บทที่ 2

ตรวจสอบเอกสาร

ในประเทศที่ทำการเกษตรกรรมเช่น ประเทศไทย ผลผลิตทางการเกษตรย่อมมีความสำคัญมากต่อเศรษฐกิจของประเทศ ดังนั้นปัจจัยใดที่มีผลกระทบต่อผลผลิตทางการเกษตรย่อมเป็นเหตุให้ประเทศนั้นต้องทำการศึกษาถึงสาเหตุ วิธีการแก้ไข และการป้องกันการเกิดปัญหาดังกล่าว โรคพืชเป็นสาเหตุที่สำคัญของการสูญเสียผลผลิตทางการเกษตรสาเหตุหนึ่ง โดยเกิดจาก 2 ปัจจัย คือ ปัจจัยทางสภาวะแวดล้อมที่ไม่เหมาะสมแก่การเจริญเติบโต เช่น สภาพภูมิอากาศ สภาพดินพื้นที่ปลูกไม่เหมาะสมตลอดจนการขาดธาตุอาหารต่างๆ และปัจจัยทางชีวภาพ คือสิ่งมีชีวิตโดยเฉพาะจุลินทรีย์ เช่น ไวรัส แบคทีเรีย และรา โรคพืชที่เกิดจากไวรัสหลายโรคสามารถสร้างความเสียหายอย่างรุนแรงต่อพืช เนื่องจากพืชที่ติดเชื้อไวรัสแล้วไม่มีทางรักษา ดังนั้นเกษตรกรจึงจำเป็นต้องทำลายพืชที่เป็นโรคเหล่านั้นเพื่อป้องกันการแพร่ระบาดของโรค ซึ่งนอกจากจะทำให้เกิดความเสียหายทางเศรษฐกิจอันเป็นผลมาจากความสูญเสียผลิตผลทางการเกษตรโดยตรงแล้ว ยังนำไปสู่การเพิ่มค่าใช้จ่ายในการผลิตของฤดูกาลถัดไป เช่น ค่าใช้จ่ายในการเตรียมต้นกล้าที่ปลอดโรค และสารเคมีกำจัดแมลงพาหะเป็นต้น ดังนั้นหากได้มีการศึกษาไวรัสที่เป็นสาเหตุของโรคเหล่านี้ ความรู้ที่ได้สามารถนำไปใช้ในการพัฒนาวิธีการตรวจสอบการติดเชื้อ การป้องกันจัดการ และการพยากรณ์ทางระบาดวิทยา ซึ่งจะนำไปสู่การยับยั้งการแพร่ระบาดของโรคไวรัสได้อย่างมีประสิทธิภาพ และลดความเสียหายที่อาจเกิดขึ้นจากโรคเหล่านี้ได้

ศัตรูพืชอีกชนิดหนึ่งคือ วัชพืชซึ่งเป็นสาเหตุของความสูญเสียผลผลิตทางการเกษตรที่สำคัญอีกสาเหตุหนึ่ง โดยนอกจากเบียดเบียนพืชเศรษฐกิจของเกษตรกรแล้วยังเป็นพืชเจ้าบ้านที่สองของจุลินทรีย์ที่เป็นสาเหตุของโรค และแมลงศัตรูพืชในช่วงนอกฤดูกาลปลูก (Zhou *et al.*, 2003) การขาดการศึกษาถึงความสัมพันธ์ระหว่างวัชพืช โรคพืช และพืชเศรษฐกิจ เป็นอีกสาเหตุหนึ่งที่ทำให้การวางแผนจัดการโรคพืชยังไม่สัมฤทธิ์ผลเท่าที่ควร

Geminiviridae เป็นวงศ์ของไวรัสที่มีความสำคัญหลายชนิด ไวรัสในวงศ์นี้สามารถก่อโรคในพืชหลายชนิด และเป็นสาเหตุสำคัญของความเสียหายของผลผลิตทางการเกษตรในหลายประเทศทั่วโลก ไวรัสในวงศ์นี้มีลักษณะที่สำคัญคือ มีอนุภาครูปหลายเหลี่ยม 2 อนุภาคติดกัน (twinned icosahedral particles) ขนาดประมาณ 20 x 30 นาโนเมตร สารพันธุกรรมเป็นวง DNA สายเดี่ยว (closed circular single–stranded DNA) ซึ่งถูกจำลองโดยกระบวนการ rolling circle

mechanism (Mayo and Pringle, 1998; Hanley - Bowdoin *et al*., 1999; Harrison and Robinson, 1999)

ในปัจจุบัน geminiviruses ทั้งหมดถูกจัดอยู่ใน 4 สกุลบนพื้นฐานของ genome organization และสมบัติทางชีวภาพ (ตารางที่ 1) ในปัจจุบันมีรายงานการค้นพบบีโกโมไวรัสซึ่งเป็นสกุลที่สำคัญว่ามีไวรัสมากกว่า 100 ชนิด (Fauquet *et al*., 2003)

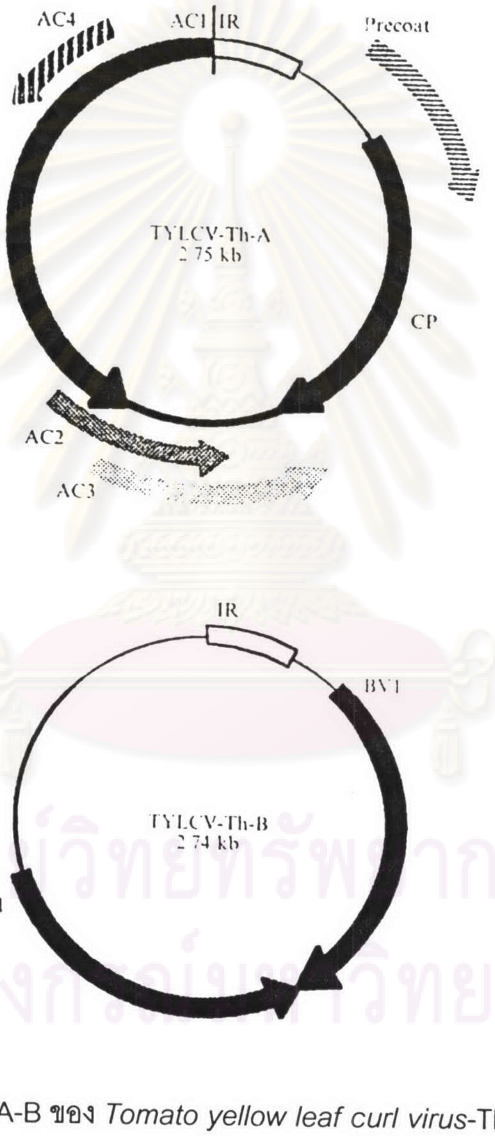
ตารางที่ 1 Geminiviruses ที่ทำการจัดจำแนกด้วย genome organization และสมบัติทางชีวภาพ

Genus	ชนิดของไวรัส	จำนวนชุดของจีโนม	พืชเจ้าบ้าน	แมลงพาหะ
Mastrevirus	*Maize streak virus*	monopartite	พืชใบเลี้ยงเดี่ยว	leafhopper
Curtovirus	*Beet curly top virus*	monopartite	พืชใบเลี้ยงคู่	leafhopper
Topocuvirus	*Tomato pseudo-curly top virus*	monopartite	พืชใบเลี้ยงคู่	treehopper
Begomovirus	*Bean golden yellow mosaic virus*	mono, bipartite	พืชใบเลี้ยงคู่	whitefly

จีโนมของบีโกโมไวรัสที่เป็น bipartite ประกอบด้วย DNA 2 ชุด เรียกว่า DNA-A และ DNA-B โดย DNA-A มียีนที่จำเป็นสำหรับ viral replication และ encapsidation ดังนั้น DNA-A จึงสามารถจำลองตัวเองได้อย่างอัตโนมัติในเซลล์พืชเจ้าบ้าน ซึ่งแตกต่างจาก DNA-B ที่ไม่สามารถจำลองตัวเองได้เมื่อไม่มี DNA-A อย่างไรก็ตาม DNA-B มีความจำเป็นต่อไวรัสในการแพร่กระจายจากเซลล์เริ่มต้นไปยังเซลล์อื่นๆ และการแสดงอาการของโรคในพืชเจ้าบ้าน (Hanley - Bowdoin *et al*., 1999) สำหรับบีโกโมไวรัสชนิดที่มีหรือต้องการจีโนมเพียงชิ้นเดียวสำหรับการก่อโรค (monopartite begomovirus) เช่น *Ageratum yellow vein virus* (AYVV) (Tan *et al*., 1995) และ *Cotton leaf curl virus* (CLCuV) (Zhou *et al*., 1998; Briddon *et al*., 2000) เป็นต้น เรียก genome ของไวรัสกลุ่มนี้ว่า DNA-A ซึ่งโครงสร้างและ genome organization ของ DNA-A ของ monopartite begomovirus สามารถเทียบได้กับ DNA-A ของ bipartite begomovirus (Tan *et al*., 1995; Zhou *et al*., 1998)

บีโกโมไวรัสมี ORFs เรียงอยู่ใน 2 ทิศทาง จำนวน 6-8 ORFs (รูปที่1) ขึ้นอยู่กับชนิดของไวรัส ORFs ทั้งหมดตั้งชื่อตามหลัก nomenclature system ซึ่งตั้งชื่อตามตำแหน่งและทิศทางในการ transcription โดย ORFs ของ AV1 และ AV2 มีทิศทางการถอดรหัสปกติจาก 5' ไป 3' หรือ

อยู่บน virion strand หรืออาจเรียกว่า AR1 และ AR2 (ทิศทางด้านขวา หรือตามเข็มนาฬิกาเมื่อเทียบกับตำแหน่ง nucleotide ที่ 1) (Lazarowitz, 1992) ส่วน 2-4 ORFs ที่มีทิศทางการอ่านทางด้าน complementary strand ที่จะเกิดการสังเคราะห์ขึ้นภายหลังเมื่อเข้าสู่เซลล์ที่ infect โดยเรียกว่า AC1 AC2 AC3 และ AC4 โดยมีทิศทางด้านซ้าย หรือทวนเข็มนาฬิกา(อาจเรียกว่า AL1 AL2 AL3 และ AL4) สำหรับบีโกโมไวรัสที่มี bipartite genome จะมี DNA-B ที่มี 2 ORFs ซึ่งเรียกว่า BV1 (BR1) ทางด้าน virion strand และ BC1 (BL1) ทางด้าน complementary strand



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รูปที่ 1 DNA-A และ DNA-B ของ *Tomato yellow leaf curl virus*-Thailand

ที่มา : Rochester และคณะ 1994

ยีน AC1 ของบีโกโมไวรัสทำหน้าที่สร้างโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการจำลองตัวเอง (Rep protein) ซึ่งสามารถจดจำลำดับนิวคลีโอไทด์บน genome ของไวรัสเมื่ออยู่ในเซลล์พืชที่ถูก infect และเข้าจับได้อย่างเฉพาะเจาะจง ซึ่งตำแหน่งที่ Rep protein เข้าจับนี้เป็นจุดเริ่มต้นของการจำลองตัวเองของ viral DNA (Pant *et al*., 2001)

ยีน AC2 ทำหน้าที่สร้างโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการกระตุ้นการแสดงออก (trans-activation) ของยีน AV1 และ ยีน BV1 แต่ยังไม่ทราบกลไกที่แน่นอน (Sunter and Bisaro, 1997) แม้ว่าผลการสังเคราะห์โปรตีนของยีน AC3 จะมีความเกี่ยวข้องกับการสะสม DNA ของไวรัส แต่มีข้อมูลเพียงเล็กน้อยที่แสดงให้เห็นว่าโปรตีน AC2 มีส่วนเกี่ยวข้องกับโปรตีน AC3 (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

ยีน AV1 ทำหน้าที่สร้าง coat protein subunit ของบีโกโมไวรัส ในขณะที่ AV2 ซึ่งมีตำแหน่งที่ซ้อนทับกับยีน AV1 ORF ในบีโกโมไวรัสบางชนิดยังไม่ทราบหน้าที่ที่ชัดเจน แต่อาจมีความสำคัญในการ encapsidation และ การเคลื่อนที่ของบีโกโมไวรัสแบบ monopartite (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

ยีน BV1 สร้าง movement protein ซึ่งทำหน้าที่ในการนำ viral ssDNA ทั้งเข้าและออกผ่าน nuclear envelope (Noueiry, Lucas and Gilbertson, 1994) โปรตีนที่สร้างโดยยีน BC1 มีผลต่อการเคลื่อนที่แบบ cell-to-cell ของ viral BV1-ssDNA complex อย่างไรก็ตามกระบวนการในการขนส่งดังกล่าวยังคงไม่ชัดเจน แต่อาจมีความเกี่ยวข้องกับการเคลื่อนผ่านผนังเซลล์ และการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของ plasmodesmata (Noueiry, Lucas and Gilbertson, 1994) บริเวณท่อที่เกิดจาก endoplasmic reticulum (Word *et al*., 1997) ซึ่งโปรตีน BC1 ยังมีส่วนในการกระตุ้นการเกิดอาการของโรคในพืชเจ้าบ้านอีกด้วย (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

ระหว่าง DNA-A และ DNA-B ของบีโกโมไวรัสแบบ bipartite ชนิดเดียวกัน จะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างกัน ยกเว้นลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณระหว่างยีน AC1 และ AV1 ที่มีความยาวประมาณ 200–300 nucleotide ที่เรียกว่า common region (หรือ intergenic region) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ common region จะเหมือนกันมากระหว่าง DNA-A และ DNA-B ของบีโกโมไวรัสชนิดเดียวกัน แต่จะแตกต่างกันเมื่อเปรียบเทียบกับไวรัสที่ต่างชนิดกัน ภายใน common region เป็นบริเวณอนุรักษ์ ซึ่งมีโครงสร้าง stem-loop ที่มีความสำคัญต่อกระบวนการจำลองตัวเองของไวรัส โดยบริเวณดังกล่าวจะพบได้ในบีโกโมไวรัสทุกชนิด การศึกษาทางชีวเคมีแสดงให้

เห็นว่า Rep protein ซึ่งมี endonuclease activity ที่เฉพาะเจาะจงกับบริเวณดังกล่าว จะทำให้เกิดการ nick บนสาย virion strand ระหว่างเบสตำแหน่งที่ 7 และ 8 ของ nonanucleotide TAATATT/AC บนโครงสร้างที่เป็น loop หลังจากนั้นจึงเริ่มมีการจำลองตัวเองของ virion strand (Harrison and Robinson, 1999; Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

นอกจากนี้บริเวณ stem-loop motif ยังมี iterative elements อีก 2 ถึง 5 ชุด ที่ซ้ำกัน (ยาว 6-12 nucleotide) อยู่ภายในบริเวณ common region โดยชุดที่ซ้ำกันนี้มีการเรียงตัวทั้งทิศทางเดียวกันและทิศตรงข้ามกัน โดยอยู่ระหว่าง 2 ข้างของ TATA box บน 5' end ของ common region เมื่อดูจาก stem-loop motif โดย iterative elements เหล่านี้มีความจำเป็นทั้งในกระบวนการจำลองตัวเอง และการ transcription ของไวรัส (Harrison and Robinson, 1999) ภายในบริเวณ common region ยังมีบริเวณที่สำคัญคือ TATA และ G box ซึ่งเป็น promoters สำหรับ DNA-dependent RNA polymerase ของพืช (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

การจำลองตัวเองแบบ rolling circle มี 2 ช่วง ในระยะแรก DNA สาย virion strand ถูกใช้เป็นต้นแบบสำหรับการสังเคราะห์สาย complementary strand เพื่อให้ได้ DNA สายคู่ ในระยะที่ 2 มีการจำลองตัวเองโดยใช้สาย complementary strand เป็นต้นแบบสังเคราะห์ virion strand จำนวนมากสำหรับการสร้างอนุภาคใหม่ (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999) ปัจจุบันยังไม่เป็นที่เข้าใจแน่ชัดถึงโปรตีน และกระบวนการที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์สาย complementary strand การสังเคราะห์ DNA ทั้งหมดเกิดขึ้นโดยกระบวนการของพืชอาศัย (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999)

บริเวณเริ่มต้นของการถอดรหัสของบีโกโมไวรัสคือตำแหน่งของทั้งด้าน virion และด้าน complementary strand โดยจะทำการถอดรหัสเริ่มจาก TATA box motif โดยการทำงานของ RNA polymerase II ของพืชอาศัย (Lazarowitz, 1992; Hanley-Bowdoin *et al*., 1999) โดยกระบวนการการจำลอง viral DNA และการแสดงออกของยีนของบีโกโมไวรัสยังไม่เป็นที่เข้าใจอย่างชัดเจน อาจเป็นไปได้ว่าทั้ง monopartite และ bipartite บีโกโมไวรัสอาจใช้วิธีการที่แตกต่างกันในการถอดรหัส ORFs ที่ซ้อนทับกัน (Hanley-Bowdoin *et al*., 1999) ยังต้องมีการศึกษาอีกมากเพื่อให้เข้าใจถึงกระบวนการที่ซับซ้อนนี้

Phylogeny ที่แสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างบีโกโมไวรัสในวงศ์ *Geminiviridae* โดยพิจารณาจากชนิดของพืชเจ้าบ้าน แมลงพาหะ และองค์ประกอบของจีโนม ที่ใช้ในการจัดจำแนก

ไวรัส ในปัจจุบันจะใช้ผลของการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการโดยใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วน หรือลำดับจีโนมทั้งหมดของไวรัส ลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนที่นิยมใช้ คือ AC1 AV1 และ BV1 ORFs และบริเวณ common region (Padidam, Beachy and Fauquet, 1995; Brown *et al.*, 1999) ผลการวิเคราะห์ทั้งหมดแสดงให้เห็นว่า geminiviruses ถูกแบ่งเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นไวรัสที่มีการถ่ายทอดด้วยแมลงหวี่ขาวเข้าสู่พืชใบเลี้ยงคู่ และกลุ่มที่สองเป็นไวรัสที่ถ่ายทอดด้วย leafhopper เข้าสู่พืชใบเลี้ยงเดี่ยว (Arguello-Astorga *et al.*, 1994; Rybicki, 1994; Padidam, Beachy and Fauquet, 1995; Bradeen, Timmermans and Messing, 1997) ซึ่งนำไปสู่สมมุติฐานที่ว่า geminiviruses ทั้งหมดอาจมีบรรพบุรุษเดียวกันก่อนจะแยกจากกันด้วยแมลงพาหะ

จากการศึกษาเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสในสกุล *Begomovirus* สามารถจำแนกไวรัสในสกุลนี้เป็นกลุ่มย่อยได้ 2 กลุ่ม ซึ่งสอดคล้องกับการแบ่งแยกทางภูมิศาสตร์ (Padidam, Beachy and Fauquet, 1995) ไวรัสกลุ่มหนึ่งมีจุดกำเนิดในโลกเก่า (Old World หรือ Eastern Hemisphere) ซึ่งประกอบไปด้วยแอฟริกา เอเชีย ออสเตรเลีย และ ยุโรป อีกกลุ่มหนึ่งเป็นไวรัสที่มีจุดกำเนิดในโลกใหม่ (New World หรือ Western Hemisphere) ซึ่งประกอบไปด้วยทวีปอเมริกาทั้งหมด (Rybicki, 1994; Padidam, Beachy and Fauquet, 1995)

การศึกษาบีโกโมไวรัสในประเทศไทยเริ่มมีความสำคัญมากขึ้นเรื่อยๆ เมื่อบีโกโมไวรัสเกิดการแพร่ระบาด และสร้างความเสียหายต่อพืชเศรษฐกิจที่สำคัญต่างๆ นับแต่มีรายงานการพบบีโกโมไวรัสที่ก่อโรคในมะเขือเทศครั้งแรกในปี พ.ศ. 2512 โดยไวรัสชนิดนี้แพร่ระบาดในเขตเพาะปลูกมะเขือเทศในจังหวัดเชียงใหม่ ประจวบคีรีขันธ์ นครราชสีมา และสมุทรสาคร ลักษณะอาการของโรคโดยทั่วไปที่พบคือ อาการใบหงิกเหลืองและขอบใบม้วนลง ผิวใบไม่เรียบ ใบอ่อนที่แตกใหม่จะมีขนาดเล็กลงและหงิกงอ ต้นแคระแกร็นและชะงักการเจริญเติบโต ดอกเป็นหมันและร่วงซึ่งส่งผลให้ผลผลิตทางการเกษตรลดลง ถ้าไวรัสเข้าทำลายพืชตั้งแต่ระยะต้นอ่อนจะทำให้ต้นแคระแกร็นอย่างรุนแรงและไม่สามารถจะให้ผลผลิตได้ ไวรัสชนิดนี้สามารถถ่ายทอดได้โดยแมลงหวี่ขาวและสามารถก่อโรคบนพืชชนิดอื่นๆ ในวงศ์ Solanaceae ได้อีกด้วย เช่น ยาสูบใบเล็กและลำโพง (ดิเรก ทองฤทธิ์ 2528) จากผลการศึกษาในปี 1990 Rochester และคณะ ได้รายงานเกี่ยวกับ *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV–Th) ซึ่งเป็นบีโกโมไวรัสสายพันธุ์ที่พบในประเทศไทย เมื่อมีการศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่สมบูรณ์ของทั้งจีโนมของไวรัสชนิดนี้ ผลปรากฏว่าแม้ว่า TYLCV-Th จะเป็น bipartite virus แต่ไวรัสชนิดนี้สามารถถูกถ่ายทอดและก่อให้เกิดโรคได้ด้วย DNA-A เพียงวงเดียว ซึ่งเป็นลักษณะพิเศษที่คล้ายคลึงกับ monopartite บีโกโมไวรัส จาก

รายงานศึกษาในระยะเวลาต่อมา พบว่าไวรัสที่ทำให้เกิดโรคในมะเขือเทศที่มีอาการคล้ายคลึงกับโรคที่ก่อโดย TYLCV-Th ยังมีอีกหลายชนิด เช่น *Tomato leaf curl virus* (ToLCV-In2) (Rochester *et al.*, 1994) นอกจากนี้ยังมีรายงานที่แสดงให้เห็นว่ามีบีโกโมไวรัสอีกหลายชนิดที่ก่อให้เกิดโรคในพืชเศรษฐกิจในประเทศไทย ส่วนใหญ่พบในพืชวงศ์แตง (Cucurbitaceae) เช่น โรคใบเหลืองของแคนตาลูป (Samretwanich *et al.*, 2000a) โรคใบเหลืองของแตงกวา (Samretwanich *et al.*, 2000b) โรคใบเหลืองในแตงหอม (Musk melon) (Samretwanich *et al.*, 2000c) โรคใบม้วนเหลืองในฟักเขียว (Wax Gourd) (Samretwanich *et al.*, 2000d) และอาการใบด่างเหลืองหงิกงอในบวบเหลี่ยม (เครือพันธุ์ กิตติปกรณ์ และคณะ 2544)

นอกจากนี้ในปี พ.ศ. 2520 พบการแพร่ระบาดครั้งแรกของเชื้อไวรัสโรคใบด่างเหลืองของถั่วเขียว (*Mungbean yellow mosaic virus*-MYMV)ในจังหวัดกำแพงเพชร พิษณุโลก พิจิตร เพชรบูรณ์ นครสวรรค์ และอุทัยธานี ลักษณะอาการของโรคโดยทั่วไปคือ มีจุดเล็กๆ สีเหลืองกระจายอยู่ทั่วไปบนใบ และเมื่อจุดสีเหลืองขยายใหญ่มากขึ้น จะทำให้ใบมีสีเหลืองเข้ม ใบอ่อนที่แตกออกมาใหม่มีสีเหลือง ต้นแคระแกร็น ไม่ออกดอกและทำให้ไม่ติดผล เชื้อนี้สามารถถ่ายทอดได้ด้วยแมลงหวี่ขาว เมื่อทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของ MYMV-Thailand isolate จะพบว่า MYMV-TH มีความแตกต่างจากบีโกโมไวรัสชนิดอื่นๆ และไม่แสดงความใกล้ชิดทางวิวัฒนาการกับไวรัสที่มีผู้รายงานไว้แล้ว (Moringa, Ikegami and Miura, 1993)

จากรายงานการสำรวจโรคในพริกเมื่อปี พ.ศ.2535 พบว่าประมาณ 43 เปอร์เซ็นต์ของพริกที่แสดงอาการใบหงิกและเหลืองนั้นมีสาเหตุมาจากถูกเชื้อ geminivirus เข้าทำลาย (Chiemsombat and Kittipakorn, 1996) ลักษณะอาการของโรคที่พบในพริกแต่ละพันธุ์มีลักษณะแตกต่างกัน โดยทั่วไปพริกจะแสดงอาการใบม้วนงอ เนื้อใบและเส้นใบเหลือง ใบบิดเบี้ยวผิดรูปร่าง จนถึงขณะนี้ยังไม่มีรายงานการศึกษาโดยละเอียดเกี่ยวกับเชื้อสาเหตุของโรคดังกล่าว

ประมาณเดือนมีนาคม พ.ศ. 2527 มีการสำรวจพบฝ้ายพันธุ์กีซ่า 3 และพีม่า ซึ่งเป็นฝ้ายชนิดเส้นใยยาวพิเศษในชนิด *Gossypium barbadense* L. ในแปลงทดลองที่ศูนย์วิจัยพืชไร่นครสวรรค์ที่แสดงอาการผิดปกติ ซึ่งไม่เคยมีรายงายในประเทศไทยมาก่อน ฝ้ายที่เป็นโรคมีอาการต้นเตี้ยกว่าปกติ ใบหนา ขอบใบกระดกขึ้น ด้านใต้ใบมีเส้นใบหนา และมีส่วนที่ยื่นออกมา (enation) ดอกมีขนาดเล็กและเส้นที่กลีบดอกและกลีบเลี้ยงมีลักษณะเดียวกับเส้นใบ บางต้นมีอาการเส้นใบย่อยด่างเหลือง (นงลักษณ์ ศรินทุ และ สมภาค สิทธิพงศ์, 2527) ซึ่งได้มีการทดลองการถ่ายทอดไวรัสด้วยแมลงหวี่ขาวพบว่าหลังจากได้รับเชื้อไวรัสแล้ว แมลงหวี่ขาวต้องอยู่บนต้นฝ้ายปกติอย่างน้อย

ที่สุด 30 นาทีจึงจะถ่ายทอดไวรัสได้ และแมลงหวี่ขาวเพียงหนึ่งตัวสามารถถ่ายทอดไวรัสได้ แต่จากการศึกษายังไม่พบว่าวัชพืชชนิดใดเป็นพืชอาศัย นอกจากพืชในวงศ์ Malvaceae เท่านั้น นอกจากฝ้ายชนิดเส้นใยยาวพิเศษพันธุ์ กีซ่า 3 ที่พบในธรรมชาติแล้วฝ้ายชนิดเส้นใยยาวหรือยาวปานกลาง (*G. luisutum*) ทุกพันธุ์ที่ทดลองสามารถติดโรคเส้นใบหนาได้ทั้งหมด ส่วนฝ้ายเส้นใยสั้น (*G. arboretum*) ไม่เป็นโรคนี้ สำหรับพืชชนิดอื่นในตระกูลเดียวกับฝ้าย คือ ปอแก้วไทย ปอคิวบา และกระเจี๊ยบแดง สามารถเป็นพืชอาศัยของเชื้อไวรัสเส้นใบหนา โดยแสดงอาการขอบใบกระดก เส้นใบย่อยด่างเหลือง และด้านใต้ใบมีเส้นใบหนาเช่นเดียวกับอาการที่เกิดกับฝ้าย (นงลักษณ์ ศรินทุ และ สมภาค สิทธิพงศ์ อ้างถึงในรายงานผลงานวิจัย กองโรคพืชและจุลชีววิทยา, 2528) จากการแพร่ระบาดของไวรัสดังกล่าวทำให้เกษตรกรไทยต้องหันมาปลูกฝ้ายที่สามารถต้านทานโรคไวรัสเส้นใบหนา แต่คุณภาพของเส้นใยต่ำกว่าสายพันธุ์เดิมเพื่อหลีกเลี่ยงการติดโรค

นอกจากนั้นยังมีรายงานการศึกษาบีโกโมไวรัสที่ทำให้เกิดโรคเส้นใบเหลืองในกระเจี๊ยบเขียว ซึ่งทำให้กระเจี๊ยบเขียวแสดงอาการเส้นใบเหลือง ยอดเหลือง ใบและยอดม้วนงอ ฝักมีสีเหลือง และต้นเตี้ยแคระแกร็นเมื่อเป็นโรครุนแรง โรคนี้พบระบาดครั้งแรกในปี พ.ศ. 2538-2539 ในแหล่งผลิตกระเจี๊ยบเขียวเพื่อส่งออกไปยังประเทศญี่ปุ่น ในเขตจังหวัดราชบุรี นครปฐม และอ่างทอง ทำให้ผลผลิตการส่งออกในปี พ.ศ. 2538 สูญเสียถึงร้อยละ 50 (เครือพันธุ์ กิตติปกรณ์ อำนวย อรรถลังรอง และ พิสสวรรณ เจียมสมบัติ, 2543a)

Malvastrum coromandelianum (L.) Garcke. จัดเป็นวัชพืชที่อยู่ในวงศ์ Malvaceae มีชื่อสามัญว่า Broomweed มีลักษณะใบรูปรีถึงรูปไข่กลับแกมขอบขนาน สูง 50-150 ซม. ดอกเดี่ยวหรือเป็นกลุ่ม 2-3 ดอก สีเหลือง กลีบบอบบาง ผลรูปรีถึงรูปไข่ ปลายแหลมมีสันเป็นปีกแหลมตามยาว ถิ่นที่พบ ริมทาง ทุ่งหญ้าที่เปิดโล่ง และในแปลงปลูกพืชเศรษฐกิจของเกษตรกร เช่นในสวนยางพารา (อำไพ ยงบุญเกิด สกล สุธีสร และจเร สถากร, 2527) ในประเทศจีน Zhou และคณะ (2003) ได้ทำการศึกษาเชื้อไวรัสใน *M. coromandelianum* พบว่าเป็นไวรัสชนิดใหม่ มีชื่อว่า *Malvastrum yellow vein virus* ซึ่งมี satellite DNA อยู่ร่วมด้วย และนอกจาก *M. coromandelianum* แล้วยังมีวัชพืชชนิดที่มีลักษณะทางสัญฐานวิทยาใกล้เคียงกัน อย่างเช่น *Sida* sp. ที่เป็นพืชอาศัยของบีโกโมไวรัสได้แก่ ไวรัสโรคใบเหลืองทอง (*Sida golden mosaic virus*, SiGMV) ในประเทศคอสตาริกา (Höfer *et al.*, 1997) และประเทศใกล้เคียง (Frischmuth *et al.*, 1997) โดยที่มีพืชเจ้าบ้านซึ่งเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญได้แก่ มะเขือเทศ ถั่วเหลือง และพริกไทย

สำหรับในประเทศไทยจากการสำรวจเก็บตัวอย่างตามที่ต่างๆ ในกรุงเทพมหานคร และภาคกลางพบว่ามี *M. coromandelianum* ที่แสดงอาการเส้นใบเหลือง พร้อมกับพบแมลงหวี่ขาวบนต้นตัวอย่างที่เก็บ จากการศึกษาเบื้องต้นเกี่ยวกับลักษณะอาการ และชนิดของแมลงพาหะบ่งชี้ว่าไวรัสเส้นใบเหลืองนี้อาจเป็นไวรัสในสกุล *Begomovirus* ซึ่งมีความเป็นไปได้ว่าพืชเศรษฐกิจที่สำคัญเช่น ฝ้าย และกระเจี๊ยบเขียว ซึ่งอยู่ในวงศ์เดียวกันกับ *M. coromandelianum* มีโอกาสที่จะถูกถ่ายทอดบีโกโมไวรัสโดยแมลงพาหะจาก *M. coromandelianum* ที่ติดเชื้อไวรัสเส้นใบเหลืองดังกล่าว จึงควรที่จะศึกษาเปรียบเทียบถึงความคล้ายคลึงและแตกต่าง ของสมบัติทางชีวภาพและลำดับนิวคลีโอไทด์ และความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของบีโกโมไวรัสชนิดดังกล่าวกับบีโกโมไวรัสชนิดใกล้เคียง

ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้จะเป็นประโยชน์ในการพัฒนาวิธีการตรวจสอบเชื้อบีโกโมไวรัสโรคเส้นใบเหลืองจาก *M. coromandelianum* ซึ่งสามารถนำไปใช้ในการวางแผน และการจัดการเพื่อป้องกันควบคุมการแพร่ระบาดของไวรัสชนิดนี้ อันจะนำไปสู่การลดความสูญเสียทางเศรษฐกิจที่อาจเกิดขึ้นหากไวรัสชนิดนี้ถูกถ่ายทอดไปสู่พืชเศรษฐกิจได้ นอกจากนี้ความรู้ที่ได้จะนำไปสู่ความเข้าใจที่ดียิ่งขึ้นในชีววิทยาของบีโกโมไวรัส ตลอดจนความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการระหว่างไวรัสชนิดนี้กับไวรัสชนิดใกล้เคียงจากพื้นที่อื่นๆ

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย