

## บทที่ 1

### คำนำ

เชื้อราในสกุล *Colletotrichum* พบแพร่กระจายไปทั่วโลก โดยเฉพาะอย่างยิ่งในเขตร้อน และกึ่งร้อน ประกอบด้วยกลุ่มของเชื้อราที่ดำรงชีวิตแบบ saprophytes และ parasite (เป็นสาเหตุของโรคพืช) จัดเป็นเชื้อราที่มีความสำคัญอย่างยิ่งชนิดหนึ่งทางเศรษฐกิจ เนื่องจากเป็นเชื้อราสาเหตุของโรคแอนแทรคโนสของพืชที่สำคัญหลายชนิด สามารถเข้าทำลายพืชได้ทุกระยะการเจริญ ตั้งแต่ระยะก่อนออกดอกจนถึงหลังการเก็บเกี่ยวผลผลิต ก่อให้เกิดโรคได้ทั้งในสภาพไร่นา และในโรงเก็บ ทำให้เกิดความเสียหายให้กับพืชเศรษฐกิจที่สำคัญๆ หลายชนิด เช่น เงาะ มะม่วง มะละกอ ขนุน กล้วย องุ่น สตรอเบอร์รี่ และฝรั่ง ฯลฯ ส่งผลให้ปริมาณ และคุณภาพลดลง และไม่เป็นที่ต้องการของตลาดทั้งในประเทศ และต่างประเทศ จัดเป็นปัญหาที่สำคัญยิ่งในการส่งออกของผลไม้ไทย (วิชัย, 2540)

การจัดจำแนกเชื้อราในกลุ่มนี้ ทำได้โดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยา เช่น ลักษณะของสปอร์ (conidia) การมีหรือไม่มี setae การสร้างส่วนขยายพันธุ์ (sclerotia) ที่ทนต่อสภาพแวดล้อม และลักษณะรูปร่างของ appressoria เป็นต้น โดยสามารถจัดเชื้อรา *Colletotrichum* ไว้ในอันดับ Melanconiales ซึ่งมีอยู่วงศ์เดียวคือ Melanconiaceae อย่างไรก็ตามการจัดจำแนกเชื้อราในกลุ่มนี้ ยังคงมีความสับสน ทั้งในระบะที่มีการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศที่จัดอยู่ในสกุล *Glomerella* และในระบะที่มีการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศซึ่งจัดอยู่ในสกุล *Colletotrichum* โดยพบว่ามีสมาชิกมากถึง 900 species ที่มีผู้รายงาน และอธิบายว่าอยู่ในสกุล *Colletotrichum* นี้ (Sutton, 1992)

จากการศึกษาในการเข้าทำลายพืชอาศัยของเชื้อรา *Colletotrichum* พบว่าเชื้อรานี้มีความเฉพาะเจาะจงต่อการเข้าทำลายพืชอาศัย กล่าวคือเชื้อราแต่ละสปีชีส์จะเข้าทำลายพืชอาศัยแต่ละชนิดที่แตกต่างกันไป ขณะเดียวกันพืชอาศัยหนึ่งๆ อาจถูกเชื้อรามากกว่าหนึ่งสปีชีส์เข้าทำลาย (Sutton, 1992) นอกจากนี้ยังพบว่าพืชอาศัยของเชื้อราดังกล่าวในประเทศไทยมีจำนวนมาก เช่น มะม่วง มะละกอ ขนุน ทูเรียน เงาะ ชมพู ฝรั่ง งามา องุ่น พุทรา สตรอเบอร์รี่ พริกไทย หอม กระเทียม ถั่วเหลือง ถั่วเขียว ฝ้าย ปอ ยางพารา และอ้อย ฯลฯ โดยที่พืชอาศัยต่างๆ เหล่านี้หลายชนิดไม่พบในประเทศแถบยุโรป และอเมริกา เช่น ฝรั่ง เงาะ ทูเรียน พุทรา และ ชมพู เป็นต้น ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสายพันธุ์ของเชื้อรา *Colletotrichum* ในประเทศไทยมีความหลากหลายมากกว่าในประเทศแถบอื่น ๆ ของโลก (นิพนธ์, 2535)

เนื่องจาก *Colletotrichum* จัดเป็นราที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ และมีผู้ศึกษาโดยใช้เป็นแบบ (model system) ถึงขบวนการในการเข้าทำลายพืช การกระตุ้นให้พืชสร้างสาร phytoalexins และกลไกในการต้านทานต่อโรคในพืช (Bailey *et al.*, 1992) อีกทั้งยังมีผู้นำเชื้อรานี้มาใช้เป็นสิ่งทดลองในการศึกษาทางด้านชีวเคมี ตลอดจนขบวนการต่างๆ ที่เกิดขึ้นในระดับชีวโมเลกุลอย่างกว้างขวาง (Bailey and Jeger, 1992) ด้วยเหตุนี้ ผู้วิจัยจึงเห็นสมควรเป็นอย่างยิ่งที่จะได้มีการเก็บรวบรวม และจัดจำแนกเชื้อราในกลุ่มนี้ในระดับโมเลกุล เพื่อนำมาใช้เป็นสิ่งทดลองในการศึกษาถึงความผันแปรทางพันธุกรรมของเชื้อราดังกล่าว เนื่องจากข้อมูลเหล่านี้ช่วยให้เกิดความรู้ความเข้าใจถึงวิวัฒนาการ และความผันแปรทางพันธุกรรมของเชื้อรานี้ให้เป็นที่ไปอย่างถูกต้อง ซึ่งใช้เป็นแนวทางในการตรวจสอบการแพร่กระจาย และการปนเปื้อนของเชื้อราที่ติดไปกับผลผลิตทางการเกษตรได้อย่างมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น อันจะส่งผลให้การป้องกันกำจัดโรคพืชเป็นที่ไปอย่างได้ผล อีกทั้งยังเป็นข้อมูลสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์พืชให้ ด้านทานต่อราในกลุ่มนี้เป็นอย่างดียิ่งอีกด้วย หากนักวิจัยดังกล่าวทราบถึงข้อมูลทางพันธุกรรมของเชื้อราในกลุ่มนี้อย่างถ่องแท้

#### วัตถุประสงค์

1. เก็บรวบรวมแยกเชื้อบริสุทธิ์ และจัดจำแนกชนิด เพื่อศึกษาความหลากหลายของสายพันธุ์ของเชื้อรา *Colletotrichum* spp. ที่เป็นสาเหตุโรคของพืชเศรษฐกิจที่สำคัญในเขตจังหวัดภาคเหนือของประเทศไทย
2. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราในสกุล *Colletotrichum* ที่เก็บรวบรวมไว้ โดยเปรียบเทียบ ลำดับเบสในตำแหน่ง internal transcribed spacers (ITS) ของ ribosomal DNA (rDNA) และจัดจำแนกโดยการสร้าง phylogenetic tree