

บทที่ 1

บทนำ

โรคพืชจัดเป็นปัญหาที่สำคัญของประเทศที่ทำการกสิกรรมเป็นหลักเช่น ประเทศไทย โดยส่วนใหญ่โรคพืชที่ระบาดในแปลงเพาะปลูกทำให้คุณภาพและปริมาณของผลผลิตทางการเกษตรลดลง ซึ่งอาจนำไปสู่ภาวะข้าวยากหมากแพงถ้าการระบาดของโรคแพร่ขยายในวงกว้าง โรคพืชเกิดจาก 2 สาเหตุ คือ สภาวะแวดล้อมที่ไม่เหมาะสม และจากสิ่งมีชีวิต โดยเฉพาะจุลินทรีย์ เช่น ไวรัส แบคทีเรีย และรา โรคพืชที่เกิดจากไวรัสสามารถสร้างความเสียหายอย่างรุนแรงในพืชหลายชนิด ซึ่งอาจนำไปสู่ความสูญเสียทางเศรษฐกิจหากไม่มีการป้องกันและควบคุมการเกิดโรคอย่างมีประสิทธิภาพ

ศัตรูพืชอีกชนิดหนึ่งคือวัชพืชซึ่งเป็นสาเหตุของความสูญเสียของผลผลิตทางการเกษตรที่สำคัญอีกสาเหตุหนึ่ง โดยนอกจากเบียดเบียนพืชเศรษฐกิจของเกษตรกรโดยตรงแล้วยังเป็นพืชอาศัยที่สองของจุลินทรีย์ที่เป็นสาเหตุของโรคและแมลงศัตรูพืชในช่วงนอกฤดูปลูกอีกด้วย (Zhou *et al.*, 2003) การขาดการศึกษาถึงความสัมพันธ์ระหว่างวัชพืช โรคพืช และพืชเศรษฐกิจเป็นอีกสาเหตุหนึ่งที่ทำให้การวางแผนจัดการโรคพืชยังไม่สัมฤทธิ์ผลเท่าที่ควร

Malvastrum coromandelianum (L.) Garcke. เป็นวัชพืชที่พบกระจายอยู่ทั่วไปในทุกภาคของประเทศไทย จัดอยู่ในวงศ์ Malvaceae ซึ่งในวงศ์นี้มีพืชเศรษฐกิจที่สำคัญหลายชนิด เช่น ฝ้าย กระเจี๊ยบเขียว และไม้ประดับอย่างเช่น ชบา พู่เรือหงษ์ และโสมชบา เป็นต้น

ในปี พ.ศ. 2545 จากการสำรวจพบ *M. coromandelianum* ที่แสดงอาการเส้นใบเหลืองจำนวนมากในพื้นที่เขตดอนเมือง กรุงเทพฯ ซึ่งคล้ายคลึงกับในหลายจังหวัดทั่วทุกภาคของประเทศไทย โดยกระจายอยู่ทั้งในแปลงปลูกพืชเศรษฐกิจ และพื้นที่รกร้างทั่วไป จากการศึกษาเบื้องต้นบ่งชี้ว่า อาการเส้นใบเหลืองที่พบใน *M. coromandelianum* นี้ อาจเกิดจากไวรัสในสกุล บีโกโมไวรัส (*Begomovirus*) แต่อย่างไรก็ดีจนถึงปัจจุบันยังไม่มีรายงานการศึกษาสมบัติของ บีโกโมไวรัสซึ่งก่อให้เกิดอาการเส้นใบเหลืองใน *M. coromandelianum* ในประเทศไทย รวมทั้งความสัมพันธ์ระหว่างไวรัสชนิดนี้ กับ *M. coromandelianum* และพืชเศรษฐกิจอื่นๆ ดังนั้น การศึกษานี้จึงเป็นการตรวจสอบบีโกโมไวรัสที่เป็นสาเหตุของโรคเส้นใบเหลืองใน *M. coromandelianum* รวมทั้งการศึกษาพืชอาศัย การถ่ายทอดโรคโดยแมลงพาหะและ

การศึกษาเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์เพื่อหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการกับไวรัสชนิดใกล้เคียง ซึ่งความรู้ที่ได้สามารถนำไปสู่การพัฒนาวิธีการตรวจสอบและการป้องกัน ตลอดจนการพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคดังกล่าวต่อไป

วัตถุประสงค์ของการศึกษาทดลอง

1. เพื่อศึกษาสมบัติทางชีวภาพของบีโกโมไวรัสจาก *M. coromandelianum*
2. เพื่อศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของบีโกโมไวรัสจาก *M. coromandelianum*
3. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการระหว่างบีโกโมไวรัสจาก *M. coromandelianum* ในประเทศไทยและประเทศอื่นๆ

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้จะเป็นประโยชน์ในการพัฒนาวิธีการตรวจสอบการติดเชื้อบีโกโมไวรัสโรคเส้นใบเหลืองจาก *M. coromandelianum* ซึ่งสามารถนำไปใช้ในการวางแผนและการจัดการเพื่อป้องกันและควบคุมการแพร่ระบาดของไวรัสชนิดนี้ อันจะนำไปสู่การลดความสูญเสียทางเศรษฐกิจที่อาจเกิดขึ้นถ้าไวรัสสามารถถ่ายทอดไปสู่พืชเศรษฐกิจได้ นอกจากนี้ความรู้ที่ได้ยังนำไปสู่ความเข้าใจที่ดียิ่งขึ้นในด้านชีววิทยาของบีโกโมไวรัส ตลอดจนความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการระหว่างไวรัสชนิดนี้กับไวรัสชนิดใกล้เคียงจากประเทศอื่นๆ

ขอบเขตของงานวิจัย

ศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดเชื้อบีโกโมไวรัสจาก *M. coromandelianum* โดยวิธีการต่างๆ ตลอดจนความสัมพันธ์ระหว่างแมลงหิวข้าวกับเชื้อไวรัสชนิดดังกล่าว และศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์เพื่อใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการระหว่างบีโกโมไวรัสจาก *M. coromandelianum* ในประเทศไทยกับบีโกโมไวรัสชนิดอื่น