

บทที่ 1

บทนำ

1. ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

กระเจี๊ยบเขียวเป็นผักที่มีความสำคัญของประเทศไทย เนื่องจากมีการส่งออกมูลค่าสูงเป็นอันดับต้น ๆ ของกลุ่มผักสดหรือแช่เย็น และเป็นพืชที่สามารถใช้ประโยชน์ได้หลากหลาย แปรรูปเป็นผลิตภัณฑ์ได้หลากหลาย และตลาดภายในประเทศมีการบริโภคเพิ่มขึ้น ทำให้มีเนื้อที่เพาะปลูกจากปี 2554 จำนวน 3,011 ไร่ ผลผลิต 4,288 ตัน เพิ่มขึ้นในปี 2559 เป็นจำนวน 170,7103 ไร่ ผลผลิต 236,968 ตัน (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2560) แต่อย่างไรก็ตามอุปสรรคหนึ่งที่สำคัญในการผลิตคือ การขาดแคลนสายพันธุ์ที่ดี จึงมีการจัดทำยุทธศาสตร์การพัฒนางานวิจัยกระเจี๊ยบ พ.ศ. 2559 – 2563 เพื่อพัฒนาสายพันธุ์และกระบวนการผลิตที่ดี โดยกรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ (กรมวิชาการเกษตร, 2560)

กระเจี๊ยบเขียวสามารถเจริญเติบโตได้ทุกภูมิภาคของประเทศไทย ทำให้มีพันธุ์พื้นเมืองและพันธุ์การค้ามากมาย โดยลักษณะทางสัณฐานวิทยาของกระเจี๊ยบเขียวบางพันธุ์มีลักษณะแตกต่างกัน แต่กระเจี๊ยบเขียวบางพันธุ์มีลักษณะใกล้เคียงกัน อาจเกี่ยวเนื่องจากเชื้อพันธุกรรมมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกัน ดังนั้นการศึกษาสัณฐานวิทยาหรือลักษณะภายนอกที่ปรากฏ (Phenotype) ซึ่งเป็นการแสดงออกร่วมกันระหว่างจีโนไทป์และอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมซึ่งอาจมีความผันแปรได้ง่าย โดยเฉพาะพืชปลูกซึ่งมักมีฐานพันธุกรรมแคบ (Yildiz, Ekbiç, Düzyaman, Serçe, and Abak, 2016) และการใช้ลักษณะภายนอกเพียงอย่างเดียวอาจไม่เพียงพอต่อการระบุความหลากหลายทางพันธุกรรม แม้ว่ากระเจี๊ยบเขียวเป็นหนึ่งในพืชผักเขตร้อนที่มีคุณค่าทางอาหารและมูลค่าทางเศรษฐกิจสูงของประเทศไทย (สกุลกานต์ สิมลา และ สรพงศ์ เบญจศรี, 2558) แต่การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับชีวโมเลกุลยังมีไม่มากนัก ซึ่งในปัจจุบันมีการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) หรือเครื่องหมายโมเลกุล (Molecular marker) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ทั้งจีโนม และไม่มีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมมาเกี่ยวข้อง เพื่อนำข้อมูลที่ได้อมาใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์เพื่อสร้างความหลากหลายทางพันธุกรรมและปรับปรุงพันธุ์ (อัญมณี อาวชานนท์ และ ปณาลี ภูวกรกุลชัย, 2559) เครื่องหมายโมเลกุลมีบทบาทในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและการปรับปรุงพันธุ์พืชเป็นอย่างมาก เนื่องจากสามารถจำแนกและจัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมได้อย่างถูกต้องแม่นยำ และสามารถช่วยในการคัดเลือกพันธุ์ปลูก (Marker assisted selection) ที่มีลักษณะที่ต้องการได้มีประสิทธิภาพมากกว่าการใช้ลักษณะภายนอกเพียงอย่างเดียว นอกจากนี้ยังสามารถตรวจสอบได้ในทุกระยะของพืชจึงช่วยลดระยะเวลาในการปรับปรุงพันธุ์พืชให้สั้นลง ช่วยลดต้นทุนและแรงงานในการเพาะปลูก (จุฑาภรณ์ แสงประจักษ์, 2555) โดยเครื่องหมายโมเลกุลมีหลายชนิดที่นำมาใช้ศึกษาความหลากหลายของพันธุกรรมและจัดจำแนกกลุ่มพืช เช่น เครื่องหมาย AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified

Polymorphic DNA), RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), SSR (Simple Sequence Repeat) และ ISSR เป็นต้น ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลชนิด ISSR หรือ Inter-Simple Sequence Repeat เป็นเครื่องหมายที่พัฒนาขึ้นมาโดยอาศัยหลักการที่คล้ายคลึงกับเครื่องหมาย RAPD เพื่อใช้ตรวจสอบพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตโดยไม่จำเป็นต้องทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตที่ต้องการศึกษาจึงมีข้อจำกัดในการใช้งานต่ำ ต่างจากเครื่องหมายชนิด SSR และมีค่าใช้จ่ายต่ำกว่าเครื่องหมายโมเลกุลชนิดอื่น (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล, 2552; Reddy, Sarla, and Siddiq, 2002; Wang et al., 2012) สามารถใช้ไพรเมอร์ชนิดเดียวในการตรวจสอบครั้งละหลายตำแหน่งพร้อมกัน มีความสามารถในการทำซ้ำ (Reproducibility) และเกิดความผันแปร (Polymorphism) ระดับชนิดสูงกว่าเครื่องหมาย RAPD เนื่องจากลำดับเบสแบบซ้ำ หรือ ไมโครแซทเทลไลท์ (Microsatellite) สามารถพบได้บ่อยในจีโนมพืช ใช้เวลาน้อยและไม่ยุ่งยากซับซ้อน (Yuan et al., 2014) ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลชนิดไอเอสเอสอาร์ (Inter-Simple Sequence Repeats) ซึ่งเป็นเทคนิคที่ไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับเบสของจีโนมพืชที่ศึกษา สามารถทำซ้ำได้ ไม่ยุ่งยาก ดังนั้นหากสามารถศึกษาสายพันธุ์กระเจี๊ยบเขียวที่มีในประเทศไทย โดยการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลชนิดไอเอสเอสอาร์ (Inter-Simple Sequence Repeats) จะทำให้ได้ข้อมูลที่สามารถนำไปใช้ในการจำแนกสายพันธุ์กระเจี๊ยบเขียวในประเทศไทยให้มีความถูกต้องและแม่นยำมากขึ้น และนำไปใช้เป็นข้อมูลสำคัญสำหรับการปรับปรุงสายพันธุ์กระเจี๊ยบเขียวให้ได้ลักษณะที่ดี

2. วัตถุประสงค์การวิจัย

2.1 เพื่อศึกษาลักษณะประจำสายพันธุ์ทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของกระเจี๊ยบเขียว

2.2 เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียวต่างสายพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

2.3 เพื่อจำแนกและจัดกลุ่มความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียว

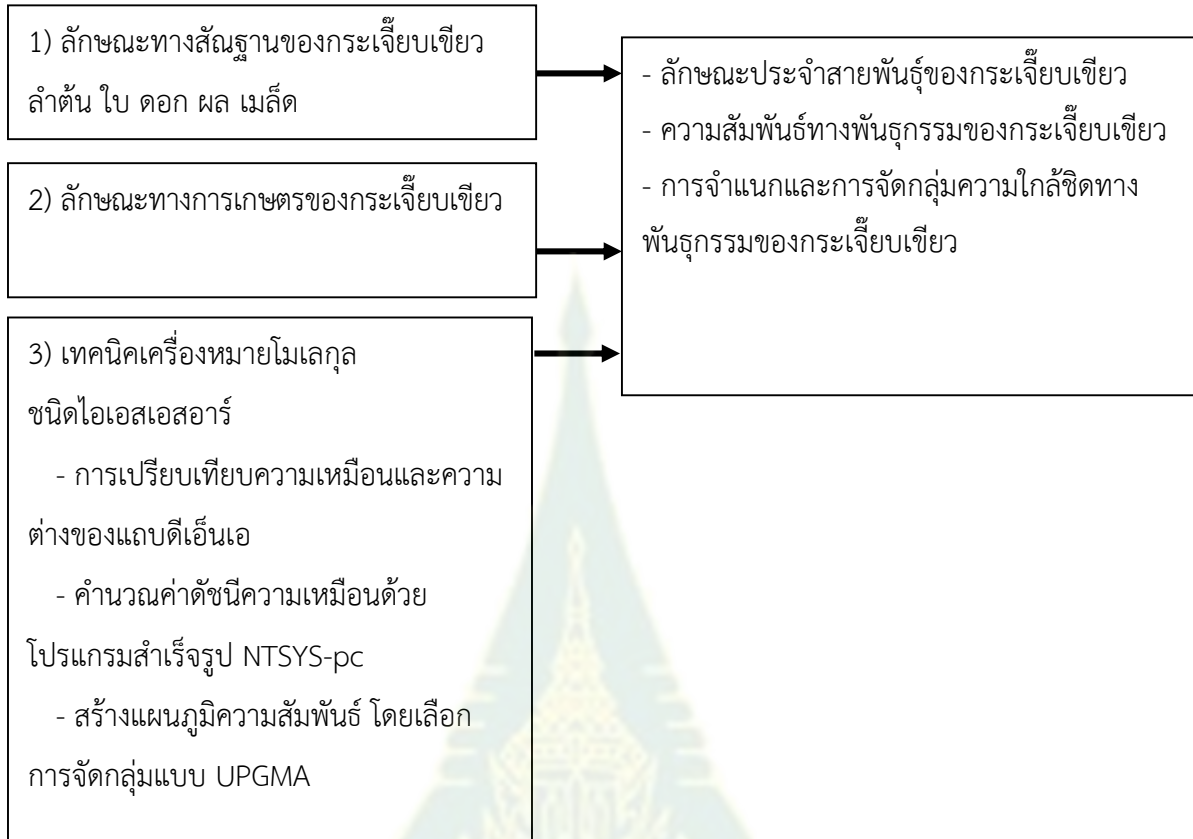
3. สมมติฐานการวิจัย

ลักษณะประจำสายพันธุ์ทางสัณฐานวิทยาและการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียวด้วยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลชนิดไอเอสเอสอาร์ จะสามารถจัดจำแนกและจัดกลุ่มสายพันธุ์ของกระเจี๊ยบเขียวได้

4. ขอบเขตของการวิจัย

การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของกระเจี๊ยบเขียว ได้แก่ ลักษณะของลำต้น ใบ ดอก ผล และเมล็ด โดยทำการปลูกกระเจี๊ยบเขียวในสภาพแปลงเปิด ณ ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ตำบลกำแพงแสน อำเภอกำแพงแสน จังหวัดนครปฐม และการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียวด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยนำตัวอย่างใบอ่อนของกระเจี๊ยบเขียวสายพันธุ์ต่าง ๆ วิเคราะห์ ณ ห้องปฏิบัติการภาควิชาพืชสวน คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน

5. กรอบแนวความคิดการวิจัย



ภาพที่ 1.1 กรอบแนวความคิดการวิจัย

6. นิยามศัพท์เฉพาะ

6.1 ลักษณะสัณฐานวิทยาของกระเจี๊ยบเขียวคือ ลักษณะต่าง ๆ ของกระเจี๊ยบเขียวแต่ละสายพันธุ์ ได้แก่ ลักษณะของลำต้น ใบ ดอก ผล และเมล็ด

6.2 ลักษณะทางการเกษตรคือ ลักษณะของกระเจี๊ยบเขียวที่ส่งผลต่อปริมาณและคุณภาพของผลผลิตกระเจี๊ยบเขียว ได้แก่ ปริมาณของแข็งทั้งหมดที่ละลายน้ำ จำนวนผลต่อต้น ปริมาณสารพอลิแซ็กคาไรด์ และปริมาณแอนโทไซยานิน

6.3 การประเมินลักษณะประจำสายพันธุ์ของกระเจี๊ยบเขียวคือ การศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของกระเจี๊ยบเขียวแต่ละสายพันธุ์

6.4 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียวคือ การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในพืช โดยเลือกใช้ชนิดดีเอ็นเอสั้น ๆ ที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในแต่ละชนิด (หรือสายพันธุ์) เดียวกันต่ำ แต่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างชนิด (หรือสายพันธุ์) สูง

6.5 เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ คือ เครื่องหมายที่ใช้ตรวจสอบพันธุกรรมของกระเจี๊ยบเขียว โดยไม่จำเป็นต้องทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตที่ต้องการศึกษา