

บทที่ 1

คำนำ

เชื้อราสกุล *Colletotrichum* เป็นเชื้อราสาเหตุของโรคในพืชสำคัญหลายชนิดเช่น ัญพืช ผัก และผลไม้ เชื้อสาเหตุสามารถแพร่กระจายได้ทั่วโลก โดยเฉพาะเขตร้อนและกึ่งร้อน (Bailey และคณะ, 1992) สามารถเข้าทำลายพืชได้ทุกระยะการเจริญเติบโต เป็นสาเหตุสำคัญของโรคหลังการเก็บเกี่ยว (postharvest disease) ในพืชหลายชนิด เนื่องจากลักษณะการเข้าทำลายแฝง (latent infection) ซึ่งจะแสดงอาการของโรคเมื่อผลผลิตอ่อนแอหรือสุกแล้วเท่านั้น ทำให้ยากต่อการวางแผนป้องกันกำจัด ก่อให้เกิดการสูญเสียรายได้เป็นจำนวนมากในแต่ละปี (Al Zaemey และคณะ, 1993 ; Munaut และคณะ, 1998) สำหรับประเทศไทยมีรายงานการเข้าทำลายของเชื้อรา *Colletotrichum* ในพืชหลายชนิด เช่น มะม่วง มะละกอ ขนุน ชมพู่ ฝรั่ง เงาะ สตรอเบอร์รี่ พุทรา ส้ม หอม กระเทียม งาม ถั่วเหลือง ถั่วเขียว เป็นต้น

เนื่องจากเชื้อราในสกุล *Colletotrichum* มีความผันแปรทางพันธุกรรมสูง มีพืชอาศัยกว้าง (wide host range) พืชอาศัยชนิดหนึ่งๆ ถูกเข้าทำลายจากเชื้อราในสกุล *Colletotrichum* ได้หลายสปีชีส์ ประกอบกับในปัจจุบันยังมีความรู้เกี่ยวกับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราในกลุ่มนี้น้อย (Manners และคณะ, 1992) ข้อจำกัดเหล่านี้ทำให้เป็นอุปสรรคต่อการวางแผนป้องกันกำจัด การกักกันโรค (quarantine) และการคัดพันธุ์ต้านทานโรคของนักปรับปรุงพันธุ์เป็นอย่างมาก โดยเฉพาะอย่างยิ่งเชื้อรา *Colletotrichum* ในประเทศไทย ซึ่งมีรายงานการก่อให้เกิดโรคในพืชหลายชนิด โดยที่พืชอาศัยบางชนิดไม่พบในแหล่งอื่นของโลก นับว่าเป็นแหล่งที่มีความผันแปรทางพันธุกรรมของเชื้อดังกล่าวสูงแห่งหนึ่ง จึงควรทำการศึกษาความทางพันธุกรรมของเชื้อดังกล่าว เพื่อให้ได้ข้อมูลที่จะนำมาประกอบการวางแผนการวางแผนป้องกันกำจัด การกักกันโรค และการคัดพันธุ์ต้านทานให้มีประสิทธิภาพต่อไป (วิชัย, 2541)

การจัดจำแนกเชื้อราในสกุล *Colletotrichum* มักพิจารณาจากลักษณะทางสัณฐานวิทยา (morphology) ความจำเพาะเจาะจงต่อพืชอาศัย (host specificity) ความสามารถในการทำให้เกิดโรคในพืชทดสอบ (differential cultivar) และรูปแบบของการเป็นปรสิต (mode of parasitism) (Sutton, 1992; Sherriff และคณะ, 1994; O'Neil และคณะ, 1997; Gonzales และคณะ, 1997) แต่หลักเกณฑ์ดังกล่าวยังไม่สามารถใช้จำแนกเชื้อรา *Colletotrichum* ได้ดีพอ โดยเฉพาะอย่างยิ่ง

ในเชื้อราบางสปีชีส์ เช่น *C. gloeosporioides*, *C. dematium* และ *C. lindemuthianum* ซึ่งเป็นเชื้อราที่มีความผันแปรภายในสปีชีส์สูง (Sutton, 1992) ลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางลักษณะที่ตรวจพบไม่สามารถจำแนกได้ว่าอยู่สปีชีส์ใด บางลักษณะเมื่อทำการจัดจำแนกแล้วสามารถจัดได้หลายสปีชีส์เนื่องจากมีลักษณะคาบเกี่ยวระหว่างสปีชีส์ นอกจากนี้วิธีการดังกล่าวยังเป็นวิธีการที่ยังยากใช้เวลานาน อาศัยประสบการณ์และวิจารณญาณของผู้ทดลอง อีกทั้งลักษณะต่างๆ ที่ใช้ในการจัดจำแนกยังผันแปรไปได้ ขึ้นอยู่กับอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อม ก่อให้เกิดความสับสนในการจำแนกและการศึกษา (Freeman และคณะ, 1993)

ด้วยเหตุนี้ ผู้วิจัยจึงได้พยายามทำการจัดจำแนกเชื้อราในกลุ่มนี้ โดยอาศัยวิทยาการด้านอณูชีววิทยา เนื่องจากในปัจจุบันวิชาการด้านนี้ได้เข้ามามีบทบาทในการศึกษาวิจัยทางโรคพืชเพิ่มมากขึ้น โดยเฉพาะอย่างยิ่งการศึกษาแบบแผนลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) ที่ใช้ในการจัดจำแนก และศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราได้เป็นอย่างดี เป็นวิธีการที่ได้รับการยอมรับว่ามีประสิทธิภาพและแม่นยำ มีความน่าเชื่อถือ สามารถใช้นำมาใช้จัดจำแนกเชื้อราสาเหตุโรคพืชที่มีความผันแปรสูง เช่น เชื้อราในสกุล *Colletotrichum* ได้ การทดลองในครั้งนี้จึงศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาร่วมเทคนิคลายพิมพ์ดีเอ็นเอ เพื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อรา *Colletotrichum* ที่แยกได้จากพืชอาศัยต่างชนิด

วัตถุประสงค์ของการศึกษา

1. จัดจำแนกเชื้อรา *Colletotrichum* spp. ที่รวบรวมจากแหล่งต่างๆ โดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยา
2. หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อรา *Colletotrichum* spp. โดยใช้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค AFLP