึกษาลักษณะทางพันธุกรรม

จีโนม (genome) หมายถึง จำนวนโครโมโซมหรือปริมาณดีเอ็นเอที่มีในเซลล์หรือในสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ ซึ่งจะมีความแตกต่างกันในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด การศึกษาจีโนมสามารถทำได้ทั้งระดับโครโมโซมและระดับดีเอ็นเอ ในเซลล์ของยูแคริโอตนั้น พบดีเอ็นเอได้ทั้งในนิวเคลียสและในออร์แกเนลล์อีก 2 ชนิด ได้แก่ ไมโทคอนเดรียและพลาสติด จีโนมจึงมีอยู่ 3 แห่ง คือ จีโนมในนิวเคลียส (nuclear genome) จีโนมในไมโทคอนเดรีย (mitochondrial genome) ซึ่งพบทั้งในเซลล์

พืชและเซลล์สัตว์ และจีโนมในพลาสติดหรือในคลอโรพลาสต์ (chloroplast genome) ซึ่งพบเฉพาะในพืช (สุรินทร์, 2552)

Mitochondrial DNA (mtDNA) เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่ปัจจุบันมีการใช้อย่างกว้างขวาง เพื่อหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตที่มีบรรพบุรุษร่วมกันและลำดับหน่วยทางอนุกรมวิธานที่จัดตามลำดับสายชั้นคอน หลายบริเวณของ mtDNA มีรหัสสำหรับยีนของโปรตีนหรือตัวร่วมในการควบคุมจะใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมเพื่อการตรวจสอบความหลากหลายภายในและภายนอกของชนิด (species) mtDNA สามารถนำมาใช้เพื่อเปรียบเทียบสำหรับการวิจัยทางอนุกรมวิธาน วิวัฒนาการและความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตมาเป็นเวลานานแล้ว (Nei, 1987; Wallace, 1992; Avise, 2000 อ้างโดย Kartavtsev et al., 2009) ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้านโมเลกุล ใช้วิธีการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบสของนิวคลีโอไทด์ (DNA sequencing) ความหลากหลายของ single gene, multiple gene หรือ mitochondrial genome (mitogenome) การวิจัยดังกล่าวนิยมใช้พื้นที่ยีนในส่วน of cytochrome oxidase I (COI) และ cytochrome b (Cyt-b) ซึ่งเป็นยีนที่ดีที่สุดสำหรับการวิเคราะห์ตั้งแต่ระดับชนิด (species) ถึงระดับวงศ์ (family) (Johns and Avise, 1998; Hebert et al., 2004; Kartavtsev & Lee, 2006 อ้างโดย Kartavtsev et al., 2009) นอกจากนี้ยีน COI ยังเป็นยีนที่มีอัตราการวิวัฒนาการช้า จึงเหมาะกับการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตระหว่างชนิดและระหว่างสกุลด้วย (Billington, 2003; อมรรัตน์ พงศ์คารา และคณะ, 2547; Baldwin et al., 1998; Chu et al., 2004; Maggioni et al., 2001 อ้างโดยวนิสสา, 2550) การนำยีนส่วน COI มาศึกษาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการในกลุ่มแมลงได้รับความนิยมนับแต่หลาย (Cywinska et al., 2006., Shapiro et al., 2006., Simon et al., 1994., Swofford et al., 1996) โดยเฉพาะแมลงในกลุ่มด้วง (Becerra, 2004., Caterino et al., 2005., Clark et al., 2001., Cognato and Vogler, 2001., Funk et al., 1995., Grebennikov et al., 2010., Howland and Hewitt, 1995., Maus and Dobler, 2001., Shoda et al., 2003., Sota et al., 2005., Vogler and Pearson, 1996)

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ	
ห้องสมุดงานวิจัย	
วันที่.....	๐ 4 ต.ค. 2555
เลขทะเบียน.....	249014
เลขเรียกหนังสือ.....	



8.1 ปฏิกริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ (Polymerase chain reaction : PCR)

เป็นเทคนิคสำหรับเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยอาศัยหลักการ DNA Replication ซึ่งเป็นการสังเคราะห์สายดีเอ็นเอสายใหม่จากดีเอ็นเอต้นแบบในหลอดทดลองภายในระยะเวลาอันสั้นและได้ดีเอ็นเอสายใหม่เกิดขึ้นเป็นล้านเท่า เทคนิคนี้พัฒนาขึ้นเมื่อปี พ.ศ. 2528 โดย Kary Mullis และคณะ จุดเด่นของเทคนิค PCR คือ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างเฉพาะเจาะจงโดยมีขั้นตอนการทำงานน้อยและใช้เวลาน้อย ปัจจุบันนี้เทคนิค PCR ได้รับการปรับปรุงและพัฒนาในหลายๆ ด้านจนกระทั่งได้รับการยอมรับว่าเป็นเทคโนโลยีที่สำคัญมากต่องานด้านอณูพันธุศาสตร์ สามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้ทั้งกับงานวิจัยทางชีวโมเลกุลและพันธุวิศวกรรม (สถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี, ม.ป.ป.) ซึ่งมีขั้นตอนต่างๆ ดังนี้ (สารานุกรมเสรี, 2552)

1. การแยกสายดีเอ็นเอเกลียวคู่ออกจากกัน (Denaturation) ใช้อุณหภูมิประมาณ 94 องศาเซลเซียส เมื่อเริ่มต้นดีเอ็นเอแม่แบบจะอยู่ในลักษณะที่เป็นเกลียวคู่ เมื่อเพิ่มอุณหภูมิถึงประมาณ 94 องศาเซลเซียส จะทำให้พันธะไฮโดรเจนระหว่างคู่เบสของดีเอ็นเอถูกทำลาย ทำให้เส้นดีเอ็นเอแยกออกจากกัน
2. การจับของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอแม่แบบ (Annealing) ใช้อุณหภูมิประมาณ 40-62 องศาเซลเซียส เมื่อแยกสายดีเอ็นเอออกจากกันแล้ว จะลดอุณหภูมิลงเหลือ 40-62 องศาเซลเซียส เพื่อให้ดีเอ็นเอสังเคราะห์ขนาดสั้นประมาณ 15-25 เบส ที่เรียกว่า ไพรเมอร์ (Primer) เข้ามาจับบริเวณที่มีลำดับเบสคู่สมกัน
3. การสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ต่อจากไพรเมอร์ (Extension) ใช้อุณหภูมิประมาณ 68-72 องศาเซลเซียส ในขั้นตอนนี้จะเป็นการสร้างสายดีเอ็นเอต่อจากไพรเมอร์ โดยอุณหภูมิที่ใช้จะพอเหมาะกับการทำงานของ Taq DNA polymerase

8.2 ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการ (phylogenetic relationship)

ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาทางสัณฐานวิทยาหรือลักษณะทางพันธุกรรม สามารถนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ซึ่งความสัมพันธ์ของกลุ่มสิ่งมีชีวิตสามารถแสดงได้ด้วย phylogenetic tree ซึ่ง tree จะประกอบด้วย nodes และ branches โดยกิ่ง 1 กิ่งจะเชื่อม nodes ที่ใกล้กัน 2 nodes เข้าด้วยกัน โดย nodes จะแสดงสิ่งที่ต้องการศึกษา (taxonomic units) และ taxonomic units ที่ทำการเปรียบเทียบจะเรียกว่า operational taxonomic units (OUTs) โดย branches แสดงถึงความสัมพันธ์ของสิ่งที่ทำการศึกษาในเชิงบรรพบุรุษและลูกหลาน ลักษณะรูปแบบของ tree เรียกว่า topology โดยความยาวของ branches แสดงจำนวนการเปลี่ยนแปลง (หรือแสดงระดับความแตกต่างทางพันธุกรรม) ที่เกิดขึ้นใน branches นั้น (ฉัตรชัย, 2548) ในการศึกษา

ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการมักนิยมใช้สิ่งมีชีวิตอีกหนึ่งชนิดหรือมากกว่าหนึ่งชนิด ที่เป็นกลุ่มพี่น้อง (sister group) กับสิ่งมีชีวิตที่ศึกษาอยู่ เพื่อให้เป็นสิ่งมีชีวิตนอกกลุ่ม (outgroup) ซึ่งการเลือกสิ่งมีชีวิตนอกกลุ่มที่เหมาะสม มักจะเลือกสิ่งมีชีวิตที่ศึกษาแล้วว่าเป็นญาติที่ห่างออกไป แต่ใกล้ชิดกับสิ่งมีชีวิตในกลุ่ม (ingroup) ที่กำลังศึกษามากที่สุด (เจษฎา, 2545)

การสร้าง Phylogenetic Tree แบ่งออกเป็น 3 วิธีการ คือ 1. Maximum Parsimony 2. Maximum Likelihood และ 3. Distance Method ซึ่งแต่ละวิธีจะมีหลักการในการนำข้อมูลมาประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตแตกต่างกัน จึงอาจให้ผลการประเมินแตกต่างกัน ซึ่งการศึกษาครั้งนี้ใช้การสร้างแผนภูมิต่างสายวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) โดยใช้วิธีการ Maximum Parsimony ในการวิเคราะห์

วิธี Maximum Parsimony เป็นวิธีการประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการจากข้อมูลความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต (Discrete Data) โดยอาศัยจำนวนการเปลี่ยนแปลงทางวิวัฒนาการที่น้อยที่สุดใน การวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนตำแหน่งเดียวกันของสิ่งมีชีวิตนั้น ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่สามารถนำมาสร้างแผนภูมิต้นไม้ทางวิวัฒนาการได้ Informative Site นั้น ต้องมีเบสที่แตกต่างกันอย่างน้อย 2 เบส โดย Phylogenetic tree ที่ดีที่สุดจะมีจำนวนการเปลี่ยนแปลงของนิวคลีโอไทด์น้อยที่สุดในทุกๆ ตำแหน่งที่ใช้ในการวิเคราะห์ (Halliburton, 2004; Russell, 2001 อ้างโดย วนิศา, 2550)

การตรวจสอบ Phylogenetic tree ว่ามีคุณภาพหรือไม่ มักนิยมใช้ค่าดัชนี (index) มาช่วยในการตรวจสอบข้อมูล ซึ่งค่าดัชนีที่นิยมนำมาใช้ตรวจสอบข้อมูล ได้แก่ ค่า CI (consistency index), RI (retention index) และค่า RC (rescaled consistency index) ซึ่งพบว่า ค่าที่นิยมนำมาใช้บอกระดับข้อมูลกับแผนภูมิ (Phylogenetic tree) มากที่สุด ได้แก่ ค่า CI ซึ่งเป็นค่าที่สามารถบ่งชี้ถึงระดับข้อมูลและ phylogenetic tree ได้ ยิ่งค่า CI เข้าใกล้ 1 แสดงถึงความเชื่อมั่นของข้อมูลที่ใช้สร้าง phylogenetic tree ได้ นอกจากนั้นการประเมินค่าสนับสนุนทางสถิติ เพื่อประเมินค่าความเชื่อมั่นในความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการนั้น วิธีการที่นิยมใช้ในปัจจุบัน คือวิธี Bootstrapping ซึ่งเป็นวิธีการสุ่มจากชุดข้อมูลเดิม โดยการสุ่มและแทนที่ข้อมูลในแต่ละตำแหน่งในชุดข้อมูลเดิม ซึ่งขบวนการนี้จะทำซ้ำหลายๆ ครั้ง จนได้ phylogenetic tree ใหม่ขึ้นมา ซึ่งจะถูกนำมาวิเคราะห์ความเชื่อมั่น โดยมีกิ่ง (branch) ที่มีค่าออกมาในรูปแบบร้อยละ ถ้ายิ่งค่า Bootstrapping (BS) เข้าใกล้ 100% หมายถึง ความแม่นยำที่เกิดขึ้นในสายวิวัฒนาการที่ถูกต้อง (Felsensteis, 1985)

ซึ่งในปัจจุบันได้มีผู้ทำการศึกษาวงศ์วานวิวัฒนาการของแมลงหลายๆ ชนิด โดยใช้ความรู้ทางด้านอนุชีววิทยาเข้ามาช่วย (ฉัตรชัย, 2548; Costa et al., 2003; Downton and Austin, 1994; Maekawa et al., 1999; Winterton and Freitas, 2006)

การเปรียบเทียบการจำแนกชนิดทางสัณฐานวิทยาและทางพันธุกรรม สุรินทร์ (2543) กล่าวว่า การตรวจสอบในระดับพันธุกรรมมีข้อได้เปรียบ คือ สามารถวิเคราะห์จากส่วนใดส่วนหนึ่งของเนื้อเยื่อตัวอย่าง ระยะการเจริญเติบโตและสภาพแวดล้อม การนำยีนส่วนไมโทคอนเดรียมาศึกษาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการในกลุ่มแมลงได้รับความนิยมแพร่หลาย (Cywinska et al., 2006., Shapiro et al., 2006., Simon et al., 1994., Swofford et al., 1996) โดยเฉพาะแมลงในกลุ่มด้วง (Becerra, 2004., Caterino et al., 2005., Clark et al., 2001., Cognato and Vogler, 2001., Funk et al., 1995., Grebennikov et al., 2010., Howland and Hewitt, 1995., Maus and Dobler, 2001., Shoda et al., 2003., Sota et al., 2005., Vogler and Pearson, 1996)