# บทที่ 5

## สรุปและวิจารณ์ผลการทดลอง

จากการเก็บตัวอย่างพืชจากใบพืชปกติ ที่ไม่มีอาการของโรคจาก 2 แหล่งคือ ที่ราบบริเวณแปลงศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ และที่สูงบริเวณแปลงศูนย์พัฒนาโครงการหลวงหนองหอย อำเภอแม่ริม จังหวัดเชียงใหม่ พบว่าสามารถแยกเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสได้ ทั้งหมด 75 ไอโซเลท โดยเก็บจากพืชตระกูลกะหล่ำ 5 ชนิด ได้แก่ ผักคะน้า ผักกาดเขียวปลี ผักกวางตุ้ง ผักกาดฮ่องเต้ และ กะหล่ำดอก โดยแยกได้จากผักกาดฮ่องเต้ ที่ราบจำนวน 4 ไอโซเลท ผักกาดฮ่องเต้ ที่สูงจำนวน 32 ไอโซเลท ผักคะน้าที่ราบจำนวน 4 ไอโซเลท ผักคะน้าที่สูงจำนวน 8 ไอโซเลท ผักกาดเขียวปลีจำนวน 5 ไอโซเลท ผักกวางตุ้งจำนวน 7 ไอโซเลท และกะหล่ำดอกจำนวน 15 ไอโซเลท ซึ่งเชื้อที่ได้ส่วนใหญ่มาจากตัวอย่างพืชที่ได้จากที่สูง โดยให้จำนวนไอโซเลทของเชื้อมากกว่าที่เก็บจากที่ราบ จากการเก็บตัวอย่างเชื้อที่ได้จากที่ราบมี 35 ไอโซเลทขณะที่เชื้อที่ได้จากที่สูงมีถึง 40 ไอโซเลท และจากผลการทดลองนี้พบว่าเชื้อที่แยกได้ส่วนใหญ่มาจากส่วนของใบ โดยวันวิสาข์ (2546) ได้ศึกษาถึงสภาพแวดล้อม และภูมิอากาศเป็นปัจจัยที่มีผลต่อชนิด และปริมาณของเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสที่พบในพืชในพื้นที่ต่างๆ นอกจากนี้ยังขึ้นอยู่กับอายุพืช ระยะการเจริญเติบโต ชนิดของดินที่ปลูก และฤดูกาล ซึ่งปัจจัยเหล่านี้มีความสำคัญในการพบเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสในสกุลต่างๆ

จากการศึกษาดูลักษณะสัณฐานวิทยาเบื้องต้นของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีส จำนวน 60 ไอโซเลท โดยอาศัยลักษณะการจำแนกตามหลักของ Williams *et al*. (1989) สามารถจำแนกได้เป็น 4 สกุล ได้แก่ สกุล *Streptomyces* มีสปอร์ต่อกันเป็นลูกโซ่ พันเกลียว การแตกแขนงของเส้นใยเป็นแบบเดี่ยวๆ สกุล *Nocardia* ลักษณะสปอร์เป็นเส้นสาย จะพบเซลล์ที่มีลักษณะเป็นท่อน แตกกิ่งก้านเป็นมุมฉาก รูปแท่งจนถึงรูปกลม สกุล *Nocardiopsis* ลักษณะสปอร์ต่อกันเป็นสายยาวแบบ irregularly zig-zagged และสกุล *Nocardioide* ลักษณะสปอร์ต่อกันเป็นสายยาว สปอร์เกิดการแตกหักของ aerial mycelium ซึ่งส่วนใหญ่พบว่าเชื้อที่ได้อยู่ในสกุล *Streptomyces* จากการพบเชื้อดังกล่าวสอดคล้องกับรายงานที่ผ่านมาของ Takao *et al*. (1995) พบว่าเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสที่แยกได้จากต้นพืชส่วนมากจัดอยู่ในสกุล *Streptomyces* ซึ่งเชื้อสกุลนี้มีความสามารถในการสร้างสารปฏิชีวนะ และฮอร์โมนที่กระตุ้นให้ต้นพืชมีการป้องกันตัวเองจาก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

การเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุโรคพืช ส่งเสริมความแข็งแรง และการเจริญเติบโตของต้นพืชได้ดี นอกจากการจัดจำแนกโดยอาศัยลักษณะสัณฐานวิทยา บางครั้งยังต้องอาศัยการจำแนกทางด้านชีวเคมีร่วมด้วย เช่น การศึกษาการใช้แหล่งคาร์บอน การผลิตเมลานิน การศึกษาผลของค่าความเป็นกรดเป็นด่างที่มีผลต่อการเปลี่ยนสีรงควัตถุ การย่อยสลายแป้ง และศึกษาการเปลี่ยนนมให้เป็นเพปโทน ซึ่งเป็นการศึกษาคุณสมบัติของเชื้อแบคทีเรีย (ดาวัลย์, 2550)

การทดสอบความสามารถในการเป็นปฏิปักษ์ของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสในการยับยั้งการเจริญของเชื้อราสาเหตุโรคใบจุดของผักตระกูลกะหล่ำที่เกิดจากเชื้อรา *A. brassicicola* และเชื้อรา *Cercospora* sp. โดยวิธี dual culture พบว่าเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสสามารถยับยั้งการเจริญของเชื้อรา *A. brassicicola* อยู่ระหว่าง 24.78 - 72.77% และเชื้อรา*Cercospora* sp. อยู่ระหว่าง 16.02 - 54.05% โดยพบว่าไอโซเลท PAI-D1 สามารถยับยั้งเชื้อรา *A. brassicicola* และเชื้อรา *Cercospora* sp. ได้ที่ 72.77% และ 54.05% ตามลำดับ จากการทดสอบเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีส ไอโซเลท PAI-D1 กับเชื้อราสาเหตุโรคทั้ง 2 ชนิด พบว่า ประสิทธิภาพในการยับยั้งต่อเชื้อรา *A. brassicicola* สูงกว่าเชื้อรา *Cercospora* sp. ซึ่งสารปฏิชีวนะที่เชื้อแอคติโนมัยซีสสร้างอาจมีผลต่อเชื้อราสาเหตุโรคพืชได้แตกต่างกัน จากการรายงานของ Sardi *et al*. (1992) พบว่าเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสบางชนิดจะสร้างสารปฏิชีวนะยับยั้งการเจริญของเชื้อจุลินทรีย์ได้ 1-2 ชนิดเท่านั้น จัดเป็นจุลินทรีย์ที่สามารถสร้างสารปฏิชีวนะพวก narrow antimicrobial spectrum มักพบได้ทั่วไปในธรรมชาติ

จากการศึกษาอุณหภูมิ และค่าความเป็นกรดเป็นด่างที่มีผลต่อการเจริญของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสที่ได้คัดเลือกไอโซเลท PAI-D1, CAU1, IN-MUS1 และKAL8 พบว่าไอโซเลท PAI-D1 สามารถเจริญได้ดีมากที่ระดับอุณหภูมิ 40 ºC ไอโซเลท CAU1 และ KAL8 สามารถเจริญได้ดีมากที่ระดับอุณหภูมิ 25-30 ºC และไอโซเลท IN-MUS1 สามารถเจริญได้ดีมากที่ระดับอุณหภูมิ 10-20 ºC จากการรายงานของ Porter (1971) พบว่าเชื้อแอคติโนมัยซีส ส่วนใหญ่เป็นกลุ่มที่เจริญได้ดีที่อุณหภูมิปานกลาง (mesophilic) และเชื้อมีการพัฒนาของเส้นใย และสปอร์ของเชื้อสมบูรณ์ที่สุดที่อุณหภูมิ 28 - 37 ºC โดยอุณหภูมิที่ต่ำ หรือสูงเกินไป มีผลทำให้การเจริญของเชื้อช้าลง เมื่อนำมาทดสอบการเจริญของเชื้อในสภาพอาหารที่มีความเป็นกรดเป็นด่างระหว่าง 4-9 พบว่าไอโซเลท PAI-D1 CAU1 และ KAL8 สามารถเจริญได้ดีที่มีค่าความเป็นกรดเป็นด่างอยู่ระหว่าง 5-9 และการเจริญลดลงเมื่อความเป็นกรดเป็นด่างต่ำหรือสูง ส่วนไอโซเลท IN-MUS1 อยู่ที่ 9 ส่วนที่ระดับค่าความเป็นกรด-ด่างที่ 4 ไม่พบการเจริญของไอโซเลท IN-MUS1 จากผลการทดลองนี้จึงได้นำเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสที่พบว่ามีการเจริญ 3 ไอโซเลท ได้แก่ไอโซเลท

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

PAI-D1 CAU1 และ KAL8 มาทำการศึกษาลักษณะรูปร่างของสปอร์ ผิวของสปอร์ และลักษณะการเรียงตัวของสปอร์

จากการศึกษาลักษณะรูปร่าง การเรียงตัว และพื้นผิวสปอร์ของเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีส 3 ไอโซเลทได้แก่ CAU1 KAL8 และ PAI-D1 ด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องกราด พบว่าไอโซเลท CAU1 สปอร์ทั้งลักษณะเป็นท่อนสั้นถึงกลม และผิวของสปอร์เรียบเรียงต่อกันเป็นสายสั้นถึงยาว ไอโซเลท KAL8 สปอร์มีรูปร่างเป็นท่อนสั้นถึงกลมรีเป็นรูปไข่ ผิวของสปอร์เรียบ สปอร์มีขนาดเล็ก ซึ่งเล็กกว่าไอโซเลท CAU1 และไอโซเลท PAI-D1 สปอร์มีทั้งลักษณะเป็นรูปไข่จนถึงเป็นท่อน และโค้งงอเล็กน้อยสปอร์ผิวเรียบ เรียงต่อกันเป็นสายยาว ซึ่งจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเบื้องต้นพบว่าทั้ง 3 ไอโซเลทที่คัดเลือกมาอยู่ในสกุล *Streptomycetes* โดย Selman (1967) ศึกษาสปอร์ของเชื้อแอคติโนมัยซีสในสกุล *Streptomycetes* พบว่าสปอร์ในกลุ่มนี้มีรูปร่างทรงกลม เรียงต่อกันเป็นแถว ขนาด 0.3 - 0.8 μm ซึ่งในแต่ละสายพันธุ์จะมีขนาดและรูปร่างที่แตกต่างกัน โดยสปอร์เป็นส่วนที่ใช้ขยายพันธุ์ พื้นผิวของสปอร์ที่พบในสกุลนี้มีทั้งขรุขระ และเรียบ พื้นผิวขุรขระที่พบอาจมีหนาม ขน หรือเป็นตุ่มๆ บริเวณผิวของสปอร์ อย่างไรก็ตามการสร้างสปอร์ของเชื้อขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมภายนอกด้วย ซึ่งจากผลการส่องภายใต้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องกราด สามารถยืนยันได้ว่าเชื้อทั้ง 3 ไอโซเลทเป็นเชื้อที่ต่างสายพันธุ์กัน แต่อาจอยู่ในสกุลเดียวกัน โดยการเปรียบเทียบรูปร่างของสปอร์ ผิวของสปอร์และลักษณะการเรียงตัวที่ต่างกัน แต่ยังไม่สามารถระบุถึงระดับสายพันธุ์ (species) ได้

จากการทำการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยวิธี PCR-RFLP เพื่อใช้ในการจัดจำแนกกลุ่มของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสที่แยกได้จากพืชตระกูลกะหล่ำ 60 ไอโซเลท และเชื้อแอคติโนมัยซีสที่เป็นสาเหตุโรคแผลสะเก็ดของมันฝรั่งที่เกิดจากเชื้อ *Streptomyces scabies* จำนวน 2 ไอโซเลท เมื่อนำเชื้อทั้ง 62 ไอโซเลทมาสกัดดีเอ็นเอเพิ่มปริมาณโดยเทคนิค PCR โดยใช้ primer ที่ลำดับเบส 16S rDNA ของเชื้อแอคติโนมัยซีสได้ชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส เมื่อนำมาทำการย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 3 ชนิดได้แก่ *Eco*RV, *Kpn*I และ *Pst*I พบว่า เอนไซม์ *Eco*RV สามารถย่อยผลผลิตของ PCR ได้แถบดีเอ็นเอขนาด 850 และ650 คู่เบส เอนไซม์ *Kpn*I สามารถย่อยผลผลิตของ PCR ได้แถบดีเอ็นเอขนาด 1,050 และ 500 คู่เบส ซึ่งเอนไซม์ทั้งสองชนิดนี้ไม่สามารถนำมาใช้ในการจัดจำแนกกลุ่มของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีส ที่นำมาศึกษาได้ แต่สำหรับเอนไซม์ *Pst*I สามารถย่อยผลผลิตของ PCR ได้ทั้งหมด และสามารถจำแนกเชื้อแอคติโนมัยซีสออกเป็น 4 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ A แถบดีเอ็นเอขนาด 950, 450 และ 150 คู่เบส ได้แก่ ไอโซเลท CAU1, CAU3, KAL1-KAL4, KAL6, KAL7, PAI-L1-PAI-L4, PAI-D1, PAI-D3, PAI-D5, PAI-D8, PAI-D10, PAI-D12-PAI-D16, PAI-D18, PAI-D19, PAI-D21, PAI-D24, PAI-D26-

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

PAI-D28, PAI-D30-PAI-D32, IN-MUS1-IN-MUS4, CH-MUS1-CH-MUS3 และ CH-MUS5 กลุ่มที่ B แถบดีเอ็นเอขนาด 1,050 และ 450 คู่เบส ได้แก่ ไอโซเลท Potato1, Potato2, KAL5, KAL8, KAL-L1, KAL-L2, PAI-D2, PAI-D6, PAI-D9, PAI-D17, PAI-D20, PAI-D22, PAI-D25 PAI-D29, CH-MUS4 และ IN-MUS5 กลุ่มที่ C แถบดีเอ็นเอขนาด 850 และ 650 คู่เบส ได้แก่ ไอโซเลท CAU2, PAI-D4 และPAI-D11 และกลุ่มที่ D แถบดีเอ็นเอขนาด 1,000 และ 500 คู่เบส ได้แก่ ไอโซเลท KAL-L3, PAI-D7 และ PAI-D23 ในการจัดจำแนกด้วยเทคนิค PCR-RFLP ส่วนใหญ่ใช้ในการจัดจำแนกระดับสายพันธุ์ของเชื้อแบคทีเรีย

จากการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาของเชื้อทั้ง 60 ไอโซเลท พบว่าเชื้อที่ได้ส่วนใหญ่อยู่ในสกุล *Streptomyces* เมื่อนำเทคนิค PCR-RFLP มาใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อในระดับพันธุกรรมของสกุล *Streptomyces* และกลุ่มที่ไม่ใช่สกุล*Streptomyces* พบว่าสามารถจำแนกได้เป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่ม A ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces*, *Nocardiopsis* และ*Nocardia* กลุ่ม B ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces*, *Nocardiopsis* และ*Nocardioide* กลุ่ม C ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces* และกลุ่ม D ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces* และ*Nocardioide* เมื่อนำมาวิเคราะห์ข้อมูลด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป NTSYSpc เพื่อจัดกลุ่มเชื้อแอคติโนมัยซีสทั้งหมด สามารถแบ่งได้ 3 กลุ่ม ที่ค่า similarity 0.77 โดยกลุ่ม A ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces*, *Nocardiopsis* และ *Nocardia* จำนวน 40 ไอโซเลท กลุ่ม B ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces*, *Nocardiopsis* และ *Nocardioide* จำนวน 16 ไอโซเลท กลุ่ม C ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces* จำนวน 3 ไอโซเลท และกลุ่ม D ประกอบด้วยสกุล *Streptomyces* และ *Nocardioide* จำนวน 3 ไอโซเลท จากการศึกษาพบว่า เชื้อแอคติโนมัยซีสที่อยู่ในกลุ่ม A มีความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรมภายในกลุ่ม ซึ่งไม่สามารถแยกสกุล *Streptomyces* และสกุลที่ไม่ใช่ *Streptomyces* ออกจากกันได้เช่นเดียวกับกลุ่ม B และกลุ่ม D แต่ในกลุ่ม C พบสกุล *Streptomyces* สามารถแยกออกมาได้อย่างชัดเจน ดังนั้นเชื้อที่อยู่ในแต่ละกลุ่มจึงน่าจะมีความแตกต่างกันในระดับสายพันธุ์ โดยเฉพาะสกุล *Streptomyces* ที่พบว่าสามารถแบ่งได้ 4 กลุ่ม อย่างไรก็ตามในการจำแนกโดยลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียวอาจมีข้อจำกัดโดยเฉพาะกลุ่มเชื้อที่มีลักษณะสัณฐานวิทยาที่ใกล้เคียงกัน จากการศึกษา Hopwood (1985) ใช้เทคนิค PCR-RFLP ในการจำแนกเชื้อแอคติโนมัยซีส โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ 13 ชนิด ได้แก่ *BamH*I, *Bgl*II, *Dra*I, *Eco*RV, *Hha*I, *Hinc*II, *Hind*III, *Kpn*I, *Mlu*I, *Nco*I, *Pst*I, *Sau3*AI และ *Sph*I พบว่ามีเอนไซม์เพียง 4 ชนิดเท่านั้นที่ให้ความแตกต่างกันคือ *Eco*RV, *Kpn*I, *Pst*I และ *Sau3*AI แต่ไม่สามารถแยกสกุลที่เป็น *Streptomyces* ออกจากสกุลที่ไม่ใช่ *Streptomyces* ได้ และสอดคล้องกับการศึกษาของเทพิน (2546) ที่รายงานว่านำแอคติโนมัยซีส 16 สายพันธุ์ ซึ่งเป็น *Streptomyces* sp. 13 สายพันธุ์ และไม่ใช่ *Streptomyces* sp. อีก 3 สายพันธุ์ ได้แก่ *Microbispora rosea*,

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

*Micromonospora chalcea* และ *Actinomadura madurae* มาศึกษาความสัมพันธ์โดยวิธี PCR-RFLP พบว่าไม่สามารถแยก *Streptomyces* ออกจากกลุ่มที่ไม่ใช่ *Streptomyces* ได้เช่นกัน สำหรับการศึกษาครั้งนี้พบว่าเอนไซม์ทั้ง 3 ชนิดนี้ สามารถจัดกลุ่มได้แบบคร่าวๆ เท่านั้น ไม่เฉพาะเจาะจงลงไปในระดับสายพันธุ์ เนื่องจากยังต้องมีการหาไพรเมอร์ที่เฉพาะเจาะจงกับเชื้อสเตรปโตมัยซีสอีกต่อไป

จากการศึกษาพบว่าสามารถจำแนก *Streptomyces* ได้ 4 กลุ่ม โดยพบว่าเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสที่มีประสิทธิภาพในการยับยั้งเชื้อราสาเหตุโรคใบจุดที่เกิดจากเชื้อรา *A. brassicicola* และเชื้อรา *Cercospora* sp. สูงที่สุดอยู่ในกลุ่ม A แต่เชื้อแอคติโนมัยซีสที่เป็นสาเหตุของโรคแผลสะเก็ดของมันฝรั่งเกิดจากเชื้อ *Streptomyces scabies* ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม B ซึ่งในกลุ่ม B อาจมีเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสที่อาจก่อให้เกิดโรคพืช หรืออาจทำให้เกิดความเสียหายแก่ผลผลิตได้หากมีการได้รับเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสบางตัวในกลุ่มนี้ จากการศึกษาของ Coombs and Franco (2003) พบว่าจากการจำแนกแอคติโนแบคทีเรีย 49 ไอโซเลท ที่แยกได้จากพืชปกติเป็นสกุลต่างๆ ดังนี้ *Streptomyces*, *Microbispora*, *Micromonospora* และ *Nocardiodes* spp. ซึ่งในสกุล *Streptomyces* ที่พบมีลักษณะทางสัณฐานวิทยา และชีวเคมีคล้ายกับเชื้อ *Streptomyces caviscabies* และ *S. setonii* ที่เป็นสาเหตุโรคแผลสะเก็ดของมันฝรั่ง จึงนำมาศึกษาโดยใช้ลำดับเบส 16S rDNA พบว่าไม่มี *Streptomyces* ที่มียีน *nec*1 ซึ่งเป็นยีนที่ทำให้เกิดโรคหรือผลิตสารพิษ thaxtomin ดังนั้นจากงานทดลองจึงต้องมีการศึกษาให้ละเอียดต่อไป หากจะมีการนำเชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสมาใช้เป็นรูปแบบของผลิตภัณฑ์ในแบบต่างๆ

เชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีส เป็นเชื้อจุลินทรีย์ที่อาศัยอยู่ภายในเนื้อเยื่อพืช ซึ่งพืชแต่ละชนิดจะพบเชื้อจุลินทรีย์ที่มีความแตกต่างกันออกไปขึ้นอยู่กับชนิดของพืชอาศัย และสภาพแวดล้อม โดยเมื่อศึกษาเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสที่แยกได้จากเนื้อเยื่อพืช แล้วนำไปทดสอบการควบคุมโรค เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสในการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อราสาเหตุโรคพืช จากงานทดลองจะเห็นได้ว่า เชื้อเอนโดไฟท์ติกแอคติโนมัยซีสมีความสามารถในการยับยั้งเชื้อราสาเหตุโรคใบจุดที่เกิดจากเชื้อรา *A. brassicicola* และเชื้อรา *Cercospora* sp. ได้ผลในการยับยั้งได้ดีในสภาพห้องปฏิบัติการ อย่างไรก็ตามยังต้องมีการศึกษาเพิ่มเติม โดยการนำเชื้อดังกล่าวไปทดสอบในสภาพแปลงปลูกที่มีสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันเพื่อยืนยันว่าเชื้อสามารถใช้ได้จริงในสภาพธรรมชาติ Kunoh (2002) พบว่าเชื้อแอคติโนมัยซีสเอ็นโดไฟท์มีบทบาทต่อความสมบูรณ์ และการพัฒนาของต้นพืช เนื่องจากเชื้อสามารถส่งผลต่อการเจริญของพืชโดยเพิ่มความสามารถในการดูดซึมอาหาร หรือการผลิตสารปฏิชีวนะเพื่อส่งเสริมการเจริญเติบโตของพืชได้ นอกจากนี้ยังต้องมีการศึกษาต่อไปอีกว่าเชื้อ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

เอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีสนั้นไม่มีผลกระทบกับสภาพแวดล้อม และผู้บริโภคเมื่อบริโภคผักที่มีการฉีดพ่นเชื้อเอนโดไฟท์ติก แอคติโนมัยซีส การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อแอคติโนมัยซีสนอกจากจะใช้ประโยชน์ในการศึกษาความหลากหลาย และการจัดจำแนกชนิดของเชื้อแอคติโนมัยซีสแล้ว ยังพบว่ากลุ่มของเชื้อ *Streptomyces* ที่ให้ผลยับยั้งเชื้อสาเหตุโรคพืชส่วนใหญ่ไม่ได้จัดอยู่ในสกุลของ *Streptomyces* เป็นสาเหตุของโรค (Coombs and Franco, 2003) ถ้าสามารถพัฒนาเชื้อ *Streptomyces* ที่ได้มาใช้ในการควบคุมโรคใบจุดทั้งสองชนิดได้ ก็เป็นวิธีการหนึ่งที่สามารถลดการใช้สารเคมีในแปลงผักที่มีแนวโน้มในการใช้ที่เพิ่มขึ้น นอกจากนี้เชื้อ *Streptomyces* เป็นเชื้อจุลินทรีย์ชนิดหนึ่งที่มีบทบาทต่อการย่อยอินทรีย์สารในดินที่มีผลทำให้คุณภาพของดินดีขึ้น โดยจะสร้างน้ำย่อยพวก protease เพื่อเปลี่ยนโปรตีนให้เป็นกรดอะมิโน น้ำตาล ribose และ deoxyribose ซึ่งสารดังกล่าวนี้ส่วนหนึ่งจะเป็นอาหารของจุลินทรีย์เพื่อเพิ่มจำนวนเซลล์ และอีกส่วนหนึ่งจะแปรสภาพต่อไปเป็นอนินทรีย์ไนโตรเจน ซึ่งเป็นรูปที่เป็นประโยชน์ต่อพืช ได้แก่ แอมโมเนียม และไนเตรท และคาร์บอนไดออกไซด์ และน้ำ นอกจากนี้สารประกอบอะมิโนจะสามารถรวมตัวกับสารควิโนน ซึ่งได้มาจากการย่อยสลายลิกนิน กลายเป็นสารประกอบฮิวมัส ซึ่งเป็นอินทรียสารที่เป็นแหล่งพลังงานของจุลินทรีย์ดิน และมีบทบาทสำคัญต่อการควบคุมเสถียรภาพของโครงสร้างดินและเพิ่มความอุดมสมบูรณ์ของดิน (วรรณลดา, ไม่ปรากฏปีที่ตีพิมพ์)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved