

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ การระบุสายพันธุ์ระดับอนุของลิ้นจี่ (*Litchi chinensis* Sonn.)
ในประเทศไทย

ผู้เขียน นายรัฐพร จันทร์เดช

ปริญญา วิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต (ชีววิทยา)

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

| | |
|------------------------------|---------------|
| รศ. ดร. สมบูรณ์ อนันตลาโภชัย | ประธานกรรมการ |
| รศ. ดร. อารยา จาคิกเสถียร | กรรมการ |
| ผศ. ดร. กอบเกียรติ แสงนิล | กรรมการ |

บทคัดย่อ

ลิ้นจี่ (*Litchi chinensis* Sonn.) เป็นไม้ผลทางเขต Subtropical และจัดว่าเป็นพืชที่สำคัญชนิดหนึ่งของไทย ลิ้นจี่ถูกส่งออกในรูปแบบที่รับประทานสด และในรูปแบบผลิตภัณฑ์กระป๋อง โดยที่มีการเลือกสายพันธุ์เพื่อเป็นสายพันธุ์หลักในการปลูก ในการเลือกสายพันธุ์ที่ดีนั้นการปรับปรุงพันธุ์รวมทั้งการบ่งบอกสายพันธุ์ที่ถูกต้องมีความจำเป็นอย่างสูง ประคิแล้วการบ่งบอกสายพันธุ์จะอาศัยจากลักษณะภายนอกเช่น fruit exocarp ขนาดและรูปร่างของผล รสชาติ รูปทรงของดอก รวมทั้งใบ

ปัญหาสำคัญหลายประการในการบ่งบอกและจัดจำพวกได้ถูกกล่าวถึงไว้มาก มีลิ้นจี่หลายสายพันธุ์ที่ถูกคัดเลือกโดยอาศัยรูปร่างและคุณภาพเท่านั้น ภายหลังจากที่มีการกระจายของสายพันธุ์ลิ้นจี่จากจีนเข้าสู่ภูมิภาคนี้ เช่นเมืองไทยแล้วชาวสวนเองก็รับเอาไว้และได้มีการปรับปรุงคัดเลือกพันธุ์ต่อไป เนื่องจากเป็นลิ้นจี่ถูกนำมาจากเมืองจีนดังนั้นภาษาที่เรียกในเมืองไทยจึงแตกต่างไปจากภาษาเดิมด้วย ซึ่งเป็นปัจจัยหนึ่งในการที่มีการตั้งชื่อหรือเรียกชื่อผิดไปจากเดิม นอกจากนั้นจากการที่ประวัติสูญหายไประหว่างการคัดเลือกพันธุ์ทำให้เกิดการตั้งชื่อที่ผิดไปจากเดิม เนื่องจากการใช้รูปร่างหรือลักษณะภายนอกมาใช้ในการบ่งบอกนั้นจะมีข้อจำกัดอันเนื่องมาจากอายุของต้น ไม้ที่จะนำมาใช้ รวมทั้งอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม เหล่านี้เป็นปัญหาที่ทำให้เกิดการสับสนในระบบการตั้งชื่อของสายพันธุ์ลิ้นจี่ของไทย ด้วยเหตุนี้จึงมีการนำเอาเครื่องหมายโมเลกุลมาใช้เนื่องจากเครื่องมือนี้ให้ความรวดเร็วและเชื่อถือได้ในการบ่งบอกและการจัดจำพวกลิ้นจี่ของไทย

ในการทดลองนี้ได้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล 5 ชนิด ได้แก่ RAPD, HAT-RAPD, PCR-RFLP, SSR และ AFLP ในการศึกษาและบ่งบอกความแตกต่างของลินจี่ 10 สายพันธุ์ ภายหลังจากการนำเอา polymorphic bands ของทั้งหมดมาเปรียบเทียบค่าความเหมือนทางพันธุกรรม (genetic similarity) พบว่าจาก dendrogram จาก HAT-RAPD และ AFLP สามารถบ่งบอกความสัมพันธ์ของลินจี่ทั้ง 10 สายพันธุ์ไปในทางเดียวกัน ยิ่งไปกว่านั้นทั้งค่า r -value มีค่าสูงเช่นเดียวกัน ด้วยเหตุนี้เทคนิค HAT-RAPD จึงถูกนำมาใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลินจี่ 33 สายพันธุ์โดยพบว่าสามารถแบ่งออกได้เป็นสองกลุ่มใหญ่ ได้แก่ 1) the upland cultivars และ (2) the lowland cultivars นอกจากนี้ยังได้นำเทคนิค HAT-RAPD ใช้ในการวิเคราะห์สายพันธุ์ลินจี่ลูกผสมได้ ท้ายที่สุดได้พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล SCARs ซึ่งสามารถบ่งบอกสายพันธุ์ได้อย่างเจาะจงได้

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title Molecular Identification of Lychee (*Litchi chinensis* Sonn.)
in Thailand

Author Mr. Rattaporn Chundet

Degree Doctor of Philosophy (Biology)

Thesis Advisory Committee

Assoc. Prof. Dr. Somboon Anuntalabhochai Chairperson

Assoc. Prof. Dr. Araya Jatisatiern Member

Asst. Prof. Dr. Kobkiat Saengnil Member

ABSTRACT

Lychee is a subtropical evergreen tree. At present it is one of the economically important crop in Thailand. Lychee has been exported as fresh and processed products. Some lychee varieties have been chosen for appropriate trails. To obtain the qualified variety-traits, crop improvement and identification tools are needed. The current classification of lychee varieties based on morphological features, for instance, fruit exocarp (shape of skin segment and protuberances) fruit size, shape, taste, flower and leaf.

The difficulties in identification and classification of lychee accessions are documented. Many of the lychee cultivars were originally identified or selected solely on the basis of fruit morphology and quality. After the distribution of lychee varieties from China to other lychee growing area, in particular, Thailand, consequently, local selections have developed and adopted for further cultivation. Regarding to differences in language dialect and pronunciation from original host, some cultivars were mis-given name. In addition, lost of their historical data resulted in misidentification. Morphological used for

identification purpose are limited due to tree maturity and influence of environmental conditions. Taken together these problems caused confusion in nomenclature in lychee varieties in Thailand, therefore molecular markers provide more rapid and reliable means for identification and classification of the lychee varieties.

Here by five different molecular markers including RAPD, HAT-RAPD, PCR-RFLP, SSR and AFLP were used for investigation genetic variation among ten lychee varieties. A number of DNA polymorphic bands were scored and genetic similarity of all varieties were calculated. Dendrogram based on HAT-RAPD and AFLP markers revealed good agreement of the phylogenetic relationship among these ten varieties. Moreover the *r*-value also showed high value. Therefore, HAT-RAPD marker was chosen for analysis the genetic relation among thirty three varieties of lychee. Our result showed that they were divided into two major groups (1) the upland cultivars and (2) the lowland cultivars. In addition, HAT-RAPD marker was applied to analyze F1 hybrids. Finally, we also developed a SCARs marker for specific identification for Kom varieties.