

บทที่ 1

บทนำ

Fusarium จัดเป็นเชื้อราที่มีความสำคัญทางด้านการเกษตรชนิดหนึ่ง เนื่องจากสามารถเข้าทำลายพืชได้หลายชนิด ทำให้พืชเกิดอาการ ดันกล้าไหม้ รากเน่า โคนลำต้นแห้ง หรือ กอเน่าแห้ง ผลแห้ง เป็นต้น แต่ความรุนแรงและความเสียหายเนื่องจากเชื้อรา *Fusarium* spp. ที่ทำให้เกิดอาการเหี่ยว (wilt) พบว่ามีความสำคัญมากที่สุด ทั้งนี้เพราะ โรคนี้มักเกิดกับพืชได้ทุกระยะของการเจริญเติบโต ตั้งแต่ระยะกล้าจนถึงระยะเก็บเกี่ยว (จิระเดช, 2532) *Fusarium oxysporum* Schlecht. เป็นเชื้อราสาเหตุที่ทำให้เกิดโรคเหี่ยว (wilt disease) ซึ่งมีความสำคัญทางเศรษฐกิจมากที่สุดกลุ่มหนึ่งของเชื้อรา *Fusarium* เนื่องจากมีการแพร่กระจายอยู่ในดินทั่วโลก (Gerlach and Nirenberg, 1982) และสามารถเข้าทำลายพืชปลูกมากกว่า 100 สปีชีส์ (Armstrong and Armstrong, 1981) เช่น ข้าว มันฝรั่ง มะเขือเทศ แกลดิโอลัส และคาร์เนชั่น ฯลฯ โดยมีรายงานถึงอาการเหี่ยวของพืชว่าเกิดจากเส้นใยของเชื้อราเข้าไปอุดตันเนื้อเยื่อบริเวณท่อน้ำ ท่ออาหาร (vascular tissue) (Barnett, 1972) และนอกจากนี้เชื้อรายังสร้างเอนไซม์ออกมาย่อยสลายผนังเซลล์ของ vascular tissue ให้ปลดปล่อยสารอาหารออกมาเพื่อใช้ในการเจริญเติบโต (Schumann, 1993) ทำให้การขนส่งน้ำขึ้นไปเลี้ยงลำต้นไม่เพียงพอจึงทำให้พืชแสดงอาการเหี่ยวออกมาให้เห็น *Fusarium* เป็นเชื้อราที่อยู่ได้ทั้งในดินและเศษซากพืช ในสภาวะที่ไม่เหมาะสมจะอยู่ในสภาพของเส้นใยที่พักตัว (dormant hypha) ราชชนิดนี้มีทั้งที่เจริญและอาศัยซากพืชเป็นอาหาร (saprophyte) และที่เป็นปรสิต (parasite) มีการแพร่ระบาดโดยการติดไปกับเมล็ดพันธุ์หรือ ติดไปกับแมลง (Alexopolous, 1972)

การจัดจำแนกเชื้อรา *F. oxysporum* ใช้วิธีจำแนกตามสัณฐานวิทยาของเชื้อรา และความสามารถในการก่อสร้างให้เกิดโรคกับพืชอาศัย แต่เนื่องจากเชื้อราในกลุ่มนี้มักมีการผันแปรอยู่เสมอทั้งทางด้านสัณฐานวิทยา สรีรวิทยา รวมทั้งความสามารถในการก่อโรคโดยที่ลักษณะความผันแปรที่เกิดขึ้นจะเปลี่ยนไปตามสภาพแวดล้อมต่าง ๆ เช่น อุณหภูมิ (William, 1981) อายุพืช (Hart and Endo, 1987) และวิธีการปลูกเชื้อ (Kraft and Hugland, 1978) ซึ่งการผันแปรนั้นอาจเป็นการผันแปรชั่วคราวหรือถาวร ขึ้นอยู่กับโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นจากสิ่งกระทบภายนอกเหล่านั้น (Booth, 1971) จึงเป็นสาเหตุทำให้การจัดจำแนกด้วยวิธีการดังกล่าวยุ่งยากซับซ้อนและเกิดความสับสนได้ ในปัจจุบันวิทยาการด้านอนุชีววิทยาได้เข้ามามีบทบาทในการศึกษาวิจัยทางโรคพืช และมีแนวโน้มที่จะนำมาประยุกต์ใช้ในงานต่าง ๆ มากขึ้น โดยพบว่าข้อมูลด้านความแตกต่างของดีเอ็นเอ (DNA polymorphism) สามารถนำมาอธิบายถึงความผันแปรทางพันธุกรรมและการกระจายของความผันแปรนั้นในประชากร

เชื้อ ตลอดจนนำมาใช้ในงานวิจัยด้านอนุกรมวิธานได้เป็นอย่างดี โดยเฉพาะอย่างยิ่งวิธีการวิเคราะห์เปรียบเทียบลำดับเบสบนดีเอ็นเอ (DNA sequencing) ซึ่งจัดเป็นวิธีการที่รวดเร็ว เชื่อถือได้และยังเป็นวิธีการที่ง่ายมีความแม่นยำสูง (คณัย และอังสนา, 2540) โดยพบว่าสามารถนำมาใช้จัดจำแนกในเชื้อราสาเหตุโรคพืชที่มีความยุ่งยากซับซ้อนในการจัดสปีชีส์ (species) หรือมีความผันแปรทางลักษณะลักษณะพื้นฐานวิทยาค่อนข้างสูงได้อย่างมีประสิทธิภาพ ซึ่งทำให้งานด้านการจำแนกมีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น เช่น การวิเคราะห์เปรียบเทียบลำดับเบสตรงตำแหน่งอินเทอร์นัลทรานสไคริปต์สเปเซอร์ (Internal transcribed spacer (ITS)) ของ ribosomal DNA มีรายงานว่าสามารถจำแนกและหาความสัมพันธ์ของเชื้อราในระดับ species และ subspecies ในเชื้อรา powdery mildew (Takamatsu *et al.*, 1999) และ *Collectotrichum* (Sherriff *et al.*, 1995) เป็นต้น

ดังนั้นการศึกษาในครั้งนี้ จึงมุ่งนำวิธีการวิเคราะห์เปรียบเทียบลำดับเบสในตำแหน่งอินเทอร์นัลทรานสไคริปต์สเปเซอร์ (Internal transcribed spacer sequences analysis) เพื่อใช้ในการจัดจำแนกเชื้อราในกลุ่ม *F. oxysporum* และศึกษาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราจากพืชอาศัยที่ต่างกัน

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อศึกษาและเปรียบเทียบลำดับเบสตรงตำแหน่งอินเทอร์นัลทรานสไคริปต์สเปเซอร์ของเชื้อราในกลุ่ม *F. oxysporum*
2. เพื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราในกลุ่ม *F. oxysporum* และจัดจำแนกโดยสร้าง phylogenetic tree