

การหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสาकु 13 ตัวอย่าง คือ สาकुวิลาส 1-9 (*Maranta arundinacea* Linnaeus) สาकुค่าง (*Maranta arundinacea variegata* Hort.) ในตระกูล Marantaceae และสาकुจีน 1-3 (*Canna edulis* Ker Gawler) ในตระกูล Cannaceae พบว่า (ก) ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ใช้การแตกกิ่งของลำต้น ลักษณะก้านใบ ผิวใบ สีใบ และลักษณะเหง้า สร้างรูปวิธานแยกได้ 3 กลุ่ม คือ สาकुวิลาส สาकुค่าง และสาकुจีน (ข) ภายวิภาคศาสตร์ของราก ลำต้น ใบ และออวูล มีลักษณะของเนื้อเยื่อ 7 ชนิด คือ เนื้อเยื่อชั้นผิวของราก ชั้นเอกโซเดอร์มิสของราก ท่อลำเลียงน้ำของราก ชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น กลุ่มเซลล์สเกลอเรงคิมาในชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น ค่อมเมือกในชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น ขณะที่เนื้อเยื่อชั้นผิวของใบ สามารถจัดพีชออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส 1-9 และสาकुค่าง กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน 1-3 (ค) เซลล์วิทยาของสาकु แสดงจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส และสาकुค่าง มีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ แท่ง กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน มีจำนวนโครโมโซม $2n = 27$ แท่ง และมีสูตรแคโรไทป์แตกต่างกันทั้ง 13 ตัวอย่าง (ง) แบบแผนของ allozyme จากไอโซไซม์ 4 ชนิด คือ acid phosphatase, esterase, malate dehydrogenase และ peroxidase ปรากฏแถบเอนไซม์จำนวน 2-5 แถบ มีตำแหน่ง และความหนาแตกต่างกันแยกได้ 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुจีน 1-3 มีระดับความคล้ายคลึงกัน 96% กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुวิลาส 1-9 และสาकुค่าง มีระดับความคล้ายคลึงกันระหว่าง 52-96% (จ) สรีรวิทยาของการเจริญเติบโต มีวงจรการเจริญเติบโตคล้ายคลึงกัน 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส และสาकुค่าง ใช้เวลาเจริญเติบโต 48 สัปดาห์ กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน ใช้เวลาเจริญเติบโต 40 สัปดาห์ (ฉ) ภายวิภาคศาสตร์ของเมล็ดแป้ง คล้ายคลึงกัน 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส และสาकुค่าง เมล็ดแป้งรูปไตหรือรีแกมไข่ ศูนย์กลางการเจริญอยู่เกือบกึ่งกลาง มีความยาวเฉลี่ย 6-250 ไมโครเมตร กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน เมล็ดแป้งรูปร่างคล้ายเกล็ดหรือลิ้ม ศูนย์กลางการเจริญอยู่ริมของปลายด้านหนึ่ง มีความยาวเฉลี่ย 12-325 ไมโครเมตร นอกจากนี้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสาकुทั้ง 13 ตัวอย่าง วิเคราะห์โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ภายวิภาคศาสตร์ เซลล์วิทยา และแบบแผนของ allozyme ร่วมกัน ที่ระดับความคล้ายคลึงกันที่ 95% สามารถแยกสาकुออกได้ 2 กลุ่มใหญ่ คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुจีน 1-3 มีระดับความคล้ายคลึงกัน 96% กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुวิลาส 1-9 และสาकुค่าง มีระดับความคล้ายคลึงกันระหว่าง 80-96%

TE 159423

Phylogenetic studies were carried out in thirteen accessions of arrowroots, i.e. Sakhu Wilat 1-9 (*Maranta arundinacea* Linnacus), Sakhu Dang (variegated Sakhu) (*Maranta arundinacea variegata* Hort.) of Marantaceae and Sakhu Chin 1-3 (*Canna edulis* Ker Gawler) of Cannaceae. (A) Morphological studies, including stem branching, petiole, leaf surface, leaf color and rhizome could be used in construction of keys to three groups i.e. Sakhu Wilat, Sakhu Dang and Sakhu Chin. (B) Anatomical studies, including root, stem, leaf and ovule, showed seven different types of tissues i.e. root (epidermis, exodermis, vascular bundle), stem (cortex, sclerenchyma in cortex, mucilage glands in cortex) and leaf (trichome on epidermis). Two groups were classified ; group I Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang and group II Sakhu Chin 1-3. (C) Cytological studies showed that the somatic chromosome numbers were different and could be divided in two groups i.e. group I, $2n = 52$ including Sakhu Wilat and Sakhu Dang while group II, $2n = 27$ including Sakhu Chin and with thirteen different karyotypes. (D) Four allozyme patterns, indicated by acid phosphatase, esterase, malate dehydrogenase and peroxidase, showed two to five bands of isozyme. Their band positions and thickness could classify the plants into two groups i.e. group I including Sakhu Chin 1-3 with 96% similarity and group II including Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang with 52-96% similarity. (E) Similar physiological growth cycles were found in 2 groups i.e. group I including Sakhu Wilat and Sakhu Dang which took 48 weeks to complete the growth cycle while group II, including Sakhu Chin, took 40 weeks. (F) Anatomical study of starch granules showed 2 different groups. The granules with oval-shaped, centric hilum and size of 6-250 micrometres were found in Sakhu Wilat and Sakhu Dang while the granules with wedge-shaped, eccentric hilum and sizes of 12-325 micrometres were found in Sakhu Chin. The combination of morphology, anatomy, cytology and allozyme patterns made it possible the analysis of phylogenetics with 95% similarity. Those thirteen accessions were classified into 2 groups i.e. group I included Sakhu Chin 1-3 with 96% similarity and group II included Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang with 80-96% similarity.