

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

**Genetic Relationship among Subspecies of *Musa acuminata* Colla and Genome A
Cultivated Banana Using by Inter - Simple Sequence Repeat Marker**

คำนำ

กล้วย เป็นพืชที่มีความสำคัญต่อมนุษยชาติมานานนับเป็นพันๆปี โดยที่มนุษย์รู้จักการนำมาใช้ประโยชน์ตั้งแต่ครั้งสมัยโบราณจากการนำส่วนต่างๆของกล้วยมาใช้เป็นอาหาร ดังที่มีหลักฐานพอที่จะเชื่อได้ว่ากล้วยเป็นผลไม้ชนิดแรกที่มนุษย์นำมาเพาะปลูกเมื่อประมาณ 4,000 ปีมาแล้วเพื่อกินเป็นผลไม้และแหล่งพลังงานจากแป้ง

กล้วยจัดอยู่ในวงศ์ Musaceae อันดับ Zingiberales มี 3 สกุล คือ สกุล *Ensete*, *Musella* นิยมปลูกเป็นไม้ดอกไม้ประดับและ สกุล *Musa* เป็นกล้วยที่พบเห็นอยู่ทั่วไป แบ่งออกเป็น 5 section คือ *Australimusa*, *Callimusa*, *Rhodochlamys*, *Ingentimusa*, และ *Eumusa* (วิจิตร, 2530) กล้วยรับประทานได้จัดอยู่ใน section *Eumusa* ได้กำเนิดมาจากกล้วย 2 ชนิด คือ *Musa acuminata* Colla กับ *Musa balbisiana* Colla การจัดจำแนกพันธุ์กล้วยที่นำผลมารับประทานด้วยวิธีของ Simmonds & Shepherd (1955) สามารถจำแนกกล้วยออกเป็นกล้วยปลุกที่มีชุดจีโนม AA, AAA, AAB, ABB และ ABBB โดยพิจารณาจากลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* Colla กับ *Musa balbisiana* Colla เป็นพื้นฐานและต่อมา Silayoi & Babpraserth (1983) เพิ่มกล้วยปลุกชุดจีโนม BBB เข้ามาภายหลังดังที่พบในกล้วยเล็บช้างกุดที่มีโครโมโซม $2n = 33$ และเทียบกับลักษณะสัณฐานวิทยาพื้นฐานของ *Musa acuminata* Colla กับ *Musa balbisiana* Colla พบว่าเป็นกล้วยที่มีคะแนนลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa balbisiana* Colla ส่วนกล้วยที่มีความสำคัญรองลงมา คือ กล้วยใน section *Australimusa* มีถิ่นกำเนิดอยู่ในภูมิภาค โพลินีเซีย และ section *Callimusa* มีถิ่นกำเนิดบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ กล้วยทั้งสอง section ปลูกเป็นไม้ดอกไม้ประดับ (Horry *et al.* 1997)

การจัดจำแนกกล้วยด้วยวิธีการให้คะแนนลักษณะพื้นฐานวิทยาของ Simmonds & Shepherd (1955) และการตรวจนับจำนวนโครโมโซม สามารถจำแนกกล้วยออกได้เป็นกลุ่มใหญ่ๆ ในรายละเอียดดังที่กล่าวมาแล้ว ยังมีปัญหายุ่งยากเนื่องจากกล้วยที่ปลูกกันอยู่ในปัจจุบันเกิดจากการผสมพันธุ์ตามธรรมชาติและกลายพันธุ์มาทำให้เกิดเป็นพันธุ์กล้วยปลูก (cultivars) มากมาย การศึกษาทางด้านโมเลกุลจึงได้มีการนำมาใช้ในการตรวจสอบลักษณะทางพันธุกรรม เนื่องจากเป็นวิธีการที่ให้ผลการศึกษาที่มีความถูกต้องแม่นยำสูงประกอบกับการนำมาพิจารณาควบคู่กับลักษณะทางสัณฐานวิทยา นับเป็นวิธีการที่ทำให้ผลการศึกษาที่มีความถูกต้องแม่นยำขึ้นไปอีก เทคนิคทางโมเลกุลที่ได้รับความสนใจและนำมาใช้ได้แก่ เทคนิค RAPD (random amplified polymorphic DNA) เป็นเทคนิคที่ใช้ไพรเมอร์เข้าไปเกาะกับดีเอ็นเอเป้าหมายในบริเวณที่มีดีเอ็นเอที่เป็นเบสคู่สมกัน (complementary) โดยไม่จำเป็นต้องทราบว่ไพรเมอร์เข้าไปเกาะกับดีเอ็นเอส่วนใด เทคนิค AFLP (amplified fragment length polymorphism) เป็นเทคนิคที่นำดีเอ็นเอไปตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ จากนั้นนำชิ้นส่วนดีเอ็นเอมาต่อด้วย adapter แล้วเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอดังกล่าว เทคนิค SSR (simple sequence repeat) ใช้ลำดับเบสซ้ำขนาดสั้นๆ ไม่ซับซ้อนเป็นตำแหน่งในการตรวจสอบ ที่กระจายอยู่ทั่วไปในจีโนม และเทคนิค ISSR (inter - simple sequence repeat) เป็นเทคนิคที่ตรวจสอบลำดับเบสที่อยู่ระหว่าง repeat sequence ปัจจุบันใช้ ISSR ในการศึกษาแผนที่ยีนและแยกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตโดยวิธีวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอนับเป็นเทคนิคที่ใช้ตัวอย่างที่มีดีเอ็นเอจำนวนน้อย วิเคราะห์ผลทำได้ง่ายเนื่องจากใช้การสังเกตแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏและไม่ปรากฏและบอกความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตระหว่างชนิดหรือแม้กระทั่งระหว่างสกุลได้ดี

วัตถุประสงค์

1. วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างชนิดย่อยของกล้วย *Musa acuminata* กับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกที่มีจีโนม A เป็นองค์ประกอบ โดยใช้ Inter - Simple Sequence Repeat Marker
2. หาความผันแปรทางพันธุกรรมของชนิดย่อยของกล้วย *Musa acuminata* และศึกษาความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกที่มีจีโนม A เป็นองค์ประกอบในประเทศไทย เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์