รายงานการวิจัย

ประจำปีงบประมาณ 2561

โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ
สนองพระราชดำริโดยจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

เรื่อง

(ภาษาไทย) พฤติกรรมและนิเวศวิทยาบางประการของค้างคาวและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมขนาดเล็กในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริ

(ภาษาอังกฤษ) Behaviour and ecology of bats and small mammals in the RSPG area

คณะผู้วิจัย

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธงชัย งามประเสริฐวงศ์

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อาจอง ประทัตสุนทรสาร

นายพชรพล จุ่มศรี

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีที่แล้วเสร็จ

พุทธศักราช 2562

กิตติกรรมประกาศ

โครงการวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ประจำปีงบประมาณ 2561 คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช และหน่วยบัญชาการสงครามพิเศษทางเรือ กองเรือยุทธการ ที่ให้การสนับสนุนและอำนวยความสะดวกในการทำงานวิจัยในพื้นที่ ขอขอบคุณ ภาควิชาชีววิทยา และหน่วยยานพาหนะและซ่อมบำรุง คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และผู้ร่วมงานทุกท่านที่ได้ให้ความร่วมมือในการปฏิบัติงานภาคสนามมาเป็นอย่างดี

บทคัดย่อ

ค้างคาวแม่ไก่เกาะ *Pteropus hypomelanus* จัดอยู่ในสถานภาพที่ถูกคุกคาม มีความเสี่ยงสูงที่จะสูญพันธุ์ เนื่องจากถูกล่าได้ง่าย และมีความสามารถในการกระจายและอาณาเขตหากินที่จำกัด โดยในประเทศไทยจะพบเฉพาะบนเกาะบริเวณชายฝั่งในอ่าวไทยและทะเลอันดามัน ในงานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ โดยทำการเก็บตัวอย่างมูลและเนื้อเยื่อของค้างคาวจากพื้นที่เกาะจานและเกาะครามใหญ่ จังหวัดชลบุรี เกาะทะลุ จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ และหมู่เกาะสิมิลัน จังหวัดพังงา มาสกัดดีเอ็นเอ และเพิ่มจำนวนยีนบริเวณ mitochondrial control region โดยใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส (PCR) ผลจากการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอพบจำนวนแฮปโพล์ไทป์ (478 bp) ทั้งสิ้น 16 แบบจาก 24 ตัวอย่างดีเอ็นเอ โดยมีตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ผันแปรจำนวนทั้งสิ้น 49 ตำแหน่ง มีความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์เท่ากับ 0.03213 และมีความหลากหลายของแฮปโพล์ไทป์เท่ากับ 0.960 ทั้งนี้พบว่ามีการกระจายของแฮปโพลไทป์แบบเดียวกันในหลายพื้นที่รวมทั้งระหว่างเกาะจานและหมู่เกาะสิมิลันซึ่งมีระยะห่างกันประมาณ 600 กิโลเมตร ผลการศึกษาครั้งนี้บ่งชี้ถึงการถ่ายเทเคลื่อนย้ายยีนระหว่างประชากรที่อยู่ห่างไกลกันและความเชื่อมโยงระหว่างกลุ่มประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในประเทศไทย ซึ่งเป็นข้อมูลพื้นฐานสำคัญในการจัดการและวางแผนการอนุรักษ์ค้างคาวแม่ไก่เกาะในประเทศไทย

คำสำคัญ : โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากร ค้างคาวแม่ไก่เกาะ mitochondrial control region

Abstract

Island flying fox *Pteropus hypomelanus* is one of threatened species with high extinction risk due to limited dispersal ability, small home ranges and high hunting pressure. In Thailand, island flying fox can be found on islands along the coast in the Gulf of Thailand and the Andaman Sea. In this study, population genetic relationship of island flying foxes in the area of Plant Genetic Conservation Project under the Royal Initiative of Her Royal Highness Princess Maha Chakri Sirindhorn was investigated. DNA was extracted from tissue and fecal samples (n=24) obtained from Chan, Khram Yai and Talu Islands in the Gulf of Thailand, and Similan islands in the Andaman Sea. Mitochondrial control region was amplified and sequenced. A total of 16 haplotypes (478 bp) were obtained with 49 variable positions. Nucleotide diversity was 0.03213, whereas overall haplotype diversity was 0.960. Interestingly, shared haplotypes were detected at all localities including Chan and Similan islands which were approximately 600 kilometers apart. Our results suggest substantial gene flow among populations and panixia paradigm in Thai island flying foxes. This information would be helpful for conservation management and planning in island flying foxes.

Keywords : population genetic structure, Island flying fox, mitochondrial control region

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	1
บทคัดย่อภาษาไทย	2
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	3
สารบัญ	4
สารบัญตาราง	5
สารบัญภาพ	6
บทนำ	7
วัตถุประสงค์	8
ขอบเขตการวิจัย	8
วิธีดำเนินการวิจัย	9
ผลและอภิปรายผลการศึกษา	11
สรุปผลการศึกษา	17
ข้อเสนอแนะ	17
เอกสารอ้างอิง	18
ภาคผนวก	19
ประวัตินักวิจัย	22

สารบัญตาราง

		หน้า
ตารางที่ 1	ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา	14
ตารางที่ 2	ความแตกต่างทางพันธุกรรม (pairwise F_{ST}) ระหว่างประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา	14

สารบัญภาพ

		หน้า
ภาพที่ 1	มูลค้างคาวแม่ไก่เกาะ	9
ภาพที่ 2	แผนที่แสดงแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่โครงการ อพ.สธ.	11
ภาพที่ 3	แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะจาน	12
ภาพที่ 4	แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะคราม	12
ภาพที่ 5	แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะทะลุ	13
ภาพที่ 6	แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะสี่ หมู่เกาะสิมิลัน	13
ภาพที่ 7	ค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะจาน	15
ภาพที่ 8	Minimum spanning network ของ haplotype ที่พบในแต่ละประชากร	15
ภาพที่ 9	แผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา	16

บทนำ

ปัจจุบันมีพื้นที่ที่อยู่ภายใต้โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ จำนวนหลายแห่งกระจายอยู่ทั่วประเทศ ซึ่งพื้นที่แต่ละแห่งมีลักษณะภูมิประเทศที่แตกต่างกันไป ประกอบด้วยถิ่นอาศัยที่หลากหลาย มีทั้งพื้นที่ชายฝั่งซึ่งเป็นชายหาด ป่าชายเลน และหน้าผา พื้นที่ราบลุ่ม พื้นที่ราบสูง และเทือกเขาน้อยใหญ่ ซึ่งปกคลุมด้วยผืนป่าประเภทต่างๆ ทั้งป่าผลัดใบและป่าไม่ผลัดใบ รวมถึงพื้นที่ป่าทุติยภูมิที่กำลังมีการฟื้นตัวตามธรรมชาติ ซึ่งพื้นที่เหล่านี้มีความสำคัญอย่างมากในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางชีวภาพในประเทศไทย โดยเฉพาะอย่างยิ่งต่อสิ่งมีชีวิตที่มีขอบเขตการกระจายเฉพาะบนเกาะ เช่น ค้างคาวแม่ไก่เกาะ *Pteropus hypomelanus* Temminck, 1853 โดยที่ประชากรของสิ่งมีชีวิตที่อาศัยอยู่บนเกาะมักมีความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์มากกว่าประชากรที่อาศัยอยู่บนแผ่นดินใหญ่เนื่องมาจากประชากรขนาดเล็กที่เป็นผลมาจากแหล่งอาศัยที่มีจำกัด มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ และมีอัตราการผสมพันธุ์ภายในประชากรเดียวกันค่อนข้างสูง เนื่องจากสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ระหว่างเกาะกับแผ่นดินใหญ่ นอกจากนี้ประชากรของสิ่งมีชีวิตที่อาศัยอยู่บนเกาะมักพบว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างมากเมื่อเทียบกับประชากรในแผ่นดินใหญ่ หรือประชากรบนเกาะอื่น (Berry, 1986; Frankham, 1998)

ปัจจุบันประเทศไทยพบค้างคาวแม่ไก่ในสกุล *Pteropus* ทั้งสิ้น 3 ชนิด คือ ค้างคาวแม่ไก่ป่าฝน *P. vampyrus* ค้างคาวแม่ไก่ภาคกลาง *P. lylei* และค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* โดยที่ค้างคาวแม่ไก่ป่าฝน *P. vampyrus* และ ค้างคาวแม่ไก่ภาคกลาง *P. lylei* มีถิ่นอาศัยอยู่ในแผ่นดินใหญ่ ส่วนค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* มีถิ่นอาศัยอยู่เพียงบนเกาะขนาดเล็กทั้งฝั่งทะเลอันดามันและอ่าวไทย

ค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* เป็นค้างคาวในสกุล *Pteropus* ที่มีขนาดเล็กที่สุดที่พบได้ในประเทศไทย มีลักษณะหน้าตาคล้ายสุนัข ลักษณะใบหูค่อนข้างกลมปลายหูมน มีความยาวของกระดูกแขนส่วนปลาย (forearm) อยู่ในช่วง 121-145 มิลลิเมตร มีน้ำหนักประมาณ 210 กรัม สีขนค่อนข้างมีความแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ส่วนใหญ่มักจะมีขนที่หัวเป็นสีน้ำตาล ขนบริเวณคอเป็นสีเหลืองจนถึงสีน้ำตาลดำ (Corbet and Hill, 1992; Francis, 2008) มีการกระจายค่อนข้างกว้าง แต่จะอาศัยอยู่ตามเกาะ ในแถบภูมิภาคเอเชียใต้ เอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และออสเตรเลีย (Jones and Kunz, 2000) ในประเทศไทยพบค้างคาวแม่ไก่เกาะได้ 2 ชนิดย่อย คือ *P. h. condorensis* Peter, 1869 มีลักษณะจำเพาะคือสีบริเวณขม่อม (crown) มีสีน้ำตาลอมแดง กระจายตัวอยู่ในบริเวณชายฝั่งภาคตะวันออก และบริเวณชายฝั่งภาคใต้ฝั่งอ่าวไทย โดยอีกชนิดย่อยคือ *P. h. geminorum* Miller, 1903 มีลักษณะเฉพาะคือสีบริเวณขม่อมมีสีน้ำตาลดำ กระจายตัวอยู่ในบริเวณชายฝั่งภาคใต้ฝั่งอันดามัน และภาคใต้ฝั่งอ่าวไทย (Lekagul and McNeely, 1977) อย่างไรก็ตามในประเทศไทย ยังไม่มีการแบ่งแยกชนิดย่อยได้อย่างชัดเจน เนื่องมาจากมีการทับซ้อนกันระหว่างการกระจายตัวของทั้ง 2 ชนิดย่อย

จากการสืบค้นข้อมูลพบว่าค้างคาวแม่ไก่เกาะมีแหล่งเกาะนอนอยู่บนต้นไม้สูงในเกาะขนาดเล็กใกล้ชายฝั่งเท่านั้น และพบว่าค้างคาวแม่ไก่เกาะสามารถบินข้ามไปยังแผ่นดินใหญ่เพื่อออกหากินก่อนจะกลับมานอนที่แหล่งเกาะนอนบนเกาะเดิมได้ (Payne et al., 1985) แต่จากการศึกษาก่อนหน้าไม่พบค้างคาวแม่ไก่

เกาะบินหากินไกลจากแหล่งเกาะนอนเกิน 8 กิโลเมตร (Heideman and Heaney, 1992) ประกอบกับการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรในค้างคาวแม่ไก่เกาะที่ประเทศมาเลเซียพบว่า แต่ละประชากรซึ่งอยู่ห่างกันประมาณ 285 กิโลเมตร มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันอย่างสิ้นเชิง (Olival, 2008) ในประเทศไทยประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะมีการกระจาย ทั้งในภาคตะวันออก ภาคใต้ฝั่งอ่าวไทย และภาคใต้ฝั่งอันดามัน แต่ยังไม่มีการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* ในประเทศไทย การศึกษาในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์ที่จะศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและความหลายหลายทางพันธุกรรมของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ ทั้งในพื้นที่เกาะบริเวณอ่าวไทยและทะเลอันดามัน ข้อมูลจากการศึกษาในครั้งนี้จะเสริมสร้างความรู้ทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะในประเทศไทยและสามารถนำมาใช้ประเมินสถานภาพความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ และวางแผนในการอนุรักษ์ความหลากหลายทางด้านพันธุกรรมของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา

วัตถุประสงค์

1. เพื่อสนองพระราชดำริ โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ (อพ.สธ.)
2. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ
3. เพื่อประเมินสถานภาพของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา และเสนอแนะแนวทางในการอนุรักษ์

ขอบเขตการวิจัย

1. ทำการศึกษาในกลุ่มประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* ที่อาศัยอยู่ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ ในพื้นที่เกาะบริเวณอ่าวไทยและทะเลอันดามัน
2. ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะจากการวิเคราะห์ลำดับเบส mitochondrial DNA บริเวณ control region

วิธีดำเนินการวิจัย

1. การสำรวจและเก็บตัวอย่างมูลค้างคาวแม่ไก่เกาะในภาคสนาม

ทำการสำรวจแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะ *P. hypomelanus* ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ โดยทำการสำรวจบริเวณชายฝั่งและเกาะในภาคตะวันออกภาคใต้ทั้งทางฝั่งอ่าวไทย และภาคใต้ฝั่งทะเลอันดามัน จากนั้นทำการเก็บตัวอย่างมูลบริเวณใต้แหล่งเกาะนอนของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะ (ภาพที่ 1) โดยเลือกเก็บเฉพาะมูลที่ใหม่เท่านั้น โดยสังเกตจากสีและลักษณะเนื้อของมูล ทำการเก็บมูลที่มีความห่างกันอย่างน้อย 5 เมตร เพื่อหลีกเลี่ยงการเก็บตัวอย่างซ้ำซ้อน ตัวอย่างมูลที่ได้จะถูกบรรจุอยู่ในหลอดขนาด 2 มิลลิลิตร ที่บรรจุ Lysis buffer 500 ไมโครลิตร เก็บที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะมีการนำมาสกัดดีเอ็นเอต่อไป

ภาพที่ 1 มูลค้างคาวแม่ไก่เกาะ

2. การสกัดดีเอ็นเอและการตรวจวิเคราะห์ลำดับเบสในห้องปฏิบัติการ

สกัดดีเอ็นเอจากมูลของค้างคาว โดยใช้ AccuPrep® Stool Genomic DNA Extraction Kit (ภาคผนวก) นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาเพิ่มจำนวนบริเวณเป้าหมายด้วยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR) โดยในการศึกษาครั้งนี้จะใช้การตรวจวิเคราะห์ลำดับเบส mitochondrial DNA บริเวณ control region โดยใช้ forward primer Pv_dlpL 5’ AACACCCAAAGCTGATATTCTACT 3’ และ reverse primer Pv_dlpR 5’ CGTATGCGTATGCGTATGTC 3’ หลังจากนั้นนำเข้าเครื่อง Thermal cycler โดยตั้งค่าโปรแกรมดังนี้

1) เริ่มต้นด้วยการแยกสายดีเอ็นเอ (initial denaturation) ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 นาที
2) จากนั้นแยกสายดีเอ็นเอ (denaturation) อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที
3) ลดอุณหภูมิให้ primer เข้าคู่กับดีเอ็นเอต้นแบบ (annealing) ที่อุณหภูมิ 54 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที
4) เพิ่มอุณหภูมิเพื่อให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ต่อจาก primer (extension) ที่อุณหภูมิ 74 องศาเซลเซียสเป็นเวลา 1 นาที ทำทั้งสิ้น 35 รอบ
5) ตั้งค่าอุณหภูมิสุดท้ายเพื่อการสังเคราะห์ดีเอ็นเอ (final extension) ที่อุณหภูมิ 74 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 7 นาที

ทำการตรวจวิเคราะห์ขนาดของ PCR product ที่ได้ ด้วยวิธี Gel electrophoresis จากนั้นทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ โดยใช้ชุด AccuPrep® PCR Purification Kit (ภาคผนวก)

3. การวิเคราะห์ข้อมูลและสรุปผลการศึกษา

ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของค้างคาวแม่ไก่เกาะในแต่ละประชากร โดยวิเคราะห์จำนวนของ haploytpe, haplotype diversity, nucleotide diversity จากลำดับเบสของ mitochondrial DNA บริเวณ control region โดยใช้โปรแกรม DnaSP v6 (Rozas et al., 2017) และวิเคราะห์ค่า pairwise F_{ST} เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละประชากรโดยใช้โปรแกรม Arlequin 3.5 (Excoffier and Lischer, 2010)

ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะโดยสร้าง minimum spanning network เพื่อแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง haplotype ต่าง ๆ และแสดงความถี่ของ haplotype ในแต่ละประชากร โดยใช้โปรแกรม Arlequin 3.5 (Excoffier and Lischer, 2010) รวมถึงการสร้าง phylogenetic tree ด้วยวิธี Maximum likelihood (ML) โดยใช้ Bootstrap 1000 รอบ เพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 (Kumar, Stecher and Tamura, 2016)

ผลและอภิปรายผลการศึกษา

จากการสำรวจพื้นที่แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะ ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ (อพ.สธ.) พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะใน 4 พื้นที่ (ภาพที่ 2) ได้แก่

1. เกาะจาน อำเภอสัตหีบ จังหวัดชลบุรี

   พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบริเวณตอนกลางของเกาะด้านทิศเหนือ (ภาพที่ 3) ห่างจากชายหาดประมาณ 100 เมตร มีขนาดประชากรประมาณ 400-500 ตัว

2. เกาะคราม อำเภอสัตหีบ จังหวัดชลบุรี

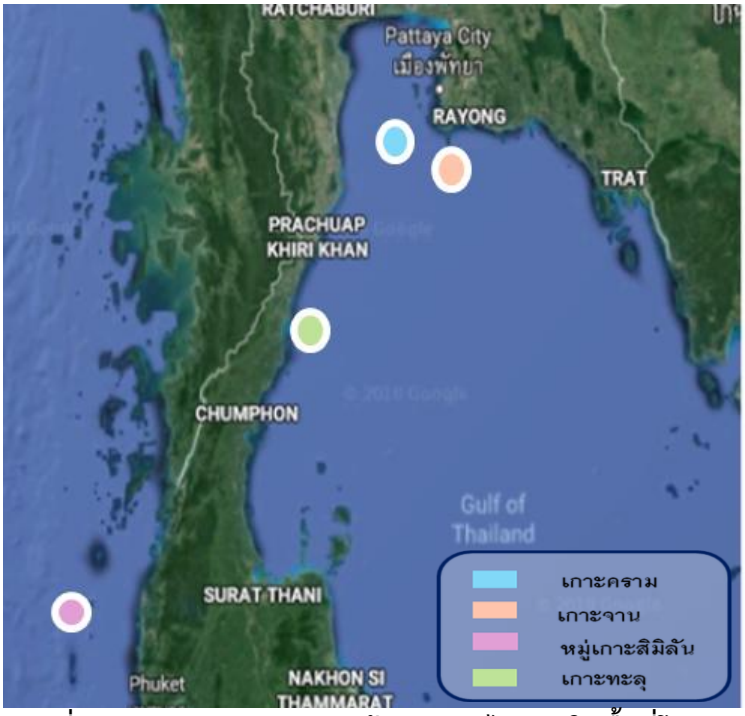
   พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบริเวณด้านทิศเหนือของเกาะ (ภาพที่ 4) ห่างจากชายหาดประมาณ 1 กิโลเมตร มีขนาดประชากรประมาณ 600-700 ตัว

3. เกาะทะลุ อำเภอบางสะพานน้อย จังหวัดประจวบคีรีขันธ์

   พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบริเวณด้านทิศใต้ของเกาะใกล้กับชายหาด (ภาพที่ 5) มีขนาดประชากรประมาณ 300-400 ตัว

4. หมู่เกาะสิมิลัน อำเภอคุระบุรี จังหวัดพังงา

   พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบริเวณด้านทิศเหนือของเกาะสี่ ติดกับชายหาด (ภาพที่ 6) มีขนาดประชากรประมาณ 900-1000 ตัว



ภาพที่ 2 แผนที่แสดงแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่โครงการ อพ.สธ.

ภาพที่ 3 แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะจาน

ภาพที่ 4 แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะคราม

ภาพที่ 5 แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะทะลุ

ภาพที่ 6 แหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะสี่ หมู่เกาะสิมิลัน

ตารางที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา

	เกาะจาน (n=5)	เกาะคราม (n=9)	เกาะทะลุ (n=4)	หมู่เกาะสิมิลัน (n=6)
Number of haplotype	4	6	2	6
Haplotype diversity	0.900	0.889	0.500	1.000
Nucleotide diversity	0.064	0.013	0.032	0.025

ตารางที่ 2 ความแตกต่างทางพันธุกรรม (pairwise F_{ST}) ระหว่างประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา

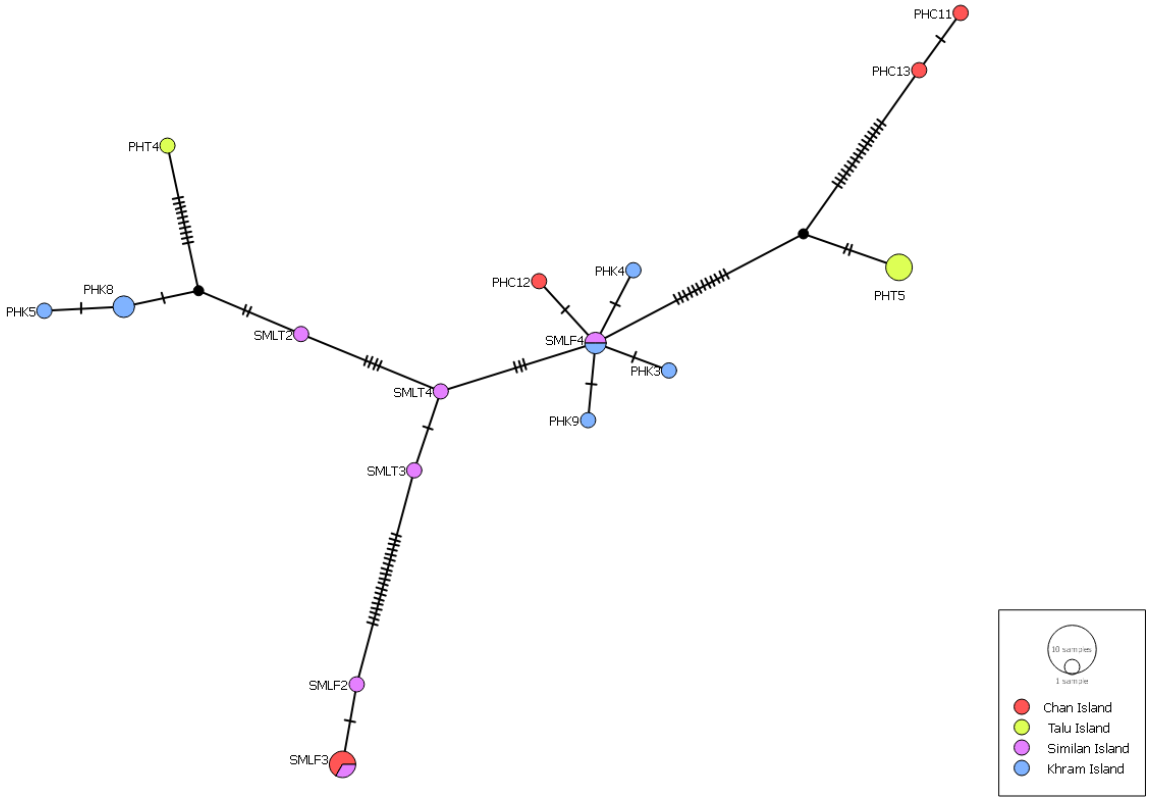
	เกาะจาน	เกาะคราม	เกาะทะลุ	หมู่เกาะสิมิลัน
เกาะจาน	0			
เกาะคราม	0.479**	0		
เกาะทะลุ	0.277	0.499**	0	
หมู่เกาะสิมิลัน	0.110	0.183*	0.348**	0

หมายเหตุ: ** $p<0.01$, * $p<0.05$

ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะจากตัวอย่างดีเอ็นเอที่สกัดได้จำนวน 24 ตัวอย่าง พบจำนวน haplotype ของตำแหน่ง control region ที่ทำการศึกษาทั้งสิ้น 16 แบบ โดยแต่ละ haplotype มีขนาด 478 bp โดยมีตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ความผันแปรจำนวนทั้งสิ้น 49 ตำแหน่ง คิดเป็น 8.8% โดยมี parsimony informative sites จำนวน 42 ตำแหน่ง และ singleton sites จำนวน 7 ตำแหน่ง จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม DnaSP พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่ทำการศึกษาทั้งหมดมีความหลากหลายของแฮปโพล์ไทป์ (haplotype diversity) สูงถึง 0.960 และมีความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ (nucleotide diversity) เท่ากับ 0.03213

เมื่อพิจารณาความหลากหลายทางพันธุกรรมในแต่ละประชากร (ตารางที่ 1) พบว่า ประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในหมู่เกาะสิมิลันมีค่า haplotype diversity สูงสุด ซึ่งอาจเป็นผลเนื่องมาจากประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในหมู่เกาะสิมิลันมีขนาดใหญ่ และหมู่เกาะสิมิลันได้รับการประกาศเป็นอุทยานแห่งชาติตั้งแต่ปี 2525 และอยู่ห่างไกลจากแผ่นดินใหญ่มากกว่า 50 กิโลเมตร ทำให้ทรัพยากรชีวภาพต่างๆ ได้รับการปกปักรักษามานาน อีกทั้งประชากรค้างคาวแม่ไก่นี้ยังอาศัยอยู่ในบริเวณที่ทำการอุทยานแห่งชาติจึงไม่ได้ถูกคุกคามจากการล่าและการทำลายถิ่นอาศัย ขณะที่ประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะทะลุมีค่า haplotype diversity ต่ำสุด และยังมีขนาดประชากรค่อนข้างเล็ก ซึ่งอาจเนื่องมาจากการที่เกาะทะลุมีพื้นที่เล็กและพึ่งได้รับการประกาศเป็นพื้นที่อนุรักษ์ อีกทั้งประชากรค้างคาวแม่ไก่นี้มีแหล่งหากินบนแผ่นดินใหญ่เนื่องจากอยู่ใกล้ชายฝั่งทะเลบริเวณจังหวัดประจวบคีรีขันธ์และชุมพร ทำให้ประชากรค้างคาวแม่ไก่บนเกาะทะลุอาจถูกคุกคามจากปัจจัยต่างๆ ค่อนข้างมาก

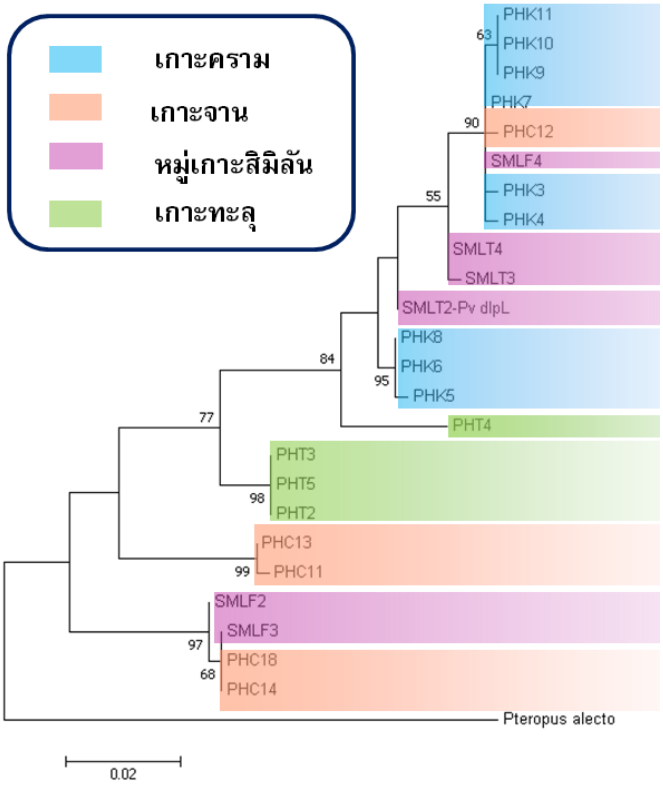
ภาพที่7 ค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะจาน



ภาพที่ 8 Minimum spanning network ของ haplotype ที่พบในแต่ละประชากร

จากการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรด้วยโปรแกรม Arlequin พบว่าประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในแต่ละพื้นที่ศึกษามีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน ยกเว้นประชากรบนเกาะจานซึ่งไม่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากประชากรบนเกาะทะลุและหมู่เกาะสิมิลัน (ตารางที่ 2) นอกจากนั้นประชากรบนเกาะจานยังมีค่า nucleotide diversity สูงที่สุดอีกด้วย เมื่อพิจารณา haplotype network (ภาพที่ 8) ซึ่งแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง haplotype ต่าง ๆ และแสดงความถี่และการกระจายของ haplotype ในแต่ละประชากรพบว่า ประชากรบนเกาะจานมี haplotype แบบเดียวกับประชากรบนเกาะครามและหมู่เกาะสิมิลันซึ่งมีระยะห่างกันมากกว่า 600 กิโลเมตร ข้อมูลเหล่านี้บ่งชี้ว่าประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะบนเกาะจานประกอบไปด้วยสมาชิกที่มีความเชื่อมโยงทางสายวิวัฒนาการกับประชากรค้างคาวแม่ไก่บนเกาะอื่นทั้งในพื้นที่อ่าวไทยและทะเลอันดามัน

แม้ว่า haplotype ส่วนใหญ่จะมีความจำเพาะต่อพื้นที่ศึกษา แต่จากแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของ haplotype ที่พบในพื้นที่ศึกษา (ภาพที่ 9) แสดงถึงความเชื่อมโยงทางสายวิวัฒนาการระหว่างกลุ่มประชากรที่ทำการศึกษาที่ไม่ได้มีการแบ่งกลุ่มแยกตามพื้นที่ และบ่งชี้ว่าไม่มีการแยกกลุ่มทางพันธุกรรมของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะทั้งในฝั่งอ่าวไทยและฝั่งทะเลอันดามัน



ภาพที่ 9 แผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษา สร้างด้วยวิธี Maximum likelihood โดยใช้ Bootstrap 1000 รอบ **และมี *Pleropus alecto* เป็น outgroup**

สรุปผลการศึกษา

ในพื้นที่โครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ (อพ.สธ.) พบแหล่งเกาะนอนของค้างคาวแม่ไก่เกาะใน 4 พื้นที่ทั้งในฝั่งอ่าวไทย ได้แก่ เกาะจาน และเกาะคราม จังหวัดชลบุรี และเกาะทะลุ จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ และในฝั่งทะเลอันดามัน ได้แก่ เกาะสี่ ในอุทยานแห่งชาติหมู่เกาะสิมิลัน โดยแต่ละแห่งมีขนาดประชากรของค้างคาวตั้งแต่ 300-1000 ตัว ทั้งนี้ประชากรค้างคาวแม่ไก่ที่เกาะทะลุมีขนาดเล็กอยู่ใกล้แหล่งชุมชนและพื้นที่เกษตรกรรม อีกทั้งยังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ ซึ่งแสดงว่าเป็นกลุ่มประชากรที่มีความเสี่ยงสูงในการถูกคุกคาม จึงเป็นพื้นที่ที่ควรได้รับการดูแลและเฝ้าระวังเป็นพิเศษ ขณะที่กลุ่มประชากรค้างคาวแม่ไก่ที่เกาะอีก 3 แห่ง อยู่ในเขตทหารและเขตอุทยานแห่งชาติซึ่งเป็นพื้นที่อนุรักษ์ที่มีพื้นที่กว้าง อยู่ห่างไกลจากแหล่งชุมชนและพื้นที่เกษตรกรรม จึงมีความเสี่ยงต่ำในการถูกคุกคาม จึงทำให้มีขนาดประชากรค่อนข้างใหญ่และมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

แม้ว่าประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะในพื้นที่ศึกษาส่วนใหญ่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน ข้อมูลพันธุกรรมของประชากรค้างคาวที่เกาะจานแสดงถึงความเชื่อมโยงทางวิวัฒนาการระหว่างกลุ่มประชากรต่างๆ ในประเทศไทย และความเป็นไปได้ของการถ่ายเทเคลื่อนย้ายยีนระหว่างประชากรที่อยู่ในบริเวณอ่าวไทยและทะเลอันดามัน อย่างไรก็ตามข้อมูลจากการศึกษาครั้งนี้เป็นเพียงข้อมูลเบื้องต้น ยังมีความจำเป็นในการศึกษาทางวิวัฒนาการและพันธุศาสตร์ประชากรของค้างคาวแม่ไก่เกาะในประเทศไทยเพิ่มเติมเพื่อให้เข้าใจสถานภาพและชีววิทยาของค้างคาวชนิดนี้ได้ดียิ่งขึ้น

ข้อเสนอแนะ

แนวทางการวิจัยต่อไปควรทำการศึกษาเพิ่มเติมให้มีตัวอย่างมากขึ้นและครอบคลุมพื้นที่เพิ่มขึ้น และแม้ว่าข้อมูลจากการศึกษาครั้งนี้จะเป็นข้อมูลเบื้องต้น แต่ได้บ่งชี้ถึงสถานภาพของประชากรค้างคาวแม่ไก่เกาะที่เกาะทะลุ อำเภอบางสะพานน้อย จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ ที่อาจอยู่ในสภาวะที่ถูกคุกคาม และมีความเสี่ยงในการสูญพันธ์ไปจากพื้นที่ได้ จึงควรมีการวางแผนการจัดการและอนุรักษ์ประชากรกลุ่มนี้ต่อไป

เอกสารอ้างอิง

Berry, R.J. 1986. Genetics of insular populations of mammals, with particular reference to differentiation and founder effects in British small mammals. Biological Journal of the Linnean Society 28: 205-230.

Corbet, G.B. and Hill, J.E. 1992. The Mammals of the Indomalayan Region; a Systematic Review. Oxford: Oxford University Press.

Excoffier, L. and Lischer, H.E. 2010. Arlequin suite ver 3.5; a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resource 10: 564-567.

Francis, C.M. 2008. A Field Guide to the Mammals of Thailand and South-East Asia. Bangkok: Asia Book Co., Ltd.

Frankham, R. 1998. Inbreeding and extinction; island populations. Conservation Biology 12: 665-675

Heideman, P.D. and Heaney, L.R. 1992. *Pteropus hypomelanu*s. In Mickleburgh, K.R., Huston, A.M. and Racey, P.A. (ed.), Old World Fruit Bats, an Action Plan for their Conservation pp. 101-102. United Kingdom: Information Press.

Jones, D.P. and Kunz, T.H. 2000. *Pteropus hypomelanus.* Mammalian Species 639: 1-6.

Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K. 2016. MEGA 7; molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution 33: 1870-1874.

Lekagul, B. and McNeely, J.A. 1977. Mammals of Thailand. Bangkok: Karusapa Press.

Olival, K.J. 2008. Population Genetic Structure and Phylogeography of Southeast Asian Flying Foxes: Implication for Conservation and Disease Ecology. Doctoral dissertation, Graduate school of Arts and Science, Columbia University.

Payne, J., Francis, C.M. and Phillips, K. 1985. Field Guide to the Mammals of Borneo. Kota Kinabalu: Sabah society.

Rozas J. et al. 2017. DnaSP 6; DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. Molecular Biology and Evolution 34: 3299-3302.

ภาคผนวก

<u>การสกัดดีเอ็นเอจากมูลของค้างคาว (DNA extraction from stool samples)</u>

สกัดดีเอ็นเอจากมูลของค้างคาว โดยใช้ AccuPrep® Stool Genomic DNA Extraction Kit (Bioneer, Korea) ตามขั้นตอนในคู่มือดังนี้

1) นำหลอดที่บรรจุตัวอย่างมูลของค้างคาวและ Lysis buffer มาเติม Proteinase K ปริมาตร 20 ไมโครลิตร แล้วนำไป vortex จากนั้นนำไป incubate ที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นระยะเวลา 10 นาที
2) นำ sample mixture มา centrifuge ที่ความเร็ว 12,000 rpm เป็นระยะเวลา 5 นาที จากนั้นทำการแยกบริเวณที่เป็นส่วนใสของ sample mixture ย้ายไปยังหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร
3) เติม Binding buffer (ST) ปริมาตร 400 ไมโครลิตร ลงในหลอดบรรจุสารที่มีส่วนใส จากนั้นนำไป incubate ที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นระยะเวลา 10 นาที
4) เติม Isopropanol ปริมาตร 100 ไมโครลิตร และทำการ vortex เป็นระยะเวลาประมาณ 5 วินาที
5) นำ binding column มาประกอบกับหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร จากนั้นเทสารละลายลงใน binding column
6) ปิดฝา binding column และนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 8,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
7) ทำการย้าย binding column ไปยังหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดใหม่ จากนั้นเติม Washing buffer 1 (W1) ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ลงใน binding column แล้วนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 8,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
8) ทำการย้าย binding column ไปยังหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติมสาร Washing buffer 2 (W2) ปริมาตร 500 ไมโครลิตร แล้วนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 8,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
9) ทำการ centrifuge อีกครั้ง ที่ความเร็ว 12,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที เพื่อกำจัด ethanol ออกให้หมด
10) ทำการย้าย binding column ไปยังหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติมสาร Elution buffer (EL) ปริมาตร 50 ไมโครลิตร จากนั้นรอเป็นระยะเวลา 5 นาที และนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 8,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที เพื่อชะล้างดีเอ็นเอที่อยู่ใน membrane ของ binding column
11) ทำการเก็บรักษาดีเอ็นเอที่ได้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

การทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ (DNA purification)

ทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ โดยใช้ชุด AccuPrep® PCR Purification Kit (Bioneer, Korea) โดยทำตามขั้นตอนในคู่มือดังนี้

1) เติม PCR Binding buffer ประมาณ 5 เท่า ของปริมาตร PCR product นำ ไป vortex เป็นระยะเวลาประมาณ 5 วินาที
2) ทำการเท mixture ที่ได้ลงใน binding column และนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 13,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
3) เทสารละลายที่ผ่านตัวกรองของ binding column ทิ้ง จากนั้นทำการประกอบ binding column ลงไปในหลอดบรรจุสารขนาด 2 มิลลิลิตร
4) เติม Binding buffer 2 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ลงบน binding column จากนั้นนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 13,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
5) เทสารละลายที่ผ่านตัวกรองของ binding column ทิ้ง จากนั้นทำการประกอบ binding column ลงไปในหลอดบรรจุสารขนาด 2 มิลลิลิตร จากนั้นทำการเติม Binding buffer 2 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร อีกครั้งแล้วนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 13,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
6) เทสารละลายที่ผ่านตัวกรองของ binding column ทิ้ง จากนั้นทำการประกอบ binding column ลงไปในหลอดบรรจุสารขนาด 2 มิลลิลิตร
7) ทำให้ binding column แห้งด้วยการนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 13,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที จากนั้นทำการย้าย binding column ไปยังหลอดบรรจุสารขนาด 1.5 มิลลิลิตร
8) เติม Buffer 3 ปริมาตร 30 ไมโครลิตร บริเวณตรงกลางของ binding column จากนั้นรอเป็นระยะเวลา 1 นาที
9) ชะดีเอ็นเอที่อยู่ใน binding column โดยการนำไป centrifuge ที่ความเร็ว 13,000 rpm เป็นระยะเวลา 1 นาที
10) นำดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ไปทำการวิเคราะห์ต่อไป

ประวัติคณะผู้วิจัย

1. ชื่อ - นามสกุล (ภาษาไทย) ธงชัย งามประเสริฐวงศ์

ชื่อ - นามสกุล (ภาษาอังกฤษ) Thongchai Ngamprasertwong

2. เลขหมายบัตรประจำตัวประชาชน 3100800234387

3. ตำแหน่งปัจจุบัน ผู้ช่วยศาสตราจารย์

4. หน่วยงานและสถานที่อยู่ที่ติดต่อได้สะดวก พร้อมหมายเลขโทรศัพท์ โทรสาร และไปรษณีย์อิเล็กทรอนิกส์ (e-mail)

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ถนนพญาไท ปทุมวัน กรุงเทพมหานคร 10330
โทรศัพท์ 02-2185375 โทรสาร 02-2185386

5. ประวัติการศึกษา

ปีที่จบการศึกษา	ระดับปริญญา	อักษรย่อปริญญาและชื่อเต็ม	สาขาวิชา	มหาวิทยาลัย	ประเทศ
2541	ปริญญาตรี	วิทยาศาสตรบัณฑิต (วท.บ.)	วิทยาศาสตร์ทั่วไป	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย	ไทย
2544	ปริญญาโท	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วท.ม.)	สัตววิทยา	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย	ไทย
2551	ปริญญาเอก	Doctor of Philosophy (Ph.D.)	Zoology	University of Aberdeen	UK

6. สาขาวิชาการที่มีความชำนาญพิเศษ (แตกต่างจากวุฒิการศึกษา) ระบุสาขาวิชาการ

นิเวศวิทยา

7. ผลงานวิจัย

7.1 ผลงานตีพิมพ์ในวารสารนานาชาติ (ย้อนหลัง 5 ปี)

1. Ngamprasertwong, T., Piertney, S. B., Mackie, I. K., and Racey, P. A. 2014. Roosting habits of Daubenton's bat (*Myotis daubentonii*) during reproduction differs between adjacent river valleys. Acta Chiropterologica 16(2): 337-347.
2. Prakobkarn, A., Thirakhupt, K., and Ngamprasertwong, T. 2016. Sexual dimorphism and geographic variation of *Calotes versicolor* (Squamata: Agamidae) in northern and southern Thailand. Agriculture and Natural Resources 50(6): 474-482.

7.2 บทความ

1. -

7.3 หนังสือ

1. ธงชัย งามประเสริฐวงศ์, กษิดิศ ริสอน, จิตรทิวัส พรประเสริฐ และ พชรพล จุ่มศรี. 2560. ค้างคาวบริเวณเขาถ้ำเสือ-เขาจำปา. สำนักพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. กรุงเทพ. 64 หน้า.

ประวัติคณะผู้วิจัย

1. ชื่อ - นามสกุล (ภาษาไทย) อาจอง ประทัตสุนทรสาร

ชื่อ - นามสกุล (ภาษาอังกฤษ) Art-ong Pradatsundarasar

2. เลขหมายบัตรประจำตัวประชาชน

3. ตำแหน่งปัจจุบัน ผู้ช่วยศาสตราจารย์

4. หน่วยงานและสถานที่อยู่ที่ติดต่อได้สะดวก พร้อมหมายเลขโทรศัพท์ โทรสาร และไปรษณีย์อิเล็กทรอนิกส์ (e-mail)

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ถนนพญาไท ปทุมวัน กรุงเทพมหานคร 10330
โทรศัพท์ 02-2185375 โทรสาร 02-2185386

5. ประวัติการศึกษา

ปีที่จบการศึกษา	ระดับปริญญา	อักษรย่อปริญญาและชื่อเต็ม	สาขาวิชา	มหาวิทยาลัย	ประเทศ
2520	ปริญญาตรี	วิทยาศาสตรบัณฑิต (วท.บ.)	ชีววิทยา	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย	ไทย
2525	ปริญญาโท	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วท.ม.)	สัตววิทยา	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย	ไทย
2537	ปริญญาเอก	Doctor of Philosophy (Ph.D.)	Ecology	University of Aberdeen	UK

6. สาขาวิชาการที่มีความชำนาญพิเศษ (แตกต่างจากวุฒิการศึกษา) ระบุสาขาวิชาการ

นิเวศวิทยา

7. ผลงานวิจัย

7.1 ผลงานตีพิมพ์ในวารสารนานาชาติ (ย้อนหลัง 5 ปี)

1. Bundhitwongrut, T., Thirakhupt, K., and Pradatsundarasar, A. 2014. Population ecology of the land hermit crab *Coenobita rugosus* (Anomura, Coenobitidae) at Cape Panwa, Phuket island, Andaman coast of Thailand. Natural History Bulletin of Siam Society 60(1): 31-51.
2. Lerdsuchatavanich, P., Pradatsundarasar, A., Pattanakiat, S., and Utarasakul, T. 2016. Ecotourism is a significant tool for sustainable tourist attraction: a case study of Khao Krajome, Ratchaburi Province, Thailand. Journal of Environmental Management and Tourism (Volume VII, Fall), 3(15): 481-492.

7.2 บทความ

1. -

7.3 หนังสือ

1. -

ประวัติคณะผู้วิจัย

1. ชื่อ - นามสกุล (ภาษาไทย) พชรพล จุ่มศรี

ชื่อ - นามสกุล (ภาษาอังกฤษ) Patcharapon Jumsri

2. เลขหมายบัตรประจำตัวประชาชน 1200900162216

3. ตำแหน่งปัจจุบัน นิสิตปริญญาโท

4. หน่วยงานและสถานที่อยู่ที่ติดต่อได้สะดวก พร้อมหมายเลขโทรศัพท์ โทรสาร และไปรษณีย์อิเล็กทรอนิกส์ (e-mail)

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ถนนพญาไท ปทุมวัน กรุงเทพมหานคร 10330

โทรศัพท์ 02-2185375 โทรสาร 02-2185386

5. ประวัติการศึกษา

ปีที่จบการศึกษา	ระดับปริญญา	อักษรย่อปริญญาและชื่อเต็ม	สาขาวิชา	มหาวิทยาลัย	ประเทศ
2559	ปริญญาตรี	วิทยาศาสตรบัณฑิต (วท.บ.)	ชีววิทยา	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย	ไทย

6. สาขาวิชาการที่มีความชำนาญพิเศษ (แตกต่างจากวุฒิการศึกษา) ระบุสาขาวิชาการ

นิเวศวิทยา

7. ผลงานวิจัย

7.1 ผลงานตีพิมพ์ในวารสารนานาชาติ (ย้อนหลัง 5 ปี)

1. -

7.2 บทความ

1. **-**

7.3 หนังสือ

1. ธงชัย งามประเสริฐวงศ์, กษิดิศ ริสอน, จิตรทิวัส พรประเสริฐ และ พชรพล จุ่มศรี. 2560. ค้างคาวบริเวณเขาถ้ำเสือ-เขาจำปา. สำนักพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. กรุงเทพ. 64 หน้า.