

พทุทธิ ราชรักษ์ 2549: ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างชนิดย่อยของกล้วยป่า

(*Musa acuminata* Colla) กับกล้วยปลุกกลุ่มจีโนม A โดยใช้ Inter - Simple Sequence Repeat Marker.

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วนศาสตร์) สาขาชีววิทยาป่าไม้ ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้

ประธานกรรมการที่ปรึกษา: ผู้ช่วยศาสตราจารย์วิชาญ เอียดทอง, Dr.Agr. 107 หน้า

ISBN 974-16-1430-6

Musa acuminata มีถิ่นกำเนิดอยู่ในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้และถูกจำแนกออกเป็นหลายชนิดย่อย ส่วน *Musa balbisiana* มีถิ่นกำเนิดอยู่บริเวณอินเดียและได้รับการปลูกทั่วทุกภาคของไทย กล้วยทั้งสองชนิดนี้ต่างเชื่อว่าเป็นต้นกำเนิดของกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกที่บริโภคได้ จากการเก็บตัวอย่างกล้วยของ *Musa acuminata* ในประเทศไทยจำนวน 12 ตัวอย่าง สามารถจำแนกชนิดย่อยด้วยลักษณะสัณฐานวิทยาได้ 5 ชนิดย่อย คือ กล้วยป่าพม่า กล้วยป่าสยาม กล้วยป่ามะละกา กล้วยป่าปลีเหลือง และกล้วยป่าผลเล็ก และกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุก 33 ตัวอย่าง ประกอบด้วยกล้วยชุดจีโนม AA, AAA, AAB, ABB, ABBB และ BBB รวมทั้ง กล้วยตานี และนำมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจีโนม A ด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat โดยใช้ไพรเมอร์ 6 ไพรเมอร์จากทั้งหมด 36 ไพรเมอร์ ให้แถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้ 128 แถบ มีขนาดระหว่าง 200 - 3,000 bp มีจำนวนอัลลีลต่อไพรเมอร์ 21.33 ค่า allele frequency เท่ากับ 0.18 ค่า polymorphic percentage เท่ากับ 1.0 ค่า heterozygosity เท่ากับ 0.29 ผลการวิเคราะห์ด้วยไพรเมอร์ดังกล่าวนำมาหาค่าดัชนีความคล้ายคลึงเพื่อวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ด้วยวิธี UPGMA และแสดงผลในรูปแบบของแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างได้ 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย กล้วยไหล กล้วยรัตกัทธิ กล้วยหก กล้วยนวล รวมทั้งกล้วยป่าปลีเหลือง และกลุ่มที่ 2 สามารถแยกได้ 3 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1 ชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ประกอบด้วย กล้วยป่าพม่า กล้วยป่าสยาม และกล้วยป่ามะละกา กลุ่มย่อยที่ 2 กล้วยตานีและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจีโนม B ที่เป็นองค์ประกอบ (BBB, ABBB และ ABB) และกลุ่มย่อยที่ 3 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจีโนม A ที่เป็นองค์ประกอบ (AA, AAA) และกล้วยป่าผลเล็ก ขณะที่กล้วยในชุดจีโนม AAB ไม่สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ชัดเจนด้วยไพรเมอร์ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ทั้ง 3 กลุ่มย่อยภายในกลุ่มที่ 2 มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเฉลี่ยเท่ากับ 0.62, 0.72 และ 0.72 ตามลำดับ ภายในกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกพบว่า กล้วยน้ำไทและกล้วยไข่ทองร่วง เป็นพันธุ์กล้วยปลุกของไทยที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับกล้วยป่าผลเล็กมากกว่ากล้วยป่าชนิดย่อยอื่น ในการศึกษาครั้งนี้ชี้ให้เห็นว่า *Musa acuminata* ทุกชนิดย่อยมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจีโนม A ที่เป็นองค์ประกอบ

my

slw

ลายมือชื่อนิติ



ลายมือชื่อประธานกรรมการ

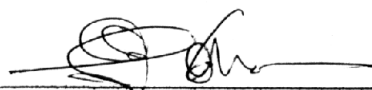
28 / 10 / 49

Phruet Racharak 2006: Genetic Relationship among Subspecies of *Musa acuminata* Colla and Genome A Cultivated Banana Using by Inter - Simple Sequence Repeat Marker. Master of Science (Forestry), Major Field: Forest Biology, Department of Forest Biology. Thesis Advisor: Assistant Professor Wichan Eiadthong, Dr.Agr. 107 pages.
ISBN 974-16-1430-6

The originated areas of *Musa acuminata* is distributed naturally in South East Asia and cover many areas in Thailand. As for the originated areas of *Musa balbisiana* is distributed in India and is cultivated all parts of Thailand. Edible bananas and plantains are believing hybrid among two banana species; *M. acuminata* and *M. balbisiana*. Twelve wild banana samples were classified into 5 subspecies which in consist of *Musa acuminata* ssp. *burmannica*, *Musa acuminata* ssp. *siamea*, *Musa acuminata* ssp. *malaccensis*, *Musa acuminata* ssp. *banksii* and *Musa acuminata* ssp. *microcarpa*. Thirty-three cultivated banana samples were in composed of genome AA, AAA, AAB, ABB, ABBB, BBB and *M. balbisiana*. All samples were examined by inter - simple sequence repeat (ISSR). Six primers out of 36 primers revealed a total of 128 alleles, allele size was 200-3,000 bp with an average of allele per primer was 21.33, average of allele frequency was 0.18, polymorphic percentage was 1.0 and heterozygosity was 0.29. Similarity index was calculated based on 128 alleles using UPGMA clustering analysis. The results showed the dendrogram dividing into two clusters. The first cluster was belonging to the outgroup which are *Ensete glaucum* including *M. acuminata* ssp. *banksii* and the second cluster was belonging to wild *M. acuminata* complex, *M. balbisiana* and cultivar group of the cultivated bananas and plantains. The phylogenetic relationship of second cluster could be divided into 3 sub-clusters. The first sub-cluster was *M. acuminata* ssp. *burmannica*, *M. acuminata* ssp. *siamea* and *M. acuminata* ssp. *malaccensis*, the second sub-cluster was *M. balbisiana* and majority of cultivar group of cultivated plantains with have genome 'B' by containing BBB, ABBB and ABB genome. The third sub-cluster was containing of *M. acuminata* ssp. *microcarpa* and the majority of cultivar group of genome 'A' by containing AA and AAA genome. While the dendrogram of AAB genome cultivar group banana could not be distinctly classification when examined with ISSR primers in this study. Similarity index of each sub-cluster within the second cluster was 0.62, 0.72 and 0.72 respectively. The results indicated that 'Kluai Nam Thai' and 'Kluai Khai Thong Roung' had shown an old ancestor for Thai cultivated bananas and more closely phylogenetic relationship to *M. acuminata* ssp. *microcarpa*. All subspecies of *M. acuminata* are related to cultivar group of genome 'A' of cultivated bananas and plantains in Thailand.

Phruet Racharak

Student's signature



Thesis Advisor's signature

28 / 03 / 06