การศึกษาการแพร่ระบาดของเชื้อสาเหตุโรคฮวงลองบิง (HLB) และโรคทริสเตซ่าในสวนเกษตรกรที่ผลิตส้มโอเพื่อการส่งออกที่ อำเภอเวียงแก่น จังหวัดเชียงราย จากสวนเกษตรกรจำนวน 5 สวน พบใบส้มโอที่มีลักษณะอาการใบเหลือง โดยเส้นกลางใบและเส้นแขนงยังมีสีเขียวพร้อมแต้มสีเขียวกระจาย เมื่อนำมาตรวจหาเชื้อสาเหตุโรค HLB ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ (Polymerase Chain Reaction) จากการใช้คู่ไพรเมอร์ A2/J5 ชนิดที่จำเพาะกับการขยายยีน *rpl*KAJL-*rpro*BC operon ซึ่งดีเอ็นเอที่สกัดได้จากใบพืชที่แสดงอาการของโรคนี้สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาด 703 คู่เบส ในบางส่วนของยีน *rpl*KAJL-*rpro*BC operon ได้ และจากการหาลำดับเบสบริเวณ ribosomal protein gene ของเชื้อสาเหตุที่ได้จากใบส้มโอ ส้มสายน้ำผึ้งและมะนาวที่ปลูกในบริเวณเดียวกันของสวนเกษตรกร พบว่าเชื้อสาเหตุที่ทำให้เกิดโรค HLB คือ เชื้อ *Candidatus* Liberibacter asiaticus โดยจำนวนต้นที่พบโรค HLB ในสวนส้มโอมีประมาณ 5-10% ของจำนวนต้นทั้งหมดในแต่ละสวนที่ทำการตรวจสอบ และพบว่าต้นส้มโอทุกต้นจากทุกสวนแสดงอาการคล้ายอาการที่เกิดจากการเข้าทำลายของเชื้อไวรัส พบอาการใบยอดด่าง (leaf mottling) เส้นใบโปร่งใส (vein clearing) ขอบใบม้วนเข้าคล้ายรูปถ้วย (leaf cupping) นำตัวอย่างใบส้มโอ ส้มสายน้ำผึ้งและมะนาว มาทดสอบหาเชื้อ *Citrus tristeza virus* (CTV) ด้วยวิธี Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) และตรวจยืนยันผลอีกครั้งด้วยวิธี Reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) โดยใช้คู่ไพร์เมอร์ AR18F/AR18R ซึ่งมีความจำเพาะเจาะจงกับโปรตีนห่อหุ้ม p18 ของเชื้อ CTV จากผลการตรวจสอบด้วยวิธี ELISA พบว่าเกิดปฏิกิริยาแบบบวกกับ IgG ในตัวอย่างจากใบส้มสายน้ำผึ้งและมะนาว แต่ไม่เกิดปฏิกิริยากับตัวอย่างใบส้มโอ และเมื่อทำการตรวจสอบด้วยวิธี RT-PCR พบแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 511 bp จากตัวอย่างใบส้มสายน้ำผึ้งและมะนาว แต่ไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ณ ตำแหน่งดังกล่าวได้จากตัวอย่างใบส้มโอ

The study on huanglongbing (HLB) and citrus tristeza diseases distribution and pathogens from five pomelo orchards which were for export at Wiang Kaen District Chiang Rai Province. The pomelo leaves showed the symptoms of disease that chlorosis with green vein and blotchy mottling, which finally proved the detection of HLB disease by using PCR (Polymerase Chain Reaction) technique with a specific primers A2/J5, designed to amplify *rpl*KAJL-*rpro*BC operon gene. The extracted DNA from the infected plant was used to amplify a 703 bp fragment of the *rpl*KAJL-*rpro*BC operon gene. The sequencing analyse of the bacteria ribosomal protein gene among the samples from pomelo, tangerine and lime in an orchard were characterized. The result showed that the causative agent was *Candidatus* Liberibacter asiaticus and 5-10% of pomelo trees in each orchards were found infected. The samples from all orchards showed that symptoms similar to virus infection consisted leaf mottling, vein clearing and leaf cupping. The pomelo, tangerine and lime samples were collected and tested for the presence of *Citrus tristeza virus* (CTV) using the enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and confirmed by reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) using specific primers AR18F/AR18R that amplified the entire p18 coat protein gene. The ELISA results showed that tangerine and lime samples were IgG-positive and pomelo samples were IgG-negative. DNA fragments of 511 bp were amplified by RT-PCR from tangerine and lime samples but no fragment was obtained from the pomelo samples.