

บทที่ 1

บทนำ

เชื้อร้าเปี๊ง (Powdery mildew) จัดเป็นสาเหตุโรคพืชที่สำคัญชนิดหนึ่ง เนื่องจากเข้าทำลายพืชได้หลายชนิด เช่น ข้าวพืช ไม้ดอกไม้ประดับ พืชผัก และไม้ผล เป็นต้น พบได้ทั่วไปในเขตหนาว เขตอบอุ่น เขตร้อน และพื้นที่ที่มีความชื้นสูง มีการดำรงชีวิตเป็นปรสิตตัวร (obligate parasite) ไม่สามารถเพาะเลี้ยงบนอาหารเดียวเชื่อได้ การแพร่ระบาดของเชื้อร้าเปี๊งนั้น เกิดขึ้นในช่วงอุณหภูมิที่ต่าง ๆ กัน โดยอาศัย ลม แมลง และน้ำฝน เป็นต้น ซึ่งสามารถเข้าทำลายพืชได้ตลอดทั้งปี และทุกระยะการเจริญเติบโตของพืชอาศัย (Agrios, 1988)

การจัดจำแนกเชื้อร้าเปี๊งส่วนใหญ่ในอดีต ใช้วิธีการจัดจำแนกตามลักษณะสัณฐานวิทยา (morphology) ของการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (teleomorph) (Spencer, 1978) ได้แก่ จำนวน ascus ต่อหนึ่ง ascocarp และโครงสร้างของ appendage เป็นหลักในการจัดจำแนก ซึ่งหลักการดังกล่าวได้ถูกยืนยันว่าเป็นที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลาย ในทางตรงกันข้ามลักษณะของการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศกลับถูกละเลย และไม่ถูกนำมาใช้ในการจัดจำแนกโดยนักวิทยาทั่วโลก ด้วยเหตุนี้ ทำให้ลักษณะของ appendage ถูกยกระดับความสำคัญมากเกินความจำเป็น และก่อให้เกิดความสับสนขึ้น แต่เนื่องจากเชื้อร้าเปี๊งหลายชนิดยังไม่พบการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (teleomorph) (Guadet *et al.*, 1989) โดยเฉพาะเชื้อร้าเปี๊งที่พบในประเทศไทย (Giatgong, 1980) ประกอบกับในปัจจุบัน Braun *et al.* (2002) ได้เสนอแนวทางการจัดจำแนกเชื้อร้าเปี๊งแบบใหม่ ซึ่งอาศัยลักษณะสัณฐานวิทยาของการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศเป็นหลักในการจัดจำแนก เช่น ลักษณะของ mycelium, appressorium, การสร้าง conidia ที่เป็นแบบเดี่ยว (single) หรือต่อ กันเป็นสายโซ่ (chain), ลักษณะของ foot cell ที่เกิดบนก้าน conidiophore, การมีหรือไม่มี fibrosin body ของ conidia, ขนาดและรูปร่างของ conidia และลักษณะของ germ tube (Boesewinkel, 1980b; Shin, 1988 อ้างโดย Shin, 2000) เป็นต้น โดยเขาได้อธิบายว่า มูลเหตุสำคัญของการจัดจำแนกเชื้อร้าเปี๊งแบบใหม่นี้ เป็นจากการลักษณะต่าง ๆ ของการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศนั้น นับเป็นลักษณะที่มีความสำคัญในการจัดจำแนกชนิดในระดับ genus และมีความเกี่ยวข้องกับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogeny) ของเชื้อร้าเปี๊งมากกว่าลักษณะของการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศที่เคยใช้กันมาในอดีต โดยลักษณะของการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศได้ถูกลดระดับลงมาใช้ในการจัดจำแนกในระดับ species แทน ซึ่งการจัดจำแนกแบบใหม่นี้ ก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงไปจากการจำแนกแบบเดิมอย่างมาก และยังไม่เป็นที่เข้าใจกันนักในกลุ่มคนที่ไม่ได้เป็นนักอนุกรมวิธาน (non-taxonomist) อย่างไรก็ตาม Braun *et al.* (2002) ได้ให้เหตุผลว่า การเปลี่ยนแปลงดังกล่าวนั้นเป็นผลมาจากการก้าวหน้าทางด้านวิทยาศาสตร์

อย่างแท้จริง ทั้งนี้เป็นผลมาจากการพัฒนาการของกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องร้าด (Scanning electron microscope) และการนำเทคนิคทางเคมีวิทยามาใช้ร่วมในการศึกษา ทำให้สามารถจัดจำแนกเชื้อรากึ่งออกเป็น 13 genus (Cook *et al.*, 1997; To-anun *et al.*, 2002 อ้างโดย ขัยวัฒน์, 2546) โดยเชื้อรากึ่งออกแบ่งตามลักษณะการเจริญของเส้นใยได้เป็น 2 ประเภท คือ เชื้อรากึ่งพากที่มีการเจริญของเส้นใยอยู่ที่ผิวภายนอกพืชอาศัย มีลักษณะเป็น ectophytic mycelium โดยเชื้อรากในกลุ่มนี้ได้รับอาหารจากการสั่งโครงสร้างพิเศษที่เรียกว่า haustorium เข้าไปภายใน epidermal cell ของพืชอาศัยเพื่อคัดกินอาหารจากเซลล์พืช เชื้อรากในกลุ่มนี้มีเพียง genus เดียว คือ genus *Oidium* ส่วนอีกประเภทหนึ่งเป็นเชื้อรากึ่งที่มีเส้นใยส่วนหนึ่งเป็น endophytic mycelium กล่าวคือ เชื้อรากึ่งในกลุ่มนี้จะสร้างเส้นใยเจริญเข้าไปในปากใบของพืชอาศัย และสร้าง haustorium ตั่งเข้าไปคัดกินอาหารจากเซลล์ที่อยู่ภายใน โดยไม่พบรากฐานที่ด้านใต้ใบพืช (hypophylloous) เนื่องจากเป็นบริเวณที่มีปากใบมากกว่าด้านบนในเชื้อรากในกลุ่มนี้ ได้แก่ เชื้อรากึ่งใน Tribe Phyllactinieae ซึ่งมีสมาชิกรวมทั้งสิ้น 3 genus คือ *Ovulariopsis*, *Oidiopsis* และ *Streptopodium*

สำหรับเชื้อรากึ่งใน Tribe Phyllactinieae ในระดับการลีบพันธุ์แบบไม่ออาศัยเพศจัดอยู่ใน Class Deuteromycetes, Order Moniliales, Family Moniliaceae เชื้อรากึ่งเหล่านี้เป็นเพียงกลุ่มเดียวที่มีเส้นใยแบบ endophytic (Braun, 1987) ซึ่งจากการสำรวจในประเทศไทยที่ผ่านมา (คทาวุฒิ, 2545; พงษ์เทพ, 2545; พิชิต, 2545; วนิดา, 2546; ฉุธิน, 2545 และ Kom-un, 2003) เชื้อรากึ่งในกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ไม่พบการลีบพันธุ์แบบอาศัยเพศ โดยพบเพียง 2 genus ได้แก่ genus *Ovulariopsis* และ genus *Oidiopsis* ส่วน genus *Streptopodium* นั้นยังไม่มีรายงานพบแรร์ระบาดในประเทศไทย แต่มีรายงานว่าพบ *Streptopodium* รวม 5 species ในทวีปอเมริกาเหนือ อเมริกาใต้ และแอฟริกาใต้ ส่วนในทวีปเอเชียมีรายงานว่าพบในประเทศไทยจีน อินเดีย ญี่ปุ่น เกาหลี ไต้หวัน และปากีสถาน (Braun, 1982; Kimbr. & Korf., 1963; Zheng & Chen, 1978 อ้างโดย Braun, 1987) เป็นต้น ซึ่งเชื้อรากึ่งในกลุ่มนี้พบว่าเริ่มมีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย เนื่องจากสามารถเข้าทำลายพืชเศรษฐกิจที่สำคัญหลายชนิด เช่น พริก หม่อนและ ปอสา เป็นต้น โดยเชื้อรากึ่งในกลุ่มดังกล่าวมีลักษณะทางสัมฐานวิทยาที่แตกต่างกันในแต่ละ genus ได้แก่ รูปร่าง ขนาดของ conidia และ conidiophore (Shin, 2000) เป็นต้น และยังมีลำดับ步ที่แตกต่างกันอีกด้วย (Takamatsu, 2005; personal communication) เช่นในกรณีของเชื้อรากึ่งที่พบบนคุน (Cassia fistula) ซึ่งสร้าง conidia ที่มีขนาดเล็กกว่าเชื้อรากึ่งทั่วไปที่จัดอยู่ใน genus *Ovulariopsis* และมีรูปร่างที่แตกต่างกันออกไป นอกจากนี้ conidiophore ยังมีขนาดที่ค่อนข้างสั้นกว่าอีกด้วย ซึ่งลักษณะดังกล่าวคล้ายคลึงกับเชื้อรากึ่งที่จัดอยู่ใน genus *Oidium* subgenus *Pseudoidium* จากการศึกษาต่อมาพบว่าในช่วงปลายฤดูร้อนบางปี เชื้อรากึ่งชนิดนี้มีการสร้าง ascomata แบบเดียวกับเชื้อรากึ่งใน genus *Phyllactinia* ซึ่งก่อให้เกิดความสับสนว่าเชื้อรากึ่งที่มีการสร้าง conidia จะเป็นเชื้อราก

ราແປ່ງໜິດເດືອກກັບທີມການສ້າງ ascomata ຮູ່ອໍໄມ່ ເພຣະຕລອດຮະບະເວລາທີ່ຜ່ານມາເຊື້ອຮາແປ່ງທີ່ເຂົ້າ
ທໍາລາຍຄຸນຍັງໄມ່ພົບການສ້າງ conidia ທີ່ມີລັກຍະນະເຫັນເດືອກກັບ conidia ຂອງເຊື້ອຮາ *Phyllactinia* (ສ້າງ
conidia ແບບເດືອກ ຮູ່ປ່າງ clavate, oblanceolate, rhomboid ຮູ່ອ່າ angular ຜຶ່ງກາຍໃນ conidia ໄມໝີ fibrosin
body ສ້າງ appressorium ແບບ lobed ເນື້ອ conidia ຂອກສ້າງ germ tube ແບບ polygoni type) ຜຶ່ງທາກຈະ
ຕຽບສອບວ່າເຊື້ອຮາດັ່ງກ່າວເປັນໜິດເດືອກກັບທີ່ໄມ່ນັ້ນຈຳເປັນຕົ້ນທີ່ໄມ່ເປັນ
ໂຮກຊື່ງເປັນເຮືອງທີ່ທໍາໄດ້ຢາກ ຈຶ່ງມີຄວາມຈຳເປັນທີ່ຈະຕົ້ນນຳເຖິງການດ້ານອຸ້ນຊີວິທິຍານາຫ່ວຍໃນການ
ຕຽບສອບ

ສໍາໜັບເຖິງການດ້ານອຸ້ນຊີວິທິຍາໄດ້ເຂົ້າມານີ້ທາງໃນການສຶກຍາ ແລະ ວິນິຈລັບໂຮກພື້ອຍ່າງ
ກວ້າງຂວາງ ແລະ ມີແນວໂນັ້ນສາມາດນຳມາປະຍຸກຕີໃໝ່ໃນຈາກຕ່າງ ๆ ມາກເຊັ່ນເປັນລຳດັບ ປັຈຈຸບັນນິຍມ
ນຳມາໃຫ້ໃນການຕຽບສອບສາຍພັນຮູ້ອອກລົ່ງມີຊີວິດຈຳນວນມາກ ນອກຈາກນີ້ຍັງສາມາດນຳມາໃຫ້ໃນການຈັດ
ຈຳແນກໜິດຂອງເຊື້ອຮາ ແລະ ອາວິວັດນາກາຮ້ອງວິເຄຣະໜ້າກາວມາສັນພັນຮັກທາງພັນຮູ້ກຣມຂອງເຊື້ອຮາໄດ້ອີກ
ຕ້ວຍ

ຕ້ວຍເຫດຸນີ້ ການສຶກຍາວິຈັຍໃນກົງນີ້ຈຶ່ງມູ່ທີ່ຈະສໍາຮວັງ ເກີນຮວບຮຸມ ແລະ ຈຳແນກໜິດຂອງເຊື້ອຮາແປ່ງ
ໃນ Tribe Phyllactinieae ໂດຍການຈັດຈຳແນກໜິດຈະອາສີລັກຍະນະສັນຮຸານວິທິຍາຂອງການສືບພັນຮູ້ແບບໄໝ່
ອາສີເພີເປັນຫຼັກໃນການຈັດຈຳແນກ ລ່ວມກັບເຖິງການທາງອຸ້ນຊີວິທິຍາ ໂດຍເປີຍບົດລຳດັບເບັນສຕຽງ
ຕຳແໜ່ງ rDNA ຂອງເຊື້ອຮາແປ່ງໃນກຸລຸ່ມດັ່ງກ່າວ ທັງນີ້ຈະທຳການເປີຍບົດລຳດັບເບັນສຕຽງໃນ Tribe
Phyllactinieae ທີ່ຮວບຮຸມໄດ້ຈາກຕ່າງປະເທດອີກຕ້ວຍ ເພື່ອຊ່ວຍແກ້ປັ້ງຫາໃນການຈັດຈຳແນກ ແລະ ໃຊ້ສຶກຍາ
ກາວມາສັນພັນຮັກທາງພັນຮູ້ກຣມຂອງເຊື້ອຮາແປ່ງໃນກຸລຸ່ມດັ່ງກ່າວທີ່ພົບນັນພື້ນອາສີໜິດຕ່າງໆ