

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ ความหลากหลายของเชื้อรา Cladosporiod ที่พบบนพืชใบเลี้ยงเดี่ยวใน
จังหวัดเชียงใหม่

ผู้เขียน นางสาวทรงสุดา แผลกทองดี

ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (โรคพืช)

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รองศาสตราจารย์ ดร. ชัยวัฒน์ โตณันต์
อาจารย์ ดร. รัชดาวรรณ ชีวังกูร

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ

เชื้อราในกลุ่ม Cladosporiod เป็นเชื้อราที่พบได้ทั่วไปในพืชทุกชนิด ทั้งยังสามารถเจริญได้บนเชื้อราชนิดอื่น เศษซากพืช ซากสัตว์ บ่อยครั้งแยกพบได้จากดิน อาหาร ผงสีในอาคาร วัสดุสิ่งทอต่างๆ อินทรีย์วัตถุต่างๆ หรือเข้าเจริญข้ามบนแผลพืชที่ถูกทำลายจากเชื้อราสาเหตุโรคชนิดอื่น ซึ่งในการศึกษาครั้งนี้ได้เก็บตัวอย่างเชื้อราจากพืชใบเลี้ยงเดี่ยวที่แสดงอาการของโรค เช่น ใบจุด หรือใบไหม้ ในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่ ในระหว่างปี พ.ศ. 2554-2555 และทำการจัดจำแนกชนิดโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะการเจริญบนอาหารเลี้ยงเชื้อ และเปรียบเทียบลำดับเบสของเชื้อราในตำแหน่ง internal transcribed spacers (ITS1, 5.8S nrDNA, ITS2) ร่วมกับลำดับเบสในตำแหน่ง translation elongation factor 1- α and actin genes ผลการวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาและลำดับเบสพบว่าเชื้อราทั้งหมด 37 ไอโซเลต จัดอยู่ใน clade ของกลุ่มเชื้อรา Cladosporium cladosporioides complex การศึกษาครั้งนี้ได้นำเสนอลักษณะของเชื้อราโดยภาพวาดลายเส้นและภาพถ่ายภายใต้กล้องจุลทรรศน์ รวมถึงการกระจายตัวของเชื้อราบนพืชอาศัยต่างๆ ในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่

Thesis Title Diversity of Cladosporoid Fungi Occurred on Monocotyledon Plant in Chiang Mai Province

Author Miss Songsuda Plakthongdee

Degree Master of Science (Plant Pathology)

Thesis Advisory Committee

Assoc. Prof. Dr. Chaiwat To-anun

Advisor

Lect. Dr. Rattchadawan Chewangkoon

Co-advisor

Abstract

Species of Cladosporoid are cosmopolitan in distribution and commonly encountered on all kinds of plant, fungal and other debris, are frequently isolated from soil, food, paint, textiles and other organic matters or colonise as secondary invaders leaf lesions caused by plant pathogenic fungi. The fungi treated in the present study were isolated from symptomatic monocotyledon plants collected from Chiang Mai, Thailand during 2011-2012. Species were initially identified based on morphological and cultural characteristics on standardised media and under controlled conditions. Identifications were confirmed using comparisons of DNA sequence data of the internal transcribed spacers (ITS1, 5.8S nrDNA, ITS2). To help distinguish species of Cladosporium, the dataset was expanded by generating partial sequences of the translation elongation factor 1- α and actin genes. By integrating the morphological and molecular datasets, 37 isolates assigned to Cladosporium cladosporioides species complex clade. Recognised species are treated and illustrated with line drawings and photographs from light microscopy. It includes details on host range/substrates and the geographic distribution.