

บทที่ 1

บทนำ

เชื้อราแป้ง genus *Oidium* subgenus *Fibroidium* มีลักษณะสำคัญ คือ สร้าง conidia ต่อกันเป็นสายโซ่ (chain-type) ภายใน conidia มี fibrosin body สร้าง conidia ชนิดเดี่ยว บริเวณเส้นใยพบ appressoria ที่มีรูปร่างไม่แตกต่างจากเส้นใยปกติ (indistinct) หรือ nipple-shaped เมื่อ conidia งอกสร้าง germ tube แบบ fuliginea-type หรือ pannosa-type ส่วนในระยะเวลาการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (teleomorph) จัดอยู่ใน genus *Podosphaera* ซึ่งสร้างเพียง 1 ascus ใน 1 ascoma มี appendage แบบ dichotomously branch หรือ myceliod (ชัยวัฒน์, 2546) ในอดีตใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศเป็นหลักเกณฑ์ในการจัดจำแนกชนิดของเชื้อราแป้ง ซึ่งได้จัดเชื้อราแป้ง genus *Podosphaera* อยู่ใน tribe Cystothecaceae ที่ประกอบด้วย genus *Cystotheca*, *Podosphaera* และ *Sphaerotheca* (Braun, 1987, 1995) แต่ในปี ค.ศ. 2000 Braun และ Takamatsu ได้นำข้อมูลลักษณะของการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ และไม่อาศัยเพศ ร่วมกับข้อมูลทางพันธุกรรมจำแนกชนิดของเชื้อราแป้งใหม่ ทำให้จัดกลุ่มเชื้อราแป้ง genus *Podosphaera* อยู่ใน tribe Cystothecaceae, subtribe Cystothecianae ที่ประกอบด้วย section *Podosphaera* และ *Sphaerotheca* ซึ่งเชื้อราแป้งกลุ่มนี้สามารถเข้าทำลายพืชได้ทุกการเจริญเติบโตของพืชอาศัย และเข้าทำลายได้ตลอดทั้งปี โดยพืชอาศัยส่วนใหญ่ของเชื้อราแป้งกลุ่มนี้คือ พืชตระกูล Rosaceae เช่น กุหลาบ บัวย ท้อ และสตอเบอรี่ เป็นต้น อีกทั้งมีพืชตระกูลอื่นๆ เช่น แดง งา และวัชพืชหลายชนิด (Amano, 1992) แต่ในประเทศไทยเชื้อราแป้งมีเฉพาะการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศเท่านั้น ซึ่งการจัดจำแนกเชื้อราแป้งที่ถูกต้องและแม่นยำ ต้องใช้ข้อมูลของลักษณะทางสัณฐานวิทยาของการสืบพันธุ์ทั้ง 2 แบบร่วมกัน จึงต้องศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Phylogenetic tree) ของเชื้อราแป้งในระยะเวลาการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ เพื่อเปรียบเทียบกับเชื้อราแป้งที่มีการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ โดยใช้เทคนิคด้านอณูชีววิทยาช่วยในการตรวจสอบซึ่งในปัจจุบันเทคนิคด้านอณูชีววิทยา เช่น การวิเคราะห์ isozyme, DNA/DNA hybridization, electrophoretic karyotyping, Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) และ DNA sequencing ถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Phylogenetic analysis) ของสิ่งมีชีวิตหลายชนิด อย่างไรก็ตามบางเทคนิคไม่สามารถใช้

เลี้ยงเชื้อได้ และปริมาณ DNA ของเชื้อราแป็งที่ได้จากตัวอย่างพืชสด หรือตัวอย่างแห้งมีไม่เพียงพอต่อการวิเคราะห์ (Hirata and Takamatsu, 1996) แต่ White *et al.* (1990 อ้างโดย Takamatsu, 2004) ได้พัฒนาเทคนิค DNA sequencing โดยเพิ่มปริมาณ rDNA และหาลำดับเบสโดยตรงจากผลผลิตของปฏิกิริยา PCR ซึ่งเป็นเทคนิคที่ดีในการศึกษาถึงวิวัฒนาการ และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราแป็ง เพราะสามารถใช้เชื้อราแป็งที่มีปริมาณน้อยในการวิเคราะห์ลำดับเบสได้ ด้วยเหตุนี้ในการทดลองครั้งนี้ผู้วิจัยจึงได้นำเทคนิคการวิเคราะห์ลำดับเบส (rDNA sequencing) เพื่อใช้ในการจัดจำแนกเชื้อราแป็งใน genus *Oidium* subgenus *Fibroidium* และศึกษาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราแป็งที่พบบนพืชอาศัยชนิดต่างๆ



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved