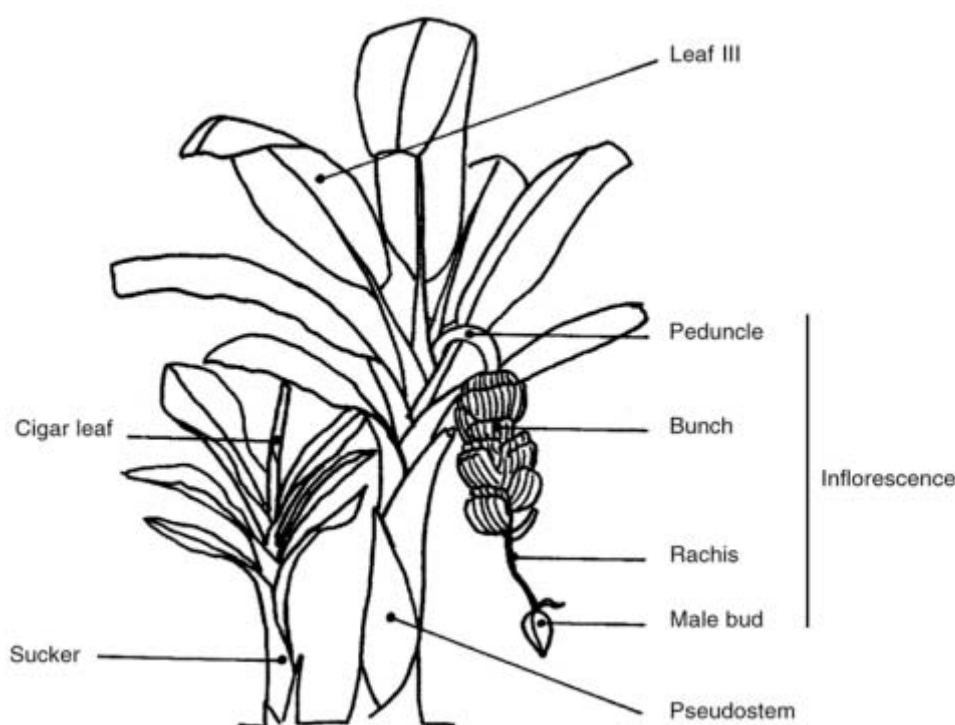


การตรวจเอกสาร

กล้วยเป็นพืชที่ชอบอากาศร้อนชื้น ถิ่นกำเนิดตามธรรมชาติของกล้วยอยู่ในบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ทางเหนือของอินเดีย พม่า เขมร ไทย ลาวและจีนตอนใต้ หมู่เกาะอินโดนีเซีย เกาะบอร์เนียว ฟิลิปปินส์ และไต้หวัน (Dodds, 1946) ประเทศที่เป็นถิ่นกำเนิดเหล่านี้จะพบการปลูกกล้วยอยู่เป็นจำนวนมากทั้งที่มีเมล็ดและไม่มีเมล็ดและปลูกกระจัดกระจายอยู่ทั่วไป สาเหตุที่พื้นที่ปลูกกล้วยกระจายบริเวณกว้างออกไปทั่วทุกภูมิภาคของโลกที่เกิดจากการนำไปปลูกด้วยมนุษย์เกิดขึ้นมาตั้งแต่ยุคโบราณที่ได้นำพันธุ์กล้วยจากแหล่งกำเนิดตามธรรมชาติไปปลูกในบริเวณอื่นที่เกิดขึ้นอย่างต่อเนื่อง จึงส่งผลให้เกิดการกระจายพันธุ์ของกล้วยปลูกไปยังพื้นที่ต่างๆ หรือเกิดจากสาเหตุการกลายพันธุ์ของกล้วยเองดังที่เรียกว่า somatic mutation หรือ chimera (Stewart R.N. and H. Dermen, 1979) สาเหตุดังกล่าวทำให้เกิดกล้วยพันธุ์ใหม่อยู่ตลอดเวลา

1. ลักษณะสัณฐานวิทยาทั่วไปของกล้วย



ภาพที่ 1 ลักษณะสัณฐานวิทยาทั่วไปของกล้วย

ที่มา: Champion (1967)

กล้วยมีลำต้นใต้ดินแบบ เหง้า ชอบพื้นที่ชื้น ใบประกอบด้วยแผ่นใบ ก้านใบ และกาบใบที่มีลักษณะแผ่ออกมาก่อตัวรวมกันเป็นลำต้นเทียม (pseudostem) ที่ใจกลางลำต้นเทียมมีช่อดอกฝังอยู่ และจะเจริญขึ้นเมื่อถึงระยะเวลาเจริญพันธุ์ การจัดเรียงของกาบใบมีทั้งไม่ซ้อนและที่ซ้อนกันเป็นเกลียว

ดอกกล้วยออกเป็นช่อและออกหลังจากใบสุดท้ายเกิดขึ้นแล้วโดยออกที่ส่วนปลายยอดตำแหน่งเดียวกับใบ หรือบางทีออกทางด้านข้าง ดอกมีใบประดับ (bract) ที่มีสีสด เช่น พืชในสกุล *Heliconia* (Heliconiaceae), *Curcuma* (Zingiberaceae) และ *Calathea* (Maranthaceae) ดอกมีการจัดเรียงแบบ สมมาตรด้านข้าง (zygomorphic) คือมีส่วนประกอบทั้งสองข้างเท่ากัน และมักจะมีการลดรูปบางส่วนรวมกันหรือหายไป ชั้นของวงเกสรเพศผู้จะมีการเปลี่ยนเป็นกลีบดอกเช่นในวงศ์ Marantaceae และ Cannaceae และยังมีการลดอับเรณูเหลือเพียงครั้งเดียว รังไข่ อยู่ได้ส่วนประกอบอื่นๆของดอกและประกอบด้วย 3 ช่อง ในแต่ละช่องมีออวุลอยู่ 1 หรือมากกว่า 1 ดังนั้นบางครั้งจะเห็นเหมือนมีเมล็ด 1 เมล็ด เพราะเมล็ดเกิดฝ่อดังที่พบในวงศ์ Marantaceae

ผลของกล้วยมีลักษณะเป็นผลแบบมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด (berry) เมล็ดของกล้วยมีเนื้อหุ้ม ดังเช่นในสกุล *Musa* เมล็ดส่วนมากมีขนาดใหญ่ แข็ง ดังเช่นเมล็ดของสกุล *Musa* และ *Ensete* (Simmonds and Weatherup, 1990)

2. อนุกรมวิธานพืชในวงศ์กล้วย

การจัดจำแนกตำแหน่งทางอนุกรมวิธานกล้วยใช้ระบบการจัดจำแนกของ Takhtajan (1997)

Class Liliopsida

Subclass B. Commelinidae

Superorder Zingiberanae

Order Musales

Family Musaceae

Genus *Musa*, *Ensete*, *Musella*

กล้วยเป็นพืชที่อยู่ในวงศ์ Musaceae ประกอบไปด้วย 3 สกุลคือ *Ensete*, *Musella* และ *Musa* สำหรับกล้วยในสกุล *Ensete* ในเมืองไทยปลูกเป็นไม้ประดับ พบ 2 ชนิด คือ *Ensete superbum* Roxb. และ *Ensete glaucum* Roxb. และสกุล *Musella* เป็นกล้วยที่ปลูกเพื่อใช้เป็นไม้ประดับและมีถิ่นกำเนิดอยู่บริเวณจีนตอนใต้ เช่น *Musella lasiocarpa* (สมรรถชัย, 2542)

กล้วยในสกุล *Musa* ประกอบไปด้วย 5 section คือ *Australimusa*, *Callimusa*, *Rhodochlamys*, *Ingentimusa* และ *Eumusa* กล้วยใน section *Australimusa* เป็นกล้วยที่ถิ่นกระจายพันธุ์อยู่แถบ ปาปัวนิวกินี ออสเตรเลีย อินโดนีเซีย และ ฟิลิปปินส์ และไม่พบกระจายพันธุ์อยู่ในประเทศไทย เช่น กล้วยอะบาก้า (*Musa textilis*) ใช้ทำเชือกมะนิลาและทอผ้า กล้วยใน section *Callimusa* มีถิ่นกระจายพันธุ์อยู่บริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้และพบกระจายพันธุ์ในประเทศไทย เช่น กล้วยรัตกัทรี (*Musa coccinea*), กล้วยปีซังกะแต (*Musa violascens*) ซึ่งพบปลูกเป็นไม้ประดับ และกล้วยใน section *Rhodochlamys* พบกระจายพันธุ์แถบตอนเหนือของอินเดีย พม่า และประเทศไทย ส่วนใหญ่ปลูกเป็นไม้ประดับ เช่น กล้วยไหล (*Musa laterita*), กล้วยบัวสีชมพู (*Musa ornata*) ส่วนกล้วยใน section *Ingentimusa* พบในที่สูง 1,000-2,100 เมตร ในบริเวณหมู่เกาะปาปัวนิวกินี ไม่พบว่ามีถิ่นกำเนิดอยู่ในประเทศไทย เช่น *Musa ingens* และ *Musa boman* (พานิชย์, 2542)

ส่วนกล้วยใน section *Eumusa* ประกอบไปด้วยกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกที่เข้ารับประทานส่วนใหญ่พบเห็นได้ทั่วไปและทั่วโลกมีความหลากหลายชนิดอยู่ถึง 11 ชนิด (Horry *et al.*, 1997) คือ

1. *Musa acuminata* Colla
2. *Musa balbisiana* Colla
3. *Musa schizocarpa* Simmonds
4. *Musa basjoo* P. F. (B.) von Siebold
5. *Musa itinerans* E. E. Cheesm.
6. *Musa flaviflora* Simmonds
7. *Musa sikkimensis* Kurz
8. *Musa cheesmani* Simmonds
9. *Musa nagensium* Prain
10. *Musa halabanensis* W. Meijer
11. *Musa ochracea* K. Shepherd

กล้วย *Musa acuminata* มีถิ่นกระจายพันธุ์บริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ตารางที่ 1) มีลำต้นที่แท้จริงอยู่ใต้ดินเรียกว่า เหง้า ส่วนที่โผล่พ้นดินเรียกว่า ลำต้นเทียม กล้วยป่ามีลำต้นเทียมสูง 2.5-3.5 เมตร เส้นผ่านศูนย์กลางของลำต้นเทียมต่ำกว่า 15 เซนติเมตร บางชนิดย่อยมีขนาดใหญ่กว่า กาบลำต้นเทียมด้านนอกมีปื้นสีดำ มีนวลเล็กน้อยถึงไม่มี ส่วนด้านในสีแดง น้ำยางใส ก้านใบสีเขียวอมแดง เขียว ม่วง แล้วแต่ชนิดย่อย มีจุดดำ มีครีบก้านใบสีเขียว ใบชูขึ้นก่อนข้างตรง ก้านช่อดอกมีขนสั้นอ่อนๆจำนวนมาก กาบปลีรูปค่อนข้างยาวคล้ายกล้วยหรือ ปลายแหลมหรือมน ด้านบนสีม่วงอมแดง มีนวลเล็กน้อย ด้านล่างที่โคนมีสีแดง เมื่อแก่จะม้วนขึ้นไปทางด้านโคน การเรียงของกาบปลีไม่ค่อยซ้อนทับกันมากและจะมีลักษณะนูนขึ้นที่โคนของกาบปลีเห็นเป็นสันชัดเจน ดอกย่อยมีก้านดอกสั้น ผลมีก้านและมีขนาดเล็ก รูปร่างของผลมีหลายแบบแตกต่างกันไปตามชนิดย่อย บางชนิดย่อยมีผลโค้งงอ บางชนิดไม่โค้งงอ ผลมีเนื้อน้อยสีขาว รสหวาน มีเมล็ดจำนวนมาก สีดำ ผนังหนาและแข็ง แบ่งออกเป็น 8 ชนิดย่อย ดังตารางที่ 1 (Simmonds, 1957)

ตารางที่ 1 ถิ่นกระจายพันธุ์ของชนิดและชนิดย่อยของกล้วยป่าที่เป็นบรรพบุรุษของกล้วยรับประทานได้

ชนิดย่อย	ถิ่นกระจายพันธุ์
1. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>banksii</i> (F. Muell.) Simmonds	นิวกินี ออสเตรเลีย ชามัว
2. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>errans</i> (Blanco) R. Valmayor	ฟิลิปปินส์
3. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>burmanica</i> Simmonds	พม่า
4. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>siamea</i> Simmonds	ไทย อินโดจีน
5. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>malaccensis</i> (Ridl.) Simmonds	ไทยตอนใต้ มาเลเซีย
6. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>microcarpa</i> (Beccari) Simmonds	บอร์เนียวตอนเหนือ
7. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>truncata</i> (Ridl.) Shepherd	มาเลเซีย
8. <i>Musa acuminata</i> Colla ssp. <i>zebrina</i> L. B. van Houtte	ชวา

ที่มา: Jones (2000)

สำหรับชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ที่มีถิ่นกำเนิดอยู่ในประเทศไทย 4 ชนิดย่อย (Simmonds, 1986) คือ

1. *Musa acuminata* Colla ssp. *burmanica* Simmonds พบมากทางเหนือของไทย
2. *Musa acuminata* Colla ssp. *malaccensis* (Ridl.) Simmonds พบทางภาคใต้
3. *Musa acuminata* Colla ssp. *microcarpa* (Beccari) Simmonds พบทางภาคใต้
4. *Musa acuminata* Colla ssp. *siamea* Simmonds พบทางภาคตะวันออก

กล้วยอีกหนึ่งชนิดที่อยู่ในสกุล *Musa* และมีความสำคัญคือ *Musa balbisiana* (กล้วยตานี) ซึ่งมีถิ่นกำเนิดอยู่แถบอินเดียและพบปลูกทั่วไปในประเทศไทย ปัจจุบันมีการใช้ประโยชน์อย่างแพร่หลาย อาทิเช่น ใช้ใบห่อขนม ห่อของ (ศศิวิมล, 2546)

3. การจัดจำแนกกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูก

การจัดจำแนกกล้วยที่รับประทานได้ในปัจจุบัน ซึ่งใช้การจัดจำแนกของ Simmonds & Shepherd (1955) โดยการให้คะแนน เพื่อแสดงถึงลักษณะความสัมพันธ์ของกล้วยพันธุ์ต่างๆที่มีวิวัฒนาการมาจาก *Musa acuminata* และ *Musa balbisiana* โดยใช้ลักษณะสัณฐานวิทยาของกล้วยจำนวน 15 ลักษณะ ดังตารางที่ 2 ตารางที่ 2 ซึ่งเป็นลักษณะที่แตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัดของกล้วยทั้งสองชนิด ในกรณีที่ลักษณะสัณฐานวิทยาของกล้วยที่นำมาจำแนกมีลักษณะเหมือน *Musa acuminata* จะให้คะแนน 1 คะแนน แล้วจัดอยู่จีโนม A โดยคำว่า A มาจากคำว่า *acuminata* และในกรณีที่ลักษณะสัณฐานวิทยาเหมือน *Musa balbisiana* จะให้คะแนน 5 คะแนน แล้วจัดอยู่ในจีโนม B โดยคำว่า B มาจากคำว่า *balbisiana* ถ้าลักษณะสัณฐานวิทยาอยู่ในสถานภาพก้ำกึ่งระหว่าง 2 ชนิดนี้ก็ให้คะแนนเป็น 2, 3, 4 ตามความใกล้เคียงกับชนิดใด หลังจากนั้นนำคะแนนที่ได้จากการให้คะแนนทั้ง 15 ลักษณะมารวมคะแนนก็จะได้คะแนนแบ่งออกเป็น 5 กลุ่มต่างๆ โดยคะแนนต่ำสุดคือ 15 คะแนน ซึ่งแสดงว่ากล้วยพันธุ์ดังกล่าวมีความใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* ในกรณีที่คะแนนสูงสุดคือ 75 คะแนน แสดงว่ากล้วยพันธุ์นั้นมีความใกล้เคียงกับ *Musa balbisiana* สำหรับคะแนนทั้ง 5 กลุ่มมีดังนี้

คะแนน 15-23 คะแนน ชุดจีโนม AA, AAA มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* 100 % คะแนน 26-46 คะแนน ชุดจีโนม AAB มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* 66.5 % คะแนน 47-49 คะแนน ชุดจีโนม AB, AABB มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* 50.0 % คะแนน 59-63 คะแนน ชุดจีโนม ABB มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* 33.5 % คะแนน 67 คะแนน ชุดจีโนม ABBB มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa acuminata* 25.0 % คะแนน 70-75 คะแนน ชุดจีโนม BB, BBB มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับ *Musa balbisiana* 100 %

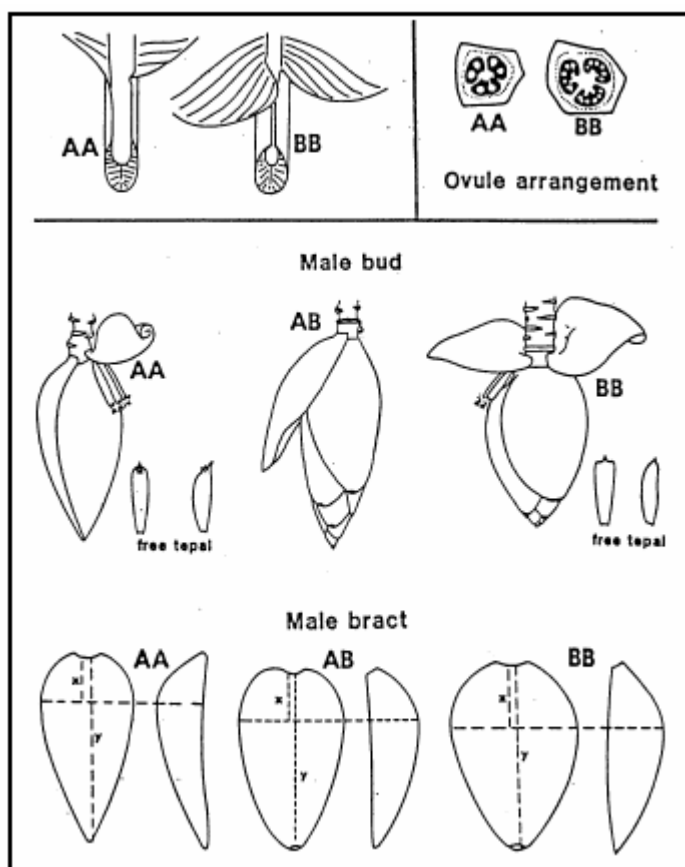
โดยกลุ่มของคะแนน 70-75 คะแนนได้เพิ่มเติมภายหลัง จากการศึกษาพันธุ์กล้วยในประเทศไทยโดย Silayoi & Babprasert (1983) พบว่ากล้วยเล็บช้างกุดควรจัดให้อยู่ในชุด BBB และเมื่อศึกษาโครโมโซมพบว่า $2n = 33$ และให้คะแนน พบว่าคะแนนอยู่ระหว่าง 70-75 คะแนน ดังนั้นจึงทำการเพิ่มคะแนนขึ้นอีกหนึ่งกลุ่ม คือ 70-75 คะแนนให้อยู่ในชุดจีโนม BB, BBB ซึ่งเป็นการให้คะแนนที่ค่อนข้างยากและต้องอาศัยความชำนาญ ด้วยกล้วยเป็นพืชที่มีโครโมโซม 2, 3, หรือ 4 ชุด การทราบจำนวนโครโมโซมของกล้วยจึงช่วยให้การจำแนกชนิดมีความถูกต้องเพิ่มมากขึ้นและสามารถกระทำได้โดยการนับจำนวนโครโมโซมในระยะ metaphase ภายในดอกของกล้วย

ตัวอย่างกล้วยในชุดจีโนม AA, AAA คือ กล้วยไข่ กล้วยเล็บมือนาง และกล้วยหอมทอง ตัวอย่างกล้วยในชุดจีโนม AAB คือ กล้วยกล้วย กล้วยร้อยหวี กล้วยน้ำผ่าด และกล้วยนมสวรรค์ ตัวอย่างกล้วยในชุดจีโนม ABB คือ กล้วยหักมุกเขียว กล้วยหักมุกขาว กล้วยน้ำว้า และกล้วยดิบ ตัวอย่างกล้วยในชุดจีโนม ABBB คือ กล้วยเทพรส และตัวอย่างกล้วยในชุดจีโนม BBB คือกล้วยเล็บช้างกุด กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเทพนม และกล้วยหิน เป็นต้น

ตารางที่ 2 การให้คะแนนลักษณะทางสัณฐานวิทยาต่างๆของกล้วย

ลักษณะต่างๆ	<i>Musa acuminata</i> (A genome)	<i>Musa balbisiana</i> (B genome)
1. สีของกาบใบ	มีจุดหรือมีปื้นสีน้ำตาลหรือดำ	มีจุดจางๆหรือไม่มีเลย
2. ร่องของกาบใบ	ขอบของกาบใบตั้งหรือแผ่กาง ออกมีครีบหรือปีก	ขอบของกาบใบม้วนเข้าหากันจน ชิดไม่มีปีก
3. ก้านช่อดอก	มีขน	เรียบไม่มีขน
4. ก้านดอก	สั้น	ยาว
5. ออวูล	มีออวูล 2 แถวในแต่ละช่องของ รังไข่	มีออวูล 4 แถวแต่ไม่สม่ำเสมอ
6. ไหลของกาบปลี	อัตราส่วนน้อยกว่า 0.28	อัตราส่วนมากกว่า 0.30
7. การม้วนของกาบปลี	ม้วนขึ้นไปทางด้านหลัง หลังจาก ดอกบาน	กาบปลีตั้งขึ้นเมื่อดอกบานและ ไม่ม้วนขึ้น
8. รูปร่างของกาบปลี	ใบหอก หรือ รูปไข่แคบๆ	รูปไข่กว้าง
9. ปลายของกาบปลี	แหลม (acute)	มน (obtuse)
10. การขีดของกาบปลี	กาบปลีด้านในขีดเริ่มจากโคนถึง ปลาย	มีสีแดงตลอดสม่ำเสมอ
11. รอยแผลของกาบปลี	มีลักษณะโหนกเป็นสันเห็นได้ ชัด (prominent)	โหนกไม่เป็นสัน
12. กลีบรวมเดี่ยว (free tepal)	ที่ปลายมีรอยย่นเห็นได้ชัด (corrugate)	ไม่มีรอยย่น
13. สีของดอกตัวผู้	ครีมปนขาว	ชมพูอ่อน
14. สีของดอกตัวเมีย	ส้มค่อนข้างเหลือง	ครีม เหลืองซีดๆหรือชมพูอ่อน
15. สีของกาบ	กาบปลีด้านนอกสีแดง ม่วงเข้ม หรือเหลือง ส่วนด้านในสีชมพู ม่วงเข้ม และเหลือง	ครีม เหลืองซีดหรือชมพูอ่อนๆ ด้านนอกสีม่วงอมน้ำตาลด้านใน สีแดงสด

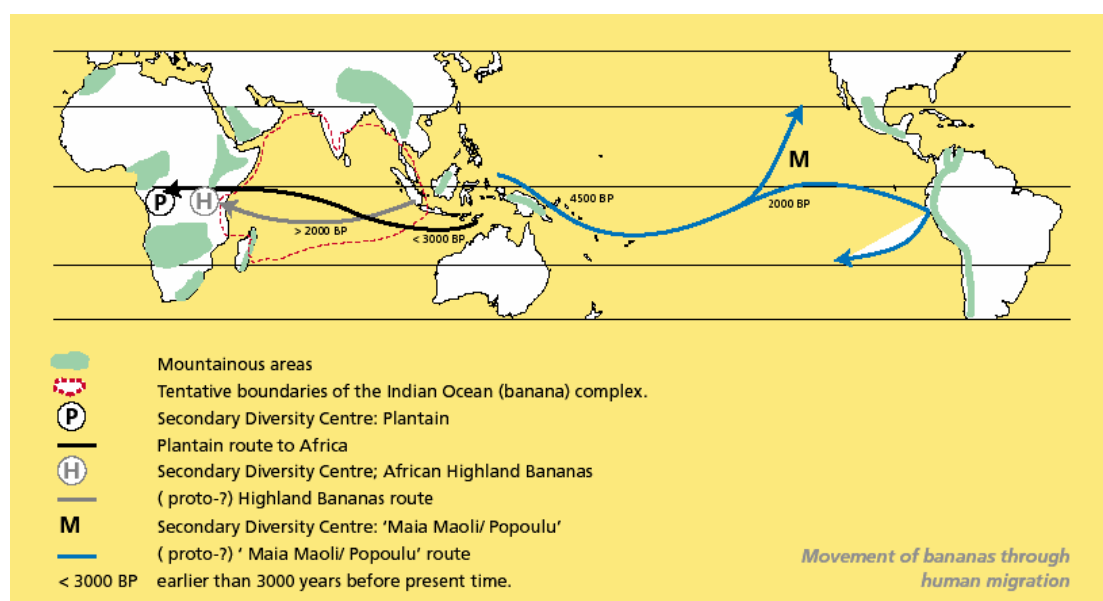
ที่มา: เบญจมาศ (2538)



ภาพที่ 2 ลักษณะสัณฐานวิทยาที่สำคัญในการจำแนกระหว่างจีโนม A และจีโนม B
ที่มา: Simmonds (1966)

4. การเกิดกล้วยพันธุ์ใหม่

ตามทฤษฎีของ Simmonds and Shepherd (1995) *Musa acuminata* เป็น diploid ที่มีเมล็ด และมีถิ่นกระจายพันธุ์อยู่ในเอเชียอาคเนย์ เกิดปรากฏการณ์ parthenocarp หรือการเกิดผลที่ไม่ผ่านการผสมเกสรส่งผลให้เกิดความเป็นหมัน (sterility) และมีการคัดเลือกพันธุ์ของมนุษย์ (artificial selection) และการขยายพันธุ์โดยใช้หน่อ (vegetative propagation) จากความผันแปรที่เกิดจากการกลายพันธุ์ การเพิ่มชุดของโครโมโซม (polyploidization) ตามด้วยการผสมข้ามชนิด (interspecific hybridization) ระหว่าง *Musa acuminata* และ กล้วยตานี ปรากฏการณ์ต่างๆเหล่านี้นำไปสู่พัฒนาการเกิดเป็นกล้วยปลูกพันธุ์ต่าง ๆ มากมายแพร่กระจายไปยังภูมิภาคต่างๆทั่วโลก ดังที่พบอยู่ในปัจจุบัน(ภาพที่ 3)



ภาพที่ 3 ถิ่นกำเนิดของกล้วยและการแพร่กระจายไปยังภูมิภาคต่างๆทั่วโลก

ที่มา: Horry *et al.* (1997)

โดยปกติ การผสมเกสรทำให้เกิดการพัฒนาของผลเกิดจากการที่ออกซิน (auxin) จากละอองเกสรตัวผู้เข้าไปช่วยกระตุ้นให้รังไข่ (ovary) พัฒนาขึ้นเป็นผล การขยายตัวของรังไข่ และภายในผลจะเกิดเป็นเมล็ดที่พัฒนามาจาก ออวูล เพื่อช่วยในการสืบพันธุ์ ในบางครั้งผลจะพัฒนาขึ้นได้เองโดยไม่ผ่านการผสมเกสรจากการสร้างออกซินขึ้นได้เอง (เรียกว่า “ผลลม”) หรือการผสมเกสรด้วยละอองเกสรของคนละพันธุ์ที่ไม่ทำให้เกิดเมล็ดหรือมีการแลกเปลี่ยนของชุด gene บน

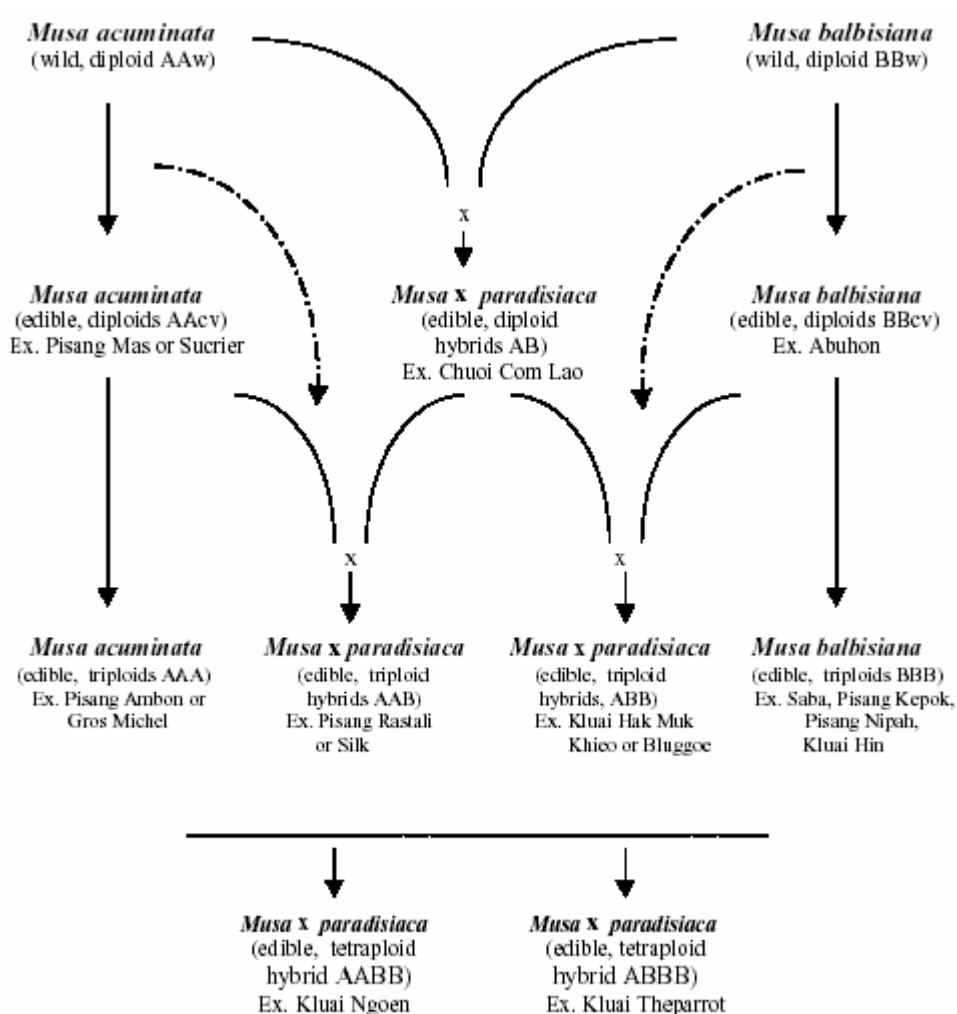
โครโมโซมที่เรียกว่า floating interchange (เบญจมาศ, 2538) หรือแม้กระทั่งการทำลายโดยแมลง (น่าจะปล่อยสารกระตุ้นเข้าสู่รังไข่) ปรากฏการณ์นี้เรียกว่า parthenocarpy การที่กล้วยไม่มีเมล็ดนี้เกิดจากปรากฏการณ์ความเป็นหมัน ในทางพันธุศาสตร์ไม่มีความสัมพันธ์กับ parthenocarpy เพราะกล้วยที่เกิดเป็น ผลลม อาจมีการเกิดเมล็ดได้ ดังเช่น กล้วยน้ำว้า ที่เจริญเติบโตใกล้ *Musa acuminata* อาจมีเมล็ดได้ (Kobayashi, 1985)

การเป็นหมันส่งผลให้เมล็ดไม่เจริญ อาจเป็นเมล็ดลีบ ดังที่พบในแดงโมหรือไม่เกิดเมล็ดเลย ในกรณีของกล้วยปลุก ทั้งนี้ เพราะมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม โดยเฉพาะการเปลี่ยนแปลงของ gene ที่ควบคุมการติดเมล็ด (ซึ่งมีหลายปัจจัย) ถึงแม้ว่าจะมีการถ่ายละอองเรณูแก่เกสรเพศเมียก็อาจจะไม่เกิดเมล็ดขึ้นเช่นกัน

ในกรณีการคัดเลือกโดยมนุษย์ *Musa acuminata* ซึ่งแต่เดิมมีผลขนาดเล็กเต็มไปด้วยเมล็ด พัฒนาขึ้นมามีผลขนาดใหญ่ขึ้นเนื่องมาจาก parthenocarpy และผลของการเป็นหมัน ทำให้มนุษย์คัดเลือกเอาไว้ปลูกเพื่อกินในลำดับต่อไป (Simmonds, 1962) ในการสืบพันธุ์นั้น กล้วยจะใช้หน่อที่เกิดขึ้นตามโคนต้นซึ่งจะมีอยู่มากมาย ถึงแม้ว่าจะไม่มีเมล็ดมนุษย์ก็สามารถใช้หน่อในการขยายพันธุ์ได้ (Reynolde, 1929)

การกลายพันธุ์ เป็นปรากฏการณ์ที่เกิดขึ้นในธรรมชาติ จากการเปลี่ยนแปลงของ gene ที่ควบคุมลักษณะ phenotype ต่างๆ สำหรับในกล้วยการกลายพันธุ์เกิดขึ้นอย่างเช่น การเปลี่ยนแปลงของรสชาติ ไม่ว่าจะเป็นการทำให้รสหอมหวานขึ้น หรือการเปลี่ยนแปลงในขนาด สี สัน รูปร่าง ฯลฯ ประกอบกับการเพิ่มชุดของโครโมโซมส่งผลให้พืชมีจำนวนโครโมโซมเพิ่มขึ้น เป็นตัวคูณของโครโมโซมชุดพื้นฐาน เช่น $2n = 2x$ กลายเป็น $2n = 3x$ (triploid), $4x$ (tetraploid) กลุ่มพืช polyploidy มักจะมีขนาดที่ใหญ่โต ปราศจากเมล็ด มีรสชาติดีขึ้น แข็งแรง จึงเป็นที่ต้องการของมนุษย์ การเกิด polyploidy เกิดได้จากหลายสาเหตุแต่สาเหตุที่สำคัญก็คือการเกิด restitution nucleus ในรังไข่ อันเนื่องมาจากความผิดปกติในการแบ่งเซลล์แบบ meiosis ของเซลล์สืบพันธุ์ทำให้เซลล์สืบพันธุ์ที่เกิดใหม่มีจำนวนโครโมโซม polyploidy แทนที่จะเป็น n เพราะโครโมโซมที่เพิ่มขึ้นเป็นสองเท่าไม่แยกออกจากกันไปสู่เซลล์ที่เกิดใหม่ทั้งสองเซลล์ เมื่อไข่ $2x$ ไปผสมกับ sperm ที่มี x เดียว ก็เกิดเป็น zygote ที่มี $3x$ กลายเป็นพืช triploid ในทำนองเดียวกัน เมื่อไข่ $3x$ ผสมกับ sperm ที่มี x เดียว ก็เกิดเป็น zygote ที่มี $4x$ กลายเป็นพืช tetraploid ทำให้เกิดกล้วยพันธุ์ต่างๆ ขึ้นดังเช่นในปัจจุบัน (ณรงค์, 2546)

การเกิดการผสมข้ามระหว่างชนิดเป็นปัจจัยที่ช่วยเพิ่มจำนวนพันธุ์ปลูกของกล้วยเบญจมาส (2538) พบว่า การแลกเปลี่ยนชุด gene บน โครโมโซมแบบ differentiated interchange แบบ structural change ทำให้เกิดชนิดย่อยขึ้นและเกิดการผสมข้ามระหว่างชนิดย่อย ดังเช่น การเกิดกล้วยไข่ เชื่อว่าเกิดจาก *Musa acuminata* Colla ssp. *burmanica* ผสมกับ Pisang Linlin (น่าจะเป็น *Musa acuminata* Colla ssp. *malaccensis*) และพบการแบ่งเซลล์ในระยะ metaphase เกิด floating interchange อยู่ 1 แห่ง และ 2 subspecific differentiation จะมีการคัดเลือกโดยมนุษย์ถึงลักษณะการเป็นหมั่นไม่มีเมล็ดต่อไป ดังภาพที่ 4



ภาพที่ 4 การผสมข้ามพันธุ์และการเกิดวิวัฒนาการของกล้วยรับประทานได้ในปัจจุบัน
ที่มา: (Valmayor *et al*, 2000)

ต่อมาเมื่อเทคโนโลยีทางด้านชีวโมเลกุลมีความก้าวหน้ามากขึ้น ได้มีการพิสูจน์เกี่ยวกับวิวัฒนาการของกล้วยที่รับประทานกันอยู่ในปัจจุบันว่ามีการพัฒนามาจากกล้วยชนิดใดโดย Carreel (1995) ได้ให้สมมุติฐานว่า การเข้าคู่กันของโครโมโซม หรือ ชุดจีโนมของชนิดย่อยต่างๆของ *Musa acuminata* ที่เข้าไปมีส่วนร่วมในการเกิดกล้วยรับประทานได้ในยุคแรกๆของวิวัฒนาการจะเป็นกล้วยที่เกิดจาก *Musa acuminata* ssp. *banksii* และ *Musa acuminata* ssp. *errans* จะมีแบ่งมากและชี้ให้เห็นว่า การเกิดลูกผสมจาก *Musa acuminata* ssp. *malaccensis* หรือ *Musa acuminata* ssp. *zebrina* ที่มีถิ่นกำเนิดบริเวณประเทศอินโดนีเซียและมาเลเซียกล้วยในถิ่นกำเนิดนั้นจะมีรสหวาน จนสามารถกล่าวได้ว่าลูกผสมของ *Musa acuminata* และ *Musa balbisiana* ที่เกิดขึ้นที่ฟิลิปปินส์และได้มีการกระจายไปยัง อินโดจีน ตอนเหนือของพม่า และอินเดีย ผลจากการศึกษาข้างชี้ให้เห็นว่า กล้วยที่มีชุดจีโนม AAA ที่พบได้ทั่วไป ได้เกิดวิวัฒนาการในลำดับต่อมา (secondary centre of diversity) ในแอฟริกา ประกอบด้วย *Musa acuminata* ssp. *banksii* และ *Musa acuminata* ssp. *zebrina* จนกล่าวได้ว่า กล้วยที่ปลูกอยู่บริเวณพื้นที่สูงของแอฟริกาที่น่าจะมาจากแหล่งพันธุกรรมบริเวณตะวันตกของอินโดนีเซียคือ *Musa acuminata* ssp. *zebrina* และเขายืนยันว่า A จีโนมของ กล้วยกล้วย และ Maoli เกิดจาก *Musa acuminata* ssp. *banksii* (เบญจมาศ, 2538)

5. การศึกษาทางชีวโมเลกุลของกล้วย

ในปัจจุบันการจำแนกชนิดของกล้วยมีอยู่มากมายหลายวิธี เนื่องมาจากความก้าวหน้าทางเทคโนโลยีในด้านต่างๆทำให้ทราบว่ากล้วยชนิดต่างๆมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกันในรูปแบบใดและสามารถบ่งบอกถึงลักษณะความจำเพาะเจาะจงของชนิดและจัดจำแนกชนิดที่มีความใกล้เคียงกันมากๆในระดับชนิดย่อยได้ การจำแนกชนิดของสิ่งมีชีวิตในปัจจุบันได้มีการพัฒนาวิธีการต่างๆเข้ามาช่วยเพิ่มประสิทธิภาพและความแม่นยำในการจำแนก ตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบันในการศึกษาความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตนั้นทำได้โดยการศึกษาอนุกรมวิธาน การเปรียบเทียบลักษณะทางกายภาพ สันฐานวิทยา ลักษณะเอมบริโอและสรีรวิทยา เป็นวิธีที่ใช้กันมานานและยังคงได้ผลดีในปัจจุบัน (Primrose, 1995) แต่บางครั้งก็เกิดความผิดพลาดได้ในบางกรณีที่มีความใกล้เคียงกันมากจำเป็นต้องให้ผู้ที่มีความชำนาญเท่านั้นจำแนกได้ ดังเช่น ในกรณีของพรรณไม้ป่าหรือไม้ผลที่มีระยะเวลาในการออกดอกออกผลค่อนข้างยาวนาน ส่งผลให้เสียเวลาในการเฝ้ารอระยะเวลาของการเก็บรวบรวมข้อมูล ต่อมาเมื่อมีการนำวิธีการวิเคราะห์ในระดับโมเลกุลโดยใช้เครื่องหมายทางชีวโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างหรือ polymorphic ในระดับโปรตีนและดีเอ็นเอ โดยเครื่องหมายโมเลกุลเป็นส่วนช่วยที่สำคัญในการจำแนกหรือตรวจสอบชนิดพืชหรือสัตว์ที่

สามารถตรวจสอบได้ตั้งแต่ต้นกล้าถึงต้นที่โตแล้ว รวมไปถึงการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และการปรับปรุงพันธุ์พืชได้อย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น(สุรินทร์, 2540)

สำหรับเครื่องหมายทางโมเลกุลมี 2 ระดับ คือ ระดับโปรตีนและระดับดีเอ็นเอ เครื่องหมายทางโมเลกุลระดับโปรตีนเป็นเครื่องหมายที่ใช้ในการตรวจสอบโมเลกุลของโปรตีนชนิดต่างๆโดยใช้ความแตกต่างของโมเลกุลและใช้วิธีการแยกโมเลกุลของโปรตีนด้วยเทคนิค electrophoresis เพื่อแยกแถบสีของโปรตีนจำเพาะโดยใช้สารที่เหมาะสมหรือใช้ตรวจสอบรูปแบบของเอนไซม์บางชนิดหรือไอโซไซม์ต่างๆ (Jeffreys *et al.* 1985)

เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) หมายถึง ดีเอ็นเอที่ใช้เป็นเครื่องหมายบ่งชี้ความจำเพาะของสิ่งมีชีวิตตัวหนึ่ง พันธุ์หนึ่ง หรือชนิดหนึ่ง หรือในระดับต่างชนิดเป็นดีเอ็นเอที่อยู่ตำแหน่งหนึ่งๆบนโครโมโซมที่เป็นนิวเคลียสดีเอ็นเอหรือดีเอ็นเอในออร์แกเนลล์ (mitochondrial DNA หรือ chloroplast DNA) การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายได้เกิดจากความแปรปรวน (variation) ของ nucleotide ในโมเลกุลของดีเอ็นเอหรือเกิด polymorphic ของลำดับเบสในโมเลกุลของดีเอ็นเอนั้นเอง (สุรินทร์, 2539) ที่มาของการศึกษาเครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อใช้บ่งชี้ความแตกต่าง ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตทั้งทางปริมาณและคุณภาพ อาจเป็นการจำแนกความแตกต่างภายในชนิดหรือระหว่างชนิดและภายในประชากรก็ได้ (De Langhe, 1986)

การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอในปัจจุบันยังหมายถึงวิธีการตรวจสอบดีเอ็นเอโดยการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิค PCR ซึ่งเป็นการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจากหลายตำแหน่งพร้อมๆกัน โดยเอนไซม์ DNA polymerase สังเคราะห์ดีเอ็นเอซ้ำๆกันหลายรอบจนกว่าจะได้ปริมาณเท่าที่ต้องการ ซึ่งในปฏิกิริยา PCR จำเป็นต้องอาศัยองค์ประกอบต่างๆ คือ ดีเอ็นเอต้นแบบ, nucleotide 4 ชนิด, buffer, เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase, $MgCl_2$ และ ไพรมเมอร์ โดยใช้ไพรมเมอร์ 2 ชนิดที่จำเพาะกับช่วงของดีเอ็นเอหรือ gene หนึ่งๆโดยต้องทราบลำดับเบสของดีเอ็นเอเป้าหมายก่อนเพื่อเป็นข้อมูลในการสังเคราะห์ไพรมเมอร์ โดยไพรมเมอร์ที่ใช้จะเข้าเกาะกับดีเอ็นเอเป้าหมายคนละสายและมีปลาย 3' ในทิศทางเข้าหากัน บริเวณหรือชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่เกิดจากการสังเคราะห์เพิ่มปริมาณจะมีขนาดความยาวเท่ากับชิ้นดีเอ็นเอจากปลายของไพรมเมอร์ชนิดหนึ่งถึงปลายของไพรมเมอร์อีกชนิดหนึ่ง (สุรินทร์, 2540)

6. เทคนิค ISSR (inter - simple sequence repeat)

ISSR เป็นชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างชุดซ้ำ (repeat sequence) ซึ่งขนาดของ ISSR จะขึ้นอยู่กับระยะห่างของชุดซ้ำ ซึ่งชุดซ้ำจะมีขนาด 1-4 คู่เบส หรือไม่เกิน 10 คู่เบส เช่น (dA.dT)_n (dCA.dTG)_n และ (dCT.dAG)_n ชุดซ้ำที่เป็น 3 หรือ 4 คู่เบสก็พบได้เช่นกันแต่พบได้น้อยกว่า ดังนั้นในการสังเคราะห์ไพรเมอร์จำเป็นต้องอาศัยชุดซ้ำดังกล่าวในการออกแบบสังเคราะห์ไพรเมอร์ และ repeat sequence พบกระจายอยู่ทั่วจีโนม ดังนั้นจึงสามารถตรวจสอบสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้ครอบคลุมทั้งจีโนม (Godwin, 2005) ปัจจุบันมีการใช้ ISSR กันมากในการศึกษาแผนที่ของจีโนม และจำแนกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตโดยวิธีวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ใช้ดีเอ็นเอจำนวนน้อย วิเคราะห์ผลทำได้ง่ายเนื่องจากใช้การสังเกตแถบดีเอ็นเอและบอกความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิต ระหว่างชนิดหรือแม้กระทั่งระหว่างสกุลได้และสามารถปรับใช้ในการทำแผนที่ยีน (genetic linkage map) บนโครโมโซมได้ (อัญมณี, 2544)

7. งานวิจัยทางชีวโมเลกุลของกล้วย

Jarret (1986) วิเคราะห์ชุดโครโมโซมของกล้วยด้วยไอโซไซม์ (isozyme) โดยใช้เอนไซม์ shikimic acid dehydrogenase (SKDH), malate dehydrogenase (MDH), glutamate oxaloacetate transaminase (GOT) และ peroxidase ในการศึกษาสามารถทำให้แบ่งชุดของโครโมโซมกล้วยได้เด่นชัดขึ้นและสามารถจำแนกชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ได้แต่การจำแนกกลุ่มพันธุ์ยังไม่สามารถทำได้โดยใช้เอนไซม์

เกษมศักดิ์ (2535) ศึกษาการจำแนกชุดจีโนมของกล้วยทั้ง *Musa acuminata* และกล้วยปลูกในประเทศไทย พบว่า ไอโซไซม์ GTO ทำให้เกิดแถบสีที่ทำให้แยกกล้วยที่มีโครโมโซมชุด AA AAA AAB ออกจาก ABB AB BB และ BBB ได้และสามารถแยก ABB ออกจาก AB BB และ BBB และแถบสีของเอนไซม์ GOT ยังแยก ABB AB BB BB ออกจาก BBB ได้

Carreel (1995) เปรียบเทียบดีเอ็นเอจากคลอโรพลาสต์และไมโทคอนเดรีย โดยใช้เทคนิค RFLP (restriction fragment length polymorphism) วิเคราะห์กล้วยชุดจีโนม AA จำนวน 128 โคลน และชุดจีโนมอื่นอีก 115 โคลน พบว่าในชุดจีโนม AA 128 โคลน พบดีเอ็นเอของ *Musa acuminata* ssp. *banksii* และ *Musa acuminata* ssp. *errans* ทุกโคลน และในชุดจีโนมอื่นที่ทำการทดลองก็

พบดีเอ็นเอของ *Musa acuminata* ssp. *banksii* และ *Musa acuminata* ssp. *errans* อีกจำนวน 111 โคลน ดังนั้นจึงอาจสรุปว่ากลุ่มพันธุ์ที่เป็นต้นกำเนิดของสายวิวัฒนาการของกล้วยที่รับประทานได้ อยู่ในปัจจุบันอาจเกิดมาจาก *Musa acuminata* ssp. *banksii* และ *Musa acuminata* ssp. *errans* ขณะที่กล้วย *Musa acuminata* ssp. *banksii* มีถิ่นกำเนิดบริเวณประเทศปาปัวนิวกินี และ *Musa acuminata* ssp. *errans* มีถิ่นกำเนิดอยู่ที่ฟิลิปปินส์ ดังนั้นกล้วยรับประทานได้น่าจะมีแหล่งกำเนิดมาจาก 2 ประเทศดังกล่าวหรือประเทศใดประเทศหนึ่ง เนื่องจากกล้วยปลุกชุดจีโนม AA ที่เป็นพันธุ์พื้นเมืองพบมากในประเทศปาปัวนิวกินี มากกว่าที่พบในประเทศมาเลเซียและฟิลิปปินส์ (Stover and Simmonds, 1987) ดังนั้น ปาปัวนิวกินี น่าจะเป็นถิ่นกำเนิดแรกของกล้วยรับประทานได้

อัญมณี (2544) ได้ศึกษาจีโนมกล้วยด้วยการตรวจสอบดีเอ็นเอบริเวณ simple sequence repeat (SSR) ร่วมกับการทำ genomic *in situ* hybridization (GISH) ใน *Musa acuminata* และกล้วยลูกผสมของไทย พบว่าจีโนม A ที่พบในกล้วยไข่ หอมทอง ร้อยหวี และ กล้วยน้ำว้า ต่างมีแถบดีเอ็นเอเหมือนกับกล้วยป่าแพร่ และ กล้วยป่าพัทลุง และดีเอ็นเอของกล้วยจีโนม B สามารถไฮบริไดซ์กับโครโมโซมของ *Musa acuminata* ซึ่งมีจีโนม A ได้และสรุปได้ว่า จีโนม A ของกล้วยน้ำว้า มาจากกล้วยป่าพัทลุง ส่วนจีโนม B มาจากกล้วยตานี สำหรับกล้วยร้อยหวีนั้นจีโนม A มาจากทั้งกล้วยป่าแพร่และกล้วยป่าพัทลุง

สมจิตต์ และคณะ (2544) จำแนกพันธุ์กล้วยน้ำว้าโดยเทคนิค RAPD จากการทดลองใช้ไพรเมอร์จำนวน 22 ชนิด ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยน้ำว้า จำนวน 19 พันธุ์ โดยเทคนิค RAPD ผลปรากฏว่า มีไพรเมอร์ 11 ชนิด เท่านั้นที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยน้ำว้าทั้ง 19 พันธุ์ได้ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้ 151 แถบ มีขนาดดีเอ็นเอตั้งแต่ 210-2443 คู่เบส โดยมี polymorphic bands 114 แถบ นอกจากนี้ยังพบว่า มีไพรเมอร์ 5 ชนิด ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่เฉพาะในกล้วยบางพันธุ์ คือ ไพรเมอร์ OPA-13 ให้แถบดีเอ็นเอที่เฉพาะขนาด 1404 และ 907 คู่เบสในกล้วยน้ำว้ามุกดาหาร และ ไพรเมอร์ OPC-11, OPC-15, OPD-03 และ OPD-13 ให้แถบดีเอ็นเอที่เฉพาะขนาด 1250, 473, 967 และ 742 bp ในกล้วยน้ำว้านครศรีธรรมราช น้ำว้าไส้เหลือง น้ำว้าอ่องชัยภูมิ และน้ำว้าสุรินทร์ ตามลำดับ

Pillay *et al.* (2000) ใช้เทคนิคทาง RAPD ในการจำแนกชุดจีโนมของกล้วย (A and B genome) โดยใช้ไพรเมอร์ขนาด 10 นิวคลีโอไทด์จำนวน 80 ไพรเมอร์ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วย *Musa acuminata* ssp. *burmannicoides* โคลน Calcutta 4 (AA genome) และ *Musa*

balbisiana โคลน Honduras (BB genome) พบว่า ไพโรมอร์จำนวน 3 ชนิดประกอบไปด้วย A17, A18, และ D10 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอและให้แถบดีเอ็นเอที่เฉพาะในกล้วยที่ใช้ในการจำแนกทั้งสองชนิดได้

Hewell *et al.* (1994) ใช้เทคนิคทาง RAPD สามารถแยกกล้วย *Musa acuminata* ssp. *burmanica* ออกจาก *Musa acuminata* Colla ssp. *malaccensis* ได้โดยใช้ไพโรมอร์ขนาด 10 เบสจำนวน 13 ไพโรมอร์ได้ชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดต่างๆ 116 ชิ้นส่วนที่เพิ่มปริมาณจากไพโรมอร์ 9 ชนิดและความสัมพันธ์ของกล้วยในชุดจีโนมอื่นๆที่นำมาทดลองก็ให้ผลในแนวทางเดียวกับการจัดกลุ่มด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยา

Olivia *et al.* (1996) ใช้เทคนิคทาง RAPD ในการตรวจสอบลักษณะสัณฐานวิทยาของกล้วยที่ทำให้ต้นเดี่ยวในส่วนของเซลล์สืบพันธุ์ของกล้วยหอม Cavendish (AAA genome) โดยทดลองกับตัวอย่างที่มีลักษณะปกติ 57 ตัวอย่างและลักษณะต้นเดี่ยว 59 ตัวอย่าง พบว่า ไพโรมอร์ 19 ชนิดจากทั้งหมด 66 ชนิดสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอและแสดงความเป็น polymorphic ได้ระหว่างพันธุ์ที่มีลักษณะปกติและมีลักษณะต้นเดี่ยว คิดเป็น 28.8 เปอร์เซ็นต์ แต่ไพโรมอร์ OPJ-04 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 1.5 กิโลเบสได้เฉพาะในพันธุ์ปกติเท่านั้นและไม่พบแถบของดีเอ็นเอ OPJ-04 ในพันธุ์ที่มีลักษณะต้นเดี่ยว ดังนั้นเทคนิคทาง RAPD น่าจะเป็นเครื่องมือในการตรวจสอบพันธุ์ที่มีลักษณะต้นเดี่ยวได้

Lysak *et al.* (1999) ได้ทดลองหาขนาดจีโนมของกล้วย พบว่า กล้วยจีโนม A มีขนาดใหญ่กว่ากล้วยในจีโนม B 12 เปอร์เซ็นต์ ขนาดของกล้วยในจีโนม B เช่น กล้วย *Musa balbisiana* มีขนาดจีโนมเฉลี่ย 537 Mbp ส่วนขนาดของจีโนม A ของ *Musa acuminata* ในพันธุ์ต่างๆอยู่ในช่วงเฉลี่ย 591-615 Mbp เช่น กล้วยป่าระยอง (AA) มีขนาด 608 Mbp ขนาดจีโนมของกล้วย ทริพลอยด์ไม่มีความแตกต่างจากกล้วยดิพลอยด์โดยกล้วย Red Dacca, Gros Michel, Gran Enano (AAA) มีขนาด 590-613 Mbp กล้วย Agbagba, Obinol Ewai, Prata (AAB) มีขนาด 559-587 Mbp และกล้วย Pelipita (ABB) มีขนาด 563 Mbp ตามลำดับ