

บทที่ 6

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

1. สรุปผลการวิจัย

จากการเก็บตัวอย่างด้วงหนวดยาวจากแปลงปลูกอ้อยของเกษตรกรทั้งหมด 8 แห่งในพื้นที่ปลูกอ้อยที่สำคัญของภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคเหนือ เพื่อจำแนกชนิดของด้วงหนวดยาว ซึ่งการศึกษาครั้งนี้แบ่งเป็นการจำแนกชนิดทางสัณฐานวิทยาและทางชีวโมเลกุลดังนี้

การจำแนกชนิดทางสัณฐานวิทยาประกอบด้วยการจำแนกชนิดของตัวหนอนและชนิดของตัวเต็มวัย ผลการจำแนกชนิดตัวหนอนพบว่า ตัวหนอนจัดอยู่ในวงศ์ย่อย Prioninae แต่ไม่สามารถระบุชนิดของหนอนด้วงหนวดยาวได้ชัดเจน เนื่องจากไม่พบความแตกต่างทางสัณฐานของตัวอย่างที่เก็บในทุกแหล่ง ตัวหนอนมีลักษณะที่คล้ายกันมาก นอกจากนี้ ข้อมูลทางอนุกรมวิธานของหนอนด้วงกลุ่มนี้มีน้อย การจำแนกชนิดตัวเต็มวัยสามารถจำแนกด้วงหนวดยาวได้ 2 ชนิด คือ *D. granulosus* และ *D. buqueti* ซึ่งด้วงทั้งสองชนิดจัดอยู่ในวงศ์ย่อย Prioninae สกุล *Dorysthenes* การศึกษาครั้งนี้เป็นครั้งแรกที่พบว่า ด้วง *D. granulosus* เข้าทำลายอ้อยเหมือนกับ *D. buqueti* ลักษณะสัณฐานวิทยาของด้วงหนวดยาวทั้งสองชนิดที่สามารถจำแนกชนิดของด้วงทั้งสองชนิดออกจากกันคือ ลักษณะ antennal tubercle จำนวนหนามแข็งบริเวณด้านข้างของ pronotum และลักษณะหนวด นอกจากนี้การใช้อวัยวะสืบพันธุ์เพศผู้ (male genitalia) สามารถจำแนกความแตกต่างของชนิดด้วงกลุ่มนี้โดยเฉพาะลักษณะของ internal sac

ผลการตรวจสอบลักษณะพันธุกรรมของด้วงหนวดยาว *D. granulosus* และ *D. buqueti* โดยเทคนิคการวิเคราะห์หาลำดับเบส (DNA sequencing) บนชิ้นไมโทรคอนเดรียดีเอ็นเอ บริเวณ COI ด้วยคู่ primers L1490 และ H 2198 มีความยาวของลำดับเบส 708 bp เพื่อหาความสัมพันธ์สายวิวัฒนาการทางชีวโมเลกุลพบว่า ด้วงหนวดยาว *D. granulosus* และ *D. buqueti* อยู่ในกลุ่มด้วงที่มีสายสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกันซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Gahan (1906) ที่จัดจำแนกด้วงทั้งสองชนิดทางสัณฐานวิทยาให้อยู่ในสกุลย่อยที่ใกล้ชิดกัน

การจำแนกชนิดของแมลงโดยดูจากลักษณะทางสัณฐานเพียงอย่างเดียวอาจจะไม่เพียงพอในกรณีที่แมลงมีความคล้ายคลึงกันและการจำแนกอาจต้องใช้ความชำนาญเป็นพิเศษในการตรวจจำแนกเพราะลักษณะทางสัณฐานอาจเกิดความแปรปรวน เนื่องจากสภาพแวดล้อม ทำให้การตรวจสอบอาจเกิดความผิดพลาดได้ อย่างไรก็ตามการจำแนกชนิดทางสัณฐานยังมีความจำเป็นที่

ต้องศึกษาเป็นอันดับแรก ก่อนที่จะใช้วิธีการอื่นๆ ร่วมด้วย เช่น การตรวจสอบทางพันธุกรรม ทั้งนี้ เพื่อให้ได้ผลการศึกษาที่สมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

การจำแนกลักษณะทางสัณฐานวิทยาและชีวโมเลกุลของด้วงหนวดยาวที่เข้าทำลายอ้อย สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการสำรวจการแพร่กระจาย จำนวนประชากรของด้วงหนวดยาว เพื่อหาแนวทางในการป้องกันกำจัด หรือเป็นข้อมูลพื้นฐานของงานวิจัยในระดับต่อไป ข้อมูลการจำแนกลักษณะทางพันธุกรรมของด้วงหนวดยาวมีประโยชน์ช่วยในการตรวจสอบกรณีด้วงหนวดยาวมีลักษณะทางสัณฐานที่คล้ายกัน ไม่สามารถระบุชนิดได้ชัดเจน ซึ่งข้อมูลเหล่านี้สามารถนำไปเป็นข้อมูลพื้นฐานที่เป็นประโยชน์สำหรับงานวิจัยที่เกี่ยวข้องในระดับต่อไป

2. ข้อเสนอแนะ

1) เนื่องจากการเข้าทำลายอ้อยของด้วงหนวดยาวมักเกิดขึ้นในระยะตัวหนอน ดังนั้นการจำแนกชนิดของหนอนด้วงหนวดยาวนับว่ามีความสำคัญและมีประโยชน์อย่างมากในด้านงานกักกันศัตรูพืชและเพื่อยืนยันการเข้าทำลายอ้อยของด้วงกลุ่มนี้ ในอนาคตควรเพิ่มการสำรวจและเก็บตัวอย่างแมลงในการศึกษา ตลอดจนการตรวจสอบลักษณะทางพันธุกรรมเพื่อให้มีความชัดเจนมากยิ่งขึ้น

2) เพื่อความถูกต้องในการจำแนกชนิดมากที่สุด จำเป็นต้องเทียบจากตัวอย่างต้นแบบ (holotype หรือ paratype) ของด้วงสกุลนี้ ตลอดจนเพิ่มการสำรวจและเก็บด้วงหนวดยาวตัวเต็มวัย ทั้งนี้ เพื่อศึกษารูปแบบการแพร่กระจายและการระบาดของด้วงสกุลนี้

3) การตรวจสอบลักษณะทางพันธุกรรมควรเพิ่มจำนวนตัวอย่างที่ใช้ศึกษาและส่วนของไมโทคอนเดรียที่มีความเฉพาะเจาะจงต่อด้วงกลุ่มนี้มากขึ้น เนื่องจากช่วยเพิ่มตำแหน่งที่ให้ข้อมูล (informative characters) ในการวิเคราะห์มากขึ้นซึ่งทำให้เกิดความแม่นยำมากขึ้น

