บทที่ 1
บทนำ

พืชกลุ่มกระเจียว (*Curcuma* spp.) เป็นไม้ดอกพื้นเมืองของไทยกลุ่มหนึ่ง จัดอยู่ในตระกูลขิง (Zingiberaceae) มีถิ่นกำเนิดในทวีปเอเชียเขตร้อน (Tropical Asia) เช่น ประเทศอินเดีย เนปาล ศรีลังกา อินโดนีเซีย พม่า กัมพูชา เวียดนาม ลาว และ ไทย บางชนิดมีปรากฏในทวีปแอฟริกาเขตร้อน สำหรับในประเทศไทยพบพืชกลุ่มกระเจียวอยู่ทั่วไปในป่าทางภาคเหนือ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคตะวันออกแถบติดกับประเทศกัมพูชา (พิชัยและคณะ, 2536)

กระเจียวได้ถูกนำมาใช้ประโยชน์หลายอย่าง เนื่องจากเป็นไม้ดอกที่ให้สีสวยงามทนทาน รูปทรงแปลกตา และปลูกเลี้ยงง่าย จึงเป็นที่สนใจของผู้ใช้ไม้ดอกในหลายประเทศทั่วโลก โดยใช้เป็นไม้ตัดดอก ไม้กระถาง ไม้ประดับแปลงและไม้ประดับสวน ไม้ดอกชนิดนี้มีการดำเนินงานขยายพันธุ์และสนับสนุนให้เกษตรกรปลูกตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2532 โดยมีมูลค่าการส่งออกเฉลี่ยประมาณปีละ 30 ล้านบาท ตลาดต่างประเทศที่สำคัญ คือ เนเธอร์แลนด์ ญี่ปุ่น และ อเมริกา นอกจากนี้ยังมีการส่งออกไปยังประเทศอินโดนีเซีย ฟิลิปปินส์ และ อินเดีย ตลาดไม้ดอกในประเทศไทยมีความสนใจพืชกลุ่มนี้เช่นกัน พืชกลุ่มกระเจียวชนิดอื่นที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจได้แก่ ขมิ้น (*Curcuma longa* Linn. หรือ *Curcuma domestica* Valeton) ซึ่งเป็นพืชเครื่องเทศ และ เป็นพืชสมุนไพร (Pujari *et al.*,1986; สุรชัย, 2535) สารสกัดจากขมิ้นยังช่วยในการควบคุมหนอนม้วนใบในถั่วเหลือง (รุ่งทิวา, 2529)

เนื่องจากปัจจุบันพืชกลุ่มกระเจียวมีหลายชนิด และ มีความหลากหลายในลักษณะทางสัณฐานวิทยาทั้งระหว่างชนิดและภายในชนิดเดียวกัน เป็นสาเหตุทำให้เกิดความสับสนในการจัดจำแนก (Apavatjrut *et al.*, 1999) จึงต้องมีวิธีการอื่นมาช่วยให้การจำแนกเป็นไปอย่างถูกต้อง และแม่นยำขึ้น เช่น การนำเครื่องหมายทางโมเลกุล (molecular marker) มาใช้เพื่อการจำแนกหรือตรวจสอบพันธุ์ทั้งในระดับโปรตีนและดีเอ็นเอ วิธีการนี้สามารถตรวจสอบได้จากทั้งต้นกล้า และต้นที่โตแล้ว

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) เป็นเครื่องหมายทางโมเลกุลที่มีประสิทธิภาพ มีการนำมาใช้ในการตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของพืช เป็นวิธีที่รวมเอาวิธี RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) และ RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) เข้าด้วยกัน (สุรินทร์, 2540) AFLP เป็นการเพิ่มจำนวนชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงจากดีเอ็นเอต้นแบบด้วยปฏิกิริยา PCR (Polymerase Chain Reaction) ประกอบด้วย

3 ขั้นตอนคือ 1. ตัดดีเอ็นเอด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะและต่อเข้ากับดีเอ็นเอ adapter 2. ทำ PCR เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจำเพาะ 3. วิเคราะห์ดีเอ็นเอที่ได้โดยใช้วิธีเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส (Vos *et al.*, 1995) ดังนั้นในการวิจัยครั้งนี้จึงได้นำ AFLP มาใช้ในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม เพื่อศึกษาความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอของ บัวชั้น (*Curcuma petiolata* Roxb.) จำนวน 34 ต้น ผลจากการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรม สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการจัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตเพื่องานด้านการปรับปรุงพันธุ์ และ ใช้เป็นพื้นฐานในการศึกษาเครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อช่วยในการคัดเลือกฟีโนไทป์ต่อไป

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Chiang Mai University