

## รายงานผลงานเรื่องเต็มการทดลองที่สิ้นสุด

-----

1. แผนงานวิจัย : -
2. ชื่อโครงการวิจัย : ผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศต่อจุลินทรีย์ดินที่มีประโยชน์ เพื่อเพิ่มศักยภาพการผลิตพืชในพื้นที่ลุ่มน้ำปาย  
ชื่อกิจกรรม : การศึกษาชีววิทยาและนิเวศวิทยาของจุลินทรีย์ดินในพื้นที่ที่ได้รับผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศบริเวณลุ่มน้ำปาย
3. ชื่อการทดลอง (ภาษาไทย) : การศึกษาประชากรและจำแนกชนิดของแบคทีเรียในพื้นที่ที่ได้รับผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศบริเวณลุ่มน้ำปาย  
ชื่อการทดลอง (ภาษาอังกฤษ): Study of Bacterial community from area affected by climate change in Pai river Basin
4. คณะผู้ดำเนินงาน นายมนต์ชัย มนต์สิลา<sup>1/</sup> นายอำนาจ เอี่ยมวิจารณ์<sup>1/</sup>  
นางสาวกิตติเมธ แจ่มศิริกุล<sup>1/</sup> นางสาวอมรรัตน์ ไฉยะเสน<sup>1/</sup>  
นายบรรณพิชญ์ สัมฤทธิ์<sup>1/</sup> นางสาวจิตรา เกาะแก้ว<sup>1/</sup>  
นายสุรียนต์ ดีตเหล็ก<sup>2/</sup>

### 5. บทคัดย่อ

การศึกษาจำนวนประชากรและชนิดของแบคทีเรียจากพื้นที่ที่ได้รับผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ บริเวณลุ่มน้ำปาย ทำการทดลองตั้งแต่ ฤดูหนาว ปี 2559 (เดือนธันวาคม 2559) ถึง ฤดูฝน ปี 2562 (เดือนสิงหาคม 2562) เพื่อให้ทราบถึงการเปลี่ยนแปลงของจำนวนประชากรแบคทีเรียในแต่ละฤดู รวมถึงจำนวนประชากรแบคทีเรียในสภาพที่มีการใช้ประโยชน์ต่างกันในพื้นที่ลุ่มน้ำปาย ปริมาณแบคทีเรียจากตัวอย่างดินปี 2560-2562 ในแต่ละฤดูที่นับได้ บนอาหาร Nutrient agar (NA) มีปริมาณอยู่ระหว่าง  $1.36 \times 10^6 - 1.23 \times 10^7$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม ปริมาณแบคทีเรียมากที่สุดพบในดินป่าต้นน้ำ (UF) ในฤดูหนาวปี 2560 มีปริมาณ  $1.23 \times 10^7$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม ปริมาณแบคทีเรียน้อยที่สุดพบในดินป่าปลายน้ำ (DF) ในฤดูฝนปี 2560 มีปริมาณ  $1.36 \times 10^6$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม ความหลากหลายของแบคทีเรียที่พบในพื้นที่ลุ่มน้ำปาย ปี 2560 มีจำนวนชนิดของแบคทีเรียที่พบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ จำนวน 1,852 ชนิด ป่าปลายน้ำจำนวน 2,567 ชนิด เกษตรต้นน้ำจำนวน 1,838 ชนิด และป่าต้นน้ำจำนวน 2,511 ชนิด ปี 2561 ปริมาณแบคทีเรียที่พบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ 928 ชนิด ป่าปลายน้ำ 987 ชนิด เกษตรต้นน้ำ 941 ชนิด และป่าต้นน้ำ 955 ชนิด ปี 2562 ปริมาณแบคทีเรียที่พบในพื้นที่ เกษตรต้นน้ำ 806 ชนิด ป่าต้นน้ำ 1,199 ชนิด เกษตรปลายน้ำ 955 ชนิด และป่าปลายน้ำ 1,163 ชนิด ซึ่งจำนวนประชากรแบคทีเรียที่พบในแต่ละพื้นที่มีความแตกต่างกันตามสภาพการใช้ประโยชน์ที่ดิน นอกจากนี้ปริมาณแบคทีเรียที่พบขึ้นอยู่กับอยู่กับฤดูกาล แต่จำนวนประชากรใน

---

<sup>1/</sup> กองวิจัยพัฒนาปัจจัยการผลิตทางการเกษตร

<sup>2/</sup> ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรแม่ฮ่องสอน

ชุมชนแบคทีเรียขึ้นอยู่กับลักษณะการใช้ประโยชน์ที่ดิน การทดลองนี้แสดงให้เห็นว่าสภาพอากาศที่เปลี่ยนแปลงทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของโครงสร้างประชากรแบคทีเรีย นอกจากนี้ผลกระทบทางอ้อมของปรากฏการณ์โลกร้อน โดยเฉพาะผลของความชื้นในดินมีผลโดยตรงต่อชุมชนประชากรแบคทีเรียมากกว่าผลกระทบโดยตรงของอุณหภูมิที่อุ่นขึ้น ปริมาณฝนที่ตกควบคู่กับอากาศที่อุ่นขึ้นมีผลกระทบอย่างมีนัยสำคัญต่อชุมชนแบคทีเรีย

## Abstract

Study of population and bacterial community from climate change affected areas in Pai River Basin. Experiments were conducted from winter 2016 (December 2016) to the rainy season 2019 (August 2019) to realize changes in bacterial population in each season. This includes the number of bacterial populations under conditions of different uses in the Pai River basin. The number of bacteria from soil samples 2017-2019 in each season on the Nutrient agar (NA) ranged from  $1.3^6 \times 10^6$  -  $1.23 \times 10^7$  cells per 1 g. of soil. The highest bacterial content was found in upstream forest soils (UF) in winter 2017, the amount was  $1.23 \times 10^7$  cells per 1 g. of soil. The lowest bacterial load was found in downstream forest soils (DF) in the rainy season of 2017, there were  $1.36 \times 10^6$  cells per 1 g. of soil. In 2017, there were 1,852, 2,567, 1,838 and 2,511 species of bacteria found in downstream agricultural area, downstream forests area, upstream agriculture area and upstream forests area respectively, in 2018, the number of bacteria found in 928 species in downstream agricultural areas, 987 species in downstream forests 941 species of upstream agriculture and 955 species of upstream forests. In 2019, the number of bacteria found in 806 species upstream agricultural areas, 1,199 species in upstream forests, 955 species in downstream agriculture, and 1,163 species in downstream forests. In addition, the amount of bacteria found depends on the season and condition of land use. On the other the number of populations in bacterial communities depends on land use characteristics. The experiments show that climate change causes changes in bacterial population structure. In addition, indirect effects of global warming. Specifically, the effect of soil moisture has a direct effect on bacterial populations rather than the direct effect of warmer temperatures. The rainfall, coupled with warmer air, has a significant impact on the bacterial community.

## 6. คำนำ

การเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ (Climate change) เป็นปัญหาสิ่งแวดล้อมที่มีความสำคัญในระดับภูมิภาคของโลก การเปลี่ยนแปลงของสภาพภูมิอากาศอาจทำให้จุลินทรีย์ดินที่มีประโยชน์ทางการเกษตรบางชนิดไม่สามารถปรับตัวได้ ทำให้เกิดแรงกดดันในการเคลื่อนย้ายเพื่อหาที่อยู่อาศัยใหม่ที่เหมาะสม ซึ่งปัจจุบันมีอุปสรรคจากการทำการเกษตรที่มีการใช้สารเคมี และการบุกรุกพื้นที่ป่าเพื่อทำการเกษตร ทำให้จุลินทรีย์ดินที่มีประโยชน์ทางการเกษตรหลายชนิดอาจสูญพันธุ์ไปจากแหล่งที่อยู่อาศัยเดิม การศึกษาการเปลี่ยนแปลงประชากรจุลินทรีย์ดินที่ดำรงชีวิตอยู่ในสภาพพื้นที่ ที่ได้รับผลกระทบจากการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศโดยทำการศึกษา

เปรียบเทียบระหว่างพื้นที่ป่ากับพื้นที่ที่ถูกบกรวนจากการเกษตรกรรม ในแต่ละช่วงเวลาในรอบ 1 ปี ซึ่งสามารถระบุชนิดและปริมาณจุลินทรีย์ดินชนิดต่าง ๆ ที่อาจพบเพิ่มขึ้นหรือลดลงไปจากแหล่งอาศัยในระบบนิเวศนั้นๆ โดยข้อมูลเหล่านี้จะสามารถบ่งชี้ถึงความอุดมสมบูรณ์ของดิน รวมทั้งการดำรงชีวิตของจุลินทรีย์ดินบางชนิดที่สามารถปรับตัว และยังคงกิจกรรมที่ช่วยสนับสนุนเกื้อกูลต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งที่อยู่อาศัยนั้น ๆ

ชุมชนจุลินทรีย์ดินจัดเป็นความเชื่อมโยงที่ซับซ้อนในระบบนิเวศเนื่องจากทำหน้าที่สำคัญในวัฏจักรคาร์บอนและไนโตรเจน ในปัจจุบันการศึกษาชุมชนจุลินทรีย์มีการพัฒนาวิธีที่รวดเร็ว แม่นยำ ไม่ต้องเพาะเลี้ยงจุลินทรีย์บนอาหารเลี้ยงเชื้อ ทำให้สามารถศึกษาทั้งโครงสร้างและหน้าที่ของชุมชนจุลินทรีย์ดินได้ในสภาพที่อยู่ในสิ่งแวดล้อม เนื่องจากจุลินทรีย์ที่มีอยู่ในธรรมชาติโดยส่วนใหญ่ไม่สามารถเพาะเลี้ยงในอาหารสังเคราะห์ได้ ดังนั้นการศึกษาและวิเคราะห์ยีนที่สนใจจากจุลินทรีย์ที่เพาะเลี้ยงไม่ได้จึงมีความสำคัญเป็นอย่างยิ่ง โดยเฉพาะกลุ่มของจุลินทรีย์ผลิตเอ็นไซม์และสารสำคัญซึ่งมนุษย์สามารถที่จะนำมาใช้ประโยชน์ในด้านต่าง ๆ เช่น เอ็นไซม์เซลลูเลส ไชลาเนส โคติเนส เป็นต้น เมตาจีโนมิกส์จึงเป็นเทคนิคที่นิยมใช้ในการศึกษาประชากรของจุลินทรีย์ในธรรมชาติทั้งชนิดที่เพาะเลี้ยงได้และเพาะเลี้ยงไม่ได้ เช่น จุลินทรีย์ในน้ำ ในดิน ในลำไส้ของมนุษย์ ฯลฯ เพื่อให้สามารถนำมาประยุกต์เพื่อการนำไปใช้ประโยชน์ต่อไป (Gill, 2006; Jones, 2008; Kurokawa, 2007; Manichanh, 2008; Sartor, 2008) เช่น การศึกษาประชากรจุลินทรีย์ที่ผลิตเอ็นไซม์ไลเปสและเอสเทอเรส ที่ใช้เร่งปฏิบัติการสังเคราะห์สารเคมีอินทรีย์และกระบวนการทางอุตสาหกรรม จากดินบริเวณบ่อน้ำพุร้อนแจ้ซ้อน (Tirawongsaroj *et al.*, 2008) การศึกษาชุมชนจุลินทรีย์ดินโดยไม่มีการเพาะเลี้ยง ทำให้ลดข้อจำกัดในกลุ่มของจุลินทรีย์ดินที่ไม่สามารถทำการเพาะเลี้ยงได้โดยเฉพาะจุลินทรีย์ดินกลุ่มที่ไม่ต้องการอากาศในการเจริญ (anaerobic) รวมไปถึงประชากรจุลินทรีย์ดินที่มีความซับซ้อนก็สามารถทำการศึกษาได้ (Bastone and Tyson, 2014) การศึกษาชุมชนจุลินทรีย์ดินโดยการใช้ข้อมูลโดยรวมของ 16S rRNA ยีนเป็นวิธีที่นิยมใช้กันโดยมาก เมื่อมีการนำเทคนิค pyrosequencing เข้ามาประยุกต์ใช้ทำให้ความแม่นยำ ความน่าเชื่อถือ และโอกาสที่จะได้ข้อมูลของประชากรที่ต้องการศึกษาเพิ่มมากขึ้น pyrosequencing เป็นวิธีที่สามารถทำซ้ำแม่นยำครอบคลุมโครงสร้างประชากรทั้งหมดของชุมชนจุลินทรีย์ดินในสิ่งแวดล้อมที่ต้องการศึกษา (Pilloni *et al.*, 2012) ชุมชนจุลินทรีย์ดินมีความแตกต่างกันอย่างมากเนื่องมาจากสภาพของดินมีความแตกต่างกันทั้งขนาดอนุภาคดิน ปริมาณน้ำในดิน และช่องว่างภายในดินทำให้กิจกรรมของจุลินทรีย์แตกต่างกัน (Larsen *et al.*, 2012) จุลินทรีย์ในดินมีบทบาทที่สำคัญต่อการหมุนเวียนธาตุอาหารในดิน เช่น คาร์บอน ไนโตรเจน ฟอสฟอรัส และซัลเฟอร์ รวมทั้งการย่อยสลายอินทรีย์วัตถุในดิน กิจกรรมเหล่านี้ถูกควบคุมด้วยหลายปัจจัย เช่น อุณหภูมิ ความชื้น ปริมาณธาตุอาหาร และระดับของออกซิเจน อุณหภูมิที่เพิ่มขึ้นทำให้กิจกรรมของจุลินทรีย์ดินเพิ่มขึ้น มีการปรับตัวให้เข้ากับอุณหภูมิที่สูงขึ้น และมีอัตราการเจริญที่เร็วขึ้น การเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศจึงมีผลต่อกิจกรรมของจุลินทรีย์ดินและมีผลต่อวัฏจักรของธาตุอาหาร เพื่อให้เข้าใจถึงการตอบสนองของประชากรจุลินทรีย์สามารถทำนายการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของชุมชนจุลินทรีย์ดินถึงการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นได้อย่างแม่นยำถึงผลกระทบที่มีต่อระบบนิเวศและที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ

## 7. วิธีดำเนินการ

- อุปกรณ์

1. ตัวอย่างดินบริเวณลุ่มน้ำปาย
2. สารเคมีที่ใช้ในด้านชีวโมเลกุล
3. สารเคมีที่ใช้ับปริมาณของแบคทีเรีย
4. อุปกรณ์ในการเก็บตัวอย่างดิน เช่น ท่อเจาะดินสแตนเลส กระจกสแตนเลสสำหรับเก็บตัวอย่างดินขนาด

100 มิลลิลิตร พลั่วมือสแตนเลส ค้อนทองแดง ถุงพลาสติก

- วิธีปฏิบัติการทดลอง

1. การเก็บตัวอย่างดินในแต่ละพื้นที่ ประกอบด้วย พื้นที่ต้นน้ำ และปลายน้ำ โดยจะเก็บดินในพื้นที่ทำการเกษตร และดินป่าที่ยังไม่ถูกรบกวนจากการทำเกษตรกรรม โดยขุดดินลึกจากผิวดิน 15 เซนติเมตร ขุดอย่างน้อย 5 หลุม ในพื้นที่ 25 ตารางเมตร ตักดินมาหลุมละ 1 กิโลกรัม นำดินที่ได้มาผสมให้เข้ากัน ตักใส่ถุงพลาสติก ประมาณ 2 กิโลกรัม ปิดปากถุงให้แน่น บรรจุในถังน้ำแข็ง เพื่อนำไปวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการ ดินทุกตัวอย่างเก็บที่อุณหภูมิต่ำกว่าจะทำการวิเคราะห์

2. เก็บตัวอย่างดินในบริเวณที่ทำการศึกษิตตามกรรมวิธี ทุกๆ 4 เดือนในรอบ 1 ปี ตลอดระยะเวลาที่ดำเนินการวิจัย และบันทึกข้อมูลพื้นที่เก็บตัวอย่าง ได้แก่ พิกัด เนื้อดิน พีช pH ของดิน อุณหภูมิอากาศ

3. วิเคราะห์คุณสมบัติเบื้องต้นของดิน ได้แก่ ประเภทของดิน ปริมาณอินทรีย์วัตถุในดิน ปริมาณคาร์บอนและไนโตรเจน ฟอสฟอรัส และโพแทสเซียมในดิน

4. ตรวจนับปริมาณของแบคทีเรียแต่ละชนิดในอาหารเลี้ยงเชื้อ NA (Nutrient agar) โดยวิธี plate count

5. จำแนกชนิดแบคทีเรียโดยวิธีสกัดดีเอ็นเอโดยตรงจากตัวอย่างดิน เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของชุดยีน 16S rRNA อ่านลำดับเบสของดีเอ็นเอจากตัวอย่างที่เพิ่มปริมาณได้ด้วยเทคนิค Next generation sequence และจำแนกแบคทีเรียที่มีประโยชน์ทางการเกษตรออกเป็นกลุ่มต่างๆ ทำการเปรียบเทียบชนิดของแบคทีเรียที่พบในแต่ละครั้งของการเก็บตัวอย่าง ศึกษาความสัมพันธ์ของแบคทีเรียที่พบด้วยวิธี phylogenetic tree analysis

6. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของกลุ่มและปริมาณประชากรแบคทีเรียแต่ละชนิดตามพื้นที่เก็บในแต่ละช่วงเวลา

การบันทึกข้อมูล

1. บันทึกข้อมูลพื้นที่เก็บตัวอย่าง ได้แก่ พิกัด เนื้อดิน แหล่งอาศัย พีช และสภาพอากาศ เช่น อุณหภูมิอากาศและดิน ความชื้นในอากาศ pH ของดิน และปริมาณน้ำฝน
2. บันทึกข้อมูลคุณสมบัติเบื้องต้นของดิน ได้แก่ ประเภทของดิน ปริมาณอินทรีย์วัตถุในดิน ฟอสฟอรัส และโพแทสเซียมในดิน
3. ปริมาณของแบคทีเรียกลุ่มต่างๆในดิน
4. ชนิดของแบคทีเรียที่พบในแต่ละช่วงเวลา

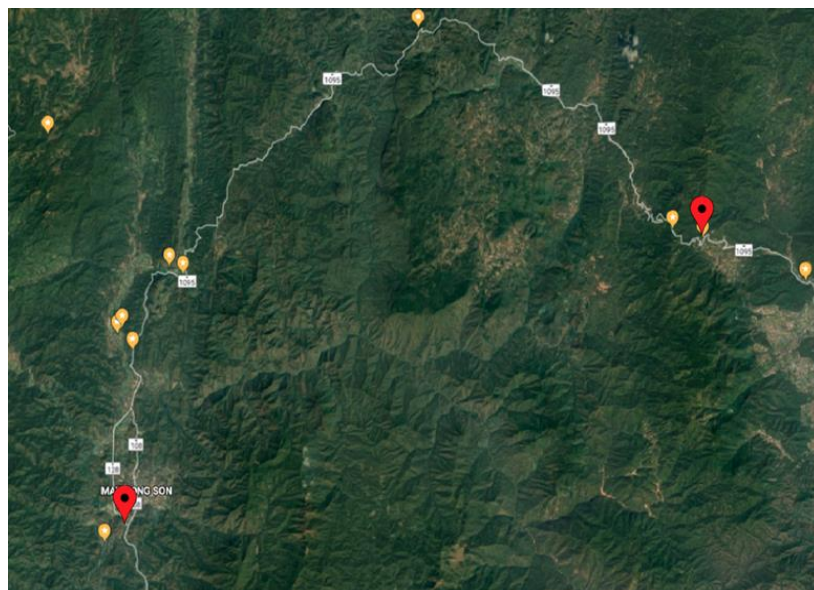
- เวลาและสถานที่

ระยะเวลา ตุลาคม 2559 – กันยายน 2562

สถานที่ทำการทดลอง กลุ่มงานวิจัยจุลินทรีย์ดิน กองวิจัยพัฒนาปัจจัยการผลิตทางการเกษตร ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรแม่ฮ่องสอน และพื้นที่ลุ่มน้ำปาย จ. แม่ฮ่องสอน

8. ผลการทดลองและวิจารณ์

เก็บตัวอย่างดินจากพื้นที่ทำการเกษตรและพื้นที่ป่าของบริเวณต้นน้ำ และปลายน้ำของกลุ่มน้ำปาย จ. แม่ฮ่องสอน พื้นที่ป่าต้นน้ำ-เกษตรต้นน้ำ ต. แม่มาเต็ง อ. ปาย จ. แม่ฮ่องสอน พื้นที่ป่าปลายน้ำ-เกษตรปลายน้ำ ต. ผาป่อง อ. เมือง จ. แม่ฮ่องสอน (ภาพที่ 1, ตารางที่ 1) นำตัวอย่างดินมาศึกษาสมบัติทางเคมีของตัวอย่างดิน (ตารางที่ 2) สมบัติทางกายภาพของตัวอย่างดิน (ตารางที่ 3)



พื้นที่ป่าปลายน้ำ



พื้นที่ป่าต้นน้ำ



พื้นที่เกษตรปลายน้ำ

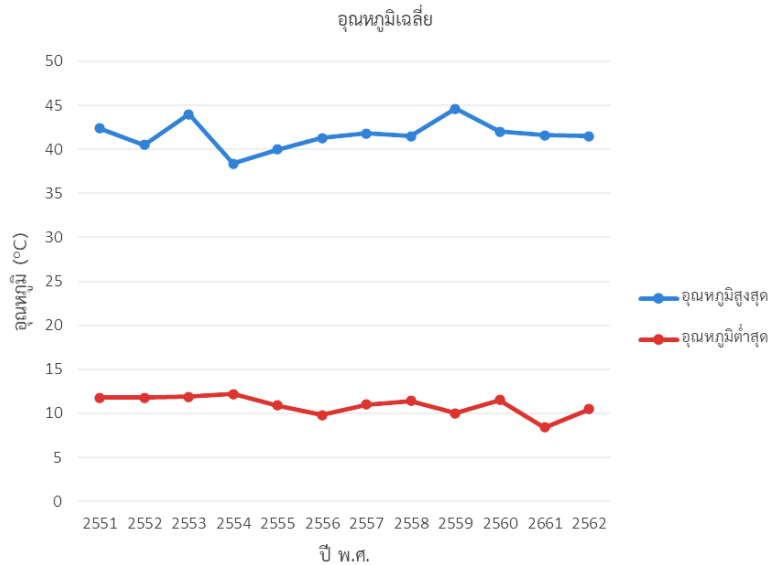


พื้นที่เกษตรต้นน้ำ

ภาพที่ 1 พื้นที่ปฏิบัติการทดลอง

## สภาพอากาศของพื้นที่ทำการทดลอง

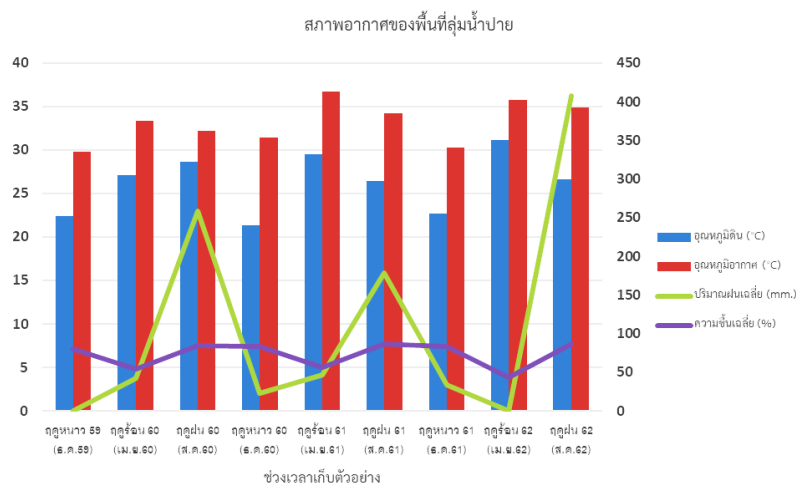
อุณหภูมิสูงสุด-ต่ำสุด ย้อนหลังตั้งแต่ปี พ.ศ. 2551- 2562 ของลุ่มน้ำปาย อุณหภูมิสูงสุดที่วัดได้คือ 44 °C ในปี 2553 อุณหภูมิต่ำสุดที่วัดได้คือ 8.4 °C ในปี 2561 (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 อุณหภูมิเฉลี่ยของพื้นที่ลุ่มน้ำปาย

\*ข้อมูลอุณหภูมิอากาศจากสถานีตรวจอากาศแม่ฮ่องสอน

สภาพอากาศขณะทำการทดลองตั้งแต่ ฤดูหนาว ปี 2559 (เดือนธันวาคม 2559) ถึง ฤดูฝน ปี 2562 (เดือนสิงหาคม 2562) อุณหภูมิขณะเก็บตัวอย่าง อุณหภูมิอากาศสูงสุด 36.7 °C ต่ำสุด 29.8 °C อุณหภูมิดินสูงสุด 31.1 °C ต่ำสุด 22.4 °C ปริมาณฝนเฉลี่ยในช่วงเวลาที่เก็บตัวอย่าง ปริมาณสูงสุด 407.8 mm. ต่ำสุด 0 mm. ความชื้นเฉลี่ยสูงสุด 86 % ต่ำสุด 43 % ตามลำดับ (ภาพที่ 3)



ภาพที่ 3 สภาพอากาศของพื้นที่การวิจัย

## สมบัติดินในพื้นที่ศึกษา

ตัวอย่างดินจากพื้นที่ทำการเกษตรและพื้นที่ป่าของบริเวณต้นน้ำ และปลายน้ำของกลุ่มน้ำปาย จ.แม่ฮ่องสอน พื้นที่ป่าต้นน้ำ-เกษตรต้นน้ำ ต.แม่มาเต็ง อ.ปาย จ.แม่ฮ่องสอน พื้นที่ป่าปลายน้ำ-เกษตรปลายน้ำ ต.ผาบ่อง อ.เมือง จ.แม่ฮ่องสอน ศึกษาสมบัติทางเคมีของตัวอย่างดิน (กรมวิชาการเกษตร, 2544) ตัวอย่างดินกลุ่มน้ำปาย มีค่าความเป็นกรด-ด่างอยู่ระหว่าง 5.92-6.71 จัดเป็นดินกรดปานกลางถึงเป็นกลาง อินทรีย์วัตถุ 1.85-3.11 เปอร์เซ็นต์ จัดว่าเป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์ปานกลางถึงสูง ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ 11.33-75.71 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับปานกลางถึงสูง โปแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ 66.97-177.10 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับปานกลางถึงสูง ดินป่าต้นน้ำมีค่าความเป็นกรด-ด่างอยู่ระหว่าง 6.57 จัดว่าเป็นดินกรดอ่อน อินทรีย์วัตถุ 2.29 เปอร์เซ็นต์เป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์สูง ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ 75.71 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง โปแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ 168.90 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง ดินเกษตรต้นน้ำมีค่าความเป็นกรด-ด่างอยู่ระหว่าง 6.71 จัดว่าเป็นกลาง อินทรีย์วัตถุ 3.11 เปอร์เซ็นต์เป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์สูง ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ 68.71 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง โปแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ 177.10 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง ดินป่าปลายน้ำมีค่าความเป็นกรด-ด่างอยู่ระหว่าง 6.32 จัดว่าเป็นดินกรดอ่อน อินทรีย์วัตถุ 2.77 เปอร์เซ็นต์เป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์สูง ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ 11.33 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับปานกลาง โปแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ 150 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง ดินเกษตรปลายน้ำมีค่าความเป็นกรด-ด่างอยู่ระหว่าง 5.92 จัดว่าเป็นดินกรดปานกลาง อินทรีย์วัตถุ 1.85 เปอร์เซ็นต์เป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์ปานกลาง ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ 12.43 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับสูง โปแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ 66.97 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม อยู่ในระดับปานกลาง จากข้อมูลสมบัติทางเคมีของดินกลุ่มน้ำปายจัดเป็นดินที่มีความอุดมสมบูรณ์ปานกลางถึงสูง ค่าความเป็นกรด-ด่างของดินอยู่ระหว่างกรดปานกลางถึงเป็นกลาง จากการสอบถามข้อมูลเบื้องต้นพื้นที่เกษตรต้นน้ำและพื้นที่เกษตรปลายน้ำ พืชที่ปลูกคือข้าวสลับกับพืชชนิดอื่น เช่น กระเทียม ถั่วเหลือง หรือข้าวโพด มีการใช้ทั้งปุ๋ยคอกและปุ๋ยเคมีทำให้ดินมีความอุดมสมบูรณ์ค่อนข้างสูง

สมบัติทางกายภาพของตัวอย่างดิน พบว่า ดินเป็นดินสีแดงปนเหลือง มีปริมาณ sand, silt และ clay เฉลี่ยอยู่ในช่วง 18-56, 25-41 และ 19-41 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ดินป่าต้นน้ำเป็นดินร่วนสีแดงปนเหลืองมีปริมาณ sand, silt และ clay อยู่ที่ 38 37 และ 25 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ดินเกษตรต้นน้ำเป็นดินร่วนเหนียวสีแดงปนเหลืองมีปริมาณ sand, silt และ clay อยู่ที่ 36, 39 และ 25 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ดินป่าปลายน้ำเป็นดินร่วนทรายสีแดงปนเหลืองมีปริมาณ sand, silt และ clay อยู่ที่ 56, 25 และ 19 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และดินเกษตรปลายน้ำเป็นดินเหนียวสีแดงปนเหลืองมีปริมาณ sand, silt และ clay อยู่ที่ 18, 41 และ 41 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ตารางที่ 1 พื้นที่ทำการทดลอง

	ลักษณะพื้นที่	พิกัด GPS		ความสูงจากระดับน้ำทะเล
ป่าต้นน้ำ (UF)	ป่า	19° 23' N	97° 57' E	546 m
เกษตรต้นน้ำ (UA)	นาข้าว	19° 23' N	97° 57' E	544 m
ป่าปลายน้ำ (DF)	ป่า	19° 11' N	97° 59' E	270 m
เกษตรปลายน้ำ (DA)	นาข้าว	19° 11' N	97° 59' E	208 m

ตารางที่ 2 สมบัติทางเคมีของตัวอย่างดิน

รายละเอียด	สถานที่	pH (1:1)	Organic Matter.	Available P	Exchangeable K
			(%)	(mg/kg)	(mg/kg)
1. ดินเกษตรต้นน้ำ	จ. แม่ฮ่องสอน	6.71	3.11	68.71	177.10
2. ดินเกษตรปลายน้ำ	จ. แม่ฮ่องสอน	5.92	1.85	12.43	66.97
3. ดินป่าต้นน้ำ	จ. แม่ฮ่องสอน	6.57	2.29	75.71	168.90
4. ดินป่าปลายน้ำ	จ. แม่ฮ่องสอน	6.32	2.77	11.33	150.00

ตารางที่ 3 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาสนาม และสมบัติทางกายภาพของดิน

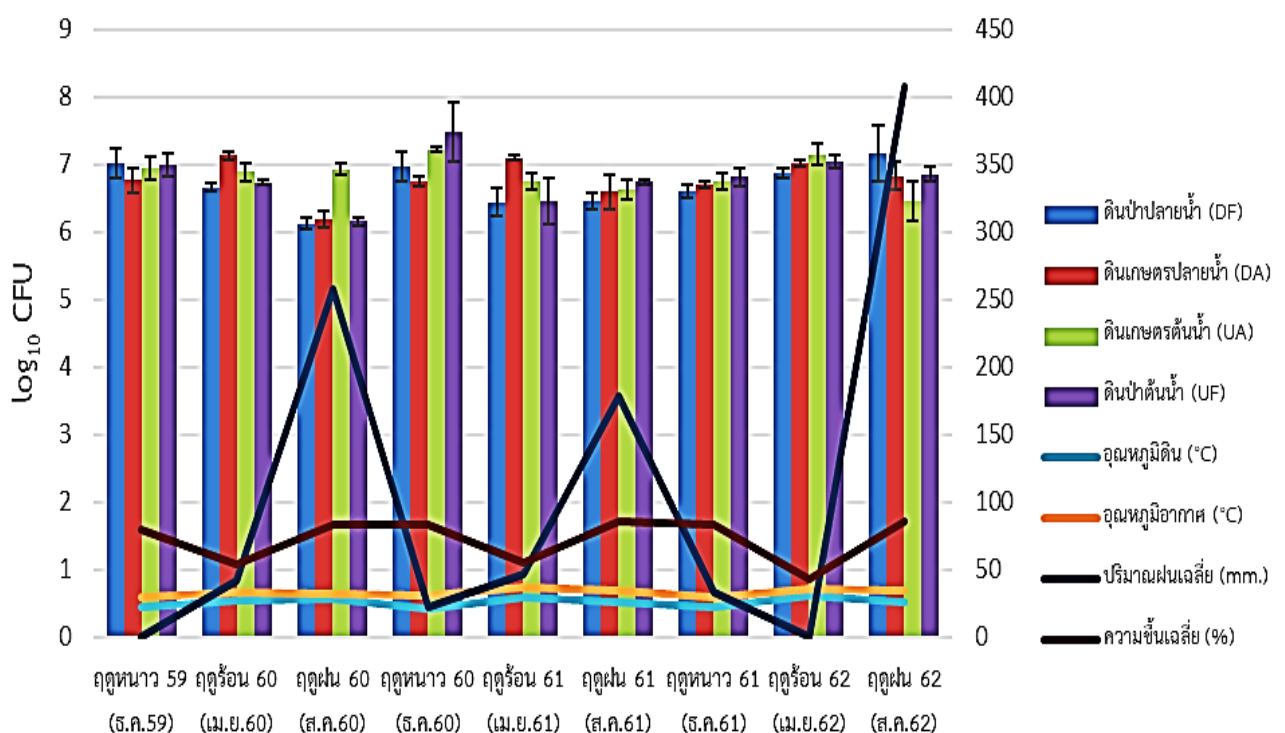
Position	Depth (cm)	Soil Color	structure	Particle size distribution (%)			Textural class
				Sand	Silt	Clay	
ดินเกษตรต้นน้ำ	0-30	10YR 3/2	subangular blocky structure	56	25	19	Sandy loam
ดินเกษตรปลายน้ำ	0-30	10YR 4/3	subangular blocky structure	36	39	25	Clay loam
ดินป่าต้นน้ำ	0-30	10YR 4/3 80% 10YR6/6 20%	subangular blocky structure	38	37	25	Loam
ดินป่าปลายน้ำ	0-30	7.5YR4/3 70% 7.5 YR 4/6 30%	Semi-angular blocky structure	18	41	41	Silty clay



## ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ลุ่มน้ำปาย

ปริมาณแบคทีเรียจากตัวอย่างดินปี 2560-2562 ในแต่ละฤดูที่นับได้บนอาหาร Nutrient agar (NA) มีปริมาณอยู่ระหว่าง  $1.36 \times 10^6 - 1.23 \times 10^7$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม ปริมาณแบคทีเรียมากที่สุดพบในดินป่าต้นน้ำ (UF) ในฤดูหนาวปี 2560 มีปริมาณ  $1.23 \times 10^7$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม ปริมาณแบคทีเรียน้อยที่สุดพบในดินป่าปลายน้ำ (DF) ในฤดูฝนปี 2560 มีปริมาณ  $1.36 \times 10^6$  เซลล์ต่อดิน 1 กรัม แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95 (ภาพที่ 4) จากรายงานของ Christian *et. al.*, (2008) พบว่าลักษณะการใช้ประโยชน์ที่ดินมีผลกระทบต่อสภาพดิน และชุมชนจุลินทรีย์มีแนวโน้มที่จะตอบสนองต่อการเปลี่ยนแปลงเหล่านี้ ค่าความเป็นกรด-ด่างของดิน และลักษณะเนื้อดินเป็นตัวบ่งชี้ที่ดีขององค์ประกอบชุมชนแบคทีเรีย องค์ประกอบของชุมชนแบคทีเรียมีความใกล้ชิดกับคุณลักษณะของดิน แต่ข้อมูลการใช้ประโยชน์ที่ดินเพียงอย่างเดียวไม่สามารถใช้ในการทำนายองค์ประกอบของชุมชนจุลินทรีย์ได้ และสมบัติทางดินก็ไม่จำเป็นที่จะต้องสอดคล้องกันในแต่ละประเภทการใช้ประโยชน์ที่ดิน นอกจากนี้การใช้วิธีการอ่านลำดับเบสเพื่อวิเคราะห์ประชากรในชุมชนแบคทีเรีย ให้ข้อมูลรายละเอียดของวิวัฒนาการของประชากรในแต่ละชุมชน และเป็นการประเมินรูปแบบทางชีววิทยาของชุมชนจุลินทรีย์นั้น จากการศึกษาของ Kamlesh *et. al.*, (2011) สรุปได้ว่าประวัติของการใช้ประโยชน์ที่ดินเป็นปัจจัยสำคัญในการกำหนดองค์ประกอบของชุมชนจุลินทรีย์มากกว่าคุณสมบัติของพืชและดิน นอกจากนี้ชุมชนจุลินทรีย์ในดินที่ถูกบกรวดเหมือนจะกลับสู่สภาพเดิมเมื่อเวลาผ่านไประยะหนึ่ง

ปริมาณแบคทีเรีย และสภาพอากาศของพื้นที่ลุ่มน้ำปาย

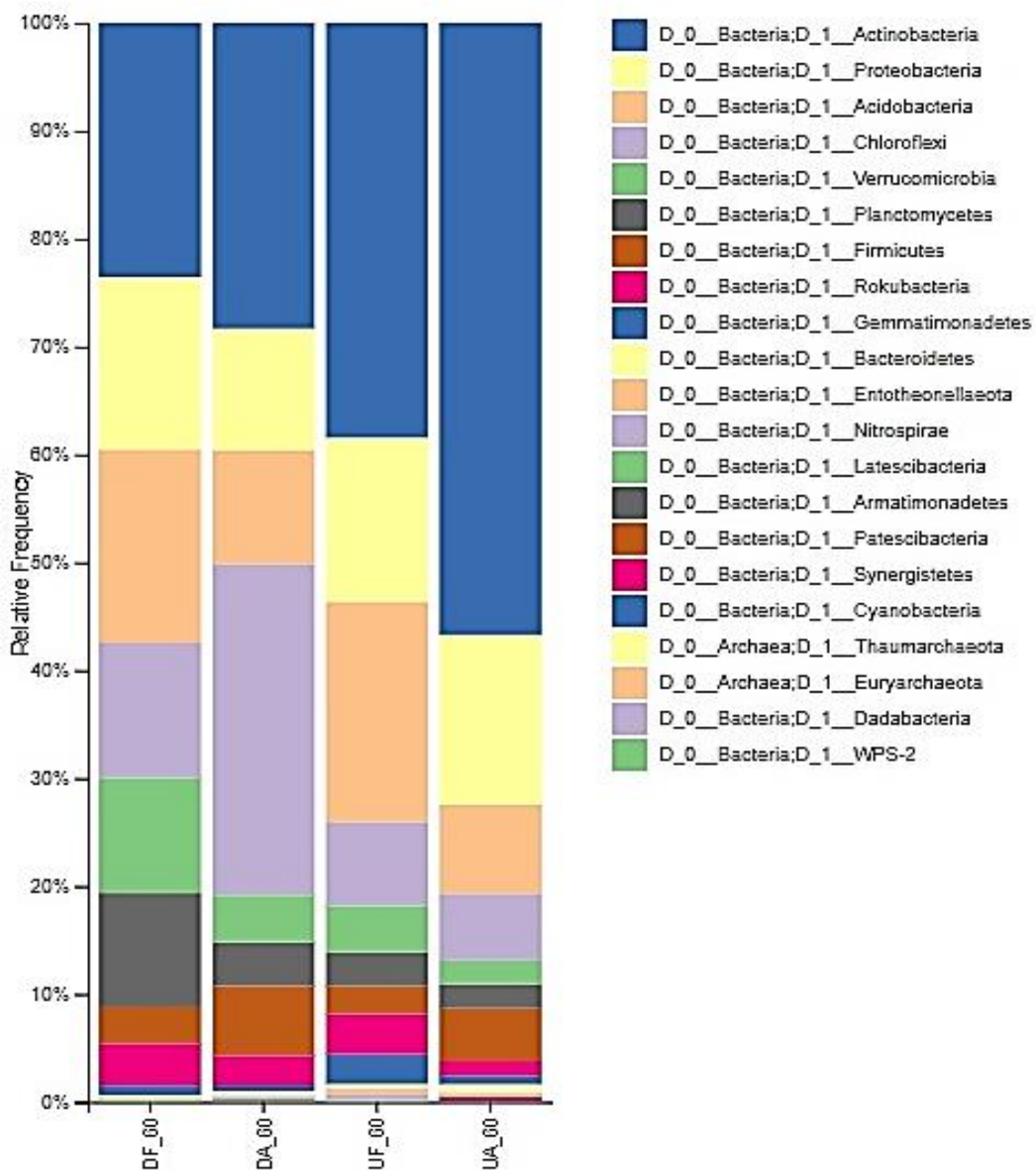


ช่วงเวลาเก็บตัวอย่าง

ภาพที่ 4 ปริมาณแบคทีเรีย และสภาพอากาศของพื้นที่ลุ่มน้ำปาย

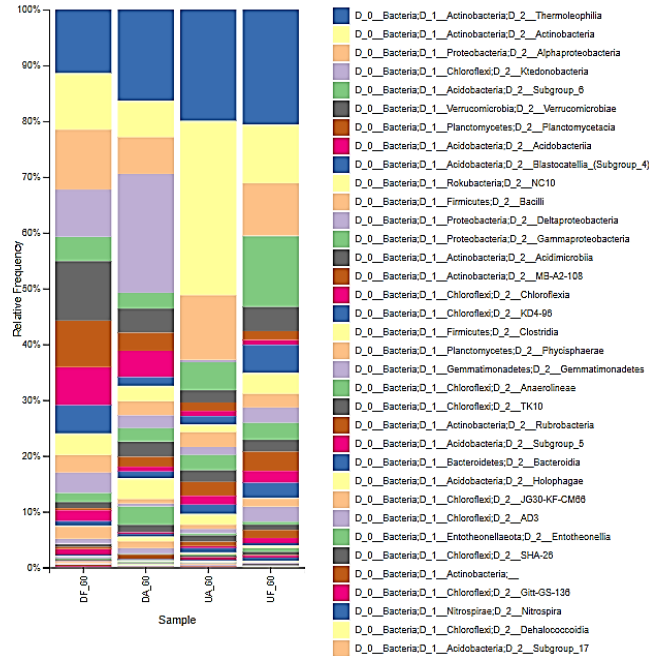
## การศึกษาประชากรของชุมชนแบคทีเรียในพื้นที่ลุ่มน้ำปาย

ผลการจำแนกชนิดของแบคทีเรียด้วย 16S rRNA gene sequence โดยใช้วิธี Next generation sequencing จากตัวอย่างดินในปี 2560 มีจำนวนชนิดของแบคทีเรียที่พบเมื่อจำแนก 16S rRNA gene พบว่า ปริมาณแบคทีเรียที่พบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำจำนวน 1,852 ชนิด ป่าปลายน้ำจำนวน 2,567 ชนิด เกษตรต้นน้ำ จำนวน 1,838 ชนิด และป่าต้นน้ำจำนวน 2,511 ชนิด โดยที่ประชากรแบคทีเรียในชุมชนจัดอยู่ในไฟลัม Actinobacteria ร้อยละ 56.70, 38.47, 28.31 และ 23.55 โดยพบในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ ส่วนไฟลัม Proteobacteria พบรองลงมาที่ร้อยละ 15.71, 15.14, 11.24 และ 15.96 โดยพบในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 5)



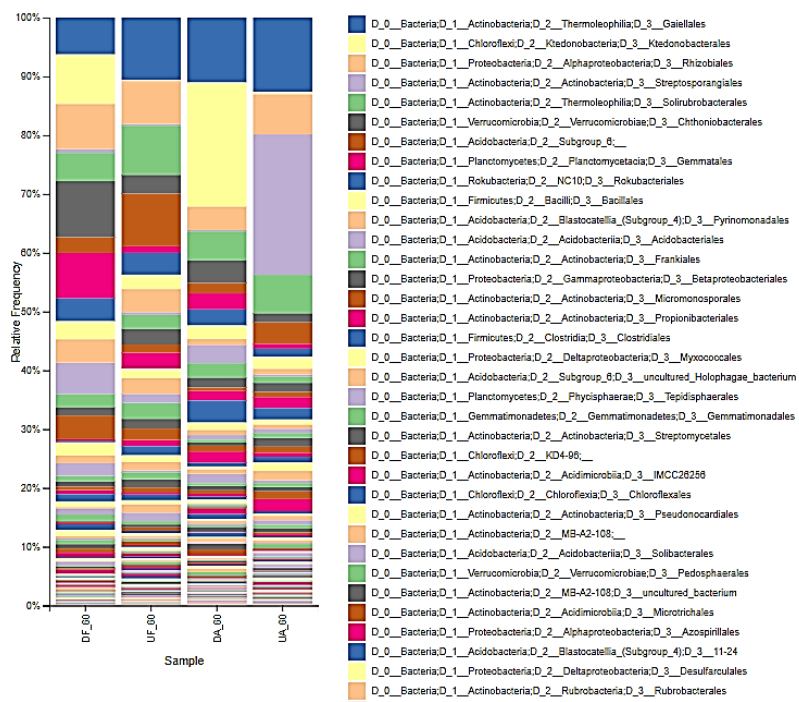
ภาพที่ 5 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับไฟลัมที่พบในปี 2560

แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria พบว่าอยู่ใน class Thermoleophilla ร้อยละ 20.58, 19.92 16.32 และ 11.37 ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ แบคทีเรียใน class Alphatroteobacteria ร้อยละ 9.37, 11.59, 6.56 และ 10.71 ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ(ภาพที่ 6)



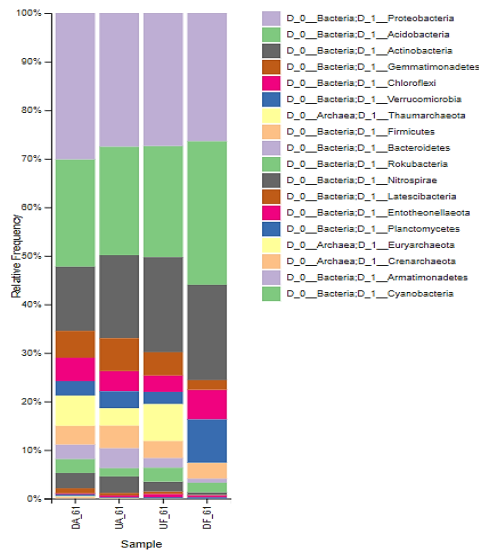
ภาพที่ 6 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับ class ที่พบในปี 2560

นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียใน order Rhizobiales ร้อยละ 7.66, 7.43, 3.97 และ 6.80 ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 7)



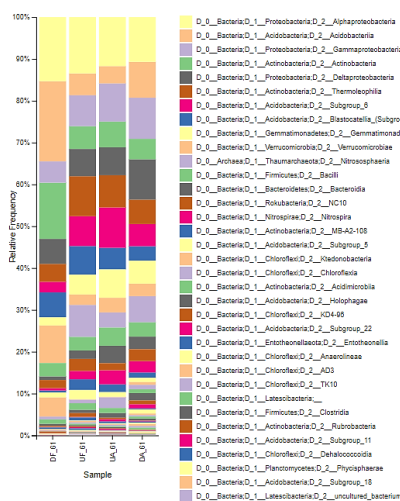
ภาพที่ 7 อัตราส่วนแบคทีเรียระดับ order ที่พบในปี 2560

การจำแนกชนิดของแบคทีเรียจากตัวอย่างดินปี 2561 ปริมาณแบคทีเรียที่พบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ 928 ชนิด ป่าปลายน้ำ 987 ชนิด เกษตรต้นน้ำ 941 ชนิด และป่าต้นน้ำ 955 ชนิด โดยที่ประชากรแบคทีเรียในชุมชนจัดอยู่ในไฟลัม Proteobacteria ร้อยละ 30.12, 27.49, 27.37 และ 26.37 โดยพบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำและป่าปลายน้ำ ตามลำดับ ส่วนไฟลัม Acidobacteria พบรองลงมาที่ร้อยละ 22.10, 22.36, 22.89 และ 29.59 โดยพบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำและป่าปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 8)



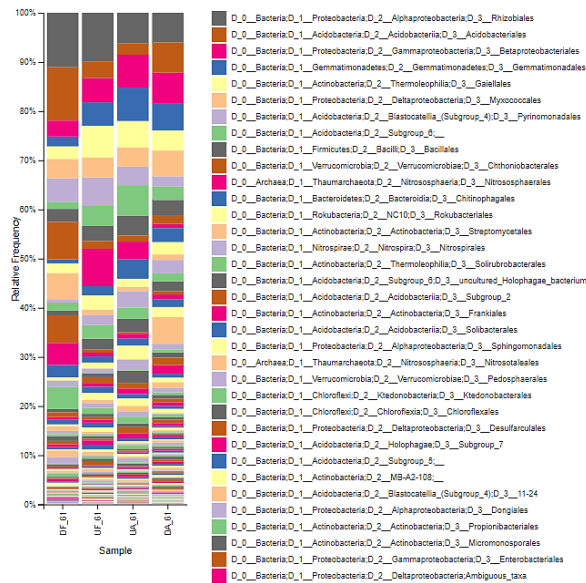
ภาพที่ 8 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับไฟลัมที่พบในปี 2561

แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria พบว่าอยู่ใน class Alphaproteobacteria ร้อยละ 15.33, 13.48, 11.73 และ 10.71 ในพื้นที่ป่าปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรต้นน้ำ และเกษตรปลายน้ำ ตามลำดับ และแบคทีเรียใน class Acidobacteriia ร้อยละ 19.16, 5.24, 4.16 และ 8.56 ในพื้นที่ป่าปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรต้นน้ำ และเกษตรปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 9)



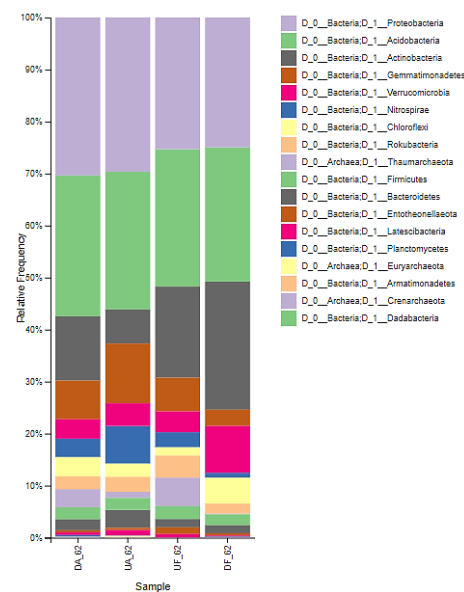
ภาพที่ 9 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับ class ที่พบในปี 2561

นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียใน order Rhizobiales ร้อยละ 11.05, 9.95, 6.24 และ 6.01 ในพื้นที่ป่า  
 ปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรต้นน้ำ และ เกษตรปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 10)



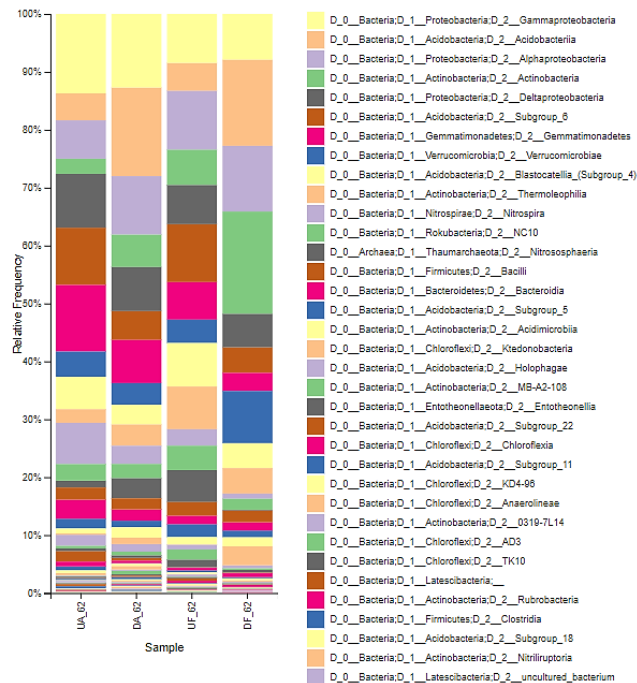
ภาพที่ 10 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับ order ที่พบในปี 2561

การจำแนกชนิดของแบคทีเรียจากตัวอย่างดินปี 2562 ปริมาณแบคทีเรียที่พบในพื้นที่ เกษตรต้นน้ำ 806  
 ชนิด ป่าต้นน้ำ 1,199 ชนิด เกษตรปลายน้ำ 955 ชนิด และป่าปลายน้ำ 1,163 ชนิด โดยที่ประชากรแบคทีเรียใน  
 ชุมชนจัดอยู่ในไฟลัม Proteobacteria ร้อยละ 30.36, 29.64, 25.32 และ 24.96 โดยพบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ  
 เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำและป่าปลายน้ำ ตามลำดับ ส่วนไฟลัม Acidobacteria พบรองลงมาที่ร้อยละ 22.10,  
 22.36, 22.89 และ 29.59 โดยพบในพื้นที่เกษตรปลายน้ำ เกษตรต้นน้ำ ป่าต้นน้ำและป่าปลายน้ำ ตามลำดับ  
 (ภาพที่ 11)



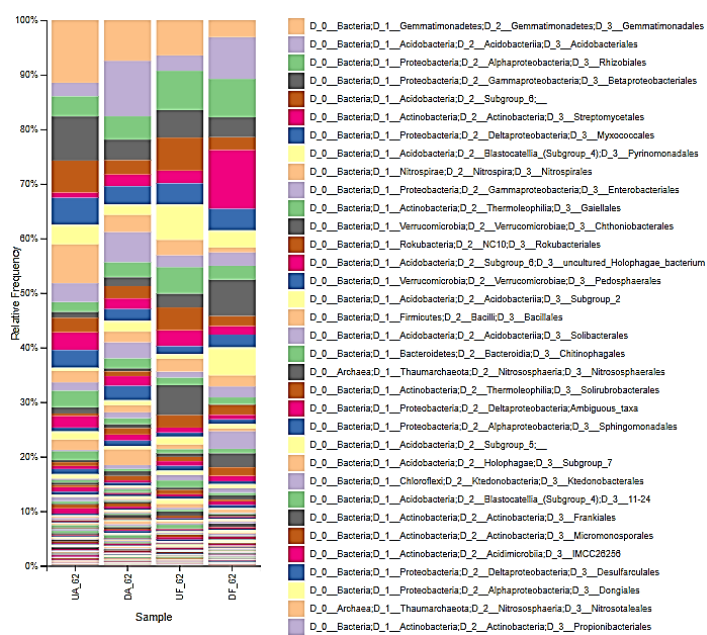
ภาพที่ 11 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับไฟลัมที่พบในปี 2562

แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria พบว่าอยู่ใน class Gammaproteobacteria ร้อยละ 13.72, 12.70, 8.45 และ 8.87 ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ และแบคทีเรียใน class Alphaproteobacteria ร้อยละ 6.64, 10.07, 10.12 และ 11.32 ในพื้นที่ป่าปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ เกษตรต้นน้ำ และเกษตรปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 12)



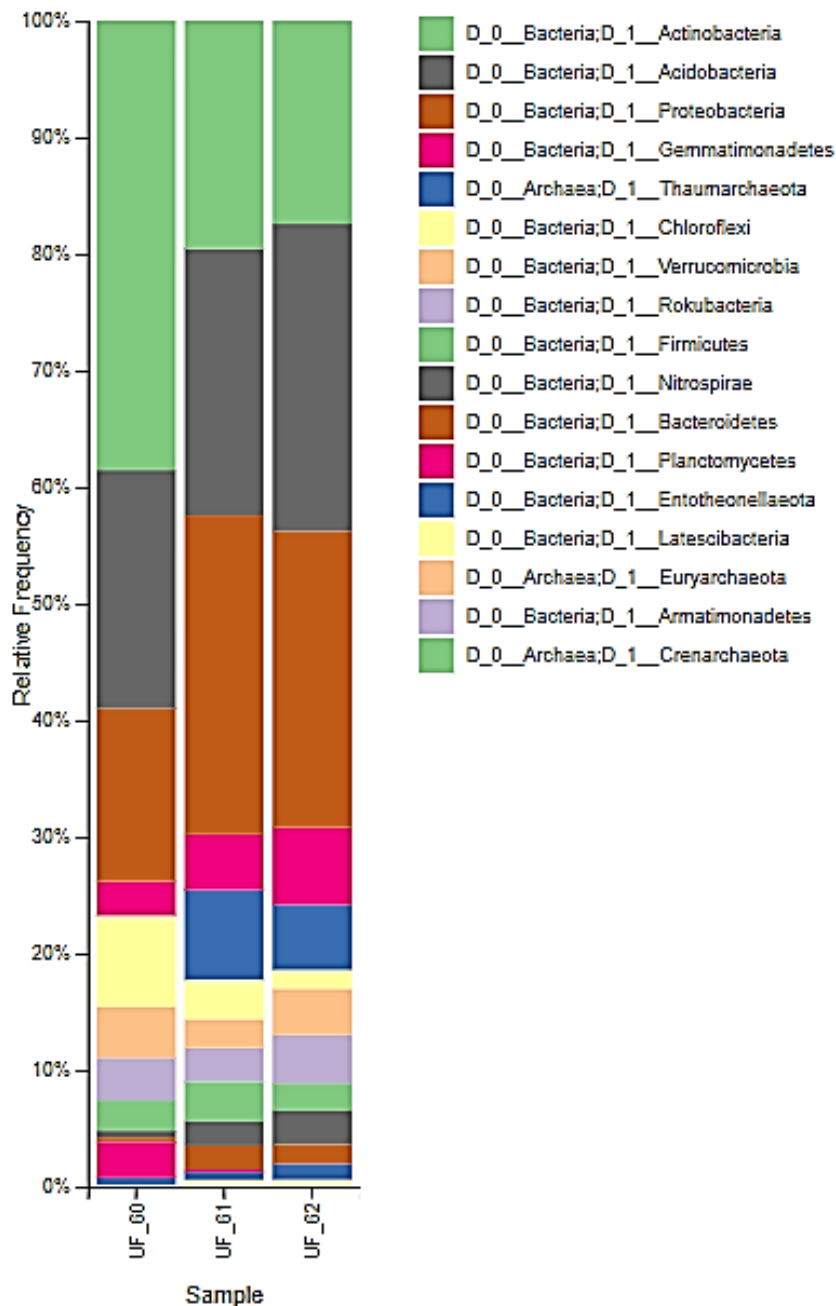
ภาพที่ 12 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับ class ที่พบในปี 2562

นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียใน order Rhizobiales ร้อยละ 3.67, 4.27, 7.19 และ 7.02 ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำ เกษตรปลายน้ำ ป่าต้นน้ำ และป่าปลายน้ำ ตามลำดับ (ภาพที่ 13)



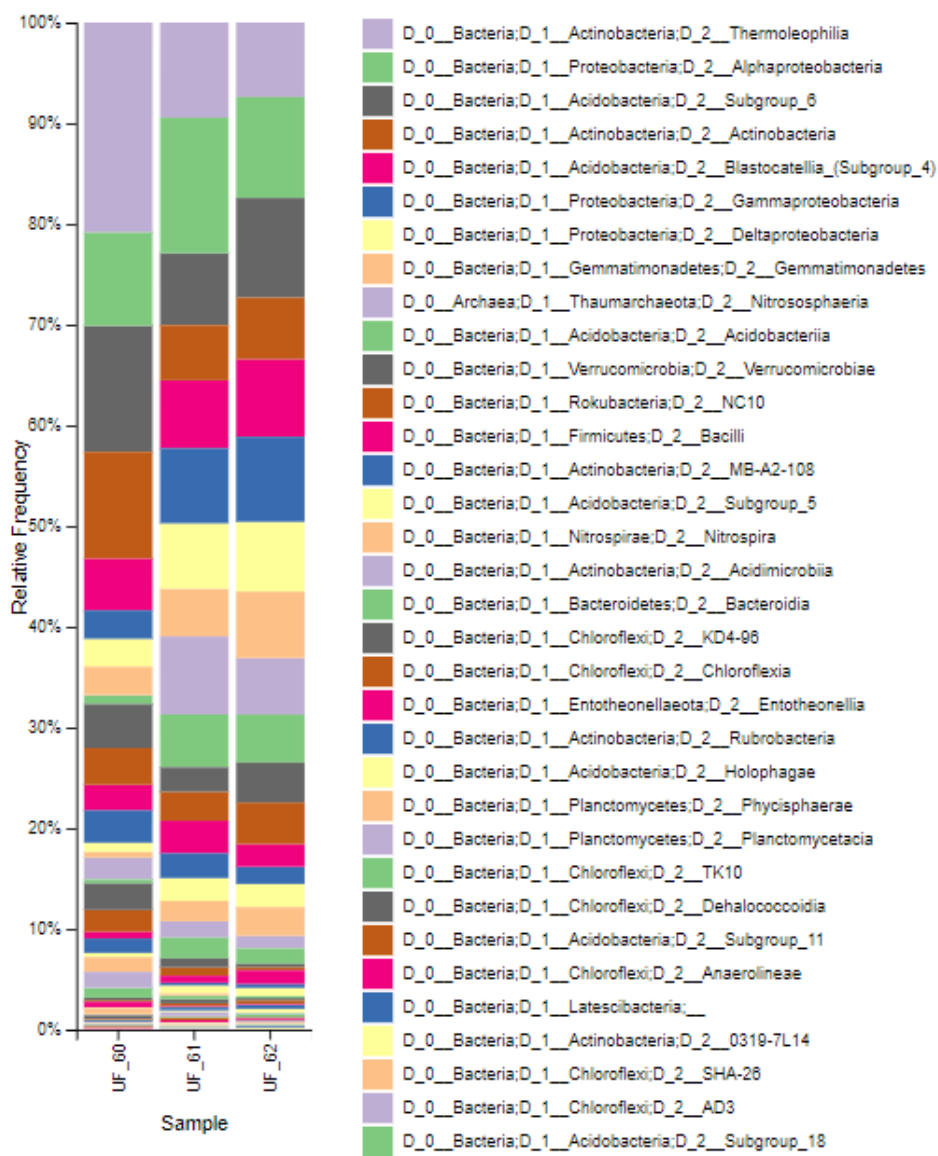
ภาพที่ 13 อัตราส่วนประชากรในชุมชนแบคทีเรียระดับ order ที่พบในปี 2562

การศึกษาประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ป่าต้นน้ำระหว่างปี 2560 ถึงปี 2562 พบว่าประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือ แบคทีเรียในไฟลัม Actinobacteria, Acidobacteria และ Proteobacteria โดยมีอัตราส่วนที่พบในประชากรร้อยละ 38.54, 20.47 และ 14.81 ตามลำดับ ในปี 2561 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria , Acidobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 27.36, 22.88 และ 19.53 ตามลำดับ และในปี 2562 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Acidobacteria, Proteobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 26.40, 25.39 และ 17.42 ตามลำดับ (ภาพที่ 14)



ภาพที่ 14 ประชากรแบคทีเรียระดับไฟลัมในพื้นที่ป่าต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

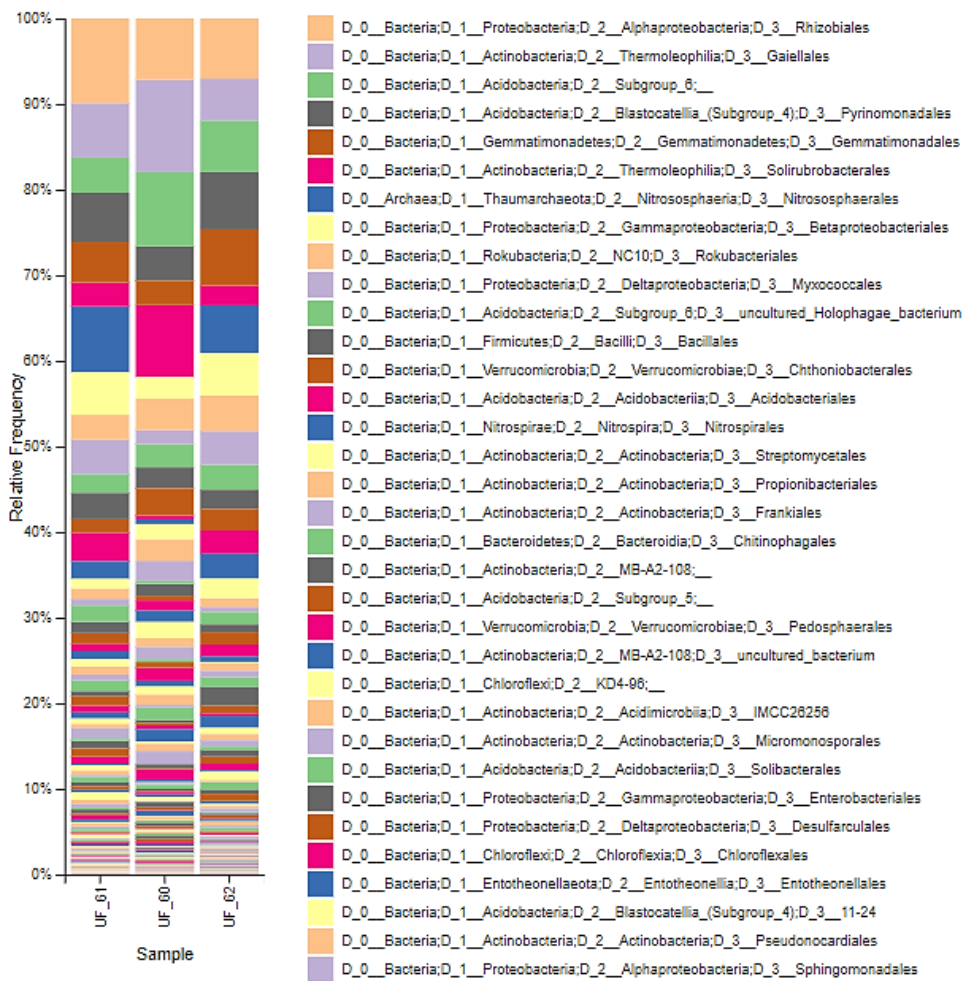
ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ป่าต้นน้ำระดับ class พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน class Thermoleophilia, Alphaproteobacteria, Acidobacteria subgroup 6 และ Actinobacteria มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 20.85, 9.24, 12.54 และ 10.59 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน class Alphaproteobacteria, Thermoleophilia, Gammaproteobacteria, Acidobacteria subgroup 6, Blastocatellia, Deltaproteobacteria และ Actinobacteria มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 13.45, 9.45, 7.45, 7.14, 6.73 และ 6.47 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน class Thermoleophilia, Acidobacteria subgroup 6, Actinobacteria, Alphaproteobacteria และ Blastocatellia สัดส่วนประชากรร้อยละ 20.85, 12.52, 10.59 9.24 และ 5.14 ตามลำดับ (ภาพที่ 15)



ภาพที่ 15 ประชากรแบคทีเรียระดับ class ในพื้นที่ป่าต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

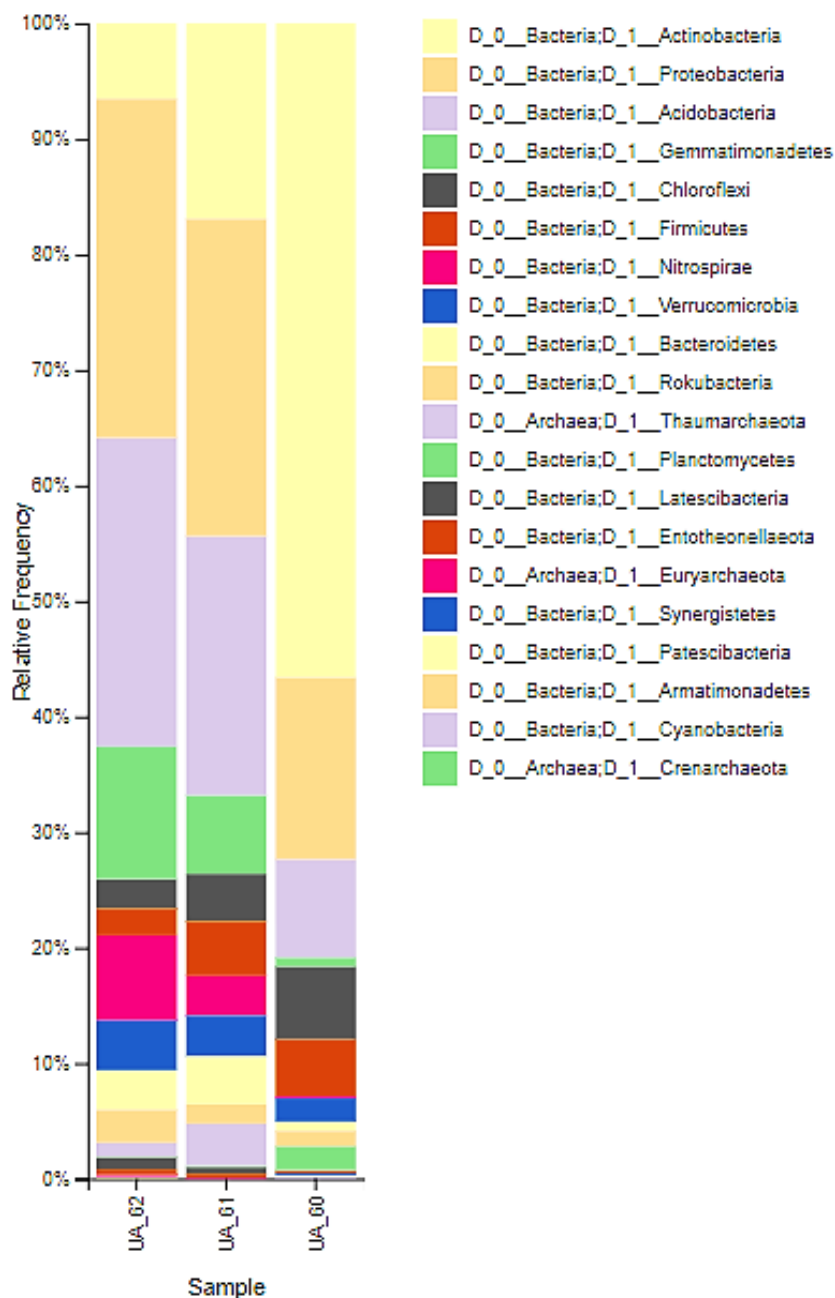


ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ป่าต้นน้ำระดับ order พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน order Gaiellales, Acidobacteria subgroup 6, Solirubrobacterales, Rhizobiales, Pyrinomonadales, Rokubacteriales, Gemmatimonadales, Betaproteobacteria และ Myxococcales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 10.78, 8.67, 8.41, 7.16, 4.01, 3.65, 2.85, 2.47 และ 1.65 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน order Rhizobiales, Nitrososphaerales, Gaiellales, Pyrinomonadales, Betaproteobacteriales, Gemmatimonadales, Acidobacteria subgroup 6, Myxococcales, Rokubacteriales และ Solirubrobacterales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 9.88, 7.69, 6.39, 5.74, 4.98, 4.74, 4.08, 4.01, 2.89 และ 2.77 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน order Rhizobiales, Pyrinomonadales, Gemmatimonadales, Acidobacteria subgroup 6, Nitrososphaerales, Betaproteobacteriales, Gaiellales, Rokubacteriales, Myxococcales และ Solirubrobacterales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 7.04, 6.67, 6.59, 6.03, 5.60, 4.96, 4.87, 4.12, 3.92 และ 2.28 ตามลำดับ (ภาพที่ 16)



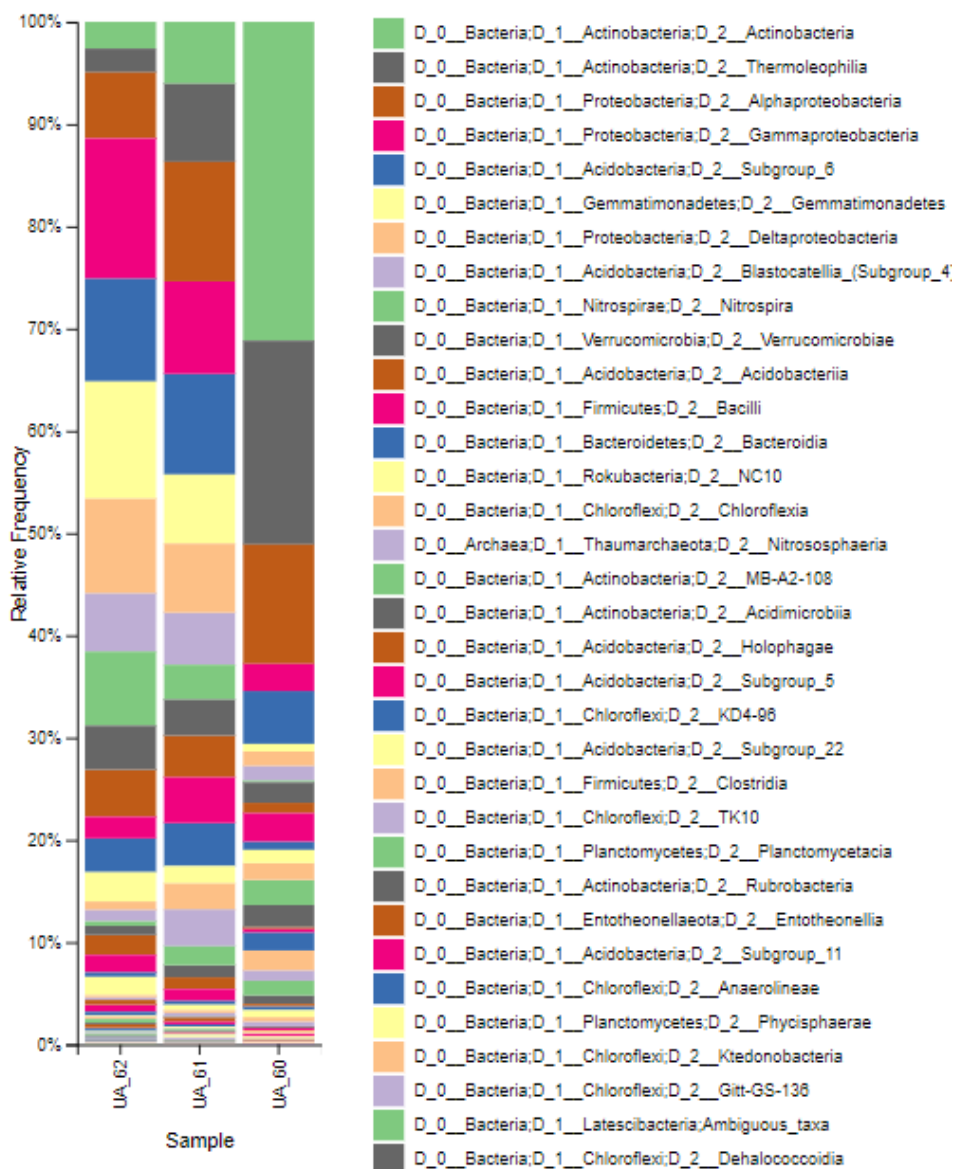
ภาพที่ 16 ประชากรแบคทีเรียระดับ order ในพื้นที่ป่าต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

การศึกษาประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระหว่างปี 2560 ถึงปี 2562 พบว่าประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือ แบคทีเรียในไฟลัม Actinobacteria, Proteobacteria และ Acidobacteria โดยมีอัตราส่วนที่พบในประชากรร้อยละ 56.64, 15.7 และ 8.50 ตามลำดับ ในปี 2561 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria, Acidobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 27.48, 22.43 และ 16.93 ตามลำดับ และในปี 2562 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria, Acidobacteria, และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 29.35, 26.72 และ 6.54 ตามลำดับ (ภาพที่ 17)



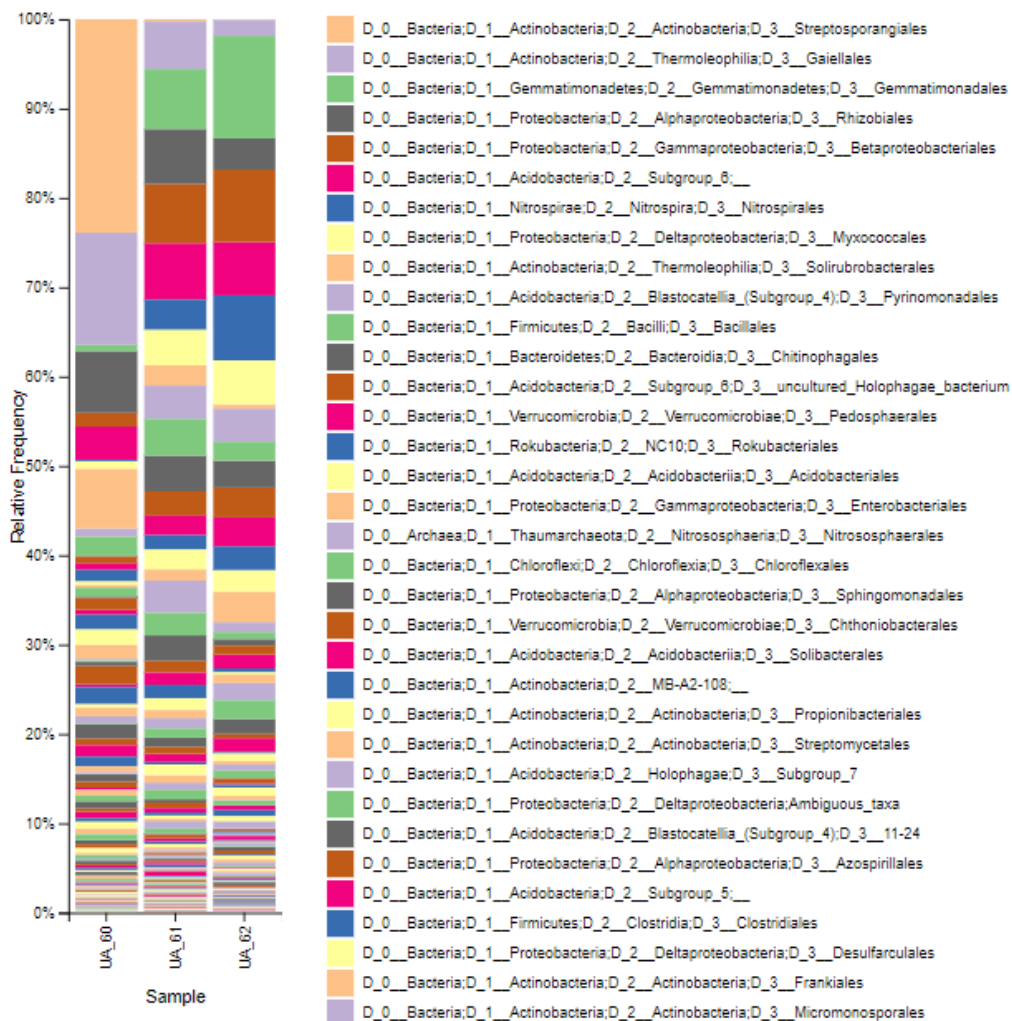
ภาพที่ 17 ประชากรแบคทีเรียระดับไฟลัมในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระดับ class พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน class Actinobacteria, Thermoleophilia, Alphaproteobacteria และ Acidobacteria subgroup 6 มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 31.17, 19.94, 11.67 และ 5.17 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน class Alphaproteobacteria, Acidobacteria subgroup 6, Gammaproteobacteria, Thermoleophilia, Deltaproteobacteria, Gemmatimonadetes, Actinobacteria และ Blastocatellia มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 11.69, 9.84, 9.03, 7.63, 6.75, 6.74, 6.06 และ 5.10 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน class Gammaproteobacteria, Gemmatimonadetes, Acidobacteria subgroup 6, Deltaproteobacteria, Alphaproteobacteria, Blastocatellia, Actinobacteria และ Thermoleophilia สัดส่วนประชากรร้อยละ 13.69, 11.46, 10.08, 9.21, 6.44, 5.71, 2.61 และ 2.33 ตามลำดับ (ภาพที่ 18)



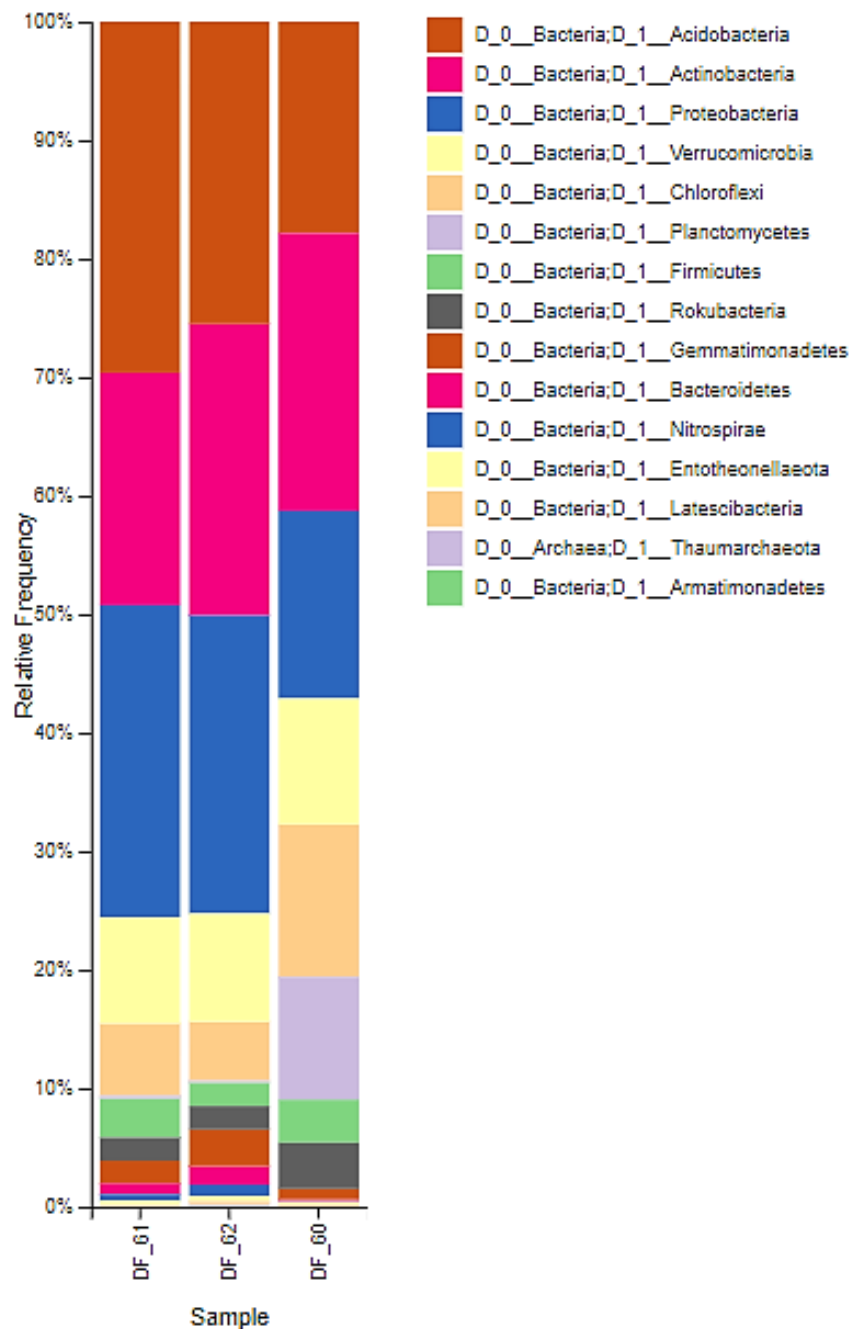
ภาพที่ 18 ประชากรแบคทีเรียระดับ class ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระดับ order พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน order Streptosporangiales, Gaiellales, Rhizobiales, Solirubrobacterales, Acidobacteria subgroup 6, Betaproteobacteria, Pyrinomonadales, Myxococcales และ Gemmatimonadales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 23.91, 12.55, 6.86, 6.68, 3.72, 1.52, 0.92, 0.81 และ 0.74 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน order Gemmatimonadales, Betaproteobacteriales, Acidobacteria subgroup 6, Rhizobiales, Gaiellales, Myxococcales, Pyrinomonadales, Nitrososphaerales, และ Solirubrobacterales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 6.74, 6.59, 6.30, 6.14, 5.34, 3.95, 3.75, 3.40 และ 2.24 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน order Gemmatimonadales, Betaproteobacteriales, Nitrososphaerales, Acidobacteria subgroup 6, Myxococcales, Pyrinomonadales, Rhizobiales, , Gaiellales และ มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 11.46, 8.08, 7.24, 5.99, 4.90, 3.70, 3.52 และ 1.80 ตามลำดับ (ภาพที่ 19)



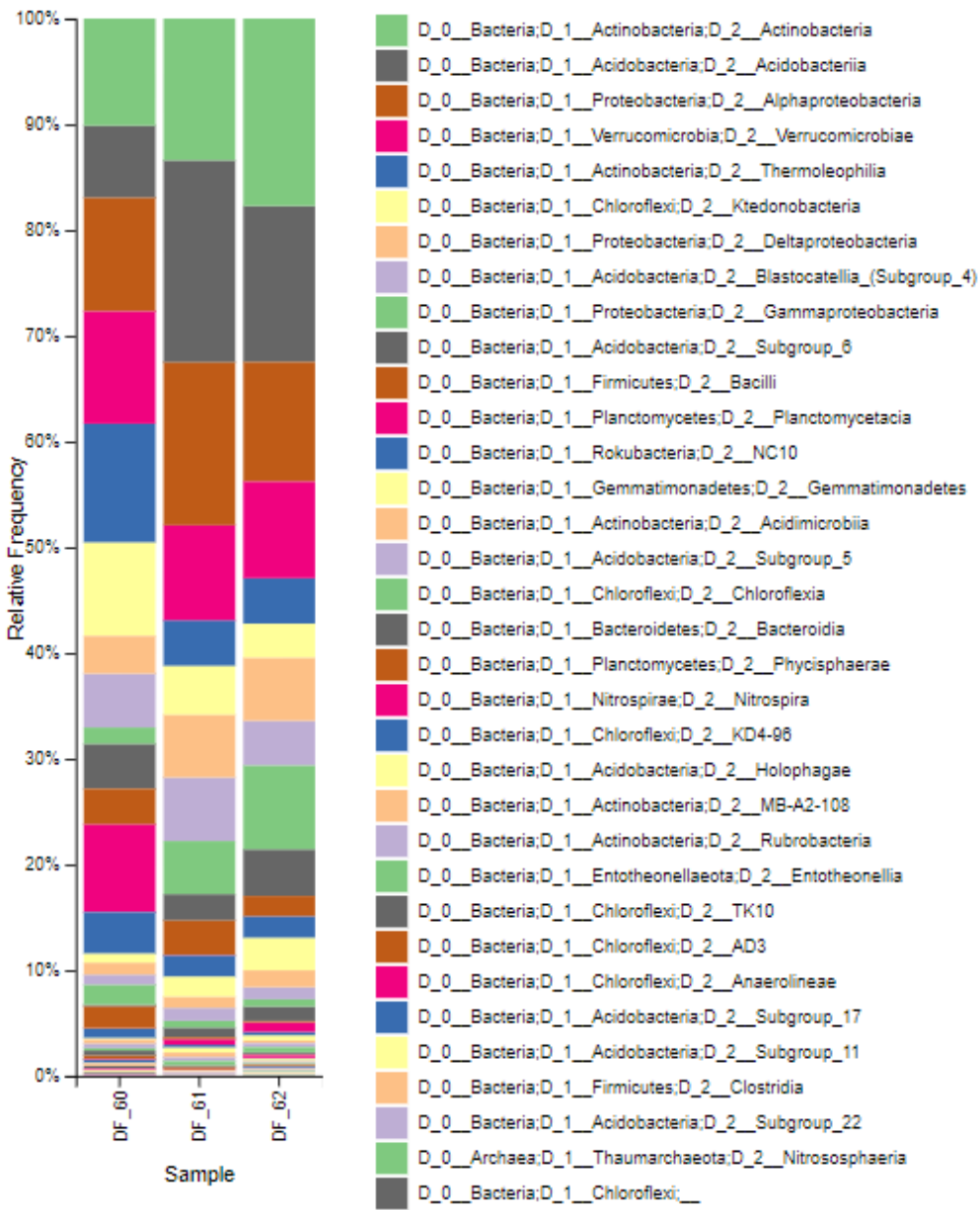
ภาพที่ 19 ประชากรแบคทีเรียระดับ order ในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระหว่างปี 2560-2562

การศึกษาประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ป่าปลายน้ำระหว่างปี 2560 ถึงปี 2562 พบว่าประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือ แบคทีเรียในไฟลัม Actinobacteria, Acidobacteria และ Proteobacteria โดยมีอัตราส่วนที่พบในประชากรร้อยละ 23.41, 17.86 และ 15.84 ตามลำดับ ในปี 2561 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Acidobacteria, Proteobacteria และ Actinobacteria 19.62 พบในประชากรร้อยละ 29.62, 26.32 และ 19.62 ตามลำดับ และในปี 2562 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Acidobacteria, Proteobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 25.52, 25.15 และ 24.58 ตามลำดับ (ภาพที่ 20)



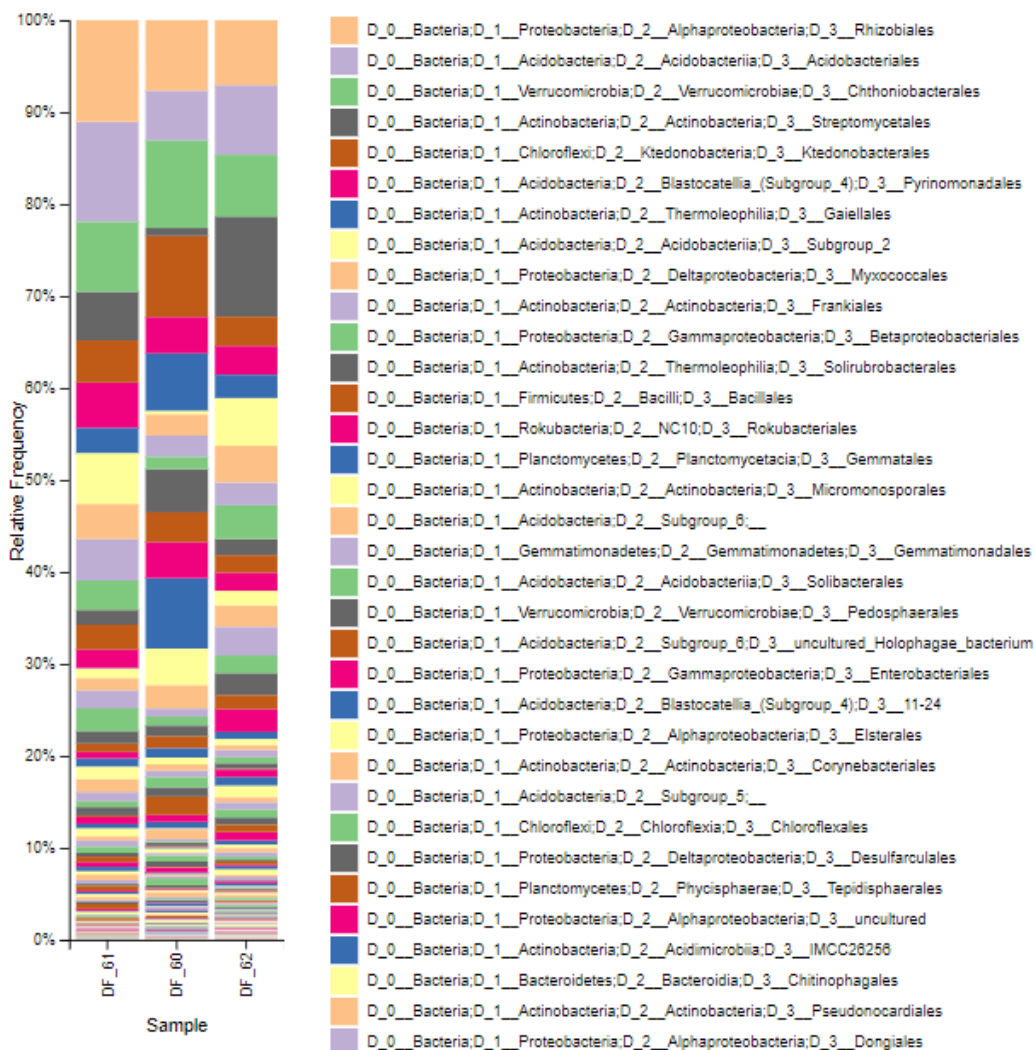
ภาพที่ 20 ประชากรแบคทีเรียระดับไฟลัมในพื้นที่ป่าปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่ป่าปลายน้ำระดับ class พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน class Thermoleophilia, Alphaproteobacteria, Verrucomicrobiae, Actinobacteria, Ktedonobacteria และ Acidobacteria มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 11.25, 10.74, 10.61, 10.12, 8.82 และ 6.83 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน class Acidobacteria, Alphaproteobacteria, Actinobacteria, Verrucomicrobiae, Deltaproteobacteria, Thermoleophilia, และมีสัดส่วนประชากรร้อยละ 19.11, 15.40, 13.41, 9.12, 5.90 และ 4.34 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน class Actinobacteria, Acidobacteriia, Alphaproteobacteria 11.30, Verrucomicrobiae, และ Thermoleophilia, สัดส่วนประชากรร้อยละ 17.72, 14.77, 9.12 และ 4.30ตามลำดับ (ภาพที่ 21)



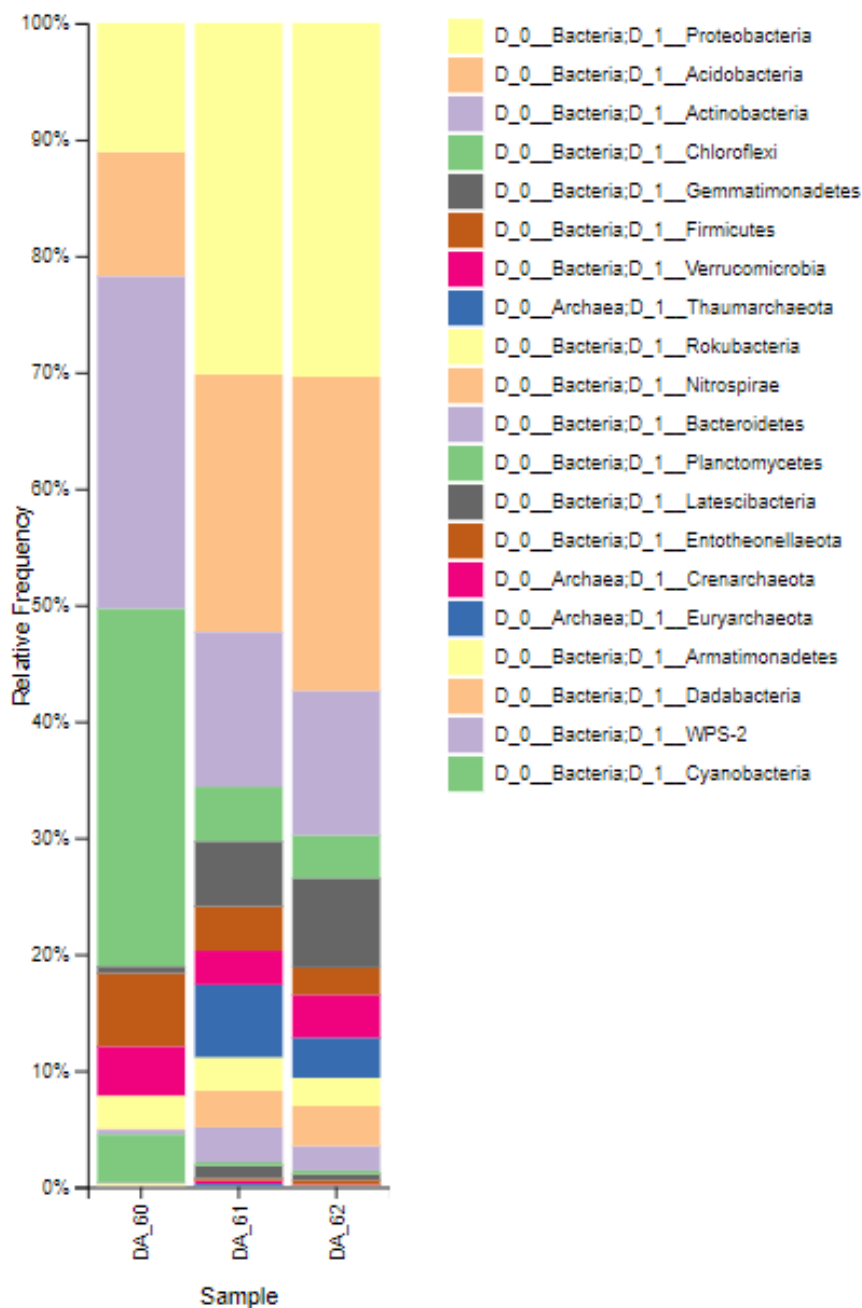
ภาพที่ 21 ประชากรแบคทีเรียระดับ class ในพื้นที่ป่าปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระดับ order พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน order Chthoniobacterales, Ktedonobacterales, Rhizobiales, Gaiellales, Acidobacteriales, Solirubrobacterales, Pyrinomonadales, Frankiales, Myxococcales และ Betaproteobacteria มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 9.51, 8.78, 7.66, 6.21, 5.43, 4.68, 3.98, 2.31, 2.29 และ 1.33 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน order Rhizobiales, Chthoniobacterales, Acidobacteriales, Acidobacteria subgroup 2, Streptomycetales, Pyrinomonadales, Ktedonobacterales, Frankiales, Myxococcales และ Gaiellales 2.71 มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 11.05, 7.60, 7.57, 5.57, 5.27, 4.94, 4.59, 4.50, 3.78 และ ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน order Streptomycetales, Acidobacteriales, Rhizobiales, Chthoniobacterales, Acidobacteria subgroup 2, Myxococcales, Betaproteobacteriales, Ktedonobacterales, Pyrinomonadales, Gaiellales และ Frankiales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 10.89, 7.57, 7.07, 6.70, 5.20, 3.98, 3.66, 3.16, 3.14, 2.53 และ 2.48 ตามลำดับ (ภาพที่ 22)



ภาพที่ 22 ประชากรแบคทีเรียระดับ order ในพื้นที่ป่าปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

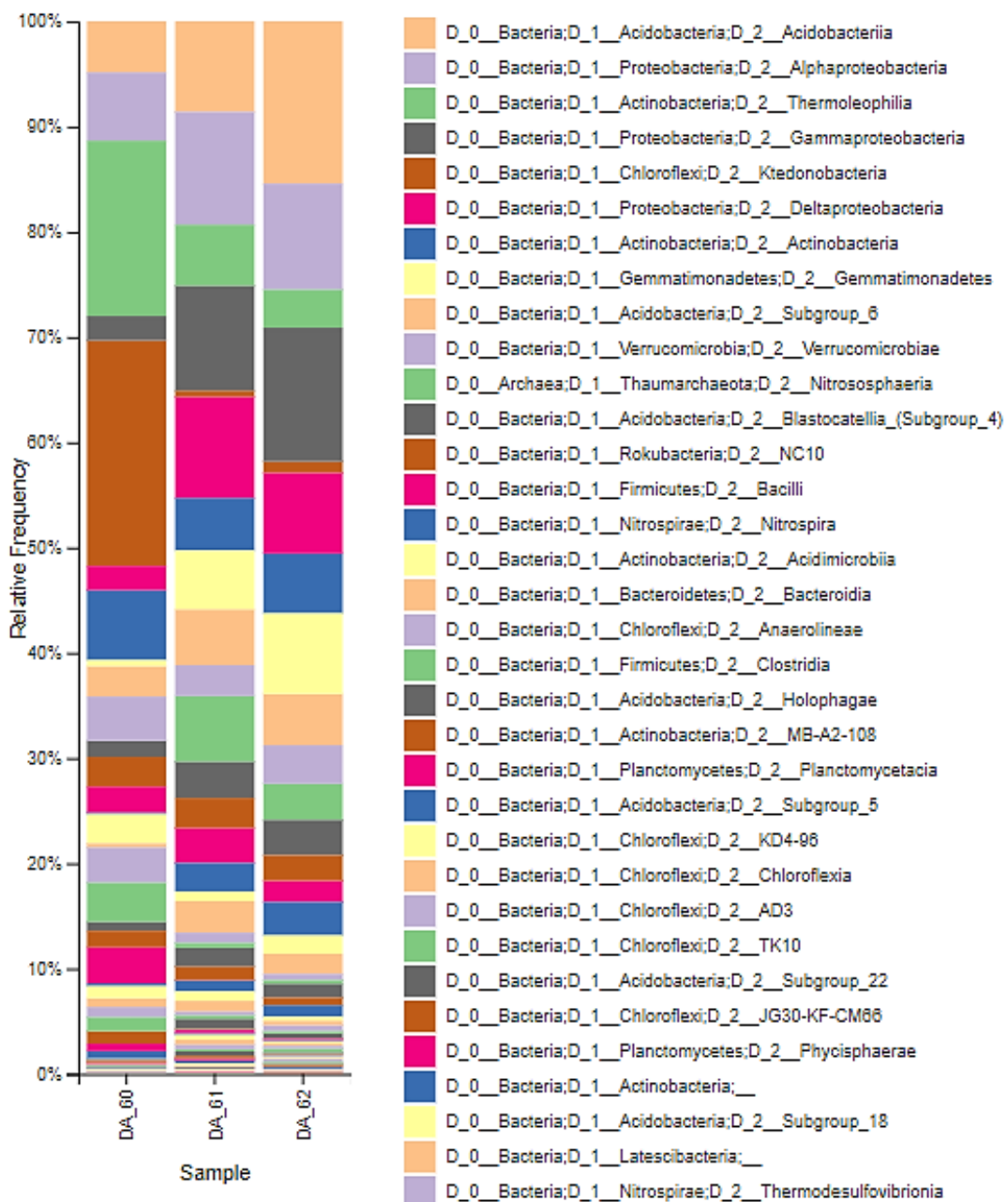
ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรปลายน้ำระหว่างปี 2560 ถึงปี 2562 พบว่าประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือ แบคทีเรียในไฟลัม Chloroflexi, Actinobacteria, Proteobacteria และ Acidobacteria โดยมีอัตราส่วนที่พบในประชากรร้อยละ 30.72, 28.56, 11.08 และ 10.69 ตามลำดับ ในปี 2561 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria, Acidobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 30.19, 22.13 และ 13.29 ตามลำดับ และในปี 2562 แบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักคือ แบคทีเรียในไฟลัม Proteobacteria, Acidobacteria และ Actinobacteria พบในประชากรร้อยละ 30.40, 26.99 และ 12.41 ตามลำดับ (ภาพที่ 23)



ภาพที่ 23 ประชากรแบคทีเรียระดับไฟลัมในพื้นที่เกษตรปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

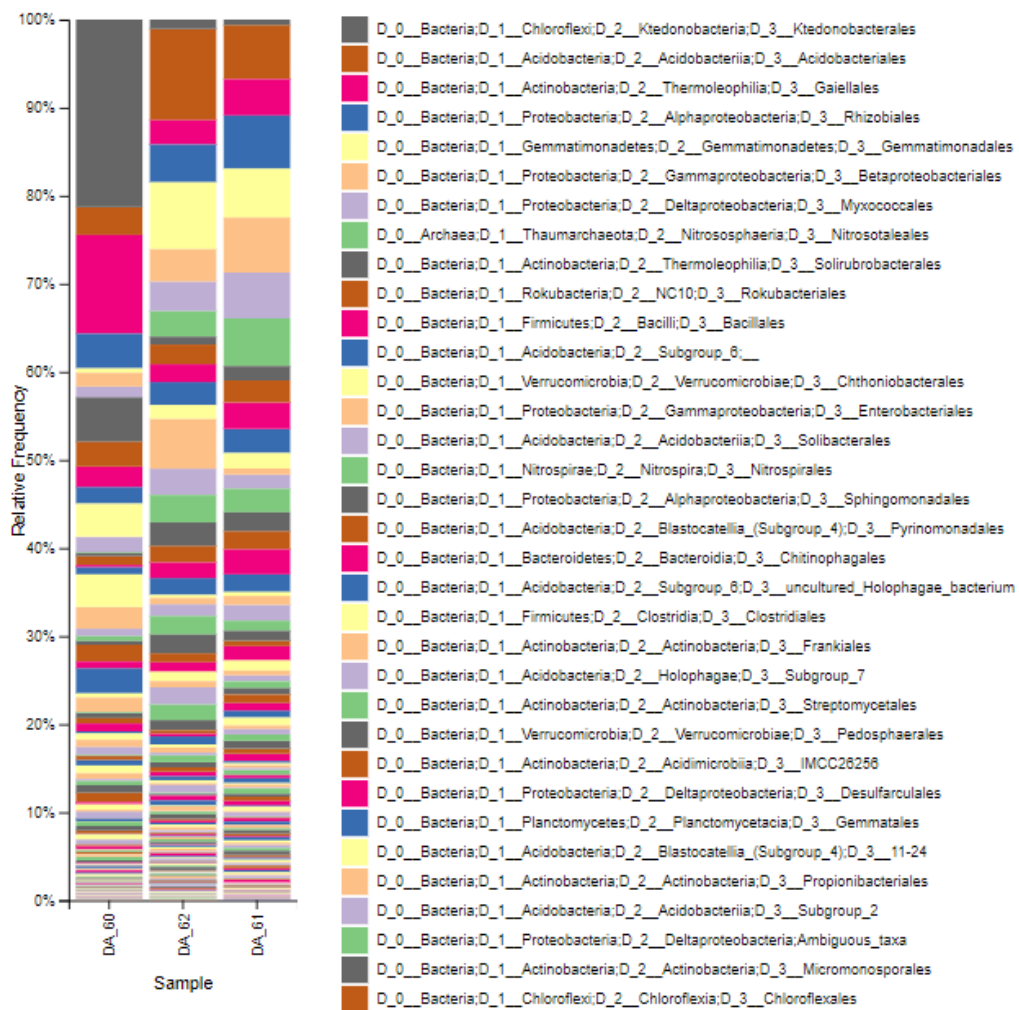


ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน class Ktedonobacteria Thermoleophilia, Actinobacteria, Alphaproteobacteria และ Acidobacteria มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 21.42, 16.67, 6.65, 6.46 และ 4.85 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน class Acidobacteria, Alphaproteobacteria, Actinobacteria, Verrucomicrobiae, Deltaproteobacteria, และ Thermoleophilia มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 19.11, 15.40, 13.41, 9.12, 5.90 และ 4.34 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน class Actinobacteria, Acidobacteria, Alphaproteobacteria, Verrucomicrobiae, และ Thermoleophilia, สัดส่วนประชากรร้อยละ 17.72, 14.77, 11.30, 9.12 และ 4.30 ตามลำดับ (ภาพที่ 24)



ภาพที่ 24 ประชากรแบคทีเรียระดับ class ในพื้นที่เกษตรปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรแบคทีเรียในพื้นที่เกษตรต้นน้ำระดับ order พบว่า ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2560 คือแบคทีเรียใน order Ktedonobacterales, Gaiellales, Solirubrobacterales, Rhizobiales, Acidobacteriales, Betaproteobacteria และ Myxococcales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 21.29, 11.21, 5.09, 3.88, 3.16, 1.55 และ 1.19 ตามลำดับ ประชากรแบคทีเรียที่เป็นประชากรหลักในปี 2561 คือแบคทีเรียใน order Betaproteobacterales, Acidobacteriales, Rhizobiales, Gemmatimonales, Nitrosotaleales, Acidobacteria subgroup 6, Gaiellales, Rokubacteriales, Chthoniobacterales, Solirubrobacterales และ Ktedonobacterales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 6.24, 6.16, 5.98, 5.58, 5.42, 2.73, 4.13, 2.49, 1.76, 1.62 และ 0.60 ตามลำดับ ประชากรหลักของแบคทีเรียในปี 2562 คือแบคทีเรียใน order Acidobacteriales, Gemmatimonadales, Enterobacteriales, Rhizobiales, Betaproteobacteriales, Myxococcales, Solibacteriales, Nitrosotaleales, Gaiellales, Acidobacteria subgroup 6, Rokubacteriales, Bacillales, Chthoniobacterales, Ktedonobacterales และ Solirubrobacterales มีสัดส่วนประชากรร้อยละ 10.36, 7.64, 5.68, 4.24, 3.65, 3.33, 2.98, 2.92, 2.75, 2.59, 2.23, 2.03, 1.54, 1.06 และ 0.89 ตามลำดับ (ภาพที่ 25)



ภาพที่ 25 ประชากรแบคทีเรียระดับ order ในพื้นที่เกษตรปลายน้ำระหว่างปี 2560-2562

ประชากรของชุมชนแบคทีเรียที่พบในพื้นที่ลุ่มน้ำปายมีสัดส่วนขึ้นอยู่กับฤดูกาลและสภาพพื้นที่ที่ทำการศึกษ การทดลองของ Sheik *et al.*, (2011) ในสภาวะปกติ พบว่า กรรมวิธีที่อุณหภูมิเพิ่มขึ้น 2 °C จำนวนประชากรแบคทีเรียมีขนาดเพิ่มขึ้น 40-150% แต่ความหลากหลายของชนิดแบคทีเรียลดลง เมื่อเปรียบเทียบกับกรรมวิธีควบคุม นอกจากนี้ในสภาวะแห้งแล้ง กรรมวิธีที่อุณหภูมิเพิ่มขึ้น 2 °C ขนาดชุมชนแบคทีเรียมีขนาดลดลง 50-80 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเปรียบเทียบกับกรรมวิธีควบคุม การทดลองนี้แสดงให้เห็นว่าสภาพอากาศที่เปลี่ยนแปลงทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของโครงสร้างประชากรแบคทีเรีย นอกจากนี้ผลกระทบทางอ้อมของปรากฏการณ์โลกร้อน โดยเฉพาะการลดลงของความชื้นในดินมีผลโดยตรงต่อชุมชนประชากรแบคทีเรียมากกว่าผลกระทบโดยตรงของอุณหภูมิที่อุ่นขึ้น ปริมาณฝนที่ตกควบคู่กับอากาศที่อุ่นขึ้นมีผลกระทบอย่างมีนัยสำคัญต่อชุมชนแบคทีเรียและมีบทบาทสำคัญในการควบคุมจุลินทรีย์ในวัฏจักรคาร์บอนและไนโตรเจน ในขณะเดียวกัน Mellissa *et al.*, (2012) พบว่า ชุมชนแบคทีเรียในฤดูแล้งมีความแตกต่างจากฤดูมรสุม แสดงให้เห็นว่าเมื่อระดับความชื้นในดินในระยะต่าง ๆ ในฤดูมรสุมชุมชนแบคทีเรียมีขนาดใหญ่กว่าฤดูแล้งถึง 4.7 เท่า และยังพบว่าชุมชนแบคทีเรียใต้ต้นสน pinon pine และ juniper มีความแตกต่างกัน ซึ่งแสดงให้เห็นว่าฟังก์ชันของจุลินทรีย์ที่อยู่ใต้ต้นไม้เหล่านี้มีความแตกต่างกัน สามารถคาดการณ์การตอบสนองของชุมชนจุลินทรีย์ต่อการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศนั้นขึ้นอยู่กับ การเปลี่ยนแปลงของฤดูกาล ความแปรปรวนของสภาพภูมิอากาศในระดับพื้นดิน และองค์ประกอบของชุมชนเหนือพื้นดินที่เกี่ยวข้อง สอดคล้องกับผลการทดลองที่พบว่าชุมชนแบคทีเรียพื้นที่การเกษตรในฤดูฝนมีขนาดและความหลากหลายของแบคทีเรียมากที่สุด และพื้นที่ป่าปลายน้ำในฤดูร้อนมีความหลากหลายของแบคทีเรียน้อยที่สุด จำนวนประชากรแบคทีเรียพื้นที่ป่าปลายน้ำในฤดูหนาวมีปริมาณมากที่สุด และประชากรแบคทีเรียพื้นที่ป่าปลายน้ำฤดูร้อนมีปริมาณน้อยที่สุด

## 9. สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

ประชากรแบคทีเรียของชุมชนแบคทีเรียในพื้นที่ลุ่มน้ำปายมีอัตราส่วนที่แตกต่างกันในแต่ละปี ขึ้นอยู่กับสภาพอากาศ สัดส่วนของโครงสร้างประชากรแบคทีเรีย แตกต่างกันตามการใช้ประโยชน์ที่ดิน พื้นที่ป่าที่ไม่ถูกรบกวนจะมีความหลากหลายของประชากรแบคทีเรียมากกว่าพื้นที่ทำการเกษตร นอกจากนี้ข้อมูลประชากรตามการใช้พื้นที่สามารถใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้น เพื่อจัดการใช้ประโยชน์แบคทีเรียให้เหมาะสมในพื้นที่

## 10. การนำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์

ข้อมูลชุมชนแบคทีเรียในลุ่มน้ำปายสามารถใช้ในการทำนายแนวโน้มของจำนวนประชากรและชนิดของแบคทีเรียในลุ่มน้ำปาย เพื่อใช้ในการจัดการแบคทีเรียที่มีประโยชน์ทางการเกษตร และนำไปพัฒนาเป็นผลิตภัณฑ์จากแบคทีเรียเพื่อใช้ในการเพิ่มศักยภาพการผลิตพืชในลุ่มน้ำปายต่อไป

## 11. เอกสารอ้างอิง

กรมวิชาการเกษตร, 2544. คู่มือการวิเคราะห์ดินและพืช. กลุ่มงานวิจัยเคมีดิน กลุ่มวิจัยปฐพีวิทยา กรมวิชาการเกษตร  
กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กรุงเทพฯ

Bastone, J.D. and W.G. Tyson. 2014. Linking microbial community structure, interactions and function in aerobic digesters using new molecular techniques. *Current opinion in Biotechnology* 27: 55-64.

- Christian, L.L., S.S. Michael, B.A. Mark and F. Noah. 2008. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types. *Soil Biology and Biochemistry* 40: 2407–2415
- Gill, S.R., M. Pop, R.T. Deboy, P.B. Eckburg, P.J. Tumbaugh, B.S. Samuel, J.I. Gordon, D.A. Relman, C.M., Fraser-Liggett, and K.E. Nelson. 2006. Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science* 312: 1355-1359
- Jones, B.V., M. Begley, C. Hill, G.M. Gahan, and J.R. Marchesi. 2008. Functional and comparative metagenomic analysis of bile salt hydrolase activity in the human gut microbiome. *PNAS* 105: 13580-13585
- Kamlesh J., W.A. Mark, F.J. Alan, M. Thomas, D. Schmidt, C. Coleman and W.B. William. 2011 Land-use history has a stronger impact on soil microbial community composition than aboveground vegetation and soil properties *Soil Biology and Biochemistry* 43: 2184-2193
- Kurokawa, K., T. Itoh, T. Kuwahara, K. Oshima, H. Toh, A. Toyoda, H. Takami, H. Morita, V.K. Sharma, T.P. Srivastava, T.D. Taylor, H. Noguchi, H. Mori, Y. Ogura, D.S. Ehrlich, K. Itoh, T. Takagi, Y. Sakami, T. Hayashi, and M. Hattori. 2007. Comparative metagenomics revealed commonly enriched gene sets in human gut microbiomes. *DNA Research* 14: 1-13.
- Larsen, P., Y. Hamada, and J. Gilbert. 2012. Modelling microbial communities: current, developing, and future technologies for predicting microbial community interaction. *Journal of Biotechnology* 1-2: 17-24.
- Liu, A., C. Hamel, A. Elmi, C. Costa and B. Ma D.L. Smith. 2002. Concentration of K, Ca and Mg in maize colonized by arbuscular mycorrhizal fungi under field conditions. *Can.J. Soil Sci.* 82: 271-278
- Manichanh, C., C.E. Chapple, L. Frangeul, K. Gloux, R. Guigo, and J. Dore. 2008. A comparison of random sequence reads versus 16S rDNA sequence for estimating the biodiversity of a metagenomic library. *Nucleic Acids Research* 36: 5180-5188.
- Melissa, A.C., Christopher, W.S., Nate G.M., William T.P., and Aimée T.C. 2012. Response of the Soil Microbial Community to Changes in Precipitation in a Semiarid Ecosystem. *Appl. Environ. Microbiol.* 78: 8587-8594.
- Pilloni, G., S.M. Granitsiotis, M. Engel, and T. Lueders. 2012. Testing the limits of 454 pyrotag sequencing: reproducibility, quantitative assessment and comparison to T-RFLP fingerprint of aquifer microbes. *PLoS ONE*. 7. E40467.
- Sartor, R.B. 2008. Therapeutic correction of bacterial symbiosis discovered by molecular techniques. *PNAS* 105: 16413-16414.
- Sheik, S.C., Beasley, H.W., Elshahed, S.M., Zhou, X., Luo, Yiqi and Krumholz, L.R. 2011. Effect of warming and drought on grassland microbial communities. *ISME J* 5: 1692-1700.
- Tirawongsaroj, P., R. Sriprang, P. Hampicharnchai, T. Thongaram, V. Champreda, S. Tanapongpipat, K. Pootanakit, and L. Eurwilaichitr. 2008. Novel thermophilic and thermostable lipolytic enzymes from a Thailand hot spring metagenomic library. *Journal of Biotechnology* 133: 42-49.