

บทที่ 1

บทนำ

ลำไย (*Dimocarpus longan* Lour.) เป็นไม้ผลเขตร้อนและกึ่งเขตร้อนที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในการส่งออกทำรายได้ให้กับประเทศไทยปีละหลายล้านบาท ในปี พ.ศ. 2544 มีมูลค่าการส่งออกประมาณ 310.6 ล้านบาท (ม.ค.-พ.ค.) นอกจากการส่งออกลำไยสดไปจำหน่าย ปัจจุบันมีการพัฒนาอุตสาหกรรมแปรรูปลำไยในรูปแบบต่างๆ ซึ่งเป็นการกระจายรายได้และสร้างงานให้เกิดขึ้นภายในเขตภาคเหนือ (กรมเศรษฐกิจการพาณิชย์, 2545) พันธุ์ลำไยที่นิยมใช้ในทางการค้ามีมากมายหลายพันธุ์ โดยธรรมชาติลำไยเป็นพืชผสมข้าม จึงเกิดการผสมข้ามพันธุ์กันเป็นสาเหตุให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมที่พบในประชากรลำไย (เกศิณี, 2528) นอกจากนี้ในอดีตที่ผ่านมานิยมขยายพันธุ์ลำไยโดยการเพาะเมล็ดแต่ในปัจจุบันนิยมขยายพันธุ์ด้วยกิ่งตอนจากต้นที่ส่วนใหญ่คัดเลือกได้จากการเพาะเมล็ด ซึ่งเป็นสาเหตุที่ก่อให้เกิดการกลายพันธุ์ได้ อีกทั้งในแต่ละท้องถิ่นมีประวัติพันธุ์ที่ไม่แน่นอน อาจมีการตั้งชื่อที่ต่างกันในพื้นที่เดียวกัน หรือชื่อเหมือนกันในพื้นที่ต่างกัน (สัมฤทธิ์, 2523) การขาดข้อมูลทางประวัติพันธุ์แล้วนำมาปลูกทำให้มีการตั้งชื่อใหม่ก่อให้เกิดความสับสนขึ้น และจากลักษณะที่ปรากฏ (phenotype) ของพืชมักเปลี่ยนแปลงไปตามสภาพแวดล้อม ทำให้การจำแนกพันธุ์โดยการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาทางโครงสร้างของลำไย (morphology) หรือลักษณะทางพันธุกรรม (genotype) เพียงอย่างเดียวไม่สามารถบ่งบอกความแตกต่างของพันธุ์ที่มีความใกล้เคียงกันมากได้ และความชัดเจนยังไม่เพียงพอ (Ramingswong and Chiewilp, 1994) โดยเฉพาะในเขตพื้นที่ภาคเหนือตอนบนซึ่งเป็นแหล่งปลูกลำไยที่สำคัญของประเทศไทย จึงควรมีการศึกษาลักษณะหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธุ์ลำไยให้ละเอียดในระดับโมเลกุลด้วยอาศัยการพิสูจน์โดยใช้ข้อมูลทางลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprinting) เพื่อที่จะได้ทราบลักษณะของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไยแต่ละพันธุ์ และรวบรวมเป็นข้อมูลที่เป็นประโยชน์ด้านการปรับปรุงพันธุ์ การขยายพันธุ์ การตลาด การตรวจสอบทางการค้า คุณภาพ รวมไปถึงการคุ้มครองพันธุ์พืชในอนาคต และเป็นข้อมูลพื้นฐานเพื่อช่วยสนับสนุนงานทางด้านอนุกรมวิธาน (Taxonomy)

สำหรับงานวิจัยนี้ได้เลือก molecular markers เช่น HAT - RAPD (High Annealing Temperature Random Amplified Polymorphic DNA) และ AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism DNA) ซึ่งสามารถตรวจสอบความแตกต่างของพันธุ์ จำแนกความแตกต่างระหว่างชนิด (species) หรือการจำแนกในระดับสายต้น (clone) ของพืช รวมทั้งการศึกษาลักษณะสัมพันธ์ทาง

พันธุกรรมและวิวัฒนาการ ตลอดจนศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของพืช เช่น ใช้จำแนกพืชชนิดเดียวกันแต่เจริญเติบโตในพื้นที่แตกต่างกัน นอกจากนี้เทคนิคนี้ใช้ตรวจสอบความบริสุทธิ์ของลูกผสม (inbred purity) เพื่อประมาณเปอร์เซ็นต์การผิดปกติ (off-type) ของลูกผสม โดยตรวจสอบจากการเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ปริมาณความแตกต่างของแถบน้ำหนักโมเลกุลและจำนวนของแถบชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ได้ ดังนั้นการนำ molecular markers มาใช้ในการจัดจำแนกพันธุ์ลำไยจะช่วยให้สามารถจำแนกสายพันธุ์ลำไยได้อย่างถูกต้อง รวดเร็ว และแม่นยำ

วัตถุประสงค์ของการศึกษา

1. ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำไยในเขตภาคเหนือตอนบน โดยใช้ molecular markers เพื่อประกอบการจำแนกสายพันธุ์
2. วิเคราะห์ความสัมพันธ์ในระดับพันธุกรรมระหว่างพันธุ์ลำไย