

<b>Thesis Title</b>	Biodiversity of Saprobic and Pathogenic Fungi on Selected <i>Pandanus</i> and <i>Dracaena lourieri</i>	
<b>Author</b>	Miss Sutheera Thongkantha	
<b>Degree</b>	Doctor of Philosophy (Biology)	
<b>Thesis Advisory Committee</b>	Assoc. Prof. Dr. Saisamorn Lumyong	Chairperson
	Dr. Eric H.C. McKenzie	Member
	Prof. Dr. Kevin D. Hyde	Member

### ABSTRACT

Studies of fungi on *Dracaena* and *Pandanus* were initiated in Thailand (Chiang Mai, Phayao and Rayong Provinces) in order to investigate the ecology and biodiversity of saprobic and pathogenic fungi from two wild plants, *Dracaena lourieri* and *Pandanus penetrans*, and two cultivated plants, *P. amaryllifolius* and *P. odoratissimus*.

Saprobic fungi were investigated from 160 samples of decaying tissues, particularly leaves of *D. lourieri* and *Pandanus* spp. One-hundred and twenty-six fungi were identified comprising 39 ascomycetes, 1 basidiomycete and 86 anamorphic fungi. *Stachybotrys chartarum* (70% of occurrence), was the most common taxon found on *D. lourieri* samples. *Sporidesmium ghanaense* and *Phaeosphaeria* sp. (63%) were the dominant species from *P. penetrans*. *Acremonium* sp. 6 (100%) was the most common species on *P. amaryllifolius*, while *Aspergillus parasiticus* (67%) was the most commonly encountered species from *Pandanus odoratissimus*. Distinct fungal communities were found on samples of *Dracaena* and *Pandanus* species. In terms of the numbers of taxa recovered, fungi were more diverse on wild species than on the cultivated species. Eleven new taxa were

identified in this study. *Linocarpon siamensis* sp. nov. and *L. suthepensis* sp. nov. have recently been described. *Myrothecium pandanicola* sp. nov., *Ophioceras chiangdaoensis* sp. nov., *Oxydothis siamensis* sp. nov. *Phaeonectriella pandani* sp. nov. and *Zygosporium bioblitzii* sp. nov. are informally described and illustrated in Chapter 4, while 4 have yet to be informally described.

Fifty-five fungal taxa were identified during the decomposition process of *Pandanus penetrans* leaves which were used as baits by hanging them on the host plants in Suthep Pui National Park. Distinct fungal communities were observed in sequence on the leaf baits, with different species being dominant at each succession stage. The greatest fungal diversity occurred between months 7 and 12 (mature stage). At month 18, the fungal communities had decreased in number and the leaf baits had completely decayed. Only half of the fungi occurred on both baits and natural leaves of *P. penetrans*. Thus, examination of both leaf baits at different stages of decomposition and naturally occurring leaves is recommended to obtain better understanding of fungal biodiversity.

Twenty-three fungi were identified from samples showing symptoms of anthracnose on leaves, leaf blast or leaf spots. The relationships between pathogens and saprobes were determined by pathogenicity testing. Selected pathogens and saprobes including *Acremonium*, *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Curvularia*, *Fusarium*, *Guignardia*, *Oxydothis*, *Phomopsis* and *Xylaria* were inoculated on host leaves to test their pathogenicity. *Colletotrichum gloeosporioides*, *Curvularia lunata*, *Fusarium oxysporum*, *Guignardia* sp. and *Phomopsis* sp. caused disease lesions on the leaves of *Dracaena* or *Pandanus* species. This result confirms earlier reports that many fungal pathogens may be live in their host, long after the host is dead.

The phylogeny of the family Magnaporthaceae and allied genera were investigated using individual and combined analyses of 18S and 28S nuclear ribosomal DNA (rDNA) gene fragments. New DNA sequences representing 6 genera from Magnaporthaceae were analyzed phylogenetically based on Bayesian, likelihood and parsimony methods. Magnaporthaceae, encompassing genera such as *Buergenerula*, *Gaeumannomyces*, *Magnaporthe*, *Mycocleptodiscus*, *Ophioceras*, *Pseudohalonectria* and *Pyricularia* constitute a strongly supported monophyletic clade. Phylogenies indicate that Magnaporthaceae bears close phylogenetic affinities

with the order Diaporthales and Ophiostomatales. However, there appears to be sufficient evidence to establish a new order to accommodate the Magnaporthaceae. Results also indicate that *Ophioceras* is probably monophyletic with the exception of *O. tenuisporum*. *Magnaporthe salvinii* is more closely related to *Gaeumannomyces* than *M. grisea*, which clusters with *Pyricularia borealis*. The placement of *Mycleptodiscus coloratus* and *Ceratosphaeria lampadophora* within the Magnaporthaceae is confirmed. Molecular data also provides further evidence to support the association of several anamorphic genera within the ascomycetous Magnaporthaceae. The phylogenetic significance of several morphologies currently used in the classification of members among Magnaporthaceae is discussed.

**Key words:** *Dracaena lourieri*, *Pandanus amaryllifolius*, *P. odoratissimus*, *P. penetrans*, pathogens, saprobes



*Zygosporium dracinicola* sp. nov. และอีก 4 ชนิดที่คาดว่าเป็นราชชนิดใหม่ แต่ยังคงอยู่ในระหว่างการดำเนินการ เนื่องจากต้องเปรียบเทียบกับเอกสารอ้างอิงเพิ่มเติมอีก

การศึกษาเชื้อราแซฟโพรบที่เจริญบนใบเตยป่า (*Pandanus penetrans*) ที่เก็บมาจากบริเวณอุทยานแห่งชาติคอกสุเทพ-ปุย ต่อมาทำเครื่องหมายและนำกลับไปบ่มไว้ในบริเวณเดิม และเก็บมาตรวจหาเชื้อราเป็นช่วงๆ ตามระยะเวลาที่กำหนด พบว่ามีกลุ่มเชื้อราที่เจริญได้ในแต่ละช่วงของการย่อยสลายมีความแตกต่างกัน ความหลากหลายของเชื้อราพบมากที่สุดเมื่อบ่มตัวอย่างไว้นาน 7 และ 12 เดือน ในเดือนที่ 18 จำนวนและชนิดของราลดลง และตัวอย่างมีสภาพเปื่อยยุ่ยจนไม่สามารถทำการทดสอบได้อีกต่อไป นอกจากนี้เมื่อนำผลการทดลองดังกล่าวมาเปรียบเทียบกับตัวอย่างที่เก็บจากในธรรมชาติซึ่งมีระยะการย่อยสลายใกล้เคียงกัน พบว่าเป็นเชื้อรากลุ่มเดียวกันเพียงประมาณครึ่งหนึ่งเท่านั้น ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่า หากต้องการได้ข้อมูลความหลากหลายของราแซฟโพรบที่ครบถ้วนมากขึ้น ควรทำการศึกษาทั้งจากตัวอย่างที่เก็บจากธรรมชาติ และตัวอย่างที่บ่มไว้ในแต่ละระยะของการสลายของเนื้อเยื่อพืชด้วย

จากการเก็บและรวบรวมตัวอย่างโรคของจันทน์ผาและเตย พบเชื้อราก่อโรค 23 ชนิด จากใบพืชที่แสดงอาการของโรค anthracnose ใบไหม้ หรือ ใบจุด หลังจากนั้นได้คัดเลือกราแอนโดไฟต์ราก่อโรค และราชาโพรบที่แยกได้คือสปอร์ของ *Acremonium*, *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Curvularia*, *Fusarium*, *Guignardia*, *Oxydothis*, *Phomopsis* และ *Xylaria* มาทดสอบความสามารถในการก่อโรคโดยการปลูกเชื้อบนใบจันทน์ผาและใบเตย จากการทดลองพบว่า *Colletotrichum gloeosporioides*, *Curvularia lunata*, *Fusarium oxysporum*, *Guignardia* sp. และ *Phomopsis* sp. สามารถทำให้เกิดโรคได้ ซึ่งผลการทดลองนี้สามารถยืนยันได้ว่าเชื้อราก่อโรคพืชบางชนิดอาจจะปรับตัวและมีชีวิตต่อไปแม้ว่าเนื้อเยื่อพืชจะตายไปแล้ว

ในการศึกษาวิเคราะห์เพื่อเปรียบเทียบความสัมพันธ์ระดับพันธุกรรมของเชื้อราสปอร์ต่างๆ ในวงศ์ Magnaporthaceae 7 จินัส ประกอบด้วย 5 จินัสซึ่งเป็น teleomorph ได้แก่ *Buergenerula*, *Gaeumannomyces*, *Magnaporthe*, *Ophioceras* และ *Pseudohalonectria* และ 2 จินัสซึ่งที่เคยมีรายงานว่าเป็น anamorph ของเชื้อราในวงศ์นี้ ได้แก่ *Mycleptodiscus* และ *Pyricularia* กับเชื้อราในวงศ์อื่นๆ โดยเฉพาะเชื้อกลุ่มที่มีลักษณะทางสัณฐานคล้ายกับเชื้อราในวงศ์นี้ โดยทำการเพิ่มปริมาณ rDNA ในส่วนของ 18S และ 28S โดยใช้ universal primer จากนั้นทำการหาลำดับเบสและวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยวิธีต่างๆ คือ bayesian, likelihood และ parsimony จากผลการทดลองพบว่าเชื้อราทั้ง 7 จินัสในวงศ์ Magnaporthaceae มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการใกล้ชิดกันเนื่องจากปรากฏอยู่ใน clade เดียวกันด้วยค่า bootstraps หรือ bayesian support ที่สูง จากผลการทดลองในครั้งนี้จึงกล่าวได้ว่าควรจัดให้เชื้อราในวงศ์ Magnaporthaceae นี้ให้อยู่ใน order ใหม่

อย่างไรก็ตามหากเปรียบเทียบกับเชื้อราในวงศ์หรือ order อื่นๆ พบว่ามีความสัมพันธ์ระดับพันธุกรรมใกล้เคียงกับเชื้อราใน order Diaporthales และ Ophiostomatales มากที่สุด นอกจากนี้ เมื่อเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของเชื้อราภายในวงศ์นี้พบว่า เกือบทุกชนิดของเชื้อราในจีนัส *Ophioceras* มีความสัมพันธ์ระดับพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ยกเว้น *O. tenuisporium* แต่พบว่า *Magnaporthe salvinii* ซึ่งเป็นเชื้อราชนิดแรกของวงศ์นี้มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับแต่ละชนิดในจีนัส *Gaeumannomyces* มากกว่า *M. grisea* ซึ่งจับกลุ่มอยู่กับ *Pyricularia borealis* นอกจากนี้ยังสามารถยืนยันการจัดให้ *Mycopleotodiscus coloratus* และ *Ceratospaeria lampadophora* อยู่ในวงศ์ Magnaporthaceae

คำสำคัญ: จันทน์ผา, เตยหอม, เตยทะเล, เตยป่า, ราแซฟโพรบ, ราก่อโรค

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Copyright © by Chiang Mai University  
All rights reserved