

Thesis Title	Taxonomy and Phylogeny of Powdery Mildew Fungi in Tribe Erysipheae	
Author	Mr. Rangsi Divarangkoon	
Degree	Doctor of Philosophy (Plant Pathology)	
Thesis Advisory Committee		
	Assoc. Prof. Dr. Chaiwat To-anun	Advisor
	Assoc. Prof. Dr. Nuchnart Jonglaekha	Co-advisor
	Lect. Dr. Sarunya Valyasevi	Co-advisor
	Lect. Dr. Ratchadawan Cheewangkoon	Co-advisor

ABSTRACT

Surveys of powdery mildew fungi in Northern provinces of Thailand, e.g., Chiang Mai, Chiang Rai, Nan, Maehongsorn and Lumpang were made. The main objective was to describe and identify powdery mildews in Tribe Erysipheae consisted of subtribe Erysiphinae and subtribe Typhulochaetinae. Subtribe Typhulochaetinae has only one genus, *Typhulochaeta*. Subtribe Erysiphinae consists

of two genera, *Erysiphe* which anamorphic state belongs to subgenus *Pseudoidium* and *Brasiliomyces* which anamorphic state is unknown. Subgenus *Pseudoidium* is characterized by conidia produced singly (solitary) one at a time per day without fibrosin body and polygoni type germtubes. In this study, specimens were collected covering 68 host plant species, 34 host families that are infected by the fungi in this tribe. Under the microscopic observation, the fungi found on 58 host plant species were produced only anamorphic state and were identified as subgenus *Pseudoidium*. One fungus found on *Tectona grandis* producing both anamorphic and teleomorphic states and was identified as *Erysiphe tectonae*. The genus *Brasiliomyces* were found on eight host plant species, e.g. *Castanopsis echinocarpa*, *C. diversifolia*, *C. indica*, *C. calathiformis*, *C. argyrophylla*, *C. tribuloides*, *Lithocarpus elegans* and *L. polystachyus* which belongs to the same host family produced only teleomorphic state.

To study the phylogenetic relationship of this fungal group, 21 specimens were used for sequencing of rDNA region and compared with 87 specimens of the genus *Erysiphe* from the DNA Databank of Japan (DDBJ). The sequences were initially aligned, using the Clustal V package. Phylogenetic trees were obtained from the data using maximum likelihood (ML), distance, and parsimony methods. The results confirmed that all of the 21 specimens can be identified as a genus *Oidium*

subgenus *Pseudoidium*. But the 8 specimens which cannot be found anamorphic state, producing only ascomata are identified as genus *Brasiliomyces*. The molecular phylogenetic analysis indicated that the *Brasiliomyces* found on 6 host plants; *Castanopsis indica*, *C. calathiformis*, *C. argyrophylla*, *C. tribuloides*, *Lithocarpus elegans* and *L. polystachyus* belong to the *Erysiphe*. They are formed separate clade with *Typhulochaeta japonicae* and *Erysiphe*. We propose this *Brasiliomyces* species as a new species of *Erysiphe* and describe as *Erysiphe monoperiata* sp. nov. The other *Brasiliomyces* found on two host plant species, *Castanopsis diversifolia* and *C. echinocarpa*, formed separate clade with *Typhulochaeta japonicae* and *Erysiphe*. We assign as a new species, recorded and described as *Erysiphe asiatica* sp. nov. In addition, phylogenetic analysis of *Erysiphe tectonae* found on *Tectona grandis* indicated that it is a unique species. The molecular tool was conducted to aid the identification of anamorphic materials by assessing the rDNA sequence in which these 12 specimens can be grouped into 6 different groups as follows: The first group was the fungus found on *Muehlenbeckia ptyyclada* which closely related to *Erysiphe polygoni*. The second group includes the fungi found on *Aeschynomene americana*, *Sesbania grandiflora*, *Tamarindus indica* and *Mirabillis jalapa* which are closely related to *Erysiphe robiniae*. The third group was the fungus found on *Pisum sativum* which closely related to *Erysiphe pisi*. The fourth group was the fungi found on

Cyclea barbata and *Ipomoea obscura* which are closely related to *Erysiphe pseudolonicerae*. The fifth was the fungus found on *Acacia auriculaformis* which is closely related to *E. alphitoides*, the sixth group was the fungi found on *Ludwigia hyssopifolia*, *Stachytarpheta indica* and *Zizyphus nummularia* which are closely related to *E. polygony*. This is a comprehensive study of powdery mildews and the first report of new species in genus *Erysiphe* which mostly occur on new host plants in Thailand.

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	อนุกรมวิธานและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราแป้งในไทรบ์ Erysipheae
ผู้เขียน	นายรังสี ดิวรางกูร
ปริญญา	วิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต (โรคพืช)

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รองศาสตราจารย์ ดร. ชัยวัฒน์ โตอนันต์	อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
รองศาสตราจารย์ ดร. นุชนาฏ จงเลขา	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
อาจารย์ ดร. สรัญญา วัลยะเสวี	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
อาจารย์ ดร. รัชดาวรรณ ชีวังกูร	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ

จากการสำรวจเชื้อราแป้งในเขตจังหวัดภาคเหนือของไทย ได้แก่ เชียงใหม่ เชียงราย น่าน แม่ฮ่องสอน และลำปาง โดยมีวัตถุประสงค์เพื่ออธิบายลักษณะ และจำแนกชนิดของเชื้อราภายใน Tribe Erysipheae ซึ่งประกอบด้วย Subtribe Typhulochaetinae และ Subtribe Erysiphinae โดยเชื้อราแป้งใน Subtribe Typhulochaetinae มีสมาชิกเพียง Genus เดียวคือ *Typhulochaeta* ส่วน Subtribe Erysiphinae ประกอบด้วย Genus *Erysiphe* (การสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศจัดอยู่ใน Subgenus *Pseudoidium*) และ Genus *Brasiliomyces* (ไม่พบการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ) โดยเชื้อราใน Subgenus *Pseudoidium* นี้มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาคือ สร้าง conidia เกิดเดี่ยวๆ ไม่ต่อกันเป็นสายโซ่ โดยสร้างได้วันละ 1 conidium ภายใน conidia ไม่มี fibrosin body เมื่อ conidia งอกจะให้กำเนิด germ tube มีลักษณะเป็นแบบ polygoni type ซึ่งจากการศึกษาพบว่า สามารถเก็บรวบรวมเชื้อราแป้งใน Tribe นี้ได้จากพืชอาศัยรวม 68 ชนิด ใน 34 ตระกูล เมื่อนำตัวอย่างเชื้อราดังกล่าวมาศึกษาภายใต้กล้องจุลทรรศน์พบว่า เชื้อราแป้งจากพืชอาศัยรวม 58 ชนิดมีการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศเพียงอย่างเดียวและถูกจำแนกไว้ใน Subgenus *Pseudoidium* ส่วนเชื้อราแป้งที่พบบนสักพบว่ามี การสืบพันธุ์ทั้งแบบอาศัยเพศ และแบบไม่อาศัยเพศ และจำแนกได้เป็นเชื้อรา *Erysiphe tectonae*

สำหรับเชื้อรา Genus *Brasiliomyces* ที่พบบนพืชอาศัย 8 ชนิด ในตระกูล Fagaceae ได้แก่ ก่อหนาม ก่อแป้น ก่อลิ่ม ก่อหมูดอย ก่อหุยม ก่อใบเลื่อม ก่อนก และก่อก่อน โดยเชื้อราดังกล่าวพบเฉพาะการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศเพียงอย่างเดียวเท่านั้น

ในการศึกษาถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อราเป็งในกลุ่มนี้ ได้มีการศึกษาลำดับเบส ตรงตำแหน่ง rDNA จากตัวอย่างพืชอาศัยรวม 21 ชนิด แล้วจึงนำมาเปรียบเทียบกับข้อมูลของเชื้อราเป็งใน Genus *Erysiphe* และ *Oidium* Subgenus *Pseudoidium* รวม 87 ตัวอย่าง ที่มีรายงานไว้ในธนาคาร DNA ของประเทศญี่ปุ่น (DDBJ) จากลำดับเบสดังกล่าวสามารถวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Clustal V จากนั้นคำนวณหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสร้าง Phylogenetic tree ได้ด้วยวิธี maximum-likelihood (ML), distance และ parsimony ซึ่งจากผลการทดลองสรุปได้ว่าเชื้อราเป็งทั้ง 21 ตัวอย่างนั้นสามารถยืนยันการจัดจำแนกอยู่ใน Genus *Oidium* Subgenus *Pseudoidium* แต่เชื้อราเป็งจำนวน 8 ตัวอย่างที่ไม่พบการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ พบมีการสร้าง ascomata เพียงอย่างเดียวและถูกจำแนกไว้เป็น Genus *Brasiliomyces* นั้น ผลการศึกษาทางอณูชีววิทยาชี้ให้เห็นว่า เชื้อรา Genus *Brasiliomyces* ที่พบบนพืชอาศัย 6 ชนิด ได้แก่ ก่อหมูดอย ก่อก่อน ก่อก่อน ก่อใบเลื่อม ก่อลิ่ม และก่อก่อหุยม มีลำดับเบสเดียวกัน และจัดอยู่ใน clade เดียวกันกับเชื้อราใน Genus *Erysiphe* และเชื้อรา *Typhulochaeta japonicae* ด้วยเหตุนี้เชื้อรา Genus *Brasiliomyces* ที่พบบนพืชอาศัยทั้ง 6 ชนิดดังกล่าวจึงจัดจำแนกใหม่ในชื่อว่า *Erysiphe monopetidiata* sp. nov. ส่วนเชื้อรา Genus *Brasiliomyces* ที่พบบนพืชอาศัยอีก 2 ชนิด ได้แก่ ก่อแป้น และก่อก่อน พบมีลำดับเบสเดียวกัน และจัดอยู่ใน clade เดียวกันกับเชื้อราใน Genus *Erysiphe* และ *Typhulochaeta japonicae* จึงจัดจำแนกใหม่ในชื่อว่า *Erysiphe asiatica* sp. nov. สำหรับผลการศึกษาในเชื้อรา *Erysiphe tectonae* ที่พบบนสักชี้ให้เห็นว่าเชื้อรานี้มีลักษณะเฉพาะที่ไม่เหมือนกับเชื้อราใน Genus *Erysiphe* อื่นๆ นอกจากนี้ผลการศึกษาด้านความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ยังชี้ให้เห็นว่าเชื้อราเป็งใน Subgenus *Pseudoidium* ที่พบบนพืชอาศัยจำนวน 12 ชนิดสามารถยืนยันได้ว่าเชื้อราทั้งหมดจัดเป็นเชื้อราที่อยู่ใน Genus *Erysiphe* โดยแบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม ดังนี้คือ กลุ่มที่หนึ่ง ได้แก่เชื้อราเป็งที่พบบนตะขาคินเป็นเชื้อราที่มีความใกล้ชิดกับเชื้อรา *Erysiphe polygoni*; กลุ่มที่สอง ได้แก่เชื้อราเป็งที่พบบนโสน โชน แคน มะขาม และบานเย็น โดยมีความใกล้ชิดกับเชื้อราเป็ง *Erysiphe robiniae*; กลุ่มที่สาม ได้แก่เชื้อราเป็งที่พบบนถั่วลิสง มีความใกล้ชิดกับเชื้อราเป็ง *Erysiphe pisi*; กลุ่มที่สี่ ได้แก่เชื้อราเป็งที่พบบนหญ้ามะน้อย และสะอึก มีความใกล้ชิดกับเชื้อราเป็ง *Erysiphe pseudoloniceriae*; กลุ่มที่ห้า ได้แก่เชื้อราเป็งที่พบบนกระถินณรงค์มีความใกล้ชิดกับเชื้อราเป็ง

Erysiphe alphitoides; กลุ่มที่หก ได้แก่เชื้อราแป้งที่พบบนแพงพวย พันงูเขียว และพุทรา มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ เชื้อราแป้ง *Erysiphe polygoni* จากการศึกษาเชื้อราแป้งในครั้งนี้ นับเป็นครั้งแรกที่มีการรายงานถึงการจำแนกชนิดอย่างละเอียด และเป็นการค้นพบเชื้อราแป้งใน Genus *Erysiphe* บนพืชอาศัยต่างๆ ที่ยังไม่มีมีการรายงานมาก่อนในประเทศไทย