

คุณพล ไชยพงษ์ 2556: การตรวจสอบและระบาดวิทยาของเชื้อไวรัส *Pineapple mealybug wilt-associated virus* สาเหตุโรคเหี่ยวของสับปะรดในประเทศไทย ปรินญาวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัย (โรคพืช) สาขาวิชาโรคพืช ภาควิชาโรคพืช อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์
หลัก: รองศาสตราจารย์อำไพวรรณ ภราดรน์วัฒน์, วท.ค. 113 หน้า

โรคเหี่ยวเป็นโรคที่มีความสำคัญกับการปลูกสับปะรดทั่วโลก ซึ่งมีสาเหตุมาจากเชื้อไวรัส *Pineapple mealybug wilt-associated virus* และมีเพลี้ยแป้งสับปะรดเป็นแมลงพาหะ (*Dysmicoccus brevipes*.) งานวิจัยในครั้งนี้มีการเก็บตัวอย่างสับปะรดที่แสดงอาการอาการใบแดง (Reddening leaves) อาการใบด่าง (Mottling leaves) อาการลำต้นแคระแกร็น (Dwarf) และอาการเหี่ยว (Wilt) จากทุกภาคของประเทศไทย ซึ่งการพัฒนาอาการของโรคจะเกี่ยวข้องกับสภาพอากาศและประชากรของเพลี้ยแป้งสับปะรด นำตัวอย่างมาตรวจสอบด้วยเทคนิค RT-PCR โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีนห่อหุ้มอนุภาคของไวรัส PMWaV1 และ PMWaV2 ได้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาด 774 และ 909 คู่เบส ตามลำดับ โดยพันธุ์สับปะรดที่ทำการตรวจสอบได้แก่ พันธุ์ปัตตาเวีย นางแล ห้วยมุ่น และเพชรบุรี พบตัวอย่างที่มีเชื้อไวรัสร้อยละ 26.71 จากตัวอย่างทั้งหมด 595 ตัวอย่าง ตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนห่อหุ้มอนุภาคไวรัสในประเทศไทยเมื่อเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของประเทศสหรัฐอเมริกาพบมีความเหมือนร้อยละ 97 และเมื่อเปรียบเทียบกับลำดับกรดอะมิโนพบมีความเหมือนเท่ากับร้อยละ 98 ลำดับนิวคลีโอไทด์ยีน coat protein ของไวรัส PWaV2 มีค่าความเหมือนเท่ากับร้อยละ 98 และลำดับ กรดอะมิโนมีค่าความเหมือนเท่ากับร้อยละ 99 ตามลำดับ ตรวจสอบการถ่ายทอดเชื้อไวรัส PMWaV ผ่านทางการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อพบว่า ไวรัสสามารถถ่ายทอดจากตาที่นำมาเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อคิดเป็นร้อยละ 48 จากทั้งหมด 140 ตัวอย่าง หาลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ Partial genome ทั้งหมด 6693 คู่เบส จากทั้งหมด 13,100 คู่เบส ในตำแหน่ง ORF1 ประกอบไปด้วยยีน helicase, RNA dependant RNA polymerase genes, partial CDS, unknown protein gene และ heat shock 70-like protein gene, partial CDS เมื่อเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีรายงานใน Genbank accession number AF414119 มีความเหมือนกันร้อยละ 94 ซึ่งเป็นรายงานครั้งที่มีการทำ Partial genome ของ PMWaV1