

บทที่ 6

ข้อเสนอแนะ

ผลการศึกษาในครั้งนี้มีประเด็นที่น่าสนใจและสมควรที่จะต้องศึกษาวิจัยต่อไปดังนี้

1. ในการแยกหาเชื้อ *Metarhizium* spp. ซึ่งเป็นเชื้อราสาเหตุโรคแมลงจากตัวอย่างดินด้วยวิธี baiting technique โดยใช้หนอนนก (yellow mealworm; *Tenebrio molitor*) เป็นเหยื่อล่อ พบว่าเป็นวิธีหนึ่งที่เหมาะสม แต่อาจมีอุปสรรคอย่างยิ่ง หากไม่ทำการแยกหาเชื้อโดยทันที หรือเก็บรักษาไว้นานไปจะทำให้แยกพบเชื้อได้ยากขึ้น หรืออาจไม่สามารถตรวจพบเชื้อเลย สันนิษฐานว่าน่าจะเกิดจากปัจจัยบางอย่าง เช่น microclimate ที่เปลี่ยนไปมีผลเสียต่อการอยู่รอดของเชื้อ

2. ประสิทธิภาพในการทำลายแมลงของเชื้อ *M. anisopliae* ที่แยกได้นั้น ส่วนใหญ่มีประสิทธิภาพ ซึ่งหลายไอโซเลต (isolate) มีแนวโน้มที่จะมีประสิทธิภาพสูงเนื่องจากมีเปอร์เซ็นต์การตายของแมลงทดสอบที่สูงถึง 100 เปอร์เซ็นต์ แต่หากมีการนำไปใช้ในการป้องกันกำจัดแมลงศัตรูจำเป็นต้องมีการทดสอบกับแมลงเฉพาะชนิดก่อน เพราะแมลงต่างชนิดกันก็อาจตอบสนองต่อการเข้าทำลายของเชื้อชนิดเดียวกันได้ไม่เท่ากัน

3. การจำแนกเชื้อราที่เข้าทำลายด้วงดำ (black beetle; *Heteronychus* spp.) ว่าเป็นเชื้อ *M. anisopliae* var. *anisopliae* นั้นจัดเป็นรายงานครั้งแรก ซึ่งยังไม่เคยมีรายงาน ณ ที่ใดมาก่อนในประเทศไทย จึงยิ่งน่าสนใจศึกษาและค้นหาเชื้อชนิดนี้ที่มีประสิทธิภาพสูงสำหรับการป้องกันกำจัดแมลงชนิดนี้ต่อไป ทั้งนี้เพราะด้วงดำจัดเป็นแมลงศัตรูชนิดใหม่ที่สำคัญของพืชเศรษฐกิจ เช่น ข้าว อ้อย

4. เนื่องจากการบ่งชี้เชื้อ *Metarhizium* spp. จากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเชื้อ มีโอกาสสับสนกันในระดับชนิด (species) เนื่องจากบางสายพันธุ์มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ใกล้เคียงกัน จึงจำเป็นต้องยิ่งในการศึกษาต่อไปเพื่อสร้างฐานข้อมูลของเชื้อในสกุล (genus) *Metarhizium* โดยอาศัยเทคนิคทางชีวโมเลกุลเข้าร่วมด้วย เพื่อความถูกต้องและแม่นยำของข้อมูลของประเทศ โดยเฉพาะชนิดที่ทำลายแมลงศัตรูพืชได้ ดังเช่น การใช้ข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอ (DNA sequence data)

5. สำหรับลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเชื้อ *M. anisopliae* ในบางไอโซเลตมีโอกาสรสสกันได้ เนื่องจากบางไอโซเลตมีโคนเคียวที่คล้ายกัน ดังนั้นการนำเทคนิคทางด้านชีวโมเลกุลมาช่วยในการจัดจำแนก จึงมีความจำเป็นและสมควรได้รับการสนับสนุน เพื่อศึกษาความหลากหลายทางชนิดของเชื้อราที่มีประโยชน์ อันจะทำให้สามารถนำเชื้อราเหล่านั้นไปใช้ให้

เกิดประโยชน์ ในการควบคุมแมลงศัตรูได้อย่างมีประสิทธิภาพไม่ว่าจะโดยการนำไปใช้โดยตรงทางชีววิธี หรือแม้กระทั่งการนำไปประยุกต์ใช้ในการทำพืชแปรพันธุ์ (genetically modified plant)

6. การใช้การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส (sequencing analysis) ช่วยในการจัดจำแนก บ่งชี้ชนิด และหาความสัมพันธ์ของเชื้อ *Metarhizium* ในการศึกษา นี้ สามารถแยกความแตกต่างระหว่างไอโซเลตของเชื้อในแต่ละสกุลได้ ทั้งนี้ น่าจะเป็นเพราะชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่ใช้เป็นส่วนของไรโบโซมอลดีเอ็นเอ (ribosomal DNA; rDNA) บริเวณ internal transcribed spacer (ITS) ซึ่งเป็นบริเวณที่มีความผันแปรทางพันธุกรรมสูง (variable region) แต่ทั้งนี้ควรมีการพัฒนาเทคนิคหรือการศึกษาลำดับเบสบริเวณอื่น หรือเทคนิคทางชีวโมเลกุลต่างๆ มาเปรียบเทียบเพื่อให้ได้เทคนิคและวิธีการที่มีความ ชัดเจน แม่นยำ รวมทั้งลดค่าใช้จ่ายและเวลาในการจัดจำแนก และควรศึกษาร่วมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา