



รายงานการวิจัย

การพัฒนาเทคโนโลยีเพื่อการเพาะเห็ดระบบอุตสาหกรรม

Development of technology for industrial mushroom production

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ศาสตราจารย์ ดร. นันทกร บุญเกิด

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

ผู้ร่วมวิจัย

1. ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. หนึ่ง เตียอำรุง

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ปีงบประมาณ พ.ศ. 2542 - พ.ศ. 2544

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

สิงหาคม 2546

กิตติกรรมประกาศ

โครงการวิจัยนี้ได้รับเงินสนับสนุนเงินทุนจาก เงินงบประมาณของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยี
สุรนารี งานวิจัยนี้สามารถสำเร็จลุล่วงไปได้ดีก็ด้วยความช่วยเหลือจาก นายวิฑูรย์ เทียมไพบูลย์
นางสาววรรณภา สัตยาพิสุทธิ์ และนางสาวอภิญา รัตนะจิตร คณะผู้วิจัยจึงขอขอบคุณมา ณ
โอกาสนี้ด้วย

คณะผู้วิจัย

กันยายน 2546

บทคัดย่อ

การผลิตเห็ดในระบบอุตสาหกรรมความคงที่ของเชื้อพันธุ์เห็ดมีความสำคัญมากจึงต้องมีวิธีการที่สามารถตรวจสอบการแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ด การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดด้วยวิธีการทางชีววิทยาระดับโมเลกุลมีประสิทธิภาพสูงและรวดเร็ว จึงมีความเหมาะสมต่อการนำไปใช้ตรวจสอบเชื้อเห็ดก่อนที่จะนำไปใช้เพื่อการผลิตต่อไป การดำเนินงานได้กระทำโดยศึกษาการเจริญของเชื้อเห็ดบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ปริมาณผลผลิตควบคู่ไปกับการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ โดยเทคนิค PCR-RFLP ในครั้งสุดท้ายของการถ่ายเชื้อ ซึ่งเห็ดที่ใช้ในการศึกษา คือ เห็ดนางฟ้า (*Pleurotus sajor-cajo*) เห็ดเป๋าฮื้อ (*P. cystidiosus*) เห็ดกระด้าง (*Lentinula polychrous*) เห็ดขอนขาว (*L. squarrossula*) เห็ดหอม (*Lentinus edodes*) เห็ดขานาง (*Agrocybe cylinracea*) เห็ดหูหนู (*Auricularia auricular*) และเห็ดตีนแรด (*Tricholoma crassum*) ผลการทดลองพบว่าอัตราการเจริญเติบโตและผลผลิตของเห็ดแต่ละชนิดเป็นไปตามลักษณะของเห็ดนั้น ๆ การเจริญและปริมาณผลผลิตที่ลดลงอย่างเห็นได้ชัดภายหลังการถ่ายเชื้อครั้งแรกในเห็ดขอนขาว เห็ดกระด้างและเห็ดนางฟ้า นอกจากนี้ยังพบว่าเห็ดดังกล่าวใช้ระยะเวลาในการเจริญบนอาหารเลี้ยงเชื้อนานมากขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับการถ่ายเชื้อครั้งแรก ส่วนการวิเคราะห์ผล PCR-RFLP ของเห็ดทั้ง 9 ชนิด พบว่า เห็ดทุกชนิดหลังจากใช้ ITS4 และ 5 primers เพิ่มจำนวนดีเอ็นเอ ได้ขนาดตั้งแต่ 600-800 คู่เบส และภายหลังการตัดดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ที่ตัดจำเพาะทั้ง 4 ชนิด พบว่าเห็ดแต่ละชนิดให้ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน นอกจากนี้ขณะที่จำนวนการถ่ายเชื้อมากขึ้นเห็ดทุกชนิดยังคงให้ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่เหมือนเดิม ยกเว้นเห็ดหูหนู ในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 พบว่ามีผลของชิ้นดีเอ็นเอที่เปลี่ยนไปจากเชื้อเริ่มต้น เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf*I ถึง 2 ตำแหน่ง ผลคือภายหลังการตัดดีเอ็นเอให้ขนาด 357 และ 263 คู่เบส แต่ในขณะที่เชื้อเริ่มต้นพบตำแหน่งการตัดจำเพาะเพียง 1 ตำแหน่งที่ 300 คู่เบส ทำให้ภายหลังการตัดดีเอ็นเอให้ขนาด 300 คู่เบส 2 ชุด ดังนั้นจึงทำการอ่านลำดับคู่เบสของเห็ดหูหนูนี้ เพื่อตรวจสอบหาตำแหน่งที่ *Hinf*I สามารถตัดได้ พบว่าตำแหน่งการตัดมีความสอดคล้องกับผลของชิ้นดีเอ็นเอ จากนั้นได้ทำการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับเบสทั้ง 600 คู่เบส พบว่าความเหมือนของลำดับเบสระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 มีประมาณ 90 เปอร์เซ็นต์ และเมื่อศึกษาถึงลักษณะของดอกเห็ดพบว่า เชื้อเห็ดจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 ให้ลักษณะดอกที่ผิดปกติไปจากเชื้อเห็ดเริ่มต้นปกติ เมื่อทำการตรวจสอบด้วย β -tubulin gene พบว่าสามารถตรวจสอบความผิดปกติของเห็ดได้เช่นเดียวกับที่ใช้การตัดด้วยเอนไซม์

ส่วนการทดลองหาสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมต่อการเพาะเห็ดตีนแรด จากวัสดุเหลือใช้ทางการเกษตรพบว่าวัสดุที่เหมาะสมต่อการเพาะเห็ดตีนแรด คือการใช้ดินเป็นวัสดุโดยใช้กระถางดินเป็นภาชนะสำหรับเพาะ ซึ่งสามารถให้ผลผลิตสูงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น

99 เปอร์เซ็นต์ ($P < 0.01$) แตกต่างจากการใช้ดินผสมเปลือกถั่วและเปลือกถั่วอย่างเดียวนั้นเป็นวัสดุเพาะตามลำดับ และการคลุมวัสดุเพาะด้วยฟางข้าวและแกลบกับการไม่คลุมวัสดุเพาะ นั้นพบว่าไม่มีผลไม่แตกต่างกันทางสถิติ

การวิจัยเพื่อหาสภาวะที่เหมาะสมของโรงเรือนสำหรับเพาะเห็ด พบว่า อุณหภูมิและความชื้นในโรงเรือนเป็นปัจจัยที่สำคัญที่จะต้องมีการควบคุมให้เหมาะกับเห็ดแต่ละชนิด และปัจจัยดังกล่าวสามารถควบคุมได้โดยการใช้เครื่องมือควบคุม การทดสอบประสิทธิภาพของโรงเรือนได้ใช้เห็ดเข็มเงินและเห็ดเข็มทอง (*Flammulina velutipes*) พบว่า ในสภาพแวดล้อมที่อุณหภูมิ 15°C และความชื้น 80% เห็ดเข็มทองให้ผลผลิตสูงกว่าเห็ดเข็มเงิน

Abstract

To produce mushroom commercially the stability of mushroom spawn is very important, which requires the accuracy technique to detect the variation. The DNA techniques were used for investigation because it is considered to be high efficiency to detect spawn variation prior to applying to large scale production. The growth rate on the PDA medium, average of total yield and detection by using PCR-RFLP technique, were employed. Mushrooms used in this study were *Pleurotus ostreatus*, *P. sajor-caju*, *P.cystidiosus*, *Lentinula polychous*, *L. squarrossula*, *Lentinus edodes*, *Agrocybe cylindracea*, *Auricularia auricula* and *Tricholoma crassum*. The results found that the growth rate and yield of individual species gave different patterns correspond to individual species. Some species had decreased in growth rate and yield such as *L. squarrossula*, *L. polychrous* and *P. sajor-caju* when compared with the first subculturing. It was also found that these species had prolonged the growth on PDA medium. For PCR-RFLP analysis, the DNA templates were amplified with ITS 4 and 5 primers. There were differences in size about 600-800 bp depend on each of species. The results suggested that individual of species still gave different DNA-fingerprint pattern after digested with the 4 restriction enzymes. The DNA patterns were different individual among species depending on each species and most of species still gave the same DNA pattern when serial transferring of mycelium were conducted except in *A. auricula* (Ear mushroom). The third subculture of *A. auricula* gave the different fragment sizes with *Hinf* I when compared with the first subculture. The third subculture of *A. auricula* gave changing in fragment sizes when digesting with *Hinf* I up to 2 recognition sites resulted in obtaining fragment sizes of 357 and 263 bp. While the first subculture had only one recognition site gave in size of 300 and 300 bp. Therefore, the DNA sequences were further investigated. From the sequences data were aligned between the first and third subcultures and showed that recognition site had corresponded with DNA-fingerprint and homology found among 90%. In addition, another gene which related to fruit body development. By using β -tubulin gene to detect the variation it was found a similar results as using restriction enzymes.

For *Tricholoma crassum* production, the appropriate technology was developed on the basis of agricultural wastes utilization. In comparison of total yield, found that when using soil as material substrate and clay plot as containers the highest yield (575 fresh weight g/l container) was obtained at significant higher ($P < 0.01$). While using soil mixed with soybean husk (1:1) and

soybean husk gave lower yield. In addition, when casing with rice-straw, rice husk and non-covering it was found that there were no significant differences ($P < 0.05$) in yield enhancement.

Investigation the suitability of using controlled environment for production of mushroom was achieved and found that moisture and temperature were important factors for controlling the mycelium growth and mushroom production. These factors could be controlled by using electronic equipment. The mushroom used for testing the controlled house were *Flammulina velutipes* (Curt. Ex. Fr.). Under a set environment of 15°C and 80% moisture the golden mushroom gave higher yield than white mushroom.

สารบัญ

	หน้าที่
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อ	ข
Abstract	ง
สารบัญเรื่อง	ฉ
สารบัญตาราง	ช
สารบัญรูปภาพ	ซ
บทนำ	1
วัตถุประสงค์ของ โครงการ	1
การตรวจสอบเอกสาร	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
ระเบียบของการวิจัย	3
วัสดุอุปกรณ์	5
วิธีการทดลอง	7
ผลการทดลองและวิจารณ์ผลการทดลอง	
- การผลิตเห็ด	13
- การวิเคราะห์ผล ITS4-5 RFLP	18
- การวิเคราะห์ผลของเห็ดหนูหนูโดยไพรมอร์ ITS4-5 RFLP	57
- การผลิตเห็ดดินแรด	66
- การเก็บรักษาเชื้อในตู้เย็นที่อุณหภูมิ 4°C และแช่เยือกแข็งที่อุณหภูมิ -70°C	71
- การผลิตเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง	73
สรุปผลการทดลอง	81
เอกสารอ้างอิง	83

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้าที่
1. แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Alu I</i>	18
2. แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo I</i>	19
3. แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Taq I</i>	19
4. แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Hinf I</i>	20
5. การเปรียบเทียบขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ระหว่างสายพันธุ์ปกติและกลายพันธุ์เมื่อตัดด้วยเอนไซม์หลายชนิด	58
6. การวิเคราะห์ทางสถิติทั้งหมดของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ที่เพาะเลี้ยงภายใต้สภาวะต่าง ๆ	66
7. ผลของวัสดุเพาะต่อผลผลิตของเห็ด <i>Tricholoma crassum</i>	67
8. ผลผลิตของเห็ดเข็มทองจากสูตรอาหารสูตรที่ 1 ขนาดก้อน 900 กรัม	73
9. ผลผลิตของเห็ดเข็มทองจากสูตรอาหารสูตรที่ 1 ขนาดก้อน 600 กรัม	75
10. ผลผลิตเห็ดเข็มทองจากสูตรอาหารสูตรที่ 2	77
11. ผลผลิตเห็ดเข็มเงิน	78

สารบัญรูปภาพ

รูปที่	หน้า
1. อัตราการเจริญของเชื้อเห็ดแต่ละชนิดบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA	13
2. อัตราการเจริญของเชื้อเห็ดแต่ละชนิดในก้อนขี้เลื่อย	14
3. ผลผลิตเฉลี่ยของเห็ดแต่ละชนิด	15
4. แสดงภาพถ่ายของดอกเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่มีลักษณะปกติและไม่ปกติ ที่ได้จากการเก็บเกี่ยว (ก) ดอกเห็ดปกติ (ข) ดอกเห็ดที่ไม่ปกติ	17
5. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus ostreatus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HnifI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	21
6. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HnifI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	22
7. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus cystidiosus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HnifI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-15 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-15	23
8. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula squarrossula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HnifI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	24
9. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula polychrous</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HnifI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	25

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
10. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinus edodes</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>HnifI</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	26
11. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>HnifI</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	27
12. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Agrocybe cylindracea</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>HnifI</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	28
13. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>HnifI</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	29
14. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus ostreatus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Mbo I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	30
15. ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Mbo I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอทีไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-16 แลวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอทีผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-16	31

สารบัญรูปรภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
16. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus cystidiosus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	32
17. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula squarrossula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	33
18. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula polychrous</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	34
19. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinus edodes</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	35
20. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	36
21. ผลึกภณัฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Agrocybe cylindraceas</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo</i> I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แลวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23	37

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
22. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Mbo</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	38
23. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus ostreatus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Alu</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23	39
24. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Alu</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23	40
25. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus cystidiosus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Alu</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	41
26. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula squarrossula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Alu</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	42
27. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula polychrous</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Alu</i> I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่: ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23	43

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปภาพ	หน้าที่
28. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinus edodes</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Alu I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	44
29. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Alu I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	45
30. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Agrocybe cylindracea</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Alu I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	46
31. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Alu I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	47
32. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus ostreatus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Taq I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	48
33. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Taq I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18	49

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
34. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus cystidiosus</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	50
35. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula squarrossula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	51
36. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinula polychrou</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20	52
37. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Lentinus edodes</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21	53
38. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18	54
39. ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Agrocybe cylindracea</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ <i>Taq I</i> ; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แลวเลขที่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22	55

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
40. ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Taq I</i> ; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-19 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-19	56
41. ผลของซันติเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ <i>HinfI</i> ; แถว M: 100 คู่เบส(GIBCO BRL) : แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-3 : แถวเลขคี่ : ผลของเบนติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-3 : แผนที่ตัดด้วยเอนไซม์ของสายพันธุ์	57
42. การอ่านลำดับเบสผลของซันติเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> โดย 59 เปรียบเทียบระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (ต้นแบบ) และการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 Hn 1 ITS4 เป็นลำดับเบสของสายพันธุ์ปกติในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ Hn 3 ITS4 เป็นลำดับเบสของเชื้อสายพันธุ์ที่ได้จากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3	
43. การเปรียบเทียบซันติเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ซึ่งผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ <i>HinfI</i> : แถว M : 100 คู่เบส : แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ : แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ แถว 1, 3 : ผลของซันติเอ็นเอที่ได้จากไมซีเลียมของเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ แถวที่ 5, 7; ผลของซันติเอ็นเอที่ได้จากดอกเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ	60
44. การเปรียบเทียบผลของซันติเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> จากการตัดด้วยเอนไซม์ <i>Mbo I</i> แถว M 100 คู่เบส : แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ : แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ แถว 1, 3 : ผลของซันติเอ็นเอที่ได้จากไมซีเลียมของเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ แถวที่ 5, 7 ; ผลของซันติเอ็นเอที่ได้จากดอกเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ	61

สารบัญรูปภาพ (ต่อ)

รูปที่	หน้าที่
45. ผลของจีนตีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> และ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ซึ่งผ่านการเพิ่มจำนวนโดย β -tubulin gene แถว M: 100 คู่เบส (GIBCOBRL); แถวที่ 1: การถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (สายพันธุ์ปกติ) แถวที่ 2: ถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 (กลายพันธุ์) แถวที่ 3: เห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> จากฟาร์มเห็ดอัญญา แถวที่ 4: เห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ที่ผลิตปกติ แถวที่ 5: ควบคุม แถวที่ 6: เห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่ผลิตปกติ แถวที่ 7: ดอกเห็ดปกติของสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> และแถวที่ 8: ควบคุม	62
46. ลักษณะดอกเห็ดสายพันธุ์ <i>Auricularia auricula</i> ; ซ้ายมือ : สายพันธุ์ปกติ ขวามือ : กลายพันธุ์	63
47. ลักษณะปรากฏของเห็ดสายพันธุ์ <i>Pleurotus sajor-caju</i> ที่มีความผิดปกติทางกายภาพที่เพาะเลี้ยงได้ที่ฟาร์ม มทส. ซ้ายมือ : สายพันธุ์ปกติ ขวามือ : กลายพันธุ์	63
48. การเปรียบเทียบอัตราการเจริญของไมซีเลียมในก้อนเชื้อเดี่ยวระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ; a) อัตราการเจริญการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 b) อัตราการเจริญการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1	64
49. primordia ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ในวันแรก	69
50. primordia ของเห็ดสายพันธุ์ <i>Tricholoma crassum</i> ในวันที่ 4 และ 5	69
51. ลักษณะของเห็ดดินแรคที่เจริญเติบโตเต็มที่ในวันที่ 9 และ 10	70
52. อัตราการเจริญของเห็ดแต่ละสายพันธุ์เมื่อเก็บที่ 4°C	71
53. อัตราการเจริญของเห็ดแต่ละสายพันธุ์เมื่อเก็บที่ -70 องศาเซลเซียส	72
54. การบ่มเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง	78
55. การเปิดดอกเห็ดเข็มเงินและเข็มทอง	79
56. ลักษณะของเห็ดเข็มเงิน	80
57. ลักษณะของเห็ดเข็มทอง	80

บทนำ (Introduction)

จากผลงานวิจัยโครงการ “การใช้วัสดุเหลือใช้จากการเกษตรเพื่อการเพาะเห็ดชนิดต่าง ๆ” เป็นเวลา 2 ปี พบว่า ฟางข้าว ชานอ้อย กากมันสำปะหลัง เปลือกถั่วเขียว จี๋เลื้อย ซึ่งมีอยู่เป็นจำนวนมาก สามารถนำมาเป็นวัสดุหลักเพื่อการเพาะเห็ดเศรษฐกิจ เช่น เห็ดฟาง เห็ดนางฟ้า เห็ดนางรม เห็ดเป๋าฮื้อ เห็ดหลินจือ และเห็ดหอม ได้เป็นอย่างดี

การเพาะเห็ดในปัจจุบันนี้ส่วนใหญ่เป็นการเพาะในถุงพลาสติกขนาดเล็ก เพื่อการเพาะเห็ดตระกูลนางรม เห็ดหลินจือ เห็ดหอม สำหรับเห็ดฟางจะเป็นการเพาะแบบกองเตี้ย ประเภทเห็ดถุงนั้นเมื่อต้องการให้ออกดอกก็จะใช้โรงเรือนขนาดเล็กมีการให้น้ำเพื่อให้ความชื้น ไม่มีระบบควบคุมใด ๆ ทั้งสิ้น ดังนั้นสภาพของการออกดอกจึงขึ้นอยู่กับความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อมภายนอก เช่น อุณหภูมิและความชื้น เชื้อพันธุ์เห็ดที่นำมาใช้ส่วนใหญ่เกษตรกรจะซื้อจากผู้ผลิตเชื้อเห็ด บางรายก็ผลิตขึ้นเองและมักมีปัญหาอยู่เสมอว่าเชื้อเห็ดมีลักษณะไม่คงที่ มีผลกระทบต่อผลผลิต การควบคุมคุณภาพไม่มีมาตรฐานที่แน่นอน ส่วนใหญ่ใช้ความชำนาญของผู้ผลิตเอง ถ้าหากมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมผู้ผลิตเชื้อจะไม่สามารถรู้ได้ทันทีเพราะไม่มีการใช้เทคโนโลยีสมัยใหม่เข้ามาใช้ในการควบคุม เรื่องนี้สำคัญมากเพราะในระบบการผลิตเชิงพาณิชย์หัวเชื้อที่มีคุณภาพมีความสำคัญมาก

วัตถุประสงค์ของโครงการ

เป้าหมายของงานวิจัยครั้งนี้ เพื่อที่จะทำการพัฒนาการเพาะเห็ดในระบบอุตสาหกรรมเพื่อการค้าอย่างมีระบบและมีประสิทธิภาพเพื่อให้สามารถควบคุมการผลิตให้ได้ตามที่ต้องการ โดยมีวัตถุประสงค์ย่อย ดังนี้

1. เพื่อให้ได้วิธีการตรวจสอบพันธุ์เห็ดที่ถูกต้องและแม่นยำ
2. เพื่อให้ได้วิธีการควบคุมคุณภาพของสายพันธุ์เห็ดที่ทำการเพาะในระบบอุตสาหกรรม
3. เพื่อให้ได้โรงเรือนที่มีระบบควบคุมสิ่งแวดล้อมเหมาะแก่การเพาะเห็ดและเครื่องเพาะที่เหมาะสม

การตรวจสอบเอกสาร

(Literature Review)

การจำแนกเห็ดที่มีการกระทำอยู่แล้ว ส่วนใหญ่ใช้วิธีการจำแนกโดยดูจากลักษณะภายนอก และลักษณะของ spore ซึ่งสามารถจำแนกได้ดีในระบบสกุล หรือ species แต่การเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมเพียงเล็กน้อยอาจไม่มีผลต่อลักษณะภายนอก แต่อาจมีผลต่อระบบสรีระของเห็ด ซึ่งอาจมีผลต่อการเจริญเติบโต และการให้ผลผลิต ดังนั้นจึงได้มีการพัฒนาวิธีการตรวจสอบและจำแนกโดยตรงที่หน่วยพันธุกรรม คือ DNA ที่เรียกว่า DNA fingerprinting techniques และที่มีการใช้มากได้แก่ PCR-based ที่ใช้ arbitrarily-primed PCR (Williams et al., 1990; Kwan et al., 1992; Chiu et al., 1993) ปัจจุบันนี้ได้มีการใช้ DNA fingerprinting เพื่อควบคุมคุณภาพ *Agaricus bisporus* ในเชิงการค้า และการเก็บรักษาเชื้อพันธุ์โดยใช้ RAPD เทคนิค (Welsh and Mc Clelland, 1990; Kerrigan et al., 1993)

ในการเพาะเห็ดเชิงอุตสาหกรรม การจัดเตรียมวัสดุเพาะมีความสำคัญมากเพราะเกี่ยวข้องกับต้นทุนการผลิต โดยปกติแล้วการเพาะเห็ดจากจี้เลื่อยมักใช้ถุงขนาดเล็ก ซึ่งต้องใช้แรงงานในการบรรจุสูงมาก ซึ่งปัจจุบันนี้แรงงานมีราคาแพงมากจึงทำให้การผลิตโดยวิธีนี้มีกำไรน้อยลง ดังนั้นถ้าได้มีการออกแบบให้เครื่องเพาะมีขนาดใหญ่ขึ้นในรูปของ solid state bioreactor โดยสามารถ pasteurize วัสดุเพาะและทำการเพาะเชื้อเห็ดลงไปเลย และบ่มไว้ในห้องที่มีระบบควบคุมอุณหภูมิ ความชื้น และ CO₂ ก็จะสามารถลดต้นทุนการผลิตได้ (Zadrazil, 1993) ระบบควบคุมในห้องผลิตดอกเห็ดนั้นมียปัจจัยสำคัญที่เกี่ยวข้องคือ อุณหภูมิ ความชื้น อากาศและแสง ซึ่งเห็ดแต่ละชนิดต้องการปัจจัยเหล่านี้ไม่เหมือนกัน การปรับสภาพสิ่งแวดล้อมให้เหมาะสมกับเห็ดชนิดที่ต้องการเพาะจะช่วยให้ได้ผลผลิตเห็ดที่สม่ำเสมอ (Wanf and Wang, 1993)

งานวิจัยครั้งนี้จึงเน้นการแก้ปัญหาการผลิตเห็ดเชิงการค้าทั้งระบบ โดยเน้นตั้งแต่คุณภาพของเชื้อ การควบคุมคุณภาพโดยใช้เทคนิคทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพและกระบวนการผลิตที่สามารถควบคุมคุณภาพโดยใช้เทคนิคทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพและกระบวนการผลิตที่สามารถควบคุมได้

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

จะได้เทคโนโลยีใหม่ในการตรวจสอบสายพันธุ์เห็ดและวิธีการควบคุมคุณภาพเห็ดเพื่อใช้ในการผลิตเชื้อเห็ด จะได้เทคโนโลยีการผลิตเห็ดเชิงการค้าที่มีประสิทธิภาพสามารถควบคุมกระบวนการผลิตได้

ระเบียบวิธีการวิจัย

การดำเนินงานวิจัยจะเป็นขั้นตอนเพื่อให้บรรลุวัตถุประสงค์ที่ตั้งไว้ดังนี้

วัตถุประสงค์ที่ 1 เพื่อให้ได้วิธีการตรวจสอบสายพันธุ์เห็ดที่ถูกต้องและแม่นยำ เพื่อให้บรรลุวัตถุประสงค์นี้จะนำเอาเทคนิคทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพที่มีการใช้อยู่มาทำการจำแนกเชื้อเห็ดชนิดต่าง ๆ เพื่อให้ทราบว่าเทคนิคใดจะเหมาะสมกับเห็ดได้มากที่สุด และเทคนิคที่จะนำมาใช้มีดังนี้

1. Emzyme marker

จะทำการวิเคราะห์ allozymes โดยวิธี electrophoresis เพื่อหา pattern ของ enzymes ของแต่ละสายพันธุ์

2. DNA fringerprinting ได้แก่

-Restriction Fragment length polymorphisms (RFLP)

-AF-RFLP

-PCR-based

-RAPD

เทคนิคดังกล่าวนี้ได้มีการใช้กับพืชและเชื้อรารวมทั้งเห็ดคู่ด้วยมาแล้วอย่างได้ผลแต่เนื่องจากเห็ดแต่ละอย่างอาจมีความแตกต่างกันจึงอาจมีเทคนิคบางอย่างเหมาะสมกับชนิดบางชนิด จึงต้องทำการทดลองกับเห็ดแต่ละชนิด เพื่อให้ได้เทคนิคที่เหมาะสมที่สุด

วัตถุประสงค์ที่ 2 เพื่อให้ได้วิธีการควบคุมคุณภาพสายพันธุ์เห็ดที่ทำการเพาะในระบบ

อุตสาหกรรม

เมื่อสามารถทราบเทคนิคในการตรวจสอบสายพันธุ์กับเห็ดชนิดต่าง ๆ แล้วนำเทคนิคดังกล่าวมาตรวจสอบหาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดที่ผลิตเป็นหัวเชื้อและเชื้อแม่ (mother culture) เพราะเหตุว่าเห็ดบางชนิดมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมสูงมากเมื่อทำการถ่ายเชื้อหลายๆ ครั้ง จึงต้องหาวิธีการยืนยันการแปรปรวนดังกล่าว โดยจะนำเอาเทคนิคทางด้าน allozyme และ DNA fringerprinting มาทำการตรวจสอบการแปรปรวนและหา pattern ของ DNA ของแต่ละพันธุ์ที่จะสามารถบอกได้ว่าหัวเชื้อที่จะนำไปใช้ยังคงมีประสิทธิภาพคืออยู่

วัตถุประสงค์ที่ 3 เพื่อให้ได้โรงเรือนที่มีระบบควบคุมสิ่งแวดล้อมเหมาะแก่การเพาะเห็ด

และเครื่องเพาะที่เหมาะสม

• จะทำการวิจัยหาปัจจัยสิ่งแวดล้อมต่าง ๆ ดังนี้

-ความชื้นและการควบคุมความชื้นในระบบโรงเรือน

-อุณหภูมิที่เหมาะสมกับเห็ดแต่ละชนิด และระบบควบคุมอุณหภูมิ

-การถ่ายเทอากาศ และระบบควบคุม

-ทำการพัฒนาอุปกรณ์การเพาะ

-ทำการบรรจุในถุง

วัสดุอุปกรณ์และสารเคมี

1.1 วัสดุอุปกรณ์

ก. สายพันธุ์เห็ด

1. เห็ดนางรม *Pleurotus ostreatus*
2. เห็ดนางฟ้า *P. sajor-caju*
3. เห็ดเป๋าฮื้อ *P. cystidiosus*
4. เห็ดหอม *Lentinus edodes*
5. เห็ดขอนขาว *Lentinula squarrossula*
6. เห็ดกระด้าง *L. polychrous*
7. เห็ดขานางิ *Agrocybe cylindracea*
8. เห็ดหูหนู *Auricularia auricula*
9. เห็ดตีนแรด *Tricholoma crassum*

ข. อุปกรณ์

1. เครื่องเพิ่มจำนวนชิ้น DNA (PCR Hybaid and Perkin-Elmer-ABI 9700 thermo cycler system (Perkin-Elmer, Singapore))
2. เครื่องเขย่า (Innova™, model 2300 Platform Shaker, New Brunswick Sciencitific, New Jersey, U.S.A.)
3. เครื่องปั่นเหวี่ยง (Eppendorf, model: Centrifuge 5415C, Germany)
4. Water bath (Heto-Heten, model: maxi-Shaker, Denmark)
5. Vortex (Vortex-2Genic™, model: G-560E, Scientific Industry, U.S.A.)
6. หม้อนึ่งความดัน (HICLAVE™, model: HA-300D, Hirayama Manufacturing Cooperation, Japan)
7. Electrophoresis Chamber (Sub-Cell® GT, purchased from Bio-Rad)
 - : Horizontal Electrophoresis Chamber
 - : Vertical Electrophoresis Chamber
8. Gel Documentation (UVP ULTRA-Violet product; model: GDS > 50-Camera, U.S.A.)

ค. สารเคมี

1. สำหรับการเลี้ยงเชื้อ
 - PDA (Potato Dextose Agar): ประกอบด้วย
 - มันฝรั่ง 200g/L
 - น้ำตาลเดกโตรส 20 g/L
 - ผงวุ้น 19 g/L

- PDB (Potato Dextrose Broth): ประกอบด้วย มันฝรั่ง 200 g/L
น้ำตาลเดกโตรส 20 g/L

2. สำหรับการสกัด DNA

- Lysis buffer: 50 mM Tris-HCl (pH 7.2)
50 mM EDTA (pH 8.0) (w/v)
3% SDS (w/v)
1% 2-mercaptoethanol (v/v)
- Phenol: Chloroform: Isoamyl alcohol (25: 24: 1) (v/v/v)
- 3M NaOAc (pH 8.0) (w/v)
- Isopropanol
- 70% ethanol (v/v)
- TE buffer: 10 mM Tris-HCl (pH7.2)
0.1 mM EDTA (pH8.0)
- TBE buffer: 0.089 M Tris-base
2.5 mM Na₂ EDTA (pH8.0)
0.088 M Boric acid
- RNase A solution 100 µg/ml
- DNA marker: 100 bp DNA

3. สำหรับการเพิ่มจำนวนชิ้น DNA

- Taq DNA polymerase (GIBCO) 5 unit/µ
- 10x buffer (15mM MgCl₂, 500 mM KCl, 100mM Tris-HCl (pH 8.3)
- dNTPC dATB, dTTP, dGTP, dCTP)
- ITS4 และ ITS5 primer
ITS 4: 5'GGAAGTAA AGTCGTAACAAGG3'
ITS 5: 5' TCCTCCGCTTATTGATATGC3'
- β-tubulin gene
B36F: 5'CACCCACTCCCTCGGTGGTG3'
B12R: 5'CATGAAGAAGTGAAGACGCGGGAA3'

4. สำหรับการทำ RFLP

- เอนไซม์ตัดจำเพาะ: *AclI*, *TaqI*, *MboI* และ *HinfI*
- 2% Agarose gel

- 10% Polyacrylamide gel:30% Acrylamide stock solution: acrylamide 29g, N, N'-methylene bisacrylamide 1 g, bisacrylamide 1g และน้ำกลั่น 100 ml
- 5. สำหรับหาลำดับเบส
 - 3'dye labeled dideoxynucleotide triphosphate (dye terminators)
 - fluorescent dyes
- 6. สำหรับวัสดุเพาะเชื้อเห็ด
 - ขี้เลื่อย
 - รำข้าว
 - น้ำตาล
 - ยิปซัม
 - ปูนขาว
 - น้ำ

1.2 วิธีการทดลอง

วัตถุประสงค์การทดลองข้อที่ 1 และ 2 ซึ่งจะตรวจสอบหาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ด หลังจากการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่องจึงได้วางแผนการศึกษาไว้ดังนี้

1. ทำการตรวจสอบอัตราการเจริญของเชื้อบนอาหารเลี้ยงเชื้อ, วัสดุที่ใช้เพาะและผลผลิตของเห็ดทุกชนิดในทุกครั้งที่มีการถ่ายเชื้อ
2. ทำการวิเคราะห์ผลการตัดชิ้น DNA โดยวิธี PCR-RFLP ในทุกครั้งที่มีการถ่ายเชื้อ
3. ทำการตรวจสอบลักษณะดอกเห็ดที่มีความผิดปกติโดยวิธีการ PCR-RFLP ซึ่งใช้ ITS4-5 และ β -tubulin gene เป็น primer

ก. การแยกเชื้อบริสุทธิ์

สายพันธุ์เห็ดทั้ง 9 สายพันธุ์ถูกนำมาแยกเชื้อบริสุทธิ์จากเชื้อเริ่มต้น (original culture) และแยกเชื้อจากเนื้อเยื่อภายในครีบบอกเห็ด (tissue culture) จากนั้นนำมาวางบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ภายใต้สภาวะปลอดเชื้อ และบ่มเชื้อภายใต้อุณหภูมิ 30 °C เป็นเวลา 7-15 วัน เมื่อไมซีเลียมเจริญเต็มงานเลี้ยงเชื้อ ก็ทำการถ่ายเชื้อเห็ดลงอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ใหม่ต่อไป โดยตัดชิ้นวุ้นตรงขอบจานอาหารเลี้ยงเชื้อขนาดประมาณ 0.6-1.0 เซนติเมตร นำไปวางบนอาหารเลี้ยงเชื้อใหม่ ภายใต้สภาวะปลอดเชื้อ ขั้นตอนนี้ทำการศึกษาอัตราการเจริญของเชื้อเห็ดทุกชนิด โดยการวัดระยะทางการเดินของไมซีเลียมทุกวันและทำเช่นนี้ในทุกครั้งที่มีการถ่ายเชื้อเห็ดทั้ง 9 สายพันธุ์ จากนั้นทำการแบ่งเชื้อไมซีเลียมใส่ขวดอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ไว้เพื่อใช้ในกระบวนการผลิตเห็ดต่อไป

ข. การเตรียม Spawn

ตัดชิ้นวุ้นไมซีเลียมขนาด 1 ตารางเซนติเมตร ภายใต้สภาวะปลอดเชื้อนำมาวางตรงกลางขวดแบนที่มีเมล็ดข้าวฟ่างที่ผ่านการฆ่าเชื้อโดยสเตอริไลส์เป็นเวลา 1 ชั่วโมง และบ่มที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 7-15 วัน

ค. การเลี้ยงเชื้อเห็ด

เมื่อไมซีเลียมเจริญเต็มขวดแบนที่บรรจุเมล็ดข้าวฟ่าง นำไมซีเลียมไปต่อเชื้อในวัสดุเพาะในถุงซีลื้อยในปริมาณ 20-30 เมล็ดต่อ 1 ถุงซีลื้อย จากนั้นนำไปบ่มก้อนที่อุณหภูมิห้องใช้เวลาประมาณ 1-2 เดือน เชื้อไมซีเลียมจะเจริญเต็มก้อนเชื้อ ขั้นตอนนี้ทำการวัดอัตราการเจริญของเชื้อเห็ดทุกชนิด โดยวัดผลทุก ๆ 5 วัน จากนั้นจึงนำก้อนเชื้อที่เจริญเต็มก้อนไปเปิดดอกภายในโรงเรือนและบันทึกผลผลิตเป็นน้ำหนักสด กรัม/1 ก้อน/3 เดือน

ง. การเก็บรักษาเชื้อเห็ด

เชื้อเริ่มต้น (pure culture) ถูกนำไปเก็บบนอาหารเลี้ยงเชื้อที่ 4 องศาเซลเซียส และใน glycerol 10% (v/v) โดยแช่แข็งที่ -70 องศาเซลเซียส ทำการตรวจเช็คเชื้อเห็ดทุก ๆ 2 สัปดาห์

จ. การผลิตก้อนวัสดุเพาะ

นำซีลื้อย 100 กิโลกรัม ข้าว 5 กิโลกรัม ปูนขาว 1 กิโลกรัม ยิปซัม 0.5-1 กิโลกรัม น้ำตาล 0.2 กิโลกรัม และปรับความชื้นให้ได้ประมาณ 80% ด้วยน้ำ จากนั้นส่วนผสมทั้งหมดจะถูกผสมให้เข้ากัน และแบ่งบรรจุวัสดุเพาะลงในถุงพลาสติกถุงละประมาณ 800 กรัม จากนั้นนำถุงซีลื้อยไปผ่านการฆ่าเชื้อ โดยวิธีพลาสมาเจอร์ไรเซชันด้วยหม้อไอน้ำ 100 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 ชั่วโมง

ฉ. การสกัด DNA

นำไมซีเลียมไปเลี้ยงในอาหารเหลว PDB โดยเขย่าที่ 150 rpm เป็นเวลา 3-5 วัน ที่อุณหภูมิห้อง จากนั้นทำการสกัด chromosomal DNA ของเห็ดตามวิธีของ Lee และ Talor (1990) ไว้ดังนี้ นำไมซีเลียมมาบดด้วยไนโตรเจนเหลว (-180 องศาเซลเซียส) ในโถรงบคจากนั้นเติม lysis buffer 400-500 μ l เขย่าให้เข้ากันบ่มที่อุณหภูมิ 65°C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง เติมน phenol: chloroform: isoamyl (25: 24: 1) ลงไป 400 μ l ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่อง Vortex (ในขั้นตอนนีให้ทำซ้ำ 2 ครั้ง) จากนั้นนำไป centrifuge ที่ 13,000 xg เป็นเวลา 15 นาที ที่อุณหภูมิห้อง แล้วแยกเอาเฉพาะสารละลายส่วนใสใส่หลอดใหม่จากนั้นจึงเติม 3M NaOAc (pH 8.0) 40 μ l และเติม isopropanol จำนวน 2 เท่าของปริมาตรสารละลายส่วนใสที่ได้ผสมทั้งหมดให้เข้ากันอย่างเบา ๆ นำตะกอนที่ได้สุดท้ายให้เติม R Nase 100 μ g/ml ไป 1/10 ของสารละลาย TE buffer ตรวจสอบวัดความเข้มข้นของ DNA template โดยการย้อมสีด้วย Ethidium bromide และเทียบกับความเข้มข้นของ DNA มาตรฐาน (ที่ทราบความเข้มข้นแล้ว)

ข. การเพิ่มจำนวนชิ้น DNA

DNA template ที่ได้ถูกนำมาเพิ่มจำนวนด้วย primer ITS 4-5 ซึ่งมีส่วนผสมดังนี้ 1 reaction ประกอบด้วยน้ำกลั่น deionized 27.5 μ l, 10x amplification buffer 10 μ l (15 mM MgCl₂, 500 mM KCl, 100 mM Tris-HCl (pH 8.3), dNTP stock 10 μ l (2 mM แต่ละ dNTP), primer stock 50 μ M stock 1 μ l, และ Taq DNA polymer (5 unit/ μ l) 0.25 μ l

อุณหภูมิที่ใช้ในปฏิกิริยาการเพิ่มจำนวน DNA คือ

initial denature	3 นาที	ที่	95	องศาเซลเซียส
denature	30 วินาที	ที่	95	องศาเซลเซียส
annealing	30 วินาที	ที่	53	องศาเซลเซียส
extension	2 นาที	ที่	72	องศาเซลเซียส
final extension	10 นาที	ที่	72	องศาเซลเซียส
ทั้งหมด 35 รอบ				

นอกจากนี้ DNA template นำมาเพิ่มจำนวนด้วย primer β -tubulin gene ซึ่งมีส่วนผสมดังนี้ 1 reaction ประกอบด้วย น้ำกลั่น deionized 25 μ l, MgCl₂ 2.5 μ l (2.0 mM stock MgCl₂), dNTP stock 5 μ l (0.2 mM แต่ละ dNTP), primer 1 μ l (0.5 mM primer stock) และ 1 unit Taq DNA polymerase

อุณหภูมิที่ใช้ในปฏิกิริยาการเพิ่มจำนวน DNA คือ

initial denature	1 นาที	ที่	94	องศาเซลเซียส
denature	30 วินาที	ที่	94	องศาเซลเซียส
annealing	30 วินาที	ที่	56	องศาเซลเซียส
extension	30 วินาที	ที่	72	องศาเซลเซียส
final extension	10 นาที	ที่	72	องศาเซลเซียส
ทั้งหมด 35 รอบ				

ข. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) analysis

เอนไซม์ตัดจำเพาะที่ใช้ในการทดลองคือ *AluI*, *TaqI*, *MboI* และ *HinfI* และวิเคราะห์การตัดชิ้น DNA บน Agarose 2% ที่ 80 volt, 40 นาทีหรือ 10% polyacrylamide gel ที่ 80 volt, 1.30 ชั่วโมง ย้อมสีด้วย ethidium bromide ความเข้มข้น < 0.5 mg/ml

ฉ. Sequencing (การหาลำดับเบส)

หากลำดับเบสโดยตรงจาก PCR product ทั้ง 600 bp. โดยเครื่องมือ Perkin Elmer's ABI PRISM™ 377 DNA sequence

ญ. การวิเคราะห์ผลการหาลำดับเบส

นำผลการหาลำดับเบสทั้ง 600 bp มาเปรียบเทียบความเหมือนหรือต่างระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และครั้งที่ 3 ในเห็ดหูหนู โดยใช้โปรแกรม CLUSTAL X program เพื่อพิสูจน์หาจุดตัดจำเพาะของเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 4 ชนิด

วัตถุประสงค์ข้อที่ 3 เพื่อให้ได้โรงเรือนที่มีระบบควบคุมสิ่งแวดล้อมที่เหมาะสมแก่การเพาะเห็ด และเครื่องเพาะเห็ดที่เหมาะสม

ก. โรงเรือน

ขนาดของโรงเรือน 8x5 เมตร ภายในโรงเรือนจะติดตั้งควบคุมระบบหล่อเย็น Cooling Control : PCC-2 วัตถุประสงค์ก็เพื่อควบคุมอุณหภูมิและความชื้นสัมพัทธ์ภายในโรงเรือน ภายในชุดควบคุมนี้ประกอบไปด้วย

-หัววัดอุณหภูมิ (Temperature Sensor)	1	ชุด
-หัววัดความชื้นสัมพัทธ์ (Humidity Sensor)	1	ชุด
-ระบบควบคุมการปิด-เปิด พัดลม (Fan)	1	ชุด
-ระบบควบคุมการปิด-เปิด ระบบน้ำ (Cooling system)	1	ชุด
-ระบบเตือนอุณหภูมิสูง-ต่ำ	1	ชุด

ข. การผลิตเห็ด

ข.1 การผลิตเห็ดตีนแรด

1. การเลี้ยงเชื้อ

เชื้อเห็ดตีนแรดนำมาเลี้ยงบนอาหารแข็ง PDA บ่มที่อุณหภูมิ 300 องศาเซลเซียส และวัดอัตราการเจริญของไมซีเลียบนอาหารเลี้ยงเชื้อทุกวันเป็นเวลา 20-25 วัน และถ่ายเชื้อลงสู่ขวดเมล็ดข้าวฟ่างที่ผ่านการฆ่าเชื้อแล้ว จากนั้นบ่มที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 15-20 วัน แล้วย้ายลงสู่ก้อนขี้เลื่อย และบ่มก้อนเชื้อภายในโรงเรือนเป็นเวลา 30-45 วัน

2. การเตรียมวัสดุเพาะ

การทดลองเพาะเห็ดตีนแรดได้วางแผนการทดลองแบบ Slip-split plot design ทำการทดลอง 3 ซ้ำ แต่ละซ้ำประกอบด้วย 3 mainplots, 2 submain plots และ 3 subplots ซึ่ง main plots คือ (1) การคลุมวัสดุเพาะด้วยฟางข้าว (2) ด้วยแกลบ (3) ไม่มีการคลุม, submain plots คือ (1) ใช้แข่งพลาสติกเป็นภาชนะสำหรับเพาะ และ (2) ใช้กระดาษดินเป็นภาชนะสำหรับเพาะ และ sub plots คือ (1) ใช้ดินร่วนอย่างเดียว, (2) ใช้เปลือกถั่วเหลืองอย่างเดียว และ (3) ผสมดินร่วนกับเปลือกถั่วเหลืองในอัตรา (1:1, vol/vol) เส้นผ่านศูนย์กลางของภาชนะเพาะอยู่ระหว่าง 40-47 เซนติเมตร ความสูงของภาชนะเพาะ 30-37 เซนติเมตร โดย

แต่ละกระถางจะบรรจุก้อนเชื้อ 4 ก้อน แต่ละก้อนวางห่างกันประมาณ 10 เซนติเมตร และเติมวัสดุเพาะให้เต็มภาชนะเพาะ โดยต่ำกว่าขอบของภาชนะลงมา 10 เซนติเมตร ซึ่งผลผลิตของการทดลองนี้ถูกนำมาวิเคราะห์โดยโปรแกรม Split-Slit plot design

ข.2 การผลิตเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง

1. การเตรียมอาหารในก้อนเชื้อ

สูตรที่ใช้ในการทดลองมีด้วยกัน 2 สูตร ดังต่อไปนี้คือ

สูตรที่ 1 ประกอบด้วย

เชื้อไมยขางพารา	75	กิโลกรัม
รำละเอียด	20	กิโลกรัม
ข้าวโพดบด	5	กิโลกรัม
ความชื้น 60-62% ไม่เกิน 65 %		

สูตรที่ 2 ประกอบไปด้วย

เชื้อไมยขางพารา	100	กิโลกรัม
รำละเอียด	20	กิโลกรัม
น้ำคาสถราชแดงหรือกากน้ำตาล	1.5	กิโลกรัม
ดีเกลือ	0.2	กิโลกรัม
ปูนขาว	2	กิโลกรัม
ความชื้น 60-62% ไม่เกิน 65 %		

การทำก้อนนำวัสดุทั้งหมดมาคลุกให้เข้ากันอย่างดี ให้มีความชื้น 60-65 % บรรจุในถุงพลาสติกหรือขนาด 7x12 นิ้ว อัดให้แน่น ปริมาณอาหารถุงละ 600 กรัม ใส่คอพลาสติก ปิดจุดดำสีแล้วหุ้มกระดาษป้องกันสำลีเปียก จากนั้นนำถุงเชื้อไปนั่งในหม้อน้ำไม่อัดความดัน อุณหภูมิประมาณ 100°C เป็นเวลา 1-2 ชั่วโมง

2. การเลี้ยงเชื้อ

นำเชื้อเห็ดเข็มเงินและเข็มทองมาเลี้ยงบนอาหารแข็ง PDA เก็บไว้ที่อุณหภูมิ 16-20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 15-20 วัน จากนั้นถ่ายเชื้อลงสู่ขวดเมล็ดข้าวฟ่างที่ผ่านการฆ่าเชื้อแล้ว จากนั้นบ่มไว้ที่อุณหภูมิ 16-20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 14 วัน แล้วย้ายลงสู่ก้อนเชื้อ และบ่มก้อนเชื้อในโรงเรือนที่อุณหภูมิ 20-26 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 50-60 วัน

3. การเปิดดอก

ในระยะให้ผลผลิต เมื่อเส้นใยเข้มเงินและเข็มทองเจริญเต็มดวง ก็ทำการเปิดดอกที่ห้องบ่มได้เลย แต่ปรับอุณหภูมิห้องให้เป็น 13-15 องศาเซลเซียส ความชื้นสัมพัทธ์ 80-85% เปิดจุกสำลีออก

เมื่อเกิดดอกเห็ดเล็ก ๆ ให้แสงและถอดคอกพลาสติกออก ปล่อยให้ดอกสูงประมาณ 2-3 เซนติเมตร จึงลดการให้แสงลง ก้านดอกเห็ดจะชูหาแสงสว่าง ช่วงนี้ปรับอุณหภูมิให้สูงขึ้นเป็น 16-18 องศาเซลเซียส

4. การเก็บดอกเห็ด

ก้านดอกเห็ดยาวประมาณ 9-13 เซนติเมตร หมวกดอกจะมีขนาด 1-2 เซนติเมตร เก็บดอกโดยดึงกลุ่มดอกเห็ด

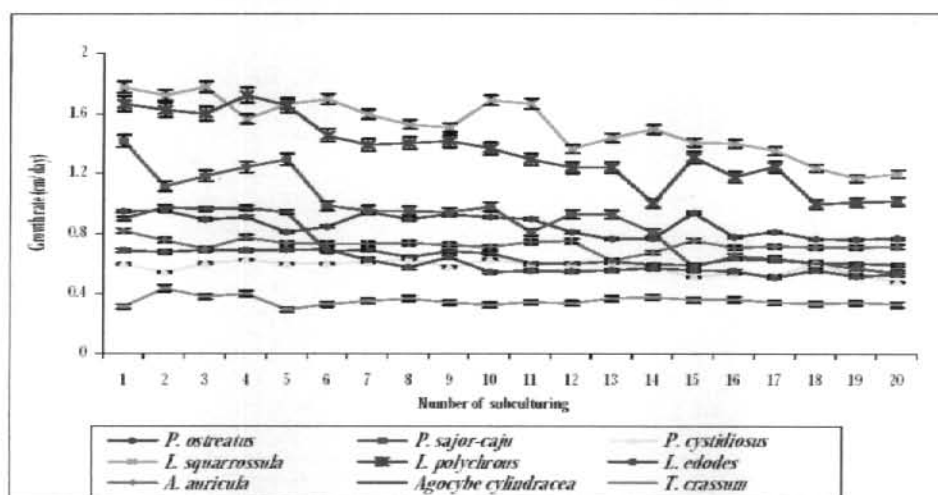
ผลการทดลองและวิจารณ์ผลการทดลอง

1. การผลิตเห็ด

เพื่อศึกษาว่าการถ่ายเชื้อเห็ดมีผลกระทบต่อผลผลิต อัตราการเจริญของเชื้อบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA และ spawning โดยทำการเปรียบเทียบผลผลิตในแต่ละครั้งของการถ่ายเชื้อ

1.1 อัตราการเจริญของเชื้อเห็ดแต่ละชนิดบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA

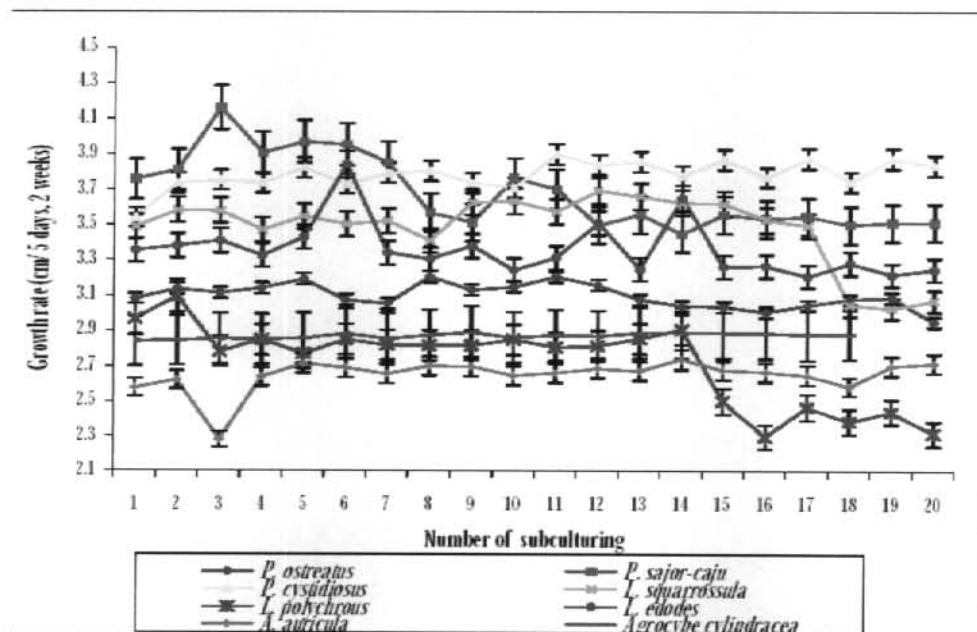
การเลี้ยงเชื้อบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA จะบ่มเชื้อที่อุณหภูมิ 30 องศาเซลเซียส (ทำการทดลอง 3 ซ้ำ) เป็นเวลา 10-15 วัน พบว่าอัตราการเจริญของเชื้อเห็ดจะแตกต่างกันตามแต่ละชนิดของสายพันธุ์และอัตราการเจริญของเห็ดมีลักษณะเชิงเส้นตรงหลังจากเปรียบเทียบกันทั้งหมด 20 ครั้งการถ่ายเชื้อ ซึ่งพบว่าอัตราการเจริญมีค่าคงที่ โดยเห็ดทุกชนิดจะให้อัตราการเจริญสูงสุดในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 เช่น เห็ดนางฟ้า 1.420 เซนติเมตร/วัน เห็ดกระด้าง 1.778 เซนติเมตร/วัน และเห็ดขอนขาว 1.670 เซนติเมตร/วัน (รูปที่ 1) นอกจากนี้อัตราการเจริญของเห็ดบางชนิดบนอาหารเลี้ยงเชื้ออย่างต่อเนื่อง เช่น เห็ดนางฟ้า เห็ดขอนขาว เห็ดกระด้างและเห็ดคานางิ ซึ่งอุณหภูมิอาจเป็นปัจจัยสำคัญต่อการเจริญของเชื้อเห็ด เนื่องจากผลการศึกษาของ (Kinugawa และ Furakawa, 1965 อ้างอิงถึงใน Chang และ Heyes, 1978) พบว่าในเห็ด *Flammulina velutipes* อุณหภูมิเป็นหนึ่งในปัจจัยที่สำคัญที่มีผลต่อการควบคุมการเจริญของไมซีเลียม ซึ่งอุณหภูมินี้เหมาะต่อเห็ดนี้คือระหว่าง 22-26 องศาเซลเซียส ถ้าหากอุณหภูมิเพิ่มสูงขึ้นเกิน 34 องศาเซลเซียส พบว่าไมซีเลียมจะเจริญเติบโตช้าลงหรืออาจมีการหยุดการเจริญของเชื้อไมซีเลียม ถ้าหากอุณหภูมิเพิ่มสูงกว่า 35 องศาเซลเซียสในเห็ดหอม (Tokimoto และ komatsu, 1975 อ้างอิงถึงใน Chang และ Heyes, 1878) ซึ่งในการทดลองต้องจำกัดอุณหภูมิการบ่มเชื้อไว้ที่ 30 องศาเซลเซียส ทุก ๆ ชนิดเห็ด ดังนั้นอุณหภูมิที่เหมาะสมต่อการเจริญในเห็ดแต่ละชนิดอาจมีผลต่อการลดลงของอัตราการเจริญ



รูปที่ 1 อัตราการเจริญของเชื้อเห็ดแต่ละชนิดบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA

1.2 อัตราการเจริญของเห็ดแต่ละชนิดในก้อนเพาะเห็ด

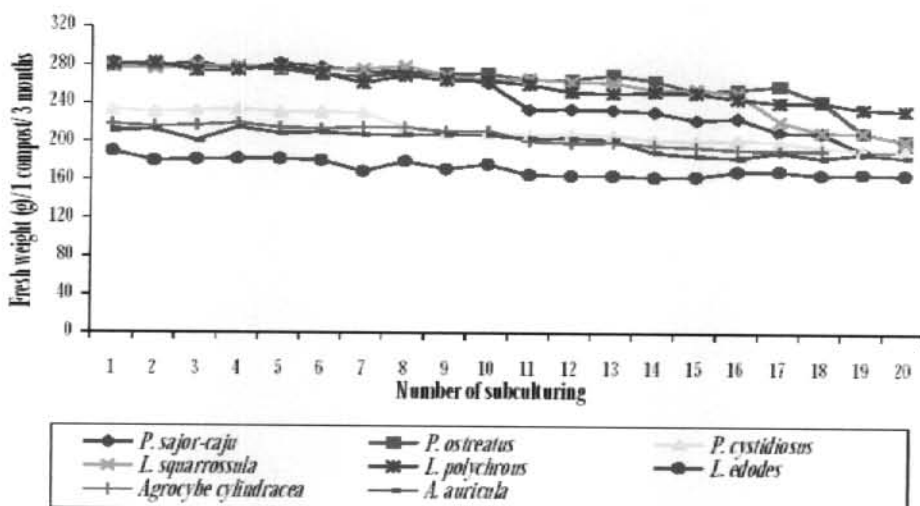
เชื้อไมซีเลียจะเจริญเติบโตอยู่ในขวดเมล็ดข้างฟาง เรียกว่า “spawn run” เป็นเวลา 7-15 วันที่อยู่หมึห้อย จากนั้นจะถ่ายลงสู่ก้อนเพาะเชื้อในถุงขี้เลื่อยปริมาณ 20-30 เมล็ด/1 ถุงขี้เลื่อยและบ่มก้อนเชื้อภายในโรงบ่มก้อนเป็นเวลา 1-2 เดือน จนกว่าไมซีเลียจะเจริญเต็มก้อนขี้เลื่อยแล้วจึงนำไปเปิดดอกต่อไป ผลการศึกษาอัตราการเจริญของเชื้อเห็ดในก้อนเพาะเชื้อเห็ดแต่ละชนิดมีอัตราการเจริญและใช้ระยะเวลาการเจริญของไมซีเลียแตกต่างกัน ซึ่งขึ้นอยู่กับชนิดของเห็ด เช่น เห็ดนางฟ้า มีอัตราการเจริญ 3.68 ± 0.12 เซนติเมตร/5 วัน, เห็ดหอม 3.36 ± 0.18 เซนติเมตร/2 สัปดาห์ และเห็ดหูหนู 2.65 ± 0.14 เซนติเมตร/5 วัน ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% จากรูปที่ 2 พบว่าเชื้อเห็ดโดยส่วนใหญ่จะมีอัตราการเจริญค่อนข้างคงที่ แต่ในเห็ดขอนขาวและเห็ดกระด้างพบว่าอัตราการเจริญในก้อนขี้เลื่อยลดลง ภายหลังจากการถ่ายเชื้อไปอย่างต่อเนื่อง โดยลดลงจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 คิดเป็น 16.8% และ 25.3% ตามลำดับที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ผลจากส่วนนี้สามารถสรุปว่าเมื่อจำนวนครั้งของการถ่ายเชื้อมากขึ้นมีผลต่อการลดลงของอัตราการเจริญของเชื้อเห็ดในก้อนขี้เลื่อย แต่อัตราการเจริญลดลงจะแตกต่างกันไปในเห็ดแต่ละชนิด ดังเช่น เห็ดขอนขาวจะมีอัตราการเจริญค่อนข้างคงที่ในช่วงของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-15 คือ 3.76 ± 0.10 เซนติเมตร/5 วัน แต่มีอัตราการเจริญลดลงเป็น 3.05 ± 0.8 เซนติเมตร/5 วัน ในช่วงหลังจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 17



รูปที่ 2 อัตราการเจริญของเชื้อเห็ดแต่ละชนิดในก้อนขี้เลื่อย

1.3 ผลผลิตของเห็ดแต่ละชนิด

เมื่อเชื้อไมซีเลียมเจริญจนเต็มก้อนแล้วจะนำไปเปิดดอกภายในโรงเปิดดอก ซึ่งลักษณะภายในของโรงเปิดดอกจะแตกต่างกันตามแต่ละชนิดของเห็ด โดยที่ผลผลิตจะได้รับแตกต่างกันขึ้นอยู่กับชนิดของเห็ดและสภาพแวดล้อมภายในโรงเรือน ผลการศึกษาพบว่าเห็ดทุกชนิดจะให้ผลผลิตสูงสุดในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 หลังจากนั้นผลผลิตจะเริ่มลดต่ำลงเมื่อจำนวนการถ่ายเชื้อเพิ่มมากขึ้น ซึ่งสอดคล้องกับผลการทดลองของ (Toonomura, 1978, อ้างถึงใน Chang และ Heyes, 1978) คือ ในเห็ดแชมปิญอง *A. bisporus* จะให้ผลผลิตสูงสุดในครั้งแรกของการเริ่มเพาะ แต่ปริมาณดอกเห็ดที่ได้จะลดลงและคุณภาพของดอกเห็ดจะเล็กลงเมื่อทำการเพาะต่อไป ดังตัวอย่างของเห็ดที่ทดลองคือ เห็ดนางฟ้า เห็ดนางรมและเห็ดขอนขาวจะให้ผลผลิตสูงสุดประมาณ 282.5 กรัม, 279.4 กรัม และ 278.0 กรัม (น้ำหนักสด/1 ก้อน/3 เดือน) ตามลำดับ หลังจากนั้นผลผลิตจะลดลงคิดเป็น 32.0%, 27.8% และ 27.8% ตามลำดับ ในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 20 ในขณะที่เห็ดชนิดอื่น ๆ ยังคงให้ผลผลิตโดยรวมค่อนข้างคงที่ ดังรูปที่ 3



รูปที่ 3 ผลผลิตเฉลี่ยของเห็ดแต่ละชนิด

เมื่อทำการเปรียบเทียบอัตราการเจริญของเชื้อกับผลผลิตพบว่ามีความสอดคล้องกัน คือ ในเห็ดขอนขาวให้ผลผลิตลดลงประมาณ 27.8% และอัตราการเจริญในก้อนเชื้อก็ลดลงตามด้วย ในขณะที่ผลผลิตของเห็ดกระด้างค่อนข้างคงที่ตลอดจนการถ่ายเชื้อครั้งที่ 20 แต่อัตราการเจริญในก้อนเชื้อก็กลับลดลงตั้งแต่การถ่ายเชื้อครั้งที่ 14 นอกจากนี้ในผลผลิตของเห็ดนางรมลดลงตั้งแต่ครั้งที่ 18 คือลดลง 13.1% จากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ในขณะที่อัตราการเจริญในก้อนเชื้อก็เลยค่อนข้างคงที่ตั้งแต่การถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% จากส่วนนี้สามารถสรุปได้ว่าผลผลิตรวม

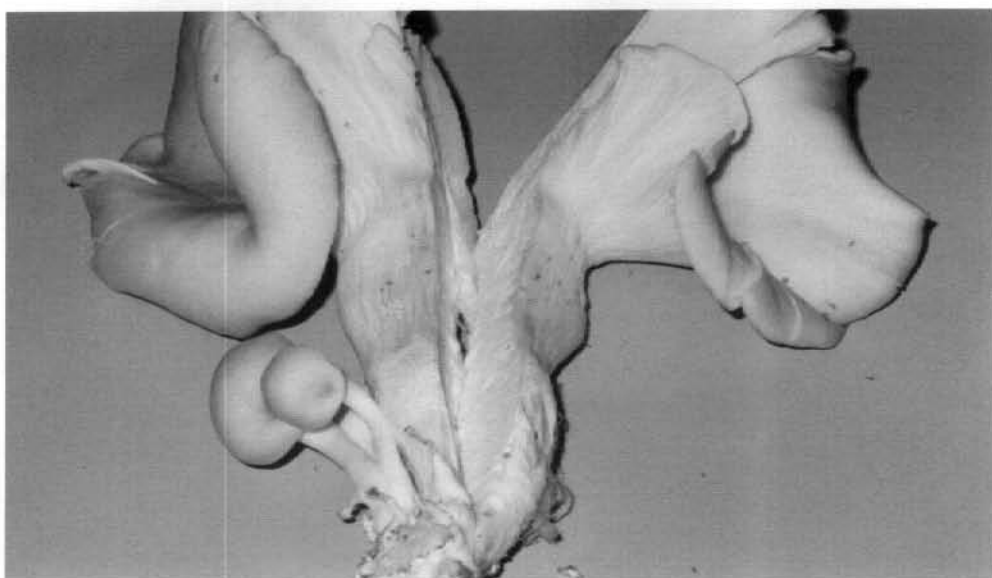
ของหีนจะลดลงต่ำลงเมื่อจำนวนครั้งของการถ่ายเชื้อมากขึ้น ซึ่งผลการทดลองมีความสอดคล้องกับผลการศึกษาในเห็ดแชมปิญอง *A. bisporus* ของ Jankowska (1970) อ้างถึงใน Chang และ Heyes, 1978 คือ ในเห็ดแชมปิญองไม่มีความสัมพันธ์กันระหว่างการเจริญของไมซีเลียมและผลผลิตเลย และยังมีรายงานเกี่ยวกับการลดลงของผลผลิตภายหลังการเก็บรักษาเชื้อ *A. bisporus* หลังการเก็บไว้ 2 ปีมีการลดลงของผลผลิต, การเจริญของไมซีเลียมไม่ค่อยดีอีกด้วย (Fristiche 1972, 1974 อ้างถึงใน Chang และ Heyes, 1978) และพบว่า การเลี้ยงเนื้อเชื้อเห็ดมักจะให้ผลผลิตที่ต่ำกว่าเชื้อเริ่มต้นเสมอ ดังนั้นการที่ผลผลิตลดลงจะมาจากหลายปัจจัย ดังเช่น การเก็บรักษาเชื้อ, การติดเชื้อโดยการใช้น้ำเชื้อและปัจจัยทางสภาพแวดล้อมในการเพาะเชื้อ

เมื่อทำการถ่ายเชื้อมากขึ้นลักษณะภายนอกของดอกเห็ดยังคงให้มีลักษณะที่ปกติ แต่ในการทดลองนี้ยังพบลักษณะดอกเห็ดที่ผิดปกติของเห็ดนางรม ซึ่งความผิดปกตินี้ได้รับมาจากการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่องเพื่อการเพาะเห็ด แสดงว่าดอกเห็ดที่ผิดปกติอาจมาจากการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่อง ดังแสดงในรูป (รูปที่ 4) ซึ่งเห็ดนางรมที่ผิดปกตินี้มีก้านดอกยาวประมาณ 8.0 เซนติเมตร และเส้นผ่านศูนย์กลางหมวกดอกประมาณ 6.0 เซนติเมตร และความยาวก้านดอกประมาณ 6.5 เซนติเมตร ซึ่งได้นำดอกเห็ดที่ผิดปกตินี้มาทดสอบทางเทคนิค DNA พบว่ายังคงให้ผลของชิ้น DNA เหมือนกับดอกเห็ดที่ปกติ ดังนั้นจึงอาจกล่าวได้ว่าความผิดปกตินี้อาจไม่ได้มาจากสาเหตุความบกพร่องของ DNA ซึ่งอาจเนื่องมาจากสภาวะแวดล้อมภายในโรงเรือนขณะทำการเปิดดอก เนื่องจากผลการศึกษาของ (Veder, 1975) พบว่าสภาพแวดล้อมและโรคของเห็ดมีผลต่อการเป็นสาเหตุของดอกเห็ดที่ผิดปกติ ซึ่งความผิดปกติของดอกเห็ดเป็นผลโดยตรงต่อคุณภาพของเห็ดซึ่งในการผลิตเห็ดควรต้องมีการจัดการควบคุมปัญหาหรือลดปัญหาเหล่านี้ได้อย่างดีเพียงพอ นอกจากนี้ Muller (1989) จะได้ศึกษาการพัฒนาดอกเห็ดของเห็ดนางรม พบว่าสภาพแวดล้อมเป็นปัจจัยสำคัญที่มีผลโดยตรงต่อการแสดงออกของ gene ที่ควบคุมลักษณะทางชีวเคมีของเห็ดด้วย เพราะอุณหภูมิมีผลโดยตรงต่อการทำงานของเอนไซม์ ซึ่งการพัฒนาดอกเห็ดไม่สมบูรณ์ถ้าหากมีการเพิ่มอุณหภูมิเพราะการทำงานของเอนไซม์จะลดลงเมื่ออุณหภูมิสูงขึ้น

(ก)



(ข)



รูปที่ 4 แสดงภาพถ่ายของดอกเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่มีลักษณะปกติและไม่ปกติ ที่ได้จากการเก็บเกี่ยว (ก) ดอกเห็ดปกติ (ข) ดอกเห็ดที่ไม่ปกติ

2. การวิเคราะห์ผล ITS4-5 RFLP

เพื่อศึกษาถึงผลความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดภายหลังจากถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่อง โดยอาศัยเทคนิคทางชีวโมเลกุล การเพิ่มจำนวน DNA ด้วยไพรเมอร์ ITS4-5 ที่ได้มีขนาดตั้งแต่ 600-800 คู่เบส แตกต่างกันไปแต่ละชนิดของเห็ด และหลังจากการตัดชิ้น DNA เหล่านั้นด้วย เอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 4 ชนิด คือ *HinfI*, *AluI*, *MboI* และ *TaqI* พบว่าหลังจากการตัดชิ้น DNA แล้ว มีขนาดของชิ้น DNA ที่แตกต่างกัน ดังตารางที่ 1-4

ตารางที่ 1 แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์

Alu I

Mushroom species	PCR product (bp)	PCR-RFLP product digested by <i>Alu I</i> (bp)
<i>L. polychrous</i>	700	390, 135
<i>L. squarrossula</i>	700	400, 100
<i>P. ostreatus</i>	700	600, 90
<i>P. sajor-caju</i>	700	600, 100
<i>P. cystidiosus</i>	750	400, 180
<i>Tricholoma crassum</i>	700	500
<i>A. auricula</i>	600	390, 123
<i>Agrocybe cylindracea</i>	750	520, 200
<i>Lentinus edodes</i>	800	500, 190, 100

ตารางที่ 2 แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์

Mbo I

Mushroom species	PCR product (bp)	PCR-RFLP product digested by <i>Mbo</i> I (bp)
<i>L. polychrous</i>	700	290, 190
<i>L. squarrossula</i>	700	290, 190
<i>P. ostreatus</i>	700	400, 190, 100
<i>P. sajor-caju</i>	700	400, 200, 100
<i>P. cystidiosus</i>	750	400, 300, 70
<i>Tricholoma crassum</i>	700	390, 130
<i>A. auricula</i>	600	400, 180
<i>Agrocybe cylindracea</i>	750	450, 280
<i>Lentinus edodes</i>	800	400, 190, 100, 90

ตารางที่ 3 แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวุ้นหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์

Taq I

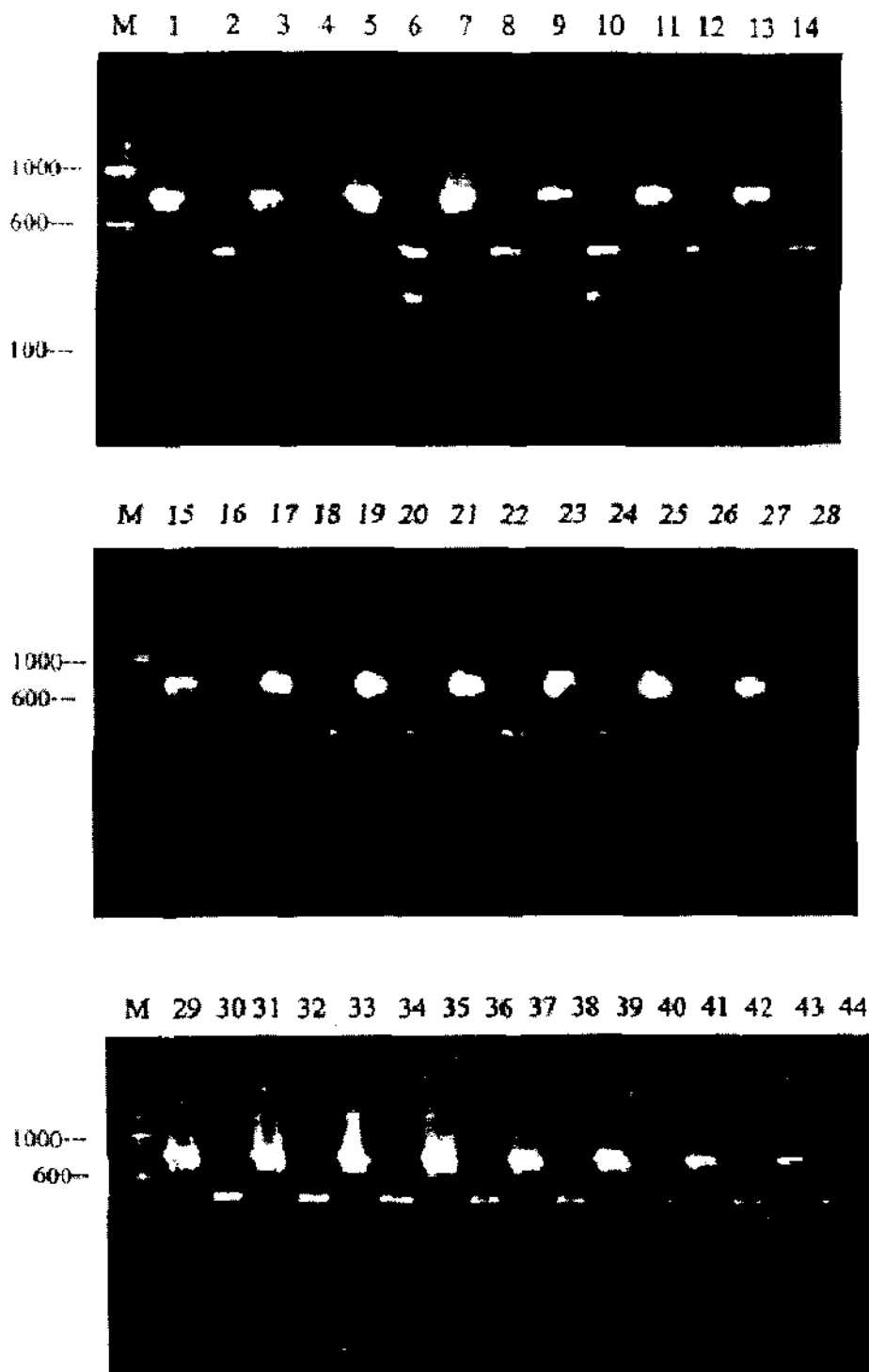
Mushroom species	PCR product (bp)	PCR-RFLP product digested by <i>Taq</i> I (bp)
<i>L. polychrous</i>	700	150, 100, 90
<i>L. squarrossula</i>	700	300, 180, 100, 70
<i>P. ostreatus</i>	700	350
<i>P. sajor-caju</i>	700	350
<i>P. cystidiosus</i>	750	330
<i>Tricholoma crassum</i>	700	350, 190, 180
<i>A. auricula</i>	600	320, 200
<i>Agrocybe cylindracea</i>	750	350, 210, 120
<i>Lentinus edodes</i>	800	400, 320

ตารางที่ 4 แสดงขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ต่าง ๆ บนวันหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์

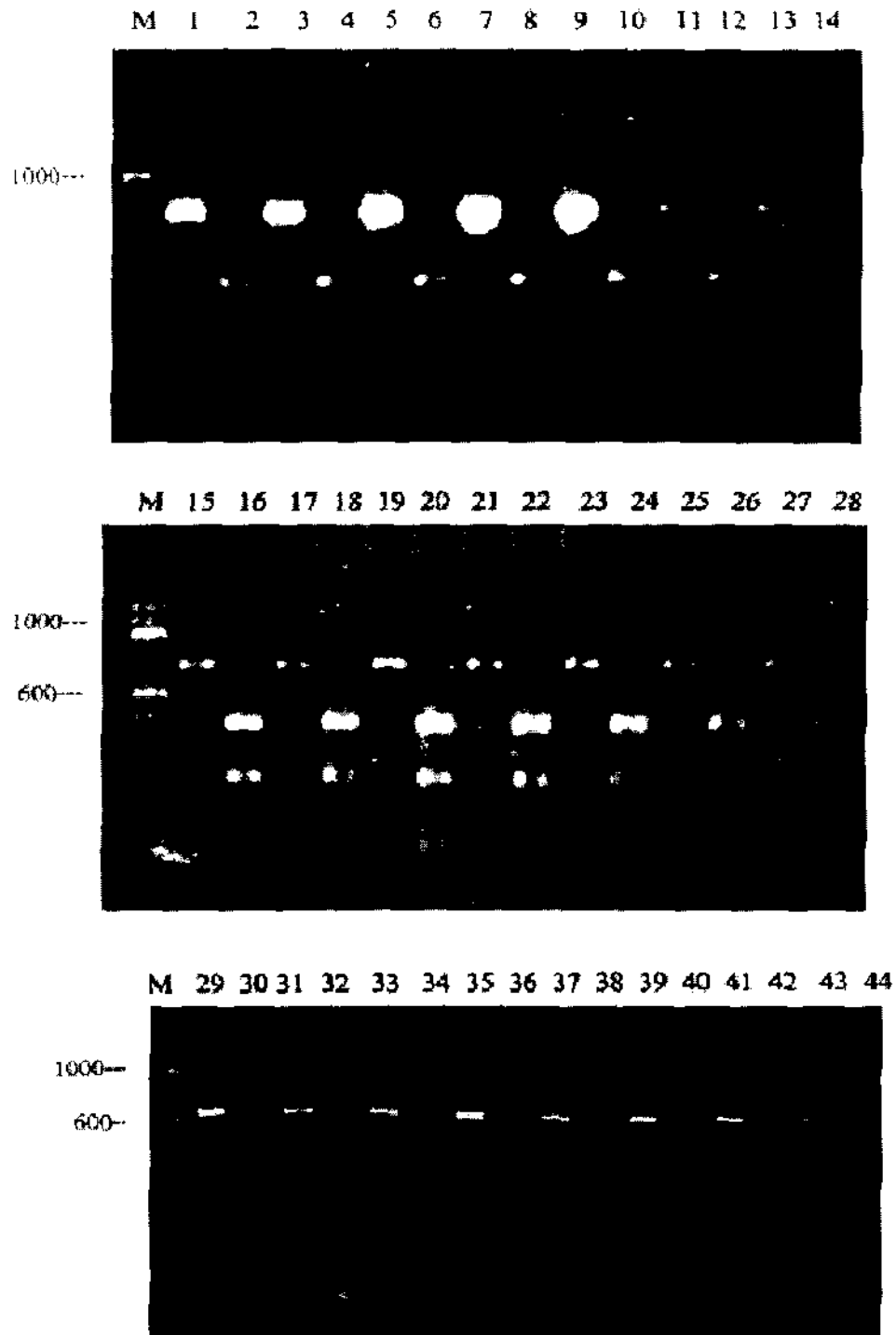
*Hinf*I

Mushroom species	PCR product (bp)	PCR-RFLP product digested by <i>Hinf</i> I (bp)
<i>L. polychrous</i>	700	300, 200, 150
<i>L. squarrossula</i>	700	390, 380
<i>P. ostreatus</i>	700	390, 230, 110
<i>P. sajor-caju</i>	700	400, 230
<i>P. cystidiosus</i>	750	300, 250, 150
<i>Tricholoma crassum</i>	700	300, 200, 180
<i>A. auricula</i>	600	300
<i>Agrocybe cylindracea</i>	750	350, 210, 180
<i>Lentinus edodes</i>	800	500

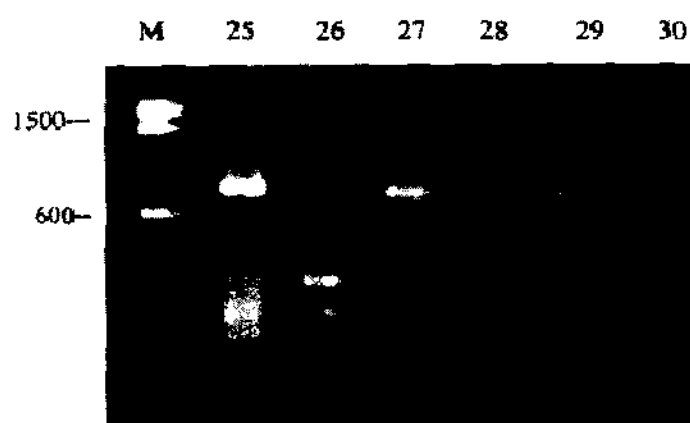
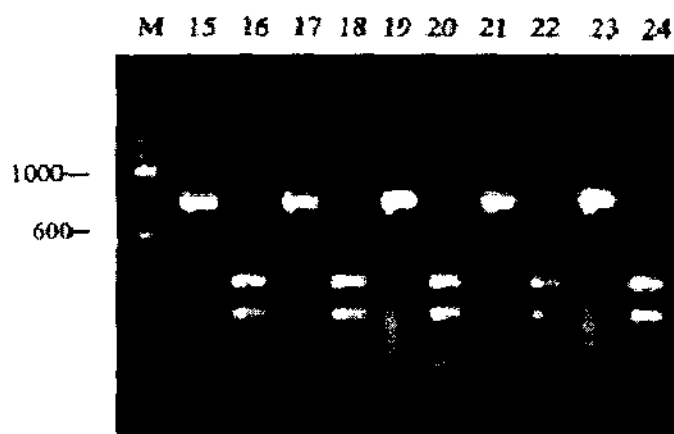
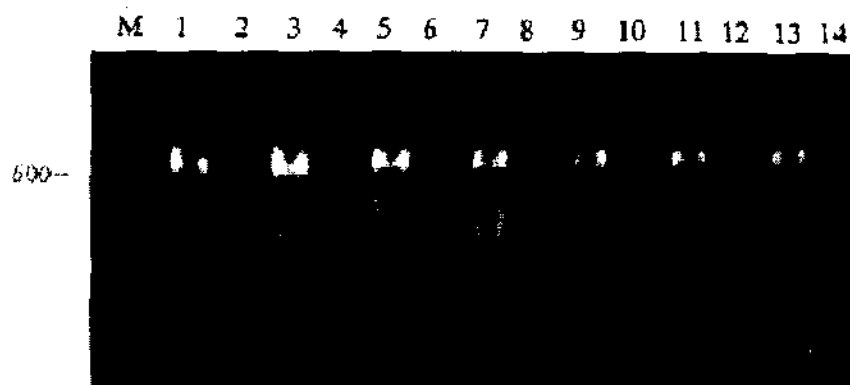
จากตารางที่ 1-4 และรูปที่ 5-40 แสดงถึงขนาดของชิ้น DNA ที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะแต่ละชนิดให้ขนาดชิ้น DNA ที่แตกต่างกันซึ่งลำดับเบส ITS มักจะถูกนำมาใช้ในการศึกษาแยกความหลากหลายในสิ่งมีชีวิตจำพวกรา ดังเช่นในเห็ดตระกูล *Lentinus* (Fukada และ Tokimoto, 1994) และในเชื้อราเบนสูง โดยมี 18s, 5.8s และ 28s rRNA gene ที่มีส่วนที่มีลำดับเบสเหมือนกันมากที่สุดระหว่างเชื้อแต่ละสายพันธุ์ ซึ่งส่วนของเบส ITS สามารถเพิ่มจำนวนชิ้น DNA ในช่วงของส่วนที่มีความแปรปรวนสูง ดังนั้นไพโรมอร์นี้จึงถูกเลือกมาใช้ศึกษาถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมของเห็ดหลังจากการถ่ายเชื้ออย่างค่อเนื่องได้ ผลการทดลองพบว่าขนาดของชิ้น DNA ภายหลังจากตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 4 ชนิดยังคงให้ขนาดเท่าเดิมเมื่อเปรียบเทียบขนาดชิ้น DNA ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ยกเว้นในเห็ดหูหนูของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 ที่ให้ขนาดชิ้น DNA เปลี่ยนแปลงไปจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ซึ่งสามารถกล่าวได้ว่า TIS4-5 สามารถตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมในเห็ดหูหนูได้ ซึ่งความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดหูหนูอาจเกี่ยวข้องกับอัตราการเจริญของเชื้อและผลผลิตได้ (รายละเอียดข้อ 3) แต่อย่างไรก็ตามไพโรมอร์ชุดนี้ยังไม่สามารถใช้ตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดทุกชนิดได้ ดังนั้นการตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดโดยไพโรมอร์เพียง 1 ชุดยังคงไม่เพียงพอ ควรที่จะมีการตรวจสอบที่ gene ใด gene หนึ่งซึ่งจำเพาะเจาะจงลงไปอีกถึงความบกพร่องของ gene ชุดนั้น ๆ อย่างเช่น gene ที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมอัตราการเจริญของเชื้อ, การควบคุมการพัฒนาเจริญของดอกเห็ดและความสามารถของเชื้อในการย่อยสารประเภท lignin



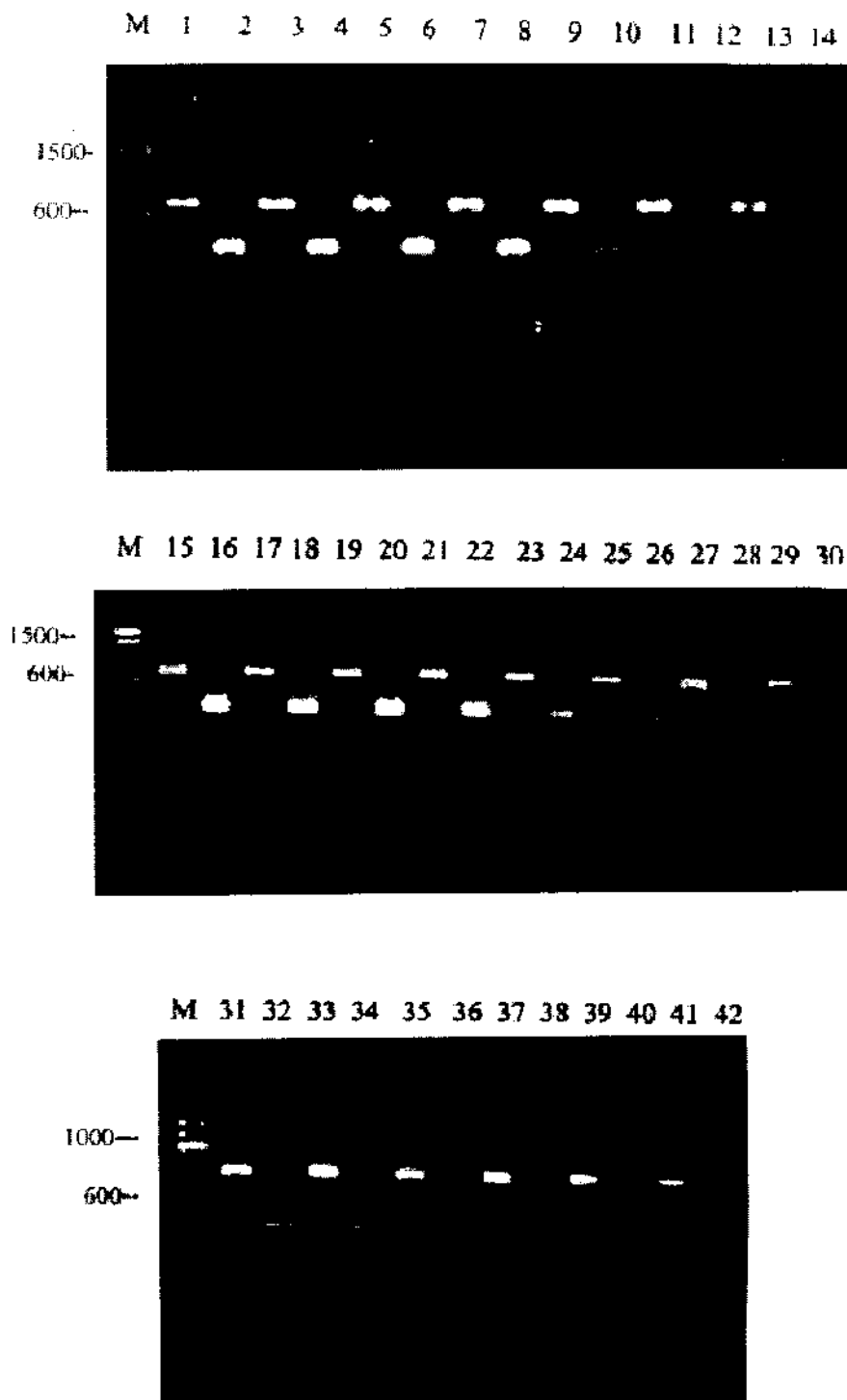
รูปที่ 5 ผลึกษณ์ท์ที่ไ้จากการทํา PCR ของเห็ดศยพันธุ์ *Pleurotus ostreatus* ที่ไ้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I; แลว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แลวเลขคู่ : ผลของซันตีเอนเอที่ไ้ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชือครั้งที่ 1-22 แลวเลขคี่ : ผลของซันตีเอนเอที่ไ้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชือครั้งที่ 1-22



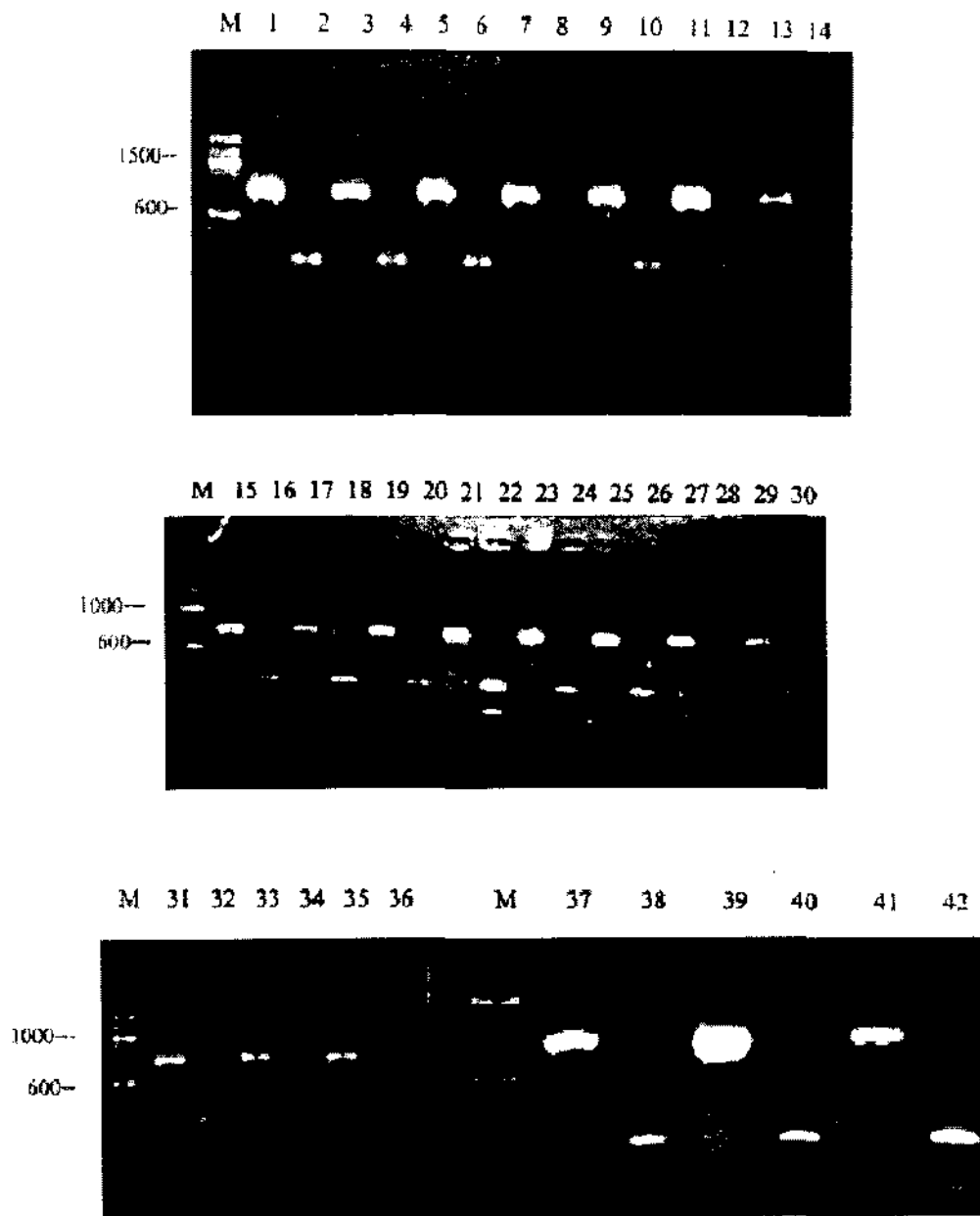
รูปที่ 6 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่ผ่านการตัดด้วย เอนไซม์ *HnifI*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



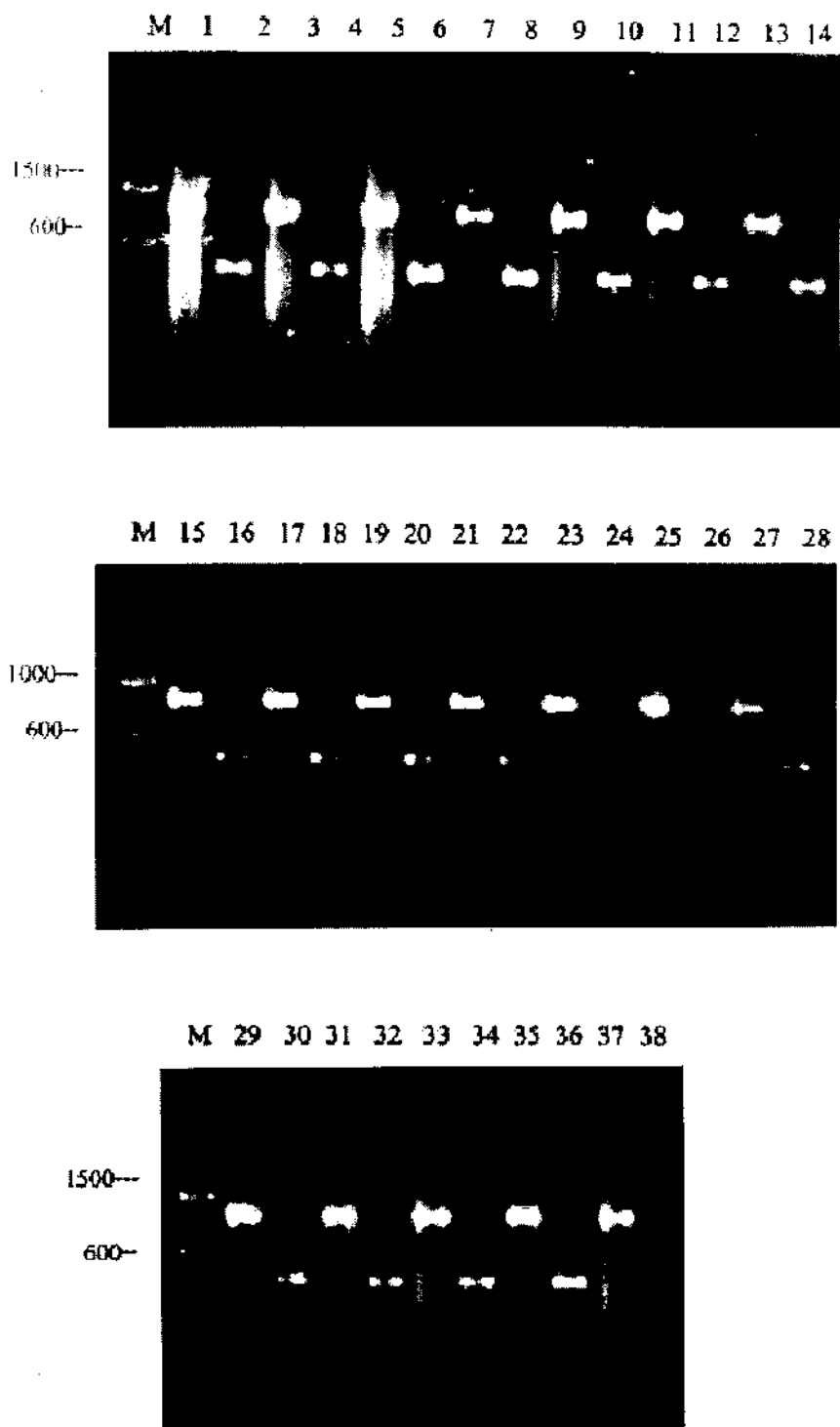
รูปที่ 7 ผลผลิต PCR ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus cystidiosus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-15 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-15



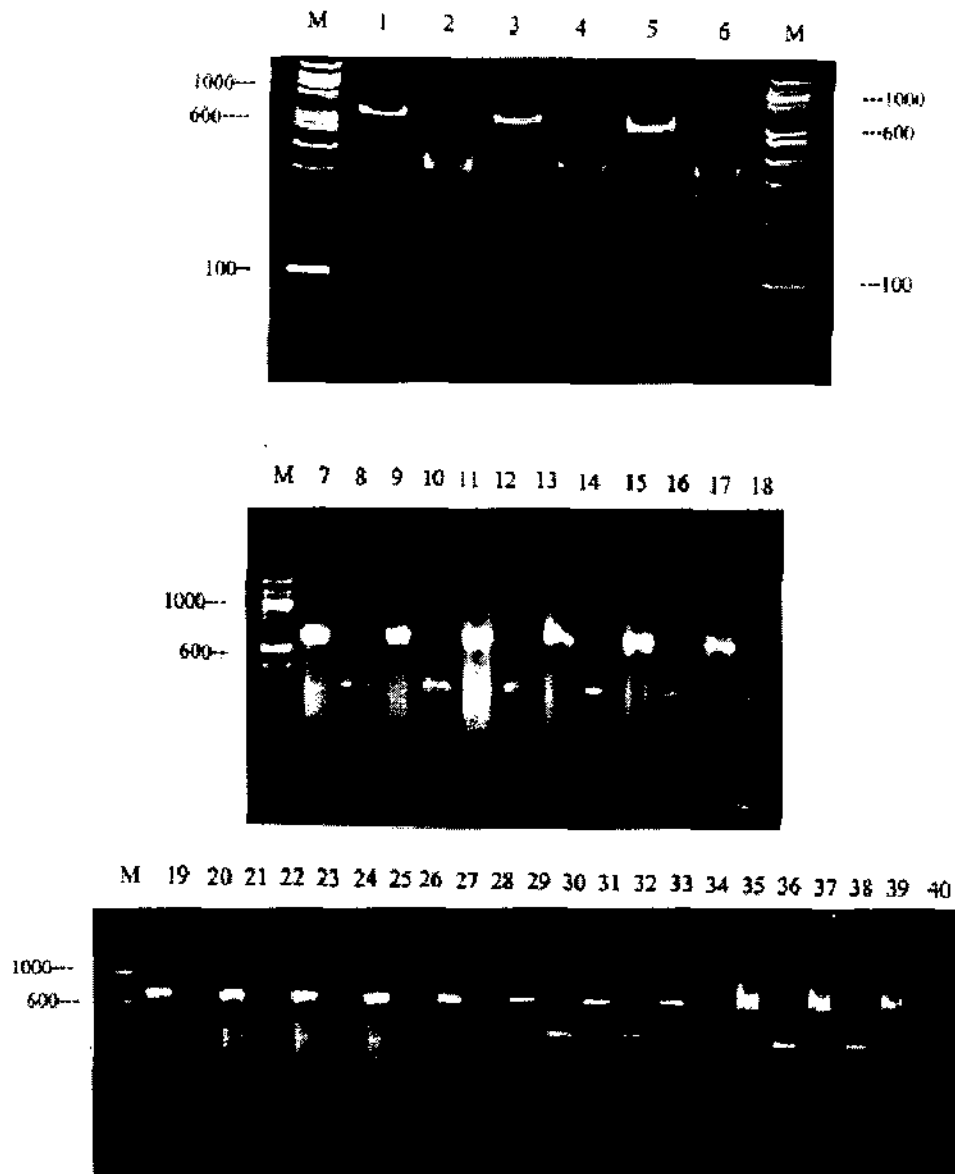
รูปที่ 8 ผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula squarrossula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



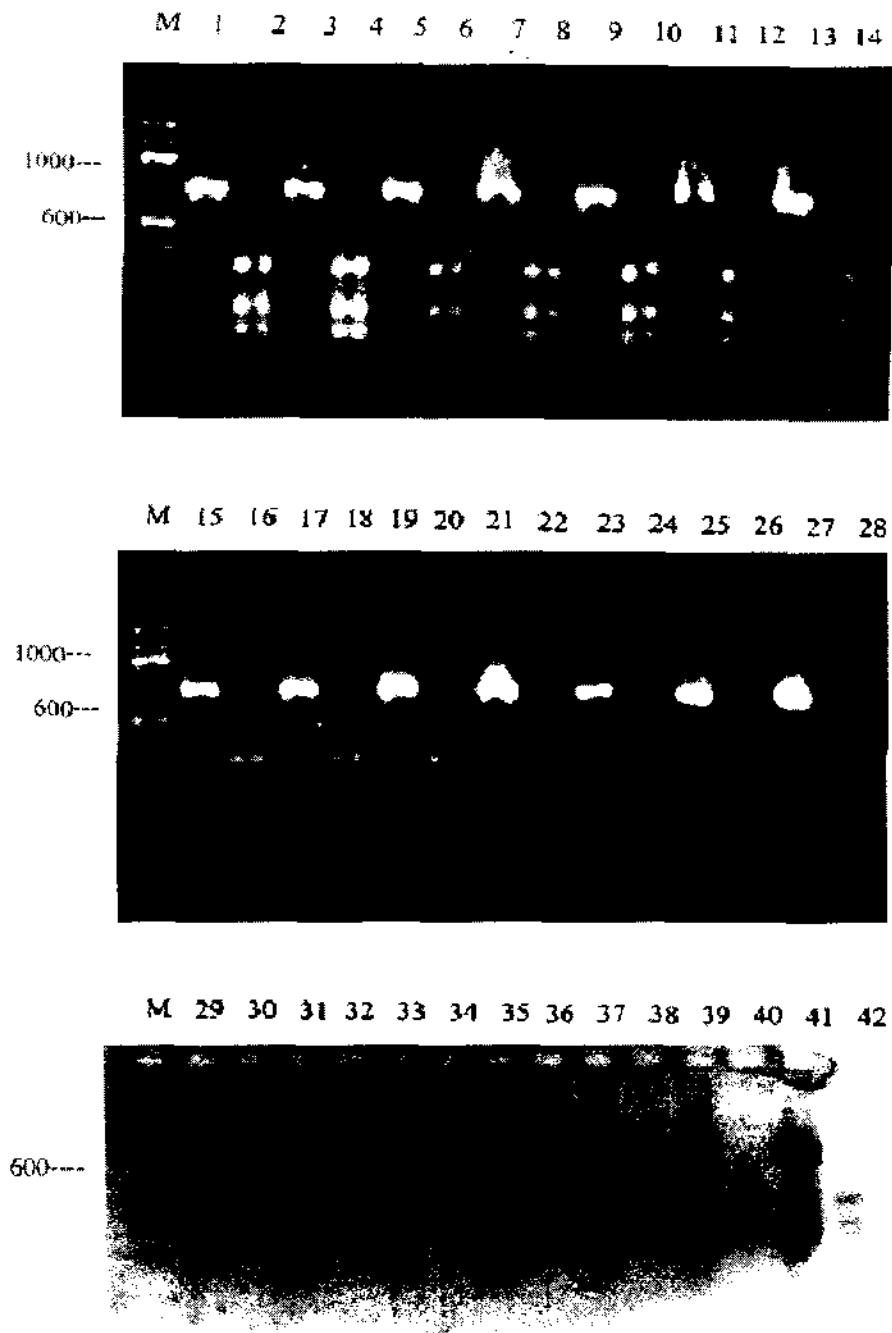
รูปที่ 9 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula polychrous* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hnif I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



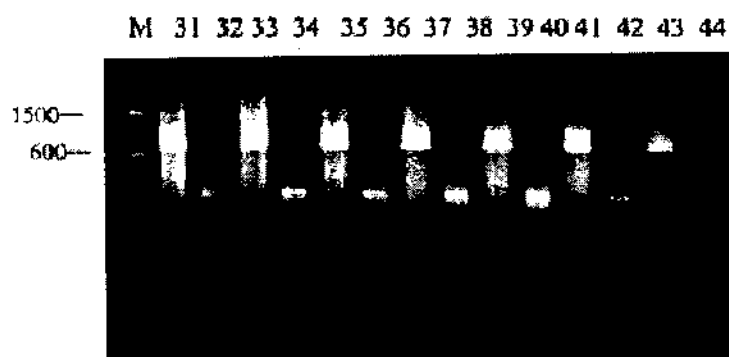
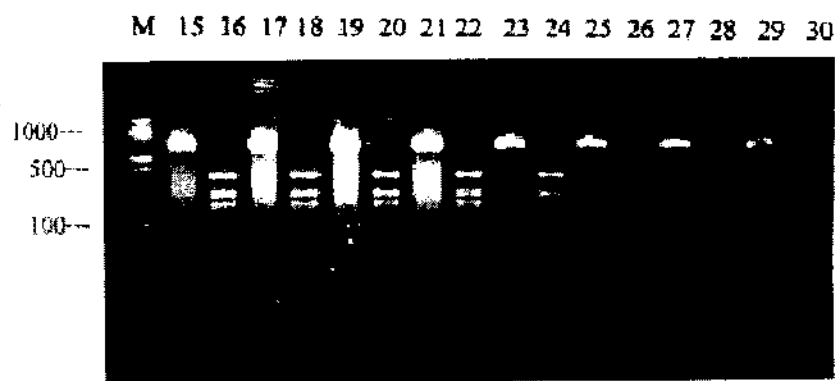
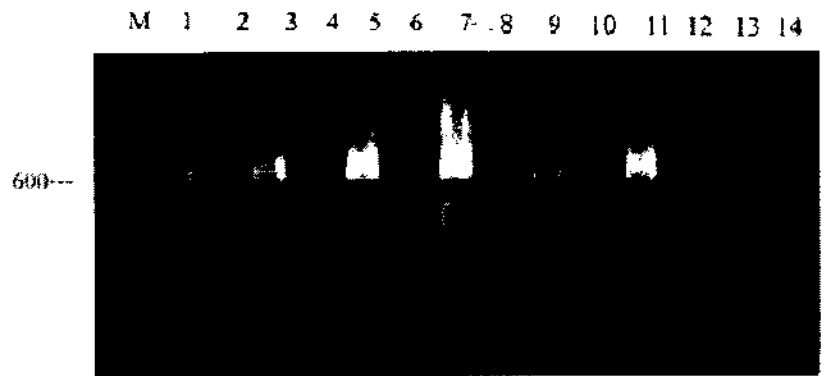
รูปที่ 10 ผลึกพันซ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinus edodes* ที่ได้ผ่านการตัดด้วย เอนไซม์ *Hinf*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



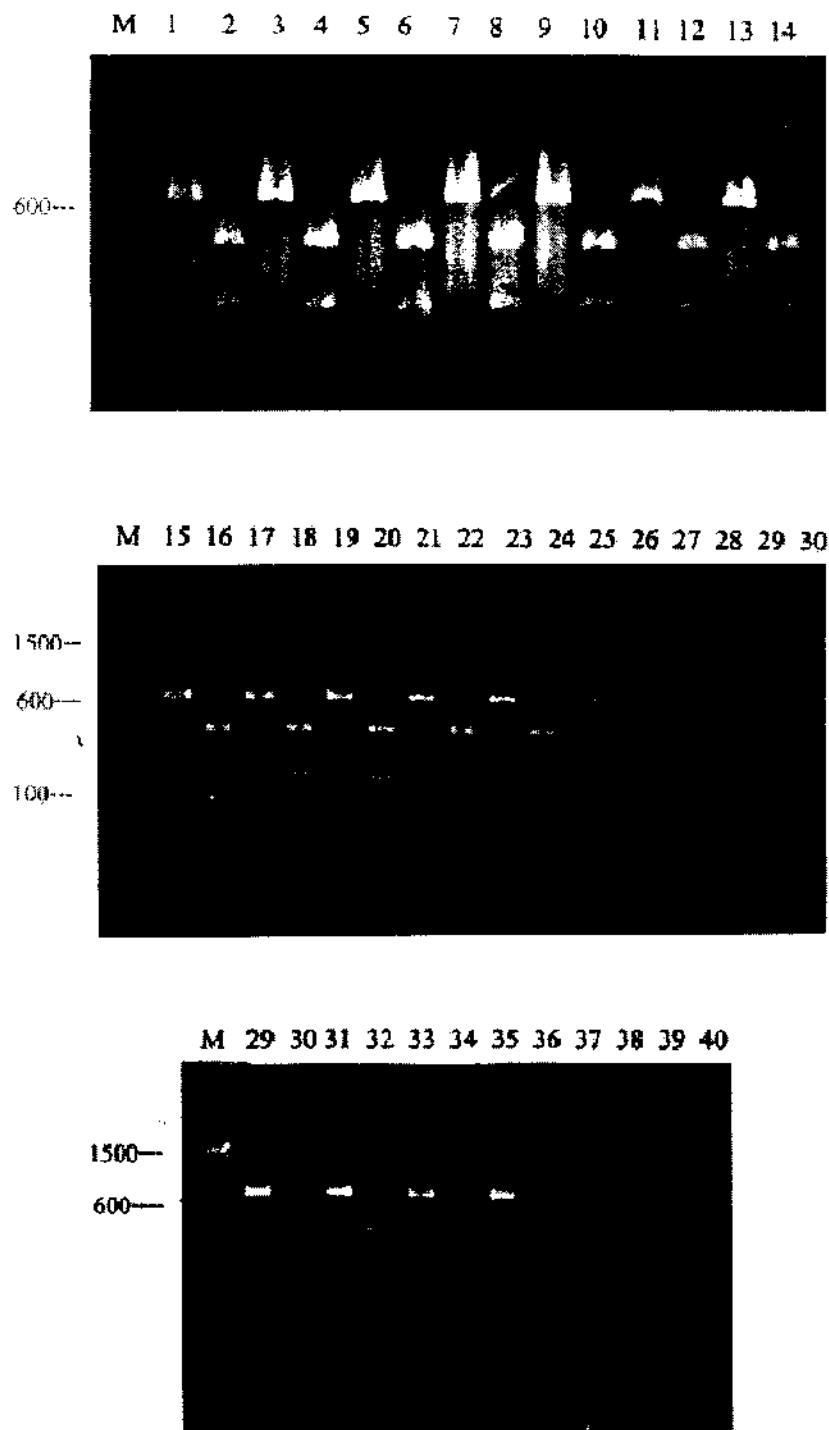
รูปที่ 11 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ที่ได้จากการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



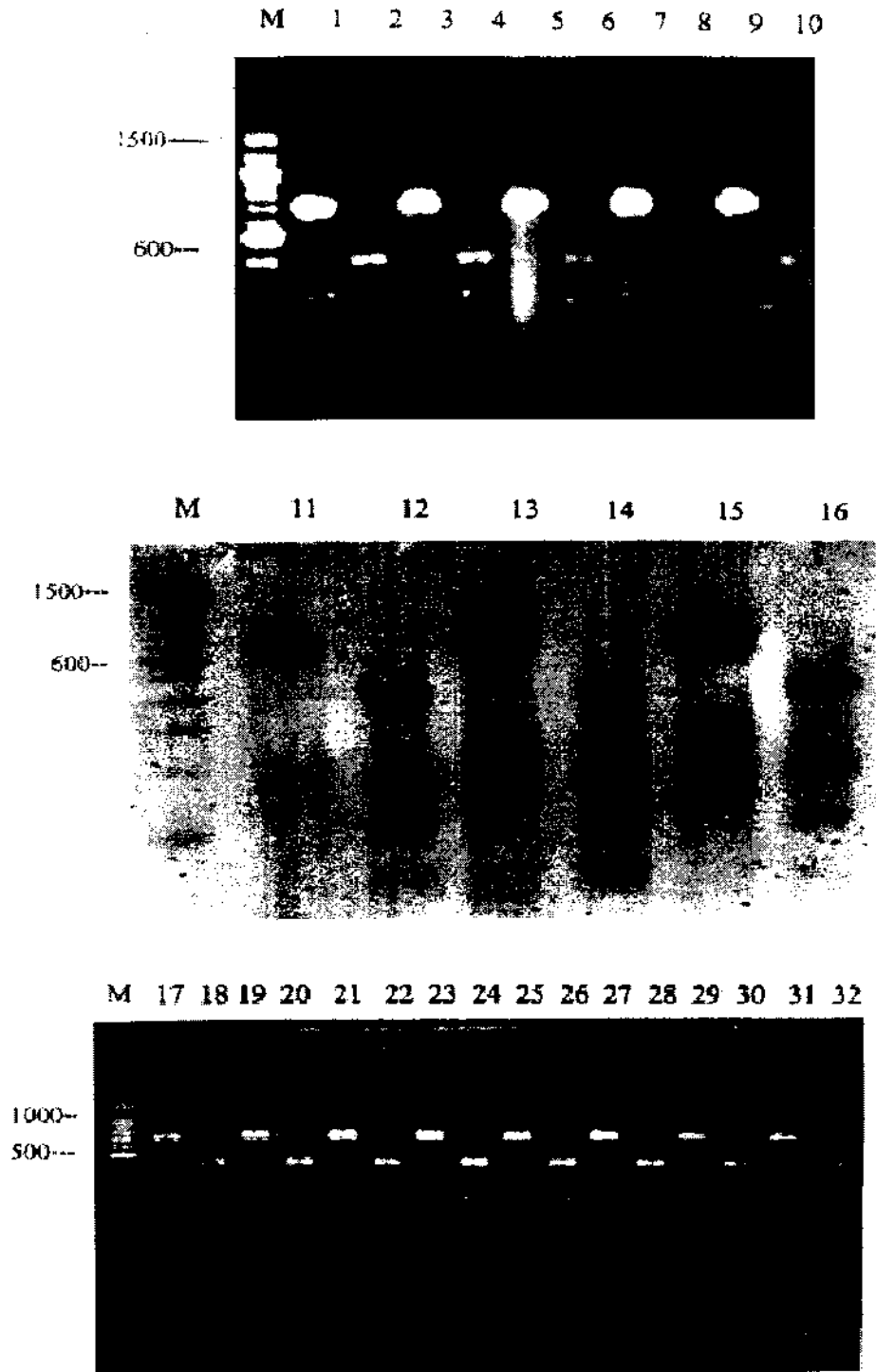
รูปที่ 12 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Agrocybe cylindracea* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hnif*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันตีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของซันตีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



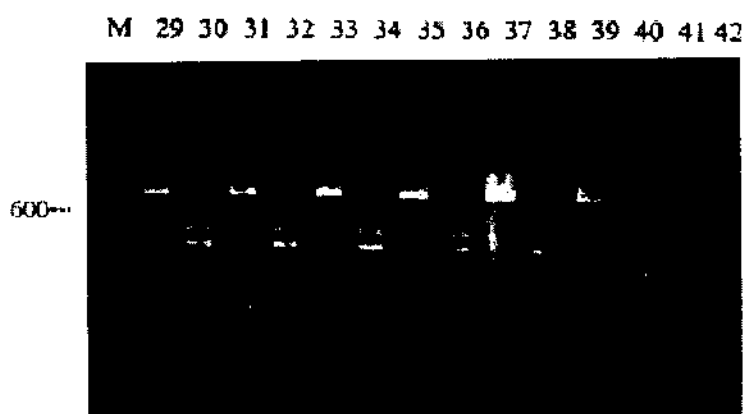
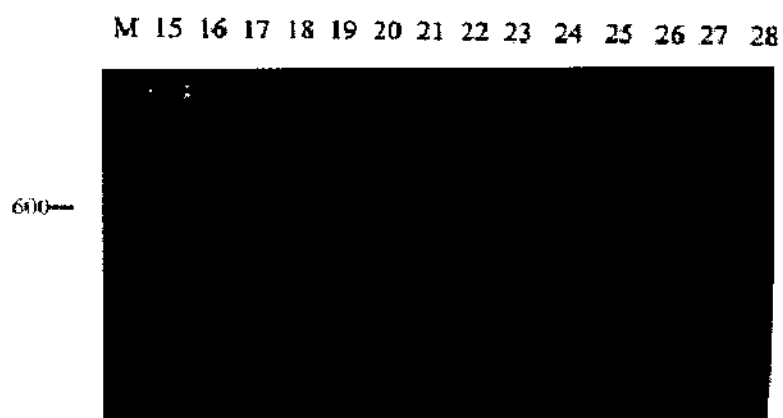
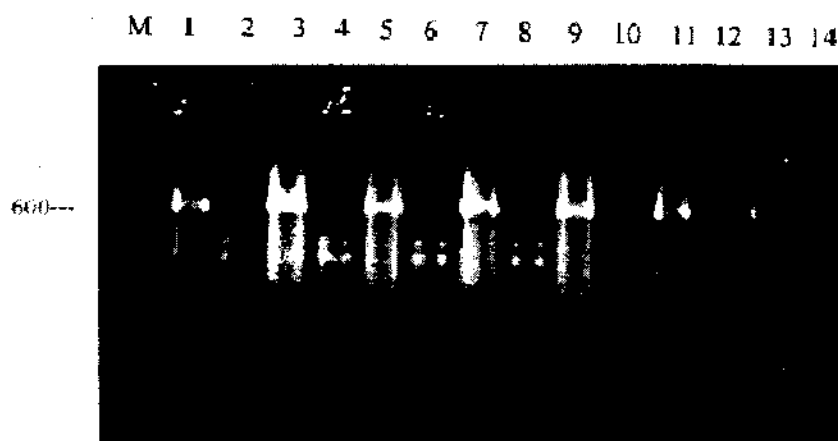
รูปที่ 13 ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



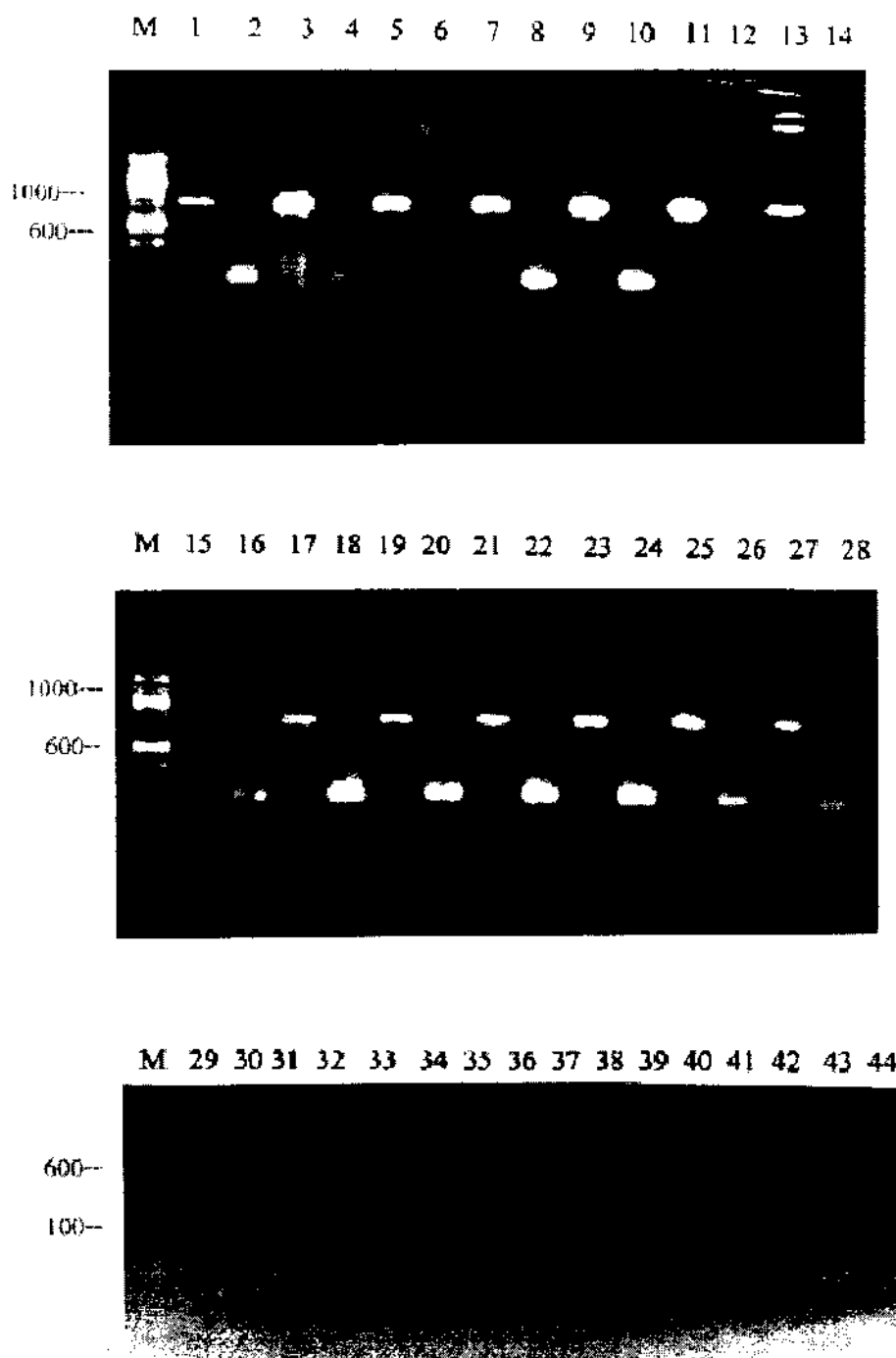
รูปที่ 14 ผลผลิตกันท์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus ostreatus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



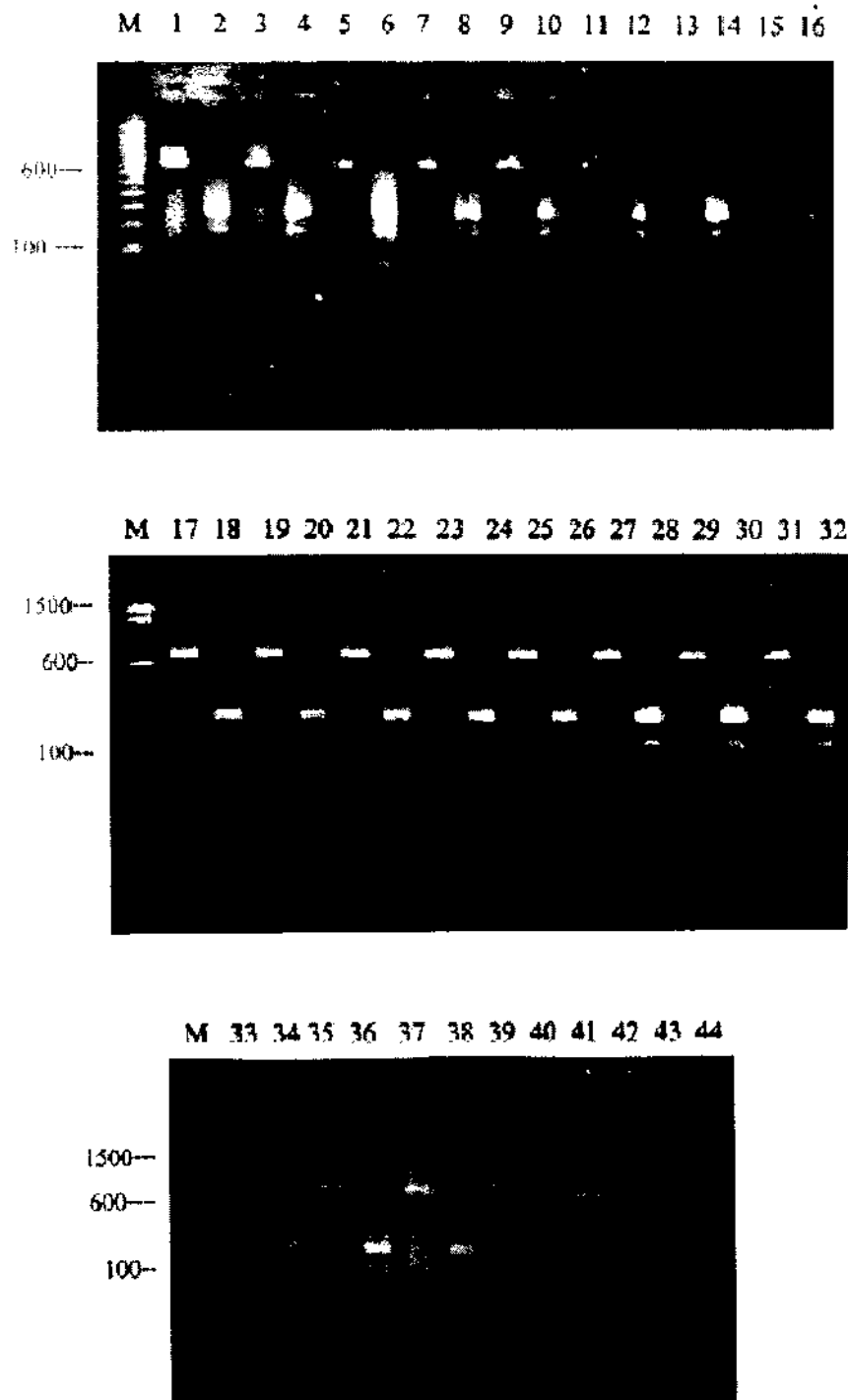
รูปที่ 15 ผลผลิตกันท์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของซันตีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-16 แถวเลขคี่: ผลของซันตีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-16



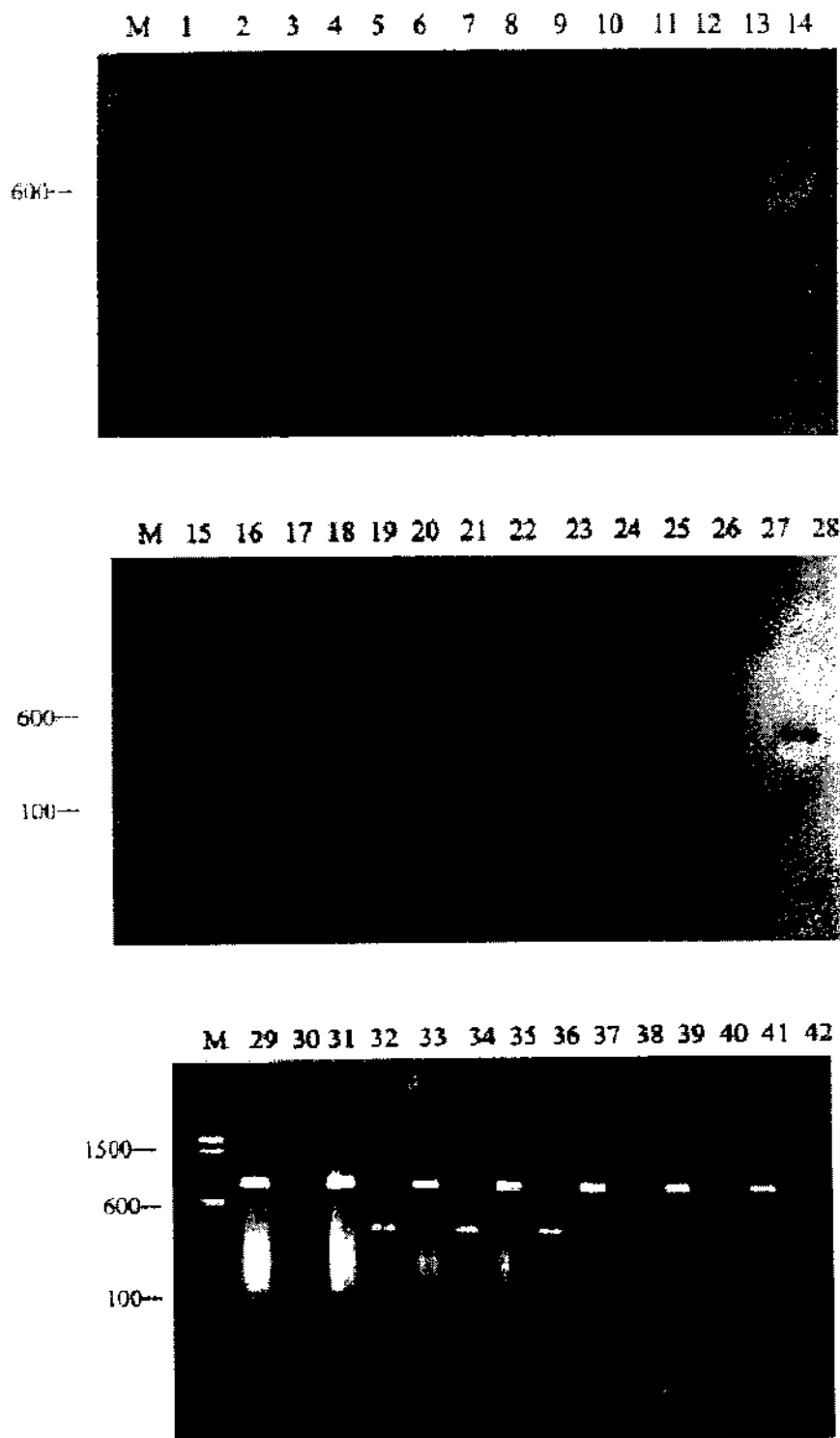
รูปที่ 16 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus cystidiosus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



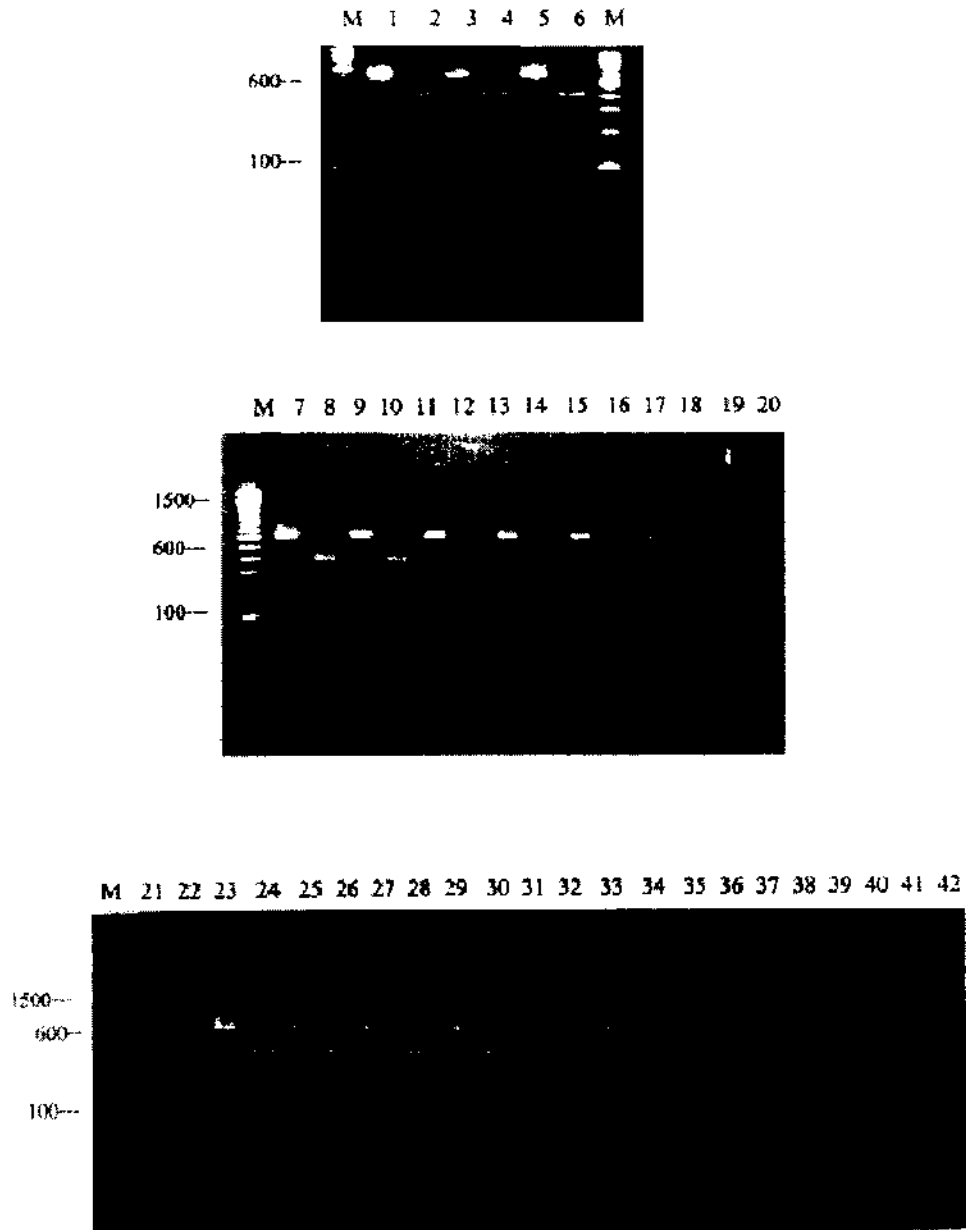
รูปที่ 17 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula squarrossula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



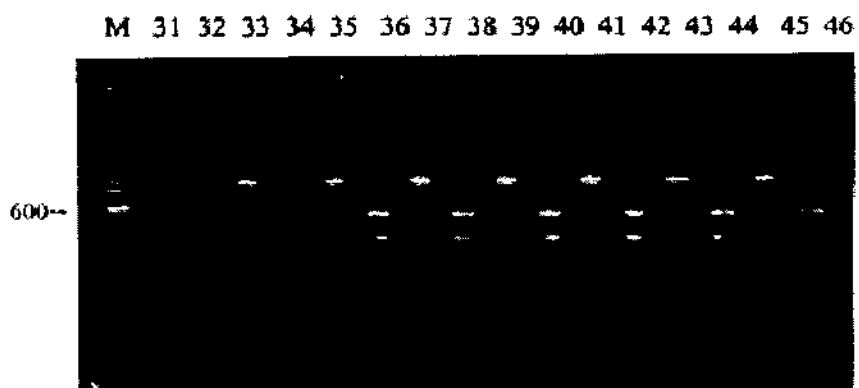
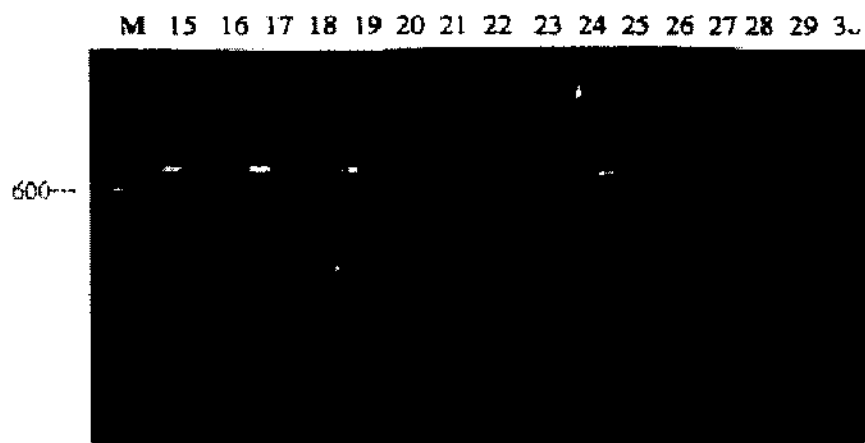
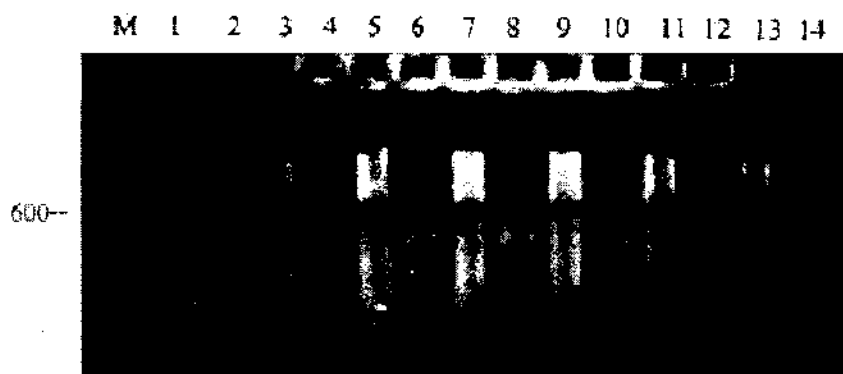
รูปที่ 18 ผลผลิตกันจักษ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดคสาขพันธ์ *Lentinula polychrous* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของแบนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชั้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



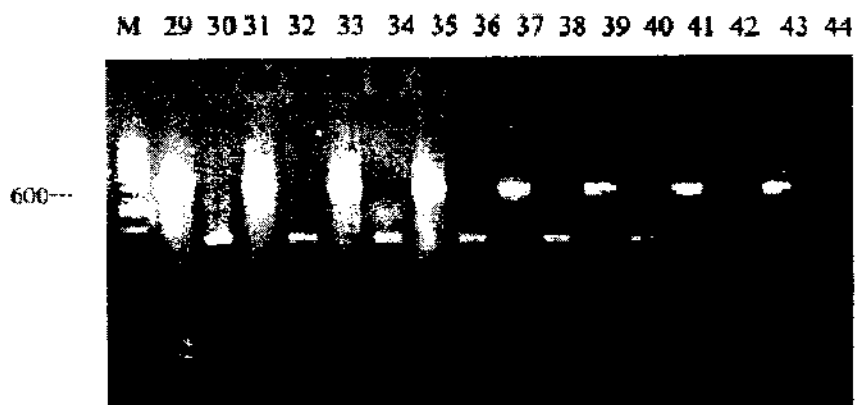
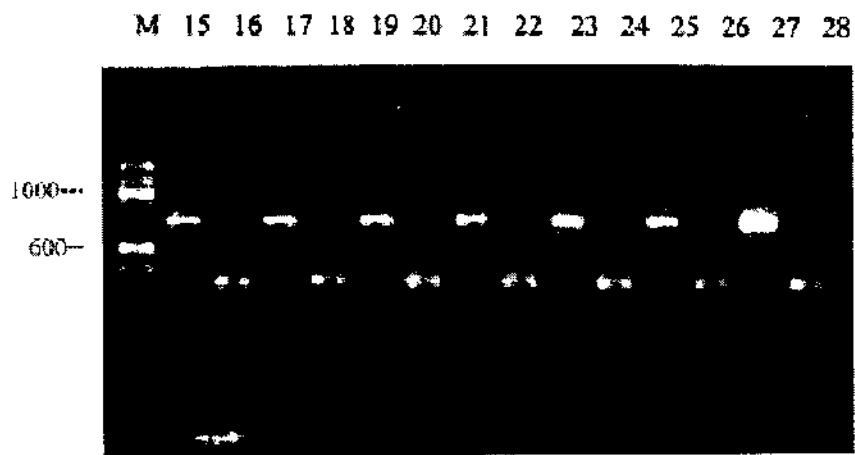
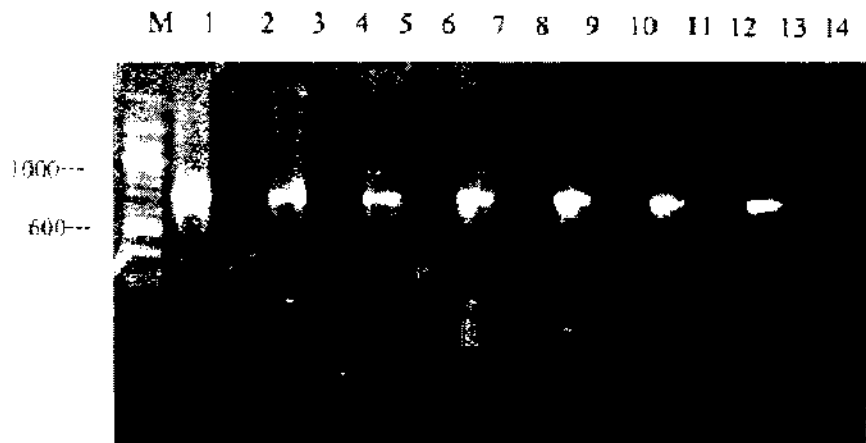
รูปที่ 19 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinus edodes* ที่ได้ผ่านการตัดด้วย เอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



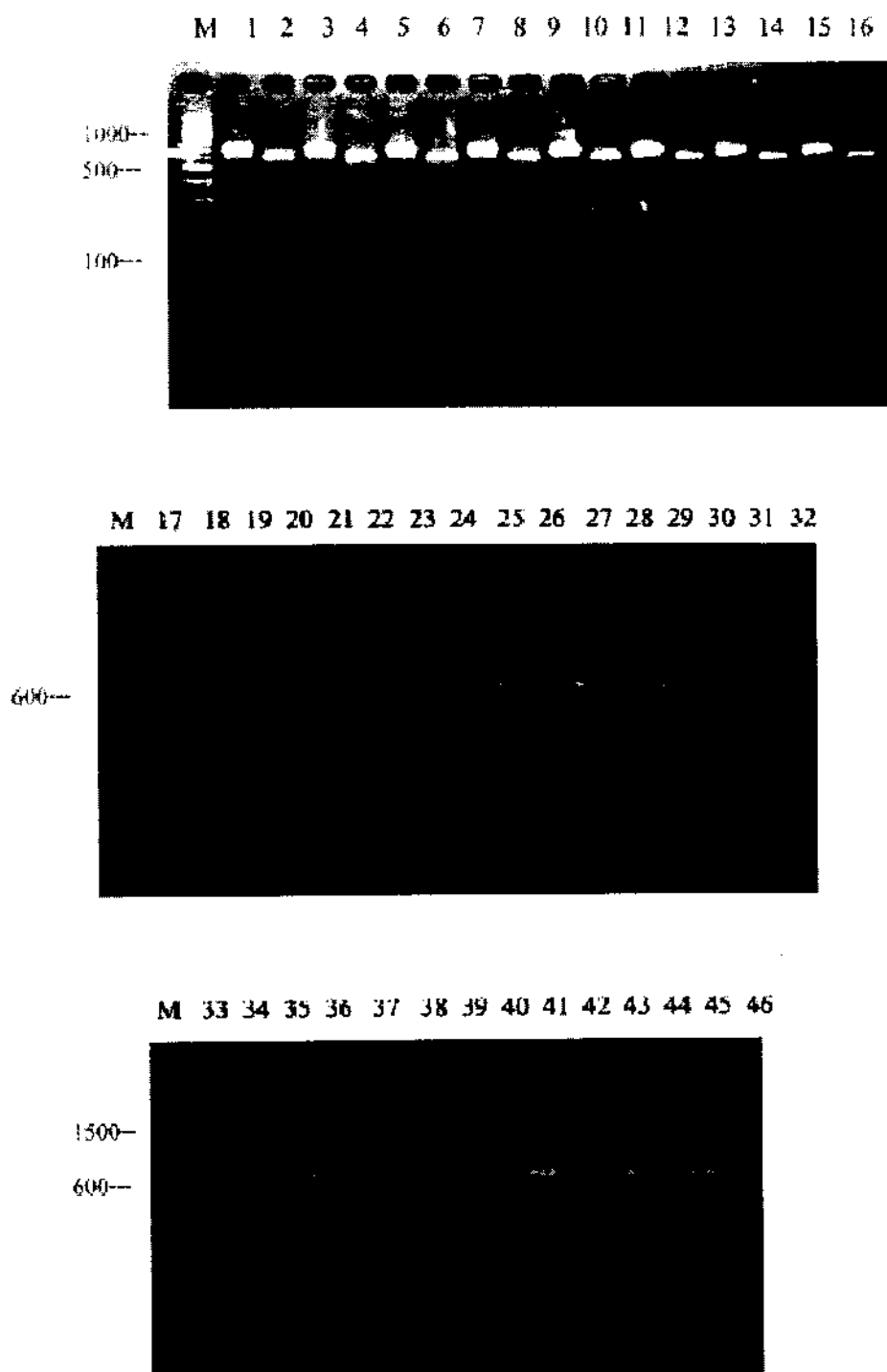
รูปที่ 20 ผลผลิตพีซีดีที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



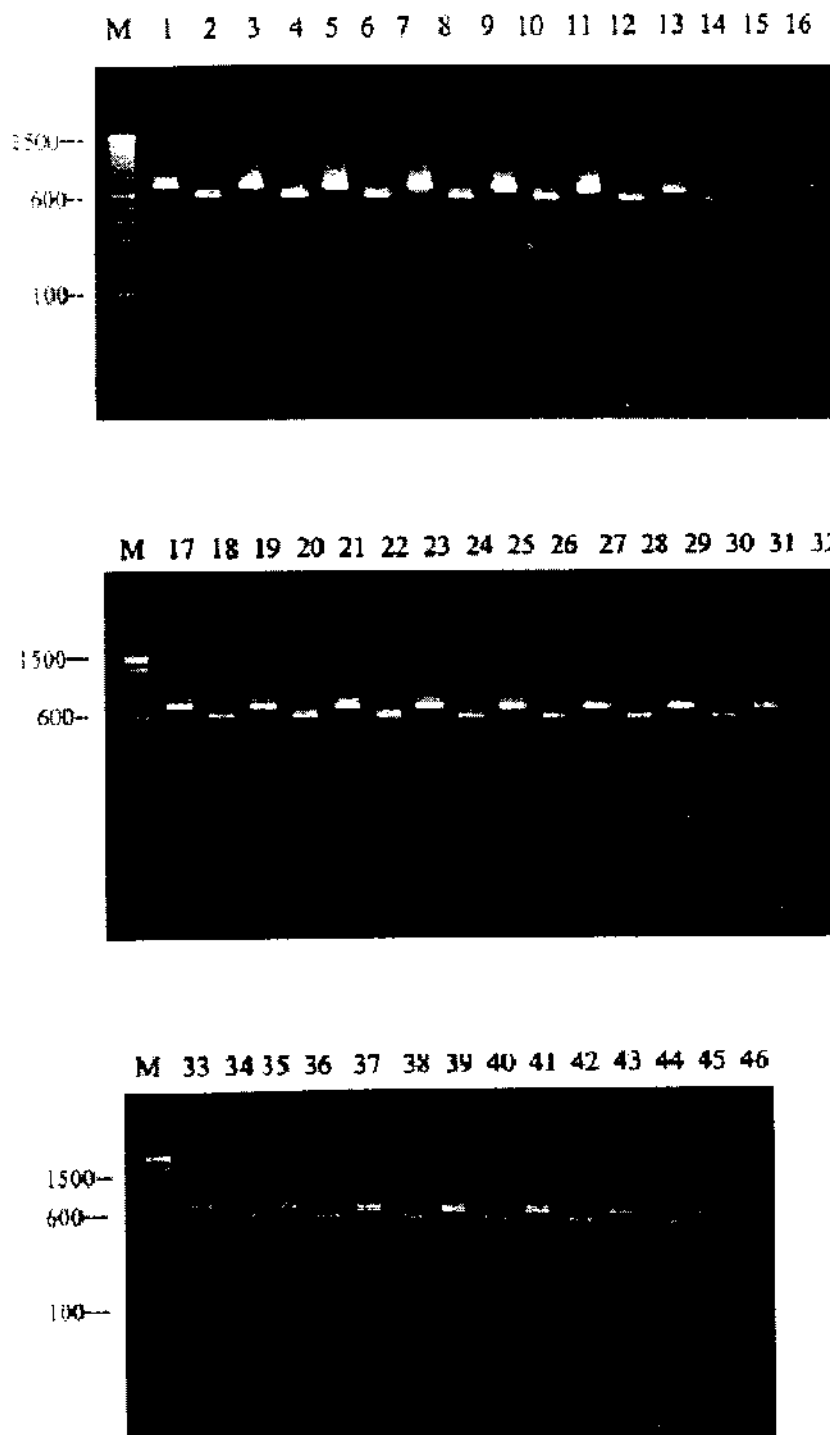
รูปที่ 21 ผลลัพท์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Agrocybe cylindracea* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23



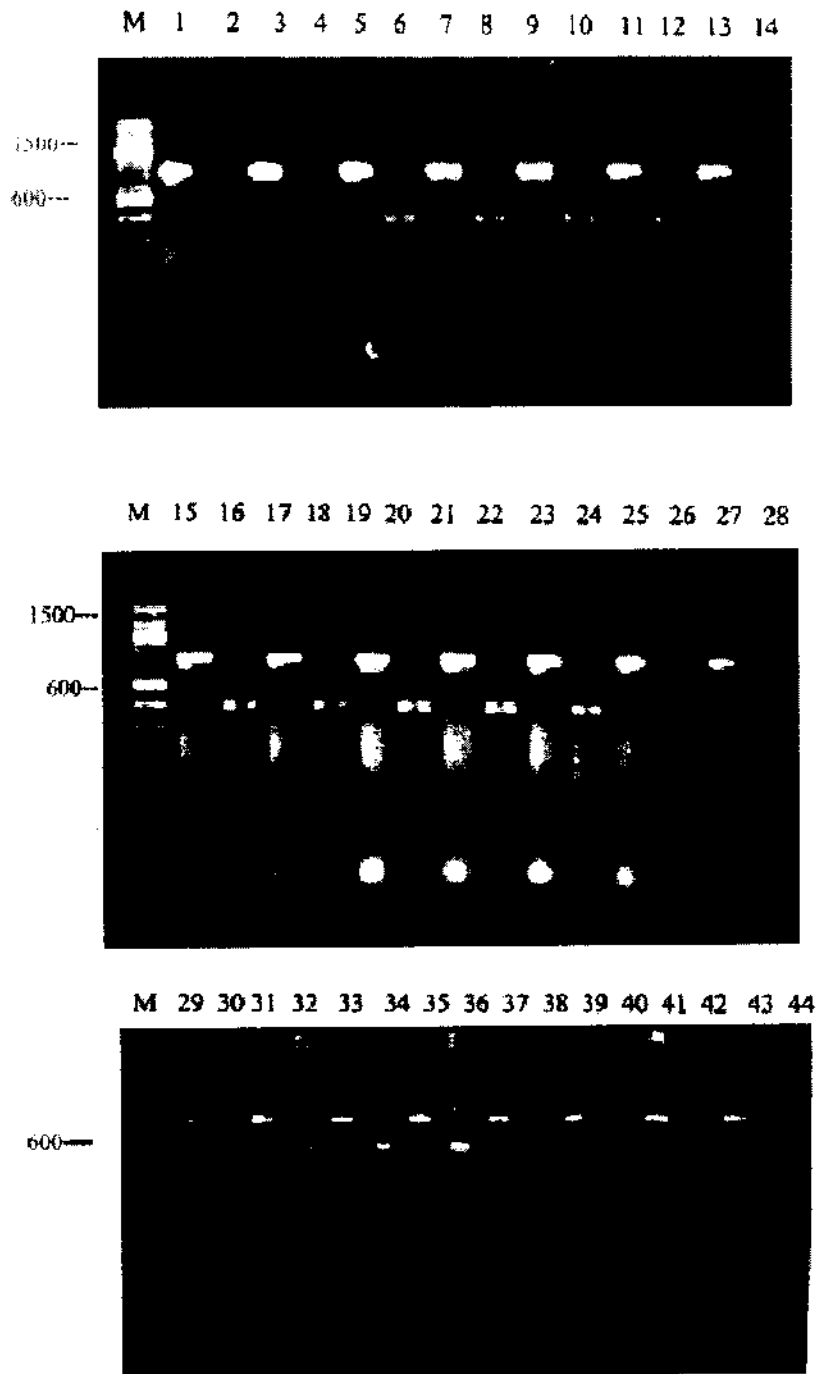
รูปที่ 22 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Mbo* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



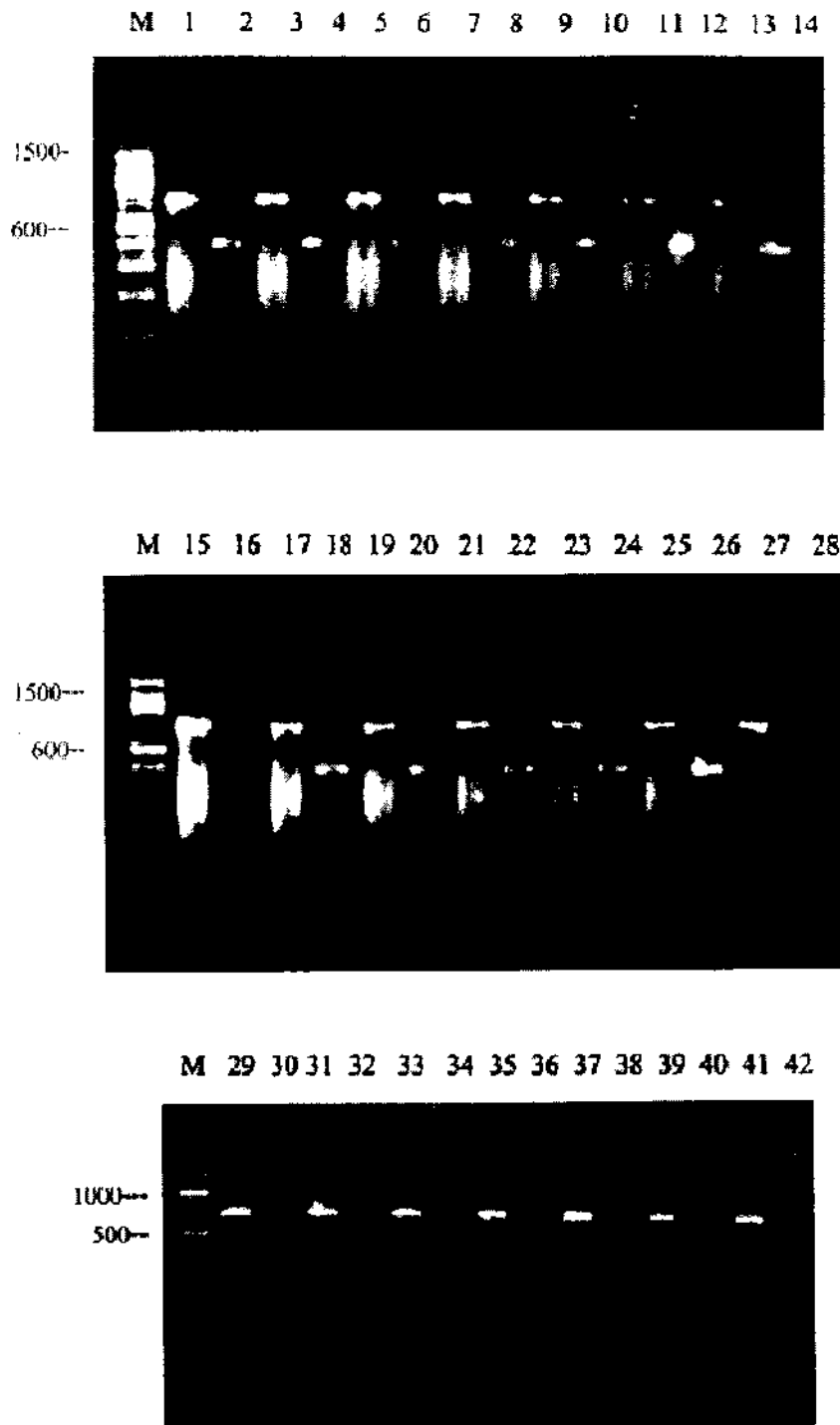
รูปที่ 23 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus ostreatus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่: ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23



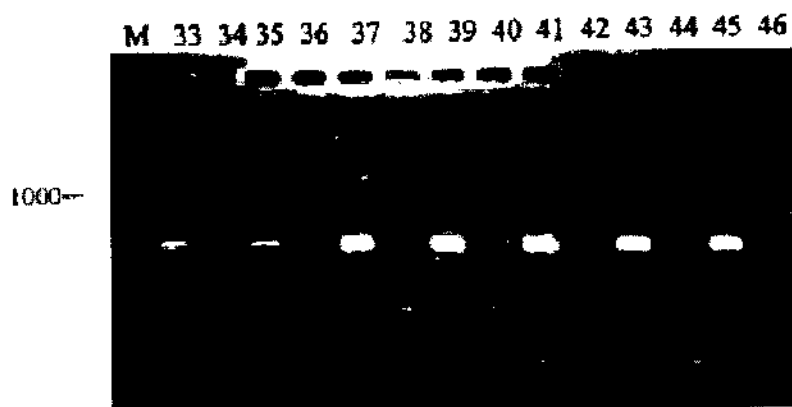
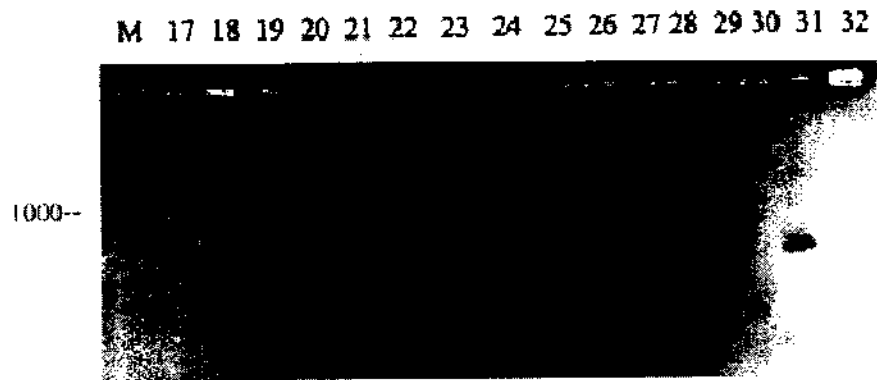
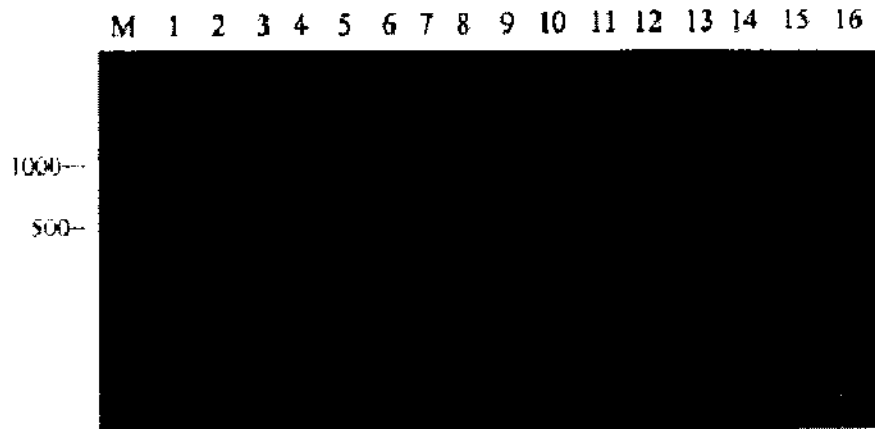
รูปที่ 24 ผลผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่: ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23



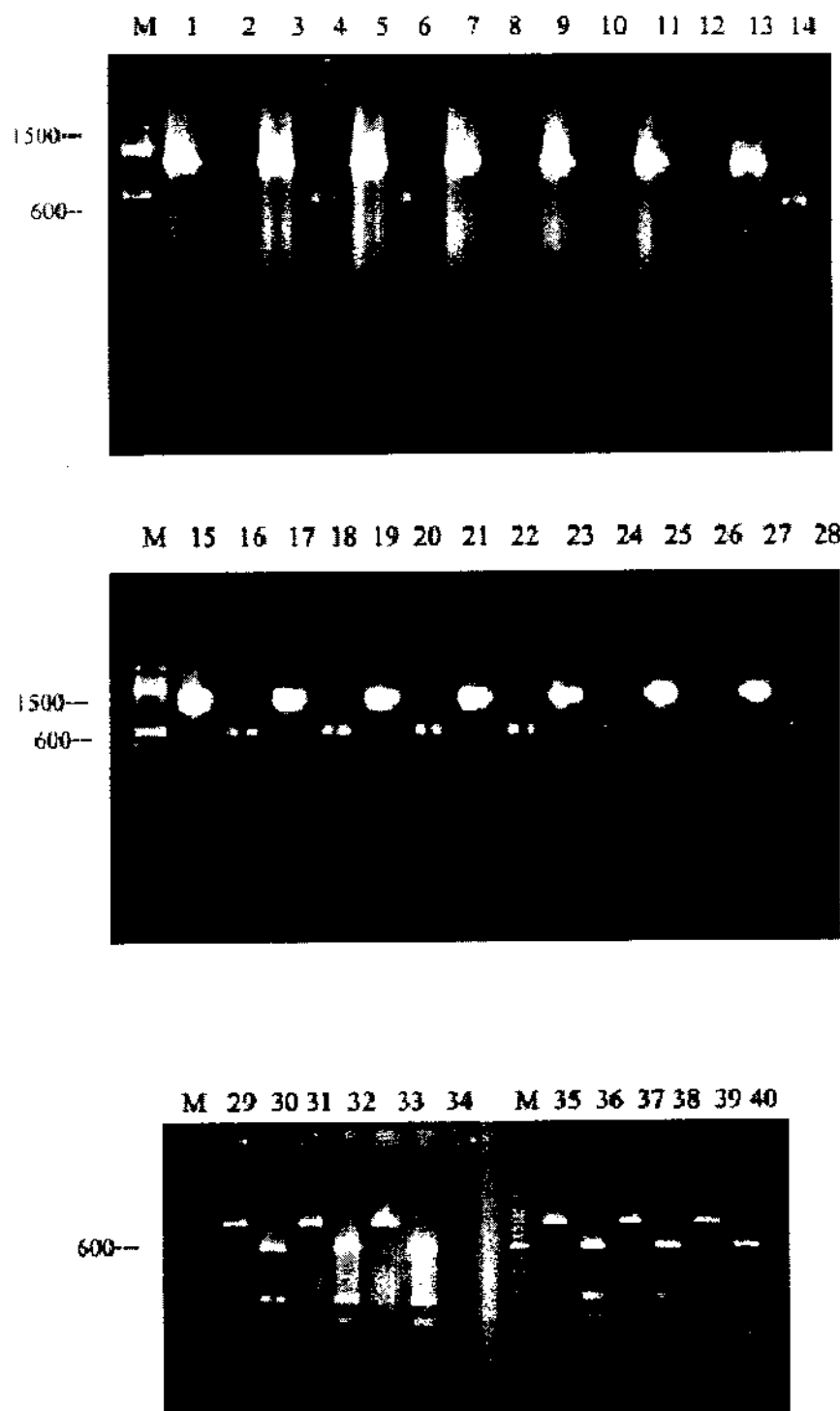
รูปที่ 25 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus cystidiosus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของแบนดิเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



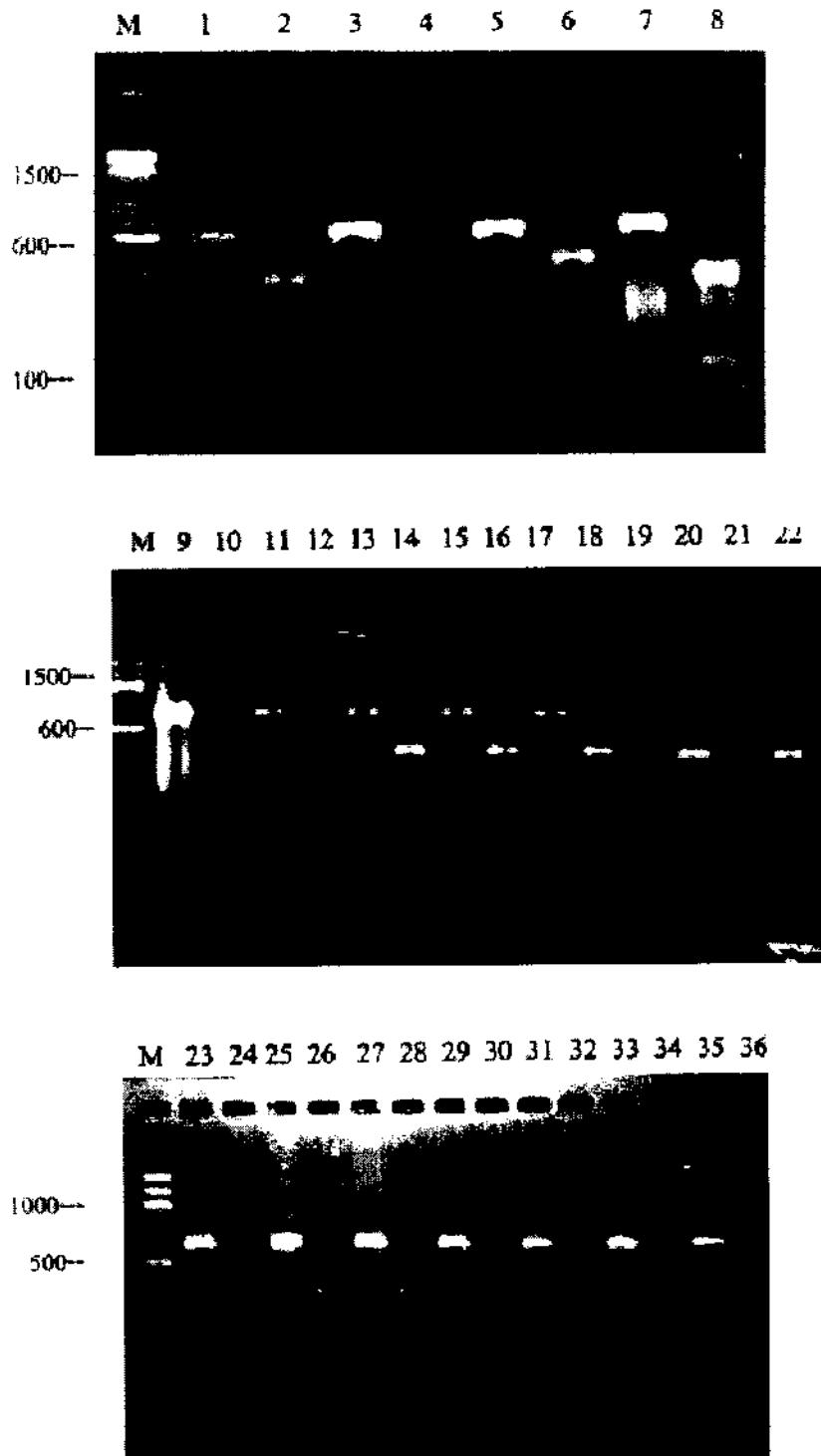
รูปที่ 26 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula squarrossula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของแบนดิเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของชั้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



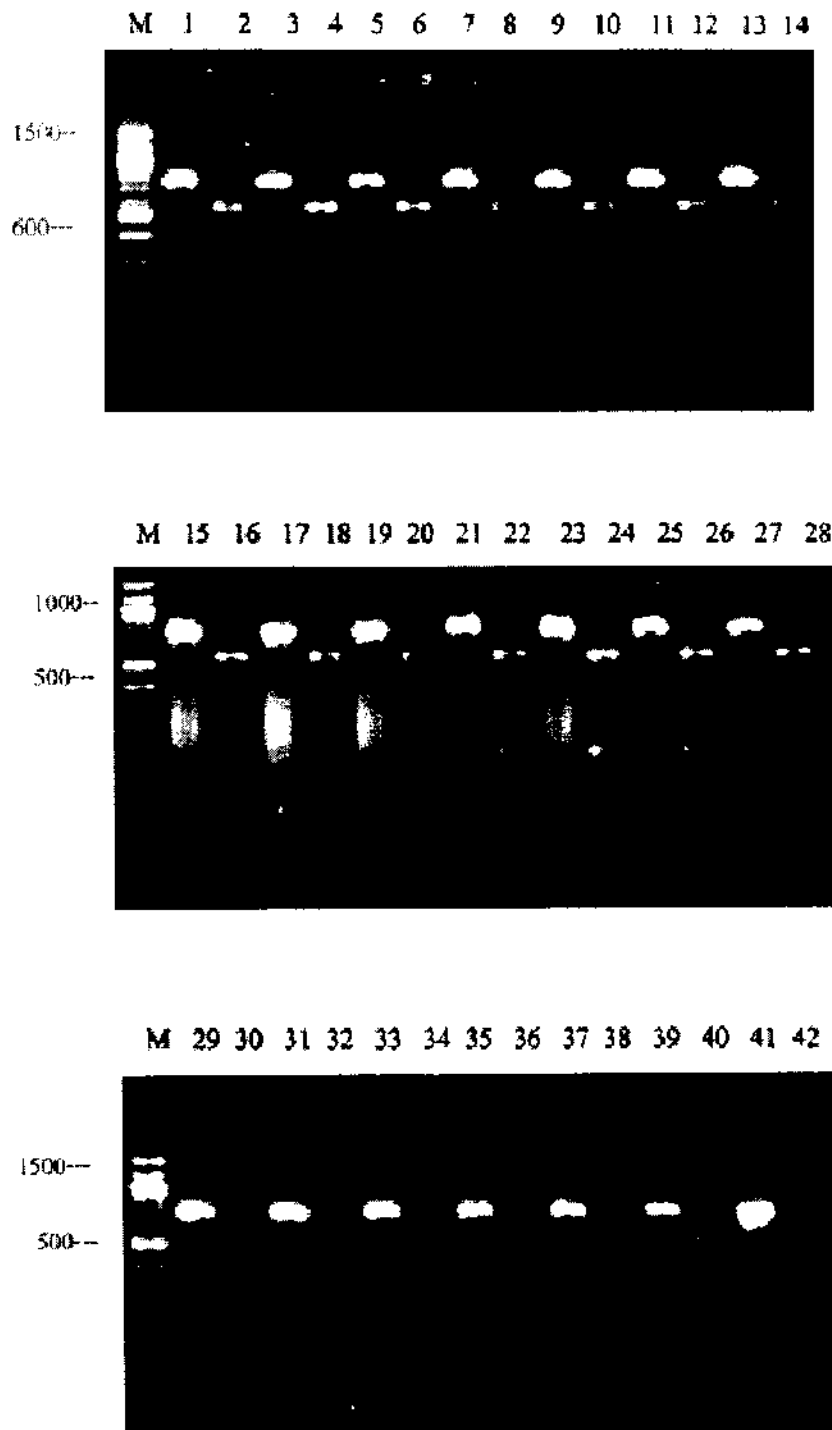
รูปที่ 27 ผลผลิตพันธุที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula polychrous* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชั้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23 แถวเลขคี่ : ผลของชั้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-23



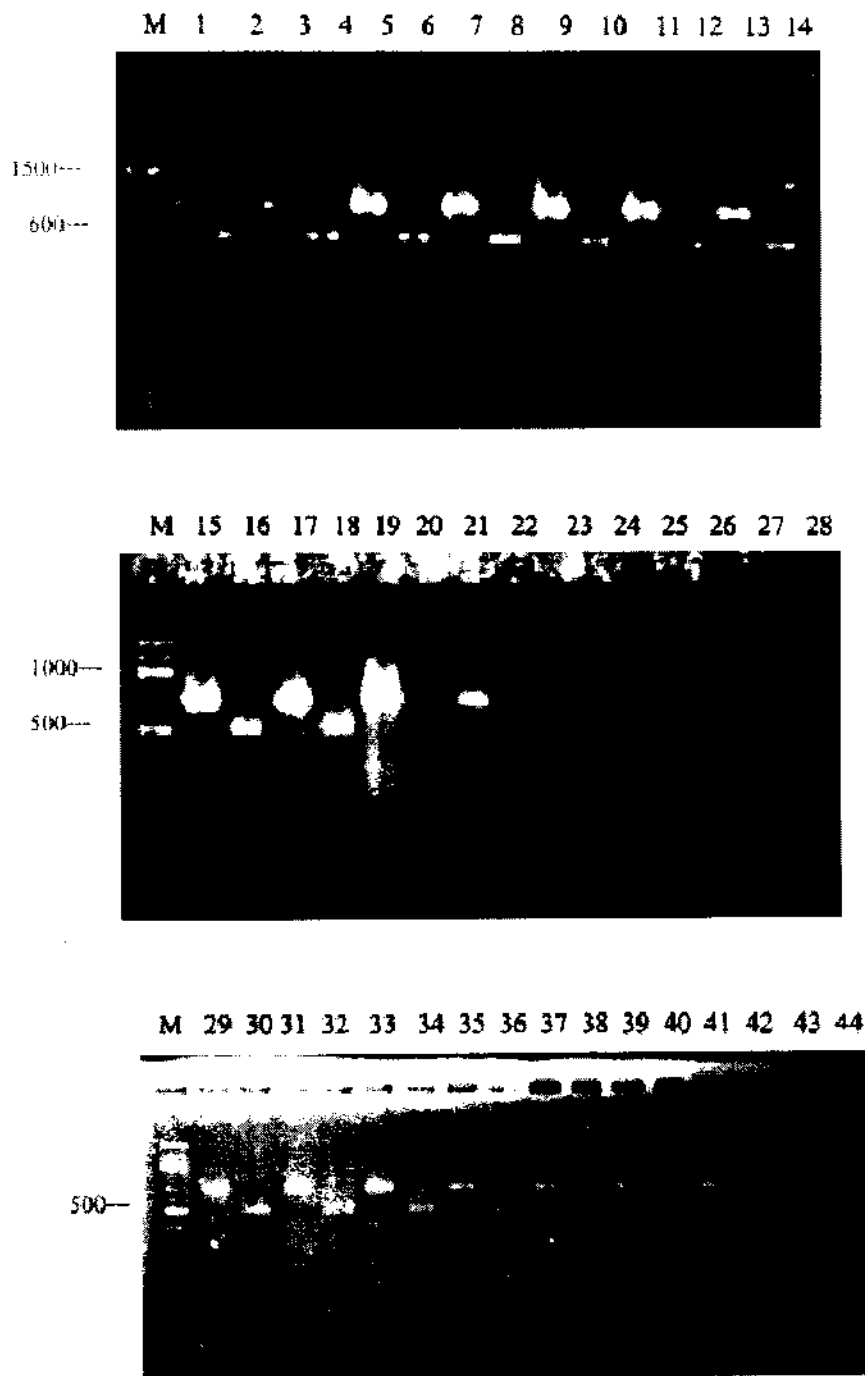
รูปที่ 28 ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinus edodes* ที่ได้ผ่านการตัดด้วย เอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



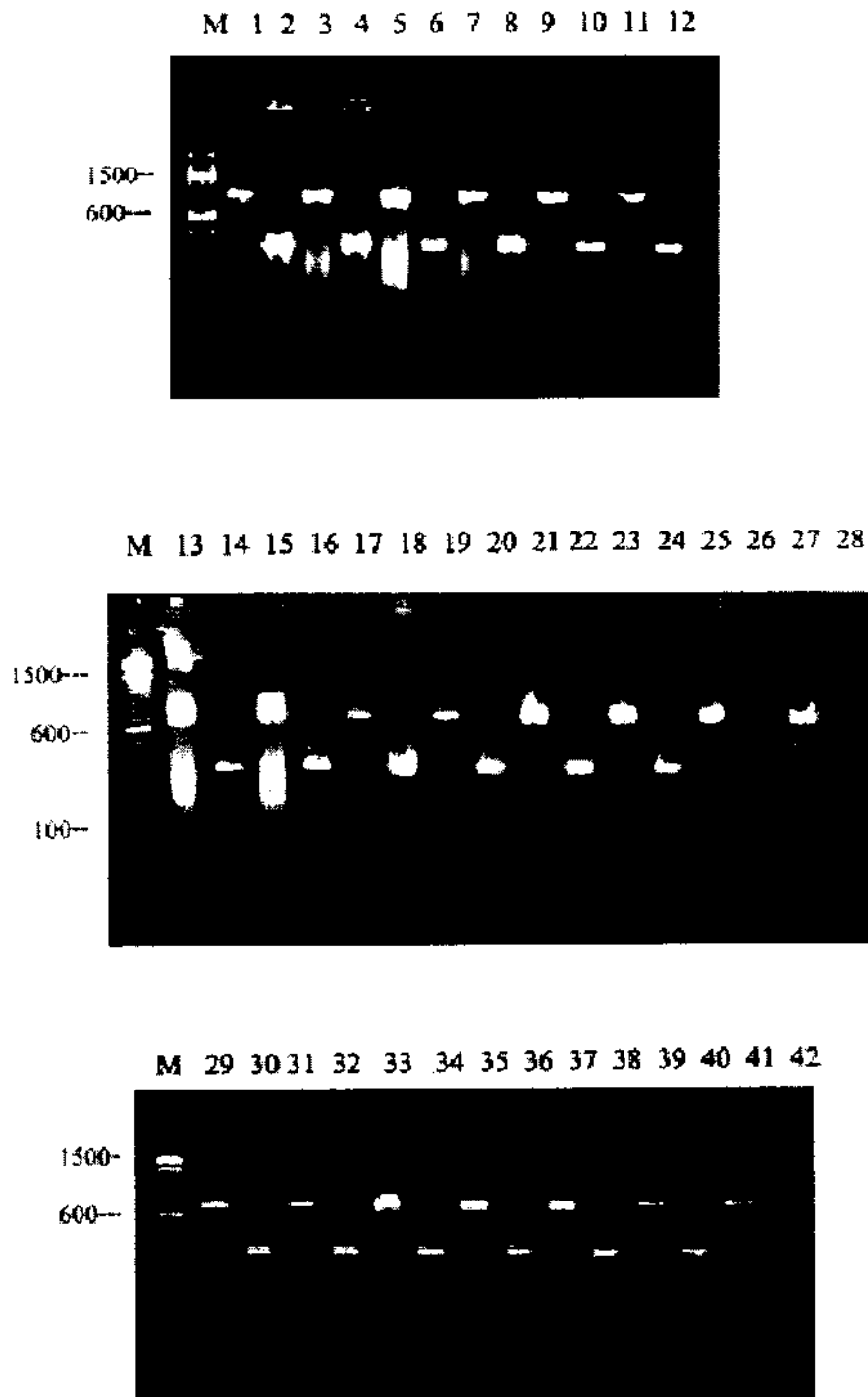
รูปที่ 29 ผลลัพธ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Alu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCOBRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันตีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่ : ผลของซันตีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



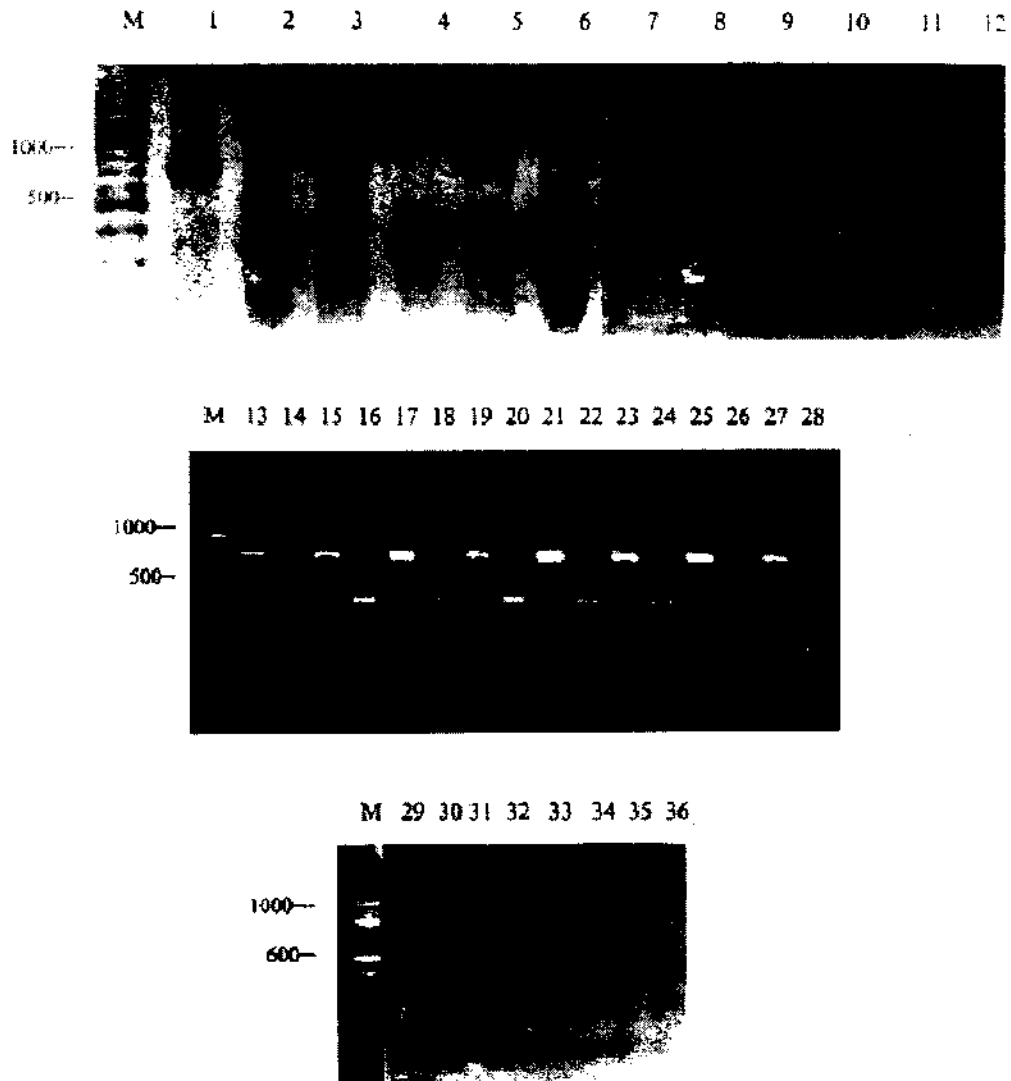
รูปที่ 30 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Agrocybe cylindracea* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Aha* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



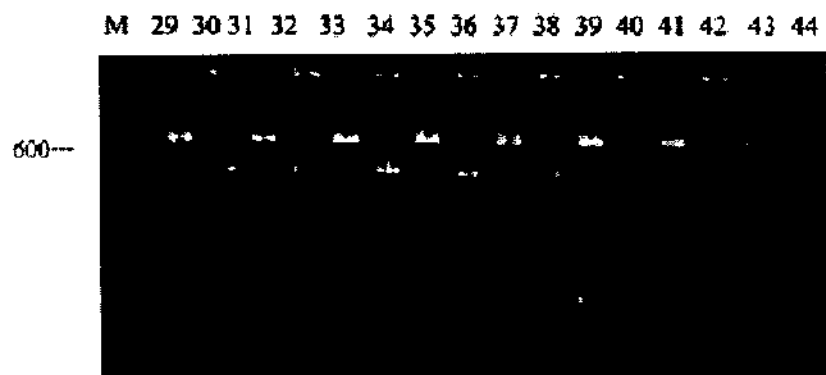
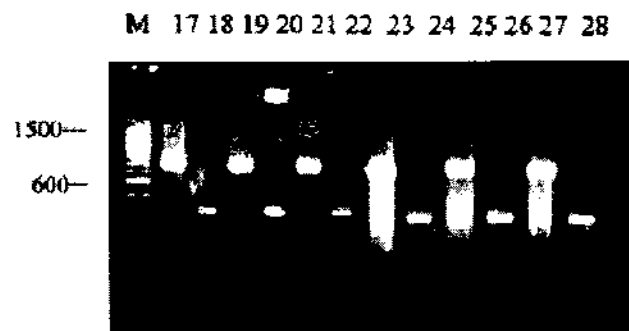
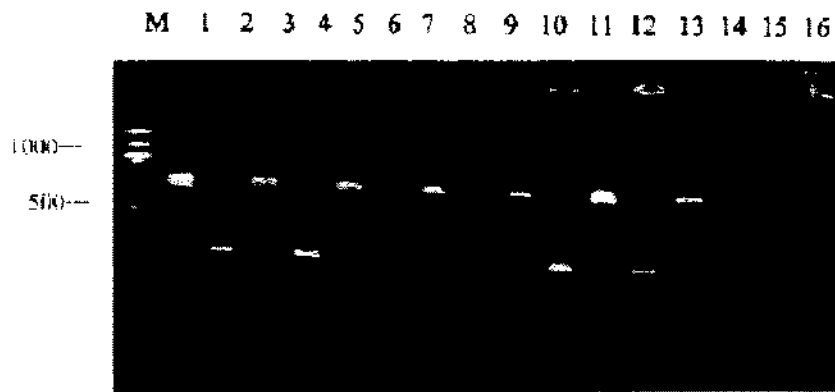
รูปที่ 31 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Afu I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของจีนดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



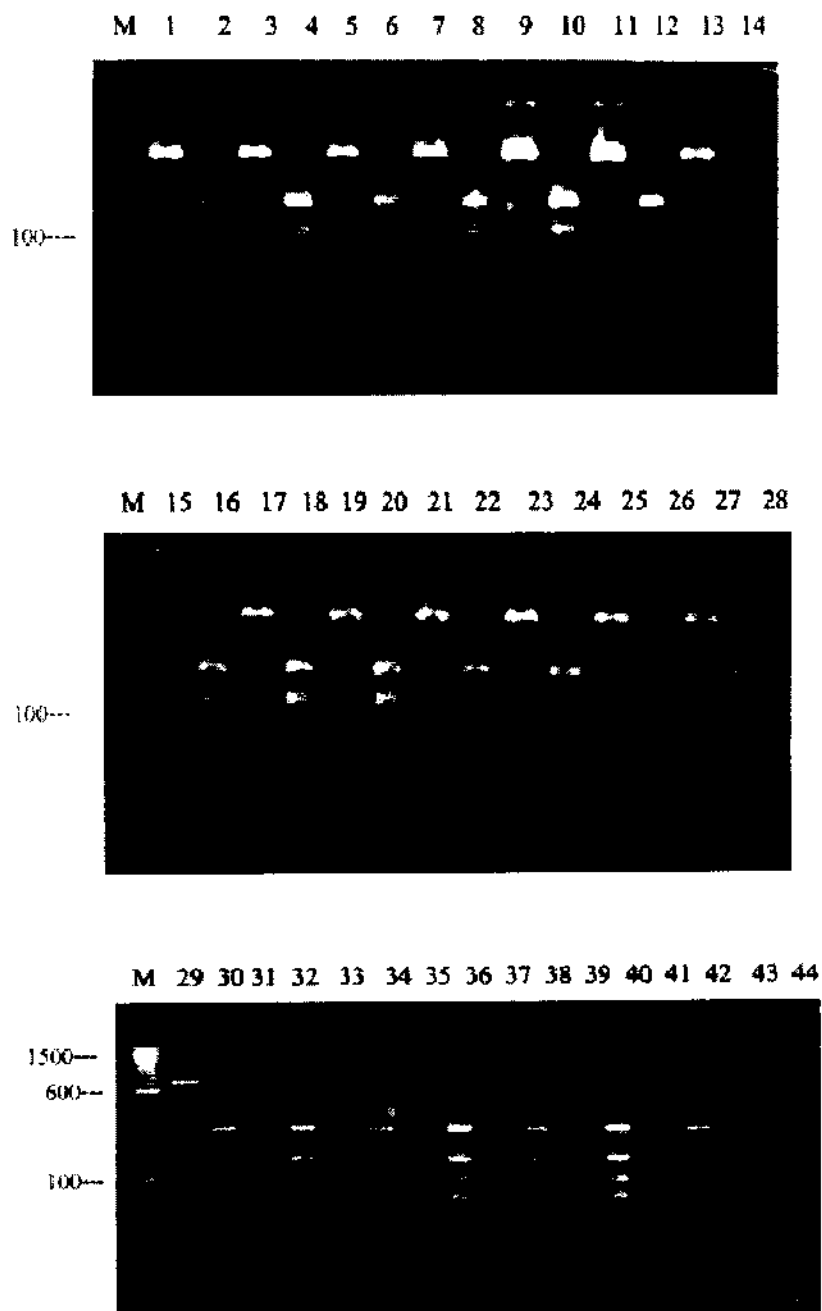
รูปที่ 32 ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus ostreatus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



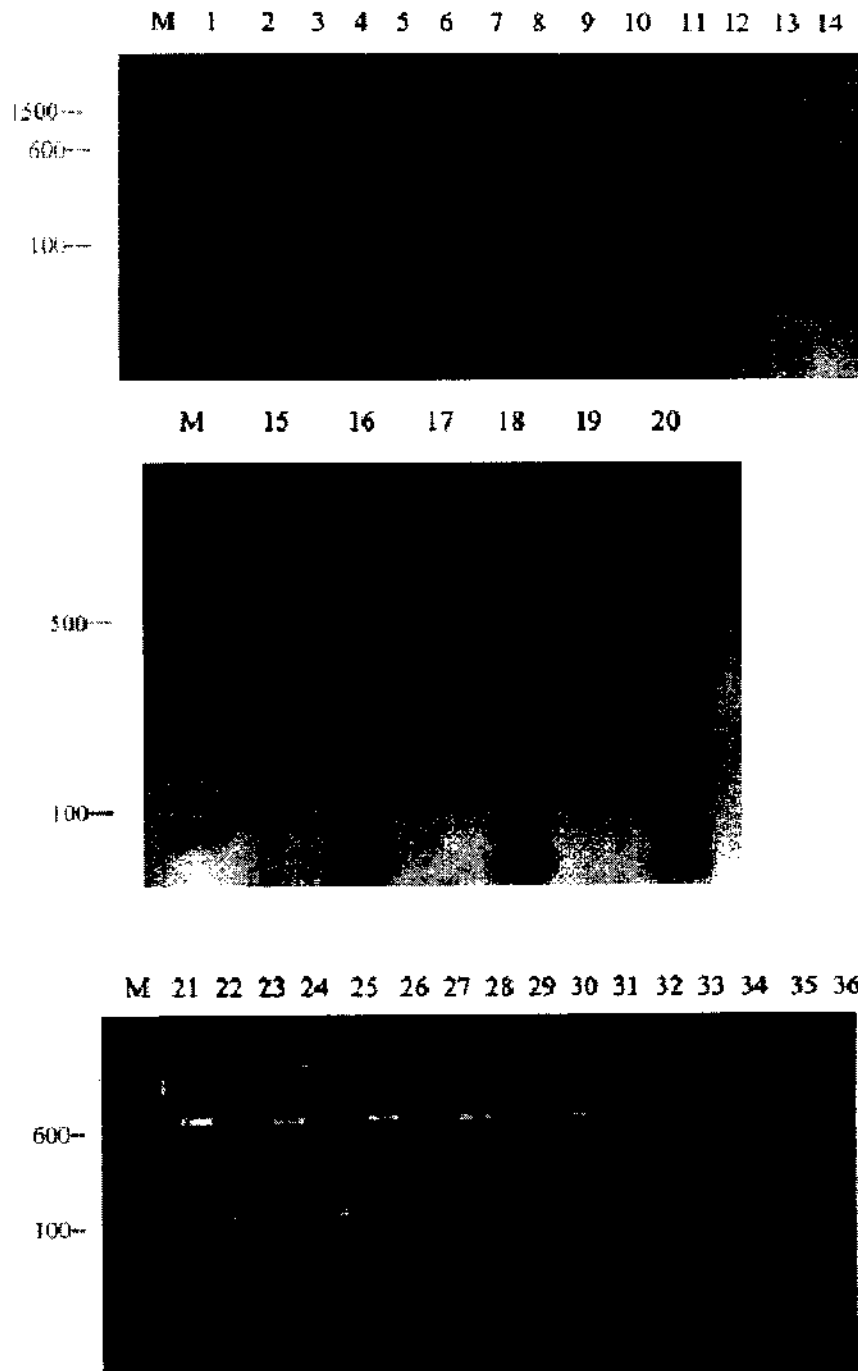
รูปที่ 33 ผลิตรหัสที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18



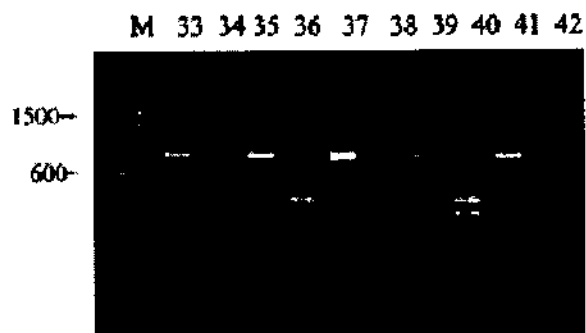
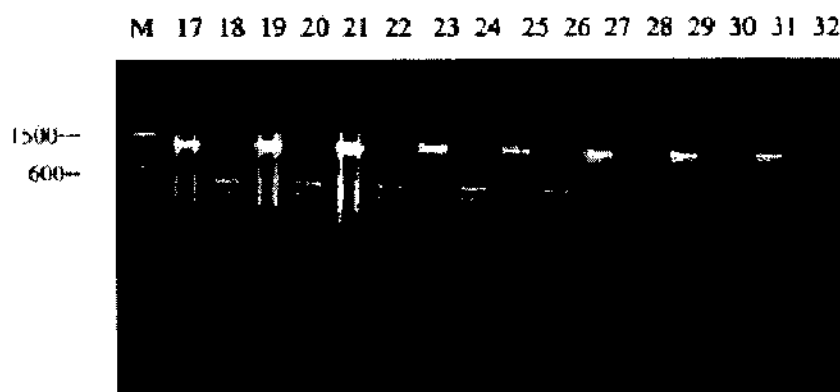
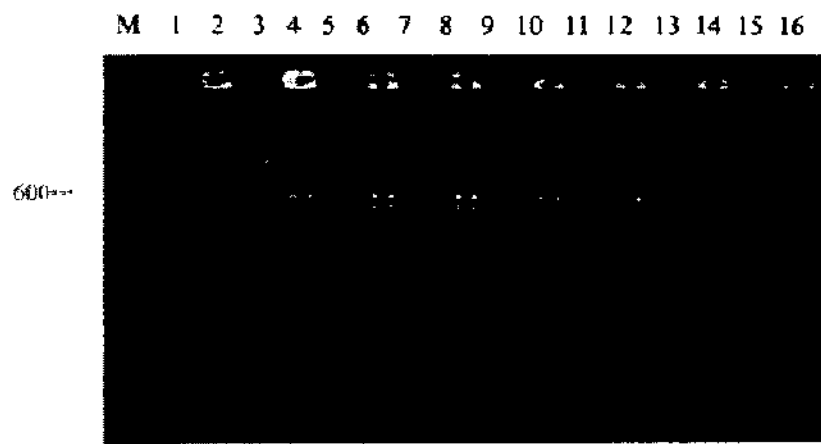
รูปที่ 34 ผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus cystidiosus* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq* I; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCOBRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



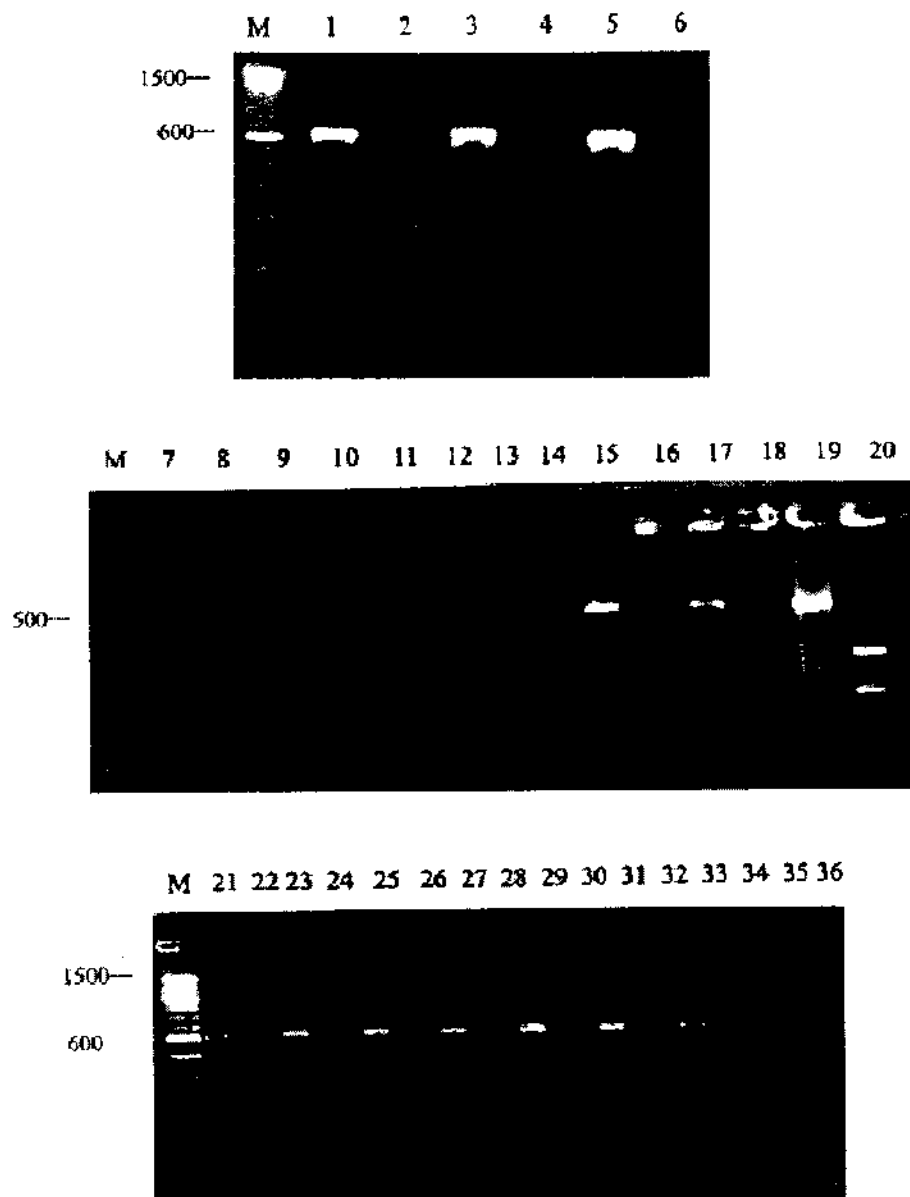
รูปที่ 35 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula squarrossula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



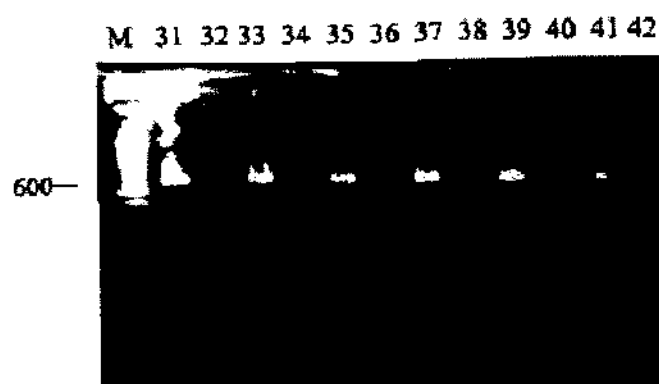
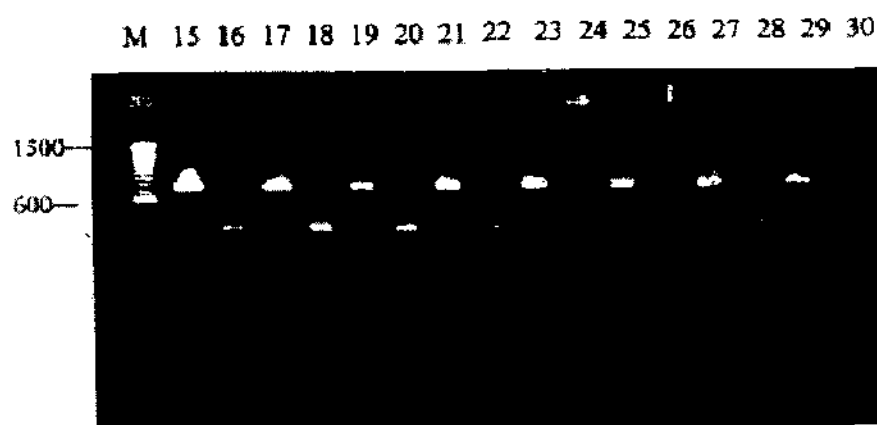
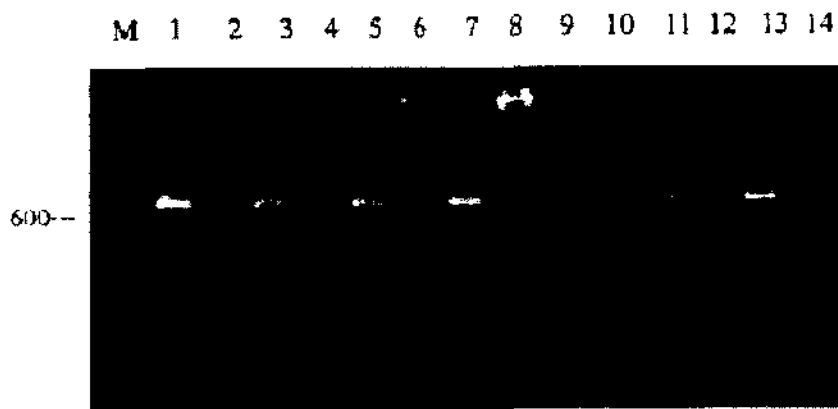
รูปที่ 36 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinula polychrou* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-20



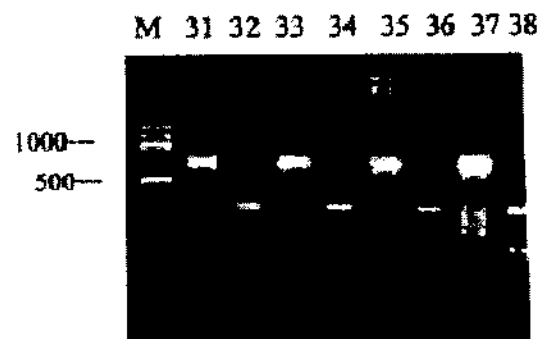
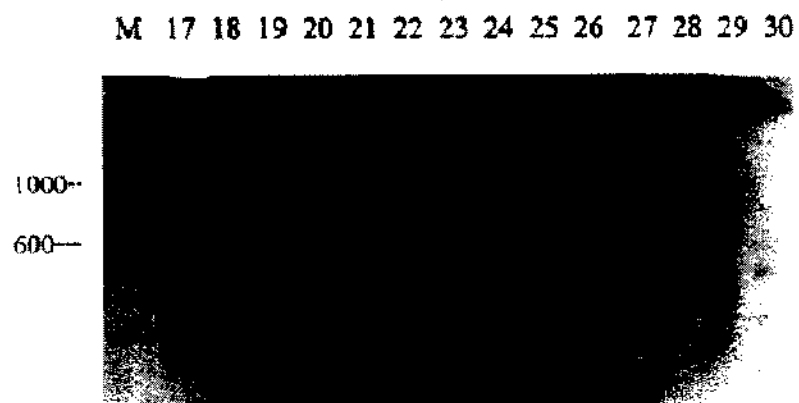
รูปที่ 37 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Lentinus edodes* ที่ได้จากการตัดด้วย เอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21 แถวเลขคี่ : ผลของซันติเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-21



รูปที่ 38 ผลึกภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18 แถวเลขคี่: ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-18



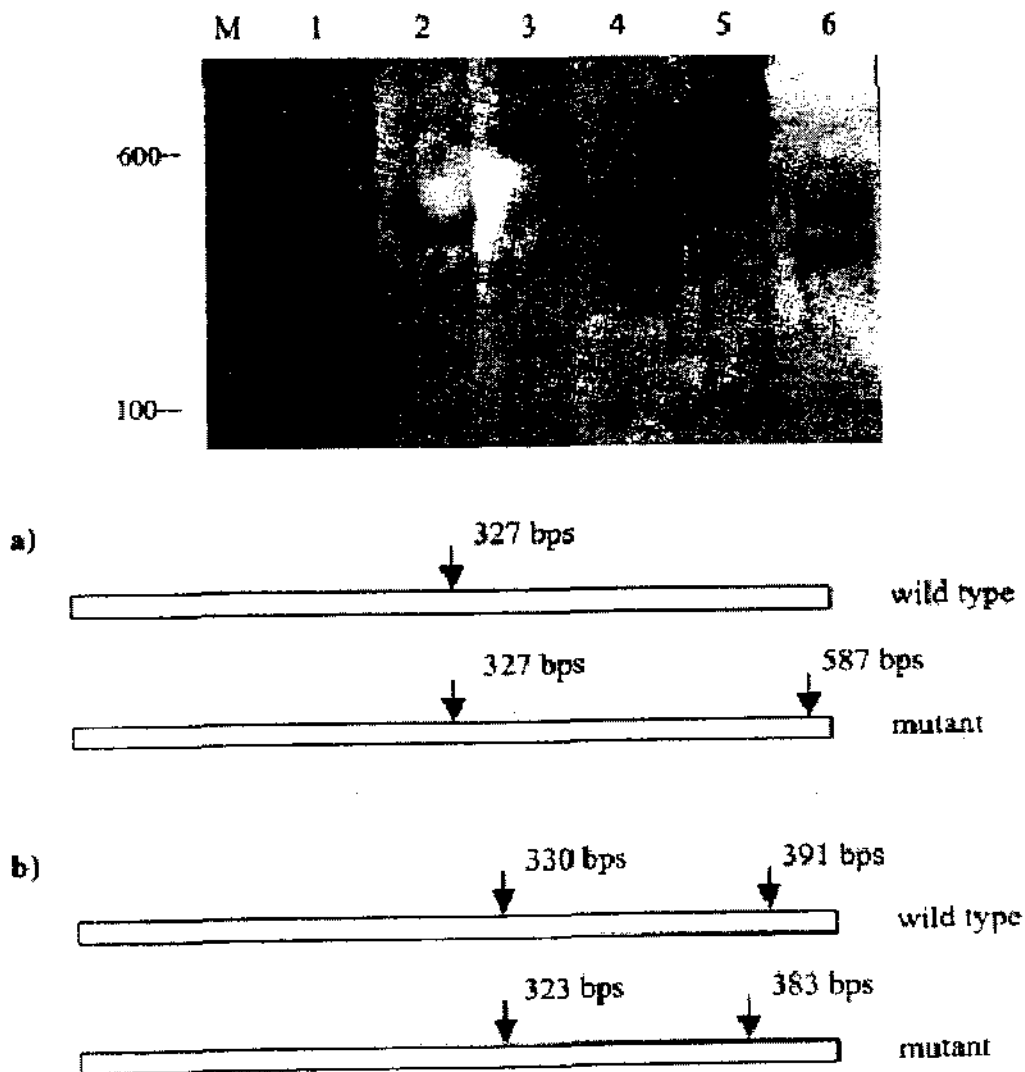
รูปที่ 39 ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Agrocybe cylindracea* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22 แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-22



รูปที่ 40 ผลิตรหัสบาร์โค้ดที่ได้จากการทำ PCR ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ที่ได้ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ *Taq I*; แถว M: 100 คู่เบส (GIBCO BRL); แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-19 แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอ็นไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-19

3. การวิเคราะห์ผลของเห็ดหูหนูโดยไพรเมอร์ ITS4-5 RFLP

การเพิ่มจำนวนชิ้น DNA ในเห็ดหูหนูด้วยไพรเมอร์ ITS4-5 พบว่าได้ขนาดชิ้น DNA 600 คู่เบสและเมื่อเปรียบเทียบกับลำดับเบสทั้ง 600 คู่เบส ระหว่างเห็ดหูหนูครั้งที่ 1 และครั้งที่ 3 ด้วยโปรแกรม CLSTALX พบว่า %homology ของลำดับเบส ITS ไพรเมอร์ระหว่างครั้งที่ 1 และ 3 คือ 90% นอกจากนี้ยังพบว่าภายหลังการตัดชิ้น DNA ด้วยเอนไซม์ *Hinf* I มีขนาดชิ้น DNA ได้ขนาด 357 และ 263 คู่เบส (ครั้งที่ 3) ในขณะที่การถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ได้ขนาด 300 คู่เบสจำนวน 2 ชิ้น (ดังรูปที่ รูปที่ 41 ก, ข)



รูปที่ 41 ผลของชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf* I; แถว M: 100 คู่เบส(GIBCO BRL) : แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-3 : แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1-3 : แผนที่ตัดด้วยเอนไซม์ของสายพันธุ์

จากรูปที่ 41 พบว่าภาพการตัดชิ้น DNA บน 10% polyacrylamide gel มีความสอดคล้องกับแผนทีการตัดจำเพาะของเอนไซม์ *Hinf*I คือ ในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ของเห็ดหูหนู แผนที่การตัดจำเพาะพบเพียง 1 ตำแหน่งที่ตรงกลางระหว่าง 600 คู่เบส ดังนั้นจึงให้ขนาดชิ้น DNA ขนาด 300 คู่เบสเท่ากัน และในสภาพเจลจึงเห็นแถบ DNA เข้มมากกว่าในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 ซึ่งตำแหน่งที่ 1 ในการตัดอยู่ที่ 327 คู่เบสและอีกตำแหน่งอยู่ที่ 587 คู่เบสเป็นผลให้ภาพเจลภายหลังการตัดชิ้น DNA บน 10% polyacrylamide gel จึงได้ชิ้น DNA ทั้งหมด 2 ส่วนมีขนาด 327 และ 260 คู่เบส จากส่วนนี้สามารถสรุปได้ว่าเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf* I สามารถใช้ตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมในเห็ดหูหนูได้ในขณะที่เอนไซม์ตัดจำเพาะอื่นไม่สามารถใช้ตรวจสอบได้ จากส่วนนี้อาจกล่าวได้ว่าลำดับเบสระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ในเห็ดหูหนูมีความแตกต่างกันในลำดับเบสที่ 587 คู่เบสจึงเป็นผลให้ตำแหน่งในการตัดจำเพาะของเห็ดหูหนูระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 กับ 3 จึงให้ขนาดชิ้น DNA ที่ไม่เหมือนกัน

ตารางที่ 5 การเปรียบเทียบขนาดชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ระหว่างสายพันธุ์ปกติและกลายพันธุ์เมื่อตัดด้วยเอนไซม์หลายชนิด

Restriction enzymes	PCR product in size of 600 bps	
	Wild type (1 st subculturing)	Matant (3 rd subculturing)
<i>Alu</i> I	390, 120 bp	390, 120 bp
<i>Hinf</i> I	300, 300 bp	357, 263 bp
<i>Mbo</i> I	400, 190 bp	400, 190 bp
<i>Taq</i> I	316, 190 bp	316, 245 bp

จากตารางที่ 5 สามารถกล่าวได้ว่าเห็ดหูหนูการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 นั้นหลังจากการตัดแบบ DNA ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะพบว่าให้ขนาดแบบ DNA ที่แตกต่างกันจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (ดังรูป 15, 24, 33 และ 42) ซึ่งการให้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf*I และ *Taq*I สามารถให้ชิ้นส่วน DNA ที่แตกต่างกันอย่างชัดเจนดังผลสอดคล้องกับผลของชิ้น DNA ซึ่งผลการตรวจสอบความแตกต่างของลำดับเบสระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (wild type) กับครั้งที่ 3 (mutant) นั้นสามารถตรวจสอบได้จากการหาลำดับเบสจากการเพิ่มจำนวนชิ้น DNA ทั้ง 600 คู่เบส แล้วนำมาเปรียบเทียบกันด้วยโปรแกรม CLUSTAL X ดังรูปที่ (42)

CLUSTAL X (1.64b) multiple sequence alignment

```

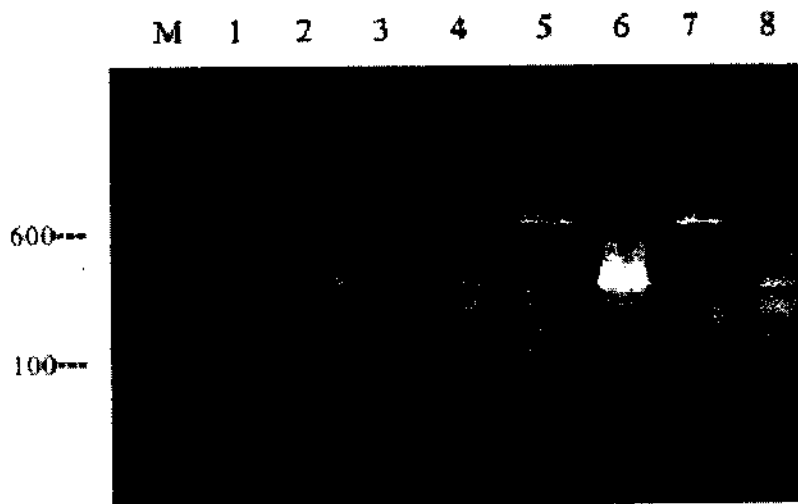
Hn1its4   NGNNTTCCCGCTTTATTGATATGCTTAAAGTTCGGCTGG-TAGTTCTACCTGATCTGG
Hn3its4   --GNCNTCCCGCTT-ATTGATATGNTTAA-GTTCAGCGGGGTAGTCTACCTGATTTGA
          * ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   TGGTCGAAAGCTTGCCCAAGATAATGCGTTCACTTAGGGACGGTGTGTCAGCTGGACCTGTGA
Hn3its4   -GGCCAAAGCTTT--AAAATAGTT-GTCCACA-AGGGACGGCTGTAAGCAGCCCGCTGA
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   AGAGGCCCTAGG-CATT-GCGCATATTATTATTACACCGAT-GCCACGACTCTAAAAGC
Hn3its4   AGAGGCCCCAGGGCAGTCCGCGCAGATAATTATCACACCGTTCCGCCAGCACTCTAAAAGC
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   GCCAGCTAATGCATTTCAAGACGAGCCGGTTAC-GGCACAGTCCAAGTCCACCACGGGCG
Hn3its4   GCCAGCTAATGCATTTCAAGACGAGCCGATTACCGGCACGGTCCAAGTCCACCACGGGCG
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   ACTGTTACATCGCAAGGGTGTAGGGTTTACGTGACACTCAAACAGGCATGCTCCATGGAAT
Hn3its4   ACTGTTACATCGCAGGGGTGTAGGGTTTACGTGACACTCAAACAGGCATGCTCCATGGAAT
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   ACCAAGGAGCGCAAGATCGCTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACAT
Hn3its4   ACCAAGGAGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACAT
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   TACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAAGAGATCCGTTGTTGAA
Hn3its4   TACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAAGAGATCCGTTGTTGAA
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   AGTTGTTACTTTTATGGTTTTGTTAACATTGAGACTGA--GTTGTTGCAATTGAAAGC
Hn3its4   AGTTGTTACTT--TATAGTTCTCGTCACATTCTAGACTTTTCGTTGGTTGCAATGAAAAGC
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   GGCAGCGACCGAAGCCGCAACCGAAAAGGTGCACAGGTGTGGGGTCTTGCTCCAGCGTGC
Hn3its4   GGAA GCGGCGGAAACCGCAACCGAAAAGGTGCACAGGTGTGAGAGGTTAT--CGCGCTGC
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   AGCCCTGTGAAGGGCGCACA-GCTGAACGATCGGGTTAAAAGCCCAA-AATCITTAATGA
Hn3its4   AGCC--TGA---GCGCACAGCCGAA--ATTAAGACCGAAGCCTTAGAATCTTTAATGA
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Hn1its4   TCCTTCGCGAGGCTCACCTAC-NGAAACCTTGTTANGACTTTNTNNAHNNCC-
Hn3its4   TCCTTCGCGAGGTTACCTACCGGNAACCTTGTTACGACTTTTNTNNAHNNNC
          ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

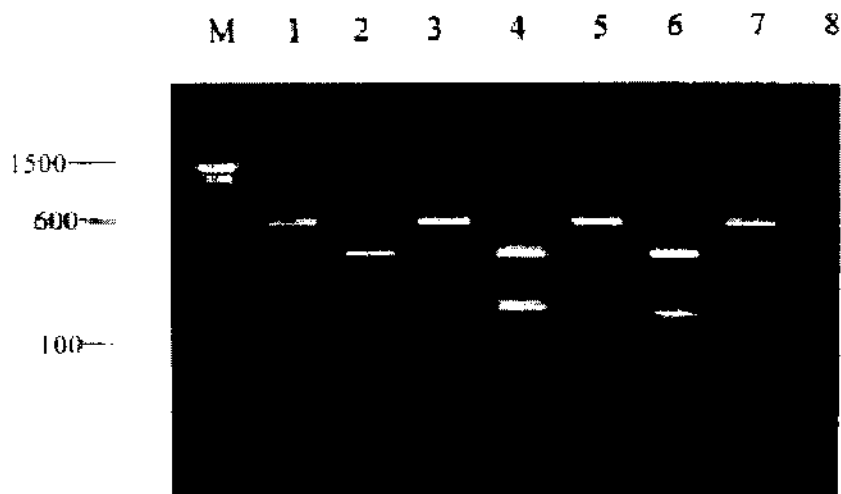
รูปที่ 42 การอ่านลำดับเบสผลของซันดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* โดยเปรียบเทียบระหว่างการถ่ายเช็ครั้งที่ 1 (ต้นแบบ) และการถ่ายเช็ครั้งที่ 3 Hn 1 ITS4 เป็นลำดับเบสของสายพันธุ์ปกติในการถ่ายเช็ครั้งที่ 1 และ Hn 3 ITS4 เป็นลำดับเบสของเห็ดสายพันธุ์ที่ได้จากการถ่ายเช็ครั้งที่ 3

3.1 การสกัด DNA จากดอกเห็ดหูหนูของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3

เมื่อสกัด DNA จากดอกเห็ดหูหนูนำมาเปรียบเทียบกับผลของชิ้น DNA ที่มาจากไมซีเลียัมพบว่าภาพผลชิ้น DNA จากดอกและจากดอกเห็ดและไมซีเลียัม คือ เห็ดหูหนูการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 ยังคงให้ขนาดชิ้น DNA ภายหลังการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf* I ได้ 2 ชิ้น DNA ขนาด 357 และ 263 คู่เบส ขณะที่การถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ให้ขนาด 300,300 คู่เบส สามารถสรุปได้ว่า ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดสามารถเกิดขึ้นได้จากการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่อง และตรวจสอบได้โดยเทคนิค TIS-RFLP และความแปรปรวนทางพันธุกรรมยังคงอยู่ในกระบวนการเกิดดอกเห็ด (รูปที่ 43, 44)



รูปที่ 43 การเปรียบเทียบชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ซึ่งผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ *Hinf*I : แถว M : 100 คู่เบส : แถวเลขคู่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ : แถวเลขคี่ : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ แถว 1, 3 : ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ได้จากไมซีเลียัมของเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ แถวที่ 5, 7 ; ผลของชิ้นดีเอ็นเอที่ได้จากดอกเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ



รูปที่ 44 การเปรียบเทียบผลของซันดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* จากการตัดด้วย เอนไซม์ *Mbo*I แถว M 100 คู่เบส : แถวเลขคู่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ไม่ผ่านการตัดด้วย เอนไซม์ : แถวเลขคี่ : ผลของซันดีเอ็นเอที่ผ่านการตัดด้วยเอนไซม์ แถว 1, 3 : ผลของ ซันดีเอ็นเอที่ได้จากไมซีเลียของเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ แถวที่ 5, 7 ; ผลของซันดีเอ็นเอที่ได้จากดอกเห็ดของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ตามลำดับ

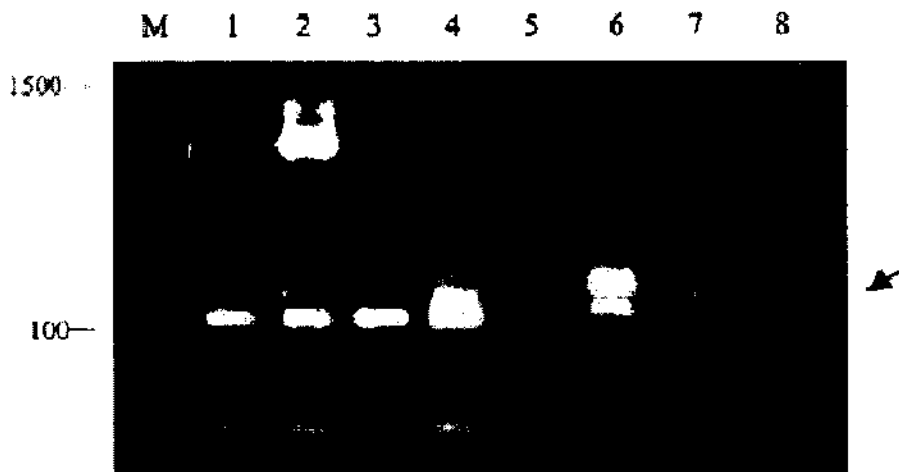
3.2 การวิเคราะห์ผลระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ของเห็ดหูหนูด้วย β -tubulin gene

จากแผนที่การตัดชิ้น DNA โคเอนไซม์ตัดจำเพาะในเห็ดหูหนูพบว่าความแปรปรวนทาง พันธุกรรมของเห็ดเกิดขึ้นภายหลังจากการถ่ายเชื้อ ซึ่งตรวจสอบด้วย TIS4-5 PCR-RFLP นอกจากนี้ ยังได้ตรวจสอบกับ gene ชุดอื่น ซึ่งคือ β -tubulin gene เนื่องจาก gene ชุดนี้ Balduaf และ Doolittle (1997) อ้างถึงใน Thon และ Rouse, 1999 ศึกษาพบว่า β -tubulin gene เป็น gene ที่สามารถใช้ศึกษา ถึงวิวัฒนาการของเชื้อราได้ทุกระดับชั้น ซึ่งประกอบด้วย α , β , และ γ tubulins α และ β tubulin ทำหน้าที่สร้าง microtubules เป็นส่วนประกอบสำคัญของ cytoskeleton, mitotic spindles และ flagella ของเซลล์ยูคาริโอต ดังนั้น gene ชุดนี้อาจมีบทบาทสำคัญต่อโครงสร้างของดอกเห็ดจึง เลื่อนนำมาตรวจสอบกับดอกเห็ดหูหนูและดอกเห็ดนางฟ้าที่มีลักษณะผิดปกติ พบว่าเมื่อทำการเพิ่ม จำนวน DNA ของเห็ดหูหนูระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ด้วย gene นี้ผลคือ (รูปที่ 45) ผลของ ของซัน DNA มีขนาด 100 คู่เบส (ครั้งที่ 1) แต่ในครั้งที่ 3 การถ่ายเชื้อได้ขนาด 400 และ 100 คู่เบส

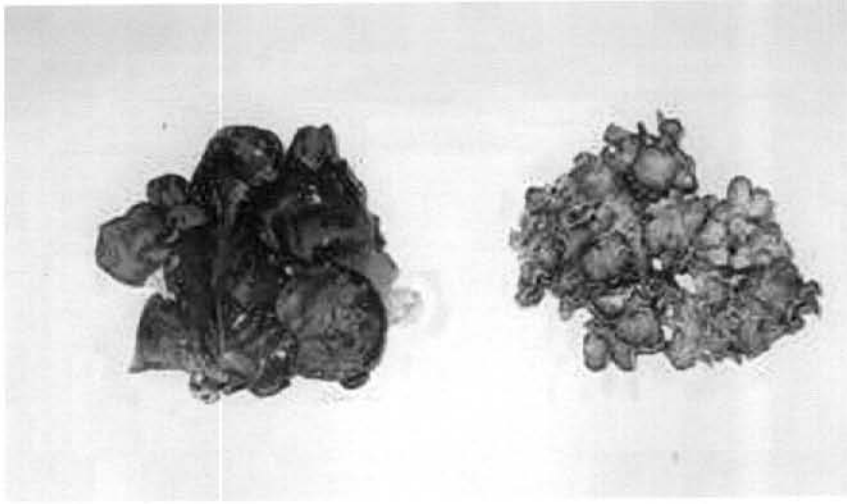
ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบขนาดและลักษณะของดอกเห็ดหนูพบว่าการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ให้ลักษณะดอกเห็ดขนาดเล็กกว่าปกติ สีน้ำตาล และลักษณะดอกเห็ดผิดรูปร่างไป (รูปที่ 46)

สามารถสรุปได้ว่า β -tubulin gene สามารถใช้แยกแยะหว่างดอกเห็ด wild type (ครั้งที่ 1) และ mutant (ครั้งที่ 3) ในเห็ดหนูได้ ซึ่งความผิดปกตินี้ยังมีผลต่อลักษณะปรากฏของดอกเห็ดด้วย และแสดงว่าไพรเมอร์ชุดนี้ยังสามารถใช้เป็นตัวตรวจสอบในขั้นตอนการผลิตเห็ดได้

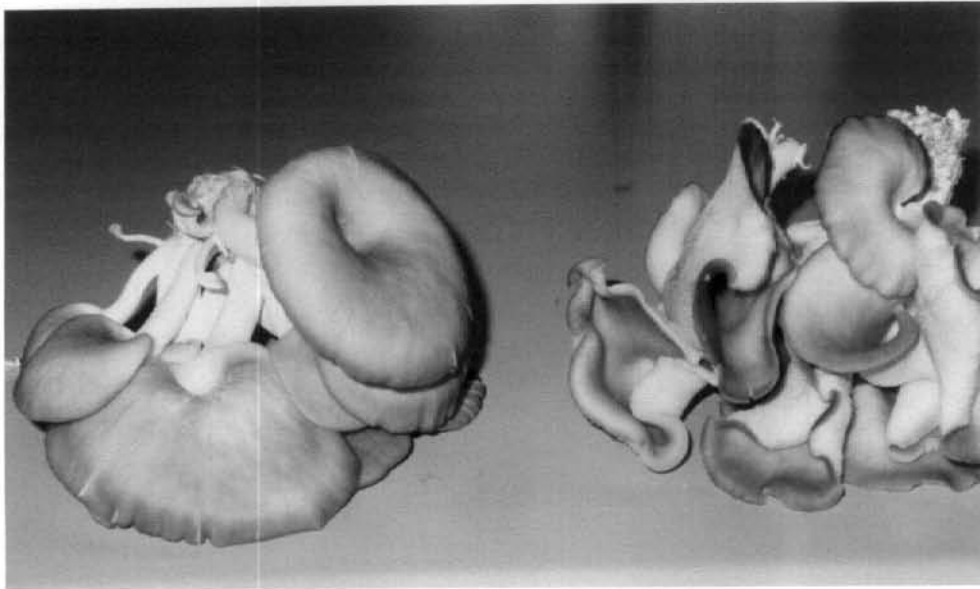
นอกจากนี้ยังได้ตรวจสอบกับเห็ดนางฟ้าที่มีดอกผิดปกติที่ได้จากฟาร์มมหาวิทยาลัย ผลการตรวจสอบพบว่าเมื่อเปรียบเทียบกับดอกเห็ดนางฟ้าที่ปกติหลังจากเพิ่มจำนวน DNA มีขนาด 150 คู่เบสในขณะที่ดอกผิดปกติได้ขนาดสั้น DNA คือ 150,100 และ 90 คู่เบส ซึ่งสามารถกล่าวได้ว่าถึงแม้ว่าอัตราการเจริญของเชื้อราเจริญปกติและมีการควบคุมสภาพแวดล้อมในการเพาะก็สามารถเกิดดอกเห็ดที่มีความผิดปกติได้ในระหว่างการเปิดดอก



รูปที่ 45 ผลของชิ้นดีเอ็นเอของเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* และ *Pleurotus sajor-caju* ซึ่งผ่านการเพิ่มจำนวนโดย β -tubulin gene แถว M: 100 คู่เบส (GIBCOBRL); แถวที่ 1: การถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (สายพันธุ์ปกติ) แถวที่ 2: ถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 (กลายพันธุ์) แถวที่ 3: เห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* จากฟาร์มเห็ดอัญญา แถวที่ 4: เห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ที่ผิดปกติ แถวที่ 5: ควบคุม แถวที่ 6: เห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่ผิดปกติ แถวที่ 7: ดอกเห็ดปกติของสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* และแถวที่ 8: ควบคุม



รูปที่ 46 ลักษณะดอกเห็ดสายพันธุ์ *Auricularia auricula* ; ซ้ายมือ : สายพันธุ์ปกติ
ขวามือ : กลายพันธุ์



รูปที่ 47 ลักษณะปรากฏของเห็ดสายพันธุ์ *Pleurotus sajor-caju* ที่มีความผิดปกติทางกายภาพ
ที่เพาะเลี้ยงได้ที่ฟาร์ม มทส. ซ้ายมือ : สายพันธุ์ปกติ ขวามือ : กลายพันธุ์

3.3 อัตราการเจริญและผลผลิตของเห็ดหูหนูในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3

จากผลของชิ้น DNA และแผนผังการตัดของเอนไซม์ตัดจำเพาะในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 พบว่ามีความแตกต่างไปจากผลของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ดังนั้นความผิดปกติของพันธุกรรมนี้อาจมีความเกี่ยวข้องกับอัตราการเจริญในก้อนเชื้อเลี้ยง จึงทำการศึกษาผลอัตราการเจริญในก้อนเชื้อและผลผลิต พบว่าอัตราการเจริญของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 มีอัตราลดลงแตกต่างกันอย่างชัดเจน เมื่อเปรียบเทียบกับถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 ณ วันที่ทำการวัดอัตราการเกิดเชื้อวันเดียวกัน ดังรูป 48



รูปที่ 48 การเปรียบเทียบอัตราการเจริญของไมซีเลียมในก้อนเชื้อเลี้ยงระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และ 3 ; a) อัตราการเจริญการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 b) อัตราการเจริญการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1

ส่วนนี้สามารถสรุปได้ว่าความผิดปกติทางพันธุกรรมของเห็ดหูหนูในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 มีผลโดยตรงต่ออัตราการเจริญในก้อนเชื้อเลี้ยงและผลผลิตซึ่งสามารถสังเกตได้ในระหว่างกระบวนการผลิตเห็ด ที่มีการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่อง โดยอัตราการเจริญของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 ลดลงจากการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 คิดเป็น 11.63% ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แต่อัตราการเจริญบนอาหารเลี้ยงเชื้อยังคงปกติ ดังนั้นจึงกล่าวได้ว่าการวัดอัตราการเจริญของเชื้อบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ยังคงไม่เพียงพอต่อการควบคุมคุณภาพเชื้อ เนื่องจากอาหารเลี้ยงเชื้อเป็นแหล่งอาหารที่อุดมสมบูรณ์และเอื้อต่อการเจริญของเชื้อเห็ดมาก ในขณะที่ก้อนเชื้อในเชื้อเลี้ยงยังประกอบไปด้วย cellulose เป็นองค์ประกอบหลัก ๆ ซึ่งเชื้อเห็ดจะต้องมีการผลิตสร้างเอนไซม์ขึ้นมา เพื่อที่จะทำการย่อย

สารประกอบเหล่านี้ก่อนแล้วจึงจะดูดซับสารอาหารไปใช้ได้ ซึ่งเอนไซม์ cellulase, cellobiase (Zhao และ Kwan, 1999) ดังนั้นบทบาทหน้าที่ของเอนไซม์จึงมีความสำคัญต่อการย่อยสารประกอบ cellulase นอกจากนี้ภายหลังการเก็บเชื้อไว้ยังมีผลถึงการลดลงของผลผลิตและอัตราการเจริญ ซึ่งการลดลงของผลผลิตสามารถบ่งชี้ถึงจุดที่สายพันธุ์อ่อนแอซึ่งทำให้การพัฒนาการสร้างดอกเห็ดเริ่มช้าและมีช่วงเวลาแต่ละช่วงของการผลิตดอกเห็ดเพิ่มมากขึ้น (flushing)

เมื่อทำการถ่ายเชื้อต่อไปถึงการถ่ายเชื้อครั้งที่ 4 โดยใช้ไมซีเลีย พบว่าทั้งอัตราการเจริญและผลของชิ้น DNA กลับให้ผลเหมือนกับการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 (รูปที่ 11) แสดงว่าอาจเกิด reversible genetic ได้ ซึ่งผลมีความสอดคล้องกับ (Hartl, 1988) พบว่า gene ที่ปกติสามารถถูกเปลี่ยน gene ที่กลายพันธุ์ (mutant) ได้ เรียกว่าการเกิด reverse mutation ซึ่งมักพบได้ตามธรรมชาติเท่านั้น ซึ่งการเปลี่ยนย้อนกลับของ gene นี้อาจเกิดขึ้นเป็นการกลายพันธุ์ครั้งที่ 2 และจะเกิดขึ้นที่ตำแหน่งใดก็ได้ใน genome ดังนั้นการถ่ายเชื้อครั้งที่ 4 ของเห็ดหูหนูนี้เป็น reversion ซึ่งเป็นผลให้อัตราการเจริญและผลของชิ้น DNA เปลี่ยนกลับเหมือนเดิมกับลักษณะดั้งเดิม (1st subculture)

4. การผลิตเห็ดตีนแรด

เพื่อศึกษาถึงสภาวะที่เหมาะสมต่อการเพาะเห็ดตีนแรด โดยใช้วัสดุเหลือใช้ทางการเกษตร การทดลองนี้ออกแบบเป็นแบบ Split-Split ซึ่งผลผลิตตลอดระยะเวลาการศึกษา 4 เดือน ถูกนำมาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Split-Split Plot Design (ตารางผลการวิเคราะห์ ตารางที่ 6, 7)

ตารางที่ 6 การวิเคราะห์ทางสถิติทั้งหมดของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ที่เพาะเลี้ยงภายใต้สภาวะต่าง ๆ

Treatment (Sub-sub plot (S))	Main plot (H)		S-MEAN	DIFF
	Plastic	Clay plot		
	Fresh weight (g)	Fresh weight (g)		
Non-covering				
Soil	220.00 ^a	575.00 ^a	397.50	-355.00**
Soybean husk	50.00 ^a	328.33 ^b	189.17	-278.33**
Soil+soybean husk	75.33 ^a	233.33 ^b	154.33	-158.00*
Rice husk-covering				
Soil	163.33 ^{ab}	241.63 ^a	202.50	-78.33 ^{ns}
Soybean husk	0.00 ^{ns}	73.33 ^b	36.67	-73.33 ^{ns}
Soil+soybean husk	253.33 ^a	0.00 ^{ns}	126.67	253.33**
Rice straw-covering				
Soil	30.00 ^a	270.00 ^a	150.00	-240.00**
Soybean husk	16.67 ^a	16.67 ^b	16.67	0.00 ^{ns}
Soil+soybean husk	0.00 ^{ns}	150.00 ^{ab}	75.00	-150.00 ^{ns}
H-MEAN	89.85	209.81	149.83	-119.96

**=significant at 1% level, * = significant at 5% level, ns = not significant

In a column under each M, means followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by DMRT

Comparision	S.E.D.	LSD(5%)	LSD(1%)
2-H means at each M*S	73.50	157.22	218.71
2.S means at each M*H	80.71	166.57	225.75

ตารางที่ 7 ผลของวัสดุเพาะต่อผลผลิตของเห็ด *Tricholoma crassum*

Casing material	Plastic	Clay pot	S-MEAN	DIFF
	Fresh weight (g)	Fresh weight (g)		
Soil	137.78 ^a	362.22 ^a	250.00	-224.44**
Soybean husk	22.22 ^a	139.44 ^b	80.83	-117.22**
Soil+soybean husk	109.56 ^{ab}	127.78 ^b	118.67	-18.22 ^{ns}
Average	89.85	209.81	149.83	-119.96

** = significant at 1% level, * = significant at 5% level, ns = not significant

In a column, means followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by DMRT

Comparison	S.E.D.	LSD (5%)	LSD (1%)
2-H means at each S	42.43	90.77	126.27
2-S means at each H	46.60	96.17	130.33

การวัดอัตราการเจริญของเห็ดดินแร่บนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA และในก้อนขี้เลื่อยคือ 0.35 ± 0.07 ซม./วัน และ 4.05 ± 0.30 ซม./2 วัน ที่ระดับความชื้น 95% ตามลำดับ และอุณหภูมิที่เหมาะสมต่อการเจริญคือ 30°C ซึ่งเมื่อไมซีเลียมเจริญเต็มก้อนเพาะเชื้อแล้วก็นำไปเปิดดอก โดยทำการเปิดดอกในช่วงเดือนกรกฎาคมถึงตุลาคมเป็นเวลา 4 เดือน อุณหภูมิที่สามารถวัดได้ในวัสดุเพาะคือ $26-30^{\circ}\text{C}$ ซึ่งขึ้นอยู่กับความชื้นสัมพัทธ์อากาศ

หลังจาก 17 วัน จากวันเริ่มทำการเพาะเริ่มสังเกตเห็นไมซีเลียมที่บริเวณใต้ผิวดินลึกลงไปประมาณ 5.0 ซม. โดยเริ่มพบไมซีเลียมในวัสดุเพาะที่ใช้ดินอย่างเดียวก่อน ต่อมาจึงพบในวัสดุเพาะผสมดิน+เปลือกถั่วและเปลือกถั่วอย่างเดี่ยว ตามลำดับ อาจเนื่องมาจากองค์ประกอบในดินร่วนที่มีซากพืช ซากสัตว์ที่บดมอยู่ (humus) มีผลดีต่อการเจริญของเชื้อเห็ด (Ogawa, 1964 อ้างถึงใน Chang และ Heyes, 1978) ดังนั้นไมซีเลียมจึงสามารถนำสารอาหารจากดินไปใช้ได้ดีกว่า (วสันต์, 1978) ในวัสดุเพาะชนิดอื่น

ในเดือนตุลาคมเริ่มทำการเก็บผลผลิต ซึ่งเป็นช่วงฤดูฝน พบว่าเริ่มปรากฏตุ่มดอกเห็ดขนาดเล็ก ๆ ตรงบริเวณขอบของภาชนะเพาะ หลังจากวันที่ 29 ของการเพาะ โดยหมวกดอกมีเส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 0.3-0.5 เซนติเมตร ในวันที่ 1 ของการพบตุ่มดอกหลังจากการพัฒนาดอกจะใช้เวลาประมาณ 9-10 วัน จึงจะสามารถเก็บผลผลิตได้ โดยมีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางหมวกดอกประมาณ 8-11 เซนติเมตร และความยาวก้านดอกประมาณ 11-13 เซนติเมตร (ดั่งรูป 49, 50 และ 51) และยังสังเกตเห็นว่าดอกเห็ดมักจะเกิดตรงบริเวณขอบของภาชนะเพาะและเกิดกันเป็นกลุ่ม ๆ ซึ่ง

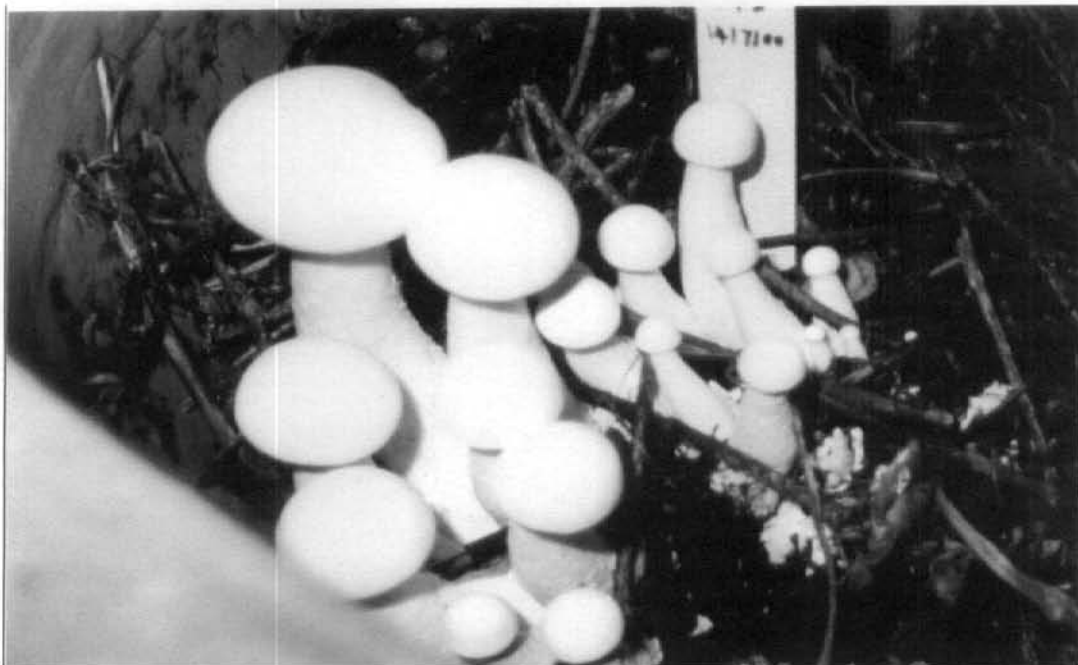
สอดคล้องกับผลการศึกษาใน *I. matsutake* ของ Tominage 1973 อ้างถึงใน Change และ Heyes, 1978) พบว่า ดอกเห็ดมักจะเจริญอยู่รอบ ๆ โคนต้นไม้และเจริญในลักษณะเป็นวงแหวนต่อไป

จากตารางที่ 6, 7 แสดงถึง mainplots ระหว่างการไม่คลุมวัสดุเพาะกับการคลุมวัสดุเพาะ พบว่า ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แสดงว่าการคลุมหรือไม่คลุม วัสดุเพาะ ไม่มีผลต่อผลผลิตของเห็ดตีนแรด และจากตารางสามารถกล่าวได้ว่า subplot คือ plastic และ clay plot นั้น กระจ่างดิน (clay plot) สามารถให้ผลผลิต (209.81 g/1 ภาชนะเพาะ) สูงกว่าแข่งพลาสติก (89.85 g/1 ภาชนะเพาะ) ในทุก ๆ การทดลองที่ระดับความเชื่อมั่น 99% แสดงว่ากระจ่างดินนั้นมีความเหมาะสมที่จะเป็นภาชนะเพาะ ในวัสดุเพาะก็เช่นเดียวกัน พบว่าดินอย่างเดียวเป็น วัสดุเพาะที่มีความเหมาะสมต่อการเจริญของเห็ดตีนแรด คือ สามารถให้ผลผลิตสูงที่สุดในทุก ๆ main plot และ sub plot ที่ระดับความเชื่อมั่น 99% รองลงมาคือ ดินผสมเปลือกถั่วและเปลือกถั่ว อย่างเดียว ตามลำดับ โดยวัสดุเพาะดินอย่างเดียวและไม่มีการคลุมวัสดุเพาะซึ่งใช้กระจ่างดินเป็น ภาชนะเพาะให้ผลผลิตสูงคือ (575 g/1 ภาชนะเพาะ) ซึ่งสูงกว่าในแข่งพลาสติก คือ (220 g/1 ภาชนะ เพาะ) สำหรับการคลุมด้วยแกลบในกระจ่างดินให้ผลผลิตสูงกว่าในแข่งพลาสติกอย่างไม่มีนัยสำคัญ และการคลุมด้วยฟางข้าวในกระจ่างดินโดยมีดินอย่างเดียวเป็นวัสดุเพาะพบว่ายังคงให้ผลผลิตสูง กว่า (270 g/1 ภาชนะเพาะ) ในดินผสมเปลือกถั่ว (150/1 ภาชนะเพาะ) และเปลือกถั่วอย่างเดียว (16.67 g/1 ภาชนะเพาะ) ตามลำดับ

จากส่วนนี้สรุปได้ว่าดินอย่างเดียวเป็นวัสดุเพาะที่เหมาะสมและกระจ่างดินเป็นภาชนะที่ เหมาะสมต่อการเพาะเห็ดตีนแรด อาจเนื่องมาจากกระจ่างดินสามารถช่วยเก็บรักษาความชื้น ได้ ดีกว่าในแข่งพลาสติกซึ่งมีรูอยู่รอบ ๆ กระจ่าง และอุณหภูมิที่เหมาะสมต่อการเพาะคือ 30 องศา เซลเซียสนอกจากนี้ วสันต์, 2521 ยังพบว่าในช่วงฤดูฝน การพัฒนาสร้างดอกเห็ดของเห็ดตีนแรดจะ ดีกว่าในช่วงฤดูอื่น ๆ เนื่องจากในฤดูฝนมีความชื้นค่อนข้างสูง ดังนั้นความชื้นและอุณหภูมิจึงมี บทบาทต่อการพัฒนาสร้างดอกเห็ดตีนแรด



รูปที่ 49 primordia ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ในวันแรก



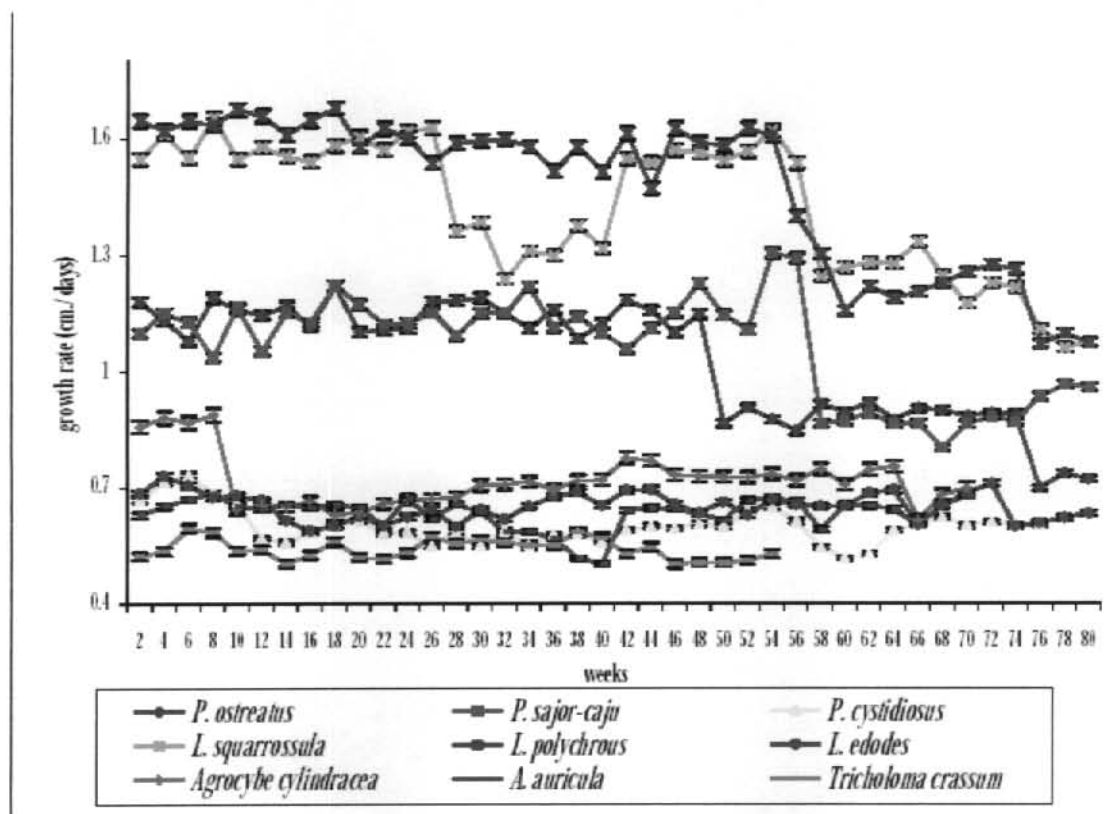
รูปที่ 50 primordia ของเห็ดสายพันธุ์ *Tricholoma crassum* ในวันที่ 4 และ 5



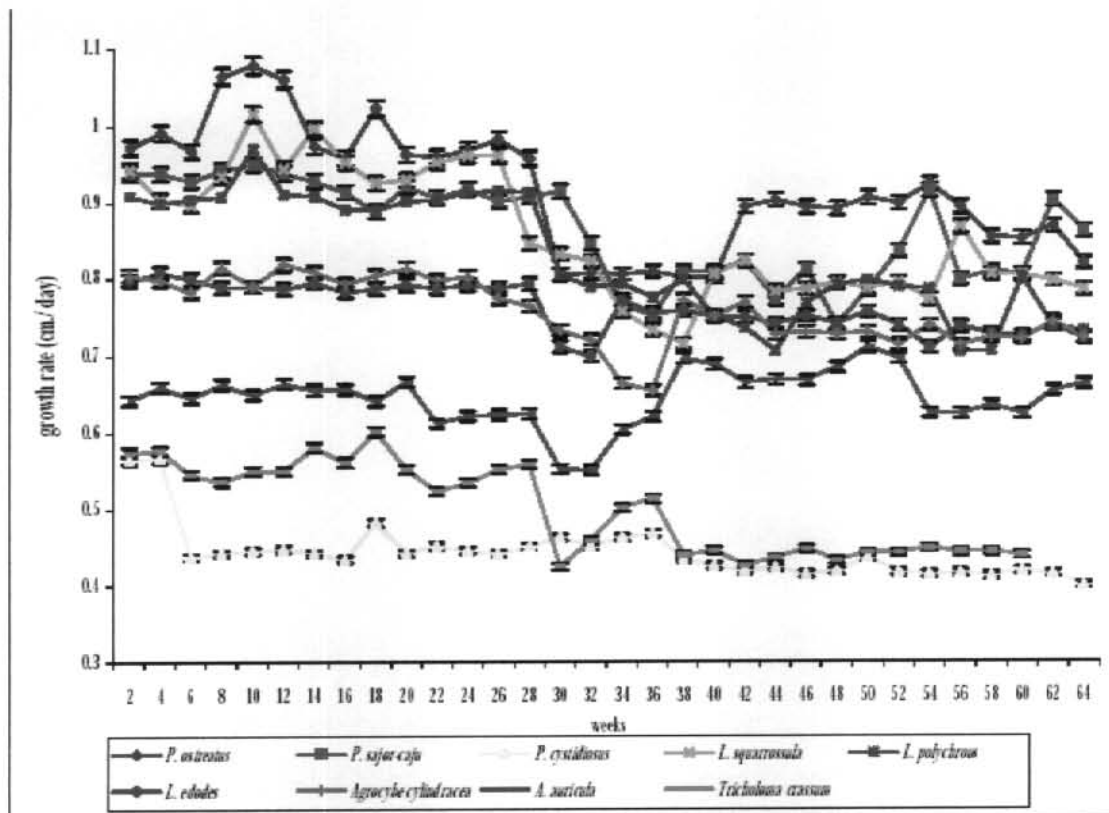
รูปที่ 51 ลักษณะของเห็ดตีนแรดที่เจริญเติบโตเต็มที่ในวันที่ 9 และ 10

5. การเก็บรักษาเชื้อในตู้เย็นที่อุณหภูมิ 4 °C และแช่เยือกแข็งที่อุณหภูมิ -70 °C

การทดลองนี้ได้ทำการเก็บรักษาเชื้อไว้ที่อุณหภูมิ 4 °C และ -70 °C โดยใช้ 10%-glycerol เป็น cryoprotectant โดยวัดอัตราการเจริญทุก ๆ 2 สัปดาห์บนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA พบว่าเห็ดทุกชนิดให้อัตราการเจริญที่แตกต่างกันและยังคงมีอัตราการเจริญค่อนข้างคงที่ตลอดจนการเก็บรักษาไว้ที่ 80 สัปดาห์ ซึ่ง Smith และ Onions (1994) รายงานไว้ว่าการเก็บรักษาเชื้อราโดยเก็บที่ cold storage สามารถช่วยลดอัตราของ metabolism จึงช่วยเพิ่มอายุการเก็บเชื้อระหว่างการถ่ายเชื้อได้มากขึ้น โดยที่เชื้อราสามารถดำรงชีวิตอยู่ได้เป็นระยะเวลานานโดยอัตราการเจริญไม่เปลี่ยนแปลง และการเก็บรักษาเชื้อที่ -70 °C โดยมี 10% glycerol เป็น cryoprotectant นั้นยังคงมีอัตราการเจริญไม่เปลี่ยนแปลงตลอดอายุการเก็บ 80 สัปดาห์ นอกจากนี้การเก็บโดยการ cold storage, freezing และ liquid nitrogen เป็นวิธีที่นิยมใช้ในการเก็บเชื้อรา โดยวิธีทั้ง freeze-drying และ liquid nitrogens เป็นวิธีการเก็บรักษาเชื้อที่พบว่าสามารถคงรักษาพันธุกรรมของเชื้อไว้ได้ดีที่สุด (Prescott และ Kerndemp, 1971) ในการเก็บรักษาเชื้อที่พบว่าสามารถคงรักษาพันธุกรรมที่คืนนั้นมีบทบาทสำคัญต่อการควบคุมคุณภาพในการผลิตเห็ด อย่างไรก็ตามวัตถุประสงค์หลักของการเก็บรักษาเชื้อไว้ก็คือช่วยลด metabolism ในภาชนะการเก็บเป็นเวลานาน โดยปราศจากการปนเปื้อน (contamination)



รูปที่ 52 อัตราการเจริญของเห็ดแต่ละสายพันธุ์เมื่อเก็บที่ 4°C



รูปที่ 53 อัตราการเจริญของเห็ดแต่ละสายพันธุ์เมื่อเก็บที่ -70 องศาเซลเซียส

6. การผลิตเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง

จากการทดลองเขี่ยเชื้อเห็ดทั้งสองชนิด ในสูตรอาหาร 2 สูตร มีการเปิดดอกและให้ผลผลิตดังนี้

ตารางที่ 8 ผลผลิตของเห็ดเข็มทองจากสูตรอาหารสูตรที่ 1 ขนาดก้อน 900 กรัม

วัน /เดือน /ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)			
	1 (30 ก้อน)	2 (30 ก้อน)	3 (30 ก้อน)	4 (30 ก้อน)
17/8/45	610	410	675	625
18/8/45	275	500	175	225
19/8/45	205	540	350	385
20/8/45	100	50	75	50
21/8/45	445	100	100	100
22/8/45	-	110	-	60
26/8/45	145	55	100	80
27/8/45	40	-	-	45
28/8/45	75	50	70	-
29/8/45	90	62.5	62.5	85
31/8/45	75	60	100	70
2/9/45	100	200	200	160
3/9/45	100	50	50	50
4/9/45	125	120	-	75
5/9/45	65	30	75	70
6/9/45	-	100	-	-
7/9/45	75	-	55	50
8/9/45	80	125	50	70
9/9/45	0	60	50	60
10/9/45	75	-	55	50
11/9/45	-	70	60	80
12/9/45	50	30	-	40

ตารางที่ 8 (ต่อ)

วัน /เดือน /ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)			
	1 (30 ก่อน)	2 (30 ก่อน)	3 (30ก่อน)	4 (30 ก่อน)
13/9/45	60	-	50	-
14/9/45	80	70	50	60
15/9/45	50	30	40	30
16/9/45	40	90	70	100
17/9/45	35	-	40	30
18/9/45	-	40	30	-
19/9/45	50	65	60	-
20/9/45	40	50	30	25
21/9/45	100	80	90	110
22/9/45	50	60	150	100
23/9/45	70	80	75	65
24/9/45	100	85	90	70
น้ำหนักรวมทั้งหมด	3,405	3,372	3,077	3,090
นน. เฉลี่ยต่อก้อน	113.50	112.42	102.58	103.00

ตารางที่ 9 ผลผลิตเห็ดเข็มทองจากอาหารสูตรที่ 1 ขนาดก้อน 600 กรัม

วัน /เดือน /ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)			
	1 (30 ก้อน)	2 (30 ก้อน)	3 (30 ก้อน)	4 (30 ก้อน)
19/8/45	50	65	75	50
20/8/45	320	375	225	340
21/8/45	125	450	400	180
22/8/45	85	205	130	420
23/8/45	80	45	50	125
26/8/45	50	45	60	135
27/8/45	45	65	55	-
28/8/45	100	-	-	50
29/8/45	50	50	60	-
31/8/45	50	300	100	75
2/9/45	125	110	200	125
3/9/45	30	45	75	-
4/9/45	50	-	75	-
5/9/45	-	50	50	35
6/9/45	100	45	55	80
7/9/45	-	50	-	65
8/9/45	75	80	90	70
9/9/45	50	45	40	60
10/9/45	-	55	60	-
11/9/45	75	-	50	50
12/9/45	-	70	-	40
13/9/45	50	-	40	-
14/9/45	35	70	40	80
15/9/45	30	40	45	35
16/9/45	55	45	40	60
17/9/45	35	50	60	35
18/9/45	40	-	30	502

ตารางที่ 9 (ต่อ)

วัน /เดือน /ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)			
	1 (30 ก้อน)	2 (30 ก้อน)	3 (30 ก้อน)	4 (30 ก้อน)
19/9/45	45	70	50	-
20/9/45	70	90	125	50
21/9/45	45	30	40	80
22/9/45	50	120	60	50
23/9/45	120	100	70	90
24/9/45	50	75	50	45
น้ำหนักรวมทั้งหมด	2085	2685.16	2510	2475
นน. เฉลี่ยต่อก้อน	69.50	89.51	83.67	82.50

จากผลการทดลองในตารางที่ 8 กับ 9 ที่ดูว่าขนาดของก้อนเห็ดมีผลต่อการให้ผลผลิตมากน้อยเพียงใด พบว่า ก้อนเชื้อเล็กก้อนเล็กจะให้ผลผลิตน้อยกว่าเชื้อเล็กก้อนใหญ่เพียง 26 กรัมต่อก้อนเท่านั้น ซึ่งจะเห็นว่าไม่ค่อยแตกต่างกันมากนัก เพราะฉะนั้นในการผลิตควรทำก้อนเชื้อเล็กก้อนเล็กจะดีกว่า ซึ่งจะทำให้ประหยัดวัสดุในการทำ ทำให้ได้จำนวนก้อนเพิ่มขึ้น ผลผลิตเห็ดที่ได้ก็จะเพิ่มขึ้นด้วย และที่สำคัญช่วยย่อระยะเวลาในการบ่มก้อนเห็ดที่พร้อมจะนำมาเปิดดอกได้ด้วย ไม่ต่ำกว่า 15 วัน

ตารางที่ 10 ผลผลิตเห็ดเข็มทองจากสูตรอาหารสูตรที่ 2

วัน / เดือน / ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)				
	1 (88 ก้อน)	2 (88 ก้อน)	3 (88 ก้อน)	4 (88 ก้อน)	5 (44 ก้อน)
22/10/45	540	580	900	3400	320
24/10/45	1400	-	-	-	-
29/10/45	1600	1800	1500	2200	1000
30/10/45	1000	980	825	1400	400
31/10/45	1400	1200	1500	1100	-
1/11/45	900	1000	850	750	1600
2/11/45	400	300	500	800	780
3/11/45	200	400	300	500	-
4/11/45	500	600	450	-	-
5/11/45	500	400	400	-	550
6/11/45	1000	900	500	800	450
7/11/45	700	400	500	-	300
8/11/45	500	600	500	600	400
9/11/45	1000	900	800	700	500
11/11/45	500	400	500	400	350
12/11/45	700	600	800	600	400
14/11/45	900	500	400	500	300
15/11/45	400	300	500	600	350
17/11/45	-	-	-	450	-
18/11/45	300	200	400	500	600
20/11/45	500	400	700	-	300
น้ำหนักรวมทั้งหมด	14,940	12,460	12,825	15,300	8,300
นน. เฉลี่ยต่อก้อน	169.77	141.59	145.74	173.86	188.64

จากการทดลองเปรียบเทียบสูตรอาหารที่ใช้ในการผลิตเห็ดเข็มทอง ในตารางที่ 9 และ 10 ซึ่งมีขนาดก้อนเท่ากันด้วย พบว่า อาหารสูตรที่ 2 ที่มีขี้เลื่อยไม้ยางพารา รำละเอียด น้ำตาลทรายแดงหรือกากน้ำตาล คีเกิลีและปูนขาวเป็นส่วนประกอบ จะให้ผลผลิตต่อก้อนเฉลี่ยมากกว่า

อาหารสูตรที่ 1 ที่มีจีเลียวไม้ยางพารา รำละเอียด ข้าวโพดบด ถึง 82.62 กรัมต่อก้อน ในการเลือกสูตรอาหารที่ใช้ในการผลิตจึงควรเลือกสูตรที่ 2

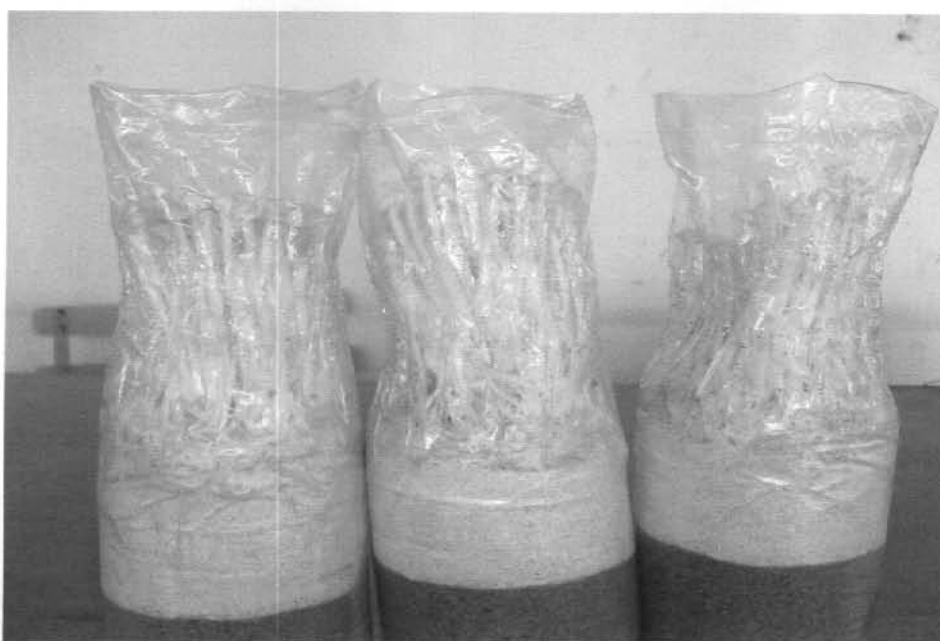
ตารางที่ 11 ผลผลิตเห็ดเข็มเงิน

วัน /เดือน /ปี	น้ำหนักเห็ดสด (กรัม)				
	1 (44 ก้อน)	2 (44 ก้อน)	3 (44 ก้อน)	4 (44 ก้อน)	5 (44 ก้อน)
27/10/45	1500	700	1100	-	-
28/10/45	650	800	900	-	-
น้ำหนักรวมทั้งหมด	2,150	1,500	2,000	0	0
น.น. เฉลี่ยต่อก้อน	48.86	34.09	45.45	0	0

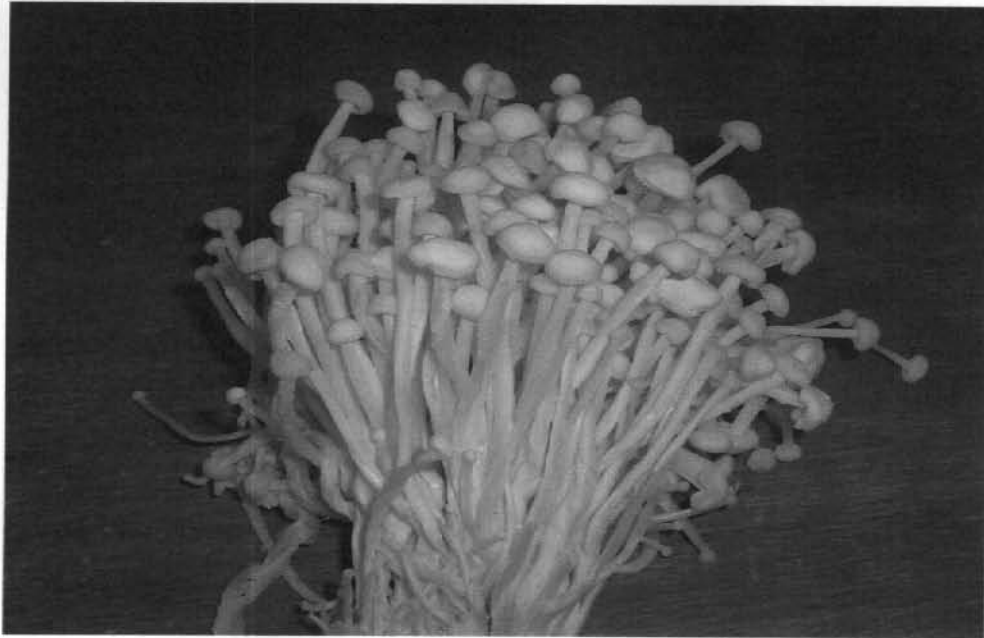
จากตารางที่ 11 พบว่า เห็ดเข็มเงินที่ได้ในการผลิตจะน้อยกว่าเห็ดเข็มทอง ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากเชื้อเห็ดเข็มเงินที่นำมาทำการทดลองไม่แข็งแรงพอ ทำให้เส้นใยที่ได้เดินไม่ได้เต็มที่เท่ากับเห็ดเข็มทองที่ทำพร้อม ๆ กัน



รูปที่ 54 การบ่มเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง



รูปที่ 55 การเปิดดอกเห็ดเข็มเงินและเข็มทอง



รูปที่ 56 ลักษณะของเข็มเงิน



รูปที่ 57 ลักษณะของดอกเห็ดเข็มทอง

สรุปผลการทดลอง

การผลิตเห็ดในปัจจุบันมักได้รับความสนใจมากขึ้นในเกษตรกรไทย เนื่องจากเห็ดสามารถใช้วัสดุเหลือใช้ทางการเกษตรเป็นแหล่งอาหาร ได้อย่างดี ประกอบกับประเทศไทยเป็นประเทศเกษตรกรรมจึงมีวัสดุเหลือใช้ทางการเกษตรเป็นจำนวนมาก ดังนั้นจึงเป็นทางเลือกที่ดีอย่างหนึ่งที่เกษตรกรจะนำวัสดุเหล่านั้นมาใช้ให้เกิดมูลค่าและประโยชน์ต่อไป นอกจากนี้กำลังการผลิตเห็ดเพื่อจำหน่ายขนาดใหญ่ภาคอุตสาหกรรมมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องมีการควบคุมคุณภาพอย่างดีพอและถูกต้อง เนื่องจากการถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่องในการเพาะเห็ดจะมีผลต่อการผลผลิตที่ลดลงและดอกเห็ดที่มีลักษณะผิดปกติอีกด้วย ดังนั้นการควบคุมคุณภาพจึงมีความสำคัญต่อการผลิตเห็ดในเชิงทางการค้า ซึ่งการทดลองนี้ได้ทำการศึกษาหาวิธีการตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ด โดยใช้เทคนิคทางชีวโมเลกุลเพื่อช่วยตรวจสอบคุณภาพเชื้อเห็ดก่อนนำไปใช้ในภาคการผลิตต่อไป และสามารถสรุปได้ว่า ITS 4- primer สามารถใช้ตรวจสอบความแตกต่างของผลชิ้น DNA โดยการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค PCR-RFLP ซึ่งสามารถแยกความแปรปรวนของชิ้นส่วน ITS ระหว่างการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 และครั้งที่ 3 ของเห็ดหูหนูได้ ในขณะที่เห็ดชนิดอื่น ๆ ไม่สามารถตรวจสอบความแตกต่างของชิ้น DNA ภายหลังจากถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่องเลย นอกจากนี้ความผิดปกติทางพันธุกรรมสามารถตรวจสอบด้วยการหาลำดับเบสจากชิ้น DNA ขนาด 600 คู่เบส โดยบ่งชี้ว่าการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 มีความแตกต่างกันอย่างชัดเจนกับการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 จากแผนที่การตัดของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf* I ซึ่งพบว่าการถ่ายเชื้อครั้งที่ 1 พบตำแหน่งเพียง 1 ตำแหน่งในการตัดคือที่ 300 คู่เบสแต่ในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 พบตำแหน่งในการตัดเพิ่มขึ้นเป็น 2 ตำแหน่ง คือ ตำแหน่งแรกที่ 327 คู่เบส และตำแหน่งที่ 587 คู่เบส จึงกล่าวได้ว่า ITS 4-5 primer และเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hinf* I สามารถใช้ตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมเห็ดได้และความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นในเห็ดหูหนูยังสามารถเกิด reversible genetic ดังเช่นในการถ่ายเชื้อครั้งที่ 4 ของเห็ดหูหนู

นอกจากนี้ยังได้นำมาตรวจสอบด้วย β -tubulin gene พบว่า β -tubulin gene สามารถใช้ตรวจสอบความผิดปกติของลักษณะดอกเห็ดได้ ดังเช่นในเห็ดหูหนูของการถ่ายเชื้อครั้งที่ 3 และเห็ดนางฟ้า ผลการศึกษาแนวโน้มของอัตราการเจริญและผลผลิตในเห็ดทั้ง 3 ชนิดพบว่าผลผลิตมีแนวโน้มลดลงและเชื้อเห็ดใช้ระยะเวลาเวลานานมากขึ้นในการเจริญบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA และในก้อนขี้เลื่อย ภายหลังจากถ่ายเชื้ออย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะเห็ดขอนขาว, เห็ดกระด้างและเห็ดนางฟ้า อย่างไรก็ตามสภาวะแวดล้อมภายในโรงเรือนก็มีผลต่อดอกเห็ดด้วย อาจเกิดดอกเห็ดที่มีลักษณะผิดปกติได้ ดังเช่นพบในเห็ดนางฟ้า ดังนั้นการควบคุมคุณภาพในทุกขั้นตอนของการผลิตเห็ดจึงมีบทบาทสำคัญต่อลักษณะปรากฏของดอกเห็ด

การผลิตเห็ดดินเรดโดยวัสดุเหลือใช้ทางการเกษตร สามารถสรุปได้ว่าดินอย่างเดียวเป็นวัสดุเพาะที่ดีที่สุดและภาชนะเพาะที่ดีที่สุดคือกระถางดิน โดยดินอย่างเดียวยังสามารถให้ผลผลิตสูงสุดคือ (575 น้ำหนักสด (g)/1 ภาชนะเพาะ) ที่ระดับความเชื่อมั่น 99% ในทุก ๆ main plot และ sub plot และการคลุมวัสดุเพาะด้วยฟางข้าวกับแกลบและไม่คลุมวัสดุเพาะ พบว่าไม่มีผลต่อผลผลิต นอกจากนี้ยังเห็นได้ว่าการผลิตเห็ดเชิงการค้าในประเทศไทยยังขาดการควบคุมคุณภาพเชื้อและการจัดการที่ดีในการดูแลสถานะแวดล้อมภายในโรงเรือน ซึ่งส่วนใหญ่จะอาศัยสภาพแวดล้อมในธรรมชาติเป็นตัวควบคุมสถานะในโรงเรือน ดังนั้นผลผลิตและคุณภาพของดอกเห็ดบางครั้งจึงไม่เป็นที่ต้องการของผู้บริโภค ซึ่งเทคนิคที่ใช้ในการวิจัยนี้อาจสามารถช่วยแก้ปัญหาการควบคุมคุณภาพเชื้อเห็ดได้

งานวิจัยในอนาคตควรมุ่งศึกษาด้านความแปรปรวนทางพันธุกรรมของเห็ดให้มากขึ้น โดยเฉพาะควรมุ่งศึกษาเฉพาะถึงกลุ่ม gene อื่น ๆ ด้วย เนื่องจากกระบวนการพัฒนาดอกเห็ดตั้งแต่คุ่มดอกขนาดเล็กจนกระทั่งเป็นดอกเห็ดที่สมบูรณ์มี gene ชุดอื่น ๆ เข้ามามีเกี่ยวข้องมากมาย

การผลิตเห็ดในโรงเรือนที่ควบคุมอุณหภูมิเห็ดที่นำมาศึกษาทดลองปลูก คือ เห็ดเข็มเงิน และเห็ดเข็มทองผลผลิตที่ได้จะเห็นว่านอกจากอุณหภูมิที่มีส่วนช่วยในการเจริญเติบโตของเห็ดแล้ว สูตรอาหารของเห็ดกับขนาดของก้อนเห็ดก็มีผลต่อการเจริญเติบโตและผลผลิตของเห็ดด้วย ในการทดลองผลิตเห็ดทั้งสอง พบว่า เห็ดเข็มทองจะให้ผลผลิตที่สูงกว่าเห็ดเข็มเงิน เฉลี่ย 100 กรัมต่อก้อน ขนาดของก้อนเห็ดถึงแม้ว่าเห็ดก้อนใหญ่จะให้ผลผลิตที่มากกว่า แต่ก็มากกว่าแค่ 26 กรัมต่อก้อนเท่านั้น ซึ่งถือว่าไม่แตกต่างกันมากนัก ถ้าในการทำเป็นอุตสาหกรรมจึงจริงสมควรที่จะทำก้อนเล็กมากกว่าเพราะจะช่วยประหยัดวัสดุคิบ และเพิ่มจำนวนก้อนในการเปิดเพื่อให้ได้ผลผลิตเพิ่มขึ้นอีกด้วย ส่วนสูตรอาหารจะพบว่าสูตรที่เหมาะสมกับการเพาะเห็ดเข็มเงิน-เข็มทอง คือ สูตรที่ใช้ขี้เถ้าอย่างพารา รำละเอียด น้ำตาลทรายแดง ดีเกลือและปูนขาว

เอกสารอ้างอิง

(References)

- วสันต์ เพชรรัตน์. 2522. การเพาะเห็ดตีนแรด. อ้างถึงใน ปัญญา โพธิ์รัฐรัตน์ และ กิตติพงษ์ สิริวานิชกุล. 2538. เทคโนโลยีการเพาะเห็ด. สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าคุณทหารลาดกระบัง : รั้วเขียว.
- Baldauf and Dolittle. 1997. Origin and evolution of the slime molds Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 94: 12007-12012. Quoted in Thon, M.R. and Royese, D.J. 1999. Partial β -tubulin gene sequences for evolutionary studies in the Basidiomycotina. Mycologia. 91(3): 468-474.
- Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. The Biology and Cultivation of Edible Mushroom. New York: Academic Press.
- Chiu, S.W., H.S. Kwan and S.C. Cheng. 1993. Application of arbitrariness-primed polymerase chain reaction in molecular studies of mushroom species with emphasis on *Lentinula edodes*. In: Culture Collection and Breeding of Edible Fungi, pp 265-284. Edited by Chang, S.T., J.A. Buswell and P.G. Miles, Philadelphia:Gordon and Breach Pub., Inc.
- Fritche, G. 1972. Example of the effectiveness of monospore culture selection as a breeding method in mushroom cultivation. Theor. Appl. Genet. 42: 62-64. Quoted in Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms. New York: Academic Press.
- Fritche, G. 1974. Gegevens over het thans verkrijgbare ras Horst B 30. Champignon culture. 18: 317-319. Quoted in Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms. New York: Academic Press.
- Hartl, D. 1988. Genetics. (3rd ed.). New York: Jones and Bartlett Publishers.
- Jonkowska, J. 1970. Analyse der Wechselbeziehungen zwischen der Myzelwachstumsdy namik Und dem Ertragsvermogen von Champignons, Beilage Champignon bau 22 in Deutsche Gartner post, Berlin. Quoted in Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms. New York: Academic Press.
- Kerrigan, R.W., J.C. Royer, L.M. Baller, Y. Kohli, P.A. Horgen J.B. Anderson. 1993. Meiotic behaviour and linkage relationships in the secondarily homothallic fungus, *Agaricus bisporus*. Genetics. 133:225-236.

- Kinugawa, K. and H. Furakawa, 1965. The fruit-body formation in *Collybia velutipes* induced by the lower temperature treatment of one short duration *Bot. Mag.* 78: 240-244. Quoted in Chang, S.T. and Hayes, W.A. 1978. *The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms.* New York: Academic Press.
- Kwan, H.S., S.W. Chiu, K.M. Pang and S.C. Cheng 1992. Strain typing in *Lentinula edodes* by polymerase chain reaction. *Experimental Mycology.* 16: 163-166.
- Muller, J. 1989. Enzymatic regulation of temperature dependent fruit body morphogenesis in *Pleurotus ostreatus*. *Mushroom Science XII (part I):* 139-149. Quoted in Putraporn and Wichain. 1997. Improvement of Gray Oyster Mushroom by Means of Hybridization. *Agriculture J.* 13(1): 9-18.
- Ogawa, M. 1964. Preliminary report on the nutrition of *Tricholoma matsutake* Singer and the Mycorrhizal relationship between the fungus and *Pinus densiflora*: 101-114. Quoted in Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. *The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms.* New York: Academic Press.
- Prescott, J.M. and M.F. Kernkamp, 1971. *Pl. Dis. Reprtr.* (55): 695-696.
- Smith, D. and A.H.S. Onions, 1994. *The Preservation and Maintenance of Living Fungi.* (2nd ed.). UK: Cab International.
- Thon, M.R. and D.J. Royle, 1999. Partial β -tubulin gene sequences for evolutionary studies in the Basidiomycotina. *Mycologia.* 91(3): 468-474.
- Tokimoto, K. and M. Komatsu, 1975. Nutritional aspects on fruit body development in replacement culture of *Lentinus edodes* in Japan. *Rep. Tottori Mycol. Inst.* 10: 371-376. Quoted in Chang, S.T. and W.A. Hayes, 1978. *The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms.* New York: Academic Press.
- Tonomura, T. 1978. Experimental control of fruit body formation in *A. bisporus*. *Growth-Differ.* 11: 164-177. Quoted in Chang, S.T. and Hayes, W.A. 1978. *The Biology and Cultivation of Edible Mushrooms.* New York: Academic Press.
- Vedder, P.J.C. 1975. Our experience with growing *A. bitorquis*. *J. Mushroom.* 32: 262-269.
- Wang, Z.S. and H.C. Wang. 1993. Progress of cultivation technique of *Agaricus bisporus* in China. In: *Mushroom Biology and Mushroom Products.* pp. 133-139. Edited by Chang, S., Buswell, J.A. and S.W. Chiu. The Chinese University Press, Hongkong.
- Welsh, H. and M. McClelland. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acid Research* 18: 7213-7218.

- Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Ratajski and S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primer are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Research*. 18: 6531-6535.
- Zadrazil, F. 1993. Conversion of lignocelloses into animal feed with white-rot fungi. In: *Mushroom Biology and Mushroom Products*. Pp. 151-160. Edited by Chang, S., Buswell, I.A. and S.W. Chiu. The Chinese University Press, Hongkong.
- Zhao, J. and H.S. Kwan, 1999. Characterization molecular cloning and differential expression analysis of laccase genes from the edible mushroom *Lentinula edodes*. *Appl. Environ. Microbiol.* 65: 4908-4913.