

จากการสำรวจและเก็บตัวอย่างใบข้าวโพดที่เป็นโรคใบไหม้แผลใหญ่จากพื้นที่ปลูกบางแห่งในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สามารถนำมาแยกเชื้อให้บริสุทธิ์โดยวิธี tissue transplanting และแยกโคโคเนียเดี่ยวได้จำนวนไอโซเลตรวม 32 ไอโซเลต จาก 8 พื้นที่ปลูกในเขตจังหวัดดังต่อไปนี้ คือ หนองบัวลำภู เลย ชัยภูมิ หนองคาย สกลนคร อุดรธานี ขอนแก่น และศรีสะเกษ เมื่อศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและอัตราการเจริญของเชื้อราบนอาหาร Potato Dextrose Agar พบว่าโคโคเนียของเชื้อรามีสีเขียวขี้ม้า เจริვნ้ำตาล เจริวเทา ขาวเทา เทา และเทาเข้มเกือบดำ โคโคเนียมีสีเขียวขี้ม้า หรือเจริญน้ำตาล ลักษณะ obclavate ตรงหรือโค้งเล็กน้อย ส่วนกว้างที่สุดอยู่บริเวณเกือบกลาง ขนาดกว้างและยาวเฉลี่ย $17.5\text{--}23.6\text{ }\mu\text{m}$ และ $80.6\text{--}95.6\text{ }\mu\text{m}$ ตามลำดับ มีผนังกันตามขวาง 3-7 อัน มีอัตราการเจริญเฉลี่ย 0.98 cm/วัน อย่างไรก็ตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาอาจไม่สามารถบ่งชี้ให้แน่ชัดได้ว่าเชื้อราดังกล่าวเป็น *Exserohilum turcicum* ซึ่งเป็นสาเหตุของโรคใบไหม้แผลใหญ่ในข้าวโพด ดังนั้นจึงนำเชื้อราจำนวน 8 ไอโซเลต ซึ่งใช้เป็นตัวแทนของแต่ละพื้นที่ที่เก็บตัวอย่าง มาใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณ ITS1-5.8S-ITS2 rDNA และหาลำดับนิวคลีโอไทด์ เพื่อเปรียบเทียบความคล้ายคลึงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล GenBank จากนั้นสร้างต้นไม้ความสัมพันธ์ (phylogenetic tree) พบว่าเชื้อราทั้ง 8 ไอโซเลตที่มาจากต่างพื้นที่ก็ถูกจัดเป็นกลุ่มเดียวกันและมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ *E. turcicum* (AF163067) มากที่สุด ดังนั้นด้วยวิธีนี้อาจยืนยันการบ่งชี้ได้ว่าเชื้อราทั้ง 8 ไอโซเลตที่ศึกษานี้เป็น *E. turcicum* และเมื่อนำเชื้อราทั้ง 8 ไอโซเลตมาทดสอบความสามารถในการทำให้เกิดโรคในข้าวโพดข้าวเหนียวพันธุ์แท้ (สายพันธุ์ 209, 216 และ 241) และข้าวโพดหวานพิเศษ (พันธุ์ไฮบริด 03 และไฮบริด 17) พบว่าไอโซเลต L1/1 และ SN1/3 มีรูปแบบความรุนแรงของเชื้อเหมือนกัน และมีความรุนแรงต่อข้าวโพดข้าวเหนียวพันธุ์แท้สายพันธุ์ 216 แต่ไม่รุนแรงต่อสายพันธุ์/พันธุ์อื่นๆ ในขณะที่ไอโซเลตที่เหลือไม่รุนแรงต่อข้าวโพดที่ใช้ทดสอบ

สำหรับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อรา *E. turcicum* จำนวน 23 ไอโซเลต โดยอาศัยข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเทคนิค AFLP โดยใช้คู่ไพรเมอร์ *EcoRI*-AAC/*MseI*-C, *EcoRI*-AAG/*MseI*-C และ *EcoRI*-AG/*MseI*-CC พบว่าได้แถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่าง (polymorphic band) จำนวน 36 แถบ คิดเป็นร้อยละ 34.29 ของจำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด เมื่อนำข้อมูลแถบดีเอ็นเอมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงตามวิธีของ Dice และจัดกลุ่มความสัมพันธ์โดยวิธี UPGMA (unweighted pair group method by arithmetic mean) ทำให้สามารถแบ่งกลุ่มของเชื้อราได้เป็น 5 กลุ่มที่ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงของ Dice เท่ากับ 0.70

Northern Leaf Blight diseased maize leaves were collected from 8 locations of maize fields in northeastern Thailand: Nong Bua Lam Phu, Loei, Chaiyaphum, Sakon Nakhon, Nong Khai, Udon Thani, Khon Kaen and Sri Sa Ket. The fungi were isolated using tissue transplanting method and 32 monoconidial cultures were obtained. The morphological characteristics of the tested fungi on Potato Dextrose Agar (PDA) were greenish, brownish, whitish with a grayish tint. Conidia were obclavate, straight or slightly curved, widest near the middle. The dimension of the conidia range from 17.5-23.6 μm in width and 80.6-95.6 μm in length with 4-8 transverse septa. The growth rate on PDA range from 0.447-1.623 cm/day (average 0.98 cm/day). Because the fungi could not be identified based on only their morphology, 8 representative isolates were characterized in detail by using nuclear ribosomal DNA (ITS1-5.8S-ITS2 rDNA) in order to identify these isolates on the basis of the nucleotide sequences and all of them were identified as *Exserohilum turcicum*. These isolates were evaluated for pathogenicity on waxy corn (line 209, 216, 241) and super sweet corn (variety Hybrix03, Hybrix17). Isolate L1/1 and SN1/3 were virulent on line 216 whereas the others were avirulent on the tested maize lines.

Genetic diversity among 23 isolates were investigated with DNA fingerprinting by Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) technique. A total of 36 polymorphic bands were obtained using 3 primer combinations (*EcoRI*-AAC/*MseI*-C, *EcoRI*-AAG/*MseI*-C and *EcoRI*-AG/*MseI*-CC). The dendrogram derived by cluster analysis using unweighted pair group method using an arithmetic average (UPGMA) with Dice's similarity coefficient showed that all of the tested fungi can be divided into 5 groups at a similarity coefficient of 0.70.