

บทคัดย่อ

ครั้งที่
4

การประชุมวิชาการ การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติ Biological and Cultural Diversity: Living in Harmony

21-23 มิถุนายน 2560
โรงแรมทาลัย จ.อุดรธานี

BiOD4



Fund for Sustainable Education (FUSE)
SVITA Foundation

สวทช
NSTDA

Proceedings of The 3rd National Meeting on Biodiversity Management in Thailand





บทคัดย่อ

การประชุมวิชาการ “การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติ” ครั้งที่ 4
“Science and Emerging Technology for Biodiversity Management”
21-23 มิถุนายน 2560 โรงแรมภาลัย จังหวัดอุดรธานี

จัดโดย



สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

สนับสนุนโดย



มูลนิธิสวิตา

Fund for Sustainable Education (FUSE)

SVITA Foundation

สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย

สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน)

บริษัท ปตท. จำกัด (มหาชน)

บริษัท พีทีที โกลบอล เคมิคอล จำกัด (มหาชน)

ศูนย์วิจัยและพัฒนาเครื่องบินเกษตร บริษัท ศูนย์วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี จำกัด

สำนักงานคณะกรรมการนโยบายวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยีและนวัตกรรมแห่งชาติ

การไฟฟ้าฝ่ายผลิตแห่งประเทศไทย

การท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย

คณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ



บทคัดย่อ:

**การประชุมวิชาการ “การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติ” ครั้งที่ 4
“Science and Emerging Technology for Biodiversity Management”
21–23 มิถุนายน 2560 โรงแรมนภาลัย จังหวัดอุดรธานี
จำนวนพิมพ์ 500 เล่ม ปีที่พิมพ์ 2560**

จัดพิมพ์โดย

สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.)
111 อุทยานวิทยาศาสตร์ประเทศไทย ถนนพหลโยธิน ตำบลคลองหนึ่ง
อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120
โทรศัพท์: 02 644 8150 ต่อ 81846

สนับสนุนการจัดพิมพ์

มูลนิธิธิดา
สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน)
บริษัท ปตท. จำกัด (มหาชน)
สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย
ศูนย์วิจัยและพัฒนาเครื่องเบทาโกร บริษัท ศูนย์วิทยาศาสตร์เบทาโกร จำกัด
สำนักงานคณะกรรมการนโยบายวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยีและนวัตกรรมแห่งชาติ
บริษัท พีทีที โกลบอล เคมิคอล จำกัด (มหาชน)
การไฟฟ้าฝ่ายผลิตแห่งประเทศไทย
การท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย
คณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ

คณะผู้จัดทำ

นางรังสิมา ตัณฑเสขา
นางสาวธิดิยา บุญประเทือง
นายฉัตรดนัยภากร บุราโส
นางสาวสุนทรีย์ เสือขำ

ตรวจทานภาษาอังกฤษ

Mr. Terry Commins
Prof. Dr. Warren Brockelman

คณะกรรมการจัดประชุมวิชาการ
การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติครั้งที่ 4

ที่ปรึกษา

ศาสตราจารย์ ดร. มรกต ตันติเจริญ
ดร.กัญญวิมว์ กীরติกร

สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
ประธานคลังสเตอร์ทรัพยากรชีวภาพ

คณะกรรมการจัดประชุมวิชาการ

นางรังสิมา ตัณฑเลขา
ศ.ดร.สมศักดิ์ ปัญญา
ศ.ดร.นิวัฒน์ เสนาะเมือง
ผศ.ดร.ธรรมศักดิ์ ยี่มิน
รศ.ดร.กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี
รศ.ดร.มัลลิกา เจริญสุธาสินี
รศ.ดร.อัญชญา ประเทพ
ดร.ประสิทธิ์ วังภคพัฒน์วงศ์
ดร.ดุสิต งามประเสริฐ
นางวันเชิญ โพธาเจริญ
นางสาวธิดิยา บุญประเทือง
นางสาวอัมพวา ปินเรือน
นางสาววิศรา ไชยสาส์
นายฉัตรดนัยภากร บุราโส
นางสาวสุนทรีย์ เสือขำ

สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
มหาวิทยาลัยขอนแก่น
มหาวิทยาลัยรามคำแหง
มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี
ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
สถาบันการจัดการเทคโนโลยีและนวัตกรรมเกษตร
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

คณะกรรมการตรวจทานบทคัดย่อภาษาอังกฤษ

Prof. Dr. Warren Brockelman

National Center for Genetic Engineering and
Biotechnology

Mr. Terry Commins

King Mongkut's University of Technology
Thonburi

คำขอบคุณ

คณะผู้จัดการประชุมวิชาการ “การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติ” ครั้งที่ 4 ขอขอบพระคุณหน่วยงานที่สนับสนุนงบประมาณในการจัดการประชุมครั้งนี้

มูลนิธิธิดิตา : Diamond Sponsor

สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน)

บริษัท ปตท. จำกัด (มหาชน)

สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย

ศูนย์วิจัยและพัฒนาเครื่องเบทาโกร บริษัท ศูนย์วิทยาศาสตร์เบทาโกร จำกัด

สำนักงานคณะกรรมการนโยบายวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยีและนวัตกรรมแห่งชาติ

บริษัท พีทีที โกลบอล เคมิคอล จำกัด (มหาชน)

การไฟฟ้าฝ่ายผลิตแห่งประเทศไทย

การท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย

คณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ

ที่เห็นความสำคัญของการศึกษาวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพและช่วยสนับสนุนงบประมาณ จนทำให้การประชุมครั้งนี้เกิดขึ้นได้อย่างสมบูรณ์

ขอขอบคุณวิทยากรทั้ง keynote speakers, invited speakers ผู้บรรยายทั้งภาคภาษาไทยและภาคโปสเตอร์ ผู้เสวนา และผู้จัดนิทรรศการทุกท่านที่ทำให้การประชุมเกิดขึ้นได้

ขอขอบคุณอาสาสมัครทุกท่านที่ช่วยให้งานประสบความสำเร็จ

สุดท้ายนี้ การประชุมจะเกิดขึ้นไม่ได้ หากไม่มีผู้เข้าร่วมประชุมจากสถาบันการศึกษา และหน่วยงานต่างๆ ทั้งจากภาครัฐและภาคเอกชนที่ได้ลงทะเบียนเข้าร่วมการประชุม คณะผู้จัดการประชุมขอขอบคุณทุกท่านจากใจจริง

คณะผู้จัดการประชุม

ร่าง กำหนดการประชุม
“การบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพแห่งชาติ” ครั้งที่ 4
“BioD4 : Science and Emerging Technology for Biodiversity Management”

วันที่ 21–23 มิถุนายน 2560
โรงแรม นภาลัย จ.อุดรธานี

จัดโดย
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

วันที่ 20 มิถุนายน 2560

14.00 - 17.00 น. ลงทะเบียน จัดนิทรรศการ และติดตั้งโปสเตอร์

วันที่ 21 มิถุนายน 2560

- 08.30 - 09.30 ลงทะเบียนและติดโปสเตอร์
- 09.30 - 09.40 **พิธีเปิดประชุม** โดย นายชยาวุธ จันทร ผู้ว่าราชการจังหวัดอุดรธานี
กล่าวต้อนรับ โดย ดร.ณรงค์ ศิริเลิศวรกุล
ผู้อำนวยการสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.)
กล่าวรายงาน ดร.กัญญวิมว์ กীরติกร
ประธานเครือข่ายทรัพยากรชีวภาพ
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
- 09.40 - 10.10 **กล่าวเปิดการประชุมและบรรยายพิเศษ**
หัวข้อ “ยุทธศาสตร์จังหวัดกับการบริหารจัดการด้านความหลากหลายทางชีวภาพ”
โดย นายชยาวุธ จันทร ผู้ว่าราชการจังหวัดอุดรธานี
- 10.10 - 10.20 **มอบรางวัล Young BioD Award**
โดย นายชยาวุธ จันทร ผู้ว่าราชการจังหวัดอุดรธานี
- 10.20 - 10.30 การแสดงในพิธีเปิด “วิถีสืบอารยนครอุดรธานี” จากโรงเรียนสตรีราชินูทิศ
- 10.30 - 11.00 อาหารว่าง
- 11.00 - 11.45 **บรรยายพิเศษ “Global perspectives on biodiversity research and management”**
โดย Prof. Jeffrey A. McNeely, Former Chief Scientist at IUCN
- 11.45 - 13.30 อาหารกลางวัน

- 13.30 – 14.10 บรรยายพิเศษ “Drones and sensors for bioresources and environmental management”
โดย ดร.กฤษณ์ชัย เจริญจิตร คณะภูมิสารสนเทศศาสตร์ มหาวิทยาลัยบูรพา
- 14.10 – 14.50 บรรยายพิเศษ “การจัดการความหลากหลายทางชีวภาพบนฐานเศรษฐกิจพอเพียงด้วยภูมิปัญญาอีสาน”
โดย นายธวัชชัย กุณนาวงค์ ผู้ประสานงานเครือข่ายอินแปง
- 14.50 – 15.20 อาหารว่าง
- 15.20 – 16.00 บรรยายพิเศษ “The launch of the Thai Chapter of the Society for Conservation Biology: Why might joining this organization benefit Thailand’s biodiversity”
โดย Assoc. Prof. Dr. George A. Gale, Conservation Ecology Program School of Bioresources & Technology, King Mongkut’s University of Technology Thonburi
- 16.00 – 16.30 การเสนอผลงานโดยผู้ได้รับรางวัล Young BioD Award
โดย ดร. ณัฐพจน์ วาฤทธิ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Poster & Exhibition

- 16.30 – 18.00 นำเสนอผลงานรูปแบบโปสเตอร์
นิทรรศการความหลากหลายทางชีวภาพ
-ผลิตภัณฑ์สมุนไพรฝางเพื่อช้างและสุขภาพคนไทย
-การใช้อากาศยานไร้คนขับศึกษาพะยูนและหญ้าทะเล
-หอยทากและผลิตภัณฑ์จากเมือกหอยทาก
-นิทรรศการจากการท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย จังหวัดอุดรธานี
-นิทรรศการแมลงกินได้
-นิทรรศการผึ้งและแมงมุม
-ผลิตภัณฑ์จากไม้ยางนา
ชมและเลือกซื้อผลิตภัณฑ์และสินค้าของชุมชน
- 18.00 – 21.00 Welcome Dinner Isan night

วันที่ 22 มิถุนายน 2560

- 09.00 – 09.40 บรรยายพิเศษ “The Global Biodiversity Information Facility (GBIF) — a freely accessible source of primary biodiversity data”
โดย Dr. Henrik Balslev, Aarhus University, Denmark

09.40 – 10.20	บรรยายพิเศษ “Accelerating classical taxonomy” โดย ศ.ดร.สมศักดิ์ ปัญหา ผู้อำนวยการสถาบันความเป็นเลิศ ด้านความหลากหลายทางชีวภาพ
10.20 – 10.50	อาหารว่าง
10.50 – 11.30	บรรยายพิเศษ “State of Mekong fishes: their potential for biodiversity indicator of the basin” โดย ดร.ชวลิต วิทยานนท์, นักวิชาการอิสระ กรรมการวิชาการ มูลนิธิสืบนาคะเสถียร
11.30 – 12.00	บรรยายพิเศษ “Basic procedures to prepare, submit and finally publish your work in scientific journals: an example from the Natural History Bulletin of the Siam Society” โดย ผศ. ดร.ปรัชญา มุสิกสินธร หัวหน้ากองบรรณาธิการ วารสาร Natural History Bulletin of the Siam Society
12.00 – 13.30	อาหารกลางวัน
13.30 – 16.00	Oral Presentation

ห้องย่อยที่ 1 : Biology and Conservation

13.30 – 14.00	Invited Speaker “การบริหารจัดการพื้นที่ Man and Biosphere ประเทศไทย” โดย นางสาวทิพวรรณ เศรษฐพรค์ ผู้อำนวยการส่วนความร่วมมือ ระหว่างประเทศ กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช
14.00 – 14.30	Invited Speaker “Investigating the migration ecology of two Asian Sparrowhawks along the East Asian Continental Flyway” โดย Mr. Andrew J. Pierce มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี
14.30 – 15:00	Invited Speaker “การเชื่อมต่อของถิ่นที่อยู่ของเสือโคร่ง” โดย ดร.นภรัตน์ สุทธิเดช สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
15:00 – 15:20	<u>Oral 1</u> : Use of human dominated agricultural landscapes by king cobras (<i>Ophiophagus hannah</i>) โดย Dr. Colin T. Strine สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

15.20 – 15:40	<p><u>Oral 2</u> : วิวัฒนาการเชิงภูมิศาสตร์และโครงสร้างทางพันธุกรรมประชากรของช้างป่าเอเชีย (<i>Elephas maximus</i>) ตามแนวเทือกเขาตะนาวศรีในประเทศไทย</p> <p>โดย ดร.วราธา กลิ่นสวาท</p> <p>มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี</p>
15.40 - 16.00	อาหารว่าง
16.00 – 16:20	<p><u>Oral 3</u> : High motivation enables the smaller contestants to win the contests against larger opponents in fiddler crabs</p> <p>โดย นางพามิตะห์ วาเซ็ท ทีนา มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์</p>
16.20 – 16.40	<p><u>Oral 4</u> : ความหลากหลายของลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำ VSRAEP ในสัตว์ตระกูลวารานัส</p> <p>โดย นางสาวอรจิรา ประคองชีพ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์</p>
16.40 – 17.00	<p><u>Oral 5</u> : ผลกระทบจากพื้นที่ชายขอบป่าที่เป็นถนนต่อสังคมของนกป่าในพื้นที่ป่าดิบแล้ง</p> <p>โดย นางสาวตาภะวัลย์ คำชา</p> <p>มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี</p>
17:00 – 17:20	<p>Oral 6 : สถานภาพการกระจายของนก 2 ชนิดในป่าชายเลนทางภาคใต้ฝั่งอันดามันของประเทศไทย</p> <p>โดย นายกิติพัทธ์ โพธิ์ศรี</p> <p>มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี</p>
17:20 – 17:40	<p><u>Oral 7</u> : ชีวิตวิทยาการป้อนอาหารของนกแอ่นกินรังในสภาพแวดล้อมธรรมชาติ</p> <p>โดย นายอุเทน ภูมรินทร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์</p>

ห้องย่อยที่ 2 : Biodiversity Uses and Management

13.30 – 14.00	<p>Invited Speaker “การบริหารจัดการอุทยานแห่งชาติทางทะเล 4.0” โดย นายณัฐพล รัตนพันธุ์ ผู้อำนวยการส่วนอุทยานแห่งชาติทางทะเล กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช</p>
14.00 – 14.30	<p>Invited Speaker “Study and development of coastal ocean circulation simulation in the gulf of Thailand together with artificial mangrove innovation for erosion protection”</p> <p>โดย รศ.ดร. เชษฐพงษ์ เมฆสัมพันธ์ คณบดีคณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์</p>

- 14.30 – 15.00 Invited Speaker “Cultural landscape and biodiversity management: wetland with wood hill water covered areas and water floating bare land at Ban Jomsri, Udonthani”
โดย นางศรีสุรางค์ มาศศิริกุล ผู้อำนวยการสถาบันลูกโลกสีเขียว บริษัท ปตท. จำกัด (มหาชน)
- 15:00 – 15:20 Oral 1 : รูปแบบการจัดการความรู้ด้านความหลากหลายทางชีวภาพสู่การท่องเที่ยวเชิงนิเวศ ตามหาปลาร้องเพลงที่กว๊านพะเยา
โดย ดร.ฤทัยภัทร พิมลศรี
คณะวิทยาการจัดการและสารสนเทศศาสตร์ มหาวิทยาลัยพะเยา
- 15.20 - 15.40 อาหารว่าง
- 15.40 – 16:00 Oral 2 : ประเมินสถานภาพสิ่งแวดล้อมของพื้นที่ชุ่มน้ำบึงบอระเพ็ด
โดยการประยุกต์ใช้ DPSIR approach
โดย นายอารี สุวรรณมณี
สำนักงานนโยบายและแผนทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม
- 16.00 – 16:20 Oral 3 : ผลผลิตจากป่าที่ไม่ใช่เนื้อไม้ (NTFP) ทุนทางธรรมชาติบริเวณพื้นที่มรดกโลกห้วยขาแข้งและมูลค่าการใช้ประโยชน์ของชุมชน
โดย นายคมเชษฐา จรุงพันธ์
ศูนย์วิจัยและพัฒนานวัตกรรมอุทยานแห่งชาติ จังหวัดพิษณุโลก
- 16.20 – 16.40 Oral 4 : ปริมาณกักเก็บคาร์บอนในพื้นที่โครงการก่อสร้างเขื่อนแม่วังก่ จังหวัดนครสวรรค์และกำแพงเพชร
นายธรรมนูญ เต็มไชย
ศูนย์วิจัยและพัฒนานวัตกรรมอุทยานแห่งชาติ จังหวัดเพชรบุรี
- 16.40 – 17:00 Oral 5 : การใช้เทคนิคภาพถ่าย 3 มิติเพื่อติดตามการเปลี่ยนแปลงแนวปะการัง
โดย นางสาวศิริรัตน์ สมเชื้อ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์

ห้องย่อยที่ 3 : Systematics Taxonomy and Primary Utilization

- 13.30 – 14.00 Invited Speaker “Biodiversity for use in agriculture”
โดย Ms. Khanty Keochanpheng, Ministry of Science and Technology, Lao PDR

14.00 – 14.30	Invited Speaker “แมลงกินได้ แหล่งโปรตีนคุณภาพสูง และ แนวโน้มการตลาด” โดย รศ.ดร.ยุพา หาญบุญทรง มหาวิทยาลัยขอนแก่น
14.30 – 14.50	<u>Oral 1</u> : โครงการเมล็ดพันธุ์โลก โดย นายเกริก ผักกาด หน่วยวิจัยการฟื้นฟูป่า มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
14.50 – 15.10	<u>Oral 2</u> : การสำรวจบัวอบลชาติพื้นเมืองของไทยที่มีความสัมพันธ์ กับบัวจกกลนี้ โดย นายวิชัย ภูริปัญญวานิช สถาบันเทคโนโลยีนิวเคลียร์แห่งชาติ (องค์การมหาชน)
15.10 - 15.40	อาหารว่าง
15.40 – 16.00	<u>Oral 3</u> : การใช้ประโยชน์จากเห็ดเรืองแสงสิรินทร์มี (<i>Neonothopanus nambi</i> Speg.) ในการควบคุมไส้เดือน ฝอยรากปม (<i>Meloidogyne incognita</i> Chitwood) ในแปลงพริก โดย นางสาวสุรีย์พร บัวอาจ กรมวิชาการเกษตร
16.00 – 16.20	<u>Oral 4</u> : ศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของไลเคนบนใบไม้ ในป่าดิบชื้นในประเทศไทย โดย นางขวัญเรือน นาคสุวรรณกุล มหาวิทยาลัยมหาสารคาม
16.20 – 16.40	<u>Oral 5</u> : พฤกษศาสตร์พื้นบ้านของพืชอาหารจากป่าของชาว กะเหรี่ยงและลัวะในตำบลปางหินฝน อำเภอแม่แจ่ม จังหวัด เชียงใหม่ โดย กิตติยุทธ ปั่นฉาย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
16.40 – 17.00	<u>Oral 6</u> : ความหลากหลายชนิดสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกในพื้นที่โครงการ อนุรักษ์พันธุกรรมพืช มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา โดย นายอิฐสระราม แสนสุภา มหาวิทยาลัยพะเยา

วันที่ 23 มิถุนายน 2560

09.00 – 09.30	บรรยายพิเศษ “3D modeling techniques in palaeontology Thailand” โดย ดร.สุรเวช สุธีธร มหาวิทยาลัยมหาสารคาม
---------------	--

- 09.30 – 10.00 บรรยายพิเศษ “Upstream migrating freshwater shrimp (*Macrobrachium dienbienphuense* Dang & Nguen, 1972) in Lam Dome Yai River Headwater, Ubonratchathani Province and conservation tourism”
โดย รศ.ดร. ปราณีต งามเสน่ห์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
- 10.00 – 10.30 อาหารว่าง
- 10.30 – 11.00 บรรยายพิเศษ “การท่องเที่ยว 4.0 ในจังหวัดอุดรธานี”
โดย นายเสกสรร ศรีไพรวรรณ
ผู้อำนวยการการท่องเที่ยวแห่งประเทศไทย สำนักงานอุดรธานี
- 11.00 – 11.30 บรรยายพิเศษ “ทะเลบัวแดง และ คำชะโนด: อดีต ปัจจุบัน และอนาคต”
โดย คุณทินกร ทองเฝ้า
นายกสมาคมธุรกิจการท่องเที่ยว จังหวัดอุดรธานี
- 11.30 – 12.00 บรรยายพิเศษ "บ้านเชียง" มรดกโลก และความหลากหลายทางวัฒนธรรมในจังหวัดอุดรธานี”
โดย น.ส.สิรินทร์ ย้วนไยดี
หัวหน้าพิพิธภัณฑ์สถานแห่งชาติบ้านเชียง
- 12.00 – 12.30 มอบรางวัลภาคบรรยายและภาคโปสเตอร์ดีเด่น
กล่าวปิดการประชุม
โดย ศ.ดร.มรกต ตันติเจริญ ที่ปรึกษาอาวุโส
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
- 12.30 – 13.30 อาหารกลางวัน
- 13.30 – 17.00 ทัศนศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพ
(พิพิธภัณฑ์บ้านเชียง มรดกโลก)

สารบัญ

	หน้า
<u>PLENARY SESSION</u>	
Global perspectives on biodiversity research and management <i>Jeffrey A. McNeely</i>	25
Drones and sensors for bioresources and environmental management <i>Kitsanai Charoenjit</i>	26
The launch of the Thai Chapter of the Society for Conservation Biology: Why might joining this organization benefit Thailand's biodiversity <i>George A. Gale</i>	27
The Global Biodiversity Information Facility (GBIF) – a freely accessible source of primary biodiversity data <i>Henrik Balslev</i>	28
Accelerating classical taxonomy <i>Somsak Panha</i>	29
State of Mekong fishes: their potential for biodiversity indicator of the basin <i>Chavalit Vidthayanon</i>	30
Basic procedures to prepare, submit and finally publish your work in scientific journals: an example from the Natural History Bulletin of the Siam Society <i>Prachya Musikasinthorn</i>	31
<u>INVITED SESSION</u>	
Study and development of Coastal Ocean Circulation Simulation in the Gulf of Thailand together with artificial mangrove innovation for erosion protection <i>Shettapong Meksumpun, Thanadon Sattabongkot</i>	32
Biodiversity for use in agriculture <i>Khanty Keochanpheng</i>	33
Investigating the migration ecology of two Asian sparrow hawks along the East Asian Continental Flyway <i>Andrew J. Pierce, Philip D. Round, Chukiat Nualsri, Kaset Sutasha</i>	34

Habitat connectivity for Indochinese tigers	35
<i>Naparat Suttidate et al.</i>	
3D modeling techniques in palaeontology Thailand	36
<i>Suravech Suteethorn, Varavudh Suteethorn, Nareerat Boonchai</i>	
Upstream migrating freshwater shrimp (<i>Macrobrachium dienbienphuense</i> Dang & Nguen, 1972) in Lam Dome Yai river headwater, Ubonratchathani Province and conservation tourism	37
<i>Praneet Ngamsnae</i>	
<u>BIOLOGY AND CONSERVATION</u>	
Use of human dominated agricultural landscapes by King Cobras (<i>Ophiophagus hannah</i>)	39
<i>Colin Strine, Cameron Hodges, Surachit Waengsothorn, Pongthep Suwanwaree, Matt Goode</i>	
Status and distribution of two Otter species in Andaman Mangrove Forest in Southern Thailand	41
<i>Kitipat Phosri, Anucha Kamjing, Naruemon Tantipisanuh, Dusit Ngoprasert, Wanlop Chutipong</i>	
High motivation enables the smaller contestants to win the contests against larger opponents in fiddler crabs	43
<i>Fahmida Wazed Tina, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee</i>	
Phylogeography, demographic history and genetic connectivity of asian elephants in the Tenasserim Range, Thailand	45
<i>Worata Klinsawat, Shu-Jin Luo, Yu He, Lin Miao, Worawidh Wajjwalku, James L.D. Smith</i>	
Diversity of VSAREP satellite DNA family in monitor lizards	47
<i>Ornjira Prakhongcheep, Narongrit Muangmai, Kampee Pattanatanang, Rattarin Patcharakullawarawat, Surin Peyachoknagul, Tariq Ezaz, Kornsorn Srikulnath</i>	
Feeding biology of the edible-nest swiftlet in natural environment	49
<i>Utain Phummarin, Vijak Chimchome, Nantachai Pongpattananurak, Wattanachai Tasen</i>	
Road induced edge effects on a bird community in a dry evergreen forest	51
<i>Daphawan Khamcha, George A Gale</i>	

Age and gender structure of <i>Cycas elephantipes</i> in Phu Laen Kha National Park <i>Kawisara Saeheng, Pongthep Suwanwaree</i>	53
Collection and characterization of edible cassava <i>Kanyarat Champathong, Udomwit Vaidhayakarn</i>	55
Spatial and temporal changes in juvenile coral densities at Mu Ko Chumphon <i>Juthamart Putthayakool, Thamasak Yeemin, Chainarong Ruangthong, Makamas Sutthacheep, Watchara Samsuvan</i>	57
An analysis of gut content of the truncate-snouted spadefoot frog in the University of Phayao Plant Genetic Conservation Areas <i>Jenjira Kaewtip, Sitthisak Pinmongkholgul, Kriengkrai Seetapan</i>	59
A declining trend in soft corals at Hin Muanduew, Mu Ko Similan National Park <i>Charernmee Chamchoy, Thamasak Yeemin, Prarop Plangngan, Makamas Sutthacheep, Sittiporn Pengsakun, Wanlaya Klinthong</i>	61
Study on biodiversity of forest and wildlife at Lumsatone Stream Area in Ta-Phraya National Park <i>Chaiyong Buaban</i>	63
A preliminary study of seagrass species composition and their relationship with physical and chemical factors at Talibong Island, Trang Province, Thailand <i>Chadchai Khogkhao, Ken-ichi Hayashizaki, Piyalab Tuntipapas, Anchana Pratthep</i>	65
Diversity and utilization of tree species in Khlong Ta Nae Riparian Zone, Phatthalung <i>Cherdsak Kuaraksa</i>	67
Distribution and abundance of benthic dinoflagellates in seagrass areas of the Eastern Coast of the Upper Gulf of Thailand <i>Nantapak Potisarn, Thaithaworn Lirdwitayaprasit, Pornsilp Pholpunthin</i>	69
Effect of different concentrations of sodium hypochlorite on surface sterilization of termination and axillary bud for in vitro culture of <i>Phanera sirindhorniae</i> <i>Paphatsorn Riyabut, Vipavu Kamaon, Arpakorn Sakulsathaporn</i>	71
Structure and species composition of the islands ecosystem <i>Pornthawat Chalermwong</i>	73

Oxygen flux measurement in seagrasses using eddy correlation technique	75
<i>Ponlachart Chotikarn, Sutinee Sinutok, Andy Steven, Mark E. Baird, Geoffrey Carlin, Peter J. Ralph</i>	
Seed storage of native tree species for forest restoration in Northern Thailand	77
<i>Panya Waiboonya, Pimonrat Tiansawat, Stephen Elliott</i>	
Event detection for coral sensor network	79
<i>Pairot Sena, Sirirat Somchuea, Krisanadej Jaroensutasinee, Mullica Jaroensutasinee</i>	
Occurrence of coral diseases in shallow water reefs in Tan Island, Suratthani Province	81
<i>Matthika Daengyaem, Suchana Chavanich, Nilnaj Chaitanawisuti</i>	
Size structures of the wedge clam from the Hat Chao Mai and Haad Pakmeng, Trang Province	83
<i>Makamas Sutthacheep, Thamasak Yeemin, Manoch Wongsuryrat, Teerapong Prickchoopon, Wiphawan Aunkhongthong, Parichat Niyomthai</i>	
Zooplankton community in Paknam Langsuan, Chumphon Province	85
<i>Laongdow Jungrak, Thamasak Yeemin, Makamas Sutthacheep, Rattanawadee Niamsiri, Supakarn Paodung, Orathep Muresare</i>	
Plant conservation through traditional beliefs: plants for social use in Hmong Culture	87
<i>Varangrat Nguanchoo, Prasit Wangpakapattanawong, Henrik Balslev Angkhana Inta</i>	
Effect of artificial shading on coral bleaching due to high seawater temperature in the Western Gulf of Thailand	89
<i>Watchara Samsuvan, Thamasak Yeemin, Chainarong Ruangthong, Makamas Sutthacheep, Sittiporn Pengsakun</i>	
Wedge clam resource under a risky state: survey of local fisher folk	91
<i>Wichin Suebpala, Thamasak Yeemin, Makamas Sutthacheep, Manoch Wongsuryrat</i>	
Analyzing bivariate point pattern to examine tree species association in a forest	91
<i>Wirong Chanthorn, Warren Y. Brockelman, Anuttara Nathalang</i>	

Distribution and abundance of <i>Donax scortum</i> from the Hat Chao Mai National Park <i>Sittiporn Pengsakun, Thamasak Yeemmin, Makamas Sutthacheep, Manoch Wongsuryrat, Cheewarat Printragoon</i>	95
Growth and photosynthesis of macrophytes <i>Ceratophyllum demersum</i> in Songkhla Lake <i>Sutinee Sinutok, Ponlachart Chotikarn</i>	97
Reproductive biology of <i>Perinereis aibuhitensis</i> from commercially culturing system <i>Suraphol Chunhabundi, Thamasak Yeemin</i>	99
Seasons affecting on <i>Aedes aegypti</i> and <i>Aedes albopictus</i> larvae abundance in southern Thailand <i>Anantanit Chumsri, Fahmida Wazed Tina, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee</i>	101
Research on traditional knowledge of plant biodiversity in communities of Nakhon Panom and Mukdaharn Province <i>Udomwit Vaidhayakarn, Kanyarat Champathong, Piyarat Jangpol, Pajaree Inthachub</i>	103
<u>BIODIVERSITY USE AND MANAGEMENT</u>	
Knowledge management model for using biodiversity for ecotourism: discovery of singing fish in Kwan Phayao Lake <i>Luethaipat Pimonsree, Santiwat Pithakpol, Anulak Prasatkhetragarn, Montra Pongnil</i>	107
Evaluating the environmental state of Bung Boraphet Wetland by DPSIR approach <i>Aree Suwanmanee</i>	109
Non-timber forest products, natural capital in Huai Kha Khaeng World Heritage site and value to community <i>Khomchedtha Charungphan, Boonsong Muangsri, Nawarat Khongchipyuen</i>	111
Study on carbon loss in the case of Mae Wong Dam Project <i>Thammanoon Temchai, Songtam Sukswang, Puntipha Jaikaew, Petcharat Deekaew, Piyaporn Matpang, Panida Puritang, Natchanonth Pula, Thijs Willem Bredenhoff</i>	113

Applying landscape 3d photogrammetry technique to monitor coral reef community	115
<i>Sirirat Somchuea, Krisanadej Jaroensutasinee, Mullica Jaroensutasinee</i>	
Forecasting malaria in Mae Hong Son Province using time series analysis	117
<i>Kanitta Keeratipattarakarn, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee</i>	
Kwan Phayao; Law on tourism development in international wetland	119
<i>Pongpipat Sanedee, Luethaipat Pimonsree</i>	
Tourism effect on mosquito diversity and breeding sites in southern Thailand	121
<i>Pennapa Kooviboonsin, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee</i>	
Monetary value from edible <i>Amanita</i> and other wild edible mushrooms in a <i>Dipterocarpus alatus</i> plot at Phusing Agricultural Development Center, Sisaket Province	123
<i>Sayanh Somrithipol, Umpava Pinruan, Sujinda Sommai, Thitiya Boonpratuang, Somruedee Takhiankling, Krissana Nissa</i>	
<i>Rhizophora mucronata</i> planting developments by antagonistic fungal pellets mixed for restoration at abandoned shrimp farming	125
<i>Sukhan Rattanaloeadnusorn, Atchanut Rattanaloeadnusorn</i>	
<u>SYSTEMATICS TAXONOMY AND PRIMARY UTILIZATION</u>	
The global tree seed project	129
<i>Greuk Pakkad, Stephen Elliott</i>	
Survey of wild food plants of the Karen and Lawa in Pang Hin Fon sub-district, Mae Chaem district, Chiang Mai province	131
<i>Kittiyut Punchay, Angkhana Inta, Pimonrat Tiansawat, Henrik Balslev Prasit Wangpakapattanawong</i>	
Study of foliicolous lichen biodiversity from tropical rainforests in Thailand	133
<i>Khwanyuruan Naksuwankul</i>	
Large spiders in Thailand: current state of affairs with Mesothelae and Mygalomorphae research (Arachnida: Araneae)	135
<i>Natapot Warrit</i>	

Exploration of Thai native waterlilies related to <i>Nymphaea siamensis</i> Puripany. <i>Vichai Puripunyavanich, Primlarp (Wasuwat) Chukiattman, Woranuch La-onsri, Kanokporn Boonsirichai</i>	137
Application of luminescent mushroom “Sirin Rassamee” (<i>Neonothopanus nambi</i> Speg.) for control of root - knot Nematode (<i>Meloidogyne incognita</i> Chitwood) in chilli <i>Bua-art Sureeporn, Boossaracum Udomsak, Tridate Khaithong, Nuchanart Tangchitsomkid, Payoaw Phompanjai, Weerasak Saksirirat</i>	139
Species diversity of amphibians in the university of Phayao plant genetic conservation areas, Phayao Province <i>Itsaram Saensupa, Jakkaphan Tanitsom, Sitthisak Pinmongkholgul Kriengkrai Seetapan</i>	141
Six new species of insect fungi Genus <i>Ophiocordyceps</i> in Thailand <i>Kanoksri Tasanathai, Donnaya Thanakitpipattana, Wasana Noisriboom, Artit Khonsanit, Suchada Mongkolsamlit, Jennifer Luangsa-ard</i>	143
Diversity of lichen species in the service zone and recreation zones at Doi Inthanon National Park, Chiang Mai Province <i>Kan Jumnongpakdi, Kasamon bourkaew</i>	145
Partial mitochondrial genome sequence of <i>Betta stiktos</i> and the separated evolutionary of Osphronemidae <i>Jatupong Ponjarat, Ornjira Prakhongcheep, Narongrit Muangmai, Surin Peyachoknagul, Kornsorn Srikulnath</i>	147
Updated aero-aquatic fungi from Thailand since 1996-2017: fungal notes and taxonomy <i>Charuwan Chuaseeharonnachai, Kaoru Yamaguchi, Jureerat Ueapattanakit, Satinee Suetrong, Veera Sri-Indrasutdhi, Izumi Okane, Akira Nakagiri, Sayanh Somrithipol, Nattawut Boonyuen</i>	149
The capability of geothermal soil-borne fungi under various growth temperature profiles <i>Jureerat Ueapattanakit, Nattawut Boonyuen, Charuwan Chuaseeharonnachai, Veera Sri-Indrasutdhi</i>	151
COI barcoding for identification of seahorse species in Thailand <i>Chalintorn Wilaisorn, Wiwattanan Boonyong, Akarapong Swatdipong</i>	153

A new record of mygalomorph spider Genus <i>Atmetochilus</i> Simon, 1887 in Thailand (Araneae, Nemesiidae)	155
<i>Chawakorn Kunsete, Varat Sivayyapram, Chaowalit Songsangchote, Natapot Warrit</i>	
Assessing Apoidea diversity in Thailand: potential crop pollinators beyond <i>Apis</i>	157
<i>Natapot Warrit</i>	
Rapid detection of <i>Astraeus mycorrhiza</i> by using specific primer	159
<i>Natthawut Wiriyathanawudhiwong, Umpawa Pinruan, Phongswat Khamsuntorn, Sujinda Sommai, Thitiya Boonpratuang</i>	
Identification of fungus growing termite in Thailand using DNA barcoding	161
<i>Nicharee Jannual, Mingkwan Nipitwattanaphon, Sasitorn Hasin</i>	
Newly identified fungal pathogens of Orthoptera in Thailand	163
<i>Donnaya Thanakitpipattana, Kanoksri Tasanathai, Suchada Mongkolsamrit, Artit Khonsanit, Supaporn Lamlerthton, Jennifer Luangsa-ard</i>	
Morphological characteristics and bio-molecular identification of the Genus <i>Micropsalliota</i> in Amnat Charoen Province	165
<i>Tuksaporn Thummmarukcharoen, Maneerat Pobkwamsuk, Natthawut Wiriyathannawudhiwong, Rattaket Choeyklin, Prapapan Sawhasan, Patarachai Chuthamas, Thitiya Boonpratuang</i>	
Biodiversity database information of mushrooms at the Khao Kra-dong Volcano Forest Park	167
<i>Tepupsorn Saensuk, Suteera Suntarak, Drusawin Vongpramate, Purim Chadarattanathiti</i>	
Understory plants in petrified forest park, Tak Province	169
<i>Thiamhathai Choopan, Sunitsorn Pimpasalee, Nopharat Kaewmora</i>	
Taxonomy and morphology of mason bees subgenus <i>Callomegachile</i> Michener, 1962 in Thailand (Hymenoptera; Megachilidae)	171
<i>Nontawat Chatthanabun, Natapot Warrit</i>	
Mitochondrial <i>COI</i> and <i>Cytb</i> barcodes revealed 35 snake species identification	173
<i>Nararat Laopichienpong, Narongrit Muangma, Arrjaree Supikamolseni, Panupon Twilprawat, Lawan Chanhome, Sunutcha Suntrarachun, Surin Peyachoknagul, Kornsorn Srikulnath</i>	

Species diversity of freshwater prawns in Eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site <i>Nukul Saengphan, Sompong Thongsikhem, Au-aree Suksomnit</i>	175
A checklist of species diversity and distribution of Genus <i>Padina</i> in Thailand <i>Bongkot Wichachucherd, Anchana Prathep</i>	177
A Survey of viruses in Thai native honeybees and their parasitic mites <i>Prapun Traiyasut, Panuwan Chanthawannakul, Natapot Warrit</i>	179
Complete mitochondrial genome structure of curve-toed gecko (<i>Cyrtodactylus thirakupti</i>): Novel markers to reveal evolutionary history of <i>Cyrtodactylus</i> <i>Prapatsorn Areesirisuk, Narongrit Muangmai, Kirati Kunya, Sudarath Baicharoen Surin Peyachoknagul, Budsaba Rerkamnuaychoke, Kornsorn Srikulnath</i>	181
Diversity, antioxidant properties and total phenolics content of <i>Termitomyces</i> spp. <i>Prapapan Sawhasan</i>	183
Nutritional influences on mycelium growth of <i>Astraeus</i> in laboratory <i>Prasert Srikitikulchai, Sarunyong Wongkanoun, Sujinda Sommai</i>	185
Diversity of saprobic fungi on sagu and oil palms <i>Phongswat Khamsuntorn, Umpava Pinruan, Sujinda Sommai</i>	187
Marine fungi from mangrove habitat: enzymatic and biological activities <i>Panida Unagul, Satinee Suetrong, Sita Preedanon, Anupong Klaysuban, Wanna Gundool, Jariya Sakayaroj, Tanuwong Sangtian</i>	189
Taxonomy and DNA barcoding of cleptoparasitic bee in Genus <i>Thyreus</i> Panzer, 1806 in Thailand <i>Penthip Wititpong, Nontawat Chatthanabun, Prapun Traiyasut, Natapot Warrit</i>	191
Suitable protective agents for microbial long-term preservation using liquid-drying technique <i>Pattaraporn Rattanawaree, Sasitorn Jindamorakot, Veera Sri-Indrasutdhi, Suwanee Chunhametha, Somjit Am-in, Wipaporn Ngaemthao, Jureerat Ueapattanakit, Nathavarash Udomnitinatrada, Kusuma Srisuk</i>	193

Novel Multiplex PCR assay for sex identification in caenophidian snakes	195
<i>Panupong Tawichasri, Nararat Laopichienpong, Tassika Koomgun, Lawan Chanhome, Sunutcha Suntrarachun, Rattantin Phatcharakullawarawat, Sudarath Baicharoen, Surin Peyachoknagul Kornsorn Srikulnath</i>	
Identification of <i>Termitomyces</i> species in Amnat Charoen Province	197
<i>Maneerat Pobkwamsuk, Tuksaporn Thummmarukcharoen, Natthawut Wiriyathannawudhiwong, Pachara Chotjitrakorn, Rattaket Choeyklin, Prapapan Sawhasan, Patarachai Chuthamat, Thitiya Boonpratuang</i>	
A novel spore-forming bacterium, <i>Paenibacillus aurantiacus</i> isolated from ant nest soil at Ban Dung, Udonthani	199
<i>Metinee Wasoontharawat, Wongsakorn Phongsopitanun, Sakutala Siriudom, Somboon Tanasupawat</i>	
Heterotrophic nitrifying bacteria for ammonium-saline waste water treatment	201
<i>Yutthapong Songnoi, Sunipa Chankaew, Sompong O-Thong</i>	
Whole genome sequencing of Siamese crocodile, <i>Crocodylus siamensis</i>	203
<i>Prapatsorn Areesirisuk, Worapong Singchat, Aorarat Suntronpong, Tanawut Srisuk, Narongrit Muangmai, Sasimanas Unajak, Yosapong Temsiripong, Surin Peyachoknagul, Chinae Thammarongtham, Seyoung Mun, Kyudong Han, Kornsorn Srikulnath</i>	
Taxonomic revision of the primitive trapdoor spider Genus <i>Liphistius</i> (Mesothelae; Liphistiidae) in Thailand	205
<i>Varat Sivayyapram, Natapot Warrit</i>	
<i>Metarhizium</i> sp. new species on coleopteran larva from Ban Phao Thai Community Forest, Phitsanulok Province	207
<i>Wasana Noisripoom, Supaporn Lamlertthon, Suchada Mongkolsamrit, Rachada Promharn, Janet Jennifer Luangsa-ard</i>	
Diversity and host relationship of an insect fungus, <i>Ophiocordyceps nutans</i>, from Thailand	209
<i>Wuttikorn Pooissarakul, Suchada Mongkolsamrit, Janet Jennifer Luangsa,-ard, Nattawut Rungjindamai</i>	

Diversity of <i>Bacillus</i> spp. which control yellow wilt disease and growth promotion in tomato	211
<i>Sirirat Siripornvisal, Vichien Kitpreechavanich</i>	
Haplotype analysis of captive Siamese crocodile (<i>Crocodylus siamensis</i>) and saltwater crocodile (<i>Crocodylus porosus</i>) in Thailand	213
<i>Sorravis Lapbenjakul, Watcharaporn Thapana, Panupon Twilprawat, Narongrit Muangmai, Thiti Kanchanaketu, Yosapong Temsiripong, Sasimanas Unajak, Kiattawee Choowongkomon, Surin Peyachoknagul, Kornsorn Srikulnath</i>	
Fungal notes and contaminants detected via BIOTEC's fungal isolation and identification services	215
<i>Salilaporn Nuankaew, Tuksaporn Thummarukcharoen, Umpava Pinruan, Janet Jennifer Luangsa-ard, Nattawut Boonyuen</i>	
Species diversity of marine fungi from Satun Province, southern Thailand	217
<i>Satinee Suetrong, Sita Preedanon, Anupong Klaysuban, Jariya Sakayaroj, Panida Unagul, Wanna Gundool, Oraphin Pracharoen, Waratthaya Promchu, Tanuwong Sangtian</i>	
Noteworthy and rare marine ascomycetes reported for Thailand	219
<i>Sita Preedanon, Satinee Suetrong, Anupong Klaysuban, Pitchaya Kedkaew, Waratthaya Promchoo, Wunna Gundool, Tanuwong Sangtiew, Jariya Sakayaroj</i>	
Molecular confirmation of the presence of <i>Cantharocybe virosa</i> , a gastrointestinal irritant (GI) mushroom in Thailand	221
<i>Sittiporn Parnmen, Sujitra Sikaphan, Siriwan Leudang, Nattaphong Nantachaiphong, Sudarat Juntaporn, Chutimon Uttawichai, Apiwat Tawatsin</i>	
A new record of <i>Pseudogibbellula formicarum</i> , a hyperparasite of <i>Hirsutella</i> sp. from organic fruit orchard in Thailand	223
<i>Siraphop Pumiputikul, Suchada Mongkolsamrit, Supaporn Lamlerthton, Janet Jennifer Luangsa-ard</i>	
Genetic baseline for sustainable fishery management of short mackerel, <i>Rastrelliger brachysoma</i> (Bleeker, 1851) in the Gulf of Thailand	225
<i>Sirithorn Kongsang, Wiwattanan Boonyoung, Akarapong Swatdipong</i>	

A survey of <i>Astraeus</i> species in North and Northeast Thailand	227
<i>Sujinda Sommai, Supicha Saengkaewsook, Phongswat Khamsuntorn, Saranyou Wongkanoun, Prasert Srikitikulchai, Umpava Pinruan, Sayanh Somrithpol</i>	
An analysis of alkaloid muscarine-containing mushrooms using liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS)	229
<i>Sudarat Juntaporn, Sittiporn Pannmen, Siriwan Leudang, Sujitra Sikaphan, Kornchanok Porntaweasuk, Tidarat Chumpoobang, Phaksaman Jitwiryatham, Dutsadee Polputpisatkul, Sathaporn Ramchiun, Apiwat Tawatsin</i>	
Genetic diversity of mitochondrial DNA D-loop among multi-hybrid cattle (<i>Bos taurus</i> and <i>Bos indicus</i>) in Saraburi and Lopburi Provinces	231
<i>Attachai Kantachumpoo, Danai Jattawa, Prapatsorn Areesirisuk, Narongrit Muangmai, Surin Peyachoknagul, Thanathip Suwanasopee, Skorn Koonawootrittriron, Kornsom Srikulnath</i>	
Analysis of gene expression of metabolic bone diseases of the Siamese crocodile (<i>Crocodylus siamensis</i>)	233
<i>Prapatsorn Areesirisuk, Aorarat Suntronpong, Worapong Singchat, Tanawut Srisuk, Narongrit Muangmai, Sasimanas Unajak, Yosapong Temsiripong, Surin Peyachoknagul, Chinae Thammamongtham, Seyoung Mun, Kyudong Han, Kornsom Srikulnath</i>	
Species composition and distribution of the marine Isopod Genus <i>Cirolana</i> in coastal Thailand	235
<i>Eknarin Rodcharoen, Niel L. Bruce, Pornsilp Pholpunthin</i>	
Tree diversity and local wisdom of useful plants in Kok Kung 2 Community Forest, Ban Kok Kung 2, Selaphume District, Roi Et Province	237
<i>Aorn Anong, Pimrudee Chinawong, Auemporn Junsongduang</i>	

Plenary and Invited Session



Global perspectives on biodiversity research and management

Jeffrey A. McNeely

1445/29 Petchkasem Road, Sai Tai Cha Am, Petchburi Province 76120, Thailand

Corresponding author: jeffmcneely2@gmail.com

By some measures, the first decade and a half of the 21st century experienced more technological progress than all of the 20th century, and the rate of change continues to accelerate. The environmental impacts of the economic development that is linked to this technological innovation has generated significant responses from governments, the private sector, and civil society in all parts of the world. One important response has been a notable expansion of the proven conservation technology of protected areas throughout the world, though management effectiveness often has lagged far behind the increase in size. Another has been the broad acceptance of the concept of sustainable development and its links to ecosystem services by responsible parts of the private sector. Those who are concerned about the state of the world's biodiversity are devoting considerable attention to research and development of new technologies, in hopes of feeding this intellectual power into improved management of genes, species, and ecosystems. Since biodiversity is a comprehensive term, it affects numerous sectors of modern societies. This presentation explores emerging technologies that can be applied to improving the management of human impacts -- both positive and negative -- on biodiversity. It will address a wide range of links of biodiversity to topics such as ecotourism, cultural diversity, agriculture, human health, fisheries management, climate change, habitat restoration, and species conservation. These perspectives will in turn be linked to biodiversity research and management.

Keywords: protected areas, private sector, ecosystem services

Drones and sensors for bioresources and environmental management

Kitsanai Charoenjit

*Faculty of Geoinformatics, Burapha University, Amphoe Mueang Chon Buri,
Chon Buri Province 20131, Thailand*

Corresponding author: kitsanai@go.buu.ac.th

Nowadays, the cutting-edge technology on drones and sensors are arrived in your hand. Remote sensing and Geoinformation data are an ideal tool for collecting baseline data and mapping conditions over large areas because of its precision, growing capability on bioresources and environmental monitoring. The aerial drone (or sUAV), underwater drone (or ROV), street drone (360 street view) are used integrating fixed sensor with camera trap, GPS tracking, weather and water-air sensors for the ecology mapping 360°. Nevertheless, even we have more tool for collecting data but the gap of technology is still distinguished problem on network communication. In near future, more tech startup will be applied the new platform network for support IoT application (Data streaming, Remote operation) and overcome from the 3G, 4G cellular to LoRa network or etc. Thus, the innovation of drones, sensors and networks have a potential candidate to the new way smart management for maximize efficiency and minimize consumption on National Parks, Wildlife Sanctuaries and Protected zone in Thailand.

Keywords: Drone, Remote sensing, Bioresources

The launch of the Thai Chapter of the Society for Conservation Biology: Why might joining this organization benefit Thailand's biodiversity

George A. Gale

Conservation Ecology Program

School of Bioresources & Technology King Mongkut's University of Technology Thonburi,

Bangkhuntien, Bangkok 10150, Thailand

Corresponding author: ggkk1990@gmail.com

The Society for Conservation Biology (SCB) is an international professional organization which focuses on the study of factors that affect the maintenance, loss, and restoration of biological diversity. SCB's membership comprises a broad range of people interested in the conservation and study of biological diversity, including resource managers, educators, government and private conservation workers, and students. There are more than 5,000 members world-wide. The Society was founded in Ann Arbor, Michigan, in 1985. The mission of SCB is to advance the science and practice of conserving Earth's biological diversity. The five main goals of the SCB are: (1) "advocate support for, and facilitate the creation and dissemination of, conservation science, (2) identify and support the scientific research needed to understand and conserve biological diversity, (3) appraise scientific outputs and disseminate the highest quality science, (4) increase application of science to management and policy and (5) directly inform management and policy at local, national, regional, and global levels with the highest quality science." The Thai chapter of SCB was launched in February 2017 and held its first meeting in which >40 researchers and students attended. The hope is that through connections to the SCB parent organization that the Thai SCB chapter can facilitate networking and specialized training for students and researchers in Thailand and the region.

Keywords: Scientific organization, international networking, capacity building

The Global Biodiversity Information Facility (GBIF) – a freely accessible source of primary biodiversity data

Henrik Balslev

*Ecoinformatics and Biodiversity group, Department of Bioscience, Aarhus University, Build 1540, Ny Munkegade 116, DK-8000 Aarhus C., Denmark
Corresponding author: Henrik.balslev@bios.au.dk*

The Global Biodiversity Information Facility (GBIF) is an interoperable, distributed network of scientific biodiversity databases. Its goal is to make the world's scientific biodiversity data — with a focus on species and specimen data — freely available to all. GBIF is built around an electronic catalog of names and provides access to biological species- and specimen-data around the world through specialized search engines. Currently GBIF gives access to 715 million species occurrence records derived from 31,780 datasets hosted in 54 countries and 39 organisations. Every month 26.7 billion records are downloaded from GBIF by 105,729 users. Data from GBIF is used by researchers globally in publications about alien and invasive species, impact of climate change, conservation and protected areas, biodiversity and human health, ecosystem services, and much more. Although any person in any country around the world can freely access data through GBIF, Thailand is not a participant in the GBIF network. This presentation is to encourage Thailand to become a participant.

Keywords: Alien and invasive species, Databases, Search engines

Accelerating classical taxonomy

Somsak Panha

Center of Excellence on Biodiversity, Faculty of Science, Office of Higher Education
Committee, Chulalongkorn University, Pathum Wan, Bangkok, 10330, Thailand

Corresponding author: somsak.pan@chula.ac.th

Species are becoming extinct more rapidly than they are being described. Classical taxonomy is still significant in the transitional period to modern evolutionary based systematics for digitizing the living world. DNA barcoding is a powerful tool for generating computable data, which are in many ways much easier to work with than classical descriptions. However, many DNA barcodes are not identified to species level, and these molecular operational taxonomic units (MOTU), or ‘dark taxa’, together with the offline taxonomic description literatures, or ‘dark texts’, remain unpaired and orphaned. Voucher specimens are one potential common currency for both the taxonomic literature and sequence databases, and could be used to help link accurate scientific names with the on-line literature and sequences. It is worthwhile carefully verifying the names, descriptions and digitizing all things into account. The common Southeast Asian earthworm genera *Amyntas* Kinberg, 1867 and *Metaphire* Sims and Easton, 1972 illustrate distinct cases on the wrong identification and misleading utilization. The name *Pheretima peguana* Stephenson, 1923 was used for several decades, but it has subsequently been verified as *Metaphire peguana* (Rosa, 1890) by integrating several morphological and molecular characters. The common house centipede *Scolopendra subspinipes* Leach, 1814 is also a great example of taxonomic verification. This presentation will discuss the practicalities of accelerating descriptive taxonomy; improvements that can be made to the current array of tools available; changes and modifications to the codes of nomenclature that might speed up the process; and how fast, open-access descriptive taxonomy can be made free both to publish and for end-users.

Keywords: taxonomy, DNA barcoding, dark taxa, taxonomic verification

State of Mekong fishes: their potential for biodiversity indicator of the basin

Chavalit Vidthayanon

*Freelance Researcher, Scientific Committee Seub Nakhasathien, 140, Banggasaw,
Nontaburi 11000 Thailand*

Corresponding author: chavaliv@hotmail.com

The Mekong River Basin is a global biodiversity hotspot for fish, comprising 12 habitat types from highlands to coastal waters, including peat swamps, subterranean streams and crater lakes. The basin supports 900 fish species including 700 primary and secondary freshwater species and over 200 estuarine and marine visitors. Such fish speciose represents about 2% of vertebrates on earth, or 3.4% of global fish species, with the highest species density per area; 1.365 species/1000 km² or more than twice that of the Amazon. Within this diversity, 306 endemic fishes or 27.3% of the entire basin's fishes, and more than 30 species are still undescribed or unresolved. Ninety-nine (99) of 519 Mekong species assessed are listed on the IUCN Red List: 55 are Threatened (12 CR, 15 En and 28 VU), 45 Near Threatened, Data Deficient taxa. The basin's fish biodiversity is the world's highest fish production source at around 2% of global captive fishery; or 3.9 million tonnes at a value of US\$ 4-7 billion/annually. Mekong fishes also play an important role as Key Environmental Assets, and have potential for use as Biodiversity Indicators. At least 7 headline indicators are applicable, including ecosystem integrity, goods and services; the Red List Index; Wild Commodity Index, biodiversity for food & medicine; the Living Planet Index; trends in invasive alien species; trophic integrity, and as an indicator for the status of indigenous and traditional fishing (ethno-diversity). This biodiversity monitoring can be carried out in different ways from the field habitats to the simple way: visiting local fish markets.

Keywords: Fish Fauna, Mekong River System, Conservation Status, Biodiversity Monitoring

Basic procedures to prepare, submit and finally publish your work in scientific journals: an example from the Natural History Bulletin of the Siam Society

Prachya Musikasinthorn

Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University,

Chatuchak, Bangkok 10900, Thailand

Corresponding author: ffispcm@ku.ac.th

In the scientific community, one of the most important processes at the end of research activities is to publish results. This is especially true in the world of natural science, where results are usually reported in the form of peer-reviewed papers which are published in scientific journals. In Thailand, however, a consensus related to the kind and quality of publication (journals, proceedings of domestic conferences etc.) for publishing scientific papers in is still lacking. There is a tendency for researchers, including graduate students, to publish their works in scientific journals or other kinds of print media which fall short in terms of scientific standards. This may be caused by a misunderstanding about the meaning and basic procedures in publishing papers in scientific journals including the reviewing (refereeing) process. This also reflects insufficiency in training, both in terms of the logic and practice, in “how to write a paper” for graduate students in most Thai universities. In the present presentation, I will explain the basic procedures on how to prepare, submit and finally publish works in scientific journals including an explanation of each step in the process and actual examples by using the Natural History Bulletin of the Siam Society (NHBS), of which I am presently the editor-in-chief.

Keywords: scientific journal, publication, reviewing process, graduate students

Study and development of coastal ocean circulation simulation in the Gulf of Thailand together with artificial mangrove innovation for erosion protection

Shettapong Meksumpun^{1, 2*} *Thanadon Sattabongkot*³

¹ *Department of Marine Science, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900, Thailand*

² *Center for Advanced Studies in Tropical Natural Resources, National Research University-Kasetsart University, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900, Thailand (CASTNAR, NRU-KU, Thailand)*

³ *Artowood (Thailand), Lardbualuang Destrict, Ayutdaya, 13230 Thailand*

**Corresponding author: fffsspm@ku.ac.th*

Now a day, beach erosion becomes one of the Thai national treat on environment issue. The result of erosion made the mangrove forest to diminish along Thai shore line. In some area, the erosion invades the land on the magnitude of 25.0 meter per year. In present day, there are many engineering design to help protect the land namely soft structure and hard structure. Most of those structures good for long term solution but often time generate new problem such as neighbor space erosion (next door erosion). In this research, the four difference patterns of breakwater installation were decided as following; 1) low density of wood-plastic composite with artificial aerial root, 2) high low density of wood-plastic composite with artificial aerial root, 3) wood-plastic composite without artificial aerial root, 4) Bamboo stick. The results indicated that the second pattern of installation can increase the sedimentation more than 20 cm after the installation for 9 months. Whereas, the grain size among 63–125 μm was markedly increased behind the breakwater. The sediment is composed of dense muddy sand. The total organic matter of surface sediment ranged between 3.03–7.12% throughout the study. In addition, the total organic matter of surface sediment in front of the breakwater was higher than that of behind the breakwater. The concentrations of heavy metals in the sediment were under standard value (US EPA). Overall result indicates that the installation of breakwater following first and second patterns have more efficiency for increasing sedimentation rate than those of the third and fourth patterns. Moreover, the sediment quality behind the breakwater is suitable for mangrove plantation in the future.

Keywords: artificial mangrove, erosion, marine environment

Biodiversity for use in agriculture

Khanty Keochanpheng

Ministry of Science and Technology, Vientiane, Lao PDR

Corresponding author: kkeochanpheng@yahoo.com

Laos is at the center of the Mekong River basin, one of the most biologically diverse regions of the world, and it is second only to India in terms of rice genetic diversity. Eighty percent of the population is engaged in agriculture and make extensive use of a variety of traditional farming methods. This presentation will begin with an overview of the bio-diversity in rice, fish, livestock and vegetables in Laos. It will then offer some insights into the state of genetic resources for plants, animals, and microbial and fungal organisms. Finally, more specific information will be shared regarding the use of bio-diversity in rice production and in the use of fungi for pest control.

Keywords: genetic resources, rice, fungi

Investigating the migration ecology of two asian sparrowhawks along the East Asian Continental Flyway

Andrew J. Pierce*, Philip D. Round, Chukiat Nualsri, Kaset Sutasha

Conservation Ecology Program, School of Bioresources & Technology King Mongkut's University of Technology Thonburi, Bangkhuntien, Bangkok 10150, Thailand

*Corresponding author: andyp67@gmail.com

Raptors are at the apex of the food chain and are important indicators of the state of the environment. Defining their breeding and wintering grounds and their migration routes is essential for their conservation.

At least 0.5 million raptors migrate annually between breeding areas in temperate North and East Asia, to non-breeding areas in Southeast Asia. They use two main routes: The East Asian Oceanic Flyway and the more westerly East Asian Continental Flyway. This latter route includes the Thai-Malay Peninsula where annual monitoring takes place at Khao Dinsor, Chumphon.

We fitted small 5 g solar-powered satellite transmitters to two females Chinese Sparrowhawks (*Accipiter soloensis*) and three females Japanese Sparrowhawks (*A. gularis*) caught on migration at Khao Dinsor, enabling us to track their movements. The Chinese Sparrowhawks continued south to Malaysia, crossing into Sumatra. One spent five months there while the other continued eastwards along the Sunda island chain to Adunara island near Timor.

One Japanese Sparrowhawk flew to extreme southern Malaysia, then eastwards to Kalimantan, continuing to the northern tip of Sabah, Malaysia. The second disappeared in peninsular Malaysia, while the third passed south of Kuala Lumpur, crossed to Sumatra, and moved south-east to Bangka Island.

The return migrations of all four surviving birds, starting in March 2017, were similar to their outward routes except that they by-passed Chumphon, following instead the west flank of the peninsula. All continued north into China, following broadly similar routes before their paths diverged. The signal from one Japanese Sparrowhawk was lost in Yunnan province while the other continued into Southeast Russia, covering 7,500 km in 52 days. Both Chinese Sparrowhawks migrated to presumed breeding areas in Hunan and Guangxi provinces, respectively.

A ground survey of two sparrowhawks, one of each species, showed that both non-breeding sites were dominated by human-altered habitats: plantations of oil palm, rubber and introduced acacias. This suggests that away from their breeding areas these raptors may be able to adapt to depauperate man-made environments.

Keywords: Sparrowhawks, raptors, migration routes

Habitat connectivity for Indochinese tigers

Naparat Suttidate et al.

Department of Biology, School of Science, Walailak University, Tha Sala District,

Nakhon Si Thammarat Province 80161, Thailand

Corresponding author: naparat.suttidate@gmail.com

The Indochinese tiger (*Panthera tigris*) is restricted to small, fragmented, and isolated populations within human-dominated landscapes. Habitat connectivity is crucial for their long-term survival because their large home ranges require well-connected habitat patches. Our goal was to assess potential habitat connectivity for Indochinese tigers in Thailand. We estimated tiger's habitat suitability with an ensemble species distribution models based on camera-trap data from 15 protected areas with trophic interactions and abiotic variables. We used least-cost path and circuit theory analyses to estimate potential dispersal among suitable habitat patches. We employed graph theory to evaluate the relative importance of potential habitat patches and dispersal corridors to overall connectivity network. Currently-occupied habitat patches were highly fragmented and isolated with high resistance for movement within the dispersal corridors. However, we identified potential habitat patches that could serve as target sites for reintroduction and restore connectivity, especially in the Western Forest complex. The Western Forest Complex habitat patches and dispersal corridors were the most important for maintaining the overall habitat connectivity network. More broadly, our results delineate potential habitat patches and corridors within a fragmented landscape of Thailand that are integral for maintaining overall connectivity among populations, and thus offer an effective tool for conservation planning of tigers and other large carnivores.

Keywords: Carnivores, Habitat Connectivity, Conservation

3D modeling techniques in palaeontology Thailand

Suravech Suteethorn^{1,2}, Varavudh Suteethorn^{2}, Nareerat Boonchai²*

¹ Department of Biology, Faculty of Science, and ² Palaeontological Research and Education Centre, Mahasarakham University, Kantarawichai, Maha Sarakham, 44150 Thailand

**Corresponding author: suteethorn@gmail.com*

Technology is changing and improving so quickly, we can easily create 3D models using our mobile phones. We use 3D models in all disciplines, e.g., movies, engineering prototyping, medical use, scientific research, and even palaeontology. In our paleontological projects, we applied several 3D modeling techniques including Computer Tomography (CT scan), 3D scanner and photogrammetry to acquire and compare 3D data of fossils including vertebrate specimens such as dinosaur bones, reptile eggs, and fossil wood. CT scanning is the most expensive technique, in which we can view internal structures of specimens. It can be used for small specimens, ranging from 1-30 cm in diameter. 3D scanner displays the surface data, shape, and texture. Photogrammetry technique is a universal tool and is generally less expensive than other 3D modeling techniques. Nevertheless, it requires a high performance computer and a competent user to utilize such complicated software. This technique has no limit in size of the specimens and provides a 3D model which displays shape, external texture and colour. Thus each technique has its pros and cons for our projects, depending on the specimen, product/result, equipment, timing, and budget.

Keywords : 3D modeling, Computer tomography, 3D scanner, Photogrammetry, fossil, palaeontology

Upstream migrating freshwater shrimp (*Macrobrachium dienbienphuense*
Dang & Nguen, 1972) in Lam Dome Yai river headwater, Ubonratchathani
Province and conservation tourism

Praneet Ngamsnae

Department of Fisheries, Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University,
Warin Chamrab Destrict, Ubon Ratchathani 34190

Corresponding author: praneet.n@ubu.ac.th, praneetng@yahoo.co.th

Investigations on migrating freshwater shrimp were conducted two phases. The first study was to identify the shrimp species that performs upstream migration behavior, and to evaluate potential environmental factors affecting this migration. The study sites of were Kaeng Lam Duan waterfall and ten stations along Lam Dome Yai River headwater zone. The findings revealed that among the three species of shrimps collected, *Macrobrachium dienbienphuense* (Dang and Nguyen, 1972) was the only migrating shrimp species. This upstream migration phenomenon was only presented at the river bank of Kaeng Lam Duan waterfall. Migrants were mostly non-berried females shrimps (95%) in this positive rheotaxis behavior. The combination of at least three environmental factors that most likely to be the key factors triggering migration events, were water-current velocity, darkness (nocturnal migration) and wetted stream bank. A habitat suitability model for this species was subsequently developed, for using as a tool to evaluate the quality of habitats. HSI curves were designed based on the assumption that there is a positive relationship between HSI curves and the carrying capacity of the environment. Verification of the model provided a significant positive correlation ($P>0.01$), between the shrimp abundances and HSIs. The result demonstrates the value of habitat suitability assessment as a tool for the species conservation planning. Focus groups discussion on threats to *M. dienbienphuense* habitats was performed. The details on causes and pressure of the threats also evaluated, to make a contribution towards the development and implementation of community-based management plan. The evaluation framework was described, showing potential to deliver an integrated co-management tool for decision making and enable planners to protect the Lam Dome Yai river headwater ecosystem.

Keywords: Upstream migration, Positive rheotaxis, Habitat Suitability Index, *M. dienbienphuense*

Biology and Conservation



Use of human dominated agricultural landscapes by King Cobras
(*Ophiophagus hannah*)

Colin Strine*, Cameron Hodges, Surachit Waengsothorn,
Pongthep Suwanwaree, Matt Goode

School of Biology, Institute of Science, Suranaree University of Technology,
Mueang Destrict, Nakhon Ratchasima 30000

*Corresponding author: Colin_Strine@sut.ac.th

King cobras (*Ophiophagus hannah*) are classified as a vulnerable species yet very little is known of their natural history. As the longest venomous snake in Thailand, king cobras represent an iconic symbol of wilderness and nature. To assess the habitat, use and home range sizes of adult king cobras thirteen king cobras (n= 11 males, n= 2 females) were radio-tracked in the Sakaerat Biosphere Reserve (SBR) between 2015-2016. Individuals were located using a combination of triangulation and homing methods 1-4 times daily, and habitat, shelter and climate data on each location were recorded. Using minimum convex polygons (MCP) and fixed kernels king cobra home range sizes were identified. The mean 100% MCP size for male king cobras in the SBR was 620.9 ha (SD=249.75). It was also observed that king cobras used areas adjacent to the protected Sakaerat Environmental Research Station boundaries. Due to their locations, outside of protected areas conflicts arose with humans occasionally, which resulted in snake mortality. The data confirms that the home ranges of male king cobras are exceptionally larger than other elapid snakes. The large home range sizes and the fact that king cobras appear to ignore protected area boundaries has immense management implications and thus subsequently requires accordant policy/management change.

Keywords: spatial ecology, home range size, habitat use, venomous snake, protected species, MCP, Sakaerat, Thailand.

สถานภาพการกระจายของนก 2 ชนิดในป่าชายเลนทางภาคใต้ ฝั่งอันดามันของประเทศไทย

กิตติพัทธ์ โพธิ์ศรี*, อนุชา ขำจริง, นฤมล ตันติพิชญ์, ดุสิต งามประเสริฐ, วัลลภ ชูติพงศ์
กลุ่มวิจัยนิเวศวิทยาการอนุรักษ์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี ทุ่งครุ กรุงเทพฯ 10140
*ผู้เขียนหลัก: pskitipat@gmail.com

นกใหญ่ขนเรียบและนกเล็กเล็บสั้นมีสถานภาพเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ระดับโลก แต่สถานภาพการกระจายในปัจจุบันยังไม่มีข้อมูลชัดเจน งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะ (1) ประเมินสถานภาพการกระจายในป่าชายเลนภาคใต้ (2) ประเมินการเปลี่ยนแปลงการกระจายและปัจจัยที่เกี่ยวข้อง และ (3) ระบุพื้นที่ที่มีความสำคัญต่อการอนุรักษ์ ทำการศึกษาโดยการสัมภาษณ์ชาวประมงและการสำรวจภาคสนาม (เห็นตัวโดยตรง ร่องรอย และกล้องดักถ่ายภาพอัตโนมัติ) แบ่งพื้นที่ศึกษาออกเป็นแปลงสำรวจขนาด 5x5 ตร.กม. ทำการสำรวจทางเรือโดยใช้เส้นสำรวจ และตั้งกล้องดักถ่ายภาพอัตโนมัติระหว่างวันที่ 1 กรกฎาคม ถึง 31 ธันวาคม 2559 ในพื้นที่จังหวัดระนอง ครอบคลุมแปลงสำรวจ 29 แปลง (725 ตร.กม.) เส้นสำรวจ 125 เส้น (125 กม.) ตั้งกล้อง 123 จุด (2165 วันสำรวจ) และสัมภาษณ์ชาวประมง 50 คน ชาวประมงครึ่งหนึ่งเชื่อว่าประชากรนกมีแนวโน้มลดลงเนื่องมาจากการล่า การนำมาเป็นสัตว์เลี้ยง และการลดลงของเหยื่อ ข้อมูลจากการสำรวจภาคสนามทั้งหมดพบว่านกใหญ่ขนเรียบมีการกระจายตัวกว้างเป็น 2 เท่าของนกเล็กเล็บสั้น ข้อมูลจากกล้องดักถ่ายภาพพบว่านกใหญ่ขนเรียบมีการครอบครองพื้นที่ 72% โดยมีโอกาสในการสำรวจพบ 25% การสำรวจด้วยกล้องดักถ่ายภาพน่าจะเป็นวิธีการที่เหมาะสมที่สุดในการยืนยันการมีอยู่ของนกในป่าชายเลน การล่ายังคงเป็นปัจจัยคุกคามที่สำคัญ

คำสำคัญ: นกใหญ่ขนเรียบ, นกเล็กเล็บสั้น

Status and distribution of two Otter species in andaman mangrove forest in Southern Thailand

*Kitipat Phosri**, *Anucha Kamjing*, *Naruemon Tantipisanuh*,
Dusit Ngoprasert, *Wanlop Chutipong*

Conservation Ecology Group, King Mongkut's University of Technology Thonburi,
Bangkhuntien, Bangkok 10150

**Corresponding author: pskitipat@gmail.com*

Smooth-coated Otter (SMO) and Small-clawed Otter (ASCO) are both globally threatened species. However, their current distribution status in Southeast Asia is still unclear. This project aims to (1) assess their current distribution status in coastal areas of southern Thailand, (2) evaluate distribution change and the factors influencing the changes, and (3) identify hotspot areas for otter conservation. Surveys were conducted using both local fishermen interviews and field surveys (direct sighting, track and sign, camera-trap). Study areas were divided into grids (5x5 sq.km.). Line-transect survey (by boat) and camera-trap survey were conducted between July and December 2016 in Ranong Province. Surveys covered 29 grids (725 sq.km.) – 125 line-transect (125 km), 123 camera-trap locations (2,165 trap-days) and 50 fishermen. Half of local fishermen believe that the populations of both otter species have declined due to hunting, persecution, kept as pets and prey depletion, respectively. Combining all survey methods, SMO appears to occupy twice a larger area than ASCO. From camera-trap data, SMO has occupancy estimated at 72% (95%CI = 33-93%), with detection probability at 25% (95%CI = 14-40%). Camera-trap is the most suitable method for confirming species presence in these habitats. Persecution and opportunistic hunting remain to be important threats.

Keywords: *Lutrogale perspicillata*, *Amblonyx cinereus*, Ranong, survey.

แรงจูงใจช่วยให้คู่แข่งที่มีขนาดเล็กสามารถเอาชนะคู่แข่งที่ใหญ่กว่าในปูก้ามดาบ

พามีเตอร์ วาเช็ท ทีนา, มัลลิกา เจริญสุธาสินี*, กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี

ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพยากรณ์และการจัดการ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์

มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์ วิทยาโท กรุงเทพ

*ผู้เขียนหลัก: mullica.jn@gmail.com

เราสังเกตผลการต่อสู้ระหว่างปูก้ามดาบเพศผู้ขนาดเล็กกับขนาดใหญ่ในปูก้ามดาบ 3 ชนิดดังนี้ *Uca annulipes*, *Uca bengali*, และ *Uca rosea* พบว่าปูก้ามดาบเพศผู้ขนาดเล็กชนะการต่อสู้กับปูขนาดใหญ่ใน *U. annulipes* 30%, *U. bengali* 31% และ *U. rosea* 37% ทั้งๆ ที่เสียเปรียบในเชิงขนาดของร่างกาย ปูก้ามดาบเพศผู้ขนาดเล็กที่ชนะการต่อสู้กับปูขนาดใหญ่ใช้เวลาในการต่อสู้สั้นกว่า ในกลับกันถ้าเป็นปูก้ามดาบเพศผู้ขนาดใหญ่ชนะการต่อสู้กับปูขนาดเล็กในระยะเวลานั้นมาก ที่น่าสนใจคือในปูก้ามดาบ *U. bengali* และ *U. rosea* ผู้ชนะขนาดเล็กส่วนใหญ่เป็นปูเจ้าของรู แต่ในปูก้ามดาบ *U. annulipes* ปูขนาดเล็กที่ชนะการต่อสู้มีสัดส่วนของการเป็นเจ้าของรูและเป็นผู้บุกกรุกเท่าๆ กัน นี่แสดงให้เห็นว่า ไม่ใช่เพราะขนาดของร่างกาย แต่เป็นเพราะปูก้ามดาบเพศผู้ขนาดเล็กสู้ยาวนานกว่า มีแรงจูงใจในการสู้มากกว่า โดยเฉพาะถ้ามันเป็นเจ้าของรู ทำให้มันสามารถสู้ชนะปูก้ามดาบเพศผู้ที่มีขนาดใหญ่กว่ามันได้

คำสำคัญ : ความไม่สมมาตรของร่างกาย, แรงจูงใจ, ปูก้ามดาบ

High motivation enables the smaller contestants to win the contests against larger opponents in fiddler crabs

Fahmida Wazed Tina, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee*

Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University, Tha Sala District, Nakhon Sri Thammarat 80161

**Corresponding author: mullica.jn@gmail.com*

The outcome of fighting between smaller contestants against larger opponents during male-male contests in three fiddler crab species: *Uca annulipes*, *Uca bengali* and *Uca rosea* was observed. Smaller contestants won contests in *U. annulipes* 30%, *U. bengali* 31% and *U. rosea* 37%, regardless of their body size disadvantages. Smaller contestants won when size asymmetries were smaller, but took longer to win. In contrast, during greater size asymmetries, they lost their fights in a short time. In *U. bengali* and *U. rosea*, most of the smaller winners were residents (burrow owners), but for small winners in *U. annulipes*, the number of residents and intruders did not differ. This study shows that it is not relative body size but longer fighting duration and high motivation that enables the smaller contestants, especially those who are residents, to overcome the inferior fighting ability and to win the contests against larger opponents.

Keywords: *Uca annulipes*, *Uca bengali*, *Uca rosea*, body size asymmetries, crustacean, Thailand.

วิวัฒนาการเชิงภูมิศาสตร์และโครงสร้างทางพันธุกรรมประชากรของช้างป่าเอเชีย (*Elephas maximus*) ตามแนวเทือกเขาตะนาวศรีในประเทศไทย

วรธา กลั่นสวาท¹, ซูจิน หลัว², ยู เฮอ², หลิน เหม่า², วรวิทย์ วัชชวัลค์³, เจมส์ เอล ดี สมิธ⁴

¹ สายวิชานิเวศวิทยาการอนุรักษ์ คณะทรัพยากรชีวภาพและเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี ทุ่งครุ กรุงเทพฯ 10140

² ศูนย์ชีววิทยาศาสตร์ปักกิ่ง-ชิงหวา วิทยาลัยวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยปักกิ่ง ไฮเดียน ปักกิ่ง ประเทศจีน 100080

³ ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

⁴ คณะประมง สัตว์ป่าและการอนุรักษ์ มหาวิทยาลัยมินิโซต้า รัฐมินิโซต้าประเทศสหรัฐอเมริกา 55108

* ผู้เขียนหลัก: worata.kli@kmutt.ac.th

ผลของการเปลี่ยนแปลงผืนป่าเป็นหย่อมป่าทำให้ประชากรช้างป่าเอเชีย (*Elephas maximus*) ในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ชีวภูมิศาสตร์อินโดจีน) ลดลง แต่ผลกระทบเดียวกันนี้ต่อความหลากหลายทางและโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรสำคัญในภูมิภาคนี้ยังไม่มีคำตอบ งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะ (1) ประเมินการเปลี่ยนแปลงขนาดประชากรช้างในอินโดจีน เพื่อทดสอบสมมติฐานที่ว่า ในอดีตช้างอินโดจีนมีประชากรขนาดใหญ่และคงที่ ด้วยการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรแบบ Bayesian จาก 600-bp ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ (mtDNA) ด้วยตัวอย่างกลุ่มในพื้นที่เขตอนุรักษ์แนวเทือกเขาตะนาวศรีในประเทศไทย (2) ประเมินโครงสร้างประชากรช้างในปัจจุบัน เพื่อทดสอบสมมติฐานที่ว่าประชากรในผืนป่าตะวันตก (WEFCOM) และผืนป่าแก่งกระจาน (KKFC) ที่เคยเชื่อมต่อกันยังคงเคลื่อนย้ายถ่ายเทพันธุกรรมระหว่างกันได้ โดยใช้ 10 ไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite loci) ผลการศึกษาจากช้าง 167 ตัว และความหลากหลาย 39 ตำแหน่งบน mtDNA พบลักษณะพันธุกรรมสายแม่ 13 รูปแบบ (haplotypes) โดย 6 รูปแบบจัดอยู่ในกลุ่มอัลฟาและ 7 รูปแบบในกลุ่มเบต้า การพบทั้งอัลฟาและเบต้าซึ่งแบ่งแยกเมื่อประมาณ 2.149 ล้านปีมาแล้ว บ่งชี้ว่าแนวเทือกเขาตะนาวศรีเป็นเขตรวมตัวของช้างอย่างน้อยสองกลุ่มที่แต่เดิมแยกตัวอยู่ต่างพื้นที่ในยุคธารน้ำแข็ง โดยสายแม่อัลฟา 4 รูปแบบและเบต้า 1 รูปแบบ พบที่เทือกเขาตะนาวศรีเท่านั้น นอกจากนี้ การวิเคราะห์แบบ Bayesian Skyline Plot ในช่วงกลุ่มอัลฟา สนับสนุนสมมติฐานที่ว่าช้างอินโดจีนในอดีตตั้งแต่ 6 แสนปีที่แล้ว มีประชากรขนาดใหญ่และคงที่ (ช้างตัวเมีย 13,000 ตัว) แต่ในปัจจุบัน พบว่าช้างใน WEFCOM และ KKFC ถูกแบ่งแยกเป็นสองประชากร ($K = 2$, $R_{ST} = 0.03$) เนื่องจากมีการเคลื่อนย้ายถ่ายเทยีนในระดับต่ำภายในระยะเวลา 5 generations หรือ 100 ปีที่ผ่านมา ฉะนั้นการออกแบบแนวเชื่อมต่อสำหรับสัตว์ป่า เพื่อให้ประชากรช้างมีการเคลื่อนย้ายถ่ายเทยีนระหว่างสองผืนป่าอนุรักษ์ และลดภัยคุกคามจากการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม จึงมีความสำคัญต่อการวางแผนฟื้นฟูประชากรช้างตามแนวเทือกเขาตะนาวศรี

คำสำคัญ: *Elephas maximus*, วิวัฒนาการเชิงภูมิศาสตร์, การเคลื่อนย้ายถ่ายเทยีน, โครงสร้างพันธุกรรมประชากรเชิงภูมิศาสตร์, ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ, ไมโครแซทเทลไลท์

Phylogeography, demographic history and genetic connectivity of asian elephants in the Tenasserim Range, Thailand

Worata Klinsawat^{*1}, Shu-Jin Luo², Yu He², Lin Miao², Worawidh Wajjwalku³,
James L.D. Smith⁴

¹ Conservation Ecology Group, King Mongkut's University of Technology Thonburi,
Bangkhuntien, Bangkok 10150 Thailand

² Peking-Tsinghua Center for Life Sciences, College of Life Sciences,
Peking University, Beijing, China

³ Department of Pathology, Faculty of Veterinary Medicine,
Kasetsart University, Bangkok, Thailand

⁴ Department of Fisheries, Wildlife and Conservation Biology,
University of Minnesota, MN, USA

*Corresponding author: worata.kli@kmutt.ac.th

Due to habitat fragmentation and conflicts with humans, distribution and abundance of Asian elephants have declined throughout mainland Southeast Asia, however, the impacts of this fragmentation on the genetic diversity and connectivity of important regional populations is unknown. Firstly, the demographic history of Indochinese elephants was assessed using 600-bp mtDNA sequences to test the prediction of long-term stability of this population dating back 600 KYA. Second, in the current timeframe, 10 microsatellite loci were used from dung samples derived from 167 individuals to test whether there were genetic structures between the Western Forest Complex (WEFCOM) and Kaeng Krachan Forest Complex (KKFC), two large protected areas which were formerly connected as part of the Tenasserim Range along the Thailand-Myanmar border. From 39 mtDNA variable sites, 13 haplotypes: six alpha and seven beta haplotypes, were identified. The presence of two highly divergent clades splitting approximately 2.149 MYA suggests the Tenasserim is a zone of secondary contact of individuals previously isolated in at least two refugia. Four alpha and one beta haplotypes were unique to the Tenasserim. A Bayesian skyline plot of the alpha haplotypes indicated a large, stable effective size of females ($N_{ef} = 13,000$) in Indochina since 600 KYA. However, the estimated low current gene flow (within five generations or 100 years) across the landscape was insufficient to prevent genetic differentiation ($R_{ST} = 0.03$, $K = 2$) between WEFCOM and KKFC based on the spatially explicit model. Landscape planning that restores dispersal between these populations is needed to ensure viability of elephant populations in the Tenasserim landscape.

Keywords: *Elephas maximus*, gene flow, spatial genetic structure, mtDNA, microsatellite.

ความหลากหลายของลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำ VSAREP ในสัตว์ตระกูลวาร์นันส์

อรจิรา ประคองชีพ^{1,2,3}, ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่⁴, คัมภีร์ พัฒนะอนันต์^{5,6}, รัฐนิพนธ์ พัทธกุลวรรณ์⁷,
สุรินทร์ ปิยะโชคณาภัก^{1,3,8}, ทาริค อีแซซ⁹, ครุศร ศรีกุลนาถ^{1,2,3,*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์สัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (ABG - KU) ³ศูนย์วิทยาการขั้นสูงด้านทรัพยากรธรรมชาติเขตร้อน, สถาบันวิทยาการขั้นสูงแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (CASTNAR, NRU-KU, Thailand) ⁴ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ⁵ภาควิชาปรสิตวิทยา คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ⁶สวนสัตว์แปลก เดอะสกายฮอปปิงเซนเตอร์ ออยุธยา ⁷โรงพยาบาลสัตว์มาดจ์เฟ็ท คลองสองต้นนุ่น ลาดกระบัง กรุงเทพมหานคร ⁸ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนครสวรรค์ พิษณุโลก

⁹ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์สัตว์ป่า สถาบันนิเวศวิทยาประยุกต์ มหาวิทยาลัยแคนเบอร์รา กรุงแคนเบอร์รา ออสเตรเลีย

* ผู้เขียนหลัก : kornsom.s@ku.ac.th

ลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำ VSAREP คือลำดับเบสที่มีชุดซ้ำดีเอ็นเอเรียงต่อกันในจีโนมของเหยี่ยวลายดอก (*Varanus salvator macromaculatus*) เพื่อที่จะศึกษาลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำนี้ว่ามีในตัวอย่างอื่นในกลุ่มตะกวดหรือไม่ จึงได้ทำการแยกชิ้นลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำ VSAREP จากวาร์นันส์เอเชีย 7 ชนิดและวาร์นันส์ออสเตรเลีย 5 ชนิด โดยใช้เทคนิคทางพีซีอาร์กับไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ ผลการใช้เจลอิเล็กโทรโฟรีซิสศึกษาพบว่า ได้แถบดีเอ็นเอที่มีลักษณะเป็นขั้นบันไดคล้ายคลึงกับแถบระบุขนาดดีเอ็นเอ มีขนาดอยู่ที่ 185-190 คู่เบสในหนึ่งหน่วยยูนิตของลำดับเบส จากชิ้นดีเอ็นเอใหม่ที่ค้นพบทั้งหมด 211 หน่วยยูนิตนั้น มีขนาดอยู่ที่ 176-206 คู่เบส จากการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ พบการเพิ่มขึ้นและขาดหายไปของเบสประมาณ 1-14 คู่เบส จากการสร้างสายวิวัฒนาการแสดงให้เห็นว่า หน่วยยูนิตส่วนมากนั้นมีการจัดกลุ่มแบบจำเพาะของแต่ละชนิดน้อยมาก แต่ลำดับเบสจะจับกลุ่มกันแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มหลัก (A และ B) ภายในกลุ่มของวาร์นันส์เอเชียและออสเตรเลีย กลุ่ม A ประกอบไปด้วย กลุ่มย่อย III และกลุ่มย่อย IV ขณะที่กลุ่ม B ประกอบไปด้วย กลุ่มย่อย I และกลุ่มย่อย II โดยที่ค่าเฉลี่ยความแตกต่างของลำดับเบสระหว่างลำดับเบสชุดซ้ำมีค่าสูงมากถึง 24.11% ระหว่าง กลุ่มย่อย I และกลุ่มย่อย II, 56.83% ระหว่างกลุ่มย่อย I และกลุ่มย่อย III, 47.24% ระหว่าง กลุ่มย่อย I และกลุ่มย่อย IV, 57.06% กลุ่มย่อย II และกลุ่มย่อย III, 45.77% ระหว่าง กลุ่มย่อย II และกลุ่มย่อย IV และ 44.52% ระหว่าง กลุ่มย่อย III และกลุ่มย่อย IV ซึ่งให้เห็นว่า การเปลี่ยนแปลงแทนที่เบสอาจเกิดขึ้นและสะสมซ้ำกว่าอัตราการเกิดการรวมเป็นหนึ่งเดียว ส่งผลให้ไม่เกิดลำดับเบสชุดซ้ำจำเพาะของแต่ละชนิด

คำสำคัญ : ลำดับดีเอ็นเอชุดซ้ำ, วาร์นันส์, ความหลากหลาย

Diversity of VSAREP satellite DNA family in monitor lizards

Ornjira Prakhongcheep^{1,2,3}, Narongrit Muangmai⁴, Kampee Pattanatanang^{5,6},
Rattarin Phatcharakullawarawat⁷, Surin Peyachoknagul^{1,3,8}, Tariq Ezaz⁹,
Kornsorn Srikulnath^{1,2,3,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics (ACCG), Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University ²Animal Breeding and Genetics Consortium - Kasetsart University (ABG - KU) ³Center for Advanced Studies in Tropical Natural Resources, National Research University-Kasetsart University (CASTNAR, NRU-KU, Thailand) ⁴Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University ⁵Department of Parasitology, Faculty of Veterinary Medicine, Kasetsart University ⁶Real Zoo, The Sky Shopping Center, Ayutthaya ⁷Mildpets Animal Hospital, Klongsongtonnun, Ladkrabang, Bangkok ⁸Department of Biology, Faculty of Science, Naresuan University, Phitsanulok ⁹Wildlife Genetics Laboratory, Institute for Applied Ecology, University of Canberra, Canberra, ACT 2600, Australia
*Corresponding e-mail: kornsorn.s@ku.ac.th

VSAREP satellite DNAs (stDNAs) are tandemly repetitive sequences in the genome of *Varanus salvator macromaculatus*. To study the state of the stDNA in monitor lizard lineage, VSAREP stDNA sequences were isolated from seven Asian and five Australian monitor lizards using a polymerase chain reaction approach with specific primers. A polymeric ladder DNA band, typical for satellite DNA, was observed in all species based on the 185 – 190 bp monomer units by using agarose gel electrophoresis. A total of 211 new sequences of monomer units were obtained with lengths ranging from 176 to 206 bp. Several insertions and deletions were found from 1 to 14 bp. A Bayesian phylogenetic tree showed that most monomers were clustered as less species-specific, but all repeated units were grouped together with two major clades (A and B) of sequences under Asian and Australian monitor lizards. Clade A contained subfamily III (SFIII) and SFIV while clade B contained SFI and SFII. A high level of average sequence divergence between repeated subfamilies was determined at 24.11% for SFI and SFII, 56.83% for SFI and SFIII, 47.24% for SFI and SFIV, 57.06% for SFII and SFIII, 45.77% for SFII and SFIV, and 44.52% for SFIII and SFIV. This suggests that nucleotide substitutions might accumulate more slowly than homogenization rates in each subfamily, resulting in the absence of species-specific stDNA profiles.

Keywords: PCR, monomer sequencing, Thailand, Australia

ชีววิทยาการป้อนอาหารของนกแอ่นกินรังในสภาพแวดล้อมธรรมชาติ

นายอุเทน ภูมรินทร์*, วิจักขณ์ ฉิมโฉม, นันทชัย พงศ์พัฒนานุรักษ์, วัฒนชัย ตาเสนา

ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ คณะวนศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก: Wildlifer72_30@hotmail.com

ชีววิทยาการป้อนอาหารของนกแอ่นกินรังในสภาพแวดล้อมธรรมชาติที่วัดสุทธิวาตวราราม อำเภอเมือง จังหวัดสมุทรสาคร ดำเนินการศึกษาในช่วง ปี พ.ศ. 2556 – 2557 เพื่อศึกษาพฤติกรรม การป้อนอาหาร และความหลากหลายชนิดของแมลงที่เป็นอาหารของลูกนกในรอบปี ทำการศึกษาโดย ติดตั้งกล้องวงจรปิดหน้ารัง และสุ่มเก็บก้อนอาหารของนกแอ่นกินรังตัวเต็มวัยที่นำมาป้อนลูกนก เดือนละ 5 – 10 ก้อน ผลการศึกษาพบว่า นกแอ่นกินรังมีพฤติกรรมการป้อนอาหารให้ลูกนกตั้งแต่วันที่แรกที่ออกจากไข่ ในแต่ละวันพ่อแม่นกป้อนอาหารเฉลี่ย 6.9 ครั้งต่อวัน อัตราการป้อนอาหาร แปรผันตามช่วงอายุลูกนกและจำนวนลูกนกในรัง ลูกนกออกจากรังเมื่ออายุ 39 – 53 วัน อาหารที่นกแอ่นกินรังนำมาป้อนลูกนกเป็นแมลงบินได้ขนาดเล็กอัดแน่นเป็นก้อนกลม มีความกว้าง เฉลี่ย 10.03 ± 2.39 มม. ยาวเฉลี่ย 11.78 ± 2.01 มม. และมีน้ำหนักเฉลี่ย 0.41 ± 0.19 กรัม โดยมีชิ้นส่วนของแมลงจำนวนเฉลี่ย 300 ชิ้น/ ก้อน ชนิดอาหารหลักของลูกนกแอ่นกินรังเป็นกลุ่ม แมลงวัน อันดับ Diptera มากที่สุด รองลงมาเป็นกลุ่มเพลี้ยอ่อน อันดับ Hemiptera และแมลง อันดับ Hymenoptera ตามลำดับ ผลการศึกษานำไปใช้อินนุบาลลูกนกแอ่นกินรังที่ตกจากรัง และ พัฒนาการเลี้ยงนกแอ่นกินรังในระบบฟาร์ม

คำสำคัญ: ชีววิทยาการป้อนอาหาร, ชนิดอาหารของนกแอ่นกินรัง, ฟาร์มนกแอ่นกินรัง

Feeding biology of the edible-nest swiftlet in natural environment

*Utain Phummarin**, *Vijak Chimchome*, *Nantachai Pongpattananurak*,
Wattanachai Tasen

Department of Forest Biology, Faculty of Forestry, Kasetsart University,
Chatuchak, Bangkok 10900

**Corresponding author: Wildlifer72_30@hotmail.com*

Knowledge of edible-nest swiftlet feeding biology may assist attempts to establish and maintain artificial swiftlet colonies for the purpose of edible-nest farming. A simple non-stop video surveillance system was installed inside a swiftlet colony in the natural environment at Suthiwararam temple, Samut Sakhon Province during 2013 – 2014 to observe the feeding behavior of the swiftlet colony. All video footage was viewed and bird behaviors were observed on fast-forward mode. Diet was investigated by analyzing food boluses regurgitated by adult swiftlets during their return to feed nestlings in the afternoon. Birds were caught by mist-netting protocol. This study showed that, after hatching, parents reared nestlings for periods ranging 39 – 53 days. Food balls brought to nestlings per day were 6.9 in average. The feeding rate was influenced by brood size and age of nestlings. Food balls weighed 0.41 ± 0.19 g. on average, containing more than 300 prey items in total. The main insect-preys were from the orders Hymenoptera, Hemiptera and Diptera. However, Planthoppers and flies contributed most by weight. This work reports the study of diets and nestling feeding activities of edible-nest swiftlets.

Keywords: feeding behavior, diet, avifauna, Thailand.

ผลกระทบจากพื้นที่ชายขอบป่าที่เป็นถนนต่อสังคมของนกป่าในพื้นที่ป่าดิบแล้ง

ดากะวัลย์ คำชา*, จอร์จ เอ เกล

กลุ่มนิเวศวิทยาการอนุรักษ์ คณะทรัพยากรชีวภาพและเทคโนโลยี

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี ทungkru กรุงเทพฯ 10140

*ผู้เขียนหลัก: daphawan@gmail.com

ผลกระทบของพื้นที่ชายขอบป่าส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงในสังคมนกทั้งความมากมาย ความชุกชุม และการกระจายตัวของนก แต่อย่างไรก็ตามผลกระทบที่เกิดกับนกแต่ละกลุ่มก็แตกต่างกันออกไปในแต่ละภูมิภาค วัตถุประสงค์ในการวิจัยครั้งนี้ก็เพื่อศึกษาผลกระทบของพื้นที่ชายขอบป่าที่เป็นถนนต่อโครงสร้างของสังคมนกในป่าดิบแล้งของสถานีวิจัยสิ่งแวดล้อมสะแกราชในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย เราทำการศึกษาความมากมายและความชุกชุมของนก 11 กลุ่ม โดยใช้จุดสำรวจทั้งสิ้น 24 จุดที่ถูกวางบนเส้นสำรวจที่มีความยาว 1 กม. จำนวน 3 เส้น โดยเส้นสำรวจแต่ละเส้นจะวางตัวตั้งฉากกับชายขอบป่า จากการศึกษาเราพบว่านกในกลุ่ม กินแมลงตามลำต้น ปินโฉบจับแมลง กินแมลงตามพื้นดิน และ หากินแมลงในระดับใต้เรือนยอด มีการตอบสนองในเชิงลบอย่างมากต่อพื้นที่ชายขอบป่าและยังพบการตอบสนองในเชิงลบเล็กน้อยจากนกในกลุ่ม กินผลไม้และแมลงบนต้นไม้ กินแมลงตามใบไม้ และ นกผู้ล่า ในทางตรงกันข้ามนกในกลุ่มที่กินน้ำหวานและแมลงตามเรือนยอดตอบสนองในเชิงบวกต่อพื้นที่ชายขอบป่าที่ซึ่งมีการปกคลุมของพืชในระดับพื้นล่างที่สูงและมีความหนาแน่นของต้นไม้ต่ำรวมถึงมีระดับความดังของเสียงจากสภาพแวดล้อมที่สูง เนื่องจากเราไม่สามารถแยกการพัฒนาออกจากการอนุรักษ์ได้ตั้งนั้นเราจึงต้องการผลักดันให้นักวางแผนการอนุรักษ์ทำงานอย่างมุ่งมั่นเพื่อลดผลกระทบที่มีต่อสังคมนกในพื้นที่อนุรักษ์

คำสำคัญ : พื้นที่ชายขอบที่เป็นถนน, กลุ่มของนกที่แบ่งตามลักษณะการหากิน, ปาเซตร้อน

Road induced edge effects on a bird community in a dry evergreen forest

*Daphawan Khamcha**, *George A Gale*

*Conservation Ecology Program, School of Bioresources and Technology,
King Mongkut's University of Technology Thonburi, Thung Khru, Bangkok 10140*

**Corresponding author: daphawan@gmail.com*

Edge effects cause changes in bird community richness, abundance, and/or distribution within a landscape, however, the avian guilds most impacted can vary among regions. The aim of this study was to investigate the effects of a roadside forest edge on avian community structure in a dry evergreen forest in the Sakaerat Environmental Research Station in northeastern Thailand. The richness and abundance of birds in 11 guilds at 24 points along three 1-km transects perpendicular to the edge were evaluated. A strongly negative response was found to the forest edge for bark-gleaning, sallying, terrestrial and understory insectivores and a weakly negative response for arboreal frugivore-insectivores, foliage gleaning insectivores and raptors. In contrast, arboreal nectarivore-insectivores responded positively to the forest edge, where there was higher vegetation cover in the ground layer and lower tree density, and higher level of ambient noise. Tradeoffs between development and conservation may be unavoidable in many cases and development and conservation planners are encouraged to work to proactively minimize adverse impacts on bird communities in protected areas.

Keywords: Sakaerat, survey, avian guilds, Thailand.

โครงสร้างทางอายุและเพศของปรังชัยภูมิ (*Cycas elephantipes*) ในอุทยานแห่งชาติภูแลนคา

กวิสรา แซ่เฮง*, พงศ์เทพ สุวรรณวารี

สาขาวิชาชีววิทยา สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

อำเภอเมือง จังหวัดนครราชสีมา 30000

*ผู้เขียนหลัก : siributn@hotmail.com

ปรังชัยภูมิ (*Cycas elephantipes*) เป็นพืชเฉพาะถิ่นที่ใกล้สูญพันธุ์ในประเทศไทย พบเฉพาะในจังหวัดชัยภูมิเท่านั้น ประชากรของปรังชนิดนี้ลดจำนวนลงเนื่องจากการลักลอบขุดออกจากป่าเพื่อจำหน่าย ซึ่งหากไม่มีการอนุรักษ์ ปรังชัยภูมิก็คงสูญพันธุ์ไปจากป่าไม้ของประเทศไทยในที่สุด การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาลักษณะประชากรของปรังชัยภูมิในอุทยานแห่งชาติภูแลนคา จังหวัดชัยภูมิ ทำการสำรวจ 5 ครั้ง ระหว่างเดือนมกราคมและมิถุนายน พ.ศ. 2559 ทำการตรวจนับและตีความหมายเลขปรังที่พบ วัดพิภักภูมิศาสตร์ วัดความสูงของลำต้น เส้นผ่านศูนย์กลางของลำต้น ความสูงของเรือนยอด และรัศมีของทรงพุ่ม สถิติ t-test ใช้เปรียบเทียบความแตกต่างลำต้นระหว่างปรังเพศผู้และปรังเพศเมีย ผลการศึกษาพบว่ามีต้นปรังกระจายอยู่ในระดับความสูง 931 ± 25 เมตรจากระดับน้ำทะเล โดยพบทั้งหมดจำนวน 1,159 ต้น ส่วนมากเป็นต้นเตี้ยวัย (ร้อยละ 71) รองลงมาคือต้นอ่อน (ร้อยละ 28) สำหรับต้นที่โตเต็มวัยนั้นประกอบด้วย ปรังเพศเมีย ร้อยละ 39 ปรังเพศผู้ ร้อยละ 27 และที่จำแนกเพศไม่ได้ ร้อยละ 34 ปรังที่โตเต็มวัยมีความสูงลำต้นเฉลี่ย 202 ± 107 เซนติเมตร ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเฉลี่ย 22 ± 5 เซนติเมตร ความสูงของเรือนยอดเฉลี่ย 128 ± 49 เซนติเมตร และรัศมีของทรงพุ่มเฉลี่ย 121 ± 30 เซนติเมตร ปรังที่ยังไม่โตเต็มวัยมีความสูงของทรงพุ่มเฉลี่ย 107 ± 56 เซนติเมตร และปรังต้นอ่อนมีความยาวของก้านใบ 36 ± 19 เซนติเมตร ปรังเพศผู้และปรังเพศเมียมีลักษณะของลำต้นที่ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยยะสำคัญ การศึกษาครั้งนี้ทำให้ได้ข้อมูลเบื้องต้นสำหรับการอนุรักษ์และติดตามของประชากรปรังชัยภูมิที่อุทยานแห่งชาติภูแลนคา นอกจากนี้การศึกษานี้ทำให้เกิดความร่วมมือจากชุมชนท้องถิ่นในการอนุรักษ์และการท่องเที่ยวเชิงนิเวศของปรังชนิดนี้อีกด้วย

คำสำคัญ : ปรังเท้าช้าง, โครงสร้างประชากร, ภาวะวันออกเฉียงเหนือ

Age and gender structure of *Cycas elephantipes* in Phu Laen Kha National Park

*Kawisara Saeheng**, *Pongthep Suwanwaree*

*School of Biology, Institute of Science, Suranaree University of Technology,
Muang District, Nakhon Ratchasima 30000*

**Corresponding author: siribuln@hotmail.com*

Cycas elephantipes is an endangered and endemic plant in Thailand, which occurs in seasonally dry and deciduous open to closed woodland only in Chaiyaphum province. The populations of this species have been reduced through removal and sale. Without protection, this cycad will soon be extinct from natural forest in Thailand. The purpose of this study was to survey the population demographics of cycads in Phu Laen Kha National Park, Chaiyaphum province. The survey was conducted 5 times from January to June 2016. Cycad plants of all ages were tagged and GPS locations were recorded. Stem height, stem diameter, canopy height and canopy radius were measured. T-test was used to compare the differences between male and female morphological characters. The results showed that cycads appeared at 931 ± 25 m above sea level. A total of 1,159 cycads were found; most being adult (71%) followed by the young (28%). The adults consisted of 39% female, 27% male and 34% unspecified gender. The averages of adult stem height, stem diameter, canopy height, and canopy radius were 202 ± 107 cm, 22 ± 5 cm, 128 ± 49 cm and 121 ± 30 cm, respectively. The average height of sapling canopy was 107 ± 56 cm and the average petiole length of young cycads was 36 ± 19 cm. Adult male and female morphological characters were not significantly different. This study provides cycad basic population data that can be used for conservation and monitoring in Phu Laen Kha National Park. This research also generates cooperation from local communities for the conservation and ecotourism of this species.

Keywords: cycads, population structure, Chaiyaphum, botanical survey, Thailand.

รวบรวม และประเมินลักษณะประจำพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อการบริโภค

กัญญรัตน์ จำปาทอง*, อุดมวิทย์ ไวทยการ

สถาบันวิจัยพืชไร่และพืชทดแทนพลังงาน กรมวิชาการเกษตร จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก : fonku59@hotmail.com

การประเมินลักษณะประจำพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อการบริโภค โดยศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา เพื่อใช้เป็นฐานข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต ดำเนินการทดลองในปี 2556–2558 รวบรวมพันธุ์มันสำปะหลังจากพื้นที่ปลูกมันสำปะหลังเพื่อการบริโภคในประเทศไทย จำนวน 72 สายพันธุ์ นำมาปลูกที่ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง เพื่อประเมินลักษณะประจำพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อการบริโภคตามหลัก International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) จำนวน 31 ลักษณะ ที่อายุ 3 เดือน และ 8 เดือน หลังปลูก พบว่า ลักษณะที่แตกต่างกันอย่างชัดเจน คือ สีเนื้อของหัว แบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ สีขาวครีม 55 สายพันธุ์ สีเหลือง 10 สายพันธุ์ และสีเหลืองอ่อน 5 สายพันธุ์ สำหรับปริมาณไซยาโนไนด์ในหัวมันสำปะหลังสด ที่มีค่าน้อยกว่า 50 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม พบจำนวน 6 สายพันธุ์ คือ กาญจนบุรี 2 กาญจนบุรี 3 ปทุมธานี 1 สระแก้ว 3 กระบี่ 2 และแม่ฮ่องสอน 5 และเปอร์เซ็นต์ความหวานในหัวมันสำปะหลังสดพบว่าสายพันธุ์แม่ฮ่องสอน 4 มีความหวานสูงสุด 12.6 เปอร์เซ็นต์บริกซ์

คำสำคัญ : มันสำปะหลังเพื่อการบริโภค, สัณฐานวิทยา, ลักษณะประจำพันธุ์

Collection and characterization of edible cassava

*Kanyarat Champathong**, *Udomwit Vaidhayakarn*

*Field and Renewable Energy Crops Research Institute, Department of Agriculture,
Chatuchak, Bangkok 10900*

** Corresponding author: fonku59@hotmail.com*

Edible cassava was evaluated by morphological characterization. This database will be useful for edible cassava breeding in the future. The experiment was conducted during 2013–2015, seventy-two varieties of the edible cassava were collected from planted areas in Thailand and all varieties were re-planted at Rayong Field Crops Research Center. Thirty-one characteristics were evaluated by International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) rules at 3 and 8 months after planting. The results revealed that color of root pulp was markedly different. It could be divided into three groups that were white-cream 55 varieties, yellow 10 varieties and light yellow 5 varieties. For cyanide evaluation, there were 6 varieties with cyanide content at less than 50 milligrams per kilogram including Kanchanaburi 2 Kanchanaburi 3 Pathum Thani 1 Sa Kaeo 3 Krabi 2 and Mae Hong Son 5. Additionally, the highest of brix was approximately 12.6 % Brix in Mae Hong Son 4.

Keywords: *Manihot esculenta*, morphology, genetic resources, Thailand.

การเปลี่ยนแปลงความหนาแน่นของตัวอ่อนปะการังบริเวณหมู่เกาะชุมพร

จุฑามาศ พุทธยากุล^{1,*}, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน¹, ชัยณรงค์ เรืองทอง², มาฆมาส สุทธาชีพ¹,
วัชรระ สามสุวรรณณี¹

¹กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง
หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

²ศูนย์ปฏิบัติการอุทยานแห่งชาติทางทะเลที่ 1 กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช จังหวัดชุมพร 86120

*ผู้เขียนหลัก : j.putthayakool@gmail.com

ความหนาแน่นและองค์ประกอบของตัวอ่อนปะการังเป็นข้อมูลที่สำคัญสำหรับการประเมินอัตราการฟื้นตัวของปะการังภายหลังปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาว และอธิบายความแปรปรวนของกลุ่มสิ่งมีชีวิตปะการัง การวิจัยนี้มีจุดมุ่งหมายเพื่อติดตามตรวจสอบการเปลี่ยนแปลงความหนาแน่นของตัวอ่อนปะการังในระยะยาว (พ.ศ. 2557 – 2559) บริเวณ 5 สถานีศึกษาในเขตอุทยานแห่งชาติหมู่เกาะชุมพร อ่าวไทยฝั่งตะวันตก นักประดาน้ำใช้วิธีวางแปลงสำรวจขนาดเล็ก (16 x 16 เซนติเมตร) เพื่อตรวจสอบตัวอ่อนปะการังที่พบบนพื้นแนวปะการังตามธรรมชาติ ตัวอ่อนปะการังที่พบได้ทั่วไปจัดอยู่ใน 11 ครอบครัว พบความหนาแน่นตัวอ่อนปะการังสูงสุดที่บริเวณเกาะง่ามน้อยในปี พ.ศ. 2559 และพบความหนาแน่นของตัวอ่อนปะการังต่ำสุดบริเวณเกาะกุลาในปี พ.ศ. 2557 ตัวอ่อนปะการังที่พบมากที่สุดในปี พ.ศ. 2557 และ พ.ศ. 2559 เป็นปะการังสกุล *Pocillopora* ขณะที่ในปี พ.ศ. 2558 พบตัวอ่อนปะการังสกุล *Porites* เป็นส่วนใหญ่ เมื่อเปรียบเทียบความหนาแน่นของตัวอ่อนปะการังระหว่างสถานีศึกษาพบว่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ยกเว้นระหว่างเกาะง่ามใหญ่-ง่ามน้อย เกาะละวะ-เกาะกุลา และเกาะอีแรด-เกาะกุลา โครงการติดตามตรวจสอบการทดแทนประชากรปะการังในระยะยาวมีความจำเป็นเพื่อการปรับแผนการจัดการแนวปะการังบริเวณอ่าวไทยฝั่งตะวันตกอย่างเหมาะสม

คำสำคัญ : การติดตามตรวจสอบ, การทดแทนประชากร, อ่าวไทย

Spatial and temporal changes in juvenile coral densities at Mu Ko Chumphon

Juthamart Putthayakool^{1,*}, *Thamasak Yeemin*¹, *Chainarong Ruangthong*², *Makamas Sutthacheep*¹, *Watchara Samsuvan*¹

¹*Marine Biodiversity Research Group, Faculty of Science, Ramkhamhaeng University,
Hua Mark District, Bangkok 10240*

²*Chumphon Marine National Park Operation Center, Department of National Parks, Wildlife
and Plant Conservation, Chumphon 86120*

**Corresponding author: j.putthayakool@gmail.com*

Data on density and composition of juvenile corals are required for determining the coral recovery rates after coral bleaching events, as well as for explaining variation of coral community assemblages. This study aimed to investigate long-term changes of juvenile coral densities during 2014 – 2016 at five study sites in Mu Ko Chumphon National Park, located in the western Gulf of Thailand. The scuba diver used a small quadrant method (16x16 cm²) to detect juvenile coral colonies on available substrates. Eleven families of juvenile corals were commonly observed. The highest density of juvenile corals was observed at Ko Ngam Noi in 2016 while the lowest one was found at Ko Kula in 2014. The most dominant juvenile coral in 2014 and 2016 was Pocillopora while the Porites was mostly found in 2015. Spatially, the densities of juvenile corals were significantly different across the study sites except in Ko Ngam Yai and Ko Ngam Noi, Ko Lawa and Ko Kula, Ko I-Rat and Ko Kula. A long-term monitoring program for coral recruitment is needed for adaptive management of coral reefs in the Western Gulf of Thailand.

Keywords: monitoring, recruitment, Gulf of Thailand

การวิเคราะห์ทางเดินอาหารของอึ่งเพ้า ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืช
มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

เจนจิรา แก้วดีบ¹, สิทธิศักดิ์ ปิ่นมงคลกุล² เกรียงไกร สีตะพันธุ์^{1*}

¹สาขาวิชาการประมง คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ และ ²สาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยพะเยา อำเภอเมือง จังหวัดพะเยา 56000

*ผู้เขียนหลัก : kook82@hotmail.com

โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืช มหาวิทยาลัยพะเยา ระหว่างเดือนมิถุนายน ถึงเดือนตุลาคม พ.ศ 2559 มีวัตถุประสงค์เพื่อทราบชนิดอาหาร เก็บตัวอย่างอึ่งเพ้าด้วยวิธีสำรวจแบบพบเห็นตัว (visual encounter survey) จากการศึกษาสามารถเก็บตัวอย่างกระเพาะของอึ่งเพ้า 31 ตัว ชนิดอาหารที่พบมากที่สุด คือ ชั้น Insecta ในอันดับ Isoptera (ปลวก: 89.7%) รองลงมาคือ อันดับ Hymenoptera (มด: 9.3%) และแมลงอื่นๆ (1.0%)

คำสำคัญ: การวิเคราะห์ทางเดินอาหาร, อึ่งเพ้า

An analysis of gut content of the truncate-snouted spadefoot frog in the University of Phayao Plant Genetic Conservation Areas

Jenjira Kaewtip¹, Sitthisak Pinmongkholgul², Kriengkrai Seetapan^{1,*}

¹Department of Fishery, School of Agriculture and Natural Resources, and ²Department of Biology, School of Science, University of Phayao, Mueang District, Phayao 56000

*Corresponding author: kook82@hotmail.com

The gut contents of the truncate-snouted spadefoot frog (*Glyphoglossus molossus* (Gunther, 1869)) were collected in the University of Phayao Plant Genetic Conservation Areas, Phayao Province, from June to October 2016. This study aimed to examine the diet species. In this study, the *Glyphoglossus molossus* was obtained by visual encounter survey. This study collected stomachs from 31 specimens were flushed and the contents analyzed. The results showed most of their diet was Class Insecta in Order Isoptera (termite: 89.7%), followed by Hymenoptera (ant: 9.3%) and other insects (1.0%).

Keywords: gut content analysis, *Glyphoglossus molossus*, Thailand

แนวโน้มน้การลดลงของปะการังอ่อนบริเวณหินม้วนเดียว อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะสิมิลัน

เจริญมี แซ่มซ้อย^{1*}, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน¹, ประรพ แผลงงาน², มาฆมาส สุทธราชี¹,
สิทธิพร เพ็งสกุล¹, วัลยา กลิ่นทอง¹

¹กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง
หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

²ศูนย์ปฏิบัติการอุทยานแห่งชาติทางทะเลที่ 2 กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช
จังหวัดภูเก็ต 83110

*ผู้เขียนหลัก : charemmee14@hotmail.com

ปะการังอ่อน โดยเฉพาะอย่างยิ่งสกุล *Dendronephthya* มีความอุดมสมบูรณ์ บริเวณแนวปะการังหลายแห่งในทะเลอันดามัน ความสวยงามและสีสันดึงดูดความสนใจนักท่องเที่ยวให้มาเยี่ยมชมกลุ่มสิ่งมีชีวิตปะการังเหล่านี้ จึงทำให้กลายเป็นแหล่งท่องเที่ยวอดนนิยมของนักประดาน้ำ โดยเฉพาะบริเวณหมู่เกาะสิมิลัน จังหวัดพังงา ในทะเลอันดามัน องค์ความรู้เกี่ยวกับนิเวศวิทยาของปะการังอ่อนในน่านน้ำไทยยังมีจำกัด การวิจัยนี้มีจุดประสงค์เพื่อศึกษาการเปลี่ยนแปลงตามเวลาของปะการังอ่อนสกุล *Dendronephthya* บริเวณอุทยานแห่งชาติหมู่เกาะสิมิลัน ในช่วงปี พ.ศ. 2553 – 2559 โดยวิธีการวางแปลงศึกษาถาวร เพื่อติดตามการเปลี่ยนแปลงพื้นที่ปกคลุมของปะการังอ่อน ผลการศึกษาบ่งชี้ว่าการปกคลุมพื้นที่ของปะการังอ่อนในช่วงปี พ.ศ. 2553 – 2556 อยู่ในช่วงร้อยละ 47 – 61 อย่างไรก็ตามการปกคลุมพื้นที่ปะการังอ่อนลดลงอย่างต่อเนื่องตั้งแต่การสำรวจในเดือนพฤศจิกายน 2556 การศึกษาในภาคสนามครั้งล่าสุดในเดือนธันวาคม 2559 พบว่าการปกคลุมพื้นที่ของปะการังอ่อนเหลือเพียงประมาณร้อยละ 15 ผลการวิจัยนี้เน้นให้เห็นถึงความสำคัญของการปิดพื้นที่แหล่งท่องเที่ยวหนาแน่นชั่วคราว เพื่อให้ปะการังอ่อนสามารถฟื้นตัวได้

คำสำคัญ: กลุ่มสิ่งมีชีวิตปะการัง, การฟื้นตัว, ทะเลอันดามัน

A declining trend in soft corals at Hin Muanduew,
Mu Ko Similan National Park

Charenmee Chamchoy^{1,*}, Thamasak Yeemin¹, Prarop Plangngan², Makamas
Sutthacheep¹, Sittiporn Pengsakun¹, Wanlaya Klinthong¹

¹Marine Biodiversity Research Group, Faculty of Science, Ramkhamhaeng University,
Hua Mark, Bangkok 10240

²Phuket Marine National Park Operation Center 1, Department of National Parks, Wildlife
and Plant Conservation, Phuket 83110

*Corresponding author: charernmee14@hotmail.com

Soft corals, particularly *Dendronephthya* spp., are dominant at many coral reefs in the Andaman Sea. Their beauty and color attract tourists to these coral communities making them hotspots for scuba divers, especially Mu Ko Similan, Phangnga Province in the Andaman Sea. Knowledge on the ecological aspects of soft corals in Thai waters is still limited. This study aimed to examine temporal changes of the soft coral *Dendronephthya* spp. at Hin Muanduew, Mu Ko Similan National Park during 2010 – 2016. A permanent quadrant method was used to monitor the soft coral cover. The results showed that soft coral cover during 2010 – 2013 was in a range of 47 – 61%. However, the soft coral cover has decreased continuously from the survey in November 2013. The last field observation in December 2016 revealed that the soft coral cover was about 15%. This study highlights the importance of temporary closure of popular tourist destinations for enhancing recovery of soft corals.

Keywords: *Dendronephthya*, coral community, recovery, Andaman Sea, Thailand

การสำรวจความหลากหลายทางชีวภาพของป่าไม้และสัตว์ป่า พื้นที่ห้วยลำสะโตน อุทยานแห่งชาติตาพระยา

ชัชยงค์ บัวบาน

ศูนย์วิจัยและพัฒนานวัตกรรมการอุทยานแห่งชาติ จังหวัดนครราชสีมา,
กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา
ผู้เขียนหลัก : nprckorat@gmail.com

กรมชลประทานเสนอโครงการพัฒนาแหล่งน้ำห้วยลำสะโตน จังหวัดสระแก้ว อยู่ในพื้นที่อุทยานแห่งชาติตาพระยา ซึ่งเป็นพื้นที่มรดกโลก ในการศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาโครงสร้างทางด้านนิเวศวิทยาป่าไม้ ความหลากหลายชนิดของ สัตว์ป่าและประเมินผลกระทบที่มีต่อทรัพยากรป่าไม้และสัตว์ป่า โดยการวางแปลงวงกลมขนาด 0.1 เฮกตาร์ จำนวน 143 แปลง พบต้นไม้จำนวน 21,079 ต้น ป่าดิบแล้งพบพรรณไม้ 129 ชนิด ป่าเบญจพรรณพบพรรณไม้ 75 ชนิด ซึ่งต้นพลอง ก้านขาว พบมากที่สุดในทั้งสองสังคมป่าและป่ารุ่นสองพบพรรณไม้ 89 ชนิด พบต้นตัวเกลี้ยงมากที่สุด ด้านทรัพยากรสัตว์ป่าทำการวางเส้นสำรวจจำนวน 13 เส้นในฤดูฝนและฤดูแล้ง พบวัวแดง กระต๊องและหมูป่า มีความชุกชุมมากที่สุดทั้งสองฤดูกาล หากมีการก่อสร้างอ่างเก็บน้ำทำให้การสูญเสียพื้นที่ป่าไม้ เท่ากับ 3,168.05 ไร่ สูญเสียความสามารถในการกักเก็บคาร์บอนของผืนป่า สูญเสียถิ่นที่อยู่อาศัยของสัตว์ป่าใกล้สูญพันธุ์และจำเป็นต้องใช้งบประมาณจำนวนมาก ในระยะเวลาหลายปี เพื่อฟื้นฟูระบบนิเวศให้เหมือนเดิม ดังนั้นพื้นที่ห้วยลำสะโตนจึงไม่เหมาะสมที่จะทำการสร้างอ่างเก็บน้ำ

คำสำคัญ: ความหลากหลายทางชีวภาพ, ห้วยลำสะโตน, อุทยานแห่งชาติตาพระยา

Study on biodiversity of forest and wildlife at lumsatone stream area in Ta-Phraya National Park

Chaiyong Buaban

*National Parks Research and Innovation Development Center, Department of National
Park, Wildlife and Plant Conservation*

Corresponding author: nprckorat@gmail.com

The Department of Irrigation has proposed a water source development project at Lumsatone Stream, Sra Kaew Province in the area of Ta-Phraya National Park which is one of the world heritage sites. This research aims to study the forest ecosystem structure, the diversity of wildlife and assess the impact on forest and wildlife of the proposed project. The process used was measuring the 0.1 hectare circle-sized bed for 143 beds. In this area, can be found 21,079 trees; Dry Evergreen Forest 129 species, Mixed Deciduous Forest 75 species. The *Memecylon miniflorum* are found most in both types of forests. In the Secondary Forest 89 species, the *Cratoxylum cochinchinense* (Lour.) Blume was found most. The survey of wildlife was set for 13 routes in both rainy season and dry seasons. It was found that Bantengs (*Bos javanicus*), Gaurs (*Bos gaurus*) and Wild pigs (*Sus scrofa*) were the most predominant species. If there were a water reservoir build-up, this will result in loss of forest area over 3,168.05 rai, as well as loss of the carbon storage. Moreover, there would be the loss of wildlife habitats and the crisis extinction. Considerable expenditure over many years would be needed to attempt to restore the ecosystem. The study found that the Lumsatone Stream area is not appropriate to build a reservoir.

Keywords: environmental impact assessment, Sra Kaew, dams, Thailand

การศึกษาเบื้องต้นขององค์ประกอบชนิด ความสัมพันธ์กับปัจจัยทางกายภาพของ หญ้าทะเล ณ. เกาะตะลิ่ง จังหวัดตรัง ประเทศไทย

ชาติชาย โคเคา^{1*}, Ken-ichi Hayashizaki², ปิยะลาภ ตันติประภาส¹, อัญชญา ประเทพ¹

¹หน่วยวิจัยสาหร่ายและหญ้าทะเล สถานความหลากหลายของคาบสมุทรไทย ภาควิชาชีววิทยา คณะ
วิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110 ประเทศไทย

²Kitasato Universtiy, School of Fisheries Sciences, Utou, Okirai, Sanriku-cho,
Ofunato, Iwate, Japan

*ผู้เขียนหลัก: khogkhao_c@hotmail.com

แนวหญ้าทะเลบริเวณเกาะตะลิ่ง จังหวัดตรัง เป็นแหล่งหญ้าทะเลที่ใหญ่ที่สุดในประเทศไทย แหล่งหญ้าทะเลดังกล่าวถูกตั้งอยู่ในพื้นที่ชุ่มน้ำที่มีความสำคัญระดับโลกและเป็นที่อยู่อาศัยของ พะยูน พื้นที่ดังกล่าวตั้งอยู่บริเวณปากแม่น้ำตรังซึ่งเป็นแม่น้ำที่ใหญ่ที่สุดในฝั่งทะเลอันดามัน ดังนั้นแนวหญ้าทะเลดังกล่าวจะได้รับผลอิทธิพลจากน้ำจืดที่ไหลลงมาจากปากแม่น้ำ การศึกษาครั้งนี้ ได้ศึกษาถึงความสัมพันธ์ระหว่างการแพร่กระจายของหญ้าทะเลและปัจจัยสิ่งแวดล้อมทางกายภาพ และเคมี เช่น ความเค็ม ความลึกของระดับน้ำ อุณหภูมิ ขนาดของตะกอน (ทรายหยาบ ทรายละเอียด และ โคลน) ทางฝั่งตะวันออกเฉียงใต้ของเกาะที่ซึ่งได้รับผลจากแม่น้ำที่ไหลลงมาจากเกาะ โดยได้ทำการศึกษาในระหว่างวันที่ 4 ถึง 5 เดือนพฤษภาคม พ.ศ. 2556 ในช่วงเริ่มต้น ของฤดูมรสุมตะวันตกเฉียงใต้ซึ่งหญ้าทะเลจะได้รับอิทธิพลจากฝน ผลการศึกษาเบื้องต้นพบว่า หญ้าทะเลมีความแตกต่างกันของชนิดในระหว่างพื้นที่ โดยพบว่า หญ้าคาทะเล (*Enhalus acoroides*) เป็นชนิดที่พบได้บ่อยที่สุด และหญ้าใบมะกรูด (*Halophila ovalis*) และ หญ้าชะเงาเต่า (*Thalassia hemprichii*) เป็นหญ้าทะเลที่เด่นรองลงมา

คำสำคัญ: หญ้าทะเล, เกาะตะลิ่ง, องค์ประกอบชนิด

A preliminary study of seagrass species composition and their
relationship with physical and chemical factors at
Talibong Island, Trang Province, Thailand

Chadchai Khogkhao^{1*}, Ken-ichi Hayashizaki², Piyalab Tuntipapas¹, Anchana Pratthep¹

¹Seaweed and Seagrass Research Unit, Centre of Biodiversity in Peninsular Thailand,
Department of Biology, Faculty of Science, Prince of Songkla University, Haad Yai,
Songkhla, 90112 Thailand

²Kitasato University School of Fisheries Sciences, Utou, Okirai, Sanriku-cho,
Ofunato, Iwate, Japan

*Corresponding author: khogkhao_c@hotmail.com

Talibong Island in Trang Province is known to be one of the largest seagrass beds in Thailand and it is designated as a RAMSAR site and also home to the endangered species of dugongs. The island is situated across the Trang river mouth, which is the largest river on the Andaman coast. Thus, seagrasses could be influenced by the fresh water run off along the gradient. This study examined the relationship between seagrass distribution and physical and chemical environments: salinity, mean sea level (MSL), temperature and sediment grain size (coarse sand, fine sand, clay) at the south east of the island, where there is a river discharged from the island. The field sample was carried out during 4 – 5 May 2013 representing the beginning of the south west monsoon season, when seagrass experienced rainy conditions. The preliminary results showed that there were spatial variations in seagrass occurrence; *Enhalus acoroides* was the most common species, while *Halophila ovalis* and *Thalassia hemprichii* were also common.

Keywords: RAMSAR, dugong.

ความหลากหลายและการใช้ประโยชน์ของพันธุ์ไม้ยืนต้นในพื้นที่ป่าริมน้ำ คลองท่าแนะ จังหวัดพัทลุง

เชิดศักดิ์ เกื้อรักษ์

คณะเทคโนโลยีและการพัฒนาชุมชน มหาวิทยาลัยทักษิณ วิทยาเขตพัทลุง 93210

ผู้เขียนหลัก: che.kuaraksa@gmail.com

พื้นที่ป่าริมน้ำ (Riparian zone) มีความสำคัญและควรค่าแก่การอนุรักษ์ไว้ อย่างไรก็ตาม ปัจจุบันพื้นที่ป่าริมฝั่งน้ำทั่วทั้งจังหวัดพัทลุงลดลงอย่างรวดเร็ว ส่งผลกระทบต่อความหลากหลายทางชีวภาพและความสมดุลของระบบนิเวศโดยรวม ก่อให้เกิดกระแสเรียกร้องการฟื้นฟูป่าริมน้ำให้กลับคืนมาสมบูรณ์ดังเดิมจากชุมชน โครงการสำรวจความหลากหลายและการใช้ประโยชน์ของพันธุ์ไม้ยืนต้นในพื้นที่ป่าริมน้ำจึงเกิดขึ้น โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อสร้างฐานองค์ความรู้ทางด้านพรรณไม้เพื่อนำไปใช้ในการปลูกฟื้นฟูป่าที่เหมาะสมกับบริบทของพื้นที่ และตรงกับความต้องการของชุมชนอย่างแท้จริง โดยการคัดเลือกเอาคลองท่าแนะเป็นกรณีศึกษา ทำการวางแผนสำรวจในพื้นที่ต้นน้ำ กลางน้ำ และปลายน้ำ จำนวน 9 แปลง ผลการศึกษาพบพรรณไม้ยืนต้นทั้งหมด 30 วงศ์ 71 ชนิด ส่วนใหญ่จะนำไปใช้ประโยชน์ทางด้านอาหาร โดยมี 4 ชนิดอยู่ในสถานะเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์หรือเป็นพรรณไม้หายากเฉพาะถิ่น ดังนั้นการรักษาป่าริมน้ำเอาไว้นอกจากจะช่วยคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางชีวภาพแล้วยังช่วยเสริมสร้างความมั่นคงทางด้านอาหารให้กับชุมชนอีกด้วย

คำสำคัญ: ความหลากหลายและการใช้ประโยชน์, พันธุ์ไม้ยืนต้น, ป่าริมน้ำ

Diversity and utilization of tree species in Khlong Ta Nae Riparian Zone, Phatthalung

Cherdsak Kuaraksa

Faculty of Technology and Community Development, Thaksin University, Phatthalung

Campus, Pa Phayom, Phatthalung 93210

Corresponding author: che.kuaraksa@gmail.com

Riparian zones are ecologically vital and should be well preserved. However, the riparian zone of Phatthalung Province has been significantly diminished, affecting biodiversity and ecosystem balance. Local community has urged for riparian zone restoration. The study on diversity and utilization of tree species in Khlong Ta Nae riparian zone aimed to create knowledge base on tree species appropriate for riparian restoration. 9 survey plots were established in 3 different designated sites; upstream, midstream and downstream. 71 tree species of 30 families were found and most of them were edible plants. Out of 71 species, 4 were either endangered or endemic species. Restoring riparian areas helps maintaining biological diversity as well as food security for local community.

Keywords: survey, local communities, Thailand.

การกระจายและความชุกชุมของเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตในบริเวณแหล่งหญ้าทะเล ของอ่าวไทยฝั่งตะวันออก

นันทกัต โปธิสาร¹, ไทยถาวร เลิศวิทยาประสิทธิ์^{1*}, พรศิลป์ ผลพันธ์²

¹ภาควิชาวิทยาศาสตร์ทางทะเล คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

²ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอเมือง จังหวัดสงขลา 90110

*ผู้เขียนหลัก: thaithaworn.L@chula.ac.th

ระบบนิเวศหญ้าทะเลมีความสำคัญโดยเป็นแหล่งอาหารและที่หลบภัยให้สัตว์ทะเลวัยอ่อน และใบหญ้าทะเลเลี้ยงให้พื้นที่เกาะติดที่ติดต่อสาหร่ายเบนทิกขนาดเล็ก (benthic phytoplankton) และในกลุ่มนี้มีเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตพิษ (toxic benthic dinoflagellate) ซึ่งสามารถก่อให้เกิดอาการพิษซิกกัวเทร่า (ciguatera fish poisoning symptoms, CFP) ได้ ซึ่งสารชีวพิษสามารถถ่ายทอดไปตามห่วงโซ่อาหาร จากปลากินพืชขนาดเล็กที่กินสาหร่ายบนใบหญ้าทะเลสู่ปลากินเนื้อขนาดใหญ่ และส่งต่อถึงมนุษย์ ปัจจุบันมีรายงานพิษ CFP ในแนวปะการังทั่วโลก อย่างไรก็ตาม การศึกษาเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตพิษในแหล่งหญ้าทะเลยังมีไม่มาก เพื่อที่ทราบการกระจายและความหนาแน่นของเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตในระบบนิเวศหญ้าทะเล การศึกษานี้ทำการเก็บตัวอย่างในแหล่งหญ้าทะเล 4 บริเวณของอ่าวไทยฝั่งตะวันออก ระหว่างมรสุมตะวันตกเฉียงใต้และมรสุมตะวันออกเฉียงเหนือ โดยเก็บดิน ใบหญ้า และแผ่นตาข่าย (screen trap) ผลการศึกษาพบว่ามรสุมตะวันออกเฉียงเหนือมีความชุกชุมและความหนาแน่นของเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตมากกว่ามรสุมตะวันตกเฉียงใต้ และยังพบว่าแหล่งหญ้าทะเลของหมู่เกาะแสมสารมีความชุกชุมและความหนาแน่นของเบนทิกไดโนแฟลกเจลเลตสูงที่สุด อาจเนื่องมาจากเป็นพื้นที่ที่มีความเค็มสูงและมีความหลากหลายของหญ้าทะเลมากกว่าบริเวณอื่น

คำสำคัญ: การกระจาย, เบนทิกไดโนแฟลกเจลเลต, หญ้าทะเล

Distribution and abundance of benthic dinoflagellates in seagrass areas of the Eastern Coast of the upper Gulf of Thailand

Nantapak Potisarn^{1,}, Thaithaworn Lirdwitayaprasit¹, Pornsilp Pholpunthin²*

¹ *Department of Marine Science, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Pathum Wan, Bangkok 10330*

² *Department of Biology, Faculty of Science, Prince of Songkla University, Songkhla 90110*

**Corresponding author: thaithaworn.L@chula.ac.th*

Seagrass ecosystems form an important nursery area for larvae of both marine vertebrates and invertebrates. The system provides food and refuge, particularly for larvae. Leaves of seagrass provide a good substrate for microorganisms to attach to, especially for benthic phytoplankton. Among those epiphytic microalgae, the most important one is toxic benthic dinoflagellates that can cause ciguatera fish poisoning (CFP) symptoms. Toxins of toxic benthic dinoflagellates can transfer through the food chain from the small herbivorous fish that graze on the seagrass leaves and then to carnivorous fish and finally to humans. CFP have been reported worldwide in the coral reef areas because the toxic benthic dinoflagellates also attach on dead coral and macro algae in the reef area. However, little is known about toxic benthic dinoflagellates in seagrass ecosystems. In Thailand, two cases have been reported, with patients having severe ciguatera-like symptoms. In order to understand the distribution and abundance of benthic dinoflagellates in seagrass ecosystem, this study was conducted in four seagrass areas off the eastern coast of the Upper Gulf of Thailand: Samaesan Island Chonburi, Rayong, and Chanthaburi province, during both the southwest monsoon and the northeast monsoon. Three substrates in the seagrass areas were collected including sediment, seagrass leaves and screen trap. The results revealed that during the northeast monsoon there is a higher abundance and density of benthic dinoflagellates than during the southwest monsoon. In addition, Samaesan Island showed the highest abundance and density of benthic dinoflagellates which might due to a higher level of salinity and higher diversity of seagrass than other areas.

Keywords: CFP, distribution, ecosystems, Samaesan Island.

ผลของโซเดียมไฮโปคลอไรต์ (NaOCl) ความเข้มข้นต่างๆ ในการฟอกฆ่าเชื้อ ยอดและตาข้างเพื่อใช้ในการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อสิรินธรวัลลี

ภัทสร ริยะบุตร, ภาววรรณ คำอ้น, อภากร สกุลสถาวร*

สาขาการจัดการทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม คณะวิทยาศาสตร์ประยุกต์และวิศวกรรมศาสตร์
มหาวิทยาลัยขอนแก่น วิทยาเขตหนองคาย อำเภอเมือง จังหวัดหนองคาย

*ผู้เขียนหลัก: arpasa@kku.ac.th

สิรินธรวัลลี *Phanera sirindhorniae* (K. Larsen & S. S. Larsen) มีการกระจายพันธุ์บริเวณเขต
รักษาพันธุ์สัตว์ป่าภูวู จังหวัดบึงกาฬ และอุทยานแห่งชาติภูพาน จังหวัดสกลนคร สารสกัดที่ได้จาก
สิรินธรวัลลีมีหลายชนิด เช่น isoliquiritigenin และ luteolin ในกลุ่มฟลาโวนอยด์มีฤทธิ์
ในการยับยั้งจุลชีพ และยังมีสารที่มีฤทธิ์ยับยั้งเอนไซม์ไทโรซิเนสที่มีผลต่อการยับยั้งการก่อตัวของ
เม็ดสีเมลานินในกระบวนการเกิดฝ้า นอกจากนี้สิรินธรวัลลียังเป็นไม้ถิ่นเดียวที่เจริญเติบโต
ตามธรรมชาติเฉพาะภาคอีสานตอนบนจึงเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์สูง ดังนั้นพืชที่มีคุณค่านี้ควรได้รับ
การอนุรักษ์และเพิ่มจำนวนจากเทคนิคการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ จึงได้ทำการศึกษาผลของสารละลาย
โซเดียมไฮโปคลอไรต์ความเข้มข้นต่างๆ เพื่อหาสภาวะที่เหมาะสมต่ออัตราการปลอดเชื้อและ
อัตราการรอดของตาข้างและตายอดบนสูตรอาหาร MS (ชื่อเต็ม) ที่ไม่เติมสารควบคุมการ
เจริญเติบโต ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าการฟอกฆ่าเชื้อชิ้นส่วนตาข้างด้วยสารละลาย
โซเดียมไฮโปคลอไรต์ความเข้มข้น 20 เปอร์เซ็นต์ 20 นาที จากนั้นฟอกซ้ำด้วยสารละลาย
โซเดียมไฮโปคลอไรต์ 5 เปอร์เซ็นต์ 15 นาที มีอัตราการปลอดเชื้อและอัตราการรอดชีวิตสูงสุดเป็น
66.67 และ 51.85 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนของการฟอกฆ่าเชื้อตายอดด้วยสารละลาย
โซเดียมไฮโปคลอไรต์ความเข้มข้น 10 เปอร์เซ็นต์ นาน 15 นาที มีอัตราการปลอดเชื้อและ
อัตราการรอดชีวิตสูงสุดเป็น 88.88 และ 55.56 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

คำสำคัญ : การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ, สิรินธรวัลลี, การฟอกฆ่าเชื้อ

Effect of different concentrations of sodium hypochlorite on surface sterilization of termination and axillary bud for *in vitro* culture of *Phanera sirindhorniae*

*Paphatsorn Riyabut, Vipavu Kamaon, Arpakorn Sakulsathaporn**

Natural Resource and Environmental Management, Faculty of Applied Science and Engineering, Khon Kaen University (Nongkhai Campus), Mueng District, Nongkhai Province

**Corresponding author : aprasa@kku.ac.th*

The distribution of *Phanera sirindhorniae* (K. Larsen & S. S. Larsen) Mackinder & R. Clark lies on the Phu Wua Wildlife Sanctuary, Bung Kan province and Phu Phan National Park, Sakon Nakhon Province. *P. sirindhorniae* has many useful extracts including isoliquiritigenin and luteolin that are anti-microbial compounds in a group of flavonoids and substances that are tyrosinase inhibitors in melanin synthesis. *P. sirindhorniae* is an endemic species growing naturally in the northeast of Thailand and is regarded as having a high to risk of extinction. Therefore, this valuable plant should be conserved and attempts made at increasing propagation using *in vitro* culture techniques. This research studied the effect of different concentrations of sodium hypochlorite solution to find a suitable condition for sterilization and survival rates of the lateral and the apical buds on MS medium without plant growth regulators. The results showed that the lateral buds were surface sterilized with 20% of sodium hypochlorite solution for 20 minutes and repeated again with 5% sodium hypochlorite solution for 15 minutes, displayed the sterility rate and the highest survival rates were 66.67% and 51.85%, respectively. The apical buds were sterilized with 10% sodium hypochlorite solution for 15 minutes represented the most percentage of surface sterilization and survival explants were 88.88% and 55.56%, respectively.

Keywords: propagation, tissue culture, conservation, Thailand.

โครงสร้างและองค์ประกอบสังคมพืชในระบบนิเวศเกาะ

พรวิรัช เฉลิมวงศ์

ศูนย์วิจัยและพัฒนาอนุรักษ์ธรรมชาติ จังหวัดสุราษฎร์ธานี อำเภอเมือง จังหวัดสุราษฎร์ธานี 84000

* ผู้เขียนหลัก : chalemwong_p58@hotmail.com

การศึกษาค้นคว้าในพื้นที่อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะอ่างทองเป็นกรณีศึกษา เพื่อศึกษาถึงโครงสร้างและองค์ประกอบสังคมพืชประเภทต่างๆที่ปรากฏในระบบนิเวศแบบเกาะ โดยใช้การวางแผนตัวอย่างขนาด 20 × 50 เมตร จำนวน 3 ซ้ำ ในแต่ละสังคม เพื่อเก็บและวิเคราะห์ข้อมูลเชิงนิเวศวิทยาของไม้ใหญ่ ผลการศึกษาสามารถจำแนกสังคมพืชออกได้เป็น 4 สังคมหลัก ได้แก่ สังคมป่าดิบชื้น พบพันธุ์ไม้ 25 ชนิด ค่าดัชนีความสำคัญ 5 ลำดับแรก ได้แก่ คอเหี้ย กระท้อน จันดา มะปริง และตะเคียนทอง สังคมป่าชายเลน พบพันธุ์ไม้ 8 ชนิด 5 ลำดับแรก ได้แก่ โปรงแดง ตาตุ่มทะเล โกงกางใบเล็ก ฝาดดอกแดง และตะบูนดา สังคมป่าชายหาด พบพันธุ์ไม้ 10 ชนิด 5 ลำดับแรก ได้แก่ หมันทะเล ตะบัน โปะทะเลดอกย่อย ทองหลาง และมะเฟืองช้าง และสังคมป่าดิบแล้ง ซึ่งเป็นสังคมพืชหลักของเกาะ สามารถจำแนกเป็น 3 สังคมย่อย ได้แก่ สังคมดิบแล้งหินปูน พบพันธุ์ไม้ 33 ชนิด สูงสุด 5 ลำดับแรก ได้แก่ เทียนขโมย สามพันตา พลองใบใหญ่ ทลายเขา และยูสังคมดิบแล้งร่องห้วย พบพันธุ์ไม้ 29 ชนิด 5 ลำดับแรก ได้แก่ ยางนา เต่าร้างแดง หว่า ส้มเมาเขา และรักขี้หนู สังคมเขาหินปูน พบพันธุ์ไม้ 32 ชนิด 5 ลำดับแรก ได้แก่ สลัดได ปรังทะเล เตยทะเล ขี้เหล็กถั่ว และขี้ยาย

คำสำคัญ: อุทยานแห่งชาติหมู่เกาะอ่างทอง, ระบบนิเวศแบบเกาะ, ป่าดิบแล้งเขาหินปูน

Structure and species composition of the islands ecosystem

Pornthawat Chalermwong

National Park Research and Innovation Center (Suratthani),

Mueang District, Suratthani Province, 8400

Corresponding author: chalermwong_p58@hotmail.com

This research used Mu Koh Ang Thong National Park as a study area. The aim was to better understand the structure and species composition of forest type in an island ecosystem by using three of 20x50 m. sample plots in each forest community. The results found 4 main forest communities, including, moist evergreen forest with 25 species (the important value of five first order, including, *Xerospermum noronhianum*, *Sandoricum koetjape*, *Diospyros venosa*, *Bouea oppositifolia* and *Hopea odorata*), mangrove forest with 8 species (the IV of five first order, including, *Ceriops tagal*, *Excoecaria agallocha*, *Rhizophora apiculata*, *Lumnitzera littorea* and *Xylocarpus moluccensis*), beach forest with 10 species (the IV of five first order, including, *Cordia subcordata*, *Xylocarpus rumphii*, *Thespesia populneoides*, *Erythrina* sp. and *Lepisanthes tetraphylla*) and dry evergreen forest, covering most areas, was classified into 3 sub-communities, including, limestone dry evergreen forest with 33 species (the IV of five first order, including, *Drypetes hoensis*, *Cleistanthus gracilis*, *Memecylon ovatum*, *Celtis philippensis* and *Pterospermum pecteniforme*, creek dry evergreen forest with 29 species (the IV of five first order, including, *Dipterocarpus alatus*, *Caryota mitis*, *Syzygium cumini*, *Antidesma montanum* var. *wallichii* and *Semecarpus albescens*) and limestone forest with 32 species (the IV of five first order, including, *Euphorbia antiqorum*, *Cycas rumphii*, *Pandanus odorifer*, *Phyllanthus mirabilis* and *Terminalia triptera*).

Keywords: Mu Koh Ang Thong National Park, survey, forest tree species, marine, coastal environment, Thailand.

การวัดออกซิเจนฟลักซ์ในหญ้าทะเลด้วยเทคนิค eddy correlation

พลชาติ โชติการ^{1,2,7*}, สุธินี ลินุส^{2,3}, แอนดี สตีเฟ่น⁴, มาร์ค เบตส์, เจฟฟรีย์ คาร์ลีน⁶, ปีเตอร์ ราล์ฟ⁷

¹สถาบันทรัพยากรทะเลและชายฝั่ง, ²สถานวิจัยสมุทรศาสตร์ชายฝั่งและการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ และ ³คณะการจัดการสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอเมือง จังหวัดสงขลา

⁴CSIRO Oceans and Atmosphere Flagship, Brisbane, Australia

⁵CSIRO Oceans and Atmosphere, Hobart, Australia

⁶CSIRO Land and Water, Brisbane, Australia

⁷Climate Change Cluster, University of Technology Sydney, Australia

*ผู้เขียนหลัก: ponlachart.c@psu.ac.th

Eddy correlation (EC) เป็นเทคนิคที่นำมาใช้ในการวัดการไหลในแนวตั้งภายในชั้นขอบเขตการไหลของของเหลวโดยไม่ก่อให้เกิดการรบกวนต่ออุทกพลศาสตร์ของสิ่งแวดล้อมบริเวณนั้น โดยหลักการของเทคนิคนี้ คือ การวัดความสัมพันธ์ของความเปลี่ยนแปลงของออกซิเจนและความเร็วของการไหลอย่างปั่นป่วน (turbulent velocity) แม้ว่าจะมีการใช้ EC ในงานทางทะเลเป็นระยะเวลานาน แต่ระบบนี้ก็ยังคงอยู่ภายใต้การพัฒนาเพื่อให้ได้ผลลัพธ์ที่แม่นยำ อุ่นหภูมิและแสงเป็นปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อกระบวนการเมตาบอลิซึมของหญ้าทะเล เช่น การสังเคราะห์แสง การทำงานของเอนไซม์ สมดุลคาร์บอน เป็นต้น ซึ่งจะส่งผลต่อการเจริญเติบโต การสืบพันธุ์ การอยู่รอด และการกระจายตัวของหญ้าทะเล งานนี้ได้ประเมินระบบ EC ในการวัดออกซิเจนฟลักซ์ (oxygen flux) และปริมาณของออกซิเจน (oxygen production) ที่หญ้าทะเลสร้างขึ้นภายใต้สภาวะควบคุมการไหลของน้ำ การศึกษาครั้งนี้ ได้ใช้ระบบ EC และการเรืองแสงของคลอโรฟิลล์ มาศึกษาอุณหภูมิและปริมาณแสงที่เหมาะสมต่อการสังเคราะห์แสงและการหายใจของหญ้าทะเล *Zostera muelleri* ซึ่งผลการศึกษาพบว่าอุณหภูมิและแสงส่งผลต่อการผลิตออกซิเจน ประสิทธิภาพการสังเคราะห์แสง การยับยั้งเชิงแสง และการป้องกันเชิงแสงในหญ้าทะเลชนิดนี้ และอุณหภูมิและปริมาณแสงที่เหมาะสมต่อการสังเคราะห์แสงของหญ้าทะเลชนิดนี้คือ 25 องศาเซลเซียส และ 150–250 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ตามลำดับ จากการศึกษาดังพบว่าระบบ EC มีศักยภาพในการวัดออกซิเจนฟลักซ์และปริมาณออกซิเจนที่หญ้าทะเลสร้างขึ้นภายใต้อุณหภูมิและแสงที่แตกต่างกันในสภาวะควบคุมการไหลของน้ำ ความแม่นยำและความเที่ยงของระบบ EC ขึ้นอยู่กับการไหลของน้ำและสภาพแวดล้อมโดยรอบ เช่น การรบกวนจากอุปกรณ์อิเล็กทรอนิกส์ชนิดอื่น

คำสำคัญ : eddy correlation, ออกซิเจนฟลักซ์, หญ้าทะเล

Oxygen flux measurement in seagrasses using eddy correlation technique

Ponlachart Chotikarn^{1,2,7*}, Sutinee Sinutok^{2,3}, Andy Steven⁴,
Mark E. Baird⁵, Geoffrey Carlin⁶, Peter J. Ralph⁷

¹Marine and Coastal Resources Institute, ²Coastal Oceanography and Climate Change
Research Center, and ³Faculty of Environmental Management,
Prince of Songkla University, Mueang District, Songkla Province

⁴CSIRO Oceans and Atmosphere Flagship, Brisbane, Australia

⁵CSIRO Oceans and Atmosphere, Hobart, Australia

⁶CSIRO Land and Water, Brisbane, Australia

⁷Climate Change Cluster, University of Technology Sydney, Australia

*Corresponding author: ponlachart.c@psu.ac.th

The eddy correlation (EC) technique is an aquatic flux measurement technique to measure and calculate vertical turbulent fluxes within aquatic boundary layers without disturbing environmental hydrodynamics. The principle of the EC approach is the correlation of turbulent velocity and oxygen concentration fluctuations measured with high frequencies in the same sampling volume. Although EC has been used in aquatic systems for over a decade, this system is still under development to gain robust results. Temperature and light are important controls of seagrass metabolism (photosynthesis, enzyme activity and maintenance of the carbon balance in seagrass) which in turn governs their growth, survival, reproduction and distribution. The reliability and limitations of non-invasive eddy correlation (EC) system and the optimal temperature and light requirements for photosynthesis and respiration in the temperate seagrass *Zostera muelleri* were investigated by measuring seagrass O₂ flux and O₂ production in a laboratory flume under controlled flow environment. Seagrass health was examined using chlorophyll fluorescence technique. The results showed that temperature and light have an effect on production, photosynthetic efficiency, photoinhibition and capacity for photoprotection in *Z. muelleri*. Optimal temperature and light for photosynthesis for this temperate seagrass is 25°C and 150–250 μmol photons m⁻² s⁻¹, respectively. The results showed that the EC has a potential to quantify O₂ flux and O₂ production in seagrass meadows at different light and temperature conditions within a control-flow environment. The accuracy and precision of EC depends on both the prevailing flow conditions and surrounding environment (e.g. electrical instrumentation).

Keywords: *Zostera muelleri*, EC, turbulent velocity, marine aquatic systems.

การเก็บรักษาเมล็ดของต้นไม้ท้องถิ่นเพื่อการฟื้นฟูป่าในเขตภาคเหนือของประเทศไทย

ปัญญา ไวยบุญญา, พิมพ์รัตน์ เทียนสวัสดิ์, สตีเฟ่น เอลเลียต

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่ 50200

*ผู้เขียนหลัก : tiansawat@yahoo.co.th

เมล็ดเป็นสิ่งสำคัญในการผลิตต้นกล้าเพื่อการฟื้นฟูป่า ความเข้าใจเรื่องลักษณะเมล็ดที่เกี่ยวกับการเก็บรักษา จึงมีส่วนช่วย ในการวางแผนและจัดการโครงการการฟื้นฟูป่า การศึกษาครั้งนี้ได้จำแนกประเภทการเก็บรักษาเมล็ดตามความสามารถในการทนต่อ การลดความชื้น และหาวิธีการที่เหมาะสมต่อการเก็บรักษาเมล็ดพรรณไม้พื้นเมืองเขตภาคเหนือจำนวน 10 ชนิด จากการทดลองสามารถจำแนกเมล็ดออกเป็น 3 ประเภท คือ Orthodox Intermediate และ Recalcitrant กลุ่มที่เป็น Orthodox มีจำนวน 7 ชนิด ได้แก่ สะเดาข้าง (*Acrocarpus fraxinifolius*) ซ้อ (*Gmelina arborea*) หมอนหิน (*Hovenia dulcis*) มณฑาแดง (*Manglietia garrettii*) เลียน (*Melia toosendan*) มะขามป้อม (*Phyllanthus emblica*) และนางพญาเสือโคร่ง (*Prunus cerasoides*) มีเพียงกล้วยถั่ว (Diospyros glandulosa) ที่จัดอยู่ในกลุ่ม Intermediate ส่วนกลุ่ม Recalcitrant มีสองชนิดได้แก่ หาดทูน (*Artocarpus lacucha*) และลำไยป่า (*Dimocarpus longan*) เมล็ดที่เป็น Orthodox สามารถเก็บรักษาไว้ได้โดย วิธีการแนะนำสำหรับการเก็บรักษาเมล็ดประเภท Orthodox คือ (1) ควรเก็บรักษาที่ไม่ลดความชื้นเก็บภายใต้ อุณหภูมิห้อง ได้แก่ เมล็ดสะเดาข้าง (*A. fraxinifolius*) และ มะขามป้อม (*P. emblica*) (2) เก็บรักษาเมล็ดที่ไม่ผ่านการลดความชื้นเก็บภายใต้ อุณหภูมิตู้แช่เย็น 5 °C จำนวน 4 ชนิด ได้แก่ ซ้อ (*G. arborea*) หมอนหิน (*H. dulcis*) มณฑาแดง (*M. garrettii*) และนางพญาเสือโคร่ง (*P. cerasoides*) และ (3) เลียน (*M. toosendan*) เป็นเพียงชนิดเดียวที่ควรลดความชื้นเมล็ดเหลือ ร้อยละ 5 และเก็บรักษาภายใต้อุณหภูมิห้อง

คำสำคัญ: พรรณไม้โครงสร้าง, การฟื้นฟูระบบนิเวศ, การงอกของเมล็ด

Seed storage of native tree species for forest restoration in Northern Thailand

Panya Waiboonya, Pimonrat Tiansawat, Stephen Elliott*

*Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University,
Muang District, Chiang Mai Province, 50200*

**Corresponding author: tiansawat@yahoo.co.th*

Viable seeds are essential materials for seedling production for forest restoration. Understanding seed characteristics regarding their storage will be helpful for planning and managing restoration programs. This study aimed to investigate seed storage behaviour according to seed desiccation tolerance and to find suitable seed storage techniques for 10 northern native tree species. There were three types of seed storage behaviour: orthodox, intermediate and recalcitrant. *Acrocarpus fraxinifolius*, *Gmelina arborea*, *Hovenia dulcis*, *Manglietia garrettii*, *Melia toosendan*, *Phyllanthus emblica* and *Prunus cerasoides* are classified as orthodox species. *Artocarpus lacucha* and *Dimocarpus longan* are recalcitrant. Only *Diospyros glandulosa* showed intermediate behaviour. There were three different recommended storage techniques for different orthodox species. Seeds of *A. fraxinifolius* and *P. emblica* should be stored with initial seed moisture content under ambient temperature. For *G. arborea*, *H. dulcis*, *M. garrettii* and *P. cerasoides*, the seeds should be stored with initial seed moisture content under 5°C. Finally, *M. toosendan* should be dried to reach seed moisture content of 5% and stored under ambient temperature.

Keywords: Framework tree species, ecological restoration, seed germination

การตรวจจับเหตุการณ์สำหรับเครือข่ายเซ็นเซอร์ปะการัง

ไพโรจน์ เสนา, ศิริรัตน์ สมเชื้อ, กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี*, มัลลิกา เจริญสุธาสินี

ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพยากรณ์และการจัดการ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
อำเภอท่าศาลา จังหวัดนครศรีธรรมราช 80161

*ผู้เขียนหลัก: krisanadej@gmail.com

ระบบนิเวศทางทะเลเป็นสิ่งสำคัญสำหรับข้อมูลต่าง ๆ เช่น การท่องเที่ยวการฟื้นฟูและการคุ้มครองสิ่งแวดล้อม ในการจัดการระบบนิเวศเหล่านี้จำเป็นต้องใช้ข้อมูลจากเซ็นเซอร์และการประสานเวลาแบบเรียลไทม์ (ผ่านทางเทคโนโลยีคลาวด์) จะสร้างการวัดแบบทันเวลาให้หน่วยงานนักท่องเที่ยว นักวิจัยในท้องถิ่นที่จะดำเนินการ ระบบการตรวจสอบตามระบบคลาวด์ได้รับการพัฒนาเพื่อตอบสนองต่อความต้องการเหล่านี้ นอกจากนี้ข้อมูลระยะยาวยังจำเป็นสำหรับการตรวจสอบผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศต่อระบบนิเวศเหล่านี้ แนวปะการัง โดยเครือข่ายดังกล่าวด้วยเซ็นเซอร์ CTD การวัดค่าการนำไฟฟ้า อุณหภูมิ ความลึก และความเค็ม ที่คำนวณได้ในเกาะราชาใหญ่ จังหวัดภูเก็ตเป็นเวลานาน เรามีข้อมูลเพียงพอที่จะพัฒนาเหมือนข้อมูลการตรวจสอบเหตุการณ์ที่จะช่วยให้เราสามารถตรวจสอบได้ บางเหตุการณ์ ตัวอย่างเช่น ความผันผวนของระดับน้ำทะเลในพื้นที่แนวปะการังที่อาจเกี่ยวข้องกับเหตุการณ์สำคัญ ๆ เช่นคลื่นพายุและสึนามิ ข้อมูลการทำเหมืองข้อมูลระดับสูงในข้อมูลเหล่านี้จะขึ้นอยู่กับการวิเคราะห์อนุกรมและอนุกรมครั้ง รวมถึงวิธีการใหม่ ๆ ที่พัฒนาขึ้นในเทคโนโลยี Soundscape นอกจากนี้ยังช่วยให้เราสามารถนำเสนอข้อมูลเชิงลึกที่มีความหมายไม่เพียงลึกซึ้ง เช่นสถานะของทะเลเพื่อประสบการณ์การท่องเที่ยวที่ดีขึ้นเท่านั้น นอกจากนี้ยังมีการดำเนินการเกี่ยวกับเซ็นเซอร์ที่จะต้องเข้าพื้นที่เพื่อรักษาหรือแก้ไขเซ็นเซอร์และเครื่องมือเพื่อหลีกเลี่ยงข้อมูลที่หายไป

คำสำคัญ: สารสนเทศการท่องเที่ยว, การตรวจจับเหตุการณ์สำคัญ, การทำเหมืองข้อมูลเซ็นเซอร์

Event detection for coral sensor network

Pairot Sena, Sirirat Somchuea, Krisanadej Jaroensutasinee, Mullica Jaroensutasinee*
Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University,
Thasala District, Nakhonsithammarat 80161
**Corresponding author: krisanadej@gmail.com*

Marine ecosystems are of paramount importance for various fields, e.g. tourism, environmental restoration and protection. In order to manage these ecosystems, sensor data are needed and their near real time synchronization (via cloud based technology) will generate timely measures for local authorities/tourists/ researchers to execute. A cloud based monitoring system has been developed to respond to these requirements. Additionally, long term data is also needed for monitoring of climate change effects on these ecosystems-coral reefs. With such a network with CTD sensors, measuring the amount of conductivity, temperature, depth and computed salinity, deployed in Racha Yai Island, Phuket for a long time, sufficient data has been collected to develop an event detection data mining that would allow the investigation of some events. For example, some fluctuation of sea levels in the coral reef area which can be associated with major events like storm surges and tsunamis. This high-level data mining on these data is based on times series and cluster analyses including novel methods developed in the Soundscape technology, also allows for provision by cloud technology, not only meaningful insights such as the state of the sea for better tourist experience, but also the action on the sensors that would require site visits to maintain or fix the sensors and the instruments to avoid missing data.

Keywords: tourism informatics, marine ecosystems, Koh Racha Yai, sensor data mining, Thailand.

การเกิดโรคปะการังบริเวณแนวปะการังเขตนํ้าตื้น เกาะแตน จังหวัดสุราษฎร์ธานี

มัทธิกา แดงแย้ม^{1*}, สุชนา ชวนิชย์¹, นิลนาจ ชัยธนาวิสุทธิ²

¹กลุ่มงานวิจัยชีววิทยา ภาควิชาชีววิทยาศาสตร์ทางทะเล คณะวิทยาศาสตร์ และ ²สถาบันวิจัยทรัพยากรน้ำ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

*ผู้เขียนหลัก: matthika143@gmail.com

ศึกษาเปรียบเทียบการเกิดโรคของปะการังบริเวณแนวปะการังเขตนํ้าตื้นของเกาะแตน จังหวัดสุราษฎร์ธานีใน 2 ฤดูกาลคือ ฤดูฝน (เดือนกันยายน 2559) และฤดูร้อน (เดือนมีนาคม 2560) โดยการใช้วิธี Belt-Transect ผลการศึกษาพบว่าโรคของปะการังทั้งหมด 4 ชนิด ประกอบด้วย White Syndrome (WS), *Porites* White Patch Syndrome (PWPS), Ulcerative White Spot (UWS) และ Pink Line Syndrome (PLS) โดยในฤดูฝนพบโรคปะการัง 2 ชนิด (โรค WS และโรค PLS) และในฤดูร้อนพบโรคปะการัง 3 ชนิด (โรค WS โรค PWPS และโรค UWS) โดยแนวปะการังเขตนํ้าตื้นของเกาะแตนมีค่าเฉลี่ยความชุกของโรค (Disease prevalence) เท่ากับ 19.29 ± 2.31 เปอร์เซ็นต์ ในฤดูฝน (22.73 ± 1.99 เปอร์เซ็นต์) มีค่าสูงกว่าฤดูร้อน (16.01 ± 3.45 เปอร์เซ็นต์) ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยโรค WS เป็นโรคที่พบมากที่สุดฤดูฝน (21.33 ± 1.15 เปอร์เซ็นต์) และโรค PWPS เป็นโรคที่พบมากที่สุด ในฤดูร้อน (9.55 ± 3.17 เปอร์เซ็นต์) นอกจากนี้ยังพบว่าปะการังโขด (*Porites lutea*) เป็นปะการังชนิดเด่นในพื้นที่ศึกษาและเป็นปะการังเพียงชนิดเดียวที่พบโรคปะการังในพื้นที่ศึกษา ผลการศึกษารั้งนี้จัดเป็นข้อมูลพื้นฐานของการเกิดโรคของปะการังในแนวปะการังเขตนํ้าตื้นของเกาะแตน จังหวัดสุราษฎร์ธานี สำหรับการตรวจเฝ้าระวังการระบาดของโรคปะการังในอนาคตต่อไป

คำสำคัญ: โรคปะการัง, ความชุกของโรค, แนวปะการัง

Occurrence of coral diseases in shallow water reefs in Tan Island, Suratthani Province

Matthika Daengyaem^{1*}, Suchana Chavanich¹, Nilnaj Chaitanawisuti²

¹Reef Biology Research Group, Department of Marine Science, and ²Aquatic Resources
Research Institute, Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok 10330

*Corresponding author: matthika143@gmail.com

A comparative study on occurrence of coral disease in shallow water reef communities at Tan Island, Suratthani province was conducted during the rainy season (September 2016) and summer season (March 2016) using Belt-Transsect method. Results found that a total of 4 coral diseases were found consisting of White Syndrome (WS), *Porites* White Patch Syndrome (PWPS), Ulcerative White Spot (UWS) and Pink Line Syndrome (PLS). WS and PLS were found in rainy season, and WS, PWPS and UWS were found in summer season. Average disease prevalence of Tan Island was $19.29 \pm 2.31\%$ and disease prevalence in rainy season ($22.73 \pm 1.99\%$) was higher than that in summer season ($16.01 \pm 3.45\%$), but not significantly different. WS was the dominant disease found in rainy season ($21.33 \pm 1.15\%$) and PWPS was the dominant disease in summer ($9.55 \pm 3.17\%$). Furthermore, the dominant coral (*Porites lutea*) was the only coral infected with disease in this area. The results of this study offer a baseline data on coral disease in shallow water reefs in Tan Island, Suratthani Province which is available for further monitoring programs of coral disease outbreak in Thai waters.

Keywords: belt-transect, *Porites lutea*, WS, PWPS, UWS, PLS, marine ecosystem, Thailand.

โครงสร้างขนาดของหอยตะเภาบริเวณหาดเจ้าไหมและหาดปากเมง จังหวัดตรัง

มาฆมาส สุทธาชีพ^{1*}, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน¹, มาโนช วงศ์สุริย์รัตน์², อีรพงษ์ พริกขุผล¹,
วิภาวรรณ อุ่นคงทอง¹, ปาริชาติ นิยมไทย¹

¹กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยรามคำแหง หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

²อุทยานแห่งชาติหาดเจ้าไหม กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช อำเภอสิเกา จังหวัดตรัง 92150

*ผู้เขียนหลัก: msutthacheep@yahoo.com

หอยตะเภา *Donax scortum* เป็นสัตว์เศรษฐกิจที่มีความสำคัญในฝั่งทะเลอันดามันของประเทศไทย องค์ความรู้ด้านโครงสร้างประชากรและพารามิเตอร์เกี่ยวกับประชากรหลายประการของหอยตะเภา เป็นสิ่งที่จำเป็นสำหรับการจัดการทรัพยากรหอยทะเล การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษา การแจกแจงความถี่ขนาดของประชากรหอยตะเภา *D. scortum* จากหาดเจ้าไหมและหาดปากเมง จังหวัดตรัง ในช่วงเดือนพฤศจิกายน 2559 – เดือนมีนาคม 2560 ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่า ขนาดของหอยตะเภาที่บริเวณหาดเจ้าไหมและหาดปากเมง มีค่าอยู่ในช่วง 2 – 7 เซนติเมตร หอยตะเภาที่พบมากที่สุดบริเวณหาดเจ้าไหม มีขนาด 6.0 – 7.0 เซนติเมตร ในขณะที่หอยตะเภาที่ พบมากที่สุดในบริเวณหาดปากเมงมีขนาด 5.0 – 6.0 เซนติเมตร หอยตะเภาขนาดเล็ก (2.0 – 3.0 เซนติเมตร) พบมากบริเวณหาดปากเมงในเดือนกุมภาพันธ์ 2560 หอยตะเภาขนาด 3.0 – 5.0 เซนติเมตร มีมากทั้งสองสถานีศึกษา จำเป็นต้องมีกลยุทธ์การจัดการเพื่อการใช้ประโยชน์หอยตะเภา ในทะเลอันดามันอย่างยั่งยืน

คำสำคัญ: *Donax scortum*, การแจกแจงความถี่ขนาด, การใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืน

Size structures of the wedge clam from the Hat Chao Mai and Haad Pakmeng, Trang Province

Makamas Sutthacheep^{1,*}, *Thamasak Yeemin*¹, *Manoch Wongsuryrat*²,
*Teerapong Prickchoopon*¹, *Wiphawan Aunkhongthong*¹, *Parichat Niyomthai*¹

¹*Marine Biodiversity Research Group, Department of Biology, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Huamark, Bangkok 10240*

²*Hat Chao Mai National Park, Department of National Parks, Wildlife and Plant
Conservation, Sikao District, Trang Province 92150*

**Corresponding author: msutthacheep@yahoo.com*

The wedge clam, *Donax scortum*, is an economically important species on the Andaman coast of Thailand. For the management of valuable shellfish resources, knowledge of population structure and several important population parameters of the wedge clam are required. The present study aimed to examine size-frequency distribution of *D. scortum* populations from Haad Chao Mai and Haad Pakmeng, Trang Province during November 2016 – March 2017. The results showed that the size of the clams at Haad Chao Mai and Haad Pakmeng, ranged from 2.0 cm to 7.0 cm. The most dominant size class of *D. scortum* at Haad Chao Mai was 6.0 – 7.0 cm while that at Haad Pakmeng was 5.0 – 6.0 cm. The small size class, 2.0 – 3.0 cm of the wedge clam was clearly observed at Haad Pakmeng in February 2016. The clam sizes in a range of 3.0 – 5.0 cm were obviously found at both study sites. Certain management strategies are needed for sustainable use of this wedge clam in the Andaman Sea.

Keywords: *Donax scortum*, size-frequency distribution, sustainable use, Thailand.

ประชาคมแพลงก์ตอนสัตว์บริเวณปากน้ำหลังสวน จังหวัดชุมพร

ละอองดาว จงรักษ์, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน, มาฆมาส สุทธราชชีพ, รัตนาวดี เนียมศิริ, ศุภกานต์ เผ่าดวง,
อรเทพ มือเสือ

กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยรามคำแหง หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

*ผู้เขียนหลัก : laongdow8853@gmail.com

ศึกษาชนิดและปริมาณแพลงก์ตอนสัตว์บริเวณปากน้ำหลังสวน จังหวัดชุมพร เก็บตัวอย่างด้วย
ตุลากลักแพลงก์ตอนสัตว์ ขนาดตา 120 ไมโครเมตร ในช่วงต้นฤดูมรสุมตะวันตกเฉียงใต้
(พฤษภาคม 2559) และก่อนฤดูมรสุมตะวันออกเฉียงเหนือ (ตุลาคม 2559) ผลการศึกษาพบ
แพลงก์ตอนสัตว์ในเดือนพฤษภาคม ทั้งหมด 21 กลุ่ม 10 ไฟลัม ความหนาแน่นเฉลี่ย 936.54×10^3
ตัวต่อลูกบาศก์เมตร กลุ่มเด่นที่พบ ได้แก่ calanoid copepod, cyclopoid copepod และ
nauplius larvae ส่วนในเดือนตุลาคม 2559 พบแพลงก์ตอนสัตว์ทั้งหมด 30 กลุ่ม 13 ไฟลัม ความ
หนาแน่นเฉลี่ย $2,428.40 \times 10^3$ ตัวต่อลูกบาศก์เมตร กลุ่มเด่นที่พบ ได้แก่ calanoid copepod,
Oikopleura sp. และ cyclopoid copepod ค่าเฉลี่ยความหนาแน่นของแพลงก์ตอนสัตว์ระหว่าง
ช่วงเวลาศึกษามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ความหลากหลายของชนิดและความ
หนาแน่นเฉลี่ยของแพลงก์ตอนสัตว์ รวมทั้งลูกกุ้งและลูกปลา บริเวณปากน้ำหลังสวน จังหวัดชุมพร
ในช่วงก่อนฤดูมรสุมตะวันออกเฉียงเหนือ (ตุลาคม 2559) มีมากกว่าต้นฤดูมรสุมตะวันตกเฉียงใต้
(พฤษภาคม 2559)

คำสำคัญ: โคพีพอด, ความหลากหลาย, ความหนาแน่น

Zooplankton community in Paknam Langsuan, Chumphon Province

*Laongdow Junrak **, *Thamasak Yeemin*, *Makamas Sutthacheep*,
Rattanawadee Niamsiri, *Supakarn Paodung*, *Orathep Muresare*
Marine Biodiversity Research Group, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Huamark, Bangkok 10240
**Corresponding author: laongdow8853@gmail.com*

Composition and abundance of zooplankton in Paknam Langsuan, Chumphon Province were examined by using a standard 120 μm mesh plankton net during the early southwest monsoon (May 2016) and before the northeast monsoon (October 2016). The results showed that 21 taxa in 10 phyla of zooplankton were collected in May 2016 with an average density 936.54×10^3 inds./ m^3 . The dominant groups were calanoid copepod, cyclopoid copepod and nauplius larvae. However, 30 taxa in 13 phyla of zooplankton were observed in October 2016 with an average density $2,428.40 \times 10^3$ inds./ m^3 . The dominant groups were calanoid copepod, *Oikopleura* sp. and cyclopoid copepod. The averages of zooplankton density were significantly different between the study periods. The diversity and density of zooplankton, including shrimp and fish larvae, in Paknam Langsuan, Chumphon Province before the northeast monsoon (October 2016) were much higher than those in the early southwest monsoon (May 2016).

Keywords: copepod, diversity, density, *Oikopleura* sp., marine environment, Thailand.

การอนุรักษ์พืชผ่านทางความเชื่อดั้งเดิม: พืชเชิงสังคมในวัฒนธรรมมัง

วารรัตน์ งามชู¹, ประสิทธิ์ วังภคพัฒนวงศ์¹, เฮนริก บาลสเลฟ² อังคณา อินตา^{1*}

¹ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จ.เชียงใหม่ 50200

²Department of Biological Sciences, Aarhus University, Aarhus, Denmark

*ผู้เขียนหลัก: Aungkanainta@hotmail.com

ชนเผ่ามังอาศัยอยู่บนภูเขาสูงในภาคเหนือของประเทศไทย ทำให้มีวัฒนธรรม ความเชื่อที่เกี่ยวข้องกับพืช ซึ่งความสัมพันธ์เหล่านี้เกิดขึ้นมาตั้งแต่บรรพบุรุษทำให้เป็นส่วนหนึ่งในเอกลักษณ์ของมัง และสามารถดำรงไว้ถึงการเป็นชนเผ่า งานวิจัยนี้จึงศึกษาถึงความสัมพันธ์ของความเชื่อ วัฒนธรรมในชนเผ่า และความหลากหลายของพืช กับการบริหารจัดการพืชอย่างยั่งยืน จึงได้ทำการรวบรวมพืชเชิงสังคมที่ใช้ประโยชน์โดยชนเผ่ามัง พบพืชทั้งหมด 54 ชนิด 51 สกุล 36 วงศ์ โดยสามารถแบ่งการใช้งานเป็น 3 กลุ่ม คือ 1) พืชศักดิ์สิทธิ์ที่ช่วยปกป้องจากโรคร้ายไข้เจ็บและภูตผีวิญญาณ 2) พืชที่ใช้ในพิธีกรรม เช่น พิธีปีใหม่ เรียกขวัญ และแก้คุณไสยต่างๆ และ 3) พืชที่ใช้สูบ โดยมีวิธีการใช้ที่น่าสนใจ คือ การพกชิ้นส่วนพืชใส่ห่อผ้าติดตัวเพื่อป้องกันภัยอันตรายและการผสมพืชแล้วใช้ขนาดเส้นตามร่างกายเพื่อเรียกขวัญ นอกจากนี้ในชุมชนมังยังมีพิธีกรรมกฎและข้อห้ามที่เกี่ยวข้องกับการอนุรักษ์ป่าไม้ เช่น การกำหนดพื้นที่ป่าต้นน้ำเป็นป่าศักดิ์สิทธิ์ ซึ่งเป็นที่ตั้งของศาลที่ปกป้องคุ้มครองคนในหมู่บ้าน ความเชื่อเหล่านี้ส่งผลให้คนในชนเผ่าตระหนักถึงความสำคัญของทรัพยากรพืชในชุมชน และตราบไต่ที่วัฒนธรรม ความเชื่ออันเป็นส่วนประกอบของชนเผ่ายังคงอยู่ พืชเหล่านี้ก็ยังคงได้รับการอนุรักษ์ไว้เพื่อให้ได้ใช้ประโยชน์ต่อไป

คำสำคัญ: ชาวเขา, ประเทศไทย, พืชพิธีกรรมและความเชื่อ

Plant conservation through traditional beliefs:
plants for social use in Hmong Culture

Varangrat Nguanchoo¹, Prasit Wangpakapattanawong¹, Henrik Balslev²
Angkhana Inta^{1,*}

¹Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang Mai 50200,

²Department of Biological Sciences, Aarhus University, Aarhus, Denmark

*Corresponding author: Aungkanainta@hotmail.com

The ethnic group of the Hmong inhabit the high mountains of northern Thailand. There they practice a close connection between their culture and beliefs. This connection has existed since ancient times and is part of the Hmong's identity and it helps to sustain their living. This research searches the deep-rooted relationship of their beliefs, their culture and diversity of plants, and their sustainable management. Plants used by the Hmong for social purposes were documented. 54 species, and 51 genera in 36 families were found. Social uses were classified into three groups: 1) sacred plants for disease and protection from evil spirits, 2) ritual plants used for, e.g., the Hmong New Year celebrations, for mental support and for treating illness caused by black magic, and 3) plants used for smoking material. The most common way to use these plants is to put parts of the plants in a small bag and carry them along for protection. Some plants are used in combination for massage of the body as a ritual for mental support (for soul loss, startled and fearful people). Moreover, the Hmong communities have ceremonies, rules and taboos related to forest conservation, e.g., protection of plants in sacred forest-covered watersheds. In the sacred forest villagers set up village shrines for their own protection. These beliefs reflect appreciation of the plant resources by the villagers in the communities. If cultures and beliefs are sustainable in their lives, the plants will be conserved for their social uses.

Keywords: hill tribe, Thailand, rituals, beliefs, conservation.

การให้ร่มเงาบนปะการังที่ฟอกขาวจากอุณหภูมิน้ำทะเลสูงในอ่าวไทยฝั่งตะวันตก

วัชร สามสุวรรณ¹, ธรรมศักดิ์ ยี่มีน¹, ชัยณรงค์ เรืองทอง², มาฆมาส สุทธาชีพ¹, สิทธิพร เพ็งสกุล¹

¹กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล คณะวิทยาศาสตร์

มหาวิทยาลัยรามคำแหง หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

²ศูนย์ปฏิบัติการอุทยานแห่งชาติทางทะเลที่ 1 กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช

จังหวัดชุมพร 86120

*ผู้เขียนหลัก: samsuvan@hotmail.com

ปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาวเป็นภัยคุกคามมากต่อแนวปะการัง เพราะทำให้เกิดการตายของปะการังเป็นบริเวณกว้าง การปกป้องปะการังในช่วงเวลาที่มีการฟอกขาว จึงเป็นสิ่งที่ท้าทายอย่างยิ่ง การคาดการณ์ล่วงหน้าได้ 2 – 3 เดือน ว่าอุณหภูมิน้ำทะเลจะสูงผิดปกติในช่วงปี พ.ศ. 2559 จึงเป็นโอกาสดีสำหรับการทดลองในภาคสนาม เพื่อศึกษาผลกระทบจากการให้ร่มเงาต่อการฟื้นตัวและการอยู่รอดของปะการังจากการฟอกขาว ดำเนินการให้ร่มเงาบนปะการังในธรรมชาติบริเวณกลุ่มสิ่งมีชีวิตปะการังในจังหวัดชุมพร อ่าวไทยฝั่งตะวันตก ในขณะที่เกิดปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาวช่วงเดือนพฤษภาคม – กรกฎาคม 2559 โดยการวางตาข่ายสีดำบดบังแสงขนาด 2 × 12 เมตร ลอยอยู่เหนือปะการังในแต่ละแปลงทดลอง ระดับความเข้มแสงและอัตราการตกตะกอนบริเวณที่ให้ร่มเงามีค่าต่ำกว่าบริเวณที่ไม่ให้ร่มเงา อัตราการฟื้นตัวจากการฟอกขาวของปะการัง *Acropora muricata*, *Fungia fungites*, *Lobophyllia hemprichii*, *Pavona decussata*, *Pocillopora damicornis* และ *Porites lutea* บริเวณที่ให้ร่มเงาเร็วกว่าบริเวณที่ไม่ให้ร่มเงา อัตราการตายของปะการัง *A. muricata* ภายหลังปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาวบริเวณที่ให้ร่มเงาก็มีค่าต่ำกว่าบริเวณที่ไม่ให้ร่มเงา การศึกษานี้เป็นการทดลองในทะเลครั้งแรกของประเทศไทย เพื่อปกป้องปะการังโดยการให้ร่มเงาในช่วงเวลาที่เกิดปรากฏการณ์ปะการังฟอกขาว

คำสำคัญ : แนวปะการัง การฟื้นตัว การทดลองในภาคสนาม

Effect of artificial shading on coral bleaching due to high seawater temperature in the Western Gulf of Thailand

Watchara Samsuvan^{1,*}, Thamasak Yeemin¹, Chainarong Ruangthong²,
Makamas Sutthacheep¹, Sittiporn Pengsakun¹

¹Marine Biodiversity Research Group, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Hua Mak, Bangkok 10240

²Chumphon Marine National Park Operation Center 1, Department of National Parks,
Wildlife and Plant Conservation, Chumphon Province 86120

*Corresponding author: samsuvan@hotmail.com

Coral bleaching events have been recognized as a major threat to coral reefs because of consequent mass coral mortality. Protection of corals during bleaching events is a challenging task. The high seawater temperature anomaly in the year 2016 was predicted a few months before the coral bleaching event in the Gulf of Thailand so it provided a good opportunity to conduct field experiments concerning impacts of shading on bleaching recovery and survival of corals. The artificial shading in the field was conducted at coral communities in Chumphon Province, in the Western Gulf of Thailand, during the coral bleaching event in May – July, 2016. The experimental corals were shaded under midwater floating shade nets, 2 m x 12 m for each. The light intensity levels and sedimentation rates under the shaded areas were lower than those in the unshaded areas. The bleaching recovery rates of *Acropora muricata*, *Fungia fungites*, *Lobophyllia hemprichii*, *Pavona decussata*, *Pocillopora damicornis* and *Porites lutea* under the shaded areas were higher than unshaded areas. The mortality rates of *A. muricata* under shaded areas following the bleaching event were also lower. This study is the first field experiment in Thai waters to protect corals by shading during bleaching events.

Keywords: climate change, marine ecosystems, field experiment.

Wedge clam resource under a risky state: survey of local fisher folk

Wichin Suebpala^{1,2,*}, Thamasak Yeemin²,
Makamas Sutthacheep², Manoch Wongsuryrat³

¹Interdisciplinary Program of Environmental Science, Graduate School,
Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok 10330

²Marine Biodiversity Research Group, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Huamak, Bangkok 10240

³Hat Chao Mai National Park, Department of National Parks,
Wildlife and Plant Conservation, Sikao District, Trang Province 92150

*Corresponding author: wichin.s@gmail.com

Wedge clam, *Donax scortum* (Linnaeus, 1758), is found in the Andaman Sea. Fishermen and women harvest the clam by hand with a sharpened stick made of wood or PVC tube. Due to the great demand for this clam, heavy exploitation of it has occurred, affecting the abundance of the clam in this area. This study aimed to illustrate the importance of the clam fishery and to analyze the current state of the fishery based on the fishermen's point of view. In-depth interviews were conducted in 2016 with fishermen who are involved in the wedge clam fishery on Haad Pakmeng Beach, Sikao District in Trang Province. Based on the interviews, all fishermen agreed that the wedge clam fishery is important for their livelihoods in terms of food source and household additional income. A high proportion of female fisher folk (>80%) reflected the high level of participation by women in this fishery. Most of the fisher folk pointed out that the declines in abundance and individual size of clams are currently observed. This could likely be a result of the growing number of fisher folk collecting the clam, as could be found from the survey. Abundance could possibly relate to other factors such as changes in salinity, sediment characteristics, water quality, etc. To conserve this clam, the respondents recommended establishing some no-take areas to increase the clam abundance along with enhancing the fishermen's awareness. This information serves as a basis for further policy formulation and decision-making on the conservation of wedge clams.

Keywords: marine fisheries, *Donax scortum*, Andaman Sea, Thailand.

การวิเคราะห์รูปแบบของจุดแบบสองตัวแปรเพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ ของชนิดต้นไม้ในป่า

วิรงค์ จันทร์^{1*}, วรณ บรอดเคลแมน², อนุตรา ณ กลาง²

¹ภาควิชาเทคโนโลยีและการจัดการสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กทม. 10900

²ห้องปฏิบัติการนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมแห่งชาติ คลองหลวง ปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: fsciwrc@ku.ac.th

รูปแบบเชิงพื้นที่ของต้นไม้มีความสำคัญยิ่งในการทำความเข้าใจกลไกการรักษาความหลากหลาย เนื่องจากบรรจુสารสนเทศที่บ่งชี้ว่าต้นไม้สัมพันธ์กันอย่างไรในป่าเขตร้อน ในที่นี่เราได้ประยุกต์การวิเคราะห์เชิงพื้นที่รูปแบบจุดสองตัวแปรซึ่งอาศัยพื้นฐานของฟังก์ชันค่าเคของริบริ และระยะทางที่ใกล้ที่สุดแบบสะสม รวมทั้งการทดสอบด้วยแบบจำลองแบบนับที่เหมาะสม สามารถจัดจำแนกความสัมพันธ์ได้ห้ากลุ่มคือ 1) อยู่ที่เดียวกัน 2) แยกจากกัน 3) ปรากฏที่เดียวกันบางส่วน 4) ไม่มีนัยสำคัญ และ 5) จัดจำแนกไม่ได้ การวิเคราะห์นี้ใช้ข้อมูลต้นไม้ของแปลงมอสิงโต ด้วยเป็นเกณฑ์ของขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางที่ 10 ซม เราประเมินความสัมพันธ์ของชนิดพันธุ์ของต้นขนาดใหญ่ที่เป็นศูนย์กลางและต้นขนาดเล็ก ช่วยเผยให้เห็นผลของการกระจายเมล็ด นอกเหนือไปจากกลไกอื่นๆ เช่น การแข่งขัน การเกื้อกูล หรือความผันแปรของสิ่งแวดล้อม (เช่น การกรองโดยถิ่นอาศัย) ผลที่ได้แสดงให้เห็นถึงกลุ่มที่ไม่มีนัยสำคัญเป็นสัดส่วนหลัก (~80%) ในทุกสเกลเชิงพื้นที่ ซึ่งอาจแสดงให้เห็นถึงกลไกตามทฤษฎีนิเวศ กลุ่มที่ปรากฏที่เดียวกันมีสัดส่วนค่อนข้างมากกว่ากลุ่มที่แยกจากกันเพียงเล็กน้อย การประยุกต์การวิเคราะห์นี้กับแปลงอื่นในประเทศไทยหรือท้องถิ่นนี้จะช่วยเผยให้เห็นถึงกลไกการรักษาความหลากหลายตามความผันแปรของภูมิอากาศ ประวัติในการรบกวน และความผันแปรอื่นๆ ทางสิ่งแวดล้อม

คำสำคัญ: กลไกรักษาความหลากหลาย, ค่าเคของริบริ, สถิติสำหรับระยะทางที่ใกล้ที่สุด

Analyzing bivariate point pattern to examine tree species association in a forest

Wirong Chanthorn^{1,*}, Warren Y. Brockelman², Anuttara Nathalang²

¹*Department of Environmental Technology and Management,
Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900*

²*Ecology Laboratory, The Center for Genetic Engineering and Biotechnolgy (BIOTEC),
Klong Luang, Pathum Thani 12120*

**Corresponding Author: fsciwr@ku.ac.th*

Spatial patterns of tree species are crucial to understanding diversity maintenance mechanisms because of the information provided on how species associate in tropical forests. This study applied the spatial analysis of bivariate point patterns based on the bivariate function of Ripley's K and cumulative nearest-neighbor statistics as well as testing with an appropriate null model. This analysis provided the classification scheme comprising five types: 1) co-occurrence, 2) segregation 3) partial co-occurrence 4) non-significant 5) unclassified group. This analysis was applied using the census data from the 30-ha Mo Singto plot. With a size threshold of 10 cm diameter at breast height, species association was evaluated for focal-large and small-associated individuals to reveal consequences for seed dispersal besides other mechanisms such as competition, facilitation or environmental variability (e.g. habitat filtering). The results showed that the non-significant group was the major proportion (~80%) in all spatial scales, which may imply the mechanism of neutral theory. The proportion of co-concurrence group was slightly more than that of the separation group. Applying this analysis to other plots across Thailand or this region would help to reveal underlying mechanism of diversity maintenance in tropical forests across Southeast Asia varying in climate, disturbance history and other environmental variables.

Keywords: mechanism of diversity maintenance, Ripley's K, nearest neighbor, Thailand.

การแพร่กระจายและความชุกชุมของ *Donax scortum* (Bivalvia: Donacidae)
บริเวณอุทยานแห่งชาติหาดเจ้าไหม

สิทธิพร เพ็งสกุล^{1*}, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน¹, มาฆมาส สุทธาชีพ¹, มาโนช วงศ์สุรียรัตน์², ชีวรัตน์ พรินทรากุล³

¹กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง

หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

²อุทยานแห่งชาติหาดเจ้าไหม กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช อำเภอลิเกา จังหวัดตรัง 92150

³ภาควิชาสัตววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก: marine_ru@hotmail.com

หอยตะเกา (*Donax scortum*) มีคุณค่าเป็นอาหารจานเด่นพิเศษในจังหวัดตรัง และมีความต้องการสูงในตลาดต่างประเทศ การจับหอยตะเกาจำนวนมากในพื้นที่อาจส่งผลกระทบต่อรูปแบบการแพร่กระจาย และความชุกชุม การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาสถานภาพความชุกชุม และรูปแบบการแพร่กระจายของหอยตะเกาบริเวณชายหาดในเขตอุทยานแห่งชาติหาดเจ้าไหม จังหวัดตรัง การศึกษานี้ใช้วิธี Belt-transect และการเก็บหอยตะเการ่วมกับชาวบ้าน โดยการใช้ถังไม้หรือท่อพลาสติกพีวีซีปลายแหลม เพื่อศึกษารูปแบบการแพร่กระจาย ความหนาแน่นประชากร และความสัมพันธ์กับปัจจัยสิ่งแวดล้อม ผลการศึกษาพบว่าความหนาแน่นประชากรหอยตะเกามีค่าสูงในบริเวณห่างออกจากแนวชายฝั่ง 70 – 300 เมตร บนหาดปากเมง ซึ่งมีค่าขนาดอนุภาคตะกอนเฉลี่ย 0.0922 มิลลิเมตร ในบริเวณหาดเจ้าไหมพบความหนาแน่นประชากรหอยตะเกาต่ำกว่าหาดปากเมง โดยพบมากในบริเวณห่างออกจากแนวชายฝั่ง 170 – 410 เมตร และมีค่าขนาดอนุภาคตะกอนเฉลี่ย 0.0914 มิลลิเมตร บางประชากรของหอยตะเกาอาจพบอยู่ในบริเวณที่น้ำท่วมถึงในเวลา น้ำลง (subtidal zone) ในอุทยานแห่งชาติหาดเจ้าไหม การแพร่กระจายและความชุกชุมของหอยตะเกาอาจมีความสัมพันธ์กับวงชีวิตตัวอ่อนที่มาจากบริเวณอื่น พลวัตของตะกอน คุณภาพน้ำ และการเปลี่ยนแปลงสิ่งแวดล้อมของชายหาด

คำสำคัญ: หอยตะเกา หาดทราย ทะเลอันดามัน

Distribution and abundance of *Donax scortum* (Bivalvia: Donacidae)
from the Hat Chao Mai National Park

Sittiporn Pengsakun^{1,*}, Thamasak Yeemmin¹, Makamas Sutthacheep¹,
Manoch Wongsuryrat², Cheewarat Printrakoon³

¹Marine Biodiversity Research Group, Department of Biology, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Huamark, Bangkok 10240

²Hat Chao Mai National Park, Department of National Parks, Wildlife and Plant
Conservation, Sikao District, Trang Province 92150

³Department of Zoology, Faculty of Science, Kasetsart University,
Chatuchak, Bangkok 10900

*Corresponding author: marine_ru@hotmail.com

The wedge clam, *Donax scortum* is valued as a unique local dish in Trang Province and has a high demand for export. Heavy exploitation of *D. scortum* is expected to affect distribution and abundance patterns of this wedge clam. This study aimed to investigate the status of distribution and abundance of *D. scortum* on certain beaches in Haad Chao Mai National Park, Trang Province. Belt-transect method and traditional harvesting with local fisher folk using a sharpened stick made of wood or PVC tube were applied to examine distribution patterns and population densities of the wedge clam in relation to environmental factors. The results showed that high densities of *D. scortum* were found on the Haad Pakmeng Beach, at 70 – 300 m from the shoreline with median grain size 0.0922 mm. Lower population densities of *D. scortum* were observed on Haad Chao Mai, at 170 – 410 m from the shoreline with median grain size 0.0914 mm. Some populations of this wedge clam may also inhabit subtidal zones of Haad Chao Mai National Park. The distribution and abundance of *D. scortum* may be related to life cycle, larval input from other areas, dynamics of sediment, water quality and morphological beach change.

Keywords: commercial fishery, wedge clam, Bivalvia: Donacidae, Andaman coast, Thailand.

การเจริญเติบโตและการสังเคราะห์แสงของพืชน้ำ *Ceratophyllum demersum* ในทะเลสาบสงขลา

สุธินี สีนุธก^{1,2*}, พลชาติ โชติการ^{2,3}

¹คณะกรรมการจัดการสิ่งแวดล้อม, ²สถานวิจัยสมุทรศาสตร์ชายฝั่งและการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ และ

³สถาบันทรัพยากรทะเลและชายฝั่ง มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ หาดใหญ่ จังหวัดสงขลา

ผู้เขียนหลัก : ssutinee@gmail.com

พืชน้ำมีความสำคัญต่อโครงสร้างและการทำงานของระบบนิเวศน้ำจืด โดยพืชน้ำเป็นผู้ผลิตที่สำคัญ และยังช่วยในการหมุนเวียนสารอาหารในระบบนิเวศ การเจริญเติบโต การสังเคราะห์แสง และการสืบพันธุ์ของพืชน้ำได้รับอิทธิพลจากปัจจัยทางกายภาพและทางเคมี เช่น ปริมาณสารอินทรีย์ ในตะกอนดิน ปริมาณธาตุอาหาร แสง และอุณหภูมิ งานวิจัยนี้ได้ศึกษาประสิทธิภาพ การสังเคราะห์แสงของสาหร่ายพวงชะโด *Ceratophyllum demersum* จาก 3 บริเวณ ในทะเลสาบสงขลา ผลการศึกษาพบว่าเปอร์เซ็นต์การปกคลุมของพืชน้ำได้รับอิทธิพล จากการบลูมของแพลงตอน โดยพบว่าการปกคลุมของพืชน้ำมากในบริเวณที่มีปริมาณ คลอโรฟิลล์เอในน้ำต่ำ ปริมาณไนเตรตและไนโตรเจนต่ำ และปริมาณสารอินทรีย์ในดินต่ำ ประสิทธิภาพการสังเคราะห์แสงของสาหร่าย *C. demersum* ต่ำสุดในบริเวณที่ 3 อาจเนื่องจาก กลไกการ down-regulation and/or photoinhibition และ photoprotection ในกระบวนการ สังเคราะห์ด้วยแสง อย่างไรก็ตาม การศึกษาพบว่าไม่มีความแตกต่างในปริมาณคลอโรฟิลล์เอและบี สัดส่วนของคลอโรฟิลล์เอและบี และปริมาณสารอินทรีย์ในพืชน้ำ *C. demersum* ที่เก็บ จากบริเวณต่างกัน การศึกษาเพิ่มเติมในด้านการแปรผันทางพื้นที่และเวลาของนิเวศสรีระวิทยา ของพืชน้ำ *C. demersum* จะสามารถสร้างความเข้าใจถึงปัจจัยหลักที่ควบคุมการเจริญเติบโต และการสังเคราะห์แสงของพืชน้ำชนิดนี้ได้

คำสำคัญ: การสังเคราะห์ด้วยแสง, พืชน้ำ, ทะเลสาบสงขลา

Growth and photosynthesis of macrophytes *Ceratophyllum demersum* in Songkhla Lake

Sutinee Sinutok^{1,2*}, Ponlachart Chotikarn^{2,3}

¹Faculty of Environmental Management, ²Coastal Oceanography and Climate Change Research Center, and ³Marine and Coastal Resources Institute, Prince of Songkla University, Hat Yai District, Songkla Province

*Corresponding author: ssutinee@gmail.com

Aquatic macrophytes play an important role in structure and function of aquatic systems where they contribute to primary production and nutrient cycling. Growth, photosynthesis and reproduction of macrophytes can be altered by several physical and chemical parameters such as organic load in sediment, nutrients, light and temperature. This study investigated the photosynthetic performance of the submerged macrophyte *Ceratophyllum demersum* from three locations in Songkhla Lake. The results showed that the macrophyte cover might be influenced by the degree of phytoplankton bloom where higher macrophyte cover was found in the site with lower chlorophyll a concentration in the water column, low nitrate and total nitrogen concentration and low sediment organic matter. Photosynthetic efficiency of *C. demersum* was lowest in site 3, possibly due to the down-regulation of photosynthesis and/or photoinhibition and photoprotection. However, there were no significant differences in chlorophyll a and b, chlorophyll a:b ratios, and organic matter in *C. demersum* among sites. Further investigation on spatial and temporal variations in ecophysiology of *C. demersum* could provide better understanding on the main drivers for growth and photosynthesis of this species and predict their performance under changing climate.

Keywords: chlorophyll, phytoplankton, marine ecology, Thailand.

ชีววิทยาการสืบพันธุ์ของไส้เดือนทะเล *Perinereis aibuhitensis* (Nereidae:Polychaeta) จากระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์

สุรพล ชุณหภัณชิต*, ธรรมศักดิ์ ยี่มิน

กลุ่มวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพในทะเล ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์

มหาวิทยาลัยรามคำแหง หัวหมาก กรุงเทพฯ 10240

*ผู้เขียนหลัก: surapholcc.626@gmail.com

ไส้เดือนทะเล *Perinereis aibuhitensis* (clam worm) มีความสำคัญต่ออุตสาหกรรมการเลี้ยงกุ้งทะเลอย่างยิ่ง เนื่องจากเป็นอาหารสดที่ทรงคุณค่าสำหรับพ่อแม่พันธุ์กุ้ง ในประเทศไทยพบไส้เดือนทะเลชนิดนี้ในปริมาณน้อยบริเวณหาดทรายปนโคลน การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาชีววิทยาการสืบพันธุ์ของไส้เดือนทะเล *P. aibuhitensis* ที่นำมาเลี้ยงในระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์ และความเป็นไปได้ในการควบคุมกิจกรรมการผสมพันธุ์ของไส้เดือนทะเลชนิดนี้ ซึ่งเป็นการศึกษาครั้งแรกในประเทศไทย ผลการศึกษาพบว่ากิจกรรมการสืบพันธุ์จะขึ้นอยู่กับวงจรของดวงจันทร์และอุณหภูมิของน้ำในบ่อเลี้ยง ตัวผู้และตัวเมียที่พร้อมจะผสมพันธุ์ (atoky stage) จะขึ้นว่ายน้ำมากที่สุดในช่วงข้างขึ้น 8 – 12 ค่ำ และน้อยที่สุดในช่วงข้างแรม 8 – 12 ค่ำ โดยมีอุณหภูมิของน้ำในบ่อเลี้ยงระหว่าง 24 – 26 องศาเซลเซียส ตัวผู้และตัวเมียที่พร้อมจะผสมพันธุ์จะมีลำตัวหดสั้น อัตราส่วนระหว่างเพศผู้ต่อเพศเมียเท่ากับ 1:1 ไส้เดือนทะเล *P. aibuhitensis* ทั้งเพศผู้และเพศเมียที่พร้อมจะผสมพันธุ์ทั้งหมดในแต่ละวันจะขึ้นว่ายน้ำภายใน 1 ชั่วโมง หลังจากได้รับแสง ซึ่งสามารถจะทำการผสมเทียมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ: อุตสาหกรรมการเลี้ยงกุ้งทะเล อัตราส่วนระหว่างเพศ การผสมเทียม

Reproductive biology of the clam worm, *Perinereis aibuhitensis*
(Nereidae:Polychaeta) from commercially culturing system

Suraphol Chunhabundit*, Thamasak Yeemin

Marine Biodiversity Research Group, Department of Biology, Faculty of Science,
Ramkhamhaeng University, Bangkok 10240

*Corresponding author: surapholcc.626@gmail.com

The clam worm, *Perinereis aibuhitensis*, is very important to the marine shrimp industry as it is a valuable maturation diet for shrimp broodstock. This clam worm is found in small amounts on some muddy-sand beaches in Thailand. This study aimed to study reproductive biology of *P. aibuhitensis*, and the feasibility of controlling the mating activity of this species, which is the first study in Thailand. The results showed that the reproductive activity was based on the lunar cycle and water temperature in the pond. Most males and females which were ready to breed (atokous worm) swam on the water surface during 3 – 7 days before the full moon while the least numbers for this activity were observed during 3 – 7 days before the new moon, with the water temperature in the pond between 24 – 26°C. Males and females ready to breed had a short shrinking body. The sex ratio was 1: 1. All of the gravid clam worm swam up to 1 hour after exposure that showed that the artificial fertilization could be carried out effectively.

Keywords: clam worm, marine shrimp industry, artificial fertilization, Nereidae: Polychaeta, sex ratio, Thailand.

ฤดูกาลที่มีผลต่อความชุกชุมของลูกน้ำยุงลายบ้านและยุงลายสวน ในภาคใต้ของประเทศไทย

อนันตนิจ ชุมศรี, ฟามิเตอร์ วาเซ็ท ทีนา, มัลลิกา เจริญสุธาสินี*, กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี
ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพยากรณ์และการจัดการ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
*ผู้เขียนหลัก: mullica.jn@gmail.com

เราศึกษาผลของฤดูกาลที่มีผลต่อความชุกชุมของลูกน้ำยุงลายในอำเภอลานสกา จังหวัดนครศรีธรรมราช ดำเนินการสุ่มตัวอย่างครัวเรือนในอำเภอลานสกา จำนวน 5 ตำบล คือ ตำบลเขาแก้ว ตำบลท่าดี ตำบลขุนทะเล ตำบลลานสกา และตำบลกำโลน ตำบลละ 60 ครัวเรือน ในฤดูร้อนและฤดูฝน รวมทั้งสิ้น 300 ครัวเรือนต่อฤดูกาล เก็บลูกน้ำจากภาชนะกักเก็บน้ำที่พบบริเวณในบ้าน และนอกบ้านในฤดูร้อนเดือนมกราคม-พฤษภาคม 2558 และฤดูฝนเดือนตุลาคม-ธันวาคม 2558 จำแนกชนิดและนับจำนวนลูกน้ำยุงลายบ้านและยุงลายสวนในแต่ละภาชนะ ผลการศึกษาพบว่า ตำบลเขาแก้ว ตำบลลานสกา ตำบลกำโลน จำนวนลูกน้ำยุงลายสวนมากกว่าในฤดูร้อน ในทางตรงกันข้าม ตำบลลานสกาและตำบลกำโลน จำนวนลูกน้ำยุงลายบ้านพบจำนวนฤดูร้อนมากกว่าในฤดูฝน ดัชนีลูกน้ำยุงลาย HI BI และ CI ของลูกน้ำยุงลายสวนในฤดูฝนมากกว่าในฤดูร้อน ในทุกตำบลแต่ HI BI และ CI ของลูกน้ำยุงลายบ้านในฤดูร้อนสูงกว่าในฤดูฝนในตำบลเขาแก้ว ลานสกา และกำโลน จากผลการศึกษาสามารถบ่งชี้ได้ว่าฤดูกาลมีผลเป็นอย่างมากต่อความชุกชุมของลูกน้ำยุงลาย ความรู้นี้สามารถช่วยพวกเราในการทำความเข้าใจเกี่ยวกับการเฝ้าระวัง ควบคุมการแพร่ระบาดของโรคไข้เลือดออก

คำสำคัญ: ลูกน้ำยุงลาย, ฤดูกาล, ตำบลลานสกา

Seasons affecting on *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* larvae abundance in southern Thailand

Anantanit Chumsri, Fahmida Wazed Tina, Mullica Jaroensutasinee*,
Krisanadej Jaroensutasinee

Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University

*Corresponding author: mullica.jn@gmail.com

The effects of seasons (dry and wet) on the abundance of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* larvae in Lansaka district, Nakhon Sri Thammarat were investigated. Lansaka district is composed of five sub-districts: Khaokaew, Lansaka, Thadi, Kamlon and Khunthale. 60 houses per sub-district were randomly selected to collect *Aedes* mosquito larvae with a total of 300 households. Mosquito larvae were collected from all indoor and outdoor containers from each house in dry (March–May 2015) and wet seasons (October–December 2015). *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus* larvae were identified and counted from each house and the larval indices were also calculated (i.e. house index (HI), container index (CI) and Breteau index (BI)). The results showed that in Khaokaew, Lansaka, and Kamlon sub-districts, *Ae. albopictus* was higher in numbers in wet than in dry season. In contrast, in Lansaka and Kamlon sub-districts, *Ae. aegypti* was higher in numbers in dry than in wet season. HI, BI, and CI of *Ae. albopictus* were higher in wet than in dry season in all sub-districts, but HI, BI, and CI of *Ae. aegypti* were higher in dry than in wet season in three sub-districts (Khaokaew, Lansaka, and Kamlon). These results indicate that seasons have strong effects on the species and abundance of *Aedes* larvae. This knowledge would help to gain a better understanding on how to make an effective prevention and control for dengue vectors.

Keywords: mosquito, dengue, household survey, Thailand.

การวิจัยภูมิปัญญาท้องถิ่นด้านความหลากหลายทางชีวภาพของพืชในชุมชน จังหวัดนครพนมและจังหวัดมุกดาหาร

อุดมวิทย์ ไวทยการ*, กัญญรัตน์ จำปาทอง, ปิยรัตน์ จังพล, ปาจริย์ อินทะชูป

สถาบันวิจัยพืชไร่และพืชทดแทนพลังงาน กรมวิชาการเกษตร จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก: uvaidhayakam@yahoo.com

การวิจัยภูมิปัญญาท้องถิ่นด้านความหลากหลายทางชีวภาพของพืชในชุมชนจังหวัดนครพนมและจังหวัดมุกดาหาร เพื่อรวบรวมองค์ความรู้การใช้ประโยชน์จากพืชในชุมชน โดยการสำรวจรวบรวมพันธุ์พืช และภูมิปัญญาท้องถิ่นของชนเผ่าพื้นเมืองในจังหวัดนครพนมและมุกดาหาร โดยในปี 2559 ทำการศึกษาใน 2 ชนเผ่า 4 หมู่บ้าน ได้แก่ ชนเผ่าผู้ไท บ้านภู ตำบลบ้านเป้า อำเภอหนองสูง จังหวัดมุกดาหาร และ บ้านอุนยางคำ ตำบลนาหว้า อำเภอนาหว้า จังหวัดนครพนม และชนเผ่าไทยญ้อ บ้านดงเย็น ตำบลดงเย็น อำเภอเมือง จังหวัดมุกดาหาร และ บ้านโพน ตำบลโนนตาล อำเภอกำแพงแสน จังหวัดนครพนม พบการใช้ประโยชน์จากพืชในชุมชน จำนวน 88 ข้อมูล/พันธุ์/ชนิด จำแนกได้เป็น 1. พืชอาหาร 39 ชนิด 2. พืชสมุนไพร 29 ชนิด 3. พืชเส้นใย 16 ชนิด 4. พืชให้สี 6 ชนิด 5. พืชประดับ 4 ชนิด 6. พืชอาหารสัตว์ 1 ชนิด และ 7. พืชที่ใช้ประโยชน์มากกว่า 1 ประเภท 7 ชนิด ความเข้มแข็งของชุมชนมีส่วนทำให้เกิดการถ่ายทอดภูมิปัญญาท้องถิ่น และสามารถพัฒนาองค์ความรู้เพื่อสร้างรายได้ในชุมชน

คำสำคัญ: การใช้ประโยชน์จากพืช, ผู้ไท, ไทยญ้อ

Research on traditional knowledge of plant biodiversity in communities of Nakhon Panom and Mukdaharn Province

*Udomwit Vaidhayakarn**, *Kanyarat Champathong*, *Piyarat Jangpol*,
Pajaree Inthachub

*Field and Renewable Energy Crops Research Institute, Department of Agriculture,
Chatuchak, Bangkok 10900*

**Corresponding author: uvaidhayakarn@yahoo.com*

Research on traditional knowledge of plant biodiversity to gather knowledge of plant utilization in the communities was undertaken by exploring, gathering plants and interviewing people in indigenous communities of Nakhon Panom and Mukdaharn provinces. In 2016, the study was conducted in 2 tribal communities of 4 villages. Phutai tribe in Ban Phu, Ban Pao Sub-district, Muang District Mukdaharn Province and Ban Unyangkham, Nawa Sub-district, Nawa District Nakhon Phanom Province were studied. Thai Nyaw tribe in Ban Dongyen, Dongyen Sub-district, Muang District Mukdaharn Province and Ban Phon, Non Tan Sub-district, Tha-uthen District Nakhon Phanom Province were also studied. The results of the survey found that 88 plants were utilized. 39 edible plants, 29 herbs, 16 fibre plants, 6 staining plants, 4 ornamental plants, 1 fodder and many useful plants 7 species were classified. The strength of the community contributes to the transfer of local knowledge and can develop knowledge to generate income for the community.

Keywords: local wisdom, utilization of plants, Phutai, Thai Nyaw, Thailand.



Biodiversity Use and Management

รูปแบบการจัดการความรู้ด้านความหลากหลายทางชีวภาพสู่การท่องเที่ยวเชิงนิเวศ ตามหาปลาร้องเพลงที่กว๊านพะเยา

ฤทัยภัทร พิมลศรี^{1*}, สันธิวัฒน์ พิทักษ์พล², อนุรักษ์ ประสาทเขตรังการ³, มนตรา พงษ์นิล⁴

¹ คณะวิทยาการจัดการและสารสนเทศศาสตร์ สาขาวิชาการท่องเที่ยว มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

² คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ สาขาวิชาประมง มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

³ คณะวิทยาศาสตร์ สาขาวิชาฟิสิกส์ มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

⁴ คณะรัฐศาสตร์และสังคมศาสตร์ สาขาวิชาพัฒนาลังคม มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

*ผู้เขียนหลัก: dr.luethaipat@gmail.com

การศึกษาเป็นการวิจัยและพัฒนา โดยใช้กระบวนการของการจัดการความรู้ที่เน้นการมีส่วนร่วม เพื่อจัดการความรู้เกี่ยวกับความหลากหลายทางชีวภาพและภูมิปัญญาวิถีประมง ที่เกี่ยวข้องกับปรากฏการณ์ธรรมชาติ การเปล่งเสียงร้องของฝูงปลาในกว๊านพะเยา อันนำไปสู่การพัฒนาการท่องเที่ยวเชิงนิเวศ โดยใช้เทคนิควิจัยเชิงคุณภาพผสมผสานงานวิจัยเชิงปริมาณ กับกลุ่มเป้าหมายคือ ชาวประมงพื้นบ้าน ชุมชนท้องถิ่น และภาคีที่เกี่ยวข้อง รวมทั้งกลุ่มนักท่องเที่ยว ประกอบไปด้วย 6 ขั้นตอนหลัก ได้แก่ การกำหนดสิ่งที่ต้องเรียนรู้ การแสวงหาความรู้ การสร้างความรู้ การจัดการความรู้ให้เป็นระบบ เข้าถึงได้ การแบ่งปันแลกเปลี่ยนความรู้ การเรียนรู้และใช้ประโยชน์ ผลการศึกษาพบว่า ปรากฏการณ์ธรรมชาติที่ปลาเปล่งเสียงร้อง จะเกิดใน 2 ลักษณะ ได้แก่ ปรากฏการณ์ปลากอง และ ปรากฏการณ์ปลาขึ้น เป็นสถานการณ์ที่ฝูงปลากันจวนนับพันนับหมื่นตัวมารวมตัวกัน เพื่อผสมพันธุ์วางไข่ในแหล่งน้ำธรรมชาติโดยปลาเพศผู้และเพศเมียจะว่ายเคล้าเคลียแล้วเปล่งเสียงร้อง ทำให้เกิดเสียงร้องกึกก้องไปทั่วบริเวณโดยรอบ เสียงของปลาที่เปล่งออกมาจะมีลักษณะแตกต่างกัน ตามชนิดพันธุ์ของปลา ซึ่งรวบรวมได้ ดังนี้ ปลาปักแตง (ตุตๆ ตุตๆ) ปลาสวาย (โอบ โอบ โอบ) ปลากด (โอด โอด โอด โอด) ปลาสร้อย (โอ้ โอ้ โอ้) ปลาปู (บึกๆ) ปลาทราย (บรี้อๆ) ทั้งนี้ชุมชนท้องถิ่นมีความเชื่อทางวัฒนธรรมเกี่ยวกับปลากองและปลาขึ้นว่ามีความสัมพันธ์กับสิ่งศักดิ์สิทธิ์ที่สถิตอยู่ในกว๊านพะเยา และส่วนใหญ่จะเจอปรากฏการณ์นี้ในช่วงขึ้น 15 ค่ำ อย่างไรก็ตามปรากฏการณ์ดังกล่าวมีจำนวนลดลงและกว๊านพะเยาเกิดวิกฤตภัยแล้ง การจัดการความรู้ในครั้งนี้จึงนำไปสู่ จดร่วมของประชาสังคมรอบกว๊านพะเยา ภายใต้แนวความคิดที่ร่วมกันคือ “การตามหาปลาร้องเพลง ลมหายใจแห่งกว๊านพะเยา” และนำไปสู่การพัฒนาการท่องเที่ยวเชิงนิเวศที่มีแนวทางดำเนินการ 4 ด้าน ได้แก่ (1)การจัดการพื้นที่โดยมีการอนุรักษ์ความหลากหลายทางชีวภาพเพื่อส่งเสริมให้ปลาร้อง เช่น การทำวังปลา เขตอนุรักษ์พื้นที่ชุ่มน้ำโดยเฉพาะปลาชนิดที่มีการเปล่งเสียง รวมทั้งจัดการด้านปริมาณและคุณภาพน้ำ (2) การพัฒนาองค์กรชุมชน ซึ่งได้มีการจัดตั้งวิสาหกิจชุมชนประมงพื้นบ้านเพื่อการท่องเที่ยววิถีกว๊านพะเยา (3) การพัฒนากิจกรรมและบริการที่ส่งเสริมกระบวนการการเรียนรู้บนแนวคิดการตามหาปลาร้องเพลง เช่น การปลูกป่าให้ปลาร้อง การทำบ้านปลา การเรียนรู้วิถีประมงและตามหาปลาร้องเพลง (4) การตลาดและประชาสัมพันธ์ทางการท่องเที่ยว

คำสำคัญ : การจัดการความรู้ การท่องเที่ยวเชิงนิเวศ และกว๊านพะเยา

Knowledge management model for using biodiversity for ecotourism: discovery of singing fish in Kwan Phayao Lake

Luethaipat Pimonsree^{1}, Santiwat Pithakpol², Anulak Prasatkhetragarn³,
Montra Pongnil⁴*

¹ Department of Tourism, School of Management and Information Science, ² Department of fishery, School of Agriculture and Natural Resources, ³ Department of Physics, School of Science, and ⁴ Department of Social Development, School of Political and Social Sciences, University of Phayao

**Corresponding author: dr.luethaipat@gmail.com*

This research was conducted by using knowledge management with an emphasis on participation to manage knowledge about biodiversity and the livelihoods of fishermen, wisdom, associated with natural phenomenon of singing fish in Phayao Lake leading to ecotourism development as a result. The study was conducted by using the combination of the qualitative research and quantitative research techniques with the target groups such as local fishermen, community and parties involved, including tourists. The study procedure consisted of 6 steps; determining what to learn, pursuit of knowledge, knowledge creation, knowledge management system for ability to access knowledge sharing and learning and use. The results showed that the natural phenomenon of singing fish will occur in two styles, including Pla Kong and Pla Kuen phenomenon. It was the situation where tens of thousands of fish gather together to breed the eggs and lay in the natural water. Then the female and male fish swam and snuggled and made noises causing loud sounds throughout the surrounding area. The sounds of the fish were different by species of fish. Considering to all of the above, local community had cultural beliefs concerning Pla Kong and Pla Kuen that it had relation with the sacred thing remaining in Phayao Lake and these phenomena mostly occurred in the 15th of waxing moon. However, such phenomenon was reduced and Phayao Lake faced with the drought crisis. The knowledge management resulted into the point of agreement of the society of Phayao Lake under the common concept "Finding Singing Fish Breath of Phayao Lake". In addition to the study, there were 4 aspects of guidelines suggested on the development of the ecotourism as follows: 1) management area by conserving the biodiversity in order to promote singing fish for example making fish palace, conservation and restoration of aquatic animals zone 2) development of community organizations by setting up the enterprise of fishermen community for Phayao Lake tourism (3) development activities and services which promoted the process of learning based on the concept of finding singing fish and 4) tourism marketing and public relations.

Keywords: knowledge management, ecotourism and Kwan Phayao, Thailand.

ประเมินสถานภาพสิ่งแวดล้อมของพื้นที่ชุ่มน้ำบึงบอระเพ็ด
โดยการประยุกต์ใช้ DPSIR approach

อารี สุวรรณมณี

สำนักงานนโยบายและแผนทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม

กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม พญาไท กรุงเทพฯ 10400

ผู้เขียนหลัก : aree108@hotmail.com

การศึกษาครั้งนี้ เพื่อประเมินสภาพสิ่งแวดล้อมพื้นที่ชุ่มน้ำบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ซึ่งถูกประกาศให้เป็นพื้นที่ชุ่มน้ำจัดที่มีความสำคัญระดับนานาชาติ เป็นงานวิจัยเชิงคุณภาพ โดยนำ DPSIR approach มาประยุกต์ใช้กำหนดกรอบและตัวชี้วัดการประเมินผล เก็บข้อมูล ด้วยแบบสอบถาม สัมภาษณ์ ประชุมกลุ่มย่อย และสำรวจพื้นที่ ข้อมูลนำมาวิเคราะห์ ด้วยแบบจำลอง DPSIR ที่เชื่อมโยงสัมพันธ์ระหว่าง ตัวขับเคลื่อน สิ่งคุกคาม สถานภาพ ผลกระทบ และการตอบสนอง จากนั้นประเมินภาพรวมสภาพสิ่งแวดล้อมของพื้นที่ชุ่มน้ำ เพื่ออธิบายสภาพและ ปัญหาที่เป็นอยู่ และแนวโน้มการเปลี่ยนแปลง ผลการศึกษา พบว่า ตัวขับเคลื่อนสำคัญ คือ ความ ต้องการใช้ทรัพยากรและพัฒนาในพื้นที่ชุ่มน้ำ ความต้องการเหล่านี้ ก่อให้เกิดกิจกรรมที่เป็น สิ่งคุกคาม คือ เข้าเก็บเกี่ยวทรัพยากร เปลี่ยนแปลงสภาพกายภาพและภูมิทัศน์ และปล่อยของเสีย ลงในพื้นที่ ผลที่ตามมาคือ สภาพทางกายภาพและสถานภาพสิ่งมีชีวิตเปลี่ยนแปลง ส่งผลกระทบต่อ ความสมบูรณ์ของระบบนิเวศ และการดำรงชีวิตที่อยู่ดีกินดีของประชาชน ปัจจุบันมีหลาย หน่วยงานได้มีกิจกรรมในพื้นที่ชุ่มน้ำเพื่อตอบสนองตัวขับเคลื่อน สิ่งคุกคาม สถานภาพ และ ผลกระทบ ซึ่งกิจกรรมตอบสนองเหล่านี้ ได้เกิดผลทั้งด้านบวกและลบต่อสภาพแวดล้อมและ ความสมบูรณ์ของระบบนิเวศในพื้นที่ชุ่มน้ำ ข้อคิดเห็น คือ การประเมินผลด้วย DPSIR เปิดโอกาส ให้ผู้มีส่วนได้เสีย ได้แชร์ความรู้และประสบการณ์เกี่ยวกับสภาพแวดล้อมและปัญหาที่เกิดขึ้น ซึ่งนำไปสู่การร่วมแก้ไขและสนับสนุนระบบนิเวศน์ของพื้นที่ในทิศทางที่ยั่งยืน

คำสำคัญ: บึงบอระเพ็ด, สถานภาพพื้นที่ชุ่มน้ำ

Evaluating the environmental state of Bung Boraphet Wetland by DPSIR approach

Aree Suwanmanee

Office of Natural Resources and Environmental Policy and planning

Payathai, Bangkok 10400

Corresponding author: aree108@hotmail.com

This study was to evaluate environmental state of the Bung Boraphet Wetland in Nakhon Sawan province that has been categorized as an internationally significant freshwater wetland. This was qualitative research that applied a DPSIR model to a framework and indicators for evaluation. Data were collected with questionnaires, interviews, brainstorming and site visits. The data were analyzed in the framework of DPSIR model that linked between drivers - pressures - states - impacts - responses. Then an overview environmental state of the wetland was evaluated in order to uncover environmental conditions and problems and their trends. The results showed that the important drivers are the need for resource utilization and the desire to develop the wetland area. These pose pressure activities in terms of resource gathering directly, change of physical landscape and discharge of waste. As a result, physical conditions and living organisms in the area were changed. Consequentially, there was impact on the integrity of the ecosystem and livelihood and well-being of people. At the moment, many relevant agencies have activities in the wetland in order to respond in sorts of drivers, pressures, states, and impacts. However, these response activities have resulted to both positive and negative effects on environment and ecological integrity in the wetland. The benefit is that the DPSIR approach provided opportunity for stakeholders sharing their knowledge and experience about environment and problems of the wetland. This can lead to joint actions in support of ecological sustainable direction.

Keywords: DPSIR approach, freshwater wetland, Thailand.

ผลผลิตจากป่าที่ไม่ใช่เนื้อไม้ (NTFP) พืชทางธรรมชาติบริเวณพื้นที่มรดกโลกห้วยขาแข้ง และมูลค่าการใช้ประโยชน์ของชุมชน

คมเชษฐา จรุงพันธ์*, บุญส่ง ม่วงศรี และ นวรัตน์ คงชีพยืน

ศูนย์วิจัยและพัฒนานานวัตกรรมอุทยานแห่งชาติ อำเภอนครไทย จังหวัดพิษณุโลก 65120

*ผู้เขียนหลัก: Khomchedtha@yahoo.com

การศึกษาลักษณะการพึ่งพิงทรัพยากรและประเมินมูลค่าการใช้ประโยชน์ผลผลิตจากป่าที่ไม่ใช่เนื้อไม้ NTFP (Non Timber Forest Products) ของราษฎรในชุมชนบริเวณพื้นที่ป่าแนวกันชน ของเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าห้วยขาแข้ง จังหวัดอุทัยธานีโดยการสัมภาษณ์ตัวแทนครัวเรือนของราษฎร ใน 17 หมู่บ้าน 420 ครัวเรือน ในระหว่างเดือนเมษายน – พฤศจิกายน 2559 พบว่า ชุมชนมีการพึ่งพิงทรัพยากรโดยการเข้าไปใช้ประโยชน์จากป่า ใน 3 พื้นที่ ประกอบด้วย 1) พื้นที่เขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าห้วยขาแข้ง ร้อยละ 39.8 (167 ครัวเรือน) 2) พื้นที่เขตป่าสงวนแห่งชาติ ร้อยละ 36 (151 ครัวเรือน) และ 3) พื้นที่ป่าชุมชน ร้อยละ 21 (88 ครัวเรือน) ซึ่งมีลักษณะการพึ่งพิงทรัพยากร จำนวน 15 รูปแบบ ได้แก่ 1) เห็ดป่า 2) หน่อไม้ 3) พืชผักป่า 4) แหล่งล่าสัตว์ป่า 5) สถานที่ท่องเที่ยวพักผ่อนหย่อนใจ 6) แหล่งเลี้ยงสัตว์ 7) แมลงและผลผลิตของแมลง 8) พืชสมุนไพร 9) ผลไม้ป่า 10) วัสดุเครื่องใช้เพื่อหัตถกรรม 11) เชื้อเพลิงไม้ฟืน ถ่าน 12) วัสดุก่อสร้างที่อยู่อาศัย 13) พืชกินหัว 14) วัสดุใช้เป็นสีย้อมเครื่องนุ่งห่ม 15) พืชที่ใช้ในพิธีกรรมและความเชื่อ สามารถประเมินมูลค่าโดยคำนวณจากราคาตลาดต่อหน่วย พบว่า การใช้ประโยชน์ผลผลิตจากป่าของชุมชนในลักษณะเพื่อการบริโภคในครัวเรือน มีมูลค่าเท่ากับ 685,330 บาท โดยแยกเป็นมูลค่าการเก็บหาจากพื้นที่ 1, 2 และ 3 เป็นจำนวนเงิน 355,347 บาท 226,580 บาท และ 103,403 บาท ตามลำดับ และในลักษณะเพื่อการจำหน่ายเป็นรายได้เสริมในครัวเรือน มีมูลค่าเท่ากับ 4,059,764 บาท โดยแยกเป็นมูลค่าการเก็บหาจากพื้นที่ 1, 2 และ 3 เป็นเงินจำนวน 2,057,229 บาท 1,479,271 บาท และ 523,264 บาท ตามลำดับ สรุปว่า มูลค่าการใช้ประโยชน์ผลผลิตจากป่าซึ่งเป็นพืชทางธรรมชาติของชุมชนมีมูลค่าโดยรวมคิดเป็นเงินเท่ากับ 4,745,094 บาทต่อปี (เฉลี่ยเท่ากับ 10,955 บาท/ครัวเรือน/ปี)

คำสำคัญ: มูลค่าผลผลิตจากป่าที่ไม่ใช่เนื้อไม้, มรดกโลกห้วยขาแข้ง, ชุมชน

Non-timber forest products, natural capital in Huai Kha Khaeng World Heritage site and value to community

Khomchedtha Charunphan^{}, Boonsong Muangsri, Nawarat Khongchipyuen*
Phitsanulok National Parks and Protected Areas Innovation Center,
Nakomthai District, Phitsanulok 65120
^{}Corresponding author: Khomchedtha@yahoo.com*

A study of resource dependency and evaluation of the utilization of Non Timber Forest Product (NTFP) by a community in the buffer zone of Huai Kha Khaeng Wildlife Sanctuary in Uthaitхани province was undertaken by interviewing the representatives of 17 villages, which included 420 families, between April-November 2016 found the communities are reliant on resources by taking advantage of forests in three areas. These include 1) Huai Kha Khaeng Wildlife Sanctuary 39.8% (167 families), 2) national forest reserve 36% (151 families) and 3) community forest 21% (88 families). The character of resource reliance is in 15 forms, being 1) wild mushrooms, 2) bamboo shoots, 3) wild vegetable plants, 4) wildlife hunting, 5) leisure attractions, 6) animal and cattle husbandry, 7) insect and insect products, 8) herbs, 9) wild fruit, 10) materials for handicrafts, 11) firewood and charcoal, 12) housing materials, 13) edible tubers, 14) materials to produce dye, and 15) plants uses in rituals and beliefs. The economic evaluation of utilization calculated by market price/unit totaled Baht 685,330. This was divided into the three areas as, 1) Baht 355,347, 2) Baht 226,580 and 3) Baht 103,403. Sale of products for extra family income amounted to Baht 4,059,764, comprising the three areas as Baht 2,057,229, 1,479,271 and 523,264, respectively. It was concluded that the monetary value of utilization of NTFP, which are the natural capital of the community amounted to 4,745,094 Baht/year (average = 10,955 Baht/family/year).

Keywords: community forestry, economic evaluation, Thailand.

ปริมาณกักเก็บคาร์บอนในพื้นที่โครงการก่อสร้างเขื่อนแม่วงก์
จังหวัดนครสวรรค์และกำแพงเพชร

ธรรมบุญ เต็มไชย^{2*}, ทรงธรรม สุขสว่าง³, พันธุ์ทิพา ใจแก้ว³, เพชรรัตน์ ดีแก้ว¹, ปิยภรณ์ มาตผาง¹,
พนิดา ปุริตัง¹, ณัฐชานนท์ บู่สี¹, Thijs Willem Bredenhoff³

¹ศูนย์วิจัยและพัฒนาอนุรักษ์ธรรมชาติและสิ่งแวดล้อมแห่งชาติ จังหวัดเพชรบุรี, กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช,
อำเภอชะอำ, จังหวัดเพชรบุรี 76120

²สำนักอุทยานแห่งชาติ, กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

³กองทุนสัตว์ป่าโลกสากล (WWF) ประเทศไทย พญาไท กรุงเทพฯ 10400

*ผู้วิจัยหลัก: dhamma57@gmail.com

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินปริมาณกักเก็บคาร์บอน ซึ่งเป็นนิเวศบริการและทุนทาง
ธรรมชาติประการหนึ่งของระบบนิเวศ ในพื้นที่โครงการก่อสร้างเขื่อนแม่วงก์ จังหวัดนครสวรรค์
และจังหวัดกำแพงเพชร โดยดำเนินการสำรวจด้วยวิธีการสุ่มตัวอย่างแบบ point sampling
โดยแต่ละจุดสุ่มตัวอย่างห่างกันอย่างเป็นระบบ 250 x 500 เมตร ทั้งทั้งพื้นที่น้ำท่วมถึงหากมีการ
ก่อสร้างเขื่อนแม่วงก์ รวม 144 จุด ข้อมูลดังกล่าวนำมาประเมินปริมาณการกักเก็บคาร์บอน
ควบคู่กับแผนที่มีการปกคลุมของสังคมพืช ปี พ.ศ. 2559 ที่แปลตีความจากภาพถ่ายดาวเทียม
แลนด์ซัท 8 ผลการศึกษา พบว่าในพื้นที่โครงการก่อสร้างเขื่อนแม่วงก์ มีปริมาณการกักเก็บ
คาร์บอนในป่าเต็งรัง ป่าเบญจพรรณ ป่ารุ่นสอง และป่าริมแม่น้ำ 130,632.159 ตัน คิดเป็นปริมาณ
การดูดซับก๊าซคาร์บอนไดออกไซด์ (CO₂) 478,984.583 ตัน มีมูลค่าการซื้อขายคาร์บอนเครดิต
212,669,155 -549,395,316 บาทต่อปี และมูลค่าการสูญเสียจนกว่าจะสามารถปลูกป่าทดแทนได้
27,469,765,835 บาท และคิดเป็นมูลค่าของค่าปรับตามพิธีสารเกียวโต 71,847,687,450 บาท

คำสำคัญ: ทุนทางธรรมชาติ, คาร์บอน, เขื่อนแม่วงก์

Study on carbon loss in the case of Mae Wong Dam Project

Thammanoon Temchai^{2}, Songtam Sukswang³, Puntipha Jaikaew³,
Petcharat Deekaew¹, Piyaporn Matpang¹, Panida Puritang¹, Natchanonth Pula¹,
Thijs Willem Bredenhoff²*

¹*Petchburi National Park Research Center, Department of National Park, Wildlife and Plant Conservation, Chaam District, Petchburi Province*

²*National Park Office, Department of National Park, Wildlife and Plant Conservation, Jatujak, Bangkok 10900*

³*World Wildlife Fund (WWF) Thailand, Payathai, Bangkok 10400*

**Corresponding author: dhamma57@gmail.com*

This study aims to assess the effects of the construction of the Mae Wong dam on ecosystem services and carbon sequestration. A survey was conducted using a point sampling technique. The 144 sampling points are 250-500 m apart and are located throughout the area that will be flooded in case the dam is built. The carbon storage in each of the samples was calculated utilizing land use maps developed using 2016 Landsat 8 satellite images. The results showed that carbon storage in the area designated for the construction of the Mae Wong dam is 130,632.159 tons, if converted into carbon dioxide (CO₂) the amount is 478,984.583 tons. The carbon is stored in dry dipterocarp forest, mixed deciduous forest, secondary forest and riverine forest. The value of this amount of carbon in the carbon credit market is approximately 212,669,155 - 549,395,316 Baht/year. The lost value, until the forest through reforestation activities, reaches the climax stage, is Baht 27,469,765,835 and up to Baht 71,847,687,450, when the fines included under the Kyoto Protocol are considered.

Keywords: natural capital, carbon sequestration, Thailand.

การใช้เทคนิคภาพถ่าย 3 มิติเพื่อติดตามการเปลี่ยนแปลงแนวปะการัง

ศิริรัตน์ สมเชื้อ, กฤษณะเดช เจริญสุธาสิณี*, มัลลิกา เจริญสุธาสิณี

ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพายุกรรมและการจัดการ สำนักกีชีววิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
อำเภอท่าศาลา จังหวัดนครศรีธรรมราช 80161

*ผู้เขียนหลัก: krisanadej@gmail.com

เทคนิคการติดตามการเปลี่ยนแปลงของแนวปะการังที่ใช้เทคนิคการถ่ายภาพปะการังสามารถนำมาใช้ติดตามแนวปะการังและบันทึกผลกระทบของปะการังจากพายุได้ อย่างไรก็ตาม เราได้พัฒนาเทคนิคนี้เพิ่มเติม ทำให้การถ่ายภาพใต้ทะเลได้ผลที่มีรายละเอียดดีขึ้น (1 ซม. หรือ น้อยกว่า) และยังให้ข้อมูล 3 มิติอีกด้วย ข้อมูลที่เก็บด้วยวิธีนี้ให้ข้อมูลมากกว่าวิธีการมาตรฐานที่ใช้การวางเส้นวัดใต้ทะเลที่มีการถ่ายภาพเป็นกริดจากรอบสี่เหลี่ยม ภาพ 3 มิติที่ได้สามารถนำไปวิเคราะห์และให้ภาพที่ชัดเจนของสิ่งมีชีวิตในแนวปะการัง เทคนิคการถ่ายภาพแบบใหม่นี้เกิดขึ้นจากการพัฒนากระบวนการถ่ายภาพที่ใช้การปรับเอียงของกล้องที่ถ่ายภาพแบบ 3 มิติ แทนที่จะใช้รายละเอียดจากภาพต่อกันเพียงอย่างเดียว ทำให้มีมุมมองภูมิทัศน์ที่ถูกต้องของพื้นที่ปะการังของแนวปะการังเป็นโมเดล 3 มิติ การศึกษานี้ใช้ข้อมูลจากแนวปะการังชุดเดียวกันกับการศึกษาครั้งก่อน ณ เกาะราชาใหญ่ จังหวัดภูเก็ต

คำสำคัญ: ภาพถ่ายสำรวจ, ภาพทิวทัศน์, โมเดล 3 มิติ

Applying landscape 3d photogrammetry technique to monitor coral reef community

Sirirat Somchuea, Krisanadej Jaroensutasinee, Mullica Jaroensutasinee*

Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University, Thasala District, Nakorn Srithammarat Province 80161

**Corresponding author: krisanadej@gmail.com*

With recent developments in photogrammetry technology, a new technique for coral reef community monitoring has been extended from our previous work using photo mosaic techniques. Reefs can be observed in more detail with finer scale (1 cm or less), therefore collected information is beyond those collected by conventional photo transecting methods that is much more time consuming. 3D representation of reefs provides for an enhanced spatially accurate landscape view of the reef benthos, which is made possible with new algorithms, based on intensive alignments of the camera itself, not just those from images. This study demonstrated that with an off-the-shelf underwater camera with special procedures for taking photos more accurate data can be obtained using this technique. Data previously collected from Koh Racha Yai, Phuket, was used in this study.

Keywords: photo survey, marine landscape, 3D model, Thailand

การพยากรณ์ข้อมูลผู้ป่วยโรคมะเร็งในจังหวัดแม่ฮ่องสอน ประเทศไทย
โดยการวิเคราะห์อนุกรมเวลา

ชนิษฐา กิรติภัทรกาญจน์, มัลลิกา เจริญสุธาสินี*, กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี

ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพยากรณ์และการจัดการ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
อำเภอท่าศาลา จังหวัดนครศรีธรรมราช 80161

*ผู้เขียนหลัก: mullica.jn@gmail.com

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหารูปแบบการพยากรณ์อนุกรมเวลาข้อมูลผู้ป่วยโรคมะเร็งในจังหวัดแม่ฮ่องสอน ภาคเหนือของประเทศไทย ออโตรีเกรซซีฟ อินทีเกรเทต มูฟวิ่ง แอเวอเรจ (อาร์มา) ด้วยวิธีบอกซ์-เจนกินส์ โดยใช้ข้อมูลจำนวนผู้ป่วยโรคมะเร็งรายเดือนตั้งแต่เดือนมกราคม พ.ศ. 2545 ถึง เดือนธันวาคม พ.ศ. 2559 รวมทั้งสิ้น 180 เดือน สมการพยากรณ์คือ $\hat{Y} = \hat{T} \times \hat{S}$ โมเดลออโตรีเกรซซีฟ อินทีเกรเทต มูฟวิ่ง แอเวอเรจ ARIMA(1,1,1)(1,1,2)₁₂ ซึ่งมีค่าร้อยละของความคลาดเคลื่อนเฉลี่ยสัมบูรณ์ (MAPE) เท่ากับ 38.857, ความคลาดเคลื่อนเฉลี่ยสัมบูรณ์ (MAPE) เท่ากับ 32.712 และ สหสัมพันธ์กำลังสองเท่ากับ 0.780 ผลการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าข้อมูลมีลักษณะของฤดูกาล การเตือนให้เฝ้าระวังเบื้องต้นขึ้นกับข้อมูลในเดือนก่อนหน้า สามารถที่จะช่วยในการป้องกันการระบาดของโรคมะเร็งในชุมชนและการดูแลตนเอง

คำสำคัญ: อนุกรมเวลา, โรคมะเร็ง, วิธีบอกซ์-เจนกินส์

Forecasting malaria in Mae Hong Son Province using time series analysis

Kanitta Keeratipattarakarn, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee*
Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University,
Thasala District Nakhonsithammarat 80161
**Corresponding author: mullica.jn@gmail.com*

This study aims to predict a times series of malaria disease in Mae Hong Son province, northern Thailand. Autoregressive Integrated Moving Average (ARIMA) models with Box-Jenkins method have been developed on the malaria incidence monthly data collected from January 2002 to December 2016 with a total of 180 months. The predictive equation was $\hat{Y} = \hat{T} \times \hat{S}$. The ARIMA (1,1,1)(1,1,2)₁₂ model has been found as the most suitable model with the Mean Absolute Percent Error (MAPE) of 38.857, Mean Absolute Error (MAE) = 32.712 and R-square of 0.780. The results showed that data were seasonal. Early warning based on the data in the previous months could assist in improving malaria vector control, community intervention and personal protection.

Keywords: ARIMA model, Box-Jenkins method, MAPE, MAE, Thailand.

“กว๊านพะเยา” กฎหมายกับการพัฒนาการท่องเที่ยวในพื้นที่ชุ่มน้ำ ที่มีความสำคัญระดับนานาชาติ

พงษ์พิพัฒน์ เสน่ห์ดี*, ฤทัยภัทร ทิมลศรี

สาขาวิชาการท่องเที่ยว คณะวิทยาการจัดการและสารสนเทศศาสตร์ มหาวิทยาลัยพะเยา

อำเภอเมือง จังหวัดพะเยา 56000

*ผู้เขียนหลัก: psanedee@gmail.com

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ประมวลเรื่องกฎหมายที่บังคับใช้ในการจัดการกว๊านพะเยา และความคิดเห็นของผู้มีส่วนเกี่ยวข้อง เพื่อนำไปสู่แนวทางการพัฒนาการท่องเที่ยวกว๊านพะเยาที่เหมาะสม โดยใช้เทคนิควิจัยเชิงคุณภาพ ได้แก่ การวิจัยเชิงเอกสาร การสัมภาษณ์ การประชุมกลุ่มย่อย และการจัดสัมมนาในกลุ่มเป้าหมายคือ ผู้บริหารภาครัฐ จำนวน 9 คน ผู้นำชุมชนจำนวน 10 คน และผู้แทนภาคเอกชนจำนวน 10 คน ผลการศึกษาพบว่า กฎหมายที่เกี่ยวข้องกับการพัฒนาการท่องเที่ยวกว๊านพะเยา ประกอบด้วย กฎหมาย 6 ฉบับ สามารถจำแนกเป็น 5 ประเด็น ได้แก่ กฎหมายที่เกี่ยวข้องกับ 1) สิ่งปลูกสร้าง 2) ยานพาหนะ 3) มลพิษ 4) การใช้ประโยชน์ที่ดิน 5) พืชและพันธุ์ไม้ ทั้งนี้กว๊านพะเยายังเป็นพื้นที่ชุ่มน้ำที่มีความสำคัญระดับนานาชาติ ซึ่งมีความหลากหลายทางชีวภาพ และมีคุณค่าทางระบบนิเวศที่สำคัญอย่างยิ่ง แต่อย่างไรก็ตามพบว่า ชุมชนท้องถิ่นและภาคเอกชนมีความเห็นว่า กฎหมายบางประการเป็นอุปสรรคกับการพัฒนาการท่องเที่ยวของกว๊านพะเยา รวมทั้ง หน่วยงานภาครัฐที่บังคับใช้กฎหมายยังไม่มี การทำงานแบบบูรณาการ สำหรับแนวทางการพัฒนาการท่องเที่ยวกว๊านพะเยาที่ชุมชนท้องถิ่น ต้องการ คือ การพัฒนาท่าเรือทั้งหมด 17 ชุมชน ให้เป็นเขตอนุรักษ์พันธุ์ปลา อนุบาลพันธุ์ปลาก่อนที่จะปล่อยลงสู่กว๊านพะเยา รวมทั้งเป็นแหล่งท่องเที่ยวและเป็นศูนย์การเรียนรู้สำหรับนักท่องเที่ยวเกี่ยวกับการอนุรักษ์พันธุ์ปลาในกว๊านพะเยา ส่วนภาคเอกชนส่วนใหญ่ ต้องการที่จะมีส่วนร่วมในการพัฒนากว๊านพะเยาร่วมกับภาครัฐบาลและภาคประชาชน โดยมีการร่วมกันกำหนดทิศทางในการพัฒนา สรุปได้ คือ ภาครัฐควรมีการสร้างความรู้ความเข้าใจด้านกฎหมายที่บังคับใช้ในการจัดการกว๊านพะเยาให้ทุกภาคส่วนที่เกี่ยวข้อง การพัฒนาการท่องเที่ยวโดยการมีส่วนร่วมและสอดคล้องกับกฎหมายที่มีอยู่ ควรมีการเผยแพร่ความรู้หรือข้อมูลข่าวสารเกี่ยวกับการจัดการ การบำรุงรักษา การอนุรักษ์ การฟื้นฟู และการใช้ประโยชน์กว๊านพะเยา การพัฒนาการท่องเที่ยวเชิงอนุรักษ์ เรียนรู้วิถีชีวิตชุมชนในแนวทางเศรษฐกิจสร้างสรรคไปในทิศทางเดียวกันและเกิดประโยชน์สูงสุดต่อทุกภาคส่วน

คำสำคัญ : กฎหมาย การท่องเที่ยว พื้นที่ชุ่มน้ำ และกว๊านพะเยา

Kwan Phayao; law on tourism development in international wetland

Pongpipat Sanedee, Luethaipat Pimonsree*

*Department of Tourism, School of Management and Information Science,
University of Phayao, Amphue Muang, Phayao Province, 56000*

**Corresponding author : psanedee@gmail.com*

The purposes of this study were to compile laws for enforcement in managing Phayao Lake and to study opinions of stakeholders to contribute to appropriate guidelines of tourism development by using qualitative research techniques, including research documents, interviews, focus groups and seminars. The target groups were 9 executives from government sector, 10 community leaders and 10 representatives of private sector. The results showed that the laws related to tourism development of Phayao Lake consisted of 6 Laws. It could be classified into 5 different issues, including 1) buildings 2) vehicles, 3) pollution 4) land use, 5) plants and tree species. Obviously, Phayao Lake was also the International Wetland which was diverse in biology and valuable in ecology considerably. However, it was found that the local communities and the private sector agreed that some laws were obstacles to the tourism development of Phayao Lake; including government offices with law enforcement responsibility did not have integrated work system. As for the tourism development guideline, local communities needed to develop the ports for all 17 communities to become fish species conservation zone to rear the fish species before releasing them into the lake as well as tourist attraction and learning center for visitors about fish species conservation in Phayao Lake. As for the private sector, most entrepreneurs wanted to be involved in the development of the lake in cooperation with the government and the public sector by having a common direction in development. In conclusion, government should create knowledge and understanding of law enforcement in the management of Phayao Lake to all sectors involved. Tourism development by participation and in accordance with existing laws should publish knowledge or information about the management, maintenance, conservation, regeneration and utilization of Phayao Lake, including ecotourism development, learning the way of life of communities based on the creative economy approach in the same direction and benefit for all sectors.

Keywords: Law, Tourism, Wetland, Thailand, community fishery

การท่องเที่ยวมีผลต่อชนิดและแหล่งเพาะพันธุ์ของยุงในภาคใต้ของประเทศไทย

เพ็ญภา คุวิบูลย์ศิลป์, มัลลิกา เจริญสุธาสินี*, กฤษณะเดช เจริญสุธาสินี

ศูนย์ความรู้เฉพาะด้านนิเวศวิทยาพยากรณ์และการจัดการ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
อำเภอท่าศาลา จังหวัดนครศรีธรรมราช 80161

* ผู้เขียนหลัก: mullica.jn@gmail.com

การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการศึกษาผลกระทบของการท่องเที่ยวต่อความหลากหลายชนิดและแหล่งเพาะพันธุ์ยุงที่บริเวณหาดปากเมง จังหวัดตรัง โดยได้ทำการสุ่มตัวอย่างบ้านและโรงแรมบริเวณหาดปากเมง จังหวัดตรังที่ระยะห่าง 0, 200, 400, 600, 800, และ 1000 เมตร ระยะละ 10 หลัง รวมจำนวนบ้านและโรงแรมทั้งหมด 60 หลัง ทำการเก็บลูกน้ำในทุกภาชนะทั้งในและนอกบ้าน บันทึกชนิดของภาชนะ ระดับน้ำ การมีฝาปิด ชนิดของวัสดุที่ใช้ จำแนกชนิดของลูกน้ำยุง ด้วยกล้องจุลทรรศน์ ผลการศึกษาพบลูกน้ำยุงจำนวน 4 ชนิด ได้แก่ ลูกน้ำยุงลายบ้าน (n=63) ยุงลายสวน (n=464) ยุงรำคาญ (n=217) และยุงยักซ์ (n=3) ลูกน้ำยุงส่วนใหญ่พบในถังพลาสติก กะลามะพร้าว ยางรถยนต์ และโอ่งขนาดเล็ก ลูกน้ำยุงส่วนใหญ่พบที่ระยะ 400 และ 600 เมตร จำนวนลูกน้ำยุงทั้งหมดพบที่โรงแรมมากกว่าที่บ้านที่ระยะ 200 เมตรอย่างมีนัยสำคัญ นี้แสดงให้เห็นว่า การท่องเที่ยวมีผลโดยทำให้แหล่งเพาะพันธุ์ยุงเพิ่มขึ้น

คำสำคัญ: ระยะห่างจากชายหาด, แหล่งท่องเที่ยว, ลูกน้ำยุง

Tourism affect on mosquito diversity and breeding sites in southern Thailand

Pennapa Kooviboonsin, Mullica Jaroensutasinee, Krisanadej Jaroensutasinee*

Centre of Excellence for Ecoinformatics, School of Science, Walailak University,

Thasala District, Nakhonsithammarat 80161

**Corresponding author: mullica.jn@gmail.com*

In this study, we investigated how tourism affects mosquito diversity and their main breeding sites in tourist areas of Pak Meng Beach, Trang Province by comparing mosquito larval diversity, abundance and breeding sites between hotels and houses. The breeding sites were randomly selected; ten houses/hotels at 0, 200, 400, 600, 800, and 1000 m from the beach with a total of 60 houses/hotels. We collected all mosquito larvae from both indoor and outdoor containers, types of water containers, water level, lids, material of containers and identified mosquito larvae up to genus or species level under stereo microscopes. Our results showed that four mosquito larvae species were found: *Aedes aegypti* (n=63), *Aedes albopictus* (n=464), *Culex* spp. (n=217), and *Toxorhynchites* spp. (n=3). The main breeding sites were plastic buckets, coconut shells, tires and small earthen jars. Mosquito larvae were found mostly at 400 and 600 m from the Pak Meng Beach. The number of mosquito larvae at the hotel at 200 m from the beach was significantly higher than the houses. This indicates that tourism has some affect by increasing mosquito breeding sites.

Keywords: distance, tourist area, mosquito larvae

มูลค่าตัวเงินจากเห็ดระโงกและเห็ดป่ากินได้ชนิดอื่น ในแปลงไม้ยางนา ที่ศูนย์พัฒนาการเกษตรภูสิงห์ฯ จังหวัดศรีสะเกษ

สายัณห์ สมฤทธิ์ผล^{1*}, อัมพวา ปินเรือน¹, สุจินดา สมหมาย¹, ธิติยา บุญประเทือง¹
สมฤดี ตะเคียนเกลี้ยง² กฤษชชนะ นิสละ^{2,3}

¹ ไบโอเทค สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) อำเภอคลองหลวง
จังหวัดปทุมธานี 12120

² ศูนย์พัฒนาการเกษตรภูสิงห์อันเนื่องมาจากพระราชดำริ อำเภอภูสิงห์ จังหวัดศรีสะเกษ 33140

³ สำนักวิจัยและพัฒนาการป่าไม้ กรมป่าไม้ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก : sayanh@biotec.or.th

เห็ดป่ากินได้ให้ทั้งมูลค่าทางเศรษฐกิจ ประโยชน์ต่อสิ่งแวดล้อม และผลกำไรทางสังคมตลอดวงจรชีวิต การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสำรวจและรายงานมูลค่าตัวเงินของเห็ดระโงกและเห็ดป่ากินได้ชนิดอื่น ในแปลงขนาด 320 ตารางวา ที่ศูนย์พัฒนาการเกษตรภูสิงห์ฯ จังหวัดศรีสะเกษ แปลงนี้วางในพื้นที่ ซึ่งส่วนใหญ่ปกคลุมด้วยไม้ยางนาที่ปลูกขึ้นบนพื้นที่รกร้างว่างเปล่าในปี 2546 และใส่เชื้อเห็ดระโงก ในช่วงปี 2547-2548 ได้ทำการเก็บเห็ดแต่ละชนิดระหว่างปี 2557-2559 นำมาชั่งน้ำหนัก แล้วคำนวณเป็นตัวเงินโดยใช้ราคาขายเฉลี่ยในตลาดท้องถิ่น ผลการศึกษาในปี 2557 พบเห็ดกินได้ ทั้งหมด 8 ชนิดในแปลง มูลค่ารวม 7,754 บาท เห็ดที่ให้มูลค่าสูงคือเห็ดระโงกแดง (4,752 บาท) และเห็ดระโงกเหลือง (1,727 บาท) ในปี 2558 พบเห็ดกินได้ทั้งหมด 10 ชนิด มูลค่ารวม 7,220 บาท ในขณะที่พบเห็ดกินได้ทั้งหมด 9 ชนิดในปี 2559 มูลค่ารวม 6,420 บาท ทั้งสองปีนี้ เห็ดที่ให้มูลค่าสูงคือเห็ดระโงกเหลือง (4,400 บาทในปี 2558 และ 2,849 บาทในปี 2559) และเห็ดถ่าน (1,204 บาทในปี 2558 และ 2,688 บาทในปี 2559) การนำเสนอจะแสดงรายละเอียด ผลผลิตและมูลค่าตัวเงินของเห็ดแต่ละชนิดในแต่ละปี รวมทั้งจะกล่าวถึงแนวโน้มการลดลงของมูลค่าเงินโดยรวมอันเป็นผลจากการลดลงของผลผลิตเห็ดระโงกอย่างต่อเนื่อง

คำสำคัญ: ชนบท เศรษฐศาสตร์ เอคโตไมคอร์ไรซ่า

Monetary value from edible *Amanita* and other wild edible mushrooms
in a *Dipterocarpus alatus* plot at

Phusing Agricultural Development Center, Sisaket Province

Sayanh Somrithipol¹, Umpava Pinruan¹, Sujinda Sommai¹, Thitiya Boonpratuang¹,
Somruedee Takhianklung², Krissana Nissa^{2,3}

¹BIOTEC, National Science and Technology Development Agency
Amphoe Khlong Luang, Pathum Thani, 12120

² Phusing Agricultural Development Center, Phusing District, Sisaket, 33140

³ Forest Research and Development Bureau, Royal Forest Department,
Jatujak, Bangkok 10900

*Corresponding author: sayanh@biotec.or.th

Wild edible mushrooms provide economic value, environmental advantages and social benefits over their whole life. This study aimed to investigate and report on the monetary value of edible *Amanita* and other wild edible mushrooms in a 1,280-square-metre plot at Phusing Agriculture Development Center, Sisaket Province. This plot was set on an area mainly covered by *Dipterocarpus alatus* which were planted on bare land in 2003 and were inoculated with *Amanita* during 2004-2005. Each mushroom species collected between 2014 and 2016 had been weighed. The weights were subsequently calculated into monetary value by using the average local-market prices. The result in 2014 revealed 8 edible mushroom species in the plot with a total monetary value of Baht 7,754. The mushrooms providing high monetary value were red *Amanita* (Baht 4,752) and yellow *Amanita* (Baht 1,727). In 2015, 10 edible mushroom species were collected providing a total monetary value of Baht 7,220, while 9 species were collected in 2016 providing a total monetary value of Baht 6,420. Of the two years, the mushrooms providing high monetary value were yellow *Amanita* (Baht 4,400 in 2015 and 2,849 in 2016) and *Russula nigricans* (Baht 1,204 in 2015 and 2,688 in 2016). The productivity and monetary value of each mushroom species in each year will be detailed in the presentation. The declining trend of total monetary value resulting from a continual decrease in *Amanita* production will be also mentioned.

Keywords : non-timber forest products, ectomycorrhiza, economics, Thailand.

การพัฒนาการปลูกโกงกางใบใหญ่ด้วยเม็ดหัวเชื้อปฏิภักษ์ผสม เพื่อฟื้นฟูนาุ้งร้าง

สุกาญจน์ รัตนเลิศนุสรณ์

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏนครราชสีมาungskอฉญบุรี, อำเภอสัญบุรี, จังหวัดปทุมธานี, รหัสไปรษณีย์12110

ผู้เขียนหลัก: sukhanratt@hotmail.co.th

การทดลองนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาผลของหัวเชื้อปฏิภักษ์ผสม *Trichoderma* sp., *Mucor* sp. และ *Aspergillus* sp. (TMA) ต่อการเจริญเติบโตของต้นโกงกางใบใหญ่ (*Rhizophora mucronata*) ในบริเวณที่มีการแพร่กระจายเชื้อราก่อโรค *Fusarium* sp. และ *Polyporus* sp. (FP) ที่ตำบลขนอม จังหวัดนครศรีธรรมราช โดยการทดลองแบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ 1) กลุ่มควบคุม (ต้นโกงกางใบใหญ่ที่ปลูกในบริเวณปกติและไม่มีการเติมหัวเชื้อ TMA) 2) กลุ่ม FP (ต้นโกงกางใบใหญ่ที่ปลูกในบริเวณที่มี FP และไม่มีการเติมหัวเชื้อ TMA) 3) กลุ่ม TMA (ต้นโกงกางที่ปลูกในบริเวณปกติและมีการเติมหัวเชื้อ TMA) และ 4) กลุ่ม FP+TMA (ต้นโกงกางที่ปลูกในบริเวณที่มี FP และมีการเติมหัวเชื้อ TMA) ผลการทดลองพบว่าเปอร์เซ็นต์การชักนำการเติบโตของต้นโกงกางใบใหญ่และเปอร์เซ็นต์การรอดในกลุ่ม FP+TMA มีค่าสูงสุดเท่ากับ 4.30 เท่า และ 99 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ กลุ่ม TMA (4.02 เท่า และ 99 เปอร์เซ็นต์) กลุ่มควบคุม (2.64 เท่า และ 88 เปอร์เซ็นต์) และ กลุ่ม FP (0.42 เท่า และ 88 เปอร์เซ็นต์) ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบการเพิ่มของเปอร์เซ็นต์ธาตุอาหารหลักและรองดินและการลดเปอร์เซ็นต์โลหะหนักปนเปื้อนในกลุ่มที่มีการเติมหัวเชื้อ TMA ที่ค่าสัมประสิทธิ์ความแม่นยำมากกว่า 95.5 ดังนั้น การปลูกโกงกางใบใหญ่ด้วยหัวเชื้อ TMA ณ บริเวณที่มีการแพร่กระจายเชื้อราก่อโรคสามารถนำมาใช้ทดแทนการปลูกโกงกางใบใหญ่แบบเดิมได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้เนื่องจากหัวเชื้อ TMA หลังเอนไซม์ไคตินเนส (chitinase) และลามินารินเนส (laminarinase) และย่อยเส้นใยเชื้อราโรคพิษ สร้างสารปฏิชีวนะที่มีฤทธิ์ต้านเชื้อราสาเหตุโรคพิษได้ ทำให้พืชได้รับสารประกอบในรูปโมเลกุลเล็ก ที่มีประสิทธิภาพในการชักนำการเติบโตและการรอดตายดีกว่าการใช้หัวเชื้อปฏิภักษ์เดี่ยวๆ

คำสำคัญ: หัวเชื้อปฏิภักษ์ผสม โกงกางใบใหญ่ การเติบโต การรอดตาย ป่าชายเลน

Rhizophora mucronata planting developments by antagonistic fungal pellets mixed for restoration at Abandoned Shrimp Farming

Sukhan Rattaloeadnusorn^{1*}, Atchanut Rattaloeadnusorn²

Department of biology, Faculty of science and technology, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Amphor Thanyaburi, Phathumthani Province

*Corresponding author : sukhanratt@hotmail.co.th

The aim of this study was to examine effects of mixed antagonistic *Trichoderma* sp., *Mucor* sp., and *Aspergillus* sp. (TMA) on growth induction of *Rhizophora mucronata* at the area infected by pathogenic fungi including *Fusarium* sp. and *Polyporus* sp. (FP) at Khanom district, Nakhon Si Thammarat province. The experiment was divided into 4 groups, namely 1) control group (mangroves grown in normal area without addition of TMA), 2) FP group (mangroves grown in FP infected area without addition of TMA), 3) TMA group (mangroves grown in normal area with addition of TM), and 4) FP+TMA group (mangroves grown in FP infected area with addition of TMA). The result showed that the percentage of *Rhizophora mucronata* growth and the percentage of survival of FP+TMA group was highest, which were 4.30 times of the mangrove growth and 99%, followed by TMA group (4.02 times and 99%), control group (2.64 times and 88%), and FP group (0.42 times and 88%), respectively. In addition, it was also found that the percentage of primary and secondary soil nutrients was increased as well as reduction of heavy metal contaminations in the group added with TMA. The accuracy coefficient is greater than 95.5. Therefore, growing of mangroves with TMA in the area spreading pathogenic fungi could replace conventional methods. This is because TMA secreted chitinase and lamininase, digesting the fungal mycelium, produce antibiotics inhibiting pathogenic fungi. These actions because bioactive compounds become small molecules, which are effective in inducing of the plant's growth and its survival.

Keyword: Mixed antagonistic microorganism, *Rhizophora mucronata*, Survival, Growth, Mangrove



Systematics Taxonomy and Primary Utilization

โครงการเมล็ดพันธุ์โลก

เกริก ผักกาด*, สตีเฟน เอลเลียต

หน่วยวิจัยการฟื้นฟูป่า เชียงใหม่ ประเทศไทย

* ผู้เขียนหลัก: greuk@hotmail.com

ในฐานะที่เป็นส่วนหนึ่งของโครงการธนาคารเมล็ดพันธุ์โลก ซึ่งริเริ่มดำเนินการโดยสวนพฤกษศาสตร์หลวงเมืองคิว ประเทศอังกฤษ เมล็ดจากไม้ต้นจำนวน 3000 ชนิด จะถูกเก็บรวบรวมและจัดเก็บในธนาคารเมล็ด เมล็ดพันธุ์เหล่านี้จะใช้เพื่อการวิจัย การขยายพันธุ์และการใช้งานในอนาคต โครงการนี้จัดตั้งโดยธนาคารเมล็ดพันธุ์แห่งสหราชอาณาจักร และจะมีส่วนช่วยดำเนินการตามแผนปฏิบัติการขององค์การอาหารและการเกษตรแห่งสหประชาชาติ เพื่อส่งเสริมการจัดตั้งและการพัฒนาโปรแกรมการอนุรักษ์ในถิ่นกำเนิดที่มีประสิทธิภาพและยั่งยืน รวมถึงการเก็บรวบรวมในสภาพที่มีชีวิตและในรูปแบบของยีนแบงก์ โดยคิวได้รับเงินทุนสนับสนุนเบื้องต้นจากมูลนิธิ Garfield Weston ในการรวบรวม เมล็ด และจัดเก็บในธนาคารเมล็ดพันธุ์ โดยจะให้ความสำคัญกับต้นไม้จากภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ระยะเวลาของโครงการนี้คือเดือนมีนาคม 2559 ถึงเดือนกุมภาพันธ์ 2562 เมล็ดของไม้ต้นอย่างน้อย 244 ชนิดจะถูกจัดเก็บในประเทศไทยโดยองค์กรพันธมิตร 2 แห่ง ได้แก่หอพรรณไม้ กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช ซึ่งจะมุ่งเน้นเก็บเมล็ดจากไม้ต้นที่กระจายในเขตภาคกลางและภาคใต้ของประเทศไทย และหน่วยวิจัยฟื้นฟูป่า มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จะมุ่งเน้นไปที่ภาคเหนือของประเทศไทย โดยการประสานงานกับกรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช โครงการนี้มีจุดมุ่งหมายเพื่อส่งเสริมและสนับสนุนความพยายามในการอนุรักษ์และจัดการทรัพยากรพันธุกรรมในระดับประเทศและระดับจังหวัดในประเทศไทย โดยการจัดเก็บเมล็ดพันธุ์จะทำการจัดเก็บจากประชากรเป้าหมายอย่างน้อยหนึ่งกลุ่มสำหรับพรรณไม้เป้าหมายแต่ละชนิด โครงการธนาคารเมล็ดพันธุ์โลกมีเป้าหมายที่จะจัดเก็บเมล็ดพันธุ์พืชให้ได้อย่างน้อย 25% ภายในปี 2563 โดยผ่านความร่วมมือขององค์กรพันธมิตรธนาคารเมล็ดพันธุ์แห่งสหราชอาณาจักร

คำสำคัญ: ธนาคารเมล็ดพันธุ์แห่งสหราชอาณาจักร

The Global Tree Seed Project

Greuk Pakkad, Stephen Elliott*

Forest Restoration Research Unit (FORRU), Chiang Mai, Thailand

** Corresponding author: greuk@hotmail.com*

As part of an international ‘Global Tree Seed Bank’ initiative coordinated by the Royal Botanic Gardens Kew, UK, 3000 tree species will be seed-banked to provide material for research, propagation and use by future generations. The project is led by Kew’s Millennium Seed Bank Partnership, and will help implement the FAO Global Plan of Action priority 6 to ‘*promote the establishment and development of efficient and sustainable ex situ conservation programmes, including in vivo collections and genebanks*’. Kew has secured initial funding from the Garfield Weston Foundation to collect and seed bank priority tree species from South East Asia between March 2016 and February 2019. At least 244 species will be collected in Thailand by two partner organisations: The Forest Herbarium (BKF), focusing on the central and southern areas of Thailand, and the Forest Restoration Research Unit – Chiang Mai University (FORRU-CMU), focusing on northern Thailand. By coordinating with the Department of National Parks, Wildlife and Plant Conservation the project in Thailand is intended to complement and support existing national and provincial efforts to conserve and manage genetic resources by securing seed from at least one population of each target species. The Global Tree Seed Bank Project, in turn contributes to the aim of safeguarding seed from 25% of the world flora by 2020, in a network of seed banks through the Millennium Seed Bank Partnership.

Keywords: Millennium Seed Bank

พฤกษศาสตร์พื้นบ้านของพืชอาหารจากป่าของชาวกะเหรี่ยงและลัวะ ในตำบลปางหินฝน อำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่

กิตติยุทธ บันฉาย^{1,3} อังคณา อินตา¹ พิมพ์รัตน์ เทียนสวัสดิ์¹ เฮนริค บาลสเลฟ²
ประสิทธิ์ วงศ์พัฒน์วงศ์^{1,3*}

¹ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่

²Department of Biological Sciences, Aarhus University, Aarhus, Denmark

³ศูนย์วิจัยวนเกษตรนานาชาติ (ICRAF), คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่

*ผู้เขียนหลัก: prasitwang@yahoo.com

พืชอาหารจากป่าเป็นแหล่งของพลังงานและแร่ธาตุต่าง ๆ ซึ่งมีความสำคัญในการป้องกันภาวะทุพโภชนาการของชาวเขาในพื้นที่สูง การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อรวบรวมองค์ความรู้และระบุชนิดพืชอาหารจากป่าของชาวกะเหรี่ยงและลัวะจากสองหมู่บ้าน ในอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ การรวบรวมองค์ความรู้ดั้งเดิมด้านพืชอาหารจากป่าใช้วิธีการสัมภาษณ์ผู้ให้ข้อมูลสำคัญในแต่ละหมู่บ้าน สืบสวนและระบุชนิดพืชอาหารจากป่า และเก็บเป็นตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง การศึกษานี้พบพืชอาหารจากป่าทั้งหมด 69 ชนิด ใน 44 วงศ์ เป็นไม้ต้น (ร้อยละ 34.2) ไม้พุ่ม (ร้อยละ 31.6) และไม้ล้มลุก (ร้อยละ 27.6) พื้นที่ที่พบพืชอาหารจากป่ามากที่สุด คือ ป่าริมลำธาร (ร้อยละ 72.4) ไร่ข้าวโพด (ร้อยละ 25) และทั้งสองพื้นที่ (ร้อยละ 2.6) ส่วนที่ใช้ประโยชน์มากที่สุดพืชอาหารจากป่า คือ ผล (ร้อยละ 31) รองลงมาคือยอด (ร้อยละ 19) และ ใบ (ร้อยละ 10) การรวบรวมองค์ความรู้ดั้งเดิมด้านพืชอาหารจากป่าของชาวกะเหรี่ยงและลัวะในครั้งนี้จะถูกนำไปใช้เป็นพื้นฐานในการวิเคราะห์องค์ประกอบของธาตุอาหารเพื่อใช้ในการแก้ไขปัญหาด้านความมั่นคงทางอาหารต่อไป

คำสำคัญ : ความหลากหลายทางชีวภาพ, ความมั่นคงทางอาหาร, องค์ความรู้ดั้งเดิม

Survey of wild food plants of the Karen and Lawa in
Pang Hin Fon sub-district, Mae Chaem district, Chiang Mai province

*Kittiyut Punchay^{1,3}, Angkhana Inta¹, Pimonrat Tiansawat¹, Henrik Balslev²
Prasit Wangpakapattanawong^{1,3*}*

*¹Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University,
Mueng Destrict, Chiang Mai 50200*

²Department of Biological Sciences, Aarhus University, Aarhus, Denmark

*³World Agroforestry Centre (ICRAF), Faculty of Science, Chiang Mai University,
Mueng Destrict, Chiang Mai 50200*

**Corresponding author: prasitwang@yahoo.com*

Wild Food Plants (WFPs) are a very important source for survival in hill tribe communities as they provide nutrients and help prevent malnutrition. The aim of this study was to gather and identify wild food plants used by the hill tribe populations in Mae Chaem district, Chiang Mai. An inventory of the wild food plants is presented, based on their traditional knowledge. Two villages of the Karen and the Lawa in Mae Chaem district were been selected. The wild food plants were inventoried using free listing method and key-informant interviews. All the wild food plants were identified and collected as reference specimens. A total of 69 wild food plants, belonging to 44 families, were reported, which were trees (34.2%), herbs (31.6%), shrubs (27.6%), and climbers (6.6%), respectively. The most important habitats of the wild food plants were the forest nearby streamlets (72.4%), followed by maize cultivated areas (25%), and both areas (2.6%). Fruit was the largest proportion consumed (31%), followed by shoots (19%), and leaves (10%), respectively. This study demonstrates the traditional knowledge of using the wild food plants of the hill tribes, which serve as baseline information for future studies on nutritional values, and could be part of a strategy in tackling food insecurity.

Keywords: biodiversity, food security, traditional knowledge, wisdom, hill tribes, Thailand.

ศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของไลเคนบนใบไม้ในป่าดิบชื้นในประเทศไทย

ขวัญเรือน นาคสุวรรณกุล

ภาควิชาชีววิทยาและพิพิธภัณฑ์สัตว์มีฤทธิ์ทางยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม อำเภอ
กันทรวิชัย จังหวัดมหาสารคาม 44150

ผู้เขียนหลัก: khwanruan.p@msu.ac.th

ไลเคนเป็นสิ่งมีชีวิตที่อยู่ร่วมกันแบบพึ่งพาอาศัยของสิ่งมีชีวิต 2 ชนิด คือ ราและสาหร่าย มีโครงสร้างที่อ่อนไหวต่อการเปลี่ยนแปลงของสภาพสิ่งแวดล้อมโดยเฉพาะมลพิษทางอากาศ ไลเคนบนใบไม้สามารถเติบโตได้ในพื้นที่จำกัด เช่น บนใบพืชและพบว่ามีความหลากหลายชนิดค่อนข้างสูง โครงการวิจัยนี้สำรวจและเก็บตัวอย่างไลเคนบนใบไม้ในป่าดิบชื้นจากทุกภาคในประเทศไทย พบทั้งหมด 36 สกุล 159 ชนิด ได้แก่ สกุล *Aderkomyces* (1 ชนิด) *Anisomeridium* (1 ชนิด) *Arthonia* (7 ชนิด) *Arthotheliopsis* (1 ชนิด) *Aspidothelium* (2 ชนิด) *Asterothyrium* (1 ชนิด) *Aulaxina* (3 ชนิด) *Bacidina* (2 ชนิด) *Badimia* (4 ชนิด) *Byssolecania* (2 ชนิด) *Byssoloma* (6 ชนิด) *Calenia* (8 ชนิด) *Calopadia* (4 ชนิด) *Caprettia* (1 ชนิด) *Chroodiscus* (6 ชนิด) *Coenogonium* (7 ชนิด) *Cryptothecia* (2 ชนิด) *Echinoplaca* (3 ชนิด) *Eremothecella* (1 ชนิด) *Eugeniella* (1 ชนิด) *Fellhanera* (9 ชนิด) *Gyalectidium* (5 ชนิด) *Gyalidea* (1 ชนิด) *Gyalideopsis* (2 ชนิด) *Lasioloma* (4 ชนิด) *Leptogium* (1 ชนิด) *Loflammia* (2 ชนิด) *Loflammia* (2 ชนิด) *Mazosia* (5 ชนิด) *Microtheliopsis* (1 ชนิด) *Opegrapha* (4 ชนิด) *Phylloblastia* (1 ชนิด) *Porina* (42 ชนิด) *Sporopodium* (5 ชนิด) *Strigula* (9 ชนิด) *Tricharia* (2 ชนิด) และ *Trichothelium* (3 ชนิด) ไลเคนสกุล *Porina* เป็นสกุลที่พบจำนวนชนิดมากที่สุด ซึ่งไลเคนสกุลนี้สามารถเติบโตได้ในหลายแห่งอาศัย เช่น บนใบไม้ บนหินและบนเปลือกไม้ จึงมีความสามารถในการแพร่กระจายค่อนข้างสูง พืชที่พบไลเคนบนใบไม้มากที่สุด คือ วงศ์ *Arecaceae* หรือพืชวงศ์ปาล์ม เนื่องจากพืชวงศ์นี้เป็นพื้นล่างเด่นของป่าดิบชื้นและใบพืชมีอายุยืนยาวกว่าพืชชนิดอื่นๆ ไลเคนที่พบเติบโตบนใบไม้ส่วนใหญ่พบในใบที่มีอายุตั้งแต่ 2 ปีขึ้นไป เนื่องจากไลเคนมีอัตราการเติบโตค่อนข้างช้าใช้เวลาหลายปีกว่าจะพัฒนาเจริญเติบโตเต็มที่ ป่าดิบชื้นในประเทศไทยมีความหลากหลายทางชีวภาพค่อนข้างสูง ไลเคนบนใบไม้เป็นสิ่งมีชีวิตหนึ่งที่ใช้เป็นฐานข้อมูลความหลากหลายทางชีวภาพและใช้เป็นตัวชี้บ่งชี้ทางชีวภาพเพื่อตรวจสอบการเปลี่ยนแปลงของสภาพสิ่งแวดล้อมเบื้องต้นได้เป็นอย่างดี

คำสำคัญ: ความหลากหลายทางชีวภาพ, ไลเคนบนใบไม้, ป่าดิบชื้น

Study of foliicolous lichen biodiversity from tropical rainforests in Thailand

Khwanyuruan Naksuwankul

Department of Biology and Natural Medicinal Mushroom Museum, Faculty of Science,
Maharakham University, Kantarawichai, Maharakham 44150
Corresponding author: khwanruan.p@msu.ac.th

Lichens form symbiosis between fungi and algae. They are provided structures sensitive to environmental change, especially air pollution. The foliicolous lichens can grow on limiting areas such as plant leaves and have the highest species diversity. This research project investigated and collected specimens from tropical rainforests representing all parts of Thailand. The result consisted of 36 genera and 159 species; *Aderkomyces* (1 sp.) *Anisomeridium* (1 sp.) *Arthonia* (7 spp.) *Arthotheliopsis* (1 sp.) *Aspidothelium* (2 spp.) *Asterothyrium* (1 sp.) *Aulaxina* (3 spp.) *Bacidina* (2 spp.) *Badimia* (4 spp.) *Byssolecania* (2 spp.) *Byssoloma* (6 spp.) *Calenia* (8 spp.) *Calopadia* (4 spp.) *Caprettia* (1 sp.) *Chroodiscus* (6 spp.) *Coenogonium* (7 spp.) *Cryptothecia* (2 spp.) *Echinoplaca* (3 spp.) *Eremothecella* (1 sp.) *Eugeniella* (1 sp.) *Fellhanera* (9 spp.) *Gyalectidium* (5 spp.) *Gyalidea* (1 sp.) *Gyalideopsis* (2 spp.) *Lasioloma* (4 spp.) *Leptogium* (1 sp.) *Loflammia* (2 spp.) *Mazosia* (5 spp.) *Microtheliopsis* (1 sp.) *Opegrapha* (4 spp.) *Phylloblastia* (1 sp.) *Porina* (42 spp.) *Sporopodium* (5 spp.) *Strigula* (9 spp.) *Tricharia* (2 spp.) and *Trichothelium* (3 spp.). The genus *Porina* was found in high species number in tropical rainforests as this genus can grow on various substrates such as leaves, rock and bark, therefore it can have a higher distribution. Plant leaves of family *Arecaceae* (palm) were shown to have a high number of lichens occur on leaves. Tropical rainforests were found to have palm dominant species on the ground and leaves have a longer life span than other plant species. Plant leaves that remain on branches for up to 2 years towards were found to have lichens, because lichens grow very slowly with poor development of the thallus. The highest biodiversity of species from tropical rainforests in Thailand, including lichens, can be used for biodiversity database and bio-indicator for environmental basis.

Keywords: biodiversity, foliicolous lichen, tropical rainforest

เจ้าแมงมุมตัวร้าย: สถานการณ์การศึกษาแมงมุมในกลุ่ม Mesothelae และ Mygalomorphae ในประเทศไทย (Arachnida: Araneae)

ณัฐพนธ์ วาฤทธิ

ศูนย์เชี่ยวชาญทางกีฏวิทยา และ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330
ผู้เขียนหลัก: Natapot.w@chula.ac.th

แมงมุมในกลุ่ม Mesothelae และ Mygalomorphae ประกอบไปด้วยแมงมุมที่มีตั้งแต่ขนาดเล็กไปจนถึงขนาดใหญ่ ซึ่งรวมไปถึงกลุ่มของบั้งและแมงมุมฝาปิดหลายกลุ่ม ตามรายงานของ World Spider Catalogue ในประเทศไทย มีรายงานของแมงมุมในกลุ่ม Mesothelae อยู่ 1 วงศ์ ได้แก่ Liphistiidae จำนวน 32 ชนิด และในกลุ่ม Mygalomorphae จำนวน 8 วงศ์ 29 ชนิด ในการบรรยายครั้งนี้ผู้ศึกษาต้องการที่จะรายงานสถานการณ์ปัจจุบันของการศึกษาแมงมุมสองกลุ่มนี้ในประเทศไทยโดยเน้นการอธิบายถึงข้อมูลทางอนุกรมวิธาน นิเวศวิทยา และ molecular phylogenetics ของแมงมุมในสกุล *Atmetochilus* (วงศ์ Nemesiidae) *Cyriopagopus* และ *Phlogiellus* (วงศ์ Theraphosidae) และ *Liphistius* (วงศ์ Liphistiidae) เพื่อให้เป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการอนุรักษ์แมงมุมทั้งสองกลุ่มนี้ที่มีความสำคัญต่อระบบนิเวศต่อไปในอนาคต

คำสำคัญ: ผู้ล่า, อนุกรมวิธาน, วิวัฒนาการ

Large spiders in Thailand: current state of affairs with Mesothelae and Mygalomorphae research (Arachnida: Araneae)

Natapot Warrit

*Center of Excellence in Entomology and Department of Biology, Faculty of Science,
Chulalongkorn University, Bangkok, 10330
Corresponding author: Natapot.w@chula.ac.th*

Spiders in the Suborder Mesothelae and Infraorder Mygalomorphae represent two sister clades to all other extant spiders in the world. These groups comprise the small-to-large size tarantulas and various groups of trap door spiders. Based on World Spider Catalogue records, 32 species from the Family Liphistiidae (Mesothelae) are reported from Thailand, whereas 8 Mygalomorph spider families (29 species) are included. This paper presents current research in systematics, ecology and molecular phylogenetics of these groups of spiders in Thailand. Genera briefly discussed include *Atmetochilus* (Nemesiidae), *Cyriopagopus* and *Phlogiellus* (Theraphosidae) and *Liphistius* (Liphistiidae). Information obtained from these studies will lay the foundation for the implementation of future conservation efforts to protect these groups of spiders.

Keywords: Liphistiidae, predator, systematics, phylogeny

การสำรวจบัวอุบลชาติพื้นเมืองของไทยที่มีความสัมพันธ์กับบัวจงกลนี

วิชัย ภูริปัญญวานิช^{*}, ปริมลภา (วสุวัต) ชูเกียรติมั่น², วรณช ละอองศรี³ และกนกพร บุญศิริชัย¹

¹ สถาบันเทคโนโลยีนิวเคลียร์แห่งชาติ (องค์การมหาชน) อำเภอองครักษ์ จังหวัดนครนายก 26120

² บำรุงชล สวนบัว อำเภอเมือง จังหวัดนนทบุรี

³ สวนพฤกษศาสตร์สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ อำเภอแม่ริม จังหวัดเชียงใหม่ 50180

*ผู้เขียนหลัก: vichaiपुरิ@gmail.com

ก่อนที่บัวจงกลนีได้รับการตั้งชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Nymphaea siamensis* ในปี พ.ศ. 2557 นั้น ได้มีการออกสำรวจบัวอุบลชาติพื้นเมืองของไทยที่คาดว่าจะมีความสัมพันธ์กับบัวจงกลนีทั่วประเทศไทย จากผลการสำรวจบัวในกลุ่มอุบลชาติในทุกภูมิภาค บัวบางชนิด เช่น บัวแบ้สีขาว (อุบลชาติบานกลางวันให้ดอกสีขาวพบในแหล่งน้ำเขตจังหวัด มุกดาหาร) และบัวสายที่เจริญเติบโตอยู่บนยอดเขาในอุทยานแห่งชาติภูสระดอกบัว จังหวัดยโสธร อยู่ในภาวะเสี่ยงที่จะสูญพันธุ์ บัวสายบางชนิด เช่น บัวสายที่เจริญเติบโตอยู่ในอุทยานแห่งชาติทะเลน้อย จังหวัดพัทลุง และบัวสายจากอำเภอสารภี จังหวัดเชียงใหม่ มีความจำเพาะกับถิ่นฐานที่อยู่อาศัยเป็นอย่างมาก นอกจากนี้ข้อมูลบางอย่างที่ได้มาถือว่าเป็นความรู้นี้ใหม่ที่ไม่เคยตีพิมพ์หรือกล่าวถึงในที่ใดมาก่อน อาทิ เช่น บัวจงกลนีมีลักษณะบางประการที่สมควรแยกออกมาในระดับ subgenus บัวแบ้สีม่วงหรือบัวนิลบล (*Nymphaea cyanea* – ‘Bua Bae Muang’ or ‘Nilubon’) ที่พบในจังหวัดร้อยเอ็ดนั้น มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาภายนอกคล้ายกับบัวขาบที่ชานานภาคกลางพบ แต่บัวแบ้สีม่วงหรือนิลบล มีหัวย่อยใต้ดินเหมือนบัวจงกลนีในขณะที่บัวขาบภาคกลางไม่มีหัวย่อยใต้ดิน และจากการเปรียบเทียบทั้งทางสัณฐานวิทยาและลายพิมพ์ดีเอ็นเอชนิด Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) ระหว่างบัวที่ทำการศึกษารวมทั้งบัวจากต่างประเทศ *N. colorata* ด้วยนั้น บ่งชี้ว่าบัวจงกลนีมีความคล้ายคลึงกับบัวแบ้สีม่วงหรือนิลบล มากที่สุด เพราะมีลักษณะต้น ใบ และราก ตลอดจนการมีหัวย่อยใต้ดินเหมือนกัน ทั้งนี้บัวแบ้มีดอกสมบูรณ์เพศ ขณะที่ดอกบัวจงกลนีไม่มีเกสรและรังไข่ ลายพิมพ์ดีเอ็นเอชนิด RAPD ดังกล่าวยืนยันว่าบัวจงกลนีมีความใกล้ชิดกับบัวแบ้สีม่วงและบัวแบ้สีขาวมากที่สุดอีกด้วย

คำสำคัญ: บัวพื้นเมือง อุบลชาติพื้นเมือง *Nymphaea siamensis* การสำรวจ

Exploration of Thai native waterlilies related to
Nymphaea siamensis Puripany.

Vichai Puripunyanich^{1*}, Primlarp (Wasuwat) Chukiatman²,
Woranuch La-ongsri³, Kanokporn Boonsirichai¹

¹ Research and Development Division, Thailand Institute of Nuclear Technology
(Public Organization), Ongkharak District, Nakhon Nayok Province 26120

² Pang Ubon Waterlily Garden, Mueang, Nonthaburi

³ Queen Sirikit Botanic Garden, Botanical Garden Organization, Mae Rim District,
Chiang Mai Province 50180

*Corresponding author: vichaiपुरิ@gmail.com

Before *Nymphaea siamensis* or ‘Jongkolnee’ waterlily was given a scientific name in 2014, an exploration was conducted to investigate native waterlilies which might be related to ‘Jongkolnee’ in Thailand. Some waterlilies such as ‘Bua Bae Kao’ (*Nymphaea* sp.) and a native tropical night blooming waterlily growing in Phu Sa Dok Bua National Park in Yasothon province were found to be rare. Some of them were highly specific for their habitat such as a native waterlily in Thale Noi Waterfowl Reserve, Phatthalung province and another in Saraphi district, Chiang Mai province. Examination of *N. siamensis* revealed certain characters that suggested its possible placement in an entirely new subgenus. ‘Nilubon’ or ‘Bua Bae Muang’, found in Roi Et province, showed similar morphology to ‘Bua Khap’, another native waterlily. However, ‘Bua Bae Muang’ produced bulblets, while ‘Bua Khap’ produced no bulblet. Morphological and genetic comparison between *N. siamensis* and other *Nymphaea* species, including imported waterlily; *Nymphaea colorata*, were conducted. ‘Bua Bae Muang’ showed the closest similarity to *N. siamensis*. *N. siamensis* and ‘Bua Bae Muang’ showed similar leaf, stem and root morphology. ‘Bua Bae Muang’ also produced bulblets. However, its flowers bore purple petals with complete reproductive organs, while *N. siamensis* lacked stamens and ovaries. Random amplified polymorphic DNA comparison revealed that *N. siamensis* was most similar to ‘Bua Bae Muang’ and ‘Bua Bae Kao’.

Keywords: botany, taxonomy, morphology.

การใช้ประโยชน์จากเห็ดเรืองแสงสิรินรัศมี (*Neonothopanus nambi* Speng.)
ในการควบคุมไส้เดือนฝอยรากปม (*Meloidogyne incognita* Chitwood)
ในแปลงพริก

สุรียพร บัวอาจ^{1*}, บุษราคัม อุดมศักดิ์¹, นายไตรเดช ช่างทอง¹, นุชนารถ ตั้งจิตสมคิด²,
เพียรวิทย์ พรหมพันธุ์ใจ³ และวีระศักดิ์ ศักดิ์ศิริรัตน์⁴

¹สำนักวิจัยพัฒนาการอารักขาพืช และ ²สำนักวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพ กรมวิชาการเกษตร จตุจักร
กรุงเทพฯ 10900

³สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตร เขตที่ 4 กรมวิชาการเกษตร อำเภอสว่างวีระวงศ์ จังหวัดอุบลราชธานี
34190

⁴ภาควิชาพืชศาสตร์และทรัพยากรการเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อำเภอเมือง
จังหวัดขอนแก่น 40000

*ผู้เขียนหลัก: kay_bua-art@hotmail.com

เห็ดเรืองแสงสิรินรัศมี (*Neonothopanus nambi*) ในประเทศไทยมีรายงานครั้งแรกจากการศึกษาความหลากหลายชนิดของเห็ดในเขตพื้นที่ของโครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืช อันเนื่องมาจากพระราชดำริสมเด็จพระเทพรัตนราชสุดาฯ สยามบรมราชกุมารีฯ ที่โคกภูตาคา อำเภอเวียงเก่า จังหวัดขอนแก่น ในการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ประโยชน์จากเห็ดเรืองแสงในการควบคุมโรครากปมที่เกิดจาก *Meloidogyne incognita* ในแปลงปลูกพริกของเกษตรกร อำเภอม่วงสามสิบ จังหวัดอุบลราชธานี โดยวางแผนการทดลอง RCB ประกอบด้วย 4 กรรมวิธี 5 ซ้ำ เก็บเกี่ยวพริกอายุที่ 90 วัน พบว่า กรรมวิธีใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสง จำนวน 10 กรัม/ต้น รองก้นหลุมก่อนปลูก และกรรมวิธีปลูกปอเพื่อร่วมกับการใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสง 10 กรัม/ต้น รองก้นหลุมก่อนปลูก สามารถลดจำนวนการเกิดปมที่รากได้ดีที่สุด คือ มีเปอร์เซ็นต์การเกิดปมเพียง 2.36 และ 2.45 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ซึ่งแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติกับกรรมวิธีปลูกปอเพื่อร่วม และกรรมวิธีเปรียบเทียบซึ่งไม่ผสมก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสงและอะไรเลย โดยพบการเกิดปมสูงถึง 57.50 และ 88 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนค่าเฉลี่ยความสูงของพริก พบว่า กรรมวิธีใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสงจำนวน 10 กรัม/ต้น รองก้นหลุมก่อนปลูก ส่งผลให้พริกมีความสูงมากที่สุด คือ 84.25 เซนติเมตร รองลงมาเป็นกรรมวิธีปลูกปอเพื่อร่วมกับการใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสง 10 กรัม/ต้น พริกสูง 72.80 เซนติเมตร ซึ่งแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติกับกรรมวิธีปลูกปอเพื่อร่วม และกรรมวิธีเปรียบเทียบ โดยพบมีความสูงเพียง 63.99 และ 59.55 เซนติเมตร ตามลำดับ และข้อมูลผลผลิตพริก (กิโลกรัมต่อต้น) โดยเก็บผลผลิตพริกสด จำนวน 20 ต้นต่อซ้ำ พบว่า กรรมวิธีใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสง จำนวน 10 กรัม/ต้น รองก้นหลุมก่อนปลูก ส่งผลให้พริกมีผลผลิตผลสดมากที่สุด (4.70 กิโลกรัม) โดยไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.01$) กับกรรมวิธีปลูกปอเพื่อร่วมกับการใช้ก้อนเชื้อเห็ดเรืองแสง (4.12 กิโลกรัม) แต่แตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.01$) กับกรรมวิธีเปรียบเทียบ (2.66 กิโลกรัม)

คำสำคัญ: ก้อนเชื้อเห็ด, ปอเพื่อร่วม, โรครากปม

**Application of luminescent mushroom “Sirin Rassamee”
(*Neonothopanus nambi* Speg.) for control of root - knot Nematode
(*Meloidogyne incognita* Chitwood) in chilli**

Bua-art Sureeporn^{1*}, *Boossaracum Udomsak*¹, *Tridate Khaithong*¹, *Nuchanart Tangchitsomkid*², *Payoaw Phompanjai*³, *Weerasak Saksirirat*⁴

¹Plant Protection Research and Development Office, and ²Biotechnology Research and Development Office, Department of Agriculture, Chatuchack, Bangkok 10900

³Office of Agricultural Research and Development Region 4, Department of Agriculture, Sawang Wirawong District, Ubon Ratchathani 34190

⁴Department of Plant Science and Agricultural Resources, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Mueang Destrict, Khon Kaen Province 40000

*Corresponding author: kay_bua-art@hotmail.com

The luminescent mushroom "Sirin Rassamee", a name royally bestowed by HRH Princess Maha Chakri Sirindhorn was firstly reported from the mushroom diversity study in Plant Genetic Conservation area of Khok Phu Taka, Amphoe Wiang Kao, Khon Kaen province. The objective of this study is to apply the luminescent mushroom to control root-knot disease of chilli caused by *Meloidogyne incognita* in farmer's fields of Amphoe Mung Sam Sib, Ubon Ratchathani. The experiment comprised 4 treatments, 5 replications and using randomized complete block design (RCB). Fresh chilli fruit were harvested on 90 days after planting. The result showed that treatment of spawn infestation 10g/plant before planting and using sunn hemp (*Crotalaria juncea*) with spawn 10g /plant reduced root gall of 2.36 and 2.45%, respectively, and significant difference ($P<0.01$) to using only sunn hemp and control treatment No use of luminescent mushroom and sunn hemp with root galling scores of 57.50 and 88%, respectively. In addition, using spawn 10g/plant provided the highest plant of 84.25 cm. The second height obtained from using sunn hemp with mushroom spawn (10g/plant) expressed plant height of 72.80 cm., which is significantly different ($P<0.01$) with using only sunn hemp and control treatment (63.99 and 59.55 cm., respectively). For fresh fruit weight, using mushroom spawn (10g/plant) was the best method and gave rise to high yield of chilli fresh fruit 4.70 kg. However, it was not significantly different with using sunn hemp plus spawn (4.12 kg), but significant to control treatment (2.66 kg).

Keywords: spawn, sunn hemp, root-knot disease, biological control, Thailand

ความหลากหลายชนิดสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืช มหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา

อิฐสระม แสนสุภา¹, จักรพันธ์ สุวานิจสรณ์¹, สิทธิศักดิ์ ปิ่นมงคลกุล² เกรียงไกร สีตะพันธุ์^{1*}

¹ สาขาวิชาการประมง คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ และ ² สาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยพะเยา อำเภอเมือง จังหวัดพะเยา 56000

*ผู้เขียนหลัก: kook82@hotmail.com

การสำรวจความหลากหลายชนิดของสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบก ในพื้นที่อนุรักษ์พันธุกรรมพืช มหาวิทยาลัย
พะเยา จังหวัดพะเยา ตั้งแต่เดือนมีนาคม 2557 ถึงเดือนมกราคม 2558 เก็บตัวอย่างด้วยวิธี
สำรวจแบบพบเห็นตัว (visual encounter survey) พบสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกจำนวน 22 ชนิด
(species), 13 สกุล (genus) และ 5 วงศ์ (family) โดยแยกเป็น วงศ์ Megophryidae
จำนวน 1 สกุล 1 ชนิด วงศ์ Bufonidae จำนวน 1 สกุล 1 ชนิด วงศ์ Dicroglossidae
จำนวน 5 สกุล 9 ชนิด วงศ์ Rhacophoridae จำนวน 2 สกุล 2 ชนิด และวงศ์ Microhylidae
จำนวน 4 สกุล 9 ชนิด

คำสำคัญ : ความหลากหลายของชนิดสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบก มหาวิทยาลัยพะเยา

Species diversity of amphibians in the university of Phayao,
Plant Genetic Conservation Areas, Phayao Province

*Itsaram Saensupa*¹, *Jakkaphan Tanitsorn*¹, *Sitthisak Pinmongkholgul*²
Kriengkrai Seetapan^{1,*}

¹*Department of Fishery, School of Agriculture and Natural Resources and*

²*Department of Biology, School of Science, University of Phayao,*

Mueang District, Phayao Province 56000

**Corresponding author: kook82@hotmail.com*

A survey of amphibian fauna inhabiting in the University of Phayao Plant Genetic Conservation Areas, Phayao Province, was conducted from March 2014 to January 2015. In this study, species diversity was obtained by visual encounter survey. This study revealed altogether 22 species, 13 genera and 5 families of amphibians. These five families were Megophryidae (1 species in 1 genus), Bufonidae (1 species in 1 genus), Dicroglossidae (9 species in 5 genus), Rhacophoridae (2 species in 2 genus) and Microhylidae (9 species in 4 genus).

Keywords: survey, freshwater amphibians, Thailand

ราทำลายแมลงสกุล *Ophiocordyceps* 6 ชนิดใหม่ในประเทศไทย

กนกศรี ทศนัทย์*, ดนญา ธนกิจพิพัฒน์, วาสนา น้อยศรีภูมิ, อาทิตย์ คนสนิท, สุชาดา มงคลสัมฤทธิ์, เจนนิเฟอร์ เหลืองสะอาด

ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
อำนวยการทดลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: tasanatai@biotec.or.th

รา ส กุล *Ophiocordyceps* (Ophiocordycipitaceae, Hypocreales, Ascomycetes) เป็นราก่อโรคในแมลงสามารถจำแนกได้โดยลักษณะของก้านราที่มีสีดำ แข็งและเหนียว ฝังใส่สปอร์ อยู่บนหรือฝังในก้านรา ราใน Ophiocordycipitaceae สามารถเข้าทำลายแมลงได้หลายชนิด จากการสำรวจราทำลายแมลงในประเทศไทยพบราชนิดใหม่ในสกุล *Ophiocordyceps* ที่มีฝังใส่สปอร์อยู่บนก้านรา บริเวณที่มีเศษใบไม้ทับถมและใต้ใบไม้จำนวน 6 ชนิด ดังนี้ *Ophiocordyceps* sp.01–sp.05 พบเข้าทำลายแมลงในกลุ่มหนอนผีเสื้อและ *Ophiocordyceps* sp.06 พบเข้าทำลายแมลงในกลุ่มเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ซึ่งจัดจำแนกโดยใช้ลักษณะทาง สัณฐานวิทยาและข้อมูลการวิวัฒนาการเชิงโมเลกุล ราทั้ง 6 ชนิดมีการสร้างฝังใส่สปอร์ บริเวณตรงกลางถึงส่วนปลายของก้านรา สปอร์มีลักษณะเป็นเส้น และมีระยะสืบพันธุ์แบบ ไม่อาศัยเพศคือ *Hirsutella* เมื่อทำการเปรียบเทียบกับราชนิดอื่นที่มีลักษณะใกล้เคียงกัน ในสกุล *Ophiocordyceps* พบว่าขนาดของฝังใส่สปอร์ สปอร์ รวมทั้งแมลงอาศัยต่างกัน ผลการ วิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสบริเวณ 5.8S-ITS rDNA, nrSSU, EF-1 α และ RPB1 ยืนยันได้ว่าเป็นราชนิดใหม่ในสกุล *Ophiocordyceps*

คำสำคัญ : การจัดจำแนก, วิวัฒนาการ, ราสกุล *Ophiocordyceps*

Six new species of insect fungi genus *Ophiocordyceps* in Thailand

Kanoksri Tasanathai*, Donnaya Thanakitpipattana, Wasana Noisriboom,
Artit Khonsanit, Suchada Mongkolsamlit, Jennifer Luangsa-ard

Microbe Interaction and Ecology Laboratory (BMIE), The Center for Genetics Engineering
and Biotechnology (BIOTEC), Khlong Luang District, Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: tasanatai@biotec.or.th

The genus *Ophiocordyceps* (Ophiocordycipitaceae, Hypocreales, Ascomycetes) is an entomopathogenic fungus, which is characterized by darkly-pigmented, tough and wiry stromata, superficial to completely immersed perithecia. Species in the Ophiocordycipitaceae are pathogenic to a wide variety of invertebrates. In previous surveys of insect pathogenic fungi in Thailand, six new species of *Ophiocordyceps* containing superficial perithecia were found in the leaf litter and undersides of leaves. *Ophiocordyceps* sp. 01-05 and *Ophiocordyceps* sp. 06 were pathogenic to Lepidoptera larvae and Hemiptera (Hopper), respectively. They are described using morphological and molecular phylogenetic data. Six species produce ovoid superficial perithecia from the middle to the end of a cylindrical stroma, whole ascospores, and *Hirsutella* is an asexual morph. They are distinct from other closely related species in the genus *Ophiocordyceps* in producing superficial perithecia, in the sizes of the ascospores and perithecia, and in host preference. Multi-gene phylogenetic analysis of 5.8S-ITS rDNA, nrSSU, EF-1 α , and RPB1 gene loci also confirmed the distinctiveness of these new species in the Ophiocordycipitaceae.

Keywords: Taxonomy, Phylogeny, *Ophiocordyceps*

**ความหลากหลายของไลเคนในเขตบริการและเขตนันทนาการ
อุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ จังหวัดเชียงใหม่**

กันย์ จรรย์ศรัภักดิ์, กษมล บัวแก้ว*

ศูนย์วิจัยและพัฒนาอนุรักษ์ธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่ 50200

*Corresponding author: npi.chiangmai@gmail.com

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสำรวจความหลากหลายของไลเคนในเขตบริการและเขตนันทนาการ อุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์ รวมทั้งรวบรวมและจัดทำฐานข้อมูลเพื่อถ่ายทอดองค์ความรู้ผ่านเส้นทางศึกษาธรรมชาติ สำรวจและเก็บตัวอย่างในเดือนมีนาคมถึงเดือนพฤษภาคม 2559 ในเขตบริการ 2 แห่ง คือ ศูนย์บริการนักท่องเที่ยว และลานกางเต็นท์ ดงสน และเขตนันทนาการ 9 แห่ง คือ เส้นทางเดินศึกษาธรรมชาติกิ่วแม่ปาน เส้นทางเดินศึกษาธรรมชาติอ่างกา เส้นทางเดินป่าผาดอกเสี้ยว น้ำตกแม่ปาน น้ำตกห้วยทรายเหลือง น้ำตกชिरธาร น้ำตกแม่กลาง น้ำตกแม่ยะ และบริเวณยอดดอยอินทนนท์ จากการศึกษาพบไลเคนสามารถจำแนกได้ 21 วงศ์ 39 สกุล ระบุชนิดได้ 21 ชนิด ที่พบมากที่สุด คือ Graphidaceae ซึ่งอยู่ในกลุ่ม คริสโตส รองลงมาคือวงศ์ Parmeliaceae และ Physciaceae ตามลำดับ สกุลที่พบมากที่สุดคือ *Heterodermia* จำแนกได้ 6 ชนิด ได้แก่ *H. obscurata*, *H. diademata*, *H. leucomelos*, *H. stellate*, *H. japonica* และ *H. speciosa* สกุล *Glaphid* พบทุกเขตบริการและเขตนันทนาการ ส่วนไลเคนในสกุล *Everniastrum* พบเฉพาะเขตนันทนาการที่มีเป็นป่าดิบเขา ได้แก่ เส้นทางเดินศึกษาธรรมชาติกิ่วแม่ปาน เส้นทางเดินศึกษาธรรมชาติอ่างกา และบริเวณยอดดอยอินทนนท์

คำสำคัญ: ไลเคน เส้นทางธรรมชาติ อุทยานแห่งชาติดอยอินทนนท์

Diversity of lichen species in the service zone and recreation zones at Doi Inthanon National Park, Chiang Mai Province

*Kan Jumnongpakdi, Kasamon bourkaew**

¹*Nation Parks Research and Innovation Development Center, Mueang District, Chiang Mai Province 50200*

**Corresponding author: npi.chiangmai@gmail.com*

The main objectives of this investigation are to compile lichen species in the service and recreation zones at Doi Inthanon National Park, Chiang Mai Province, for taxonomic database construction and to transfer knowledge of lichen species diversity to visitors along nature trails. Surveys and collections of lichens were made between March–May 2016 at service zone 2 areas such as) Doi Inthanon National Park Headquarters, 2) Camping sites, and 3) recreation zones including Kio Mae Pan nature trail, Ang ka nature trail, Pa Dok Siew nature trail, Mae Pan waterfall, Huay sai leung waterfall, Wachirathan Waterfall, Mae Klang Waterfall, Mae Ya Waterfall, and the summit area of Doi Inthanon. The surveys found a total of 21 families, 39 genera and 21 species of lichens. Most lichens were in the Graphidaceae (Crustose group, Parmeliaceae and Physciaceae). The most species-rich genus was *Heterodermia* which included *H. obscurata*, *H. diademata*, *H. leucomelos*, *H. stellate*, *H. japonica* and *H. speciosa*. Species of Graphidaceae were found all service zones and recreation areas. Moreover, An *Everniastrum* species was found in hill evergreen forest only on the Kio Mae Pan nature trail, Ang ka nature trail and the summit of Doi Inthanon.

Keywords: lichen, nature trail, Doi Inthanon National Park

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของปลากัด *Betta stiktos* ในวงศ์ *Osphronemidae* โดยใช้ลำดับจีโนมไมโทคอนเดรีย

จตุพงษ์ พลจรัส¹, อรจิรา ประคองชีพ¹, ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่², สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล^{1,3},
ครคร ศรีกุลนาถ^{1,3*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์ของสัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม (ACCG) ภาควิชาพันธุศาสตร์
คณะวิทยาศาสตร์, ²ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง และ ³Animal Breeding and Genetics
Consortium of Kasetsart University (ABG – KU) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, จตุจักร,
กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก: kornsom.s@ku.ac.th

ปลากัดเป็นปลาสวยงามที่นิยมเลี้ยงกันอย่างแพร่หลาย มีการดำรงชีพในน้ำจืดและแพร่กระจาย
ในทวีปเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ สามารถจัดจำแนกตามพฤติกรรมการสืบพันธุ์ได้สองกลุ่มได้แก่
กลุ่มก่อกวนและอมไข่ ในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการศึกษาลำดับจีโนมไมโทคอนเดรียของปลากัดกัมพูชา
ชนิด *B. stiktos* ด้วยวิธีการ Sanger sequencing เพื่อศึกษาการเรียงตัวของยีนใน
จีโนมไมโทคอนเดรียและความสัมพันธ์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของปลากัดในวงศ์ *Osphronemidae*
พบว่าจีโนมไมโทคอนเดรียมีความยาวของประมาณ 16,521 คู่เบส ประกอบด้วยแพลรหัสเป็น
โปรตีน 13 ยีน ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ 2 ยีน ทรานสเฟอร์อาร์เอ็นเอ 22 ยีน และ control region
(D-loop) จากแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วย 16S ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอด้วยความยาว
548 คู่เบส แสดงให้เห็นว่าปลากัดกัมพูชาชนิด *B. stiktos* มีความใกล้ชิดกับ *B. smaragdina*
LR0199 อีกทั้งยังจัดอยู่ในกลุ่มก่อกวนของปลากัดในวงศ์ *Osphronemidae*

คำสำคัญ: *Betta stiktos*, จีโนมไมโทคอนเดรีย, แผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ

Partial mitochondrial genome sequence of *Betta stiktos* and
the separated evolutionary of *Osphronemidae*

Jatupong Ponjarat¹, Ornjira Prakhongcheep¹, Narongrit Muangmai²,
Surin Peyachoknagul^{1,3}, Kornsom Srikulnath^{1,3,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics (ACCG), Department of
Genetics, Faculty of Science, ²Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, and

³Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG-KU),
Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900

*Corresponding author: kornsom.s@ku.ac.th

Betta fishes are freshwater fish of Southeast Asia and are classified into two groups: bubble nesting and mouth-brooding. However, the complete mitochondrial genomes of *B. stiktos* have not been reported. This is important in order to study the gene arrangements and sequence relationships in *Osphronemidae*. We carried out the whole mitochondrial genome sequencing of *B. stiktos* by Sanger sequencing. The results showed that the mitochondrial genome of *B. stiktos* consisted of 16,521 base pairs, which contained 13 protein-coding genes, two rRNA genes, a control region, and 22 tRNA genes. Reconstruction of the 548 bp of 16S ribosomal RNA confirmed its phylogenetic relationship: *B. stiktos* belongs to the bubble nesting group of *Osphronemidae*.

Keywords: *Betta stiktos*, mitochondrial genome, phylogeny

อนุกรมวิธานและข้อมูลของราน้ำกลุ่ม “aero-aquatic” ในประเทศไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2539 จนถึงปัจจุบัน

จารุวรรณ เชื้อสีหะธรมชัย^{1,*}, Kaoru Yamaguchi², จุริรัตน์ เอื้อพัฒนากิจ¹, สาทินี ชี้อตรง¹,
วีระ ศรีอินทร์สุทธิ¹, Izumi Okane³, Akira Nakagiri⁴, สายัณห์ สมฤทธิผล¹, นัฐวุฒิ บุญยีน¹

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค), สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) อําเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120 ประเทศไทย

²Biological Resource Center (NBRC), National Institute of Technology and Evaluation (NITE), Chiba 292-0818, Japan

³Faculty of Life and Environmental Sciences University of Tsukuba Tennodai1-1-1, Ibaraki 305-8572, Japan

⁴Division of Genetic Resource Preservation and Evaluation, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Tottori University, Tottori-shi, Tottori 6808553, Japan

*ผู้เขียนหลัก: charuwan.chu@biotec.or.th

จากการศึกษาราน้ำกลุ่ม aero-aquatic ในประเทศไทยกว่าสองทศวรรษตั้งแต่ พ.ศ. 2539 จนถึงปัจจุบัน สามารถคัดแยกรากลุ่มนี้ได้ 991 ไอโซเลท จัดจำแนกเป็น 17 สกุล ซึ่งพบในระยะเวลาสี่พันธุแบบไม่อาศัยเพศ ประกอบด้วย *Biflagellospora Cancellidium Candelabrum Clathrosporium Fusticeps Helicoön Helicoma Helicomycetes Helicosporium Helicocentralis Peyronelina Pseudaeagerita Pseudoclathrosphaerina Scutisporus Setosynnema Spirosphaera* และ *Trichoderma* โดยราชนิดที่พบมากที่สุดคือ *Candelabrum brocchiatum* และ *Helicomycetes roseus* พบราสายพันธุ์ใหม่ซึ่งได้รับการตีพิมพ์ภายใต้งานวิจัยนี้ประกอบด้วย ราสกุลใหม่จำนวน 1 สกุล (*Helicocentralis* gen. nov.) ราชนิดใหม่เป็นจำนวน 6 ชนิด (ได้แก่ *Biflagellospora gracilis B. papillata B. siamensis Fusticeps multiseptata Helicocentralis hyalina* และ *Trichoderma aeroaquaticum*) และราชนิดใหม่จำนวน 2 ชนิด ที่อยู่ในระหว่างกระบวนการจัดเตรียมข้อมูลเพื่อตีพิมพ์ (ได้แก่ *Akenomyces-like* และ *Pseudoclathrosphaerina* sp.1) นอกจากนี้ยังพบราที่ไม่เคยมีรายงานจากประเทศไทยมาก่อนจำนวน 19 สายพันธุ์ ในการศึกษานี้ได้ทำการรวบรวมข้อมูลต่างๆ ทางอนุกรมวิธาน การจัดจำแนกชนิด ภาพถ่ายลักษณะ ผลวิเคราะห์สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ บัญชีรายชื่อราในกลุ่มนี้จากประเทศไทย เพื่อใช้เป็นประโยชน์ในการศึกษาราน้ำในกลุ่มนี้ต่อไป

คำสำคัญ: ระยะเวลาสี่พันธุแบบไม่อาศัยเพศ, ความหลากหลายทางชีวภาพ, บัญชีรายชื่อ

Updated aero-aquatic fungi from Thailand since 1996-2017: fungal notes and taxonomy

Charuwan Chuaseeharonnachai^{1,*}, *Kaoru Yamaguchi*², *Jureerat Ueapattanakit*¹,
*Satinee Suetrong*¹, *Veera Sri-indrasutdhi*¹, *Izumi Okane*³, *Akira Nakagiri*⁴,
*Sayanh Somrithipol*¹, *Nattawut Boonyuen*¹

¹*The Center for Genetics Engineering and Biotechnology (BIOTEC), National Science and
Technology Development Agency, Khlong Luang District, Pathum Thani 12120, Thailand*

²*Biological Resource Center (NBRC), National Institute of Technology and Evaluation (NITE),
Chiba 292-0818, Japan*

³*Faculty of Life and Environmental Sciences University of Tsukuba Tennodai1-1-1,
Ibaraki 305-8572, Japan*

⁴*Division of Genetic Resource Preservation and Evaluation, Fungus/Mushroom Resource
and Research Center, Tottori University, Tottori-shi, Tottori 6808553, Japan*

^{*}*Corresponding author: charuwan.chu@biotec.or.th*

Nine hundred and ninety-one taxa of aero-aquatic fungi have been discovered since they were previously recorded from Thailand. The asexual morph taxa belong to 17 genera, including *Biflagellospora*, *Cancellidium*, *Candelabrum*, *Clathrosporium*, *Fusticeps*, *Helicoön*, *Helicoma*, *Helicomycetes*, *Helicosporium*, *Helicocentralis*, *Peyronelina*, *Pseudaegerita*, *Pseudo-clathrosphaerina*, *Scutisporus*, *Setosynnema*, *Spirosphaera* and *Trichoderma*. The most common species are *Candelabrum brocciatum* and *Helicomycetes roseus*, while 19 taxa represent new records for Thailand. In addition, *Helicocentralishyalina* gen. nov. was described and six novel taxa, namely *Biflagellospora gracilis*, *B. papillata*, *B. siamensis*, *Fusticeps multiseptata*, *Helicocentralis hyalina* and *Trichoderma aeroaquaticum* were established as new to science. An *Akenomyces*-like genus and *Pseudoclathrosphaerina* sp.1 will be described and erected as new genus and novel species candidates. Descriptions and illustrations are also provided. Based on the large subunit (LSU or 28S) rRNA, molecular phylogenetic data will be further tested to reveal the taxonomic position of some fungal species. This work contributes to a more comprehensive update and improved identification of Thai aero-aquatic fungi.

Keywords: asexual morph, biodiversity, species list

ความสามารถของราดินที่แยกจากแหล่งอุณหภูมิสูงใต้พิภพ ภายใต้การเจริญเติบโตที่อุณหภูมิต่างๆ

จूरรัตน์ เอื้อพัฒนากิจ*, นัฐวุฒิ บุญยีน, จารวรรณ เชื้อสีหะธรมชัย, วีระ ศรีอินทร์สุทธิ
ห้องปฏิบัติการความหลากหลายทางชีวภาพของเรา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120
*ผู้เขียนหลัก : jureerat.uea@biotec.or.th

ราที่ทนต่อความร้อนถูกจัดเป็นจุลินทรีย์ที่สามารถในกระบวนการทางชีวภาพและนำไปใช้ในอุตสาหกรรมต่างๆ ได้ เช่น ใช้ในการผลิตเอนไซม์ที่มีศักยภาพ การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการคัดแยกราดินจากแหล่งอุณหภูมิสูงใต้พิภพทางธรรมชาติในประเทศไทยจำนวน 166 ไอโซเลต และบ่มในตู้อุณหภูมิสูงเพื่อทดสอบความสามารถในการเจริญเติบโตโดยเริ่มที่ 25°C และเพิ่มอุณหภูมิขึ้นครั้งละ 5°C จนกระทั่งถึง 50°C (30°C, 35°C, 40°C, 45°C และ 50°C) ผลการทดลองพบรา 15 ไอโซเลต (9% จากจำนวนราทั้งหมด), 33 ไอโซเลต (19.9%), 44 ไอโซเลต (26.5%), 51 ไอโซเลต (30.7%) และ 23 ไอโซเลต (13.9%) สามารถปรับตัวและเจริญเติบโตได้ดีที่สุดในช่วงอุณหภูมิ 25-30°C, 25-35°C, 25-40°C, 25-45°C และ 25-50°C ตามลำดับ ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าช่วงอุณหภูมิ 25 ถึง 45°C เป็นช่วงที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการเจริญเติบโตของราส่วนใหญ่ และที่อุณหภูมิ 50°C ซึ่งเป็นอุณหภูมิที่เหมาะสมที่สุดที่เจริญเติบโตได้ในการศึกษาครั้งนี้สามารถคัดแยกและจัดจำแนกราดินได้ทั้งหมด 9 ชนิด จากจำนวน 23 ไอโซเลต ได้แก่ *Aspergillus fumigatus* (13 ไอโซเลต), *A. terreus* (2 ไอโซเลต), *Aspergillus* sp. (2 ไอโซเลต), *Chaetomium senegalense* (1 ไอโซเลต), *Paecilomyces formosa* (1 ไอโซเลต), *Pycnoporus sanguineus* (1 ไอโซเลต), *Rhizopus microspores* (1 ไอโซเลต), *Verruconis gallopava* (1 ไอโซเลต) และ Unidentified fungus (1 ไอโซเลต) ตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาและเทคนิคทางชีววิทยาเชิงโมเลกุล โดยส่วนใหญ่เราจะเจริญเติบโตได้ดีโดยเฉพาะที่อุณหภูมิ 50°C ในขณะที่การเจริญเติบโตของราจะลดลงเมื่ออุณหภูมิสูงขึ้น และหยุดการเจริญเติบโตที่อุณหภูมิ 55°C ขึ้นไป ดังนั้นถือว่าอุณหภูมิ 50°C คืออุณหภูมิที่สูงสุดที่ราดินดังกล่าวสามารถเจริญเติบโตได้

คำสำคัญ: แหล่งอาศัยอุณหภูมิสูงใต้พิภพ ราดิน ราทนอุณหภูมิสูง อุณหภูมิที่เหมาะสมในเจริญ

The capability of geothermal soil-borne fungi under various growth temperature profiles

Jureerat Ueapattanakit^{*}, Nattawut Boonyuen, Charuwan Chuaseeharonnachai,
Veera Sri-Indrasutdhi

Fungal Biodiversity Laboratory (BFBD), The Center for Genetics Engineering and
Biotechnology (BIOTEC), National Science and Technology Development Agency (NSTDA),
KlongLuang, Pathum Thani 12120

*Corresponding author: jureerat.uea@biotec.or.th

Heat tolerant fungi are microorganisms that may perform bioconversion processes and build industrially significant metabolites, i.e. potential sources of enzymes with scientific and commercial interest. This study investigated 166 isolates obtained from soil in selected geothermal sources of Thailand. Growth temperature profiles of these fungi were preliminarily tested on synthetic media with minimum growth temperature of 25°C and at five maximum growth temperatures (30°C, 35°C, 40°C, 45°C and 50°C in a direct heat incubator. Fifteen isolates (9% of all fungal strains), 33 (20%), 44 (26%), 51 (31%), and 23 (14%) were able to adapt and grow with optimal growth temperatures of 25-30°C, 25-35°C, 25-40°C, 25-45°C and 25-50°C, respectively. Our results demonstrated that 25-45°C represents the optimal temperature for growth of most fungal isolates, with a dramatic decline at 50°C. At the optimal growth temperature of 50°C, the result also shows that 23 geothermal soil-borne isolates in 9 species were identified into *Aspergillus fumigatus* (13 isolates), *A. terreus* (2), *Aspergillus* sp. (2), *Chaetomium senegalense* (1), *Paecilomyces formosa* (1), *Pycnoporus sanguineus* (1), *Rhizopus microspores* (1), *Verruconis gallopava* (1), and Unidentified taxon (1), based on morphological and molecular data. Most fungal isolates grew at 50°C, albeit slowly, whereas none grew at 55°C, providing empirical confirmation that 50°C presents an evolutionary threshold for fungal growth.

Keywords: geothermal habitats, soilborne fungi, thermotolerant fungi, optimal growth temperatures

บาร์โคดของยีน COI เพื่อการจำแนกชนิดม้าน้ำในประเทศไทย

ชลินทร์ วิลัยศรี¹, วิวัฒน์ บัญยง², อัครพงษ์ สวัสดิพิงษ์¹

¹ ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

² ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงอ่าวไทยตอนบน (สมุทรปราการ) กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ อำเภอบางพลี จังหวัดสมุทรปราการ 10130

*ผู้เขียนหลัก: Chalintorn.wi@ku.ac.th

ม้าน้ำเป็นกลุ่มปลากระดูกแข็งในสกุล *Hippocampus* ที่มีรูปร่างเป็นเอกลักษณ์ ซึ่งนอกจากเป็นที่ชื่นชอบของกลุ่มนักดำน้ำแล้ว ม้าน้ำบางชนิดยังถูกระบุในตำราแพทย์แผนจีนที่เชื่อว่ามีสรรพคุณทางยา จึงทำให้แต่ละปีมีการขายม้าน้ำตากแห้งเป็นจำนวนมาก ในปี ค.ศ.2002 ม้าน้ำทุกชนิดถูกจัดให้อยู่ภายใต้การคุ้มครองของอนุสัญญาว่าด้วยการค้าระหว่างประเทศ (CITES) บัญชีที่ 2 โดยประเทศไทยเป็นประเทศผู้ส่งออกรายใหญ่ของโลก ที่ผ่านมามีการส่งออกม้าน้ำตากแห้งไปต่างประเทศอย่างต่อเนื่องเป็นจำนวนมาก จึงต้องมีกรตรวจสอบเพื่อควบคุมปริมาณการส่งออกม้าน้ำแต่ละชนิด แต่สัณฐานของม้าน้ำบางชนิดมีความคล้ายคลึงกันและบางกรณีเป็นม้าน้ำที่ยังไม่โตเต็มวัยจึงทำให้เกิดความสับสนในการระบุชนิดขึ้นได้ การศึกษาครั้งนี้จึงได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีน Cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) ในโมโตคอนเดรียที่มีความยาว 1,554 คู่เบส มาใช้เป็นเครื่องมือในการจำแนกชนิดของม้าน้ำเพื่อความแม่นยำในการตรวจสอบตัวอย่างที่มีความคลุมเครือของลักษณะปรากฏ โดยศึกษาจากตัวอย่างม้าน้ำ 4 ชนิด คือ ม้าน้ำหนาม (*Hippocampus spinosissimus*) ม้าน้ำดำ (*H. kuda*) ม้าน้ำยักษ์ (*H. kelloggi*) และ ม้าน้ำสามจุด (*H. trimaculatus*) ที่รวบรวมได้จากฝั่งอ่าวไทยและอันดามัน จำนวน 249 ตัว ร่วมกับข้อมูลรหัสพันธุกรรมของม้าน้ำแคระ (*H. mohnikei*) และม้าน้ำหนามขอ (*H. histrix*) จากฐานข้อมูลสากล GenBank พบว่ายีน COI สามารถจำแนกม้าน้ำทุกชนิดออกจากกันได้อย่างชัดเจน จึงสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการจัดการทรัพยากรม้าน้ำเพื่อการค้าภายใต้ข้อกำหนดของ CITES

คำสำคัญ: ม้าน้ำ, เครื่องหมายดีเอ็นเอ, COI

COI barcoding for identification of seahorse species in Thailand

Chalintorn Wilaisorn^{1,*}, Wiwattanan Boonyong², Akarapong Swatdipong¹

¹ Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University,
Chatuchak, Bangkok 10900

² Upper Gulf Marine Fisheries Research and Development Center (Samut Prakan)
Department of Fisheries, Ministry of Agriculture and Cooperatives, Prapadaeng District,
Samut Prakan Province 10130

*Corresponding author: Chalintorn.wi@ku.th

Seahorses comprise a group of marine bony fish in the genus *Hippocampus*, representing unique characters. Seahorses are not only popular among divers worldwide, but are also listed in the Chinese Pharmacopoeia, meaning that the seahorse has been used in traditional Chinese medicine. Tons of dried seahorses have beenj internationally traded for medicinal reasons. Seahorses have been listed in Appendix II of the Convention on the International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES) since 2002. Thailand is a world-class seahorse exporter and tons of dried seahorses have been exported annually. Consequently, the number of seahorses of each species need to be observed for species-specific control of export. However, morphological characters of seahorse species are similar and juveniles can lead to confusion in species identification. In this study, the sequence of mitochondrial Cytochrome c oxidase subunit 1 gene (*COI*), 1,554 bp. was used as a DNA barcode to identify seahorse species, especially when morphological identification was ambiguous. Four seahorse species, hedgehog seahorse (*H. spinosissimus*), spotted seahorse (*H. kuda*), great seahorse (*H. kelloggii*) and thee-spot seahorse (*H. trimaculatus*), including 249 individuals in total collected from both the Gulf of Thailand and Andaman Sea, were tested. Results revealed that the *COI* barcoding presented accurate species identification of all seahorse samples.

Keywords: seahorse, species identification, *COI*

รายงานการค้นพบแมงมุมสกุล *Atmetochilus* Simon, 1887
ครั้งแรกในประเทศไทย (Araneae, Nemesiidae)

ชวกร ขุนเศรษฐ์^{1,*}, วรรตต์ ศิวายพราหมณ์¹, ขวลิต ส่งแสงโชติ², ณัฐพจน์ วาฤทธิ์¹

¹ ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านกีฏวิทยา: ชีววิทยาของผึ้ง ความหลากหลายทางชีวภาพของแมลง และไร ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

² ศูนย์วิจัย Spider planet เขตสายไหม กรุงเทพฯ 10220

*ผู้เขียนหลัก: dreamchawakorn@gmail.com

แมงมุมในวงศ์ Nemesiidae เป็นแมงมุมใน Infraorder Mygalomorphae ที่มีลักษณะ สัณฐานโบราณหลายประการ เช่น ลักษณะการเคลื่อนไหวของ Chelicerae ที่เคลื่อนที่ตามแนวตั้ง และมีแผงปอด 2 คู่ ในปัจจุบันมีการค้นพบแมงมุมวงศ์นี้ทั้งหมด 396 ชนิด จาก 45 สกุล และในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้มีการค้นพบเพียง 9 ชนิด โดยมี 6 ชนิดที่ถูกจัดอยู่ในสกุล *Atmetochilus* Simon, 1887 ที่พบกระจายอยู่เฉพาะใน พม่า, อินเดีย และอินโดนีเซีย ซึ่งยังไม่มีรายงานในไทยมาก่อน จากการออกพื้นที่ภาคสนามสำรวจแมงมุมวงศ์ Nemesiidae ในวนอุทยานพระแท่นดงรัง จังหวัดกาญจนบุรี และจำแนกชนิดตัวอย่างในห้องปฏิบัติการ พบแมงมุมในสกุล *Atmetochilus* โดยทำการระบุจากลักษณะของ sigilla ที่รวมอยู่ตรงกลาง ของ sternum เมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานของแมงมุมทั้งสองเพศที่พบกับแมงมุมในสกุล *Atmetochilus* อื่นๆ ทั้ง 6 ชนิด พบว่าไม่ตรงกับชนิดที่เคยมีรายงานมาก่อน โดยผู้วิจัยคาดว่าเป็นการค้นพบประชากรของแมงมุม *Atmetochilus* ครั้งแรกในประเทศไทย และมีความเป็นไปได้ที่จะเป็นแมงมุมชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยมีการศึกษา นอกจากนี้ทางคณะผู้ศึกษา ยังได้ทำการศึกษาโครงสร้างของรังและซากอาหารภายในรัง รวมถึงข้อมูลนิเวศวิทยาอื่นๆ เพื่อเป็นข้อมูลต่อไปในการศึกษาในอนาคต

คำสำคัญ: อนุกรมวิธาน, สัณฐานวิทยา, Mygalomorphae

A new record of mygalomorph spider Genus *Atmetochilus* Simon, 1887
in Thailand (Araneae, Nemesiidae)

Chawakorn Kunsete^{1,*}, Varat Sivayyapram¹, Chaowalit Songsangchote²,
Natapot Warrit¹

¹Center of Excellence in Entomology and Department of Biology, Faculty of Science,
Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok 10330

²Spider Planet Research Center, Saimai, Bangkok 10220

*Corresponding author: dreamchawakorn@gmail.com

The Mygalomorph spiders of the family Nemesiidae are well known for their plesiomorphic morphological characters, including their vertical movement of the chelicerae and the presence of two pairs of book lungs. Nemesiidae comprises more than 396 species (45 genera) worldwide, though only 9 are reported in Southeast Asia, of which 6 belongs to the genus *Atmetochilus* Simon, 1887. *Atmetochilus* has never been reported in Thailand, despite its known distribution in India, Myanmar, and Indonesia, until now. Here, we report our finding of *Atmetochilus* population at Pra-Than Dong Rung Forest Park, Kanchanaburi Province. By comparing numerous morphological characters of this *Atmetochilus* species to other published records, the population in Kanchanaburi is tentatively described as a new species. This is the first record of an *Atmetochilus* population in Thailand. Nest structure and ecology of this *Atmetochilus* are currently under investigation.

Keywords: taxonomy, morphology, mygalomorphae

ความหลากหลายของผึ้งในประเทศไทย: บัญชีรายชื่อของแมลงผสมเกสรชนิดอื่น นอกเหนือจากผึ้งในสกุล *Apis*

ณัฐพนธ์ วาฤทธิ์*

ศูนย์เชี่ยวชาญทางกีฏวิทยาฯ และ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

*ผู้เขียนหลัก: ich108@hotmail.com

ในปัจจุบันเป็นที่ทราบกันดีว่าผึ้งให้น้ำหวานในสกุล *Apis* และ ชันโรงหรือผึ้งที่ไม่มีเหล็กในมีความสำคัญอย่างมากในการช่วยผสมเกสรพืชผลทางการเกษตร อย่างไรก็ตาม ผึ้งส่วนใหญ่ที่พบในโลกที่มีการดำรงชีวิตแบบโดดเดี่ยวกลับมีผู้สนใจนำมาช่วยงานทางการเกษตรน้อยมาก สาเหตุหลักส่วนหนึ่งที่ยังไม่มีผู้สนใจในการนำผึ้งกลุ่มนี้มาใช้ เนื่องมาจากความรู้พื้นฐานทางอนุกรมวิธานที่ยังมีไม่เพียงพอสำหรับการระบุชนิดของผึ้งที่จะนำมาใช้ประโยชน์สำหรับการศึกษาในครั้งนี้ ผู้ศึกษาได้จัดทำบัญชีรายชื่อของผึ้งใน Superfamily Apoidea ทั้งหมดที่มีอยู่ในประเทศไทยจำนวน 5 วงศ์ 240 ชนิด โดยมีข้อมูลเกี่ยวกับการค้นพบผึ้งชนิดใหม่และข้อมูลการรายงานการค้นพบครั้งแรกของผึ้งหลายชนิดในระยะเวลา 10 ปีที่ผ่านมา ซึ่งในขณะนี้ผู้ศึกษาร่วมกับหน่วยงานรัฐบาลกำลังนำข้อมูลเหล่านี้มาใช้ในการผลิตนวัตกรรมเพื่อใช้ในการเลี้ยงและเพิ่มจำนวนของผึ้งกลุ่มอื่นๆนอกเหนือจากผึ้งให้น้ำหวานและชันโรง ได้แก่ ผึ้งในกลุ่มผึ้งกัดใบในสกุล *Megachile* และ *Chalicodoma* แมลงภู่ในสกุล *Xylocopa* และ ผึ้งทิ้งในสกุล *Bombus* ผลการศึกษาในภาคสนามจะเป็นตัวชี้วัดถึงความสามารถที่ผึ้งเหล่านี้จะสามารถเข้ามามีบทบาทต่อการเพิ่มผลผลิตทางการเกษตรในประเทศต่อไปได้ในอนาคต

คำสำคัญ: ฐานข้อมูล, รังเทียม, ชีววิทยารัง

Assessing Apoidea diversity in Thailand: potential crop pollinators beyond *Apis*

*Natapot Warrit**

*Center of Excellence in Entomology and Department of Biology, Faculty of Science,
Chulalongkorn University, Bangkok, 10330*

**Corresponding author: ich108@hotmail.com*

Honey bees and stingless bees have dominated in the realm of global pollination effort in the past 100 years. Despite the fact that the majority of bees (Superfamily Apoidea) adopt solitary life styles, few scientific and agricultural initiatives have been pursued to utilize these bees in the field to increase their crop productivities and/or for conservation. This is due in part to the scarcity and gap in basic bee taxonomic knowledge. Here, I provide a preliminary survey result of the “forgotten pollinators” in the bee family-groups from Thailand. A total of 240 described bee species are recorded from 5 families. Included in the report are new locality records and new bee species described in the last 10 years. Currently, by collaborating with governmental agencies to establish novel systems using native bees as potential tropical crop plant pollinators, at least three groups of bees from different social systems were identified as prospective candidates: the solitary resin, mason, and leaf-cutter bees of the genus *Megachile* and *Chalicodoma* (Megachilidae), the subsocial large carpenter bees of the genus *Xylocopa* (Apidae), and the primitive eusocial bumblebees in the genus *Bombus* (Apidae). Nesting designs for sustainable propagation of these bees in captivity are impending. Field-testing will enable us to assess the abilities of these bees for future pollination efforts.

Keywords: database, biodiversity informatics, trap nest

การตรวจสอบไมคอร์ไรซาเห็ดเผาะอย่างรวดเร็วด้วยไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ

ณัฐวุฒิ วิริยะธนาวุฒิวงษ์, อัมพวา ปิ่นเรือน, พงษ์สวัสดิ์ คำสุนทร, สุจินดา สมหมาย,
ธิตยา บุญประเทือง

ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: natthawut.wir@biotec.or.th

เห็ดเผาะ *Astraeus* เป็นเห็ดไมคอร์ไรซาที่นิยมรับประทานและมีมูลค่าสูงในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย เนื่องจากเห็ดเผาะมีความสัมพันธ์แบบพึ่งพากับรากของต้นไม้ตั้งนั้นในการเพาะเลี้ยงจะใช้วิธีรดน้ำที่ผสมสปอร์เห็ดเผาะให้กับกล้าไม้เมื่อสปอร์งอกจะเจริญเป็นเส้นใยไมคอร์ไรซาพันอาศัยอยู่บริเวณปลายของรากพืชและเจริญต่อไปเป็นดอกเห็ดเมื่อสภาวะแวดล้อมเหมาะสม แม้ว่ากล้าไม้ที่มีเส้นใยของเห็ดเผาะอาศัยอยู่จะเป็นที่ต้องการเพื่อการเพาะเห็ด แต่การตรวจสอบเส้นใยของเห็ดเผาะไม่สามารถทำได้อย่างถูกต้องด้วยตาเปล่าหรือแม้แต่ภายใต้กล้องจุลทรรศน์สเตอริโอเนื่องจากในธรรมชาติมีเชื้อเห็ดหลายชนิดที่เป็นไมคอร์ไรซาและสร้างเส้นใยที่มีลักษณะโครงสร้างคล้ายกัน คณะผู้วิจัยจึงคิดใช้วิธีตรวจสอบดีเอ็นเอของไมคอร์ไรซาด้วยปฏิกิริยา polymerase chain reaction (PCR) ที่มีความรวดเร็ว โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบเพื่อการตรวจเห็ดเผาะ ผลการทดสอบไพรเมอร์พบมีความจำเพาะกับดีเอ็นเอของเห็ดเผาะ ไม่มีผลกับดีเอ็นเอของเห็ดในสกุลอื่นที่สร้างเส้นใยขึ้นอยู่ร่วมกับรากต้นไม้ในธรรมชาติ อาทิ เช่น *Scleroderma*, *Phlebopus* หรือ *Russula* โดยหวังว่าวิธีตรวจสอบนี้จะเป็นประโยชน์ต่ออุตสาหกรรมการเพาะเห็ดเผาะในอนาคต

คำสำคัญ: เห็ดป่ากินได้, การตรวจสอบไมคอร์ไรซา, การเพาะเห็ดป่า

Rapid detection of *Astraeus* mycorrhiza by using specific primer

Natthawut Wiriyathanawudhiwong^{*}, Umpawa Pinruan, Phongswat Khamsuntorn,
Sujinda Sommai, Thitiya Boonpratuang

National Center for Genetic Engineering and Biotechnology,
National Science and Technology Development Agency, Khlong Luang District,
Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: natthawut.wir@biotec.or.th

Astraeus is a popular and high-value mushroom in North and Northeast Thailand. Because *Astraeus* is a mycorrhizal mushroom that lives in a symbiotic relationship with tree roots, the method of pouring *Astraeus* spore suspension on plant seedlings is used for cultivation. Then the spore germinates, becomes a mycelium colonizing plant roots, and finally makes a fruiting body when environmental conditions are appropriate. Although spore-inoculated seedlings are preferred in the mushroom cultivation industry, detection of *Astraeus* mycorrhiza with the naked eye or even under the stereomicroscope cannot be done properly because there are many species of mushrooms that have similar mycorrhizal structure in nature. Therefore, our research group has designed *Astraeus*-specific primers for rapid detection by using a polymerase chain reaction (PCR). As test results, the primers are specific to *Astraeus* and are not affected by the DNA of other mycorrhizal mushrooms, such as *Scleroderma*, *Phlebopus* or *Russula*, which colonize plant roots in nature. We hope that our primers will be useful in the mushroom cultivation industry in the future.

Keyword: edible mushroom, mycorrhiza detection, wild mushroom cultivation

การจัดจำแนกชนิดของปลวกเลี้ยงราในประเทศไทยด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

ณิชารีย์ จันทรันวล^{1,*}, มิ่งขวัญ นิธิสุวรรณผล¹, ศศิธร หาลิน²

¹ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ และ ²ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ คณะวนศาสตร์

มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

*ผู้เขียนหลัก: n.jannual@gmail.com

ปลวกเลี้ยงราอยู่ในวงศ์ย่อย Macrotermittinae สามารถเพาะเลี้ยงเชื้อราในสกุล *Termitomyces* ซึ่งเป็นต้นกำเนิดของเห็ดโคน และเนื่องจากเห็ดโคนเป็นเห็ดที่ไม่สามารถเพาะเลี้ยงโดยปราศจากปลวกได้ ปลวกจึงมีความสำคัญต่อการพัฒนาการเพาะเห็ดโคนในอนาคต การจัดจำแนกชนิดของปลวกเลี้ยงราอย่างถูกต้องจึงเป็นสิ่งจำเป็น ซึ่งในประเทศไทยมีความหลากหลายของปลวกเลี้ยงราสูงแต่ยังมีการศึกษาน้อย งานวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อจัดจำแนกชนิดของปลวกเลี้ยงราโดยใช้ยีน cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) และ cytochrome c oxidase subunit II (*COII*) และเปรียบเทียบระหว่างการจัดจำแนกชนิดโดยวิธีทางสัณฐานวิทยาและข้อมูลดีเอ็นเอในฐานข้อมูล Barcoding of life โดยศึกษาปลวกทั้งหมด 8 ชนิดจาก 33 ไร่ ซึ่งเก็บจากสถานีฝักนิสิตวนศาสตร์ คณะวนศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, สถานีวิจัยสิ่งแวดล้อมสะแกกราช และอุทยานแห่งชาติทับลาน จังหวัดนครราชสีมา พบว่าทั้งยีน *COI* และ *COII* สามารถจัดจำแนกชนิดของปลวกเลี้ยงราได้ดี ซึ่งเมื่อนำมาแยกสายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแล้วสามารถแบ่งกลุ่มตามชนิดได้อย่างชัดเจน จึงสามารถใช้ยีน *COI* และ *COII* ในการจัดจำแนกชนิดของปลวกเลี้ยงราในประเทศไทยได้

คำสำคัญ: วงศ์ย่อย Macrotermittinae, *COI*, *COII*

Identification of fungus growing termite in Thailand using DNA barcoding

Nicharee Jannual^{1,*}, Mingkwan Nipitwattanaphon¹, Sasitorn Hasin²

¹ Department of Genetics, Faculty of Science, and ² Department of Forest Biology, Faculty of Forestry, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900

*Corresponding author: n.jannual@gmail.com

Fungus growing termite is in the subfamily Macrotermitidae. They can cultivate termite mushrooms which are in the genus *Termitomyces*. Because termite mushroom cannot be artificially cultivated like other edible mushrooms, it is important to know the termite species cultivating termite mushrooms to develop future artificial cultivation. It is important to use major workers of termite to identify species and identification by morphology is complicate and sometimes controversial. Thus, this study aims to identify fungus growing termite species using cytochrome oxidase subunit I (*COI*) and cytochrome oxidase subunit II (*COII*) and compare between morphology identification and DNA identification using Barcoding of Life database. We identified eight species of termites from a total of 33 nests collected from the training camp of Faculty of Forestry Kasetsart University, Sakaerat Biosphere Reserves and Thaplan national park, Nakhon Ratchasima. The result suggests that both *COI* and *COII* can clearly identify fungus growing termite species. The result of the phylogenetic trees showed that same species are grouped correctly. Accordingly, *COI* and *COII* can use to identify fungus growing termite species in Thailand.

Keywords: subfamily Macrotermitidae, *COI*, *COII*

การจัดจำแนกราก่อโรคชนิดใหม่บนแมลงในอันดับ Orthoptera ในประเทศไทย

ดนญา ธนกิจพิพัฒน์^{1*}, กนกศรี ทศนาทัย¹, สุชาดา มงคลสัมฤทธิ์¹, อาทิตย์ คนสนิที¹,
สุภาพร ล้ำเลิศธน², เจนนิเฟอร์ เหลืองสะอาด¹

¹ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

²สถานวิจัยเพื่อความเป็นเลิศทางวิชาการด้านเห็ดและรา คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนครสวรรค์
อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 6500

*ผู้เขียนหลัก: อีเมลล์ผู้เขียน donnaya.tha@biotec.or.th

จากการสำรวจราทำลายแมลง (Invertebrate-pathogenic fungi) ในประเทศไทย พบว่ามีแมลง และแมงมุมที่มีความจำเพาะกับการก่อโรคของราในแต่ละชนิด 10 อันดับด้วยกัน ได้แก่ แมลงใน อันดับ Blattidae, Coleoptera, Diptera, Hemiptera, Hymenoptera, Isoptera, Lepidoptera, Neuroptera, Odonata, Orthoptera และแมงมุมในอันดับ Araneae การศึกษาในครั้งนี้ ได้ทำการศึกษาเฉพาะในอันดับ Orthoptera ซึ่งเป็นแมลงในกลุ่มกระซอน จิ้งหรีด และตั๊กแตน เป็นต้น โดยราทำลายแมลงในอันดับ Orthoptera นี้ยังคงมีการศึกษาอยู่ค่อนข้างน้อย และจากการเก็บรวบรวมตัวอย่างราในพื้นที่ป่าประเทศไทย พบราที่เข้าทำลายและเจริญบนแมลงกระซอนและจิ้งหรีด มีความแตกต่างจากที่เคยมีการรายงานมาก่อน เช่น ชนิดของแมลงเจ้าบ้าน, ขนาดของ perithecia, asci และ ascospores อีกทั้งจากการศึกษาสายสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ โดยใช้ลำดับเบสบริเวณ SSU LSU rDNA EF1-alpha และ RPB2 เทียบกับราต้นแบบ แสดงให้เห็นว่าเป็นราทำลายแมลงใน อันดับ Orthoptera ชนิดใหม่ ซึ่งเป็นราในสกุล *Ophiocordyceps* และ *Cordyceps* ได้แก่ *Ophiocordyceps* sp.1 เข้าทำลายและเจริญบนจิ้งหรีด (Gryllacrididae), *Ophiocordyceps* sp.2 เข้าทำลายและเจริญบนแมลงกระซอน (Gryllotalpidae) และ *Cordyceps* sp. เข้าทำลายและเจริญบนจิ้งหรีด (Gryllacrididae) จึงคาดว่าราทำลายแมลงทั้ง 3 ชนิดนี้เป็นชนิดใหม่ของ ประเทศไทย

คำสำคัญ: ราทำลายแมลง, Orthoptera, แมลงเจ้าบ้าน

Newly identified fungal pathogens of Orthoptera in Thailand

Donnaya Thanakitpipattana^{1*}, Kanoksri Tasanathai¹, Suchada Mongkolsamrit¹,
Artit Khonsanit¹, Supaporn Lamlerththorn², Jennifer Luangsa-ard¹

¹Microbe interaction Laboratory, National Center for Genetics Engineering and
Biotechnology, Klong Luang District, Pathum Thani Province 12120

²Centre of Excellence in Fungal Research, Faculty of Medical Science
Naresuan University, Mueang District, Phitsanulok Province 65000

*Corresponding author: donnaya.tha@biotec.or.th

Invertebrate-pathogenic fungi in Thailand have been found on various hosts which include ca. 10 insect orders and spiders. Hosts belong to the insect orders Blattellidae, Coleoptera, Diptera, Hemiptera, Hymenoptera, Isoptera, Lepidoptera, Neuroptera, Odonata, Orthoptera and the spider order Araneae. In this study, we focus on the insect order Orthoptera. There have been many reports on fungi infecting orthopterans but almost all reports have shown differences in the morphological features such as host, size of the perithecia, asci and ascospores with only few molecular data being done. We have conducted surveys and collected insect fungi from national parks in Thailand. We identified them by morphological characteristics and molecular techniques using the combined SSU, LSU, EF1 and RPB2 gene regions. From the results of morphological study and molecular analyses we show that there are new species of insect fungi on Orthoptera such as *Ophiocordyceps* sp. 1 (on cricket, Gryllacrididae), *Ophiocordyceps* sp. 2 (on mole cricket, Gryllotalpidae) and *Cordyceps* sp. (on cricket, Gryllacrididae). We therefore propose these 3 insect pathogenic fungi as new pathogens on Orthoptera in Thailand.

Keywords: Invertebrate-pathogenic fungi, Orthoptera, host

การจัดจำแนกทางสัณฐานวิทยาและอณูชีวโมเลกุลของเห็ดสกุล *Micropsalliota* ในจังหวัดอำนาจเจริญ

ทักษพร ธรรมรักษ์เจริญ^{1*}, มณีนรัตน์ พบความสุข¹, ณัฐวุฒิ วิริยะธนาวุฒิมวงษ์¹,
รัตเชษฐ์ เขยกลิ่น², ประภาพรพรณ ขอหะซัน³, ภัทรชัย จุฑามาศ⁴, ธิติยา บุญประเทือง¹

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 10210

²สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน) หลีกสี กรุงเทพฯ 10210

³สาขาวิทยาศาสตร์การเกษตร มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขตกาญจนบุรี อำเภอไทรโยค
จังหวัดกาญจนบุรี 71150

⁴โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ สวนจิตรลดา ดุสิต กรุงเทพฯ 10303

*ผู้เขียนหลัก: tuksaporn.thu@biotec.or.th

เห็ดสกุล *Micropsalliota* พบได้อย่างแพร่หลายในพื้นที่ป่าชุมชน อำเภอดงหลวง จังหวัด
อำนาจเจริญ จัดเป็นเห็ดพิษ เมื่อพิจารณาจากลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกับ
เห็ดสกุล *Agaricus* ซึ่งเห็ด *Agaricus* พบทั้งสายพันธุ์ที่รับประทานได้และที่เป็นพิษ
ทำให้เกิดความสับสนแก่ผู้บริโภค จากการสำรวจในพื้นที่อนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจาก
พระราชดำริ สมเด็จพระเทพรัตนราชสุดาฯ สยามบรมราชกุมารี พื้นที่ปกปักพันธุกรรมพืช สามารถ
เก็บรวบรวมตัวอย่างเห็ดสกุล *Micropsalliota* ได้จำนวน 6 ตัวอย่างคือ RSPG00126,
RSPG00176, RSPG00300, RSPG00302, RSPG00309 และ RSPG00310 และเก็บข้อมูลทาง
สัณฐานวิทยา คือ รูปร่าง พื้นผิว สี ขนาดของหมวกดอก ครีบ และก้านดอก รวมถึงข้อมูลภายใต้
กล้องจุลทรรศน์โดยใช้เทคนิคแบบมือเป่าร่วมกับวิเคราะห์ตัวอย่างด้วยวิธีอณูชีวโมเลกุล
ลำดับเบสนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่ง internal transcribed spacer (ITS) ผลจากการวิเคราะห์
เอกลักษณ์ทางสัณฐานวิทยาให้ผลสอดคล้องกับผลที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธีการทางชีวโมเลกุล
ซึ่งพบว่า RSPG00300, RSPG00302 และ RSPG00310 มีความคล้ายคลึงกับ *Micropsalliota*
xanthorubescens และ RSPG00126, RSPG00176 และ RSPG00309 มีความคล้ายคลึงกับ
Micropsalliota megarubescens

คำสำคัญ: เห็ดพิษ, ลำดับเบสนิวคลีโอไทด์, อนุกรมวิธาน

Morphological characteristics and bio-molecular identification of the Genus *Micropsalliota* in Amnat Charoen Province

Tuksaporn Thummarukcharoen^{1,*}, Maneerat Pobkwamsuk¹,
Natthawut Wiriyathannawudhiwong¹, Rattaket Choeyklin², Prapapan Sawhasan³,
Patarachai Chuthamas⁴, Thitiya Boonpratuang¹

¹National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, National Science and Technology Development Agency, Khlong Luang District, Pathum Thani Province 12120

²Biodiversity-Based Economy Development Office
(Public Organization), Lak Si, Bangkok 10210

³Agricultural Science Program, Mahidol University Kanchanaburi Campus,
Saiyok District, Kanchanaburi Province 71150,

⁴Plant Genetic Conservation Project, Chitralada Villa, Dusit, Bangkok 10303

*Corresponding author: tuksaporn.thu@biotec.or.th

The Genus *Micropsalliota* is a wild poisonous mushroom spread throughout community forest at Hua Taphan, Amnat Charoen Province. Macroscopic structures of *Micropsalliota* are similar to those of the genus *Agaricus* that consists of both edible and poisonous species, causing confusion to consumers. Six specimens of genus *Micropsalliota*; RSPG00126, RSPG00176, RSPG00300, RSPG00302, RSPG00309 and RSPG00310 were collected and identified based on morphological and molecular characteristics in Plant Genetic Conservation Project under the Royal Initiative of Her Royal Highness Princess Maha Chakri Sirindhon. The morphological data, such as the texture, shape, color and size of pileus, gills, stipes, including microscopic data obtained by free hand technique, were observed and recorded together with bio-molecular analysis of nucleotide sequences in the region of internal transcribed spacer (ITS). The morphological analysis results were consistent with the bio-molecular analysis results that RSPG00300, RSPG00302 and RSPG00310 were closely related to *Micropsalliota xanthorubescens* and RSPG00126, RSPG00176 and RSPG00309 were closely related to *Micropsalliota megarubescens*.

Keywords: poisonous mushrooms, nucleotide sequences, taxonomy

ฐานข้อมูลความหลากหลายทางชีวภาพ ของเห็ดในเขตพื้นที่วนอุทยานภูเขาไฟกระโดง

เทพอัสรัส แสนสุข*, สุธีรา สุนทรารักษ์, ครัสวิน วงศ์ประเมษ, ปุริม ชฎารัตน์ฐิติ
คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏบุรีรัมย์ อำเภอเมือง จังหวัดบุรีรัมย์ 31000
*ผู้เขียนหลัก: microbiology_noina@hotmail.co.th

จากการดำเนินงานการพัฒนากระบวนฐานข้อมูล ความหลากหลายของชนิดพันธุ์ การแพร่กระจายกับการประยุกต์ใช้เชิงเศรษฐกิจของเห็ด โดยทดสอบใช้งานจากผู้ใช้ทั่วไป จำนวน 40 คน โดยรวมพึงพอใจต่อการใช้งานที่ 4.75 ซึ่งอยู่ในระดับความพึงพอใจมากที่สุด และคะแนนสูงสุดเป็นส่วนของความพร้อมใช้ของระบบ ผู้ใช้งานทั้งหมดสามารถเรียนรู้การใช้งานระบบได้ในระยะเวลาอันสั้น และพบว่ามีการเรียกใช้ไซต์ของคณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏบุรีรัมย์เพิ่มขึ้นร้อยละ 8.32 สำหรับการศึกษาภูมิปัญญาท้องถิ่นและแนวทางในการใช้ประโยชน์ของคนในชุมชน พบว่ามีองค์ความรู้เกี่ยวกับภูมิปัญญาที่มีความสัมพันธ์ระหว่างเห็ดกับวิถีชุมชนหลายด้าน และคนในชุมชนส่วนใหญ่มีเก็บเห็ดเพื่อการจำหน่ายและการบริโภค โดยได้รับการถ่ายทอดภูมิปัญญาท้องถิ่นให้รู้จักแหล่งเห็ดธรรมชาติ รู้จักลักษณะของเห็ด วิธีการเก็บเห็ดป่า วิธีการจัดจำแนกชนิดของเห็ดป่า การเลือกเห็ดกินได้และกินไม่ได้ ซึ่งองค์ความรู้ที่ได้จากภูมิปัญญาท้องถิ่นสามารถถ่ายทอดจากรุ่นสู่รุ่นในการใช้ประโยชน์และการเก็บหาเห็ดป่าได้

คำสำคัญ : ฐานข้อมูล ภูเขาไฟกระโดง บุรีรัมย์

Biodiversity database information of mushrooms at
the Khao Kra-dong Volcano Forest Park

Tepupsorn Saensuk^{}, Suteera Suntarak, Drusawin Vongpramate,
Purim Chadarattanathiti*

¹*Faculty of Science, Buriram Rajabhat University, Mueang District,
Buriram Province 31000*

**Corresponding author: microbiology_noina@hotmail.co.th*

The results showed that first, a trial of 40 people from the general public had an overall satisfaction on the job of 4.75 which is the highest level of satisfaction and the highest score of the availability of the system. All users can learn to use the system in a short time. Second, the site of the Faculty of Science, Buriram Rajabhat University, runs up 8.32 %. In addition to the study of local wisdom and utilization guidelines, it was found that local knowledge relationship between mushrooms and the way of living, most villagers picked mushroom for trade and for food. Local wisdom was transferred to get to know natural sources of mushrooms, methods of identification of types of mushrooms edible and inedible mushrooms, and on belief and utilization guidelines by observation, experience, and familiarity. The local wisdom was inherited from ancestors to young generations on wild mushroom collecting and utilization.

Keywords: diversity of macro-fungi, edible mushrooms, usefulness, Khao Kra-dong Volcano Forest Park

ไม้พื้นล่างในวนอุทยานไม้กลายเป็นหิน อำเภอบ้านตาก จังหวัดตาก

เทียมหทัย ชูพันธ์^{1*} สุนิตสรณ์ พิมพะสาลี, นพรัตน์ แก้วโมรา²

¹คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏนครราชสีมา อำเภอเมือง จังหวัดนครราชสีมา 30000

²วนอุทยานไม้กลายเป็นหิน อำเภอบ้านตาก จังหวัดตาก 63120

*ผู้เขียนหลัก: thiamhathai@yahoo.com

การศึกษาไม้พื้นล่างในวนอุทยานไม้กลายเป็นหิน อำเภอบ้านตาก จังหวัดตาก ดำเนินการระหว่างเดือนมิถุนายน 2559 – เดือนมีนาคม 2560 เพื่อสำรวจชนิดและนิเวศวิทยาของไม้พื้นล่างในพื้นที่โดยวิธีการสุ่มวางแปลงตัวอย่างแบบสี่เหลี่ยมขนาด 5×5 เมตร จำนวน 40 แปลง ผลการศึกษาพบไม้พื้นล่าง จำนวน 40 วงศ์ 99 สกุล 141 ชนิด วงศ์ที่พบมากที่สุด คือ วงศ์ถั่ว จำนวน 16 ชนิด รองลงมาคือ วงศ์ชบา จำนวน 11 ชนิด และวงศ์เหงือกปลาหมอ จำนวน 10 ชนิด ไม้พื้นล่างที่โดดเด่นในพื้นที่ ได้แก่ ประงป่า มูกเบี้ย และตีนตุ๊กแก

คำสำคัญ: ความหลากหลาย, ชนิดพืช, วนอุทยานไม้กลายเป็นหิน

Understory plants in petrified forest park, Tak Province

Thiamhathai Choopan^{1,*}, *Sunitsorn Pimpasalee*, *Nopharat Kaewmora*²

¹*Faculty of Science and Technology, Nakhon Ratchasima Rajabhat University, Mueang District, Nakhon Ratchasima Province 30000*

²*Petrified Forest Park, Ban Tak District, Tak Province, 63120*

**Corresponding author: thiamhathai@yahoo.com*

A study of understory plants in Petrified Forest Park, Ban Tak District, Tak Province, was carried out between June 2016 and March 2017. Forty plots of 5x5 meters were used for studying species diversity and ecological characteristic of plants. The results showed 40 families, 99 genera and 141 species. The dominant families were Fabaceae as 16 species, followed by Malvaceae as 11 species and Acanthaceae as 10 species. The common species were *Cycas siamensis*, *Euphorbia bifida*, and *Selaginella* sp.

Keywords: diversity, plant species, Petrified Forest Park

อนุกรมวิธานและสัณฐานวิทยาของผึ้งปั้นดินสกุลย่อย
Callomegachile Michener, 1962 ในประเทศไทย
 (Hymenoptera; Megachilidae)

นนธวัช ฉัตรธนบูรณ์*, ณัฐพจน์ วาภาอี

คณะวิทยาศาสตร์ ภาควิชาชีววิทยา จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

*ผู้เขียนหลัก : N.Chatthanabun@hotmail.com

ผึ้งในสกุลย่อย *Callomegachile* Michener, 1962 เป็นผึ้งปั้นดินที่ถูกจัดอยู่ในสกุล *Chalicodoma* Lapeletier, 1841 (วงศ์ Megachilidae) มีการดำรงชีวิตแบบโดดเดี่ยว มีการใช้ดินเป็นวัสดุในการสร้างรัง และในบางครั้งอาจมีการนำวัสดุชนิดอื่นมาใช้ร่วมกับดินเพื่อใช้สำหรับสร้างรัง เช่น ยางไม้ ก้อนกรวด หรือกลีบดอกไม้ เป็นต้น ปัจจุบันมีรายงานจำนวนชนิดของผึ้งในสกุลย่อย *Callomegachile* ในประเทศไทยจำนวน 10 ชนิด แต่อย่างไรก็ตามยังคงขาดแคลนข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการกระจายตัวที่แน่ชัดและนอกจากนี้การจัดจำแนกยังมีความซับซ้อนอย่างมากจึงทำให้เกิดปัญหาในการระบุชนิด จุดมุ่งหมายในการศึกษาครั้งนี้ต้องการศึกษาอนุกรมวิธานของผึ้งในสกุลย่อย *Callomegachile* ที่พบในประเทศไทยและสร้างรูปวิธานสำหรับการจัดจำแนกถึงชนิด ด้วยการตรวจสอบตัวอย่างทั้งหมด 266 ตัวอย่าง (133 ♂, 133 ♀) ที่ถูกเก็บในพิพิธภัณฑ์สถานธรรมชาติวิทยาและศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านกีฏวิทยาฯ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยที่ถูกเก็บรักษา มาตั้งแต่ปี พ.ศ. 2510 จนถึงปัจจุบันโดยทำการศึกษาลักษณะโครงสร้างสัณฐานภายนอก ผลการศึกษาพบตัวอย่างผึ้งจำนวนทั้งหมด 6 ชนิดและพบลักษณะที่ใช้ในการระบุความแตกต่างกันระหว่างผึ้งเพศผู้ในสกุลย่อย *Callomegachile* และ *Aethomegachile* Engel & Baker, 2006 ที่มีความคล้ายคลึงกัน ซึ่งประโยชน์ที่ได้รับจากการศึกษาวิจัยในครั้งนี้คือความรู้พื้นฐานทางอนุกรมวิธานของผึ้งที่มีความสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการผสมเกสรพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจได้ในอนาคต

คำสำคัญ: *Chalicodoma*, การดำรงชีวิตแบบโดดเดี่ยว

Taxonomy and morphology of mason bees subgenus
Callomegachile Michener, 1962 in Thailand
(Hymenoptera; Megachilidae)

Nontawat Chatthanabun*, Natapot Warrit

Faculty of Science, Department of Biology, Chulalongkorn University,
Pathumwan, Bangkok, 10330

*Corresponding author: N.Chatthanabun@hotmail.com

Bees in the subgenus *Callomegachile* Michener, 1962, use mud or mixing of mud and foraged material such as resin and chewed leaf or petal to build their nests. *Callomegachile* belongs to the genus *Chalicodoma* Lepeletier, 1841, which exhibits solitary life style. Based on literature review, 10 species of *Callomegachile* are reported; however, *Callomegachile* classification is still ambiguous and the distribution records for each species are unknown. Hence, we studied the taxonomy of *Callomegachile* in Thailand for the goal of providing a species-level identification key. We studied the morphology of 266 specimens (133 ♂, 133 ♀) that are deposited at the Natural History Museum of Chulalongkorn University and Center of Excellence in Entomology since 1967. Six species of *Callomegachile* are recognized. In addition, we noted useful diagnostic characters for the discrimination of male *Callomegachile* from male *Aethomegachile* Engel & Baker, 2006, another subgenus of megachilid bees that is superficially similar to *Callomegachile*. This study provides basic taxonomic information for a group of bees that has potential to be used for future crop pollination.

Keywords: *Chalicodoma*, solitary life style

การระบุชนิดของงู 35 ชนิดที่พบในประเทศไทย โดยใช้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอ
จากยีนบนไมโทคอนเดรีย COI และ Cytb

นรารัตน์ เหล่าพิเชียรพงษ์^{1,2}, ณรงฤทธิ์ เมืองใหม่^{2,3}, อาจารย์ยี่ ศุภกมลเสนีย์¹, ภาณุพนม ถวิลประวีติ¹,
ลาวัณย์ จันทโรสม⁴, สุนุชชา สุนทรารชุน⁵, สุรินทร์ ปิยะโชคผกากุล^{1,6},
ครุคร ศรีกุลนาถ^{1,2,6,*}

¹ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์เซลล์ และการเปรียบเทียบจีโนม ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์

²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์ และพันธุศาสตร์สัตว์, และ ³ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

⁴สวนงู และ ⁵ฝ่ายวิจัยและพัฒนา สถานเสาวภา สภากาชาดไทย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

⁶สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่ง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

* ผู้เขียนหลัก : kornsom.s@ku.ac.th

ฐานข้อมูลรหัสดีเอ็นเอเป็นวิธีการทางชีววิทยาระดับโมเลกุลที่สามารถใช้ในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิต
ได้ โดยในงานวิจัยนี้ได้สร้างฐานข้อมูลดีเอ็นเอจากยีนบนไมโทคอนเดรียสำหรับการระบุชนิดของ
งูทั้ง 35 ชนิดที่พบในประเทศไทย ซึ่งจัดอยู่ในวงศ์ 7 วงศ์ ซึ่งในการพัฒนาฐานข้อมูลดีเอ็นเอนี้
ได้ถูกนำมาประเมินหาค่าความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequence divergence) ประเมิน
หาจุดแบ่งแยกระหว่างงูภายในชนิดเดียวกันและต่างชนิดกัน (barcoding gap) และเปรียบเทียบ
ข้อมูลกับแผนภูมิสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของงูแต่ละชนิด (phylogenetic relationship) โดยพบว่า
ค่าความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของงูภายในชนิดเดียวกันโดยใช้ยีน COI ในการประเมิน
พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.00%-6.51% (p-distance) และ 0.00%-6.81% (K2P) และในยีน Cytb
พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.00%-11.73% (p-distance) 0.00%-13.96% (K2P) ค่าความแตกต่างของ
ลำดับนิวคลีโอไทด์ของงูระหว่างชนิดมีค่าอยู่ระหว่าง 3.88%-25.12% (p-distance)
4.02%-27.71% (K2P) ในยีน COI และ 4.63%-31.48% (p-distance) 4.83%-41.21% (K2P)
โดยจากการประเมินหาจุดแบ่งแยกในงูภายในชนิดเดียวกันและต่างชนิดกันพบว่าไม่มีจุดแบ่งแยก
เกิดขึ้น และจากการเปรียบเทียบข้อมูลกับแผนภูมิสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของงูแต่ละชนิดพบว่า
งูส่วนมากถูกจัดกลุ่มอยู่ภายในชนิดเดียวกันได้อย่างถูกต้อง ยกเว้นงูเขียวหางไหม้ งูเห่าไทย
และงูแสงอาทิตย์

คำสำคัญ : ฐานข้อมูลดีเอ็นเอ การระบุชนิด

Mitochondrial *COI* and *Cytb* barcodes revealed 35 snake species identification

Nararat Laopichienpong^{1,2}, Narongrit Muangmai^{2,3}, Arrjaree Supikamolse¹,
Panupon Twilprawat¹, Lawan Chanhome⁴, Sunutcha Suntrarachun⁵,
Surin Peyachoknagul^{1,6}, Kornsom Srikulnath^{1,2,6,*}

¹ Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics, Department of Genetics, Faculty of Science and ² Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG – KU), and ³ Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Chatuchak Bangkok, 10900

⁴ Snake Farm, Queen Saovabha Memorial Institute, and ⁵ Department of Research and Development, Queen Saovabha Memorial Institute, The Thai Red Cross Society, Pathumwan, Bangkok, 10330

⁶ Center for Advanced Studies in Tropical Natural Resources, National Research University- Kasetsart University, (CASTNAR, NRU-KU), Chatuchak Bangkok, 10900

*Corresponding author: kornsom.s@ku.ac.th

DNA barcoding is a molecular technique for species identification. Here, we constructed DNA barcodes of mitochondrial cytochrome c oxidase I (*COI*) and cytochrome b (*Cytb*) for 35 snake species which were classified in 7 families (Cylindrophidae, Xenopeltidae, Pythonidae, Homalopsidae, Viperidae, Elapidae and Colubridae). DNA barcodes using the degree of nucleotide sequence divergence, barcoding gaps and phylogenetic clustering analysis were used to identify snake species in Thailand. The degree of *p*-distance and K2P divergences of intraspecific divergences for *COI* were 0.00%-6.51% and 0.00%-6.81%, and 0.00%-11.73% and 0.00%-13.96% for *Cytb*. The interspecific *p*-distance and K2P divergences were 3.88%-25.12% and 4.02%-27.71% for *COI*, and 4.63%-31.48% and 4.83%-41.21% for *Cytb*. No barcoding gap was found for intraspecific and interspecific divergence from these *COI* and *Cytb* genes. Phylogenetic clustering analysis indicated that most genera or species were represented as monophyletic clades except *Trimeresurus macrops* and *Naja kaouthia* from both *COI* and *Cytb*, and *Xenopeltis unicolor* from *Cytb* gene.

Keywords: snake, DNA barcoding, species identification

ความหลากหลายของกึ่งน้ำจืดในเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าทุ่งใหญ่นเรศวรตะวันออก

นุกูล แสงพันธุ์^{1,*}, นายสมปอง ทองสีเข้ม², เอื้ออารี สุขสมนิตย์¹

¹ แผนกวิชาประมง, วิทยาลัยเกษตรและเทคโนโลยีสุพรรณบุรี, อำเภอด่านช้าง, จังหวัดสุพรรณบุรี 72180

² เขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าทุ่งใหญ่นเรศวรตะวันออก อำเภออู่ผึ้ง จังหวัดตาก 63170

*ผู้เขียนหลัก : nukul_sae@hotmail.com

การศึกษาความหลากหลายของกึ่งน้ำจืดในเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าทุ่งใหญ่นเรศวรตะวันออก โดยเก็บตัวอย่างกึ่งจำนวน 3 จุด ได้แก่ ในห้วยทิพโอบบริเวณหน่วยพิทักษ์ป่ายูโน (ตัวแทนตัวอย่างกึ่งบริเวณด้านตะวันออกของเขตฯ) ห้วยบ่บริเวณหน่วยพิทักษ์ป่าทุ่งน่าน้อย (ตัวแทนตัวอย่างกึ่งบริเวณตอนกลางของเขตฯ) และห้วยช่องแป๊ะบริเวณหน่วยพิทักษ์ป่าช่องแป๊ะ (ตัวแทนตัวอย่างกึ่งบริเวณด้านตะวันตกของเขตฯ) ระหว่างวันที่ 13-15 มกราคม 2560 รวบรวมตัวอย่างกึ่งได้จำนวน 48, 40 และ 38 ตัว ตามลำดับ ผลการวิเคราะห์ชนิดกึ่งน้ำจืดที่เก็บรวบรวมได้ทั้ง 3 จุด พบกึ่งเพียงชนิดเดียว ได้แก่ กึ่ง *Macrobrachium hendersoni* (De Man), 1906 กึ่ง *M. hendersoni* ที่พบบริเวณหน่วยพิทักษ์ป่ายูโน หน่วยพิทักษ์ป่าทุ่งน่าน้อย และหน่วยพิทักษ์ป่าช่องแป๊ะ มีความยาวของคาราเปสเฉลี่ย 1.46 ± 0.36 (1.1-2.5), 1.30 ± 0.36 (0.7-2.25) และ 1.32 ± 0.35 (0.8-1.96) ตามลำดับ การศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่ากึ่ง *M. hendersoni* แพร่กระจายอยู่ทั่วพื้นที่เขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าทุ่งใหญ่นเรศวรตะวันออก

คำสำคัญ: ความหลากหลาย, กึ่งน้ำจืด, เขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าทุ่งใหญ่นเรศวรตะวันออก

**Species diversity of freshwater prawns in
Eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site**

Nukul Saengphan^{1,}, Sompong Thongsikhem², Au-aree Suksomnit¹*

¹*Fisheries Division, Suphanburi College of Agriculture and Technology,
Dan Chang Destrict, Suphanburi Province 72180*

²*Eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site,
Umphang District, Tak Province 63170*

**Corresponding author: nukul_sae@hotmail.com*

Species diversity of freshwater prawns in eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site was studied during 13-15 January 2017. Total samples collected from 3 stations, Tiptoe stream at Unai forest ranger unit (representative of prawns in eastern area of the site), Bei stream at Tunghanoi forest ranger unit (representative of prawns in central area of the site) and Songpae stream at Songpae forest ranger unit (representative of prawns in western area of the site), were 48, 40 and 38 individuals, respectively. Only one species of freshwater prawn (*Macrobrachium hendersoni* (De Man), 1906) was identified. The carapace length of *M. hendersoni* found at Unai forest ranger unit, Tunghanoi forest ranger unit and Songpae forest ranger unit were 1.46 ± 0.36 (1.1–2.5), 1.30 ± 0.36 (0.7–2.25) and 1.32 ± 0.35 (0.8–1.96) centimeters, respectively. The present study showed that *M. hendersoni* was found widely distribution in the area of Eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site.

Keywords: diversity, freshwater prawns, Eastern Thungyai Naresuan Wildlife Sanctuary World Heritage Site

ความหลากหลายและการแพร่กระจายของสาหร่ายสกุล *Padina* ในประเทศไทย

บงกช วิชาชูเชิด^{1*}, อัญชมา ประเทพ²

¹ภาควิชาวิทยาศาสตร์ คณะศิลปศาสตร์และวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ อำเภอกำแพงแสน จังหวัดนครปฐม 73140

²ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110

* ผู้เขียนหลัก: wbongkot@gmail.com

สาหร่ายสกุล *Padina* เป็นสาหร่ายที่พบได้ทั่วไปในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเทศไทย *Padina* เจริญเติบโตได้ในบริเวณแนวชายฝั่งร่วมกับแนวปะการัง, ภูเขาทะเล และในหาดเลน ด้วยความยากในการจัดจำแนกระดับชนิดของสาหร่ายสกุลนี้ การศึกษาจึงมีไม่มากนักในประเทศไทย โดยพบว่าการศึกษาสาหร่ายสกุลนี้มีรายงานครั้งแรกในประเทศไทย ตั้งแต่ปี ค.ศ. 1974 เป็นต้นมาจนถึง ค.ศ. 2010 พบว่ามีสาหร่ายสกุล *Padina* จำนวน 8 ชนิด ได้แก่ *P. australis*, *P. boryana*, *P. minor*, *P. japonica*, *P. tetrastromatica*, *P. pavonica*, *P. distromatica* และ *P. gymnospora* จุดประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้ เพื่อต้องการศึกษาความหลากหลายชนิดของสาหร่ายสกุล *Padina* ที่แพร่กระจายในน่านน้ำไทย โดยทำการเก็บตัวอย่างในระดับน้ำขึ้นน้ำลง ช่วงปี ค.ศ. 2012-2014 ตามแนวชายฝั่งอ่าวไทยและอันดามัน ผลการศึกษาพบสาหร่ายสกุล *Padina* จำนวน 5 ชนิด ได้แก่ *P. australis*, *P. boryana*, *P. minor*, *P. okinawaensis* และ *P. usoethunii* โดยชนิด *P. australis*, *P. boryana* และ *P. minor* เป็นสาหร่ายที่เคยมีรายงานมาแล้วในการศึกษาก่อนหน้า และ *P. okinawaensis* และ *P. usoethunii* เป็นสาหร่ายที่มีการรายงานในการศึกษาครั้งนี้เป็นครั้งแรก สรุปว่ามีสาหร่ายสกุล *Padina* แพร่กระจายในประเทศไทยมีรายงานแล้วจำนวนทั้งสิ้น 10 ชนิด

คำสำคัญ: ความหลากหลาย, *Padina*, ประเทศไทย

A checklist of species diversity and distribution of Genus *Padina* in Thailand

Bongkot Wichachucherd ^{1,*}, Anchana Prathep ²

¹Department of Science, Faculty of Liberal Arts and Science, Kasetsart University,
Khamphaeng Saen Destrict, Nakhon Pathom Province 73140

²Department of Biology, Faculty of Science, Prince of Songkla University,
Hat Yai Destrict, Songkhla Province 90110

*Corresponding author: wbongkot@gmail.com

Padina is the common genus distributed along SE Asia, including Thailand. It shows populations along the coastline with patches associated with coral reefs, seagrass beds and sandy mud. In addition, species identification is difficul. Our study of this genus showed few publications in Thailand during 1974-2010. There were eight species recorded so far in Thailand, namely: *P. australis*, *P. boryana*, *P. minor*, *P. japonica*, *P. tetrastrumatica*, *P. pavonica*, *P. distromatica* and *P. gymnospora*. The aim of this study is to update the *Padina* species found in Thai waters. Collections were carried out intertidal and subtidal zones in 2012-2014 along the Gulf of Thailand and Andaman Sea. The results showed that there were five species: *P. australis*, *P. boryana*, *P. minor*, *P. okinawaensis* and *P. usoethunii*. Three species, *P. australis*, *P. boryana* and *P. minor*, were repeated found in the Thai waters and two more species, *P. okinawaensis* and *P. usoethunii*, were new records for Thailand. In summary, a total of 10 species of *Padina* have been recorded for Thailand.

Keywords: species diversity, *Padina*, Thailand

การสำรวจไวรัสในผึ้งประจำถิ่นและไรปรสิตของไทย

ประพันธ์ ไตรยสุทธิ^{1,2,*}, ภาณุวรรณ จันทวรรณกุล², ณัฐพจน์ วาฤทธิ¹

¹ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านทางกีฏวิทยา ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

²ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่ 50200

*ผู้เขียนหลัก: punpun.marine@gmail.com

ไวรัสในผึ้งที่ติดต่อผ่านทางไรปรสิตภายนอกในสกุล *Tropilaelaps* Delfinado and Baker, 1961 และ *Varroa* Oudemans, 1904 นับเป็นปัญหาสำคัญที่สร้างความเสียหายให้แก่อุตสาหกรรมการเลี้ยงผึ้งทั่วโลกและส่งผลกระทบต่อผลผลิตที่ลดลง จากผลการสำรวจไวรัสในผึ้งพันธุ์ (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) และผึ้งพื้นเมืองของไทย ได้แก่ ผึ้งมีมดำ (*A. andreniformis* Smith, 1858) ผึ้งโพรง (*A. cerana* Fabricius, 1793) ผึ้งหลวง (*A. dorsata* Fabricius, 1793) และผึ้งมีม (*A. florea* Fabricius, 1787) (n=150) ในประเทศไทย โดยการใช้วิธี RT-qPCR และ RT-PCR พบไวรัสทั้งหมด 7 ชนิด ได้แก่ Acute Bee Paralysis Virus (ABPV) Black Queen Cell Virus (BQCV) Sacbrood Virus (SBV) Deformed Wing Virus (DWV) Chronic Bee Paralysis Virus (CBPV) Kashmir Bee Virus (KBV) และ Israel Acute Paralysis Virus (IAPV) โดยที่ไวรัสที่พบส่วนใหญ่ได้แก่ BQCV DWV และ SBV ไวรัสที่พบรองลงมาได้แก่ ไวรัส ABPV KBV และ CBPV ในส่วนของไรในสกุล *Tropilaelaps* และ *Varroa* (n=40) พบเพียงไวรัส DWV เท่านั้น ในการศึกษาครั้งนี้เป็นการค้นพบไวรัส IAPV ครั้งแรกในประเทศไทยทั้งใน *A. cerana* และ *A. mellifera* ซึ่งไวรัสชนิดนี้เป็นสาเหตุหลักในการเกิดอุบัติเหตุฝูงผึ้งล่มสลายหรือ Colony Collapse Disorder (CCD)

คำสำคัญ: พิชีอาร์, ผึ้งพื้นเมือง, ซีซีดี

A Survey of viruses in Thai native honeybees and their parasitic mites

Prapun Traiyasut^{1,2,*}, Panuwan Chanthawannakul², Natapot Warrit¹

¹Center of Excellence in Entomology, Department of Biology, Faculty of Science,
Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok 10330

²Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Mueange District,
Chiang Mai Province 50200

*Corresponding author: punpun.marine@gmail.com

Honeybee viruses are well known to cause severe damage to the beekeeping industry around the world. Frequently, these viruses have tight associations with their ectoparasitic mites of the genera *Tropilaelaps* Delfinado and Baker, 1961, and *Varroa* Oudemans, 1904. Here, we report a survey of honeybee viruses that are present in the European honeybee (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) and in Thai native honeybee species: *A. andreniformis* Smith, 1858; *A. cerana* Fabricius, 1793; *A. dorsata* Fabricius, 1793, and *A. florea* Fabricius, 1787 (n=150). The RT-qPCR methods were used to screen for honeybee viruses in honeybees. Seven honeybee viruses (Acute Bee Paralysis Virus; ABPV, Black Queen Cell Virus; BQCV, Sacbrood Virus; SBV, Deformed Wing Virus; DWV, Chronic Bee Paralysis Virus; CBPV, Kashmir Bee Virus; KBV and Israel Acute Paralysis Virus; IAPV) were identified in the honeybee samples and along with their parasitic mites (n = 40). The results show that BQCV, DWV and SBV are the most widespread viruses found in Thai native honeybees; whereas ABPV, KBV and CBPV were the second most prevalent viruses found. *Tropilaelaps* and *Varroa* were found to harbor only DWV. In addition, this study provides the first discovery of IAPV in *A. cerana* and *A. mellifera* in Thailand. This virus is suspected to be a major contributor to current bee population declines throughout the world, caused by Colony Collapse Disorder (CCD).

Keywords: PCR, native bees, CCD

โครงสร้างจีโนมไมโทคอนเดรียที่สมบูรณ์ของตุ๊กกายป่าสุราษฎร์ (*Cyrtodactylus thirakupti*) : เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดใหม่เพื่อบ่งชี้ ประวัติวิวัฒนาการของสกุลตุ๊กกาย (*Cyrtodactylus*)

ประภัสสร อารีสิริสุข^{1,2,3}, ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่^{3,4}, กิรติ กันยา⁵, สุดารัตน์ ป้ายเจริญ⁶,
สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล^{1,4,7}, บุษบา ฤกษ์อำนาจโชค² และ ครุคร ศรีกุลนาถ^{1,3,4,*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์ของสัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์

³เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (ABG – KU) และ ⁴ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10330

²ห้องปฏิบัติการมนุษย์พันธุศาสตร์ โรงพยาบาลรามาริบัติ ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาริบัติ มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขต กรุงเทพฯ 10400

⁵สวนสัตว์นครราชสีมา นครราชสีมา

⁶สำนักอนุรักษ์และวิจัยองค์การสวนสัตว์ กรุงเทพมหานคร

⁷ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 65000

*ผู้เขียนหลัก: kornsom.k@ku.ac.th

ตุ๊กกาย (*Cyrtodactylus*) มีจำนวน 230 ชนิดที่เป็นที่รู้จักและเป็นหนึ่งในสกุลที่มีจำนวนมากที่สุดในกลุ่มสัตว์เลื้อยคลานจำพวกจิ้งจกและตุ๊กแก (gekkonid lizards) แต่อย่างไรก็ตาม ยังไม่มีการจัดลำดับจีโนมไมโทคอนเดรียที่สมบูรณ์ในสกุลนี้ทำให้ยากต่อการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและวิวัฒนาการของสกุลตุ๊กกาย (*Cyrtodactylus*) ผู้วิจัยจึงได้ระบุจีโนมไมโทคอนเดรียที่สมบูรณ์ของตุ๊กกายป่าสุราษฎร์ (*Cyrtodactylus thirakupti*) ที่มีความเสี่ยงใกล้จะสูญพันธุ์ โดยพบว่าโครงสร้างจีโนมประกอบด้วย 13 ยีนที่แปลรหัสเป็นโปรตีน, 22 ยีนที่อาร์เอ็นเอ, 2 ยีนอาร์อาร์เอ็นเอและ 1 บริเวณ control region มีขนาด 16,796 คู่เบส มีปริมาณ GC 48 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งการจัดเรียงตัวของยีน (gene arrangement) เหมือนกับสกุลตุ๊กแก (*Gekko*) และจิ้งจก (*Haemidactylus*) ซึ่งมีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ใกล้เคียงกัน ซึ่งแตกต่างจากสกุล *Stenodactylus* ในกลุ่ม Gekkonidae ที่ตำแหน่งของทีอาร์เอ็นเอเออาลานิน (tRNA-Ala) กับทีอาร์เอ็นเอเทริปโตเฟน (tRNA-Trp) จากผลโครงสร้างจีโนมของไมโทคอนเดรียมีแนวโน้มจะนำไปสู่การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตุ๊กกาย (*Cyrtodactylus*) ในกลุ่ม Gekkonidae ได้เข้าใจมากขึ้น

คำสำคัญ : ตุ๊กกายป่าสุราษฎร์, *Cyrtodactylus thirakupti*, จีโนมไมโทคอนเดรีย, gene arrangement

Complete mitochondrial genome structure of curve-toed gecko
(*Cyrtodactylus thirakupti*): Novel markers to reveal evolutionary history
of *Cyrtodactylus*

Prapatsorn Areesirisuk^{1,2,3}, Narongrit Muangmai^{3,4}, Kirati Kunya⁵,
Sudarath Baicharoen⁶ Surin Peyachoknagul^{1,4,7}, Budsaba Rerkamnuaychoke²,
Kornsorn Srikulnath^{1,3,4,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics (ACCG), Department of Genetics, Faculty of Science, ³Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG – KU), and ⁴Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10330

²Human Genetic Laboratory, Department of Pathology, Faculty of Medicine Ramathibodi Hospital, Mahidol University

⁵Nakorn Ratchasimazoo, Nakorn Ratchasima

⁶Bureau of Conservation and Research, Zoological Park Organization under the Royal Patronage of His Majesty the King, Bangkok

⁷Department of Biology, Faculty of Science, Naresuan University

*Corresponding author: kornsom.s@ku.ac.th

Cyrtodactylus contains 230 recognized species and is one of the largest genera of the gekkonid lizards. However, no mitochondrial genome (mtgenome) sequencing has been performed on this genus, which makes long-term genetic diversity and evolution in *Cyrtodactylus* difficult to study. The complete mtgenome of *Cyrtodactylus thirakupti* (Curve-toed gecko), which is an endangered species was identified. The mtgenome was composed of 13 protein genes, 22 tRNAs, two rRNAs, and a noncoding control region with 16,796 bp in size. The base composition had 48% GC content. Gene arrangement was identical with *Gekko* and *Hamidactylus* which are closely related groups but different from *Stenodactylus*, the group in Gekkonidae at the position of tRNA-Ala and tRNA^{Trp}. The results of mtgenome structure are promising and will lead to a better understanding of the genetic relationships of *Cyrtodactylus* in Gekkonidae.

Keywords: *Cyrtodactylus thirakupti*, mitochondrial genome, gene arrangement

ความหลากหลาย ฤทธิ์ต้านอนุมูลอิสระ และปริมาณสารประกอบฟีนอลิกของเห็ดโคน

ประภาพรรณ ซอหะซัน

สาขาวิชาวิทยาศาสตร์การเกษตร มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขตกาญจนบุรี อำเภอไทรโยค

จังหวัดกาญจนบุรี 71150

ผู้เขียนหลัก: prapapansaw@gmail.com

จากการสำรวจเห็ดโคนในจังหวัดกาญจนบุรีช่วงเดือนตุลาคม - พฤศจิกายน พ.ศ. 2557 พบเห็ดโคนจำนวน 13 ตัวอย่าง ทำการจำแนกโดยลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้ทั้งสิ้น 11 สายพันธุ์ ทำการศึกษาปริมาณสารประกอบฟีนอลิกด้วยวิธี Folin-Ciocalteu และทดสอบฤทธิ์ต้านอนุมูลอิสระโดย ABTS assay และ FIC assay พบว่าเห็ดโคน KA08/57 มีปริมาณสารประกอบฟีนอลิกมากที่สุด (1.03 mg of GEA/ 100 ml) รองลงมาคือ KA19/57 (0.95 mg of GEA/100 ml) โดยเห็ดโคน 2 สายพันธุ์นี้มีปริมาณสารประกอบฟีนอลิกสูงกว่าเห็ดหลินจือ (0.80 ± 0.06 mg of GEA/100ml) และเห็ดโคนทุกสายพันธุ์มีปริมาณสารประกอบฟีนอลิกสูงกว่าเห็ดหัวลิง (0.50 ± 0.09 mg of GEA/ 100 ml) การทดสอบฤทธิ์ต้านอนุมูลอิสระพบว่าเห็ดโคนที่มีฤทธิ์ต้านอนุมูลอิสระโดย ABTS assay มากที่สุดคือ KA12/57 และ KA02/57 มีค่าเท่ากับ 5.97 mg of VCEAC/100 ml และ 5.94 mg of VCEAC/100 ml ตามลำดับ และเห็ดโคนที่มีฤทธิ์ดักจับอนุมูลอิสระโดย FIC assay มากที่สุดคือ KA09/57 มีค่าเท่ากับ 47.21% รองลงมาคือ KA26/57 มีค่าเท่ากับ 39.57% เห็ดโคนทุกสายพันธุ์มีความสามารถในการดักจับอนุมูลอิสระสูงกว่าเห็ดหลินจือ ($30.79 \pm 3.22\%$) จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าเห็ดโคนมีศักยภาพในการใช้เป็นแหล่งของสารต้านอนุมูลอิสระตามธรรมชาติ

คำสำคัญ: เห็ดโคน, สารประกอบฟีนอลิก, ฤทธิ์ต้านอนุมูลอิสระ

Diversity, antioxidant properties and total phenolics content of *Termitomyces* spp.

Prapapan Sawhasan

Division of Agricultural Science, Mahidol University Kanchanaburi Campus,

Saiyok Destrict, Kanchanaburi 71150

Corresponding author: prapapansaw@gmail.com

Thirteen *Termitomyces* samples were collected during October to November 2014 from Kanchanaburi Province. Therefore, 11 species of *Termitomyces* could be identified based on morphological characteristics. The aqueous extracts of *Termitomyces* spp. were performed total phenolic content analysis using Folin-Ciocalten method and antioxidant activities analysis using ABTS and FIC techniques. The highest total phenolic contents were KA 08/57 (1.03 mg of GEA/100 ml), followed by KA19/57 (0.95 mg of GEA/100 ml). These 2 species showed higher total phenolic contents than *Ganoderma lucidum* (0.80±0.06 mg of GEA/100ml) and all *Termitomyces* species showed higher total phenolic contents than *Hericium erinaceus* (0.50 ± 0.09 mg of GEA/ 100 ml). Antioxidant activity determined by ABTS technique showed that KA12/57 (5.97 mg of VCEAC/100ml) and KA02/57 (5.94 mg of VCEAC/100 ml) were highest values. The highest results of ability to trap free radical by FIC technique were KA09/57 (47.21%) and KA26/57 (39.57%), respectively. All *Termitomyces* species showed higher result of ability to trap free radical than *G. lucidum* (30.79 ± 3.22%). These results indicated *Termitomyces* mushroom could be used as a source of natural antioxidants.

Keywords: *Termitomyces*, total phenolic content, antioxidant activity

อิทธิพลของสารอาหารต่อการเจริญเติบโตของเห็ดเผาะในห้องปฏิบัติการ

ประเสริฐ ศรีกิติกุลชัย^๑, ศรัญญา วงกระนวน, สุจินดา สมหมาย

ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์, ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค),

สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช) อําเภอลาดหลุมง, จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: prasert@biotec.or.th

เห็ดเผาะเป็นหนึ่งในเห็ดป่าที่กินได้ซึ่งเป็นที่นิยมและมีราคาแพงในประเทศไทย เนื่องจากปัญหาการตัดไม้ทำลายป่าและการทำลายที่อยู่อาศัยของเห็ดจึงทำให้เห็ดเผาะมีแนวโน้มที่จะลดลงอย่างต่อเนื่องทุกปีจึงจำเป็นต้องมีการศึกษาหาวิธีการเพื่อที่จะเพาะเลี้ยงเห็ดเผาะเพื่อเพิ่มการผลิต นักวิจัยจำนวนมากได้มุ่งเน้นในการผลิตหัวเชื้อเห็ดเผาะ ในงานวิจัยนี้ได้รายงานถึงอิทธิพลของสารอาหารต่อการเจริญเติบโตของเส้นใยเห็ดเผาะในห้องปฏิบัติการ เห็ดเผาะสามารถเจริญเติบโตได้ดีใน Malt Extract Broth (MEB) และยังสามารถเจริญเติบโตได้ดีในแหล่งคาร์บอนที่หลากหลายเช่นน้ำตาลฟรุ๊คโตส น้ำตาลกลูโคส น้ำตาลแล็กโตส น้ำตาลมอลโตส น้ำตาลแมนนิทอล และน้ำตาลซูโครส แหล่งแร่ธาตุทั้ง 5 ชนิดคือน้ำมะพร้าว, โมโนโซเดียมกลูตาเมต, วิตามินบี 1 (thiamin), วิตามินบี 6 (pyridoxine) และแอมโมเนียมซัลเฟต ถูกใช้ในการศึกษาการเพิ่มผลผลิตของเห็ดเผาะ ผลการทดลองพบว่าแร่ธาตุเสริมส่วนใหญ่สามารถส่งเสริมการเจริญเติบโตของเส้นใยเห็ดเผาะได้ยกเว้นโมโนโซเดียมกลูตาเมตและวิตามินบี 6 ในสภาวะการเพาะเลี้ยงแบบเดียวกันเมื่อเทียบกับ MEB แร่ธาตุเสริมที่ดีที่สุดคือแอมโมเนียมซัลเฟตสามารถเพิ่มน้ำหนักแห้งของเซลล์ได้ 20.05% และ 29.77% ในเวลา 20 และ 25 วันตามลำดับ นอกจากนี้ในอาหารที่เสริมด้วยน้ำมะพร้าวและวิตามินบี 1 ยังได้ผลผลิตของเซลล์สูงขึ้นด้วย การศึกษาการเสริมฤทธิ์กันของแร่ธาตุวิตามินต่างๆ สามารถส่งเสริมการผลิตเส้นใยของเห็ดเผาะ แต่ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญเมื่อเปรียบเทียบกับการใช้เพียงแอมโมเนียมซัลเฟตเพียงอย่างเดียว ข้อมูลที่นำเสนอเป็นเพียงข้อมูลเกี่ยวกับความต้องการสารอาหารของเห็ดป่ากินได้ซึ่งจะมีความสำคัญต่อการผลิตเห็ดในอนาคต

คำสำคัญ: วิตามิน, หัวเชื้อ, การเพาะเลี้ยง

Nutritional influences on mycelium growth of *Astraeus* in laboratory

Prasert Srikitikulchai*, Sarunyou Wongkanoun, Sujinda Sommai

Microbe Interaction Laboratory (BMIT), Center for Genetics Engineering and Biotechnology (BIOTEC), National Science and Technology for Development Agency (NSTDA), Khlong Luang District, Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: prasert@biotec.or.th

“Hed-Pho” (*Astraeus* sp.) is a wild edible mushroom which is popular and expensive in Thailand. Due to deforestation and habitat destruction, this mushroom has continually reduced production every year. To find cultivation methods of *Astraeus* for increasing its fruiting, many researchers have focused on spawn production. In the present work, we report the effects of nutritional factors on *Astraeus* sp. mycelial growth. In the laboratory, *Astraeus* sp. grew very well in Malt Extract Broth (MEB) medium and preferred different carbon supplements i.e. fructose, glucose, lactose, maltose, mannitol and sucrose. Five mineral-vitamin enriched MEB included coconut water, monosodium glutamate, vitamin B1 (thiamin), vitamin B6 (pyridoxine) and ammonium sulphate were optimized to enhance *Astraeus* sp. Our results showed that most mineral-vitamin supplements can promote the growth of this fungal mycelium, except for monosodium glutamate and vitamin B6 in the same cultivation conditions. Compared to the MEB, the best mineral supplement of ammonium sulphate can enhance fungal dry cell weight by 20% and 30% in 20 and 25 days, respectively. The yield of mycelial biomass was also achieved in medium supplemented with coconut water and vitamin B1. The synergistic effect of mixed mineral-vitamin supplements can promote the mycelium production of *Astraeus*, but there were no significant differences when using only ammonium sulphate. The data presented provide information on the nutrient requirements of this wild edible mushroom, which will be essential for its further production in the future.

Keywords: vitamin, spawn, cultivation

ความหลากหลายของราย่อยสลายซากพืช บนปาล์มสาकुและปาล์มน้ำมัน

พงษ์สวัสดิ์ คำสุนทร*, อัมพวา ปิ่นเรือน, สุจินดา สมหมาย

ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช) อําเภอกลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: Phongswat.kha@biotec.or.th

ราย่อยสลายซากพืช (Saprobic fungi) เป็นราที่มีความสำคัญต่อระบบนิเวศทำหน้าที่เป็นผู้ย่อยสลายเศษซากพืชต่างๆ เช่นท่อนไม้ ใบไม้ กิ่งไม้ และสารอินทรีย์อื่นๆ ในประเทศไทยมีการศึกษารานในกลุ่มนี้อยู่มาก การศึกษาในครั้งนี้ได้ทำการสำรวจ เก็บตัวอย่าง คัดแยกและจัดจำแนกรานพืชตระกูลปาล์ม 2 ชนิด ได้แก่ ปาล์มสาकु (*Metroxylon sagu*) และปาล์มน้ำมัน (*Elaeis guineensis*) ซึ่งเป็นปาล์มป่า และปาล์มปลูกตามลำดับ จากพื้นที่อำเภอห้วยยอดและอำเภอรัชฎา จังหวัดตรัง จุดประสงค์ของการศึกษานี้ เพื่อศึกษาเปรียบเทียบความหลากหลายของราที่พบบนปาล์มทั้ง 2 ชนิด ผลการศึกษาพบรานบนปาล์มสาकुทั้งหมดจำนวน 16 สกุล 10 ชนิด และรานบนปาล์มน้ำมันจำนวน 9 สกุล 5 ชนิด ราที่พบได้บอ่ยได้แก่ *Massarina*, *Canalisporium*, และ *Helicosporium* จากการศึกษาายังพบว่าปาล์มสาकुมีความหลากหลายของชนิดพันธุ์ของรามากกว่าปาล์มน้ำมัน ซึ่งคาดว่ามีสาเหตุมาจากหลายปัจจัย เช่นจำนวนชิ้นตัวอย่าง ความแตกต่างกันทางกายวิภาคของพืช องค์ประกอบทางเคมี แหล่งที่เก็บและการจัดการ โดยเฉพาะการมีระบบนิเวศที่แตกต่างกัน โดยปาล์มสาकुเป็นปาล์มที่เกิดขึ้นในป่าที่ขึ้นแฉะตามธรรมชาติ ในส่วนของปาล์มน้ำมันเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีการปลูกในพื้นที่ที่มีการจัดการอย่างเป็นระบบ มีการสะสมของซากอินทรีย์วัตถุน้อยและมีความชื้นต่ำ

คำสำคัญ: สำรวจ, การจัดจำแนก, ราแซฟโพรไฟท์

Diversity of saprobic fungi on sagu and oil palms

Phongswat Khamsuntorn*, Umpava Pinruan, Sujinda Sommai

Microbe Interaction and Ecology Laboratory, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), National Science and Technology Development Agency (NSTDA), Khlong Luang District, Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: Phongswat.kha@biotec.or.th

Saprobic fungi are important in ecosystems that act as decomposers, feeding on dead and decaying wood, leaves, litter, and other organic matter. In Thailand, there are many studies focusing on this fungal group. In this study we surveyed, collected, isolated, and identified the saprobic fungi on 2 palm species, sagu palm (*Metroxylon sagu*) and oil palm (*Elaeis guineensis*) from Huai Yot, and Ratsada district, Trang Province. The purpose of this study was to compare the diversity of saprobic fungi on both palms. Totally 16 genera and 10 species were found from sagu palm, and 9 genera and 5 species were found on oil palm. The most common fungi were *Massarina*, *Canalisporium*, and *Helicosporium*. The results revealed that sagu palm showed higher fungal diversity than oil palm. We indicated that this was because of many factors including the number of samples, the difference of plant physiology and chemical composition, and numerous ecological differences between these two palms. The sagu palm were collected in natural forest environment with higher moisture and organic matters while oil palm was cultivation palm with area management, and had less moisture and organic matter.

Keyword: survey, identification, saprophytic fungi

ราทะเลจากป่าโกงกาง: คุณสมบัติในการผลิตเอนไซม์และฤทธิ์ทางชีวภาพ

พนิดา อุนะกุล^{1,*}, สาทนี ชี้อตรง¹, ลิตา ปริदानนท์¹, อนุพงศ์ คล้ายสุบรรณ¹, วรรณภา กันตูลย์², จริญญา สากยโรจน์¹, ทนุงค์ แสงเทียน²

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค), สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช) อำเภอดอนตาล จังหวัดอุบลราชธานี 12120

²กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง ศูนย์ราชการเฉลิมพระเกียรติ, หล้ากสี, กรุงเทพฯ 10210

* ผู้เขียนหลัก: panidau@biotec.or.th

ราทะเลนับว่าเป็นแหล่งของสารที่มีคุณค่าจากธรรมชาติซึ่งกำลังได้รับความสำคัญเพิ่มมากขึ้นจากการคัดแยกราทะเลจากป่าโกงกางแหล่งต่างๆของประเทศไทยเพื่อนำมาประเมินคุณสมบัติการสร้างเอนไซม์ในเชิงคุณภาพ ได้แก่ อะไมเลส เซลลูเลส โปรติเอส แมนนาเนส ไซแลนเนส ไลเปส ไฟเตส และแลคเคส และตรวจสอบคุณสมบัติฤทธิ์การต้านเชื้อจุลินทรีย์ก่อโรค 6 ชนิด ได้แก่ *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Candida albicans* และ *Microsporium gypseum* ด้วยวิธีการทดสอบแบบ disc diffusion ผลการประเมินคุณสมบัติการสร้างเอนไซม์ในเชิงคุณภาพจากราทะเลจำนวน 30 สายพันธุ์ พบว่าราทะเลส่วนใหญ่ (ร้อยละ 70-100) ผลิตอะไมเลส เซลลูเลส โปรติเอส แมนนาเนส และไซแลนเนส ในขณะที่ร้อยละ 20-27 ของเชื้อราที่ทดสอบแสดงกิจกรรมของเอนไซม์ ไลเปส และไฟเตส ส่วนแลคเคส พบได้จากราทะเลเพียง 2 สายพันธุ์ (ร้อยละ 6.7) เท่านั้น สำหรับผลการตรวจสอบฤทธิ์การต้านเชื้อจุลินทรีย์ก่อโรค ด้วยสารสกัดหยาบจากราทะเลจำนวน 23 ตัวอย่างจากราทะเลสายพันธุ์ต่างๆ พบว่าสารสกัดหยาบจากราทะเล 8 สายพันธุ์ ให้ผลต่อต้านเชื้อก่อโรค 3 ชนิดได้แก่ *B. cereus*, *S. aureus* และ *P. aeruginosa* ยิ่งกว่านั้นยังพบสารสกัดหยาบจากราทะเล 1 สายพันธุ์แสดงฤทธิ์ต้านทั้งเชื้อแบคทีเรีย *S. aureus*, *B. cereus*, *P. aeruginosa* และเชื้อรา *M. gypseum* ได้ดี อย่างไรก็ตาม สารสกัดหยาบจากราทะเลทั้งหมดไม่สามารถยับยั้งเชื้อทดสอบ *E. coli* และ *C. albicans* งานวิจัยนี้ชี้ให้เห็นถึงคุณค่าและความสำคัญของราทะเลทั้งในด้านการผลิตสารเมตาบอไลต์ที่มีความสำคัญและเป็นประโยชน์ต่อการป้องกันโรคที่เกิดจากเชื้อแบคทีเรียและเชื้อรา รวมทั้งยังแสดงให้เห็นถึงบทบาทของราทะเลในการเป็นผู้ย่อยสลายสารอินทรีย์ในแหล่งที่อยู่เพื่อเป็นแหล่งอาหารในระบบห่วงโซ่อาหารของระบบนิเวศน์

คำสำคัญ: ราทะเล, เอนไซม์, ฤทธิ์ต้านเชื้อจุลินทรีย์ก่อโรค

Marine fungi from mangrove habitat: enzymatic and biological activities

Panida Unagul^{1,*}, Satinee Suetrong¹, Sita Preedanon¹, Anupong Klaysuban¹,
Wanna Gundool², Jariya Sakayaroj¹, Tanuwong Sangtian²

National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), National Science and
Technology for development Agency (NSTDA), Khlong Luang District,
Pathum Thani Province 12120

²Department of Marine and Coastal Resources, Lak Si, Bangkok 10210

*Corresponding author: panidau@biotec.or.th

Marine fungi have become increasingly important as a prolific source of bioactive natural products. In this study, marine fungi isolated from various mangrove habitats in Thailand were evaluated for the qualitative presence and relative amount of enzymes containing amylase, lipase, protease, phytase, cellulase, laccase, mannanase and xylanase and the antimicrobial activity against six infection microorganisms such as *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Candida albicans* and *Microsporium gypseum* by using disc diffusion assay. Thirty fungal strains were evaluated for presence and relative amount of enzymes. Of these, most strains (70-100%) produced amylase, cellulase, protease, mannanase and xylanase, whereas 20-27% of the strains showed lipase and phytase activities. The presence of laccase was detected only on two tested strains (6.7%). Crude extracts from twenty-three fungal strains were tested for antimicrobial activity. Crude extract from 8 isolates were active against *B. cereus*, *S. aureus* and *P. aeruginosa*. Moreover, crude extract from one marine fungal showed strong active against *S. aureus*, *B. cereus*, *P. aeruginosa* and *M. gypseum*. However, none of the crude extract was active against *E. coli* or *C. albicans*. Our results demonstrated that marine fungi could be a potential source for valuable metabolites effective against infectious microorganisms, in addition, they could play important roles in degradation of organic matter in their habitats

Keywords: antimicrobial activity, enzyme, marine fungi

อนุกรมวิธานและดีเอ็นเอบาร์โค้ดของผึ้งกาเหว่าในสกุล *Thyreus* Panzer, 1806 ในประเทศไทย

เพ็ญทิพย์ วิทิตพงษ์, นนรัช ฉัตรธนบูรณ์, ประพันธ์ ไตรยศุทธิ์, ณัฐพจน์ วาฤทธิ์*
ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านกีฏวิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330
*ผู้เขียนหลัก: penniiko@hotmail.com

ผึ้งกาเหว่าสีฟ้า (*Thyreus* Panzer, 1806) เป็นผึ้งที่มีการดำรงชีวิตเป็นปรสิตต่อตัวอ่อนของผึ้งในสกุล *Amegilla* Friese, 1897 ซึ่งมีการดำรงชีวิตแบบโดดเดี่ยวและมีความสำคัญในการเป็นแมลงผสมเกสรให้กับพืชผลทางการเกษตรที่สำคัญในแถบยุโรป อาฟริกา เอเชีย และออสเตรเลีย ในปี ค.ศ. 1962 Lieftinck ได้ทำการศึกษาอนุกรมวิธานของผึ้งกาเหว่าสีฟ้าในเขตยุโรป เอเชีย และ ออสเตรเลีย แต่อย่างไรก็ตามตัวอย่างที่ถูกเก็บจากประเทศไทยมีน้อยมากและแทบจะไม่มีการศึกษาในตัวอย่างเพศเมีย นอกจากนี้รูปร่างที่สร้างขึ้นยังสามารถระบุชนิดได้เฉพาะผึ้งเพศผู้ ผู้วิจัยได้ทำการทบทวนอนุกรมวิธานของผึ้งกาเหว่าสีฟ้าในประเทศไทย โดยศึกษาจากตัวอย่างที่ถูกเก็บรวบรวมมาจากทั่วประเทศตั้งแต่ปี ค.ศ. 1920 จนถึง ค.ศ. 2016 จำนวนทั้งสิ้น 169 ตัวอย่าง โดยได้ทำการสร้างรูปร่างที่ใช้ในการระบุชนิดของผึ้งกาเหว่าสีฟ้าในประเทศไทยทั้งในเพศผู้และเพศเมีย แต่กลับประสบปัญหาของภาวะ sexual dimorphism ซึ่งทำให้ในปัจจุบันสามารถระบุชนิดผึ้งกาเหว่าสีฟ้าเพศเมียได้จนถึงระดับกลุ่มชนิดเท่านั้น การศึกษาในครั้งนี้ ผู้วิจัยทำการศึกษาทางอณูชีววิทยา โดยเลือกใช้เทคนิคดีเอ็นเอบาร์โค้ดและใช้ยีน *Cytochrome c Oxidase subunit I (COI)* เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม หลังจากทำการสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณชิ้นยีนที่จำเพาะแล้ว ผู้วิจัยได้วิเคราะห์ลำดับเบสของยีนดังกล่าวและสร้างแผนภูมิตวิวัฒนาการ (phylogenetic tree) เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของผึ้งกาเหว่าสีฟ้าแต่ละชนิด รวมถึงทำการวิเคราะห์การจำกัดความชนิด (species delimitation) เพื่อระบุขอบเขตการแบ่งชนิดของผึ้งกาเหว่าสีฟ้า โดยการศึกษาในครั้งนี้จะช่วยแก้ไขปัญหาทางอนุกรมวิธานและยืนยันการระบุชนิดของผึ้งกาเหว่าสีฟ้าในประเทศไทย ซึ่งเป็นข้อมูลพื้นฐานสำคัญที่สามารถนำไปสู่การศึกษาชีววิทยาของผึ้งที่สำคัญในประเทศไทยได้ในอนาคต

คำสำคัญ: ผึ้งกาเหว่า ดีเอ็นเอบาร์โค้ด อนุกรมวิธาน

Taxonomy and DNA barcoding of Cleptoparasitic bee in Genus *Thyreus* Panzer, 1806 in Thailand

*Penthip Wititpong**, Nontawat Chatthanabun, Prapun Traiyasut, Natapot Warrit
Department of Biology & Center of Excellence in Entomology, Faculty of Sciences,
Chulalongkorn University, Pathum Wan, Bangkok, 10330
Corresponding author: penniiko@hotmail.com

The blue cuckoo bees, *Thyreus* Panzer, 1806 (Hymenoptera; Apidae; Melectini) are brood parasites of the common digger bees (*Amegilla* Friese, 1897), a group of solitary bees that are important crop-pollinators that have dispersed throughout the Old World and the Australasian regions. The most recent taxonomic revision of *Thyreus* in the Oriental area was reported by Lieftinck back in 1962; however, the materials from Thailand were scarce. In addition, female specimens were rarely studied in the previous work and the identification key was constructed based only on the males. Here, we report a taxonomic revision of *Thyreus* in Thailand based on 169 specimens (65♀, 104♂) collected between 1920–2016. Identification keys to both male and female are constructed, though sexual dimorphism in *Thyreus* species provides another obstacle. We were not able to identify female specimens to species effectively, thus we turned our attention to molecular biology by employing a DNA barcoding method using *Cytochrome c Oxidase* subunit I gene (*COI*). Following DNA extraction and PCR amplification of the *COI* gene from our specimens to obtain the DNA sequences, we constructed phylogenetic trees to reveal the evolutionary relationships of Thai *Thyreus*, and applied species delimitation methods to delineating each *Thyreus* taxon. The results from this study not only resolve the taxonomic conundrum in Thai *Thyreus*, but also help us to understand the evolution of this important group of bees.

Keywords: *Thyreus* spp., DNA barcoding, taxonomy

สารรักษาสภาพเซลล์ที่เหมาะสมสำหรับเก็บรักษาจุลินทรีย์ระยะยาว ด้วยวิธีระเหยแห้ง (Liquid-drying)

ภัทรพร รัตนวารีย์, ศศิธร จินตามรกฏ, ชาญวิทย์ สุริยฉัตรกุล, วีระ ศรีอินทร์สุทธิ, สุวนีย์ ชุมหมะธรา, สมจิต อ่ำอินทร์, วิชาพร แ่มท่าว, จุรีรัตน์ เอื้อพัฒนากิจ, ณัฐชรัส อุดมนิธิวัชรดา, กุสุมา ศรีสุข*
หน่วยวิจัยความหลากหลายทางชีวภาพและชีววัสดุ ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
(ไบโอเทค), สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (สวทช) อำเภอดองหลวง จังหวัดบึงกาฬ 12120
**ผู้เขียนหลัก: pattaraporn@biotec.or.th*

การศึกษาและใช้ประโยชน์จากจุลินทรีย์อย่างยั่งยืนจำเป็นต้องมีการเก็บรักษาจุลินทรีย์ที่ศึกษาวิจัย และใช้ประโยชน์ด้วยวิธีการที่เหมาะสมและมีประสิทธิภาพ เพื่อให้จุลินทรีย์มีชีวิตรอด และคงคุณสมบัติต่างๆ ไม่เปลี่ยนแปลงไปจากเดิม ซึ่งการเก็บรักษาจุลินทรีย์แต่ละกลุ่ม อาจมีวิธีการเก็บรักษาที่แตกต่างกัน งานวิจัยนี้ได้ศึกษาการเก็บรักษาจุลินทรีย์ที่พบว่ามี อัตราการรอดชีวิตหลังจากการเก็บรักษาต่ำ หรือยังไม่มีข้อมูลการศึกษาการรอดชีวิต เมื่อเก็บรักษา ด้วยวิธีระเหยแห้งในสภาวะสุญญากาศ โดยได้ศึกษาเปรียบเทียบอัตราการรอดชีวิตของจุลินทรีย์ หลังจากการเก็บรักษาด้วยวิธีดังกล่าวในสารรักษาสภาพ 3 ชนิด ได้แก่ สารรักษาสภาพที่ใช้ใน ศูนย์ชีววัสดุประเทศไทยในปัจจุบัน (สาร A) สารรักษาสภาพฯ ที่มีการเติม 1% activated charcoal (สาร B) และสารรักษาสภาพฯ ที่มีการเติม 5% trehalose (สาร C) พร้อมทั้งประเมินอัตราการรอดชีวิตหลังเก็บรักษาเป็นระยะเวลาาน พบว่าการเติม 1% activated charcoal หรือ 5% trehalose สามารถช่วยเพิ่มอัตราการรอดชีวิตของจุลินทรีย์ที่ศึกษา เช่น แบคทีเรียที่ผลิตกรดแลคติก และยีสต์ ตามลำดับ อย่างไรก็ตามยังพบว่าเชื้อราบางชนิดโดยเฉพาะ เชื้อราที่ไม่สร้างสปอร์ หรือมีสปอร์อ่อนแอยังไม่สามารถเก็บรักษาด้วยวิธีนี้ได้ ซึ่งจำเป็นต้องมีการศึกษาและพัฒนาวิธีการเก็บรักษาที่เหมาะสมต่อไป

คำสำคัญ: การเก็บรักษาจุลินทรีย์ระยะยาว, จุลินทรีย์, วิธีระเหยแห้ง

Suitable protective agents for microbial long-term preservation using liquid-drying technique

*Pattaraporn Rattanawaree**, *Sasitorn Jindamorakot*, *Veera Sri-Indrasutdhi*,
Suwanee Chunhametha, *Somjit Am-in*, *Wipaporn Ngaemthao*,
Jureerat Ueapattanakit, *Nathavarash Udomnitrada*, *Kusuma Srisuk*

*Biodiversity and Biotechnological Resource Research Unit,
The National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), National Science
and Technology for Development Agency (NSTDA), Klong Luang District,
Pathum Thani Province, 12120*

**Corresponding author: pattaraporn@biotec.or.th*

For sustainable use of microbial resources, appropriate preservation approaches are required in order to maintain their viability and properties. Several preservation techniques have been developed and used to preserve different groups of microorganisms. This study was aimed at the preservation of microorganisms that are commonly sensitive to the drying method. Three different protective agents were used and compared in a liquid-drying method: A) standard protective agents currently used by Thailand Bioresource Research Center (TBRC), B) standard protective agents with 1% activated charcoal and C) standard protective agents with 5% trehalose. An accelerated storage test was also performed to predict whether the liquid-dried microorganisms could survive long-term under recommended storage conditions. The results showed that the addition of 1% activated charcoal or 5% trehalose increased survival rates of lactic acid bacteria and yeasts, respectively. However, survival rates of fastidious microorganisms especially non-sporulating (in vitro) filamentous fungi and filamentous fungi that produce delicate spores were unsatisfactory. Therefore, improved preservation methods are necessary for these groups of microorganisms.

Keywords: Long-term preservation, microorganism, liquid-drying

การใช้วิธีมัลติแพลซพีซีอาร์เพื่อระบุเพศในงูสมัยใหม่

ภาณุพงศ์ ทวีชศรี^{1,2}, นรรัตน์ เหล่าพิเชียรพงษ์^{1,2}, ทรรติกา คุ่มกัน^{1,2}, ลาวัญญ์ จันทโรทัย³,
 สุนุชชา สุนทรารชุน⁴, รัฐนิษฐ์ พัทธกุลรววัฒน์⁵, สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล^{1,7}, ครุคร ศรีกุลนาถ^{1,2,*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์ของสัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม (ACCG), ภาควิชาพันธุศาสตร์,
 คณะวิทยาศาสตร์, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (ABG - KU),
 จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

³สวนงู, สถานเสาวภา, สภากาชาดไทย, ปทุมวัน, กรุงเทพฯ 10330

⁴ฝ่ายวิจัยและพัฒนา, สถานเสาวภา, สภากาชาดไทย, ปทุมวัน, กรุงเทพฯ 10330

⁵สถานพยาบาลสัตว์มายด์เท็ทส์(ร่มเกล้า), ลาดกระบัง, กรุงเทพฯ 10520

⁶องค์การสวนสัตว์ ในพระบรมราชูปถัมภ์, ดุสิต, กรุงเทพฯ 10300

⁷ภาควิชาชีววิทยา, คณะวิทยาศาสตร์, มหาวิทยาลัยนเรศวร, อำเภอเมือง, จังหวัดพิษณุโลก 65000

*ผู้เขียนหลัก: kornsom.s@ku.ac.th

การระบุเพศของงูอย่างถูกต้องเป็นข้อมูลสำคัญในการวางแผนจัดการงูในสถานเพาะเลี้ยง เนื่องจากงูเป็นสัตว์เศรษฐกิจที่สำคัญอย่างหนึ่งของประเทศไทย การระบุเพศด้วยวิธีมัลติแพลซพีซีอาร์ถูกพัฒนาขึ้นโดยใช้ลำดับนิวเคลียสไอโทดของยีนที่อยู่บนโครโมโซมเพศ (CTNNB1 และ WAC) และยีนที่อยู่บนโครโมโซมร่างกาย (BDNF) เป็นตัวควบคุมภายในเครื่องหมายดีเอ็นเอชุดนี้สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแสดงให้เห็นหนึ่งแถบแบนด์ ในเพศผู้ (แถบแบนด์ดีเอ็นเอขนาด 1000 คู่เบส จากยีน WAC) สามแถบแบนด์ในเพศเมีย (2 แถบแบนด์ จากยีน WAC, 250 คู่เบสจากยีน CTNNB1) และแถบแบนด์ดีเอ็นเอขนาด 450 คู่เบสทั้งในเพศผู้และเพศเมียจากยีน BDNF ในงูสมัยใหม่ 17 ชนิด ส่วนในงูโบราณแสดงรูปแบบแถบแบนด์ ดีเอ็นเอที่เหมือนกันในเพศผู้และเพศเมีย ไพรเมอร์ชุดนี้สามารถระบุเพศงูที่ไม่ทราบเพศได้อย่างมีประสิทธิภาพ จึงมีประโยชน์ต่อการวางแผนอนุรักษ์และการวางแผนการผสมพันธุ์

คำสำคัญ: CTNNB1, มัลติแพลซพีซีอาร์, การระบุเพศ, งู, WAC

Novel Multiplex PCR assay for sex identification in caenophidian snakes

Panupong Tawichasri ^{1,2}, Nararat Laopichienpong ^{1,2}, Tassika Koomgun ^{1,2},
Lawan Chanhome ³, Sunutcha Suntrarachun ⁴, Rattarin Phatcharakullawarawat ⁵,
Sudarath Baicharoen ⁶, Surin Peyachoknagul ^{1,7}, Kornsom Srikulnath ^{1,2,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics (ACCG), Department of
Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900,

²Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG - KU),
Chatuchak, Bangkok 10900

³Snake Farm, Queen Saovabha Memorial Institute, The Thai Red Cross Society,
Bangkok 10330

⁴Department of Research and Development, Queen Saovabha Memorial Institute, Thai
Red Cross Society, Bangkok 10330

⁵Mildpets Animal Hospital, Klongsongtonnun, Ladkrabang, Bangkok 10520

⁶The Zoological Park Organization under the Royal Patronage of His Majesty the King,
Bangkok 10300

⁷Department of Biology, Faculty of Science, Naresuan University, Phitsanulok 65000

*Corresponding author: kornsom.s@ku.ac.th

Sex identification is important information for the management of snakes bred in captivity as they are economically important Thai pets. A multiplex PCR sexing approach was developed using the nucleotide sequences of gametologous genes (*CTNNB1* and *WAC*) with the *BDNF* autosomal gene as internal control. The marker set was successfully amplified by a single DNA band on agarose gel in males (1000 bp DNA band derived from *WAC*), three bands in females (two bands derived from *WAC*, one 250 bp band derived from *CTNNB1* female-specific), and 450 bp DNA fragments for both males and females for *BDNF* of 17 caenophidian snakes. In henophidian snakes, the same pattern of DNA bands was determined between males and females. These primer sets efficiently identified unknown-sex specimens, and will be useful for snake conservation and breeding programs.

Keywords: *CTNNB1*, multiplex PCR, sex identification, snake, *WAC*

การจัดจำแนกของเห็ดโคนในจังหวัดอำนาจเจริญ

มนิรัตน์ พบความสุข^{1,*}, ทักษพร ธรรมรักษ์เจริญ¹, ณัฐวุฒิ วิริยะธนาวุฒิวงษ์¹,
พัชรา โชติจิตรารากรณ¹, รัตเขตร์ เขยกลีน², ประภาพรพรณ ขอหะซัน³, ภัทรชัย จุฑามาต⁴
ธิตยา บุญประเทือง¹

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
คลองหลวง ปทุมธานี 10210

²สำนักงานพัฒนาเศรษฐกิจจากฐานชีวภาพ (องค์การมหาชน) หลักสี่ กรุงเทพฯ 10210

³สาขาวิทยาศาสตร์การเกษตร มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขตกาญจนบุรี, ไทรโยค, กาญจนบุรี 71150

⁴โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ สวนจิตรลดา, ดุสิต, กรุงเทพฯ 10303

* ผู้เขียนหลัก: manerat.pob@gmail.com

การศึกษาเห็ดโคน (*Termitomyces*) ในพื้นที่ป่าชุมชน อำเภอดงหลวง จังหวัดอำนาจเจริญ ดำเนินการตั้งแต่ปี พ.ศ. 2558 – 2559 วัตถุประสงค์เพื่อเก็บรวบรวมข้อมูลและศึกษาอนุกรมวิธานของเห็ดโคนในพื้นที่อนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริสมเด็จพระรัตนราชสุดาฯ สยามบรมราชกุมารีฯ โดยเก็บรวบรวมตัวอย่างเห็ดโคนได้จำนวน 23 ตัวอย่าง ทำการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาและชีวโมเลกุล วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ internal transcribed spacer (ITS) ลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้จากข้อมูลรูปร่าง พื้นผิว สี และขนาดของหมวกดอก ครีบและก้านดอก รวมถึงข้อมูลลักษณะภายใต้กล้องจุลทรรศน์ ผ่านการตัดเนื้อเยื่อบริเวณต่างๆ โดยใช้เทคนิคแบบมือเปล่าเพื่อเก็บข้อมูลสำคัญเพื่อใช้จัดจำแนกเช่น สปอร์ เซลพิเศษบริเวณต่าง ๆ เช่น pileocystidia, basidia, peurocystidia, cheilocystidia และ caulocystidia รวมถึงชั้นเนื้อเยื่อบริเวณต่าง ๆ เช่นชั้นเนื้อเยื่อบริเวณดอกและชั้นเนื้อเยื่อบริเวณก้านดอก รวมถึงเอกลักษณ์บริเวณชั้นผิวหมวกและก้าน ผลการศึกษาพบว่าลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกสายพันธุ์เห็ดโคน ได้แก่ ลักษณะของชั้น hymenial layer บริเวณหมวกดอก ลักษณะของเซลล์พิเศษบริเวณผิวดอก คือ pileocystidia บริเวณครีบ cheilocystidia และ peurocystidia บริเวณก้าน คือ caulocystidia ผลจากเอกลักษณ์ดังกล่าวจำแนกเห็ดโคนได้ทั้งสิ้น 11 ชนิด

คำสำคัญ: อนุกรมวิธาน, ชีวโมเลกุล, สัณฐานวิทยา

Identification of *Termitomyces* species in Amnat Charoen Province

Maneerat Pobkwamsuk ^{1,*}, Tuksaporn Thummmarukcharoen ¹,
 Natthawut Wiriyathannawudhiwong ¹, Pachara Chotjittrakorn ¹, Rattaket Choeyklin ²,
 Prapapan Sawhasan ³, Patarachai Chuthamas ⁴, Thitiya Boonpratuang ¹

¹National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, National Science and
 Technology Development Agency, Khlong Luang, Pathum Thani 12120

²Biodiversity-Based Economy Development Office (Public Organization),
 Lak Si, Bangkok 10210

³Agricultural Science Program, Mahidol University Kanchanaburi Campus, Sai Yok,
 Kanchanaburi 71150,

⁴Plant Genetic Conservation Project, Chitralada Villa, Dusit, Bangkok 10303

*Corresponding author: maneerat.pob@gmail.com

Termitomyces species in community forest in Hua Taphan, Amnat Charoen Province, were investigated during 2015 to 2016 in order to collect data and study the taxonomy of *Termitomyces* in the Plant Genetic Conservation Area under the Royal Initiative of Her Royal Highness Princess Maha Chakri Sirindhorn (RSPG). Twenty-three *Termitomyces* mushrooms were collected. Biomolecular phylogeny based on internal transcribed spacer (ITS) rDNA sequences was studied. Morphological characteristics such as texture, shape, color and size of the pileus, gill and stipe, together with microscopic structural characteristics, were observed and recorded. Free-hand technique was used for cross-sectioning in order to study the structure of spores, tissue layers of pileus and stipe, and special cells such as pileocystidia, basidia, pleurocystidia, cheilocystidia and caulocystidia, or unique structures in the cap and stem. The characters which could be used to identify *Termitomyces* species were the hymenial layer of the pileus and the cystidia structure of gills including pileocystidia, cheilocystidia, pleurocystidia and caulocystidia, and structure of the stipe. Based on these characteristics, our *Termitomyces* samples could be classified into 11 species.

Keywords: taxonomy, molecular, morphology

**แบคทีเรียสร้างสปอร์สายพันธุ์ใหม่, *Paenibacillus aurantiacus*,
คัดแยกจากดินรุ่มต อำเภอบ้านดุง จังหวัดอุดรธานี**

เมทินี วสุนธราวัฒน์¹, สมบูรณ์ ธนาศุภวัฒน์^{3,*}, วงศกร พงโสพิศานัน², ศกุนตลา ศิริอุดม¹

¹สาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรธานี 41000

²ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง กรุงเทพฯ 10330

³ภาควิชาชีวเคมีและจุลชีววิทยา คณะเภสัชศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพฯ 10330

*ผู้เขียนหลัก : Somboon.T@chula.ac.th

แบคทีเรียสายพันธุ์ RC11^T เป็นแบคทีเรียแกรมบวก รูปร่างแท่ง และสร้างสปอร์ได้ แบคทีเรียสายพันธุ์นี้คัดแยกได้จากดินรุ่มตที่เก็บจากจังหวัดอุดรธานี ประเทศไทย และได้ถูกจำแนกลักษณะของกลุ่มโดยอาศัยการพิสูจน์ลักษณะ polyphasic approach จากข้อมูลการวิเคราะห์ลำดับเบสของยีน 16S ribosomal RNA แสดงให้เห็นว่า แบคทีเรียสายพันธุ์ RC11^T จัดอยู่ในสกุล *Paenibacillus* โดยมีใกล้เคียงกับแบคทีเรีย *Paenibacillus phyllosphaerae* LMG 22192^T ซึ่งแสดงค่าความคล้ายคลึงเท่ากับ 98.1% แบคทีเรียสายพันธุ์ RC11^T มีองค์ประกอบของ meso-diaminopimelic ในส่วนของเปปติโดไกลแคนที่เป็นส่วนประกอบของผนังเซลล์ มี major menaquinone เป็น MK-7 มี Anteiso-C_{15:0} (60.18%) และ C_{16:0} (7.8%2) เป็น cellular fatty acids ชนิดหลัก มี Diphosphatidylglycerol Phosphatidylethanolamine และ Phosphatidylglycerol เป็นสารประกอบหลักของ polar lipids มี G+C content ในโมเลกุลดีเอ็นเอเท่ากับ 57.9% ดังนั้น แบคทีเรียสายพันธุ์ RC11^T จึงถูกนำเสนอให้เป็นแบคทีเรียสปีชีส์ใหม่ในสกุล *Paenibacillus* ด้วยชื่อ *Paenibacillus aurantiacus* sp. nov. ชนิดสายพันธุ์คือ RC11^T (=KCTC 33816^T = LMG 29659^T =TISTR 2452^T)

คำสำคัญ : *Paenibacillus* sp. nov., endospore-forming bacterium, 16S ribosomal RNA gene sequence

A novel spore-forming bacterium, *Paenibacillus aurantiacus* isolated from ant nest soil at Ban Dung, Udonthani

Metinee Wasoontharawat ¹, Wongsakorn Phongsopitanun ², Sakutala Siriudom ¹,
Somboon Tanasupawat ^{3,*}

¹Department of Biology, Faculty of Science, Udon Thani Rajabat University, Udon Thani
41000

²Department of Biology, Faculty of Science, Ramkhamhaeng University, Bangkok 10240

³Department of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Pharmaceutical Sciences,
Chulalongkorn University, Bangkok 10330

*Corresponding author: Somboon.T@chula.ac.th

A Gram-stain-positive, rod-shaped and endospore-forming bacterium, strain RC11^T, isolated from an ant nest soil collected in Udon Thani province, Thailand was characterized taxonomically based on a polyphasic approach. On the basis of 16S rRNA gene sequence analysis, strain RC11^T was affiliated to the Genus *Paenibacillus* and was closely related to *Paenibacillus phyllosphaerae* LMG 22192^T with 98.1% sequence similarity. It contained meso-diaminopimelic in the cell-wall peptidoglycan. The major menaquinone was MK-7. Anteiso-C_{15:0} (60.18%) and C_{16:0} (7.82%) were the predominant cellular fatty acids. Diphosphatidylglycerol, phosphatidylethanolamine and phosphatidylglycerol were major polar lipids. The DNA G+C content was 57.9 mol%. Therefore, the strain represents a novel species of the genus *Paenibacillus*, for which the name *Paenibacillus aurantiacus* sp. nov. is proposed. The type strain is RC11^T (=KCTC 33816^T = LMG 29659^T = TISTR 2452^T).

Keywords: *Paenibacillus* sp. nov., endospore-forming bacterium, 16S ribosomal RNA gene sequence

เฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียสำหรับบำบัดแอมโมเนียในน้ำเสียที่มีความเค็ม

ยุทธพงษ์ สังข์น้อย^{1,*}, สุนิภา จันทรแก้ว¹, สมพงษ์ โอทอง²

¹ ภาควิชาวาริชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110

² ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยทักษิณ วิทยาเขตพัทลุง อำเภอป่าพะยอม จังหวัดพัทลุง 93210

*ผู้เขียนหลัก : yutthapong.s@psu.ac.th

แอมโมเนียเป็นสารพิษที่อันตรายต่อสัตว์น้ำ ส่งผลกระทบต่ออุตสาหกรรมการเลี้ยงกุ้ง ทำให้ผลผลิตกุ้งลดลง อย่างไรก็ตาม แอมโมเนียในแหล่งน้ำสามารถกำจัดได้โดยเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียด้วยกระบวนการไนตริฟิเคชัน ฉะนั้นการคัดเลือกเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียเพื่อนำมาใช้ประโยชน์ด้านการปรับปรุงคุณภาพน้ำจึงมีความสำคัญ การศึกษาครั้งนี้ได้คัดเลือกเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียจากฟาร์มเพาะเลี้ยงกุ้งขาว โดยใช้อาหารสูตรดัดแปลงที่มีส่วนประกอบของ เปปโตเนน ยีสต์สกัด แอมโมเนียมซัลเฟต และเกลือ เพื่อเพิ่มปริมาณของเชื้อเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียที่มีคุณสมบัติทนเค็ม จากการวิเคราะห์ยีน 16S rRNA และ phylogenetic tree พบว่า สามารถแยกเชื้อเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียได้ทั้งหมด 5 สกุล ได้แก่ *Halomonas*, *Psychrobacter*, *Alcaligenes*, *Bacillus* และ *Oceanobacillus* โดยที่แบคทีเรียไนตริฟิเคอร์ทั้ง 5 สกุลที่คัดเลือกได้นี้มีความสามารถพิเศษในการกำจัดแอมโมเนียที่มีความเข้มข้นสูง (800-900 mg-NL⁻¹) ได้มากกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ และมีคุณสมบัติในการทนเค็ม ดังนั้นเชื้อเฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรียที่คัดเลือกได้นี้ อาจมีประโยชน์ในการนำไปใช้บำบัดน้ำเสียที่มีความเค็มและมีความเข้มข้นของแอมโมเนียสูง เช่น ฟาร์มเพาะเลี้ยงกุ้งขาว เป็นต้น

คำสำคัญ: แอมโมเนีย, เฮทเทอโรโทรฟิโคนไตรฟองแบคทีเรีย, ไนตริฟิเคอร์

Heterotrophic nitrifying bacteria for ammonium-saline waste water treatment

Yutthapong Songnoi^{1,*}, Sunipa Chankaew¹, Sompong O-Thong²

¹ Department of Aquatic Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai Campus, Hat Yai District, Songkla Province 90110

² Department of Biology, Faculty of Science, Thaksin University, Phatthalung Campus, Papayom District, Pattalung Province 93210

*Corresponding author: yutthapong.s@psu.ac.th

Ammonia is a serious toxic reagent to any aquatic animal. It affects the shrimp aquaculture industry and has resulted in decline of shrimp production. However, ammonia in aquatic environments is removed by heterotrophic nitrifying bacteria via the nitrification process. Hence, the isolation of beneficial heterotrophic nitrifying bacteria for water quality improvement is potentially useful. In this study, heterotrophic nitrifying bacteria were isolated from white shrimp farms. In order to enrich salt-tolerant heterotrophic nitrifiers, the modified isolation medium consisted of peptone, beef extract, ammonium sulfate and salt. Based on 16S rRNA gene sequences and phylogenetic analysis, five different genera of heterotrophic nitrifiers were obtained. The isolates were identified as *Halomonas*, *Psychrobacter*, *Alcaligenes*, *Bacillus* and *Oceanobacillus*. They showed unique characteristics for ammonium removal (>50%) under high concentration of ammonia (800-900 mg-NL⁻¹). Moreover, they were quite salt-tolerant. Therefore, these strains could be of benefit in saline and high-strength ammonium waste water treatment, including treatment of white shrimp ponds.

Keywords: ammonia, heterotrophic nitrifying bacteria, nitrifiers

การหาลำดับเบสในระดับจีโนมของจระเข้แม่น้ำจืด (*Crocodylus siamensis*)

ประภัสสร อารีสิริสุข^{1,2}, วรพงศ์ สิงห์ชาติ^{1,2}, อรรถันท์ สุนทรพงศ์^{1,2}, ธนาวุธ ศรีสุข³, ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่⁴, ศติมนัส อุมจักร⁵, ยศพงศ์ เต็มศิริพงศ์⁶, สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล¹, ชิน อัมรงค์ธรรม⁷, Seyoung Mun⁸, Kyudong Han⁸ ครคร ศรีกุลนาถ^{1,2,*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์สัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม, ภาควิชาพันธุศาสตร์, คณะวิทยาศาสตร์, และ ²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ ของ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, จตุจักร กรุงเทพฯ 10330 ³สถาบันพัฒนา และมีกอบรมโรงงานต้นแบบ, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี วิทยาเขต บางขุนเทียน, ท่าข้าม, กรุงเทพฯ, 10150 ⁴ภาควิชาชีววิทยาประมง, คณะประมง, ⁵ภาควิชาชีวเคมี, คณะวิทยาศาสตร์, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, จตุจักร, กรุงเทพฯ 10900 ⁶บริษัท ศรีราชา โมต้า จำกัด, ศรีราชา, ชลบุรี 20110 ⁷ห้องปฏิบัติการวิจัยและพัฒนาวิศวกรรมชีวเคมีและโรงงานต้นแบบ, ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี วิทยาเขตบางขุนเทียน, ท่าข้าม, กรุงเทพฯ, 10150 ⁸Department of Nanobiomedical Science & BK21 PLUS NBM Global Research Center for Regenerative Medicine, Dankook University, Cheonan 31116, Republic of Korea *ผู้เขียนหลัก: kornsom.s@ku.ac.th

จระเข้แม่น้ำจืด (*Crocodylus siamensis*) จัดเป็นสัตว์เศรษฐกิจที่สำคัญต่ออุตสาหกรรมเกษตรของประเทศไทย ดังนั้นการวิเคราะห์เพื่อหาลำดับเบสในระดับจีโนมของจระเข้แม่น้ำจืดจึงมีความจำเป็นต่อการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างยีนกับลักษณะภายนอก เพื่อนำไปสู่การพัฒนาการเลี้ยงในฟาร์ม และกระบวนการอนุรักษ จากผลการหาลำดับเบสในระดับจีโนมของจระเข้แม่น้ำจืด โดยใช้ Illumina Sequencing Platform ได้ข้อมูลของ sequencing read แบบ paired-end read ความยาวด้านละ 150 เบส ทั้งหมด 797,800,548 read หลังจากคัดกรอง read ที่มีคุณภาพต่ำออกไปแล้วได้เป็น clean read จำนวน 769,892,900 read มีจำนวนเบสทั้งหมด 113,390,323,500 เบส โดยมีสัดส่วนปริมาณเบส G และ C คิดเป็น 45 % และจากผลการเปรียบเทียบกับลำดับเบสของจีโนมจระเข้ตีนเป็ดจีน (*Alligator sinensis*) โดยใช้โปรแกรม Burrows-Wheeler Aligner พบว่า clean read ที่ได้ นั้น มีตำแหน่งอยู่บนจีโนมของจระเข้ตีนเป็ดจีน คิดเป็น 48.58 % และมีค่า average depth คิดเป็น 22 เท่า นอกจากนี้ ผลการวิเคราะห์พบว่า ข้อมูลจีโนมของจระเข้แม่น้ำจืดมีความแตกต่างกับจระเข้ตีนเป็ดจีนในรูปแบบ INDELs (insertion-deletions) ทั้งหมด 7,677,890 ตำแหน่ง และรูปแบบ SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) ทั้งหมด 118,263,137 ตำแหน่ง จากผลการวิเคราะห์จีโนมของจระเข้แม่น้ำจืดนี้ จะเป็นแหล่งข้อมูลที่มีประโยชน์ต่อการระบุยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของจระเข้ และยังมีส่วนช่วยในการตอบปัญหาทางชีววิทยาในสัตว์ที่มีกระดูกสันหลังได้อีกหลายชนิด

คำสำคัญ: จระเข้แม่น้ำจืด, จระเข้ตีนเป็ดจีน, การหาลำดับเบสในระดับจีโนม

Whole genome sequencing of Siamese crocodile, *Crocodylus siamensis*

Prapatsorn Areesirisuk^{1,2}, Worapong Singchat^{1,2}, Aorarat Suntronpong^{1,2},
Tanawut Srisuk³, Narongrit Muangmai⁴, Sasimanas Unajak⁵, Yosapong Temsiripong⁶,
Surin Peyachoknagul¹, Chinae Thammarongtham⁷, Seyoung Mun⁸, Kyudong Han⁸,
Kornsorn Srikulnath^{1,2,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics, Department of Genetics, Faculty of Science, and ²Animal Breeding and genetics consortium of Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ³Pilot Plant Development and Training Institute, King Mongkut's University of Technology Thonburi, Bang Khun Thian, Tha Kham, Bangkok, 10150

⁴Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, and ⁵Department of Biochemistry, Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ⁶Sriracha Moda Co., Ltd., Sriracha, Chonburi 20110 ⁷Biochemical Engineering and Pilot Plant Research and Development Laboratory, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), King Mongkut's University of Technology Thonburi, Bang Khun Thian, Tha Kham, Bangkok, 10150 ⁸Department of Nanobiomedical Science & BK21 PLUS NBM Global Research Center for Regenerative Medicine, Dankook University, Cheonan 31116, Republic of Korea

*Corresponding author: kornsorn.s@ku.ac.th

Siamese crocodiles (*Crocodylus siamensis*) are economically important animals in the Thai agricultural industry. A genome sequence project is, therefore, necessary to understand the relationship between genes and phenotypes for improved farming and conservation methods. Whole genome sequencing of Siamese crocodile was performed using the Illumina platform which generated 797,800,548 reads of 150-base paired-end sequences. After low quality read filtering, 769,892,900 clean reads were obtained a total of 113,390,323,500 bases. The GC content of the sequence data was 45%. By comparison with the genome sequence of Chinese alligator (*Alligator sinensis*) using the Burrows-Wheeler Aligner mapping tool, 48.58% of the clean read was mapped with average depth of 22x onto the Chinese alligator genome. The number of insertion-deletions and single nucleotide polymorphisms were 7,677,890 and 118,263,137, respectively, in the mapped Siamese crocodile genome sequence. A comprehensive genome map for Siamese crocodile will provide a valuable resource for identifying genes with economic traits in captive crocodiles and address many biological questions in diverse vertebrates.

Keywords: Siamese crocodile, Chinese alligator, whole genome sequence

การศึกษาทบทวนอนุกรมวิธานของแมงมุมฝาปิดโบราณสกุล *Liphistius*
(Mesothelae; Liphistiidae) ในประเทศไทย

วรัทธ์ ศิวายพราหมณ์*, ณัฐพจน์ วาฤทธิ

ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านกีฏวิทยา : ชีววิทยาของผึ้ง ความหลากหลายทางชีวภาพของแมลงและไร
ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, ปทุมวัน, กรุงเทพฯ 10330

*ชื่อผู้เขียนหลัก: v.sivayapram@gmail.com

แมงมุมฝาปิดโบราณในสกุล *Liphistius* Schiödte, 1849 เป็นแมงมุมที่มีลักษณะทางสัณฐานหลายประการที่จัดเป็นลักษณะที่โบราณของแมงมุมเช่น ยังคงมีการแบ่งปล้องลำตัวที่ส่วนท้องด้านบนและมีตำแหน่งของอวัยวะสร้างใยอยู่บริเวณกึ่งกลางลำตัว ในปัจจุบันแมงมุมในสกุล *Liphistius* ได้รับการจำแนกชนิดแล้วทั้งสิ้น 50 ชนิด โดยมีการกระจายพันธุ์อยู่เฉพาะในพื้นที่แถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้เท่านั้น ในประเทศไทยมีรายงานการค้นพบทั้งหมด 32 ชนิด โดยส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์เฉพาะถิ่นที่พบได้ภายในพื้นที่เดียวเท่านั้น ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความจำเพาะต่อถิ่นที่อยู่สูงในการศึกษาครั้งนี้ผู้ศึกษาได้ทำการสำรวจเก็บตัวอย่างแมงมุมสกุล *Liphistius* ทั่วประเทศเพื่อทำการศึกษาทบทวนอนุกรมวิธานและสร้างแผนที่การกระจายตัวในประเทศไทย โดยในปัจจุบันทางคณะผู้ศึกษาได้ค้นพบประชากรของแมงมุมในสกุล *Liphistius* ที่ยังไม่เคยมีรายงานการค้นพบมาก่อนในจังหวัดกำแพงเพชร สระบุรี กาญจนบุรี ชุมพร และสงขลา ซึ่งจากการศึกษาสัณฐานของตัวอย่าง *Liphistius* ที่เก็บมาได้จากจังหวัดดังกล่าว มีความเป็นไปได้ที่ตัวอย่างเหล่านี้เป็นแมงมุมชนิดใหม่ที่ยังไม่ได้มีการศึกษามาก่อน

คำสำคัญ: Liphistiinae, Arachnida

Taxonomic revision of the primitive trapdoor spider Genus *Liphistius*
(Mesothelae; Liphistiidae) in Thailand

Varat Sivayyapram*, Natapot Warrit

Center of Excellence in Entomology Bee Biology, Biodiversity of Insects and Mites,
Department of Biology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok
10330

*Corresponding author: v.sivayyapram@gmail.com

The primitive trapdoor spider of the genus *Liphistius* Schiödte, 1849 is the most primitive group of all living spiders. Liphistid spiders retain several plesiomorphic characters such as the presence of the abdominal tergite plates and the position of the spinneret on the median area of the opisthosoma. *Liphistius* currently comprises 50 described species, which are endemic to Southeast Asia. In Thailand, 32 species have been described, most of which can be found only at the type localities, exhibiting high endemism. We are currently in the process of revising *Liphistius* systematics in Thailand and providing species distributions for each taxon. Hitherto, new populations have been located in Kamphaeng Phet, Saraburi, Kanchanaburi, Chumphon, and Songkhla provinces. Distinct genital characteristics examined from individuals of such populations are unknown to science.

Keywords: Liphistiinae, Arachnida

Metarhizium species เชื้อราก่อโรคบนหนอนดั่ง ชนิดใหม่
จากป่าชุมชนบ้านเผ่าไทย จังหวัดพิษณุโลก

วาสนา น้อยศรีภูมิ ^{1,*}, สุภาพร ล้ำเลิศธน ², สุชาติ มงคลสัมฤทธิ์ ¹, รัชดา พรหมหาญ ¹,
เจนนิเฟอร์ เหลืองสอาด ¹

¹ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
อุทยานวิทยาศาสตร์ประเทศไทย อำเภอกองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

²สถานวิจัยเพื่อความเป็นเลิศทางวิชาการด้านเห็ดและรา คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร
พิษณุโลก อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 65000

*ผู้เขียนหลัก: wasana.noi@biotec.or.th

Metharhizium เป็นเชื้อราก่อโรคในแมลง ในวงศ์ Clavicipitaceae (Ascomycota, Hypocreales) ส่วนโครงสร้างสปีพันธุ์ของเชื้อรา *Metarhizium* ประกอบด้วย ก้านชูสปอร์ และสปอร์สี่เหลี่ยม ในระหว่างการสำรวจและเก็บตัวอย่างเชื้อราทำลายแมลง จากป่าชุมชนบ้านเผ่าไทย จังหวัดพิษณุโลก พบเชื้อรา *Metarhizium* ที่อยู่ในระยะสปีพันธุ์แบบอาศัยเพศและแบบไม่อาศัยเพศ ที่เข้าทำลายหนอนดั่ง ซึ่งเชื้อราในระยะสปีพันธุ์แบบอาศัยเพศ ก้านราที่มีมงกุฎเก็บสปอร์เป็นแบบกิ่งจม สปอร์มีรูปร่างเรียวยาว ส่วนระยะสปีพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ ก้านราที่มีสปอร์สี่เหลี่ยมจำนวนมากปกคลุม ส่วนปลายมีสีม่วง นอกจากนี้ได้ศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ โดยใช้ large subunit nuclear ribosomal DNA (nrLSU), translation elongation factor 1 alpha (TEF) และ RNA polymerase II largest subunit (RPB1) ในการวิเคราะห์ข้อมูล ผลการศึกษาสามารถยืนยันได้ว่าเชื้อราทั้งสองตัวอย่าง อยู่ในกลุ่มเดียวกับ *Metarhizium* ที่สร้างสปอร์สี่เหลี่ยม และมีความแตกต่างจากชนิดอื่นๆ อย่างชัดเจน ดังนั้นเชื้อราก่อโรคบนหนอนดั่งทั้งสองตัวอย่างเป็นเชื้อราชนิดใหม่ในสกุล *Metarhizium* ที่อยู่ในระยะสปีพันธุ์แบบอาศัยเพศและไม่อาศัยเพศ

คำสำคัญ: ราก่อโรคในแมลง, ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ, อนุกรมวิธาน

Metarhizium sp. new species on coleopteran larva from Ban Phao Thai
Community Forest, Phitsanulok Province

Wasana Noisripoom ^{1,*}, Supaporn Lamlerththon ², Suchada Mongkolsamrit ¹,
Rachada Promharn ¹, Janet Jennifer Luangsa-ard ¹

¹Microbe interaction and ecology Laboratory, National Center for Genetics Engineering and
Biotechnology, Thailand Science Park, Klong Luang District, Pathum Thani Province 12120

²Center of Excellence in Fungal Research Faculty of Medical Science,
Naresuan University, Phitsanulok 6500

*Corresponding author: wasana.noi@biotec.or.th

The genus *Metarhizium* is an anamorphic fungus belonging to Family Clavicipitaceae (Ascomycota, Hypocreales) which is associated with several insect orders. The reproductive structures of *Metarhizium* comprise conidiophores and greenish conidia. During a study on the biodiversity of invertebrate-pathogenic fungi at Ban Phao Thai community forest in Phitsanulok, we found the asexual and sexual morphs of *Metarhizium* infecting coleopteran larvae which were buried in the soil. The sexual morph of *Metarhizium* has a purple stroma, oblique perithecia and whole ascospores. The asexual morph produces a greenish conidial mass on the stroma and the end of a purple head. The molecular phylogeny of these two specimens was studied using large subunit nuclear ribosomal DNA (nrLSU), translation elongation factor 1 alpha (TEF) and RNA polymerase II subunit 1 (RPB1). The results confirmed that these fungi are in the core *Metarhizium* clade and distinct from other species in the genus *Metarhizium*, and present an anamorph-teleomorph link of a new species.

Keywords: invertebrate-pathogenic fungi, molecular phylogeny, taxonomy

ความหลากหลายและความสัมพันธ์ที่มีต่อแมลงเจ้าบ้านของราแมลง
Ophiocordyceps nutans ในประเทศไทย

วุฒิกกร ภู่อิสสระกุล^{1,*}, สุชาติดา มงคลสัมฤทธิ์², เจเน็ท เจนนีเฟอร์ เหลืองสอาด², ณัฐวุฒิ รุ่งจินตามัย¹

¹ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ลาดกระบัง กรุงเทพฯ 10520

²ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
(ไบโอเทค) อำเภอลาดหลุมแก้ว จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: markfox_191@hotmail.com

ราก่อโรคในแมลงหรือราแมลงมีรายงานพบตามแหล่งต่างๆ ทั่วโลก ประเทศไทยพบราแมลงหลากหลายสกุลและมีการวิจัยอย่างต่อเนื่อง การศึกษานี้ได้มุ่งศึกษาอนุกรมวิธานและความหลากหลายของรา *Ophiocordyceps nutans* (Hypocreales, Ophiocordycipitaceae) ก่อโรคกับกลุ่มมวน (Pentatomidae) ในอันดับ Hemiptera ราชชนิดนี้พบตามเศษใบไม้ที่ทับถมบนพื้นดินในป่า ราชสร้างก้านงอกออกข้างลำตัวแมลงเจ้าบ้าน ก้านสีดำหรือน้ำตาล ที่ปลายก้านสีส้มอมเหลืองหรือน้ำตาลอ่อน เก็บตัวอย่างรา *O. nutans* จากพื้นที่ป่า ได้แก่ 1) เขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าภูเขียว จังหวัดชัยภูมิ 2) ป่าชุมชนบ้านเผ่าไทย จังหวัดพิษณุโลก จำนวน 5 และ 13 ตัวอย่างตามลำดับและได้จัดจำแนกชนิดแมลงเจ้าบ้าน ศึกษาสัณฐานวิทยาได้แก่ ก้านชูสปอร์ ถุงหุ้มสปอร์ และศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระดับโมเลกุลของ Internal Transcribed Spacer (ITS) พบว่า รา *O. nutans* 3 ตัวอย่างจากเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าภูเขียวมีความจำเพาะต่อมวนชนิด *Tessaratoma papillosa* (Tessaratomidae) และมีความแตกต่างทางความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการจาก *O. nutans* จากป่าชุมชนบ้านเผ่าไทยที่มีมวนเจ้าบ้านชนิด *Dalader acuticosta* (Coreidae) และ Pentatomidae นอกจากนี้จากข้อมูลความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระดับโมเลกุลยังแสดงชัดเจนว่ารา *O. nutans* จากประเทศไทยมีความแตกต่างกับรา *O. nutans* ในญี่ปุ่นและจีน

คำสำคัญ: ราก่อโรคในแมลง, ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ, อนุกรมวิธาน

**Diversity and host relationship of an insect fungus,
Ophiocordyceps nutans, from Thailand**

Wuttikorn Pooissarakul ^{1,*}, Suchada Mongkolsamrit ², Janet Jennifer Luangsa-ard ²
Nattawut Rungjindamai ¹

¹Department of Biology, Faculty of Science, King Mongkut's Institute of Technology
Ladkrabang, Bangkok 10520

²Microbe Interaction and Ecology Laboratory, Center for Genetic Engineering and
Biotechnology (BIOTEC), Klong Luang, Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: markfox_191@hotmail.com

Invertebrate-pathogenic fungi have been reported worldwide from different geographical locations and habitats. In Thailand, numerous genera of insect fungi have been collected and studied. In this study, we report on the taxonomy and diversity of *Ophiocordyceps nutans* (Hypocreales, Ophiocordycipitaceae) associated with stink bugs (Pentatomidae, Hemiptera). This fungal species can be found in the leaf litter or buried in the soil. It produces a stroma which emerges from the body of its insect host. The color of the stalks is brown to blackish brown. The fertile heads are yellowish orange or brownish yellow. The fungal specimens were collected from 1) Phu Khieo Wildlife Sanctuary, Chaiyaphum Province, and 2) Ban Phao Thai Community Forest, Phitsanulok Province. Five and thirteen specimens of *O. nutans* were collected from these two sites, respectively, and their insect hosts were identified. Their morphological features of fertile head, perithecia, asci and ascospores were studied. A total of 12 strains of *O. nutans* were phylogenetically studied. A preliminary result of the molecular analysis based on the internal transcribed spacer (ITS) regions shows that four strains of *O. nutans* from Phu Khieo Wildlife Sanctuary infecting *Tessarotoma papillosa* (Tessaratomidae) are phylogenetically distinct from the strains collected in Ban Phao Thai Community Forest infecting *Dalader acuticosta* (Coreidae) and Pentatomidae. Additionally, the molecular phylogeny shows that *O. nutans* from Thailand is distinct from strains reported in Japan and China.

Keywords: invertebrate-pathogenic fungi, molecular phylogeny, taxonomy

ความหลากหลายของเชื้อแบคทีเรีย *Bacillus* spp. ที่ควบคุมโรคเหี่ยวเหลือง และการส่งเสริมการเติบโตของมะเขือเทศ

ศิริรัตน์ ศิริพรวิศาล^{1,2}, วิเชียร กิจปรีชาวนิช^{2*}

¹คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏพระนครศรีอยุธยา พระนครศรีอยุธยา 13000

²ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10330

*ผู้เขียนหลัก: fsciwck@ku.ac.th

ได้คัดเลือก *Bacillus* spp. 20 ไอโซเลทที่จากทั้งหมดจำนวน 213 ไอโซเลท ที่มีประสิทธิภาพในการยับยั้งสูงต่อเชื้อรา *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* ซึ่งเป็นเชื้อสาเหตุของโรคเหี่ยวเหลืองในมะเขือเทศในกะบะปลูก เชื้อ *Bacillus* spp. 20 ไอโซเลทที่คัดเลือกสามารถแบ่งออกเป็น 12 กลุ่ม ตามสมบัติด้านการควบคุมโรคพืช ความสามารถในการผลิตเอ็นไซม์ย่อยสลายองค์ประกอบผนังเซลล์เชื้อรา และลักษณะการส่งเสริมการเจริญเติบโตของพืช ซึ่งประกอบด้วย การสลายฟอสเฟต การสร้างกรดอินโดลอะซิติก การผลิตสารซิเดอโรฟอรั การเจริญในอาหารที่ปราศจากไนโตรเจน การสร้างสารพอลิแกมมาไกลูตาเมต การสร้างสารระเหยที่ส่งเสริมการเจริญเติบโตของพืช และการสร้างไบโอฟิล์ม พบว่าเชื้อแบคทีเรียจำนวน 3 ไอโซเลท ได้แก่ PGA106 KMS17 และ BMG4 ให้ผลในการควบคุมโรคและส่งเสริมการเจริญเติบโตของมะเขือเทศได้สูงสุด เมื่อระบุชนิดโดยวิธีวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าเชื้อแบคทีเรียดังกล่าวมีลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16s rDNA คล้ายคลึงกับเชื้อ *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* (99%) *Bacillus tequilensis* (99%) และ *Bacillus megaterium* (99%) ตามลำดับ

คำสำคัญ: *Bacillus*, โรคเหี่ยวเหลือง, มะเขือเทศ

Diversity of *Bacillus* spp. which control yellow wilt disease and growth promotion in tomato

Sirirat Siripornvisal^{1,2}, Vichien Kitpreechavanich^{2,*}

¹Faculty of Science and Technology, Phranakhon Si Ayutthaya Rajabhat University

²Department of Microbiology, Faculty of Science, Kasetsart University

*Corresponding author: fsciwck@yahoo.com

Twenty out of 213 isolates of *Bacillus* spp. were selected for their high efficiency against *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, the causal agent of yellow wilt in pot experiments. The isolates can be categorized into 12 groups based on their biocontrol, cell wall degrading enzyme production and plant growth promotion traits, e.g. phosphate solubilization, production of indole acetic acid, production of siderophores, growth in N-free medium, production of poly- γ -glutamic acid, production of plant growth promotion volatiles, and biofilm formation. Three selected isolates, PGA106, KMS17 and BMG4, showed the highest activity in disease control and growth promotion in tomato in pot experiments. The analysis of sequencing of the 16s rDNA gene revealed that strains PGA106, KMS17 and BMG4 were closely related to *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *Plantarum* (99%), *Bacillus tequilensis* (99%) and *Bacillus megaterium* (99%), respectively.

Keywords: *Bacillus*, yellow wilt disease, tomato

การวิเคราะห์รูปแบบแอฟโพลไทป์ของจระเข้ไทยและจระเข้ น้ำเค็ม ที่เลี้ยงภายในฟาร์มประเทศไทย

สรวิศ ลากเบญจกุล^{1,2}, วัชรภรณ์ สุภาพนา^{1,2,3}, ภานุพนธ์ ถวิลประวีติ¹, ณรงฤทธิ์ เมืองใหม่^{2,4},
ฐิติ กาญจนเขตต์⁵, ยศพงษ์ เต็มศิริพงษ์⁶, ศศิมนัส อุดจักษ์⁷, เกียรติทวี ชูวงศ์โกมล^{3,7},
สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล^{1,3,8}, ครศรี ศรีกุลนาถ^{1,2,3,*}

¹ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์เซลล์ และการเปรียบเทียบจีโนม ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์²

เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์ และพันธุศาสตร์สัตว์³สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

และ⁴ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10330

⁵สาขาวิชาพันธุศาสตร์ ภาควิชาวิทยาศาสตร์ คณะศิลปศาสตร์และวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม⁶บริษัท ศรีราชาโม้ด้า จำกัด ชลบุรี

⁷ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10330

⁸ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 65000

*ผู้เขียนหลัก: kornsorn.s@ku.ac.th

ปัจจุบันจระเข้ไทยและจระเข้ น้ำเค็มส่วนใหญ่สามารถพบได้ตามฟาร์มจระเข้ทั่วไป ซึ่งจระเข้
ทั้งสองชนิดนี้มีโอกาสผสมพันธุ์เกิดเป็นจระเข้ชนิดลูกผสมได้ อีกทั้งยังถูกจัดอยู่ใน
อนุสัญญาไซเตสเกิดการจำกัดทั้งในการเคลื่อนย้ายหรือค้าขายส่งออกระหว่างประเทศ
ด้วยเหตุนี้การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของจระเข้ไทยและจระเข้ น้ำเค็มจึงเป็นสิ่งสำคัญ
ในการแก้ปัญหาเหล่านี้ จระเข้ 69 ตัวอย่างถูกจัดเก็บมาจากฟาร์มจระเข้ทั่วประเทศเพื่อใช้ในการ
ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับเบสในส่วนไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอดีลูป
(D-loop) ผลที่ได้ในกลุ่มของจระเข้ไทยพบรูปแบบแอฟโพลไทป์อยู่ที่ 35 แอฟโพลไทป์
มีความหลากหลายของแอฟโพลไทป์และความหลากหลายของลำดับเบสอยู่ที่ 0.924 ± 0.031
และ 0.03091 ± 0.00870 ในส่วนของกลุ่มจระเข้ น้ำเค็มพบรูปแบบแอฟโพลไทป์อยู่ที่
14 แอฟโพลไทป์ มีความหลากหลายของแอฟโพลไทป์และความหลากหลายของลำดับเบสอยู่ที่
 0.971 ± 0.032 และ 0.02116 ± 0.00579 อีกทั้งแผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของจระเข้
ทั้ง 2 ชนิดนี้แยกกลุ่มกันอย่างชัดเจน ผลการทดลองที่ได้ถือเป็นจุดเริ่มต้นสำคัญในการจัดกลุ่มจระเข้
ที่เลี้ยงภายในฟาร์มทั่วประเทศไทยและอาจส่งผลกระทบต่อ การเปลี่ยนแปลงอนุสัญญาไซเตสภาย
ในอนาคตอันใกล้ได้

คำสำคัญ: จระเข้ไทย, จระเข้ น้ำเค็ม, การวิเคราะห์รูปแบบแอฟโพลไทป์

Haplotype analysis of captive Siamese crocodile (*Crocodylus siamensis*) and saltwater crocodile (*Crocodylus porosus*) in Thailand

Sorravis Lapbenjakul^{1,2}, Watcharaporn Thapana^{1,2,3}, Panupon Twilprawat¹,
Narongrit Muangmai^{2,4}, Thiti Kanchanaketu⁵, Yosapong Temsiripong⁶,
Sasimanas Unajak⁷, Kiattawee Choowongkorn^{3,7}, Surin Peyachoknagul^{1,3,8},
Kornsorn Srikulnath^{1,2,3,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics (ACCG), Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University

²Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG - KU),

³Center for Advanced Studies in Tropical Natural Resources, National Research University-Kasetsart University, Kasetsart University, Bangkok 10900, Thailand (CASTNAR, NRU-KU,

Thailand) ⁴Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ⁵Division of Genetics, Department of Science, Faculty of Liberal

Arts and Science, Kasetsart University (Kamphaeng Saen Campus), Nakhon Pathom, 73140

⁶Sriracha Moda Co., Ltd., Sriracha, Chonburi 20110 ⁷Department of Biochemistry, Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ⁸Department of Biology, Faculty

of Science, Naresuan University, Phitsanulok 65000

*Corresponding author; e-mail: kornsorn.s@ku.ac.th

Siamese crocodile (*Crocodylus siamensis*) and saltwater crocodile (*C. porosus*) are mainly found in captivity, which leads to a possibility of interspecific hybridization. The trade of specimens among Thai crocodile farms is of concern in the context of CITES regulations. Evaluation of genetic diversity of captive crocodiles of *C. siamensis* and *C. porosus* is needed. Sixty-nine crocodile specimens were collected to determine nucleotide diversity using mitochondrial DNA D-loop sequences. The results showed 35 haplotypes for Siamese crocodile with haplotype diversity and nucleotide diversity of 0.924 ± 0.031 (SD) and 0.03091 ± 0.00870 (SD). Saltwater crocodile showed 14 haplotypes with haplotype diversity and nucleotide diversity of 0.971 ± 0.032 (SD) and 0.02116 ± 0.00579 (SD), respectively. The phylogenetic clustering analyses showed that each haplotype of Siamese crocodile or saltwater crocodile form a monophyletic group. This will be a promising step to demonstrate crocodile specimen lineages or groups in captivity and make a benefit for changing a context of CITES regulations in Thailand in the near future.

Keywords: *Crocodylus siamensis*, *Crocodylus porosus*, haplotype analysis

ราปนเปื้อน และรายงานราที่พบจากการดำเนินงานรับบริการคัดแยกและจัดจำแนกรา

สลิลภาพ นวลแก้ว^{1,*}, ทักษพร ธรรมรักษ์เจริญ¹, อัมพวา ปิ่นเรือน¹, เจเนท เจนนิเฟอร์ เหลืองสะอาด¹,
 นัฐวุฒิ บุญยืน²

¹ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา และ ²ห้องปฏิบัติการความหลากหลายทางชีวภาพ
 ของรา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ อําเภอลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

* ผู้เขียนหลัก: salilaporn.nua@biotec.or.th

ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ(ไบโอเทค) มีนักวิจัยที่มีความเชี่ยวชาญในการคัดแยก และการจัดจำแนกรา โดยใช้เทคนิคทางอณูชีววิทยาเพื่อตอบโจทย์ลูกค้าที่ต้องการระบุบ่งชี้ชนิดของรา และเป็นส่วนหนึ่งในการช่วยสนับสนุนงานวิจัยในหน่วยงานต่างๆ การศึกษาครั้งนี้แสดงรายงานราที่พบในงานบริการของศูนย์ชีววัสดุแห่งประเทศไทย (TBRC) ซึ่งมาจากลูกค้า 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มบริษัทเอกชน คิดเป็น 40%, หน่วยงานของรัฐ 23%, หน่วยงานทางการศึกษา 20% และกลุ่มบุคคลทั่วไป 17% โดยตัวอย่างราที่ผู้ขอรับบริการส่งเข้ามาจัดจำแนกรามากที่สุด ได้แก่ ราสกุล *Aspergillus*, *Colletotrichum*, *Penicillium*, *Trichoderma*, และ *Phomopsis* คิดเป็น 29.2, 9.9%, 9.3%, 6.6% และ 3.9% ตามลำดับ นอกจากนี้ ราปนเปื้อน 5 ชนิดแรกที่พบบ่อยที่สุดในงานบริการทั้งจากการคัดแยกและการจัดจำแนก คือ *Aspergillus arenarioides*, *Aspergillus penicillioides*, *Penicillium oxalicum*, *Cladosporium halotolerans* และ *Trichoderma harzianum* จากผลการดำเนินงาน 4 ปีที่ผ่านมา (ปี พ.ศ.2557-2560) ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา และห้องปฏิบัติการความหลากหลายของรา ร่วมกับ TBRC สามารถรายงานผลการจัดจำแนกราที่ถูกต้อง แม่นยำ สร้างความเชื่อมั่นให้กับผู้ขอรับบริการในประเทศไทยมาแล้วกว่า 100 ราย

คำสำคัญ : ศูนย์ชีววัสดุแห่งประเทศไทย, อณูชีววิทยา, ลูกค้า

Fungal notes and contaminants detected via BIOTEC's fungal isolation and identification services

Salilaporn Nuankaew^{1,*}, Tuksaporn Thummarukcharoen¹, Umpava Pinruan¹, Janet Jennifer Luangsa-ard¹, Nattawut Boonyuen²

¹Microbe Interaction and Ecology laboratory (BMIE) and ²Fungal biodiversity laboratory (BFBD) Khlong Luang District, Pathum Thani Province 12120

*Corresponding author: salilaporn.nua@biotec.or.th

At the National center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), we specialize in fungal isolation, identification and verification, to support potential customers, i.e. research organizations and a whole range of industries. The aims of this study were to show fungal records reported through the Microbial Identification Service of Thailand in the Bioresource Research Center (TBRC). Four main types of clients, including private companies (40%), government agencies (23%), academic institutes (20%) and personal customers (17%), were recorded. Most of the identified fungi belonged to *Aspergillus*, *Colletotrichum*, *Penicillium*, *Trichoderma* and *Phomopsis*, with 29.2%, 9.9%, 9.3%, 6.6%, and 3.9%, respectively. Additionally, the five most frequent contaminant species isolated and identified were *Aspergillus arenarioides*, *A. penicillioides*, *Penicillium oxalicum*, *Cladosporium halotolerans*, and *Trichoderma harzianum* based on the DNA sequence data. Over the last 4 years (in 2014-2017), our mycologists from Microbe Interaction & Ecology and Fungal Biodiversity Laboratories collaborated with TBRC, and have tested and identified more fungi than any other company or Thai service laboratory. This has allowed us to provide accurate and reliable fungal identification service to more than 100 customers in Thailand.

Keywords: TBRC, molecular identification, customer

ความหลากหลายทางชนิดพันธุ์ของราทะเลในจังหวัดสตูล

สาทิณี ซื่อตรง^{1,*}, ลีดา ปริदानนท์¹, อนุพงศ์ คล้ายสุบรรณ¹, จริยา สากยโรจน์¹, พนิดา อุนะกุล¹
 วรรณมา กันตุลย์², อรพิน พระเจริญ², วร็ทยา พรหมชู², ทนุวงศ์ แสงเทียน²

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ, อุทยานวิทยาศาสตร์ประเทศไทย, อำเภอลาดหลุม,
 จังหวัดปทุมธานี 12120

²กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง ศูนย์ราชการเฉลิมพระเกียรติ, หลักสี่ กรุงเทพฯ 10210

*ผู้เขียนหลัก: satinee.sue@biotec.or.th

การศึกษาความหลากหลายทางชนิดพันธุ์ของราทะเลจากชิ้นตัวอย่างเศษไม้จากพื้นที่วิจัย 3 บริเวณในจังหวัดสตูล (บริเวณที่ 1 ป่าโกงกางศูนย์ส่งเสริมการเรียนรู้และพัฒนาทรัพยากรป่าชายเลนที่ 5 บริเวณที่ 2 และ 3 สถานีพัฒนาทรัพยากรป่าชายเลนที่ 37 และ 36 ตามลำดับ) จากชิ้นตัวอย่างเศษไม้จำนวน 448 ชิ้นตัวอย่าง พบราทะเลทั้งสิ้น 57 ชนิด จัดเป็นราในกลุ่มแอสโคไมโคตทา 55 ชนิด (96%) ราในกลุ่มเบสิดิโอไมโคตทา 1 ชนิด (1%) และราที่สืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ 2 ชนิด (3%) ค่าเฉลี่ยของความถี่ในการพบราทะเลอยู่ในช่วง 0.22–12.95 เปอร์เซ็นต์ การศึกษาครั้งนี้พบราทะเลที่พบบ่อย (ตั้งแต่ร้อยละ 1–9) จำนวน 33 ชนิด ราทะเลที่พบบ่อยมากที่สุดอันดับแรกได้แก่ *Ascocratera manglicola* (ร้อยละ 27.48) รองลงมา คือ *Rimora mangrovei* (ร้อยละ 16.55), *Dactylospora haliotrepha* (ร้อยละ 15.17) และอันดับสุดท้าย *Verruculina enalia* (ร้อยละ 11.8) การเปรียบเทียบความแตกต่างของราทะเลในแต่ละพื้นที่วิจัยพบว่า มีราทะเล 15 ชนิดที่พบทั้งสามพื้นที่วิจัย ได้แก่ *Aniptodera* sp., *Ascocratera manglicola*, *Caryosporella rhizophorae*, *Dactylospora haliotrepha*, *D. mangrovei*, *Kallichroma tethys*, *Lulworthia grandispora*, *Lulworthia* sp., *Nemamia maritima*, *Quintaria lignatilis*, *Rimora mangrovei*, *Saagaromyces glitira*, *S. ratnagiriensis*, *Salsuginea ramicola* และ *Verruculina enalia* การวิจัยในครั้งนี้พบเชื้อราทะเลที่มีรายงานการค้นพบน้อยครั้งในประเทศไทยอีก 2 ชนิด คือ *Aigialus striatispora* และ *Paraliomyces lentifer* นอกเหนือจากที่กล่าวมาแล้วยังค้นพบราทะเลชนิดใหม่ (new species) คือ *Dyfrulomyces thailandensis* ในป่าโกงกางบริเวณสถานีพัฒนาทรัพยากรป่าชายเลนที่ 36 อีกด้วย

คำสำคัญ: ราทะเล, สตูล, ความหลากหลายทางชนิดพันธุ์

Species diversity of marine fungi from Satun Province, southern Thailand

Satinee Suetrong^{1,*}, Sita Preedanon¹, Anupong Klaysuban¹, Jariya Sakayaroj¹,
Panida Unagul¹, Wanna Gundool², Oraphin Pracharoen², Warattaya Promchu²,
Tanuwong Sangtian²

¹National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, Thailand Science Park, Klong
Luang District, Pathum Thani Province 12120

²Department of Marine and Coastal Resources, Laksi, Bangkok 10210

*Corresponding author: satinee.sue@biotec.or.th

Species diversity of marine fungi on mangrove woods was investigated from three collecting sites in Satun Province: (Site 1, Mangrove Forest Learning and Development Center 5, and Sites 2 and 3, Mangrove Forest Resource Development Station 37 and 36). A total of 57 fungal species were recorded. These included 55 Ascomycota (96%), 1 Basidiomycota (1%) and 2 asexual fungi (3%). Average percentage occurrence of fungi recorded ranged from 0.22–12.95%. Thirty-three fungi were common fungi (1-9%). The four most frequently found fungi were *Ascocratera manglicola* (27%), *Rimora mangrovei* (17%), *Dactylospora haliotrepha* (15%), and *Verruculina enalia* (12%), respectively. Comparative study recorded 15 fungi found from all three areas including *Aniptodera* sp., *Ascocratera manglicola*, *Caryosporella rhizophorae*, *Dactylospora haliotrepha*, *D. mangrovei*, *Kallichroma tethys*, *Lulworthia grandispora*, *Lulworthia* sp., *Nemamia maritima*, *Quintaria lignatilis*, *Rimora mangrovei*, *Saagaromyces glitra*, *S. ratnagiriensis*, *Salsuginea ramicola* and *Verruculina enalia*. In the present study, *Aigialus striatipora* and *Paraliomyces lentifer* were recorded as rare fungi in Thailand. Moreover, *Dyffrolomyces thailandensis* sp. nov. is recorded, described and illustrated as new from mangrove forest at Mangrove Forest Resource Development Station 36.

Keywords: marine fungi, Satun, species diversity

ราทะเลชนิดหายากและ รายงานการค้นพบเป็นครั้งแรกในประเทศไทย

ลิตา ปรีดานนท์¹, สาทีนี ซื่อตรง¹, อนุพงศ์ คล้ายสุบรรณ¹, พิษยา เกศแก้ว³, วร็ทยา พรหมชู²,
วรรณมา ก้นดูลย์², ทนวงศ์ แสงเทียน², จริญญา สากยโรจน์¹

¹ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ, อำเภอลาดหลุมแก้ว จังหวัดปทุมธานี 12120

²กรมทรัพยากรทางทะเลและชายฝั่ง, กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม, หล้าสี่ กรุงเทพฯ 10210

³ภาควิชาจุลชีววิทยา, คณะวิทยาศาสตร์, มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110

*ผู้เขียนหลัก: sita.pre@biotec.or.th

จากการสำรวจราทะเลในพื้นที่ทางภาคใต้ของประเทศไทยโดยเฉพาะจังหวัดประจวบคีรีขันธ์ ค้นพบราทะเลสายพันธุ์ที่หายากและที่ไม่เคยมีรายงานการค้นพบในประเทศไทยมาก่อน ซึ่งคัดแยกได้จากซากไม้ป่าชายเลน ตัวอย่างเช่น *Iwilsoniella rotunda* E.B.G. Jones (1991), *Sedecimiella taiwanensis* K.L. Pang, Alias & E.B.G. Jones (2010) และ *Thalassogena sphaerica* Kohlm. & Volkm.-Kohlm. (1987) เป็นต้น จากรายงานก่อนหน้านี้นี้ได้มีรายงาน การกระจายตัวของราทะเลสกุลเหล่านี้จาก ประเทศ ต่างๆ เช่น เบลีซ สหราชอาณาจักร ไต้หวัน และจีน เป็นต้น โดยในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้ได้ทำการจัดจำแนก ระบุสกุลและชนิดของราทะเล ด้วยการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา และจัดจำแนกด้วยข้อมูลทางพันธุกรรม โดยวิเคราะห์ลำดับ เบส 28S rDNA พบว่าเป็นราในไฟลัมแอสโคไมโคตตา (ascomycota) จัดเป็นราที่อยู่ในคลาส Sordariomycetes และกระจายอยู่ในอันดับ Hypocreales และ Microascales จากผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา ข้อมูลทางพันธุกรรม และจากการทบทวนบทความวิจัยก่อนหน้านี้นี้ แสดงให้เห็นว่าระบบนิเวศทางทะเลของภาคใต้ของประเทศไทยมีความหลากหลายทางชีวภาพของราทะเล โดยพบทั้งราทะเลที่หาได้ยาก รวมถึงเป็นการรายงานการพบครั้งแรกในประเทศไทย

คำสำคัญ: ราทะเล, สกุลหายาก, ป่าชายเลน

Noteworthy and rare marine ascomycetes reported for Thailand

Sita Preedanon^{1,*}, Satinee Suetrong¹, Anupong Klaysuban¹, Pitchaya Kedkaew³,
Waratthaya Promchoo², Wunna Gundool², Tanuwong Sangtjean², Jariya Sakayaroj²

¹ National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), Klong Luan Destrict,
Pathum Thani Province 12120

² Ministry of Natural Resources and Environment, Department of Marine and Coastal
Resources, Laksri, Bangkok 10210

³ Department of Microbiology, Faculty of Science, Prince of Songkla University, Hat Yai
Destrict, Songkla Province 90110

*Corresponding author: sita.pre@biotec.or.th

In an ongoing biodiversity survey of marine fungi in Prachuap Khirikhan Province, three ascomycetes were found on decaying intertidal mangrove wood and firstly reported in Thailand. These included *Iwilsoniella rotunda* E.B.G. Jones (1991), *Sedecimiella taiwanensis* K.L. Pang, Alias & E.B.G. Jones (2010) and *Thalassogena sphaerica* Kohlm. & Volkm.-Kohlm. (1987), etc. These generawere earlier reported from Belize, U.K., Taiwan, China and Malaysia. Based on their unique morphological features, the molecular taxonomy was performed through DNA sequence analyses of large subunit (LSU) rDNA. The molecular results confirmed their taxonomic position in the Sordariomycetes and distributed into two orders, the Hypocreales and Microascales. The morphological and molecular phylogenetic studies reveal that Thailand harbors high diversity of marine ascomycetes. Many of them have been reported as rare in marine environment new records for the country.

Keywords: marine fungi, rare genus, mangrove

ข้อมูลทางชีวโมเลกุลยืนยันการพบ *Cantharocybe virosa*: เห็ดในกลุ่มอาการ Gastrointestinal Irritant (GI) ที่รายงานครั้งแรกในประเทศไทย

สิทธิพร ปานเม่น*, สุจิตรา ลิกพันธ์, ศิริวรรณ ลีอดัง, สุดารัตน์ จันทะพร, ณัฐพงศ์ นันทชัยพงศ์,
ชุตินณัฐ อุตวิชัย, อภิวิญญู ธวัชสิน

ศูนย์พิษวิทยา, สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข, กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์, อำเภอเมือง,
จังหวัดนนทบุรี 11000

*ผู้เขียนหลัก: sittiporn.p@dmsc.mail.go.th

การระคายเคืองระบบทางเดินอาหารเป็นรูปแบบอาการพิษที่พบบ่อยจากการรับประทานเห็ดพิษ ซึ่งอาการดังกล่าวจะเกิดขึ้นในช่วง 20 นาทีแรกถึง 2 หรือ 6 ชั่วโมงหลังจากเข้าสู่ระบบทางเดินอาหาร ฐานข้อมูลของศูนย์พิษวิทยาที่ทำการวิเคราะห์สารพิษจากเห็ดพิษในช่วง 7 ปีที่ผ่านมา พบว่าเป็นเห็ดพิษที่ก่อให้เกิดอาการระคายเคืองระบบทางเดินอาหารร้อยละ 76 เห็ดพิษที่สร้างสาร Amanitins ร้อยละ 14 และเห็ดพิษที่สร้างสาร Muscarine ร้อยละ 10 ตามลำดับ โดยเห็ดพิษที่ก่อให้เกิดอาการระคายเคืองระบบทางเดินอาหารพบมากที่สุด ดังนั้น การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อระบุชนิดเห็ดพิษที่เป็นสาเหตุทำให้เกิดการระคายเคืองระบบทางเดินอาหารโดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณหน่วยใหญ่ของยีนไรโบโซมมัลอาร์เอ็นเอ ผลจากการวิเคราะห์พบความเหมือนข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเห็ดพิษที่เป็นสาเหตุทำให้เกิดการระคายเคืองระบบทางเดินอาหารกับเห็ดสกุล *Cantharocybe* ผลจากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระดับโมเลกุลโดยวิธี Maximum likelihood ยืนยันเห็ดพิษที่เป็นสาเหตุทำให้ผู้ป่วยเกิดอาการระคายเคืองระบบทางเดินอาหารได้แก่ *Cantharocybe virosa* ซึ่งเห็ดชนิดนี้ไม่เคยมีรายงานการเกิดพิษมาก่อนในประเทศไทย

คำสำคัญ: *Cantharocybe*, หน่วยใหญ่ของยีนไรโบโซมมัลอาร์เอ็นเอ, Maximum likelihood

Molecular confirmation of the presence of *Cantharocybe virosa*,
a gastrointestinal irritant (GI) mushroom in Thailand

Sittiporn Parnmen*, Sujitra Sikaphan, Siriwan Leudang, Nattaphong Nantachaiphong,
Sudarat Juntaporn, Chutimon Uttawichai, Apiwat Tawatsin

Toxicology Center, National Institute of Health, Department of Medical Sciences,
Mueang District, Nonthaburi Province 11000

*Corresponding author: sittiporn.p@dmsc.mail.go.th

The most frequent type of mushroom poisoning is gastrointestinal irritation (GI). GI symptoms occur within the first 20 minutes to six hours after ingestion. Based on our Toxicology Center database, we analyzed toxic substances following poisonous mushroom ingestion during a 7-year period. Most samples were identified as GI mushrooms (76%), amanitin-containing mushrooms (14%) and muscarine-containing mushrooms (10%). The number of GI mushroom ingestions were found at a very high percentage. Hence, the aim of this study was to identify the suspect cases of GI mushrooms using DNA sequence analysis of the large subunit of nuclear ribosomal RNA (nuLSU). Our results revealed a high similarity between GI mushroom samples and the genus *Cantharocybe*. The phylogenetic tree obtained from maximum likelihood analysis confirmed that the mushrooms ingested by patients were *Cantharocybe virosa*. The presence of *C. virosa* has been reported in Thailand for the first time.

Keywords: *Cantharocybe*, large subunit of nuclear ribosomal RNA, maximum likelihood

รายงานการพบครั้งแรกของรา *Pseudogibbellula formicarum* เป็นปรสิตร
บนรา *Hirsutella* sp. จากสวนผลไม้เกษตรอินทรีย์ในประเทศไทย

สิรภพ ปุมิภูติกุล^{1,*}, สุชาติดา มงคลสัมฤทธิ์², สุภาพร ลำเลิศธน², เจเน็ท เจนนีเฟอร์ เหลืองสอาด³

¹ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนครสวรรค์ และ ²สถานวิจัยเพื่อความเป็นเลิศทาง
วิชาการด้านเห็ดและรา คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนครสวรรค์ อำเภอเมือง
จังหวัดพิษณุโลก 65000

³ห้องปฏิบัติการปฏิสัมพันธ์ของจุลินทรีย์และนิเวศวิทยา ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
(ไบโอเทค), สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) อำเภอคลองหลวง
จังหวัดปทุมธานี 12120

*ผู้เขียนหลัก: siraphop.pumiputikul@gmail.com

ราก่อโรคบนแมลงสกุล *Pseudogibbellula* (Mains) Samson & Evans (Ascomycetes, Hypocreales, Cordycipitaceae) เป็นราระยะสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ ราในสกุลนี้มีราเพียงหนึ่งสายพันธุ์คือ *Pseudogibbellula formicarum* เข้าก่อโรคกับแมลงเจ้าบ้านที่จัดอยู่ในอันดับต่างๆ เช่น Coleoptera, Hemiptera, Hymenoptera รวมทั้งแมงมุม (Arachnida) การสำรวจราก่อโรคบนแมลงจากสวนผลไม้เกษตรอินทรีย์ช่วงฤดูร้อนในจังหวัดสมุทรสงครามพบราในสกุล *Pseudogibbellula* เป็นราปรสิตรที่เจริญบนรากุ่ม *Hirsutella* sp. (Ascomycetes, Hypocreales, Ophiocordycipitaceae) มีแมลงเจ้าบ้านเป็นเพลี้ยกระโดดและพบตามใต้ใบของต้นส้มโอ โดยรา *Pseudogibbellula* สร้างก้านชูสปอร์หรือ conidiophores จำนวนมากบนเส้นใยของรา *Hirsutella* sp. การจัดจำแนกชนิดของราทั้งในระดับสกุลและสายพันธุ์ได้ทำการศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระดับโมเลกุลของ rDNA-internal transcribed spacer (ITS) และเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลใน NCBI พบว่าราก่อโรคบนแมลงที่สำรวจพบครั้งนี้ถูกจัดจำแนกเป็นรา *P. formicarum* นอกจากนี้จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของรา *Pseudogibbellula* จะมีการสร้างก้านชูสปอร์บนเส้นใยที่ขึ้นปกคลุมแมลงเจ้าบ้าน โดยมี conidiogenous cells ที่ปลายของ conidiophores และส่วน phialides มีลักษณะเป็นรูปขวดไปจนถึงทรงกระบอก มีการสร้าง conidia แบบเดี่ยวรูปร่างเป็นหยดน้ำ การศึกษานี้เป็นรายงานสำรวจพบราก่อโรคบนแมลง *Pseudogibbellula formicarum* เป็นครั้งแรกในประเทศไทย

คำสำคัญ: ราก่อโรคบนแมลง, molecular phylogeny, สันฐานวิทยา

**A new record of *Pseudogibbellula formicarum*, a hyperparasite of
Hirsutella sp. from organic fruit orchard in Thailand**

Siraphop Pumiputikul^{1,*}, *Suchada Mongkolsamrit*³, *Supaporn Lamlertthon*^{1,2},
*Janet Jennifer Luangsa-ard*³

¹*Department of Microbiology and Parasitology, Faculty of Medical Science, Naresuan University, Mueang Destrict, Phitsanulok Province 65000*

²*Centre of Excellence in Fungal Research, Faculty of Medical Science, Naresuan University, Mueang Destrict, Phitsanulok Province 65000*

³*Microbe Interaction and Ecology Laboratory, The Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), Klong Luang Destrict, Pathum Thani Province 12120*

**Corresponding author: siraphop.pumiputikul@gmail.com*

The Genus *Pseudogibbellula* (Mains) Samson & Evans (Ascomycetes, Hypocreales, Cordycipitaceae) was determined to be anamorphic. This genus has a single species, *Pseudogibbellula formicarum*, which is associated with insects in the orders Coleoptera, Hemiptera and Hymenoptera, in addition to spiders (Arachnida). A survey of invertebrate-pathogenic fungi has been carried out in an organic fruit orchard during the summer season in Samut Songkhram Province. We found a fungal species parasitizing on *Hirsutella* sp. (Ascomycetes, Hypocreales, Ophiocordycipitaceae) associated with leafhoppers on the undersides of *Citrus maxima* (Rutaceae) leaves. This fungus produced numerous white conidiophores on mycelium of *Hirsutella* sp. The genus and species were confirmed using molecular phylogenetic analysis. The rDNA-internal transcribed spacer (ITS) sequence data were compared using the BLAST search engine in the NCBI database. This fungal species was identical with *P. formicarum*. Additionally, their morphological features are placed in *Pseudogibbellula* by having conidiophores that arise from the mycelium covering the insect host and conidiogenous cells occurring at the end of conidiophores. Phialides are flask-shaped to cylindrical. Conidia are solitary, cylindrical and tapering at one end. This is a new record for this fungal species in Thailand.

Keywords: invertebrate pathogenic fungi, molecular phylogeny, morphology

พันธกรรมของปลาทุประชากรอ้างอิงเพื่อการจัดการประมงอย่างยั่งยืนบริเวณอ่าวไทย

สิริธร กิ่งเส็ง¹, วิวัฒน์ บัญยง², อัครพงษ์ สวัสดิพงษ์¹

¹ ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

² ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงอ่าวไทยตอนบน (สมุทรปราการ), กรมประมง, กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, อำเภอพระประแดง, จังหวัดสมุทรปราการ 10130

*ผู้เขียนหลัก: rainbow.wa29@gmail.com

ปลาทุเป็นสัตว์ทะเลที่มีคุณค่าทางเศรษฐกิจเป็นอย่างมาก จากการใช้ประโยชน์ทรัพยากรปลาทุที่เพิ่มขึ้น และอาจขาดการจัดการประมงที่เหมาะสม ส่งผลให้ปลาทุในธรรมชาติมีปริมาณลดน้อยลงตามลำดับ การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาประชากรปลาทุจาก 5 แหล่งผสมพันธุ์ คือ บริเวณชายฝั่งทะเลจังหวัดสมุทรสงคราม ประจวบคีรีขันธ์ สุราษฎร์ธานี ตราด และปัตตานี เพื่อใช้เป็นประชากรอ้างอิงของปลาทุในอ่าวไทย การวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุกรรมของปลาทุประชากรอ้างอิง 202 ตัว โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง พบว่าทั้ง 5 ประชากรอ้างอิงมีค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ($H_E = 0.64$, $H_o = 0.51$ และ $A_R = 5.12$) โดยประชากรอ้างอิงสมุทรสงคราม สุราษฎร์ธานี ตราด และปัตตานี มีความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน และสูงกว่าประชากรอ้างอิงประจวบคีรีขันธ์ ทุกประชากรอ้างอิงมีการเบี่ยงเบนไปจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($p < 0.01$) ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าทั้ง 5 ประชากรมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติอยู่ในระดับปานกลางค่อนข้างไปทางสูง (global $F_{ST} = 0.103$) มีการถ่ายเทพันธุกรรมในระดับปานกลางค่อนข้างไปทางต่ำระหว่างประชากร ข้อมูลที่ได้นี้สามารถนำไปใช้สนับสนุนมาตรการปิดอ่าวไทยบางบริเวณในฤดูผสมพันธุ์ของปลาทุ เพื่อการทำประมงปลาทุอย่างยั่งยืน

คำสำคัญ: ปลาทุ, ไมโครแซทเทลไลท์, อ่าวไทย

Genetic baseline for sustainable fishery management of short mackerel,
Rastrelliger brachysoma (Bleeker, 1851) in the Gulf of Thailand

Sirithorn Kongsang^{1,*}, Wiwattanan Boonyoung², Akarapong Swatdipong¹

¹Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok 10900

²Upper Gulf Marine Fisheries Research and Development Center (Samut Prakan)

Department of Fisheries, Ministry of Agriculture and Cooperatives, Prapadaeng District,

Samutprakan Province 10130

*Corresponding author: rainbow.wa29@gmail.com

Short mackerel, *Rastrelliger brachysoma* (Bleeker, 1851), is a marine fish species of high economic importance for Thailand. Because the short mackerel has been increasingly harvested and fishery management has not been very effective, short mackerel populations have continually declined. This research aims to study the short mackerel from five spawning grounds next to coastal areas: Samut Songkhram, Prachuap Khiri Khan, Surat Thani, Trat and Pattani, representing genetic baseline populations in the Gulf of Thailand. A total of 202 short mackerel individuals from the baseline populations were genotyped at eleven microsatellite loci. Results revealed that genetic diversity levels of all baseline populations were high on average ($H_E = 0.64$, $H_O = 0.51$ and $A_R = 5.12$). Genetic diversity levels of Samut Songkhram, Surat Thani, Trat and Pattani baseline populations were similar and higher than that of Prachuap Khiri Khan. All baseline populations presented highly significant deviations from Hardy-Weinberg equilibrium ($p < 0.01$). The result further revealed that the five baseline populations were moderately differentiated (global $F_{ST} = 0.103$) and statistically significantly so. This indicates moderately low gene flow among the populations. This information can be used to assist in management of closed areas during the spawning season in the Gulf of Thailand.

Keywords: *Rastrelliger brachysoma*, microsatellite, the Gulf of Thailand

การสำรวจเห็ดเฉพาะในพื้นที่ภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

สุจินดา สมหมาย^{1*}, สุพิชญ์ณา แสงแก้วสุข², พงษ์สวัสดิ์ คำสุนทร¹, ศรีญญา วงกระนวน¹
ประเสริฐ ศรีภักติกุลชัย¹, อัมพวา ปิ่นเรือน¹, สายัณห์ สมฤทธิผล¹

¹ ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค), สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช), อ่างทองคลองหลวง, จังหวัดปทุมธานี 12120

² ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม อ่างทองกันทรวิชัย

จังหวัดมหาสารคาม 44150

*ผู้เขียนหลัก : sujinda.som@biotec.or.th

การศึกษาค้นคว้านี้ได้ทำการสำรวจและเก็บตัวอย่างเห็ดเฉพาะในพื้นที่ภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือทั้งจากป่าธรรมชาติและตลาดท้องถิ่น ในช่วงเดือนมิถุนายนถึงเดือนกรกฎาคม 2559 ได้ตัวอย่างทั้งหมด 85 ตัวอย่าง ซึ่งสามารถแยกเป็นเชื้อบริสุทธิ์ได้จำนวน 40 และ 45 สายพันธุ์จากตัวอย่างเห็ดเฉพาะที่เก็บได้จากภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือตามลำดับ ตัวอย่างทั้งหมดนำมาศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่มองเห็นได้ด้วยตาเปล่า (macromorphology) ร่วมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาภายใต้กล้องจุลทรรศน์ (micromorphology) พบดอกเห็ดรูปร่างกลมหรือกลมแบน สีครีมจนถึงสีน้ำตาลเข้ม ขนาด $1.98 \times 2.35 \times 1.46$ เซนติเมตร (กว้าง×ยาว×สูง) ผิวเปลือกชั้นนอกหนาและเหนียวหุ้มอยู่ ภายในดอกเห็ดมีถุงผิวบางบรรจุผงสปอร์ เมื่อแก่ผนังชั้นนอกของดอกเห็ดจะแตกเป็นแฉกคล้ายดาว จำนวน 4 – 6 แฉก สปอร์รูปร่างกลม สีน้ำตาล ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลาง 4 – 15 ไมครอน ผิวมีหนาม เส้นใยเจริญได้ดีบนอาหารเลี้ยงเชื้อ Malt Extract Agar (MEA) โดยมีลักษณะฟู สีน้ำตาล และมักพบของเหลวสีน้ำตาลเข้ม (exudate) บนกลุ่มเส้นใย ผลจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาพบว่ามี ความใกล้เคียงกับเห็ดเฉพาะหนึ่งอย่างไว้ก็ตาม การใช้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียวไม่เพียงพอต่อการจัดจำแนกในระดับชนิดได้ ดังนั้นการศึกษาต่อไปจำเป็นต้องมีการใช้เทคนิคทางอนุชีววิทยาร่วมด้วยเพื่อให้มีความถูกต้องแม่นยำมากขึ้น

คำสำคัญ: ดอกเห็ด, เชื้อบริสุทธิ์, สัณฐานวิทยา

A survey of *Astraeus* species in North and Northeast Thailand

Sujinda Sommai^{1,*}, Supicha Saengkaewsook², Phongswat Khamsuntorn¹, Saranyou Wongkanoun¹, Prasert Srikitikulchai¹, Umpava Pinruan¹, Sayanh Somrithpol¹

¹BIOTEC, National Science and Technology Development Agency (NSTDA),
113 Thailand Science Park, Phahonyothin Road, Khlong Nueng, Khlong Luang,
Pathum Thani 12120

²Department of Biology Faculty of Sciences Maharakham University, Khamriang,
Kantarawichai, Maharakham 44150

*Corresponding author: sujinda.som@biotec.or.th

Astraeus species were surveyed and collected between June and July 2016 from forests and local markets in North and Northeast Thailand. Eighty-five samples were collected and were isolated into 40 pure culture strains from North Thailand and 45 from Northeast Thailand. All samples were studied by using macro- and micro-morphology. The results of morphological study were: cream to dark brown, globose to depressed globose, and sessile basidiomes with average size of 1.98 × 2.35 × 1.46 cm. (width × length × height). The outer peridium is thick and sticky while the inner peridium contains brown spore mass. The outer peridium splits as a star-shape into 4–6 broad rays when mature. Basidiospores are globose and brown, with an ornament of spines of 4–5 µm diam. The most suitable medium for growing was malt extract agar. Colonies on the medium were brown with puffy mycelium and usually with exudate. The morphological results indicated that the collected mushrooms mostly resemble *Astraeus odoratus*. However, morphology alone is insufficient for species identification. Molecular techniques will be further used to confirm this identification.

Keywords: basidiome, pure culture, morphology

**การวิเคราะห์สารอัลคาลอยด์มีสคารีนในเห็ดพิษด้วยวิธี
Liquid Chromatography-tandem Mass Spectrometry (LC-MS/MS)**

สุดารัตน์ จันทะพร, สิทธิพร ปานเม่น*, ศิริวรรณ ลีอด้ง, สุจิตรา ลิกพันธ์, กรชนก พรทวีสุข,
ธิดารัตน์ ชุมภูบาง, ภัคสมัญญ์ จิตวีริธรรม, ดุษฎี พลภัทรพิเศษกุล, สถาพร แรมชื่น, อภิวัฏฐ์ ธวัชสิน
ศูนย์พิษวิทยา, สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข, กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์, อำเภอเมือง
จังหวัดนนทบุรี 11000

*ผู้เขียนหลัก: sittiporn.p@dmsc.mail.go.th

อาหารเป็นพิษจากการรับประทานเห็ดพิษที่สร้างสารอัลคาลอยด์มีสคารีนพบมากในเห็ดสกุล *Inocybe* โดยสารดังกล่าวมีความไวในการเข้าจับ muscarinic acetylcholine receptors ของระบบประสาทพาราซิมพาเทติก การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาปริมาณสารอัลคาลอยด์มีสคารีนที่ทำให้เกิดอาการ Muscarine syndrome โดยใช้ตัวอย่างเห็ดส่งตรวจจำนวน 34 เหตุการณ์ระหว่างปี พ.ศ. 2553 ถึง 2559 ผลจากการตรวจวิเคราะห์หาสารอัลคาลอยด์มีสคารีนด้วยเทคนิค LC-MS/MS พบว่าปริมาณสารอัลคาลอยด์มีสคารีนที่ทำให้ผู้ป่วยเกิดอาการมีค่าอยู่ระหว่าง 0.00652 ถึง 1890.2 ไมโครกรัมต่อกรัมน้ำหนักเห็ดสด ผู้ป่วยที่รับประทานเห็ดพิษที่สร้างสารอัลคาลอยด์มีสคารีนมีระยะเวลาการพักตัวของโรค 30 นาที ถึง 2 ชั่วโมง โดยมีอาการเหงื่อออกมาก (26%) ถ่ายเป็นน้ำ (23%) คลื่นไส้อาเจียน (19%) ปวดท้อง (14%) น้ำลายไหล (12%) ตาพร่ามัว (3%) และความดันโลหิตต่ำ (3%) ตามลำดับ

คำสำคัญ: เห็ดพิษ, อัลคาลอยด์มีสคารีน, LC-MS/MS

An Analysis of alkaloid muscarine-containing mushrooms using liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS)

Sudarat Juntaporn, Sittiporn Parnmen, Siriwan Leudang, Sujitra Sikaphan, Kornchanok Porntaweasuk, Tidarat Chumpoobang, Phaksaman Jitwiryatham, Dutsadee Polputpisatkul, Sathaporn Ramchiun, Apiwat Tawatsin*
Toxicology Center, National Institute of Health, Department of Medical Sciences, Mueang District, Nonthaburi Province
**Corresponding author: sittiporn.p@dmsc.mail.go.th*

Food poisoning by alkaloid muscarine-containing mushroom is found abundantly in the genus *Inocybe*. This compound rapidly attaches muscarinic acetylcholine receptors in the parasympathetic nervous system. The aims of this study was to determine the amount of alkaloid muscarine that can cause muscarine syndrome. The mushroom samples obtained from 34 clinically reported cases during 2010 to 2016 were used. Results based on LC-MS/MS showed the concentration of alkaloid muscarine given the muscarine syndrome ranges from 0.00652 to 1890.2 microgram per gram of fresh mushroom. Muscarinic poisoning appears shortly after ingesting the mushroom from 30 minutes to 2 hours. They consist of heavy perspiration (26%), diarrhea (23%), vomiting (19%), abdominal pain (14%) hypersalivation (12%), disturbances of vision (3%), and decreased blood pressure (3%).

Keywords: toxic mushrooms, alkaloid muscarine, LC-MS/MS

การใช้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียดีลูบในการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมโคนมลูกผสมระหว่าง *Bos taurus* และ *Bos indicus* ในเขตจังหวัดสระบุรี และ จังหวัดลพบุรี

อรรถชัย คันธะชุมภู^{1,2,3}, ดนัย จัตวา⁴, ประภัสสร อารีสิริสุข¹, ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่^{2,5},

สุรินทร์ ปิยะโชคคณากุล^{1,2,6}, ธนาทิพย์ สุวรรณโสภี⁴, ศกร คุณวุฒิมฤทธิธรม⁴, ศรศร ศรีกุลนาถ^{1,2,3,*}

¹ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์ของสัตว์และเปรียบเทียบจีโนม (ACCG), ภาควิชาพันธุศาสตร์, คณะวิทยาศาสตร์,

²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (ABG-KU), ³ศูนย์วิทยาการขั้นสูงด้านทรัพยากรธรรมชาติเขตร้อน, ⁴ Tropical Animal Genetic Unit, ภาควิชาสัตวบาล, คณะเกษตร,

⁵ภาควิชาชีววิทยาประมง คณะประมง, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10330

⁶ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนครสวรรค์ อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 65000

*ผู้เขียนหลัก : kornsorn.k@ku.ac.th

โคนมที่สำคัญทางเศรษฐกิจ ในการผลิตน้ำนม ประกอบด้วย *Bos taurus* และ *B. indicus* เพื่อปรับปรุงพันธุ์ให้ดีขึ้น จึงได้มีการผสมข้ามสายพันธุ์เป็นโคนมลูกผสมระหว่าง 2 ชนิดขึ้นมา จึงได้มีการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมของลูกผสมโคนมในเขตจังหวัดสระบุรีและ จังหวัดลพบุรี (ซึ่งเป็นตัวแทนตัวอย่าง ในเขตภาคกลางประเทศไทย) เมื่อทำการเรียงลำดับดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียดีลูบจำนวน 763 คู่ลำดับเบสจากจำนวน 60 ตัวอย่าง จากนั้นทำการวิเคราะห์ข้อมูล พบว่า สายสัมพันธ์ของจำนวนแอบโพลไทป์มีจำนวน 27 แอบโพลไทป์มีความแตกต่างระหว่างคู่ลำดับเบสทั้งหมด 117 ตำแหน่ง และมีตำแหน่งกลายพันธุ์จำนวน 122 ตำแหน่ง เมื่อทำการวิเคราะห์ความผันแปรของแอบโพลไทป์ และความผันแปรทางดีเอ็นเอจากตัวอย่างทั้งหมด มีค่า 0.835 ± 0.044 และ 0.026 ± 0.005 ตามลำดับ ซึ่งผลที่ได้นั้นพบว่า โคนมลูกผสมในเขตภาคกลางของประเทศไทย มีความแปรผันค่อนข้างสูง อีกทั้ง เมื่อทำการสร้างแผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ พบว่า สามารถแบ่งได้ 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 มีความสัมพันธ์กับ *B. indicus* กลุ่มที่ 2 มีความสัมพันธ์กับ *B. taurus* และในกลุ่มอื่นๆ ผลที่ได้นั้นทำให้เห็นถึงแบบแผนความแปรผันของโคนม เพื่อนำมาใช้ให้เกิดประโยชน์ในการจัดการทรัพยากรโคนมต่อไป

คำสำคัญ: *Bos indicus*, *Bos taurus*, ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียดีลูบ

Genetic diversity of mitochondrial DNA D-loop among multi-hybrid cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*) in Saraburi and Lopburi Provinces

Attachai Kantachumpoo^{1,2,3}, Danai Jattawa^{2,4}, Prapatsorn Areesirisuk^{1,2},
Narongrit Muangmai^{2, 5}, Surin Peyachoknagul^{1,2,6}, Thanathip Suwanasopee^{2,4},
Skorn Koonawootrittriron^{2,4}, Kornsom Srikulnath^{1,2,3,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics, Department of Genetics, Faculty of Science, ²Animal Breeding and Genetics Consortium of Kasetsart University (ABG - KU) ³Center for Advanced Studies in Tropical Natural Resources, National Research University-Kasetsart University (CASTNAR, NRU-KU) ⁴Tropical Animal Genetic Unit, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, and ⁵Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10330
⁶Department of Biology, Faculty of Science, Naresuan University, Mueang District, Phitsanulok Province 65000

*Corresponding author: kornsom.s@ku.ac.th

Cattle *Bos taurus* and *B. indicus* are commercially important animals for milk products. Multi-hybrid cattle were developed by cross-breeding the two species to improve the line. To investigate genetic diversity among multi-hybrid cattle in Saraburi and Lopburi Provinces (as representative of the central area of Thailand), the 763 bp mitochondrial DNA D-loop sequences were analyzed with 60 samples. Results showed 27 haplotypes with 117 polymorphic sites and 122 mutation sites. Overall haplotype and nucleotide diversities were 0.835 ± 0.044 and 0.026 ± 0.005 , respectively, suggesting relatively high genetic variation among multi-hybrid cattle in central Thailand. Cluster analysis also showed three groups: (1) samples with *B. indicus*, (2) samples with *B. Taurus*, and (3) the remaining samples. These results collectively suggest that the pattern of genetic diversity can provide a valuable resource for cattle management.

Keywords: *Bos indicus*, *Bos taurus*, mitochondrial DNA D-loop

การวิเคราะห์การแสดงออกของยีน ที่เกี่ยวข้องกับภาวะความผิดปกติของเมตาบอลิซึม
ของกระดูกในจระเข้บ้าน้ำจืด (*Crocodylus siamensis*)

ประภัสสร อารีสิริสุข^{1,2}, อรรถันต์ สุนทรพงศ์^{1,2}, วรพงศ์ สิงห์ชาติ^{1,2}, ธนาวุธ ศรีสุข³,
ณรงค์ฤทธิ์ เมืองใหม่⁴, ศศิมนัส อุดจักษ์⁵, ยศพงษ์ เต็มศิริพงศ์⁶, สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล¹,
ชินเอน อัมรณรงค์ธรรม⁷, Seyoung Mun⁸, Kyudong Han⁸, ครศรี ศรีกุลนาถ^{1,2,*}

¹ห้องปฏิบัติการเซลล์พันธุศาสตร์สัตว์และการเปรียบเทียบจีโนม, ภาควิชาพันธุศาสตร์, คณะวิทยาศาสตร์,
²เครือข่ายการปรับปรุงพันธุ์และพันธุศาสตร์สัตว์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
จตุจักร กรุงเทพฯ 10900 ³สถาบันพัฒนาและฝึกอบรมโรงงานต้นแบบ, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอม
เกล้าธนบุรี วิทยาเขตบางขุนเทียน, ท่าข้าม, กรุงเทพ, 10150 ⁴ภาควิชาชีววิทยาประมง, คณะประมง, และ
⁵ภาควิชาชีวเคมี, คณะวิทยาศาสตร์, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, จตุจักร, กรุงเทพฯ 10900 ⁶บริษัท ศรีราชา
ไมต้า จำกัด, ศรีราชา, ชลบุรี 20110 ⁷ห้องปฏิบัติการวิจัยและพัฒนาวิศวกรรมชีวเคมีและโรงงานต้นแบบ,
ศูนย์พันธู์วิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี วิทยาเขต
บางขุนเทียน, ท่าข้าม, กรุงเทพ, 10150 ⁸ Department of Nanobiomedical Science & BK21 PLUS
NBM Global Research Center for Regenerative Medicine, Dankook University,
Cheonan 31116, Republic of Korea

* ผู้เขียนหลัก: kornsorn.s@ku.ac.th

ภาวะความผิดปกติของเมตาบอลิซึมของกระดูก คือความผิดปกติของโครงสร้างกระดูก
กระดูกพรุน พิการ และการคดเคี้ยวของกระดูก ซึ่งส่วนมากมันเกิดที่กระดูกสันหลัง ในปัจจุบันจะเข้
ถือเป็นสัตว์เศรษฐกิจทางด้านอุตสาหกรรมเครื่องหนังและอาหารของประเทศไทย ซึ่งความผิดปกติ
ของเมตาบอลิซึมของกระดูกพบมากในจระเข้บ้าน้ำจืด แต่ยังไม่ทราบสาเหตุ หรือปัจจัยที่ทำให้
เกิดอาการเหล่านี้้อย่างแน่ชัด ในการศึกษาครั้งนี้ จะเข้ที่ปกติ 1 ตัว และจระเข้ที่เป็นโรค 3 ตัว
ถูกนำมาวิเคราะห์การแสดงออกของยีน โดยการทำให้ทรานสคริปโตม ผลล้าดับนิวคลีโอไทด์ของ
อาร์เอ็นเอจระเข้ตัวที่ 1 มีขนาด 5.93 Gb และผลล้าดับนิวคลีโอไทด์ของอาร์เอ็นเอจระเข้ผิดปกติตัว
ที่ 1, 2 และ 3 มีขนาด 6.27 Gb, 7.03 Gb and 7.28 Gb ตามล้าดับ และจากการศึกษา
ความแตกต่างของการแสดงออกของยีนในจระเข้ตัวปกติ และตัวที่เป็นโรค ผลปรากฏว่ามี 293 ยีน
ที่มีการแสดงออกมากกว่าปกติ และ 4,109 ยีน มีการแสดงออกต่ำกว่าปกติ อย่างไรก็ตามยีนเหล่านี้
จะถูกนำไปวิเคราะห์หากลุ่มยีนที่อยู่ในชีววิถี หรือเกี่ยวข้องกับภาวะความผิดปกติของเมตาบอลิซึม
ของกระดูกในอนาคต การวิเคราะห์ล้าดับนิวคลีโอไทด์ของอาร์เอ็นเอของจระเข้ตัวปกติ และตัวที่มี
ความผิดปกติของเมตาบอลิซึมของกระดูก จะเป็นประโยชน์ในการวิเคราะห์ รักษา และป้องกันการโรค
ได้ในอนาคต

คำสำคัญ : จระเข้บ้าน้ำจืด, ภาวะความผิดปกติของเมตาบอลิซึมของกระดูก, อาร์เอ็นเอ

Analysis of gene expression of metabolic bone diseases of the Siamese crocodile (*Crocodylus siamensis*)

Prapatsorn Areesirisuk^{1,2}, Aorarat Suntronpong^{1,2}, Worapong Singchat^{1,2},
Tanawut Srisuk³, Narongrit Muangmai⁴, Sasimanas Unajak⁵, Yosapong Temsiripong⁶,
Surin Peyachoknagul¹, Chinae Thammarongtham⁷, Seyoung Mun⁸, Kyudong Han⁸,
Kornsorn Srikulnath^{1,2,*}

¹Laboratory of Animal Cytogenetics and Comparative Genomics, Department of Genetics, Faculty of Science, ²Animal Breeding and genetics consortium of Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ³Pilot Plant Development and Training Institute, King Mongkut's University of Technology Thonburi, Bang Khun Thian, Tha Kham, Bangkok, 10150 ⁴Department of Fishery Biology, Faculty of Fisheries, ⁵Department of Biochemistry, Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok 10900 ⁶Sriracha Moda Co., Ltd., Sriracha, Chonburi 20110 ⁷Biochemical Engineering and Pilot Plant Research and Development Laboratory, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC), King Mongkut's University of Technology Thonburi, Bang Khun Thian, Tha Kham, Bangkok, 10150 ⁸Department of Nanobiomedical Science & BK21 PLUS NBM Global Research Center for Regenerative Medicine, Dankook University, Cheonan 31116, Republic of Korea

*Corresponding author: kornsorn.s@ku.ac.th

Metabolic bone diseases are disorders of bone strength, osteoporosis, cretinism and crooked bone, generally in spines. Siamese crocodiles are an economic animal in an industry in which metabolic bone symptoms cause decrease in production, especially as leather and food. We do not know exactly the cause of the symptoms. One normal and 3 abnormal Siamese crocodiles were studied and analyzed for the expression of genes via transcriptome, performed using the Illumina platform. The transcriptome showed RNA sequences of normal, abnormal1, abnormal2 and abnormal3 Siamese crocodiles, generated by 5.93 Gb, 6.27 Gb, 7.03 Gb and 7.28 Gb, respectively. The differential expression of genes (DEGs) of normal vs abnormal1, abnormal2 and abnormal3 showed that 293 genes were over-expressed and 4,109 genes were lower-expressed. Genes involved in these symptoms will be annotated and specified in the near future. These results will provide a valuable resource for identifying genes involved in metabolic bone diseases and treatment.

Keywords: Siamese crocodile, metabolic bone disease, RNA-seq

องค์ประกอบชนิดและการแพร่กระจายของไอโซพอดทะเลสกุล *Cirolana* บริเวณชายฝั่งทะเลในประเทศไทย

เอกนรินทร์ รอดเจริญ^{1,*}, Niel L. Bruce², พรศิลป์ ผลพันธ์³

¹ภาควิชาวาริชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ่าวหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110

²Museum of Tropical Queensland, Queensland Museum; College of Marine and Environmental Sciences, James Cook University, Queensland; and Water Research Group (Ecology), Unit for Environmental Sciences and Management, North West University, Potchefstroom, 2520, South Africa.

³ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา

* ผู้เขียนหลัก: eknarin.r@psu.ac.th

ไอโซพอดทะเลสกุล *Cirolana* ถูกจัดอยู่ในวงศ์ Cirolanidae อย่างไรก็ตามสัตว์กลุ่มนี้ยังมีการศึกษาอยู่น้อยมากในประเทศไทยและเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ มีเพียง 5 ชนิด ได้แก่ *Cirolana bruscai*, *C. fluviatilis*, *C. parva*, *C. rachanoi*, *C. welleyi* ที่เคยรายงานในประเทศไทยตั้งแต่ พ.ศ. 2545 ซึ่งเป็นจำนวนที่น้อยกว่าควรจะเป็นและบางชนิดคาดว่ายังมีการจำแนกชนิดผิด วัตถุประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้คือศึกษาองค์ประกอบชนิดและการแพร่กระจายของไอโซพอดทะเลสกุล *Cirolana* ในประเทศไทย ผลการศึกษาพบทั้งหมด 12 ชนิด ซึ่งเพิ่มจากการรายงาน ในอดีตถึง 7 ชนิด นอกจากนี้ยังพบว่าบริเวณฝั่งอันดามันและอ่าวไทยมีองค์ประกอบชนิดของไอโซพอดกลุ่มนี้แตกต่างกันโดยไอโซพอด 6 ชนิด ได้แก่ *C. andamanensis*, *C. phangnga*, *C. bruscai*, *C. rachanoi*, *C. welleyi* และ *Cirolana* sp.1 แพร่กระจายอยู่บริเวณฝั่งอันดามัน ในขณะที่อีก 6 ชนิด ได้แก่ *C. fluviatilis*, *C. siamensis*, *C. songkhla*, *C. thailandica*, *Cirolana* sp.2 และ *Cirolana* sp.3 แพร่กระจายอยู่ในบริเวณฝั่งอ่าวไทยเท่านั้น จากผลการศึกษาในครั้งนี้สนับสนุนแนวความคิดที่ว่าคาบสมุทรไทย-มาเลย์ เป็นตัวกีดขวางการแพร่ของสิ่งมีชีวิตในทะเลระหว่างมหาสมุทรอินเดียและแปซิฟิก นอกจากนี้ข้อมูลดังกล่าวยังช่วยในการประเมินความหลากหลายทางชีวภาพและการแพร่กระจายเชิงภูมิศาสตร์ของสัตว์พื้นท้องทะเลกลุ่มครัสเตเชียในแถบภูมิภาคนี้ได้

คำสำคัญ: การแพร่กระจาย, *Cirolana*, ประเทศไทย

Species composition and distribution of the marine Isopod Genus *Cirolana* in coastal Thailand

Eknarin Rodcharoen^{1,*}, Niel L. Bruce², Pornsilp Pholpunthin³

¹ Department of Aquatic Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai, Songkhla 90110

² Museum of Tropical Queensland, Queensland Museum; College of Marine and Environmental Sciences, James Cook University, Queensland; and Water Research Group (Ecology), Unit for Environmental Sciences and Management, North West University, Potchefstroom, 2520, South Africa.

³ Department of Biology, Faculty of Science, Prince of Songkla University, Hat Yai, Songkhla

*Corresponding author: eknarin.r@psu.ac.th

The genus *Cirolana* Leach, 1818, are marine isopods belonging to family Cirolanidae. Our knowledge of these animals remains minimal in Thailand and South-East Asia due to having received little attention. Only five species: *Cirolana bruscai*, *C. fluviatilis*, *C. parva*, *C. rachanoi* and *C. welleyi* have been recorded in Thailand since 2002. This is lower than expected, and some species may have been misidentified. The aim of this study was to investigate species the composition and distribution of *Cirolana* occurring in Thailand. The specimens were collected around coastal zones both in the Andaman Sea and the Gulf of Thailand. A total of twelve species were found of which seven species were included in the previous record. The Andaman Sea and the Gulf of Thailand revealed the differences in species composition. Six species: *C. andamanensis*, *C. phangnga*, *C. bruscai*, *C. rachanoi*, *C. welleyi* and *Cirolana* sp. 1 were restricted to the Andaman Sea, while another six species: *C. fluviatilis*, *C. siamensis*, *C. songkhla*, *C. thailandica*, *Cirolana* sp. 2 and *Cirolana* sp. 3, were found only in the Gulf of Thailand. This result supports the idea that the Thai-Malay Peninsula is a barrier that limits marine distribution across the Indian Ocean and western Pacific.

Keywords: Distribution, *Cirolana*, Thailand

ความหลากหลายทางชีวภาพระดับชนิดของไม้ต้นและภูมิปัญญาการใช้ประโยชน์จากพืช ในเขตป่าชุมชนโคกกง 2 บ้านโคกกง อำเภอเสลภูมิ จังหวัดร้อยเอ็ด

อรอนงค์ น่วมชาติ, พิมพ์ติ ฉินนะวงศ์, เอี่ยมพร จันทร์สองดวง*

สาขาชีววิทยา/ คณะศิลปศาสตร์และวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏร้อยเอ็ด, อำเภอเสลภูมิ,
จังหวัดร้อยเอ็ด, 45120

*ผู้เขียนหลัก : Chompupanthip@hotmail.com

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพระดับชนิดของไม้ต้น และ ความสำคัญทางนิเวศวิทยา และศึกษาภูมิปัญญาด้านการใช้ประโยชน์จากพืชในเขตป่าโคกกง 2 บ้านโคกกง ตำบลเกาะแก้ว อำเภอเสลภูมิ จังหวัดร้อยเอ็ด ผลการศึกษาพบไม้ต้นทั้งหมด 67 ชนิด 59 สกุล 35 วงศ์ ค่า Shannon Weiner Index (H') อยู่ที่ 1.38 ค่าดัชนีความสม่ำเสมอ (E) เท่ากับ 0.32 โดยพบวงศ์ RUBIACEAE มากที่สุด จำนวน 9 ชนิด รองลงมา คือ วงศ์ Dipterocarpaceae จำนวน 7 ชนิด ตามลำดับ ไม้ต้นที่มีค่าดัชนีความสำคัญ (Important Value Index : IVI) สูงที่สุด คือ กุง (*Dipterocarpus tuberculatus* Roxb.) 67.38 % โดยมีค่า ความหนาแน่นสัมพัทธ์ (Relative Density : RD), ค่าความถี่สัมพัทธ์ (Relative Frequency : RF) และค่าความเด่นสัมพัทธ์ (Relative Dominance : RDo) สูงที่สุด คือ 17.12 %, 10.47 % และ 39.80 % ตามลำดับ ส่วนการศึกษาภูมิปัญญาด้านการใช้ประโยชน์จากพืช พบไม้ต้นที่นำไป ใช้ประโยชน์ ทั้งหมด 65 ชนิด คิดเป็น 87 % ของชนิดของไม้ต้นทั้งหมด โดยพบว่าการใช้ประโยชน์ จากพืช สามารถแบ่งออกเป็น 4 ประเภท มากที่สุด คือ ใช้เป็นเชื้อเพลิง 59 ชนิด (36 %) ใช้เป็นอาหาร 40 ชนิด (24 %) ใช้เพื่อก่อสร้าง 39 ชนิด (24 %) และใช้เป็นพืชสมุนไพรหรือยา 27 ชนิด (16 %) ตามลำดับ พืชที่มีค่า UV สูงสุด ของชุมชนบ้านโคกกง คือ แดง (*Xylocarpus xylocarpa* (Roxb.) W.Theob.) มีค่า UV เท่ากับ 0.90 รองลงมา คือ กุง (*Dipterocarpus tuberculatus* Roxb.) มีค่า UV เท่ากับ 0.83, ตัวขาว (*Cratoxylum formosum* (Jacq.) Benth. & Hook.f.ex Dyer subsp.) มีค่า UV เท่ากับ 0.83 และหมากเบน (*Flaourtia indica* (burm.f.) merr.) มีค่า UV เท่ากับ 0.83

คำสำคัญ : ป่าชุมชน, องค์ความรู้พื้นบ้าน, ไม้ต้น, ความหลากหลายทางชีวภาพ

Tree diversity and local wisdom of useful plants in Kok Kung 2 Community Forest, Ban Kok Kung 2, Selaphume District, Roi Et Province

Aorn Anong, Pimrudee Chinawong, Auemporn Junsongduang*

Biology Programs, Liberal Arts and Sciences Faculty, Roi Et Rajabhat University,

Amphor Selaphume, Roi Et Province, 45120

*Corresponding author : Chompupanthip@hotmail.com

The objective of this study was to evaluate species diversity of trees, their ecological importance in community forest and the traditional knowledge of useful plants in forest conservation in Khok Kung 2, Ban Khok Kung, Tambon Kho Kaeo, Sela Phum District, Roi Et Province. We found 67 species, 59 genera and 35 families of trees. The Shannon Weiner Index (H') in this study was 1.38 and Evenness Index Value (E) was 0.32. Family Rubiaceae had the highest species number (9) followed by Dipterocarpaceae (7). *Dipterocarpus tuberculatus* Roxb. had the highest Importance Value Index, or IVI (67.4 %), Relative Density (RD) (17.1 %), Relative Frequency (RF) (10.5 %) and Relative Dominance (RDo) (39.8 %). The traditional knowledge of useful plants in the forest included 65 species. The uses of plants in this forest were classified to 4 types. Fuel involved 59 species (36 %) followed by food with 40 species (24 %), structure (39 species, 24 %) and medicine (27 species, 16 %). Medicine had the highest Use Value Index (UV) (0.90). The highest Use Value Index in this study was that of *Xylocarpus xylocarpa* (Roxb.) W.Theob with 0.90, followed by *Dipterocarpus tuberculatus* Roxb with 0.83, *Cratoxylum formosum* (Jacq.) Benth. & Hook.f.ex Dyer subsp with 0.83 and *Flaourtia indica* (burm.f.) Merr with 0.83

Keywords: Community forest, Traditional knowledge, Tree, Biodiversity



บันทึก



บันทึก



บันทึก
