

ผล

1. การจำแนกตัวอย่างกล้วยที่ได้จากการเก็บจากภาคสนาม

จากการเก็บตัวอย่างกล้วยทั้งระดับชนิด ชนิดย่อย จากถิ่นกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติและพันธุ์ปลูกที่เก็บจากแปลงปลูก ทั้งสิ้น 45 ตัวอย่างแล้วนำมาศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาพร้อมทั้งจำแนกออกเป็นกลุ่มตามหน่วยของการจัดจำแนก ชนิด ชนิดย่อยและพันธุ์ปลูกต่างๆได้ตามตารางที่ 3 และเก็บรวบรวมไว้ที่สวนรุกขชาติคณะวนศาสตร์และดองเก็บตัวอย่างไว้ที่ห้องปฏิบัติการทั่วไป ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ คณะวนศาสตร์

2. รูปวิธานการจัดจำแนกระดับชนิดย่อยของกล้วย *Musa acuminata* ในประเทศไทย

รูปวิธานการจัดจำแนกชนิดย่อยของ *M. acuminata* และ *M. balbisiana* ที่พบในประเทศไทย (Simmonds, 1957; Daniells, 2001) และเพิ่มเติมข้อมูลบางส่วนที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้

1. กาบปลี ม้วนขึ้นเข้าหาโคนปลีเมื่อแก่ ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบริบไม่ห่อตัวเข้าหากัน ____ 2

2. กาบใบ (sheath) ไม่มีไข (waxless) ยกเว้น ในหน่อ (young sucker) _____ 3

3. ลำต้นเทียม มีเม็ดสีน้ำตาลกระจายหนาแน่น กาบปลี (male bract) ชั้นในมีสีแดงเรื่อๆ ไม่ซ้อนเหลื่อม (imbricate) ปลีรูปใบหอกขนาด 5.0 – 5.5 x 8.2 – 11.0 เซนติเมตร ใบประดับรูปรีถึงมน (obtusate) ขนาด 5.0 x 10.0 เซนติเมตร กลีบรวม สีครีม ยาว 3.1 เซนติเมตร กลีบรวมอิสระ ขนาด 1.0 – 1.2 x 1.3 เซนติเมตร ก้านเกสรเพศเมียตรง (straight) ขนาดยาว 0.1 x 2.5 – 3.0 เซนติเมตร _____ 1. *Musa acuminata* ssp. *microcarpa*

3. ลำต้นเทียม มีเม็ดสีจาง กาบปลี ชั้นในมีสีแดงเลือดนก (crimson) ซ้อนเหลื่อม rachis ทำมุมกับลำต้นเทียมประมาณ 45 องศา (at an angle) ปลีรูปใบหอก ขนาด 6.5 – 7.5 x 17.0 – 21.5 เซนติเมตร กลีบรวมยาว 4 – 4.6 เซนติเมตร กลีบ

รวมอัตรขนาด 1.5 – 1.6 x 2.3 – 2.4 เซนติเมตร ก้านเกสรเพศเมียตรงขนาด

ยาว 3.5 – 5.0 เซนติเมตร _____ **2. *Musa acuminata* ssp. *burmannica***

2. กาบใบ มีใบ _____ 4

4. กาบใบ มีใบบางๆ ในกลุ่มดอกเพศเมียที่อยู่ด้านบน มีดอกเพศผู้ที่
สมบูรณ์อย่างน้อย 1 ดอก ผลกึ่งมน ออวลมากกว่า 200 ออวลต่อรังไข่
กาบปลีสีเหลืองหรือสีแดงเรื่อๆ ขนาด 4.5 – 5.0 x 10.0 – 13.0
เซนติเมตร rachis ห้อยลง (falling vertically) หักด้วยออกขนานกับ
พื้น _____ **3. *Musa acuminata* ssp. *banksii***

4. กาบใบมีใบมาก ในกลุ่มดอกเพศเมียพบว่ามีดอกเพศผู้เป็นหมัน
ทั้งหมด ผลเรียวแหลม (acuminate) ออวลมีน้อยกว่า 200 ออวลต่อรัง
ไข่ กาบปลีสีแดงสดหรือม่วงแดง _____ 5

5. กาบปลีไม่แดงสด แก่เร็วหลุดร่วงง่ายและไม่ซ้อนเหลื่อม ปลี
รูปลูกข้าง (like a top) ก้านเกสรเพศเมีย (style) โค้งถึงโค้งที่
ฐาน rachis ขนานกับพื้น (horizontal) ผลกล้วยส่วนที่อยู่เหนือ
แกนกลางจะตั้งตรงชี้ขึ้นส่วนผลที่อยู่ด้านล่างของแกนกลาง
จะโค้งขึ้นด้านบน _____ **4. *Musa acuminata* ssp. *malaccensis***

5. กาบปลีไม่ม่วงแดงแต่ปลายของกาบปลีมีสีเหลืองติดคงทน
และมักจะซ้อนเหลื่อม ปลีรูปใบหอกถึงรูปรี ก้านเกสรเพศเมีย
ตรงจนถึงโค้ง rachis ห้อยลง (falling vertically) _____
_____ **5. *Musa acuminata* ssp. *siamea***

1. กาบปลี ไม่ม้วนขึ้นเมื่อแก่ ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงโค้งเข้าหาจนชิดติดกัน
(margins curved inward) กาบปลีและท้องใบมีสีขาว ก้านช่อดอกมีขนสั้นเล็กน้อยถึงไม่มี ลำต้น
เทียมสีเขียวใส ไม่มีปื้นสีดำ _____ **6. *Musa balbisiana***

1. *Musa acuminata* ssp. *microcarpa* N. W. Simmonds, Kew Bull. 11 (3): 463 – 489 (1956).
M. microcarpa Beccari, Nelle Foreste di Borneo, 623 (1902); Cheesman, Kew Bull. 1948, 25. *M. truncata* Ridley, J. Fed. Malay States Mus. 4, 80 (1909); Cheesman, Kew Bull. 1948, 26. *M. acuminata* Colla, the Camerons form, of Simmonds, Malayan Nat. J. 10, 3 (1955).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยป่าผลเล็ก

ลำต้นเทียมสูง 2.0 – 2.9 เมตร สอปรยาวถึงกลม มีปื้นสีน้ำตาล น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้น พ่อแม่ แผ่นใบเจริญขนานกับพื้นถึงตั้งตรง รูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปลิ้น มนถึงรูปหัวใจ ฐานก้านใบสีน้ำตาลเข้ม น้ำตาลดำ เป็นจุดขนาดเล็กถึงใหญ่ ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีริ้วตั้งตรงแผ่ขยายออกเล็กน้อย (open with margins spreading) ก้านใบสีม่วงถึงม่วงแดง ใบยอดอ่อนสีเขียว ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอก ยาวมากกว่า 30 เซนติเมตร มีขนนุ่มสั้นจำนวนมาก หวีกล้วยขนานกับพื้น แกนกลางของช่อดอก ตัวผู้ (ปลี) ห้อยลง ปลีรูปใบหอกถึงรูปรี ขนาดเล็ก 5.0 – 5.5 x 8.2 – 11.0 เซนติเมตร กาบปลีรูปรีถึงมน (obtus) ไม่ซ้อนเหลื่อม กาบปลีชั้นในสีแดงอ่อน กาบปลีด้านนอกสีม่วง ม่วงเข้ม ปลายมน ขนาด 5.0 x 10.0 เซนติเมตร เมื่อแก่กาบปลีจะม้วนจากปลายของกาบปลีเข้าหาโคนของกาบปลี กาบใบไม่มีไขขกเว้นในหน่ออ่อน กลุ่มดอก (hand) ประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 5 – 7 ดอก รวม 8 - 14 ดอก กลีบรวม สีครีม ขนาดยาว 3.1 เซนติเมตร รอยนูนที่ปลายของกลีบรวมสีเหลือง กลีบรวมอิสระ โคนมนคล้ายกาบเรือ มีติ่งแหลมสั้นที่ปลาย ขนาด 1.0 – 1.2 x 1.3 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 อัน ก้านเกสรเพศผู้ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.6 - 2.1 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.3 – 1.6 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีเหลือง ก้านเกสรเพศเมียตรง ขนาดยาว 0.1 x 2.5 – 3.0 ยอดเกสรเพศเมีย (stigma) ขนาด 0.2 x 0.1 - 0.2 เซนติเมตร รังไข่โค้งได้วงกลีบ สีเขียวแบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด มีหวีประมาณ 5 – 6 หวีต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวโค้งขึ้นด้านบนมีจำนวน 13 - 17 ผลต่อหวีมีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลกล้วยลักษณะตรงเมื่อผ่าตามขวาง ผลมีลักษณะเป็นสันถึงกลม ปลายผลเป็นจุก (bottle-necked) และ ไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อผลสุก ดังภาพที่ 6

แหล่งเก็บตัวอย่าง – จังหวัด นนทบุรี (MW15)

ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – ไทย อินโดนีเซีย มาเลเซีย (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – พบเป็นกล้วยปลูกที่ อำเภอบางบัวทอง
จังหวัด นนทบุรี



A.



B.



C.

ภาพที่ 6 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* ssp. *microcarpa*; A. Habit,
B. Inflorescence, C. Male bud

2. *Musa acuminata* ssp. *burmannica* N. W. Simmonds, Kew Bull. 11 (3): 463 – 489 (1956).
M. acuminata Colla, the Tavoy form, of Cheesman, Kew Bull. 1948, 27; Dodds and Simmonds, Heredity 2, 101-117 (1948); Simmonds, Journ. Genetics 51, 458-69 (1953) and Evolution, 8, 65-74 (1954) (cytogenetics).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยป่าพม่า

ลำต้นเทียมสูง 2.0 – 2.9 เมตร สอดเรียวยิ่งกลม สีเขียวอ่อนถึงเขียวเหลือง น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้นพ่อแม่ แผ่นใบเจริญขนานกับพื้นถึงตั้งตรง รูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปลิ้น มนถึงรูปหัวใจหลังใบขาวนวลมีไข ฐานก้านใบสีน้ำตาลเข้ม น้ำตาล เป็นจุดขนาดเล็ก ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงแผ่ขยายออกเล็กน้อย (open with margins spreading) ก้านใบสีเขียว เขียวเข้ม ใบยอดอ่อนสีเขียว ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอกยาวน้อยกว่า 30 เซนติเมตร มีขนนุ่มสั้นจำนวนมาก แกนกลางของช่อดอก (rachis) ตัวผู้ (ปลี) ทำมุมกับลำต้นเทียมประมาณ 45 องศา (at an angle) ปลีรูปใบหอก ขนาด 6.5 – 7.5 x 17.0 – 21.5 เซนติเมตร กาบปลีรูปรีถึงมน (obtus) ช่อนแหลม กาบปลีชั้นในสีแดงสด กาบปลีด้านนอกสีม่วง ชมพูม่วงและม่วงจากปลายของกาบปลีเข้าหาโคนของกาบปลีเมื่อแก่ กาบใบไม่มีไขยกเว้นในหน่ออ่อน กลุ่มดอก ประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 7 – 8 ดอก กลีบรวมสีครีม ขนาดยาว 4.0 – 4.6 เซนติเมตร รอยนูนที่ปลายของกลีบรวมสีเหลือง กลีบรวมอิสระ โค้งมนคล้ายกาบเรือ มีดิ่งแหลมสั้นที่ปลาย ขนาด 1.5 – 1.6 x 2.3 – 2.4 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 อัน ก้านเกสรเพศผู้ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.9- 2.4 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.1 – 0.2 x 2.4 – 3.1 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีเหลือง ก้านเกสรเพศเมียตรง (straight) ขนาดยาว 3.5 – 5.0 เซนติเมตร ฝังไข่ได้วงกลีบ (inferior ovary) สีเขียวแบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด มีหวีประมาณ 5 – 8 หวีต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวโค้งขึ้นด้านบนมีจำนวน 16 ผลต่อหวี่ มีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลกล้วยลักษณะตรงเมื่อผ่าตามขวาง (transverse section) ผลมีลักษณะเป็นสัน ปลายผลเป็นจุก และไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อผลสุก ดังภาพที่ 7

แหล่งเก็บตัวอย่าง – จังหวัด แม่ฮ่องสอน (MW4-MW6)

ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – ไทย พม่า (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – พบขึ้นตามริมห้วยและพื้นที่เปิดโล่งตามป่าดิบแล้ง



A.



B.



C.

ภาพที่ 7 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* ssp. *burmannica*; A. Habit,
B. Inflorescence, C. Male bud (ภาพบน)

3. *Musa acuminata* ssp. *banksii* (F. J. H. von Mueller) N. W. Simmonds, Kew Bull. 11 (3): 463 (1956). *M. banksii* F. v. Mueller, Fragm., 4, 132 (1863-4). *M. paradisiaca* subsp. *seminifera* (Lour.) Baker of Christophersen, Flarg Pls of Samoa, B. P. Bishop Mus. Bull., 128, 54 (1935). *M. banksii* var. *muelleriana* Domin, Bibl. Bot., 85, 1 (2), 253 (1915).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยป่าปลีเหลือง

ลำต้นเทียมสูง 2.5 – 3.0 เมตร แผ่นใบเจริญขนานกับพื้นถึงตั้งตรง ลำต้นเทียมสอบเรียวยาว สีเขียวถึงเขียวเหลือง น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้นพ่อแม่ แผ่นใบรูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปปลีมนถึงรูปหัวใจ ฐานก้านใบสีน้ำตาลเข้มเป็นจุดขนาดใหญ่ถึงเป็นปื้น ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงห่อตัวเล็กน้อยแต่ไม่แนบชิดติดกัน (straight with erect margins) ก้านใบสีเขียว ใบยอดอ่อนสีเขียว (cigar leaf) ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอกยาวน้อยกว่า 30 เซนติเมตร มีขนนุ่มสั้นจำนวนมาก หักกล้วยขนานกับพื้น แกนกลางของช่อดอก (rachis) เพศผู้ (ปลี) ห้อยลง (falling vertically) ปลีรูปใบหอกถึงรี ขนาด 4.5 – 5.0 x 10.0 – 13.0 เซนติเมตร กาบปลีแหลมถึงปลายมน (obtusate) ขนาด 5.3 – 6.5 x 11.4 – 22 เซนติเมตร สีเหลืองอมเขียว กาบปลีสั้นหุ้มปลายช่อดอกเพศผู้ (ปลี) ไม่มีคอด และเมื่อแก่จะม้วนเข้าหาโคนของกาบปลี กาบใบมีใบบางๆ กลุ่มดอก (hand) ประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 7-8 ดอก รวม 14-17 ดอก กลีบรวม สีครีม ขนาดยาว 3.3 – 3.9 เซนติเมตร รอยนูนที่ปลายของกลีบรวมสีเหลือง กลีบรวมอิสระ โค้งมนคล้ายกาบเรือ มีดึ่งแหลมสั้นที่ปลาย ขนาด 1.1 x 1.3 – 2.1 เซนติเมตร เกสรตัวผู้ 5 อัน ก้านเกสรตัวผู้ขนาด 0.2 x 1.3 - 1.7 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.2 x 0.3 – 1.9 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีเหลือง ขนาด 0.1 – 0.2 x 0.2 - 0.3 เซนติเมตร ก้านเกสรเพศเมียตรง ขนาด 0.1 x 3.0 – 3.4 เซนติเมตร รังไข่โค้งได้วงกลีบ สีเขียว แบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด มีหิวประมาณ 5-6 หิวต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวโค้งขึ้นด้านบน มีจำนวน 13 – 16 ผลต่อหิว มีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลค่อนข้างมน (subobtusate) เมื่อผ่าตามขวางผลมีลักษณะเป็นสันเล็กน้อย ปลายผลแหลมถึงมนและไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อสุก ดังภาพที่ 8

แหล่งเก็บตัวอย่าง – เป็นกล้วยปลูกอยู่ที่ ไร่วงศ์เกษตร อ.ปากช่อง จ.นครราชสีมา (MW13-MW14)

ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – ป่าป่านิวกีออสเตเรีย ซามัว (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – เป็นกล้วยต่างประเทศที่นำเข้ามาปลูก
ในประเทศไทย



A.



B.



C.

ภาพที่ 8 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* ssp. *banksii*; A. Habit,

B. Inflorescence, C. Male bud

4. *Musa acuminata* ssp. *malaccensis* (H. N. Ridley) N. W. Simmonds, Kew Bull. 11 (3): 463 – 489 (1956). *M. malaccensis* Ridley, Trans. Linn. Soc. 2, 3, 385 (1893). *M. acuminata* Colla, the selangor form, Cheesman, Kew Bull. 1948, 17 et seq. ; Simmonds, Malayan Nat. J. 10, 3 (1955). *M. flava* Ridl. Loc. Cit. ; Simmonds, Ann. Bot. Lond. 18, 478 (1954).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยปามะละกา

ลำต้นเทียมสูง 2.7 - 3.5 เมตร สอดเรียวยิ่งกลม สีเขียวเข้ม น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้นพ่อแม่ แผ่นใบเจริญขนานกับพื้นถึงตั้งตรง รูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปลิ้น มนถึงรูปหัวใจ ฐานก้านใบสีม่วงเข้มเกือบดำเป็นจุดขนาดใหญ่หรือเป็นปื้น ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงห่อตัวเล็กน้อยไม่แนบชิดติดกัน (straight with erect margins) ก้านใบสีม่วงดำ มีใบเล็กน้อย ใบยอดอ่อนสีเขียว ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอกยาวน้อยกว่า 30 เซนติเมตร มีขนนุ่มสั้นจำนวนมาก หวัด้วยออกขนานกับพื้น แกนกลางช่อดอก (rachis) ตัวผู้ (ปลี) ขนานกับพื้น (horizontal) ปลีรูปลูกข้าง (like a top) ขนาด 4.5 – 7.0 x 9.5 – 13.0 เซนติเมตร กาบปลีรูปรีปลายแหลม (slightly pointed) ไม่ซ้อนเหลื่อม กาบปลีด้านนอกสีม่วงแดง ด้านในสีแดงค่อนข้างขาว (red – whitish) และม้วนจากปลายของกาบปลีเข้าหาโคนของกาบปลีเมื่อแก่ กาบใบมีไผ่มาก กลุ่มดอก ประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 7 – 8 ดอก กลีบรวมของดอก สีครีม ขนาดยาว 2.7 – 4.7 เซนติเมตร รอยนูนที่ปลายของกลีบรวมสีเหลือง กลีบรวมอิสระ (free tepal) โค้งมนคล้ายกาบเรือ มีดิ่งแหลมสั้นที่ปลาย ขนาด 0.8 – 1.1 x 0.9 – 2.3 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 อัน ก้านเกสรเพศผู้ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.1- 4.2 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.3 -2.3 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีเหลือง ก้านเกสรเพศเมียโค้งถึงโค้งที่ฐาน (curve at the base) ขนาดยาว 3.0 – 3.9 เซนติเมตร รังไข่ใต้วงกลีบ (inferior ovary) สีเขียวแบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด มีหิวประมาณ 3 – 7 หิวต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวโค้งขึ้นด้านบนมีจำนวน 17 ผลต่อหีมีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลกล้วยส่วนที่อยู่เหนือแกนกลางจะตรงและส่วนผลที่อยู่ด้านล่างจะโค้งขึ้นด้านบน ผลมีลักษณะเรียวยาวแหลม เมื่อผ่าตามขวางผลมีลักษณะกลมถึงเป็นสัน ปลายผลเป็นจุก และไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อผลสุก ดังภาพที่ 9

แหล่งเก็บตัวอย่าง – จังหวัด ตรัง (MW10) กระบี่ (MW11) และ พังงา (MW12)

ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – ไทย มาเลเซีย อินโดนีเซีย (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – พบขึ้นตามริมห้วยของป่าดิบแล้งและ
ป่า ดิบชื้น



A.



B.



C.

ภาพที่ 9 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* ssp. *malaccensis* ; A. Habit,
B. Inflorescence, C. Male bud

5. *Musa acuminata* ssp. *siamea* N. W. Simmonds, Kew Bull. 11 (3): 463 – 489 (1956). *M. acuminata* Colla, the Annam form, of Cheesman, Kew Bull. 1948, 27. *M. acuminata* Colla, the Kedah form, of Simmonds, Malayan Nat. J. 10, 3 (1955).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยป่าสยาม

ลำต้นเทียมสูง 2 - 2.5 เมตร สอบริวาร สีเขียว เจริญเหลือง น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้นพ่อแม่ แผ่นใบเจริญขนานกับพื้น รูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปกลม มนถึงรูปหัวใจ ฐานก้านใบสีน้ำตาลเข้มเป็นปื้น ร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงเปิดออก (wide with erect margins) ก้านใบสีเขียว มีไขสีขาวและมีจุดสีน้ำตาลเป็นปื้น ใบยอดอ่อนสีเขียว ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอกยาวน้อยกว่า 30 เซนติเมตร มีขนนุ่มสั้นจำนวนมาก หวัดกล้วยออกขนานกับพื้น แกนกลางของช่อดอก ตัวผู้ (ปลี) ห้อยลง (falling vertically) ปลีรูปใบหอก ขนาด 4.3 – 6.5 x 11.0 – 19.2 เซนติเมตร กาบปลียาวเรียวถึงป้อม กาบปลีสีม่วงเมื่ออ่อนมีสีเหลืองตรงปลายของกาบปลีและซ้อนเหลื่อม กาบปลีจะม้วนจากส่วนปลายของ กาบปลีเข้าหาโคนของกาบปลีเมื่อกาบปลีแก่ กาบใบมีไขมาก กลุ่มดอกประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 7 – 8 ดอก กลีบรวมของดอก สีครีม ยาว 3.0 – 4.5 เซนติเมตร รอยนูนที่ปลายของกลีบรวมมีสีเหลือง กลีบรวมอิสระ โค้งมนคล้ายกาบเรือ มีดิ่งแหลมสั้นที่ปลาย ขนาด 1.1 – 1.5 x 1.5-1.8 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 อัน ก้านเกสรเพศผู้ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.2-2.4 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.1 – 0.2 x 1.6-2.6 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีครีม ก้านเกสรเพศเมีย ตรงจนถึงเกือบโค้ง (straight to curved) ขนาดยาว 2.9 – 4.0 เซนติเมตร รังไข่ได้วงกลีบสีเขียวแบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด มีหัวประมาณ 3 – 6 หัวต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวโค้งขึ้นด้านบนมีจำนวน 13-16 ผลต่อหัวมีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลกล้วยลักษณะเรียวยาวแหลมถึงโค้งเล็กน้อย เมื่อผ่าตามขวาง ผลมีลักษณะกลมถึงเป็นสัน ปลายผลเป็นจุด และไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อผลสุก ดังภาพที่ 10

แหล่งเก็บตัวอย่าง – จังหวัด พิษณุโลก (MW7-MW8) และ สุโขทัย (MW9)

ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – พบเฉพาะในประเทศไทย (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – พบขึ้นตามริมห้วยและพื้นที่เปิดโล่งตามป่าดิบแล้ง และ ป่าเบญจพรรณ



A.



B.



C.

ภาพที่ 10 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa acuminata* ssp. *siamea* ; A. Habit,
B. Inflorescence, C. Male bud

6. *Musa balbisiana* Cheesman, Kew Bull. 1948, 11. *M. sapientum* subsp. *semifera* form *pruinosa* King MSS ex Baker, Ann. Bot 7, 214 (1893); Cheesman, Kew Bull. 1948, 327. *M. sapientum* var. *pruinosa* King MSS ex Cowan and Cowan, Trees of North Bengal, 135 (1929).

ชื่อท้องถิ่น: กล้วยตานี

ลำต้นเทียมสูง 2.9 – 4.8 เมตร ลำต้นกลม สีเขียว ไม่มีปื้นสีดำ น้ำยางใส หน่อขึ้นชิดกับต้นพ่อแม่ แผ่นใบเจริญขนานกับพื้น รูปขอบขนาน ปลายใบแหลม ปลายตัดหรือเว้ามน ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่น ฐานใบรูปลิ้น มนถึงรูปหัวใจ หลังใบขาวนวลมีไข ฐานก้านใบสีน้ำตาลเข้มเป็นปื้นร่องของก้านใบบริเวณโคนมีครีบตั้งตรงโค้งเข้าหาขีดติดกัน (margins curved inward) ก้านใบสีเขียว ใบยอดอ่อนสีเขียว ไม่มีจุดสี ช่อดอกแบบช่อกระจุก ก้านช่อดอก ยาวประมาณ 30 - 60 เซนติเมตร มีขนสั้นเล็กน้อยถึงไม่มีขน หวัด้วยทำมุมเล็กน้อยกับลำต้นเทียม (slightly angled) หรือห้อยลง (hanging vertically) แกนกลางของช่อดอก (rachis) ตัวผู้ (ปลี) ห้อยลง (falling vertically) หรือทำมุมกับลำต้นเทียม (at an angle) ปลีรูปรียาวค่อนข้างป้อม (intermediate) ขนาด 5.4 – 6.7 x 9 – 14 เซนติเมตร กาบปลีรูปมน ขนาด 6.5 – 9.8 x 10.2 – 11.6 เซนติเมตร กาบปลีด้านนอกสีม่วงเข้มเมื่อกาบปลีแก่จะกางขึ้นตั้งฉากกับช่อดอกและไม่ม้วนงอ กาบปลีมีไข กลุ่มดอกประกอบไปด้วย 2 แถว แถวละ 5-7 ดอก รวม 10-15 ดอก กลีบรวมของดอก สีครีม ขนาดยาว 3.3 - 3.5 เซนติเมตร รอยปุ่มที่ปลายของกลีบรวมมีสีเหลือง กลีบรวมอิสระ ขนาด 1.1 – 1.3 x 1.8 – 1.9 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 อัน ก้านเกสรเพศผู้ขนาด 0.2 x 1.8 – 2.3 เซนติเมตร อับเรณูติดที่ฐาน ขนาด 0.2 x 1.7 – 2.2 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมียสีครีม ก้านเกสรเพศเมีย (style) สีครีม ตรง (straight) ขนาดยาว 0.1 x 3.0 – 3.3 เซนติเมตร ยอดเกสรเพศเมีย (stigma) ขนาด 0.2 x 0.2 – 0.3 เซนติเมตร ไร่ไขโค้ง (arched) ใต้วงกลีบสีเขียวแบ่งออกเป็น 3 พู เรียงกัน 2 แถว พลาเซนทารอบแกน ผลมีเนื้อหนึ่งถึงหลายเมล็ด (berry) มีหิวประมาณ 8 หิวต่อเครือ ลักษณะผลกล้วยเรียงตัวตั้งฉากกับแกนกลางมีจำนวน 10 - 14 ผลต่อหิวมีความยาวน้อยกว่า 15 เซนติเมตร ผลกล้วยลักษณะยาวตรงถึงโค้งเล็กน้อย เมื่อผ่าตามขวาง ผลมีลักษณะกลมถึงเป็นสัน ปลายผลแหลม (pointed) และไม่มีชิ้นส่วนของเกสรเพศเมียแห้งติดอยู่เมื่อผลสุก ดังภาพที่ 11

แหล่งเก็บตัวอย่าง – จังหวัด สุโขทัย (MW1) กรุงเทพฯ (MW2) และ นครราชสีมา (MW3)
ถิ่นกระจายพันธุ์ทั่วโลก – ไทย อินเดีย ฟิลิปปินส์ อินโดนีเซีย มาเลเซีย (Daniells, 2001)

นิเวศวิทยาของแหล่งเก็บตัวอย่างในประเทศไทย – พบตามบ้านเรือนทั่วไป (ไม่พบในป่าธรรมชาติ)



A.



B.

ภาพที่ 11 ลักษณะสัณฐานวิทยาของ *Musa balbisiana*; A. Inflorescence,
B. Male bud



A.



B.



C.



D.



E.

ภาพที่ 12 เปรียบเทียบลักษณะ male bud ของชนิดย่อยต่างๆของกล้วย *Musa acuminata*;

A. *Musa acuminata* ssp. *malaccensis*, B. *Musa acuminata* ssp. *burmannica*,

C. *Musa acuminata* ssp. *siamea*, D. *Musa acuminata* ssp. *microcarpa* และ

E. *Musa acuminata* ssp. *banksii*



A.



B.



C.



E.



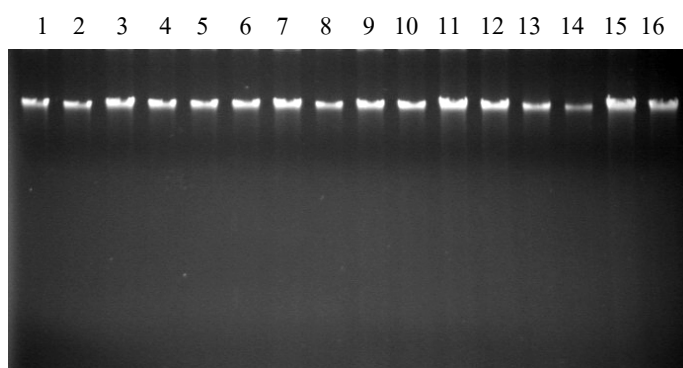
D.

ภาพที่ 13 เปรียบเทียบลักษณะ inflorescence ของชนิดย่อยต่างๆของกล้วย *Musa acuminata*; A. *Musa acuminata* ssp. *malaccensis* , B. *Musa acuminata* ssp. *siamea*, C. *Musa acuminata* ssp. *microcarpa* , D. *Musa acuminata* ssp. *burmannica* และ E. *Musa acuminata* ssp. *banksii*

3. การเตรียมและวิเคราะห์ตัวอย่างดีเอ็นเอด้วยเทคนิค *inter - simple sequence repeat*

3.1 การเตรียมตัวอย่างจีโนมิกดีเอ็นเอ (genomic DNA)

การเตรียมตัวอย่างดีเอ็นเอทำการเตรียมตัวอย่างจากวิธีการของ Doyle, J.J. and Doyle, J.L. (1990) และ Agrawal *et al.* (1992) และตรวจสอบปริมาณและคุณภาพด้วย electrophoresis ใน agarose gel ให้ปริมาณดีเอ็นเอตัวอย่างประมาณ 100 ng/ μ l โดยดีเอ็นเอส่วนใหญ่มีความบริสุทธิ์สูง ไม่มีการแตกหักของดีเอ็นเอและการปนเปื้อนของอาร์เอ็นเอและโปรตีน (ภาพที่ 14)

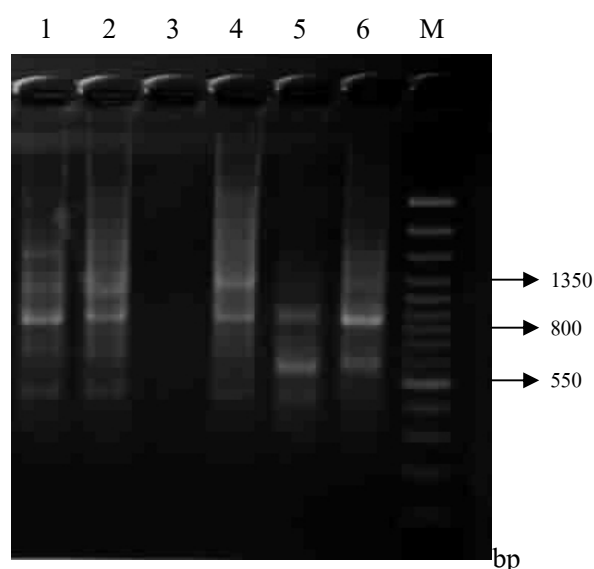


ภาพที่ 14 ตัวอย่าง genomic DNA ของกล้วยที่ใช้ในงานวิจัย หมายเลข 1-16 คือ ตัวอย่างกล้วยที่ใช้ในงานวิจัย

3.2 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ต้องการด้วยปฏิกิริยา Polymerase Chain Reaction (PCR)

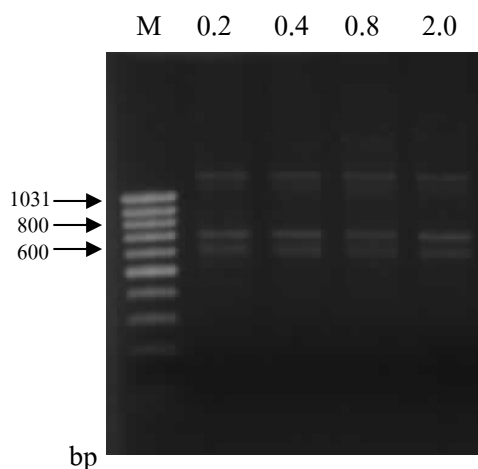
การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจะเกิดขึ้นจำเป็นต้องมีไพรเมอร์ที่มีเบสคู่สมกันกับปลายทั้งสองด้านของดีเอ็นเอบริเวณที่ต้องการเพิ่มปริมาณ โดยไพรเมอร์จะเกาะกับดีเอ็นเอคนละสายและมีปลาย 3' ในทิศทางเข้าหากัน ในกรณีที่ดีเอ็นเอต้นแบบเป็นเกลียวคู่ ไพรเมอร์จะไม่สามารถเข้าไปจับได้และเอนไซม์ DNA polymerase ก็ไม่สามารถสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ได้ต้องทำให้ดีเอ็นเอต้นแบบเกลียวคู่เสียสภาพเป็นสายเดี่ยว (denature) ไพรเมอร์จึงจะมีโอกาสเข้าไปเกาะ (anneal) ตรงบริเวณที่มีเบสคู่สมและเอนไซม์จึงจะสามารถนำ nucleotide ตัวใหม่มาสังเคราะห์ต่อจากไพรเมอร์ได้ (extension)

จากการทดลองเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในขั้นตอนเพื่อทดสอบความเหมาะสมของปฏิกิริยา PCR ด้วยตัวอย่างกล้วยและ ISSR ไพรมเมอร์ที่ใช้ในงานวิจัยจากความเข้มข้นของสารต่างๆที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR (ตารางที่ 4) และโปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (ตารางที่ 5) ให้ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ไม่ดีเท่าที่ควรดังภาพที่ 15 ดังนั้นจึงควรเปลี่ยนแปลงสภาพต่างๆ ของปฏิกิริยา PCR เพื่อความเหมาะสม เช่น ความเข้มข้นของแมกนีเซียมคลอไรด์ ความเข้มข้นของดีเอ็นเอเป้าหมาย (DNA template) และอุณหภูมิกับเวลาที่ใช้ในการทำปฏิกิริยา PCR เพื่อให้ได้สภาพที่เหมาะสมที่สุดในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา PCR



ภาพที่ 15 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรมเมอร์ 841 แถวที่ 1 - 6 คือ กล้วยป่าปลีเหลือง กล้วยป่าผลเล็ก กล้วยตานี กล้วยหก กล้วยไหล และ กล้วยรัดกัทธิ ตามลำดับ M คือ 100 bp DNA Ladder Plus

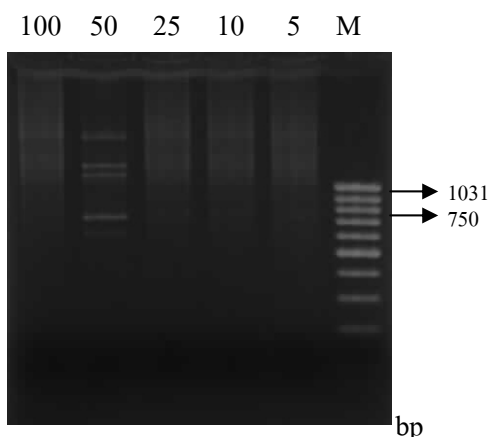
แมกนีเซียมคลอไรด์เป็นสารที่มีความสำคัญของปฏิกิริยา PCR เนื่องจากแมกนีเซียมคลอไรด์มีผลต่อกระบวนการทำงานของเอนไซม์ DNA polymerase ดังนั้นความเข้มข้นที่เหมาะสมของแมกนีเซียมคลอไรด์จึงมีผลต่อการทำงานของ DNA polymerase ในปฏิกิริยา PCR จากผลการทดสอบแมกนีเซียมคลอไรด์โดยใช้แมกนีเซียมคลอไรด์ความเข้มข้นต่างๆ กันคือ 0.2, 0.4, 0.8 และ 2.0 mM ตามลำดับ (ปริมาตรรวมของปฏิกิริยา 15 μ l) โดยใช้ตัวอย่างดีเอ็นเอจากการเตรียมข้างต้น 1 ตัวอย่าง ผลที่ได้แสดงดังภาพที่ 16



ภาพที่ 16 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 815 ที่ความเข้มข้นของ $MgCl_2$ ต่างๆกัน คือ 0.2, 0.4, 0.8 และ 2.0 mM ตามลำดับ M คือ 100 bp DNA Ladder Plus

จากภาพที่ 16 แสดงให้เห็นว่าความเข้มข้นของแมกนีเซียมคลอไรด์ที่ความเข้มข้น 0.2, 0.4, 0.8 และ 2.0 mM ตามลำดับ มีรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอชัดเจนและคล้ายคลึงกัน โดยที่ความเข้มข้น 2.0 mM มีรูปแบบที่ชัดเจนที่สุดและมีความคงที่ของแถบดีเอ็นเอมากกว่าความเข้มข้นอื่นๆ ดังนั้นในกรณีนี้จึงควรเลือกใช้ความเข้มข้นของแมกนีเซียมคลอไรด์ที่ 2.0 mM

จากนั้นทำการทดสอบปริมาณดีเอ็นเอที่ใช้ในการทำปฏิกิริยา PCR เนื่องจากปริมาณดีเอ็นเอที่มากเกินไปหรือน้อยเกินไปมีผลต่อปฏิกิริยา PCR เนื่องจากอาจเกิดการคืนสภาพมาจับตัวกันกลายเป็นเกลียวคู่ได้ใหม่จึงขัดขวางการทำงานของไพรเมอร์หรือถ้ามีปริมาณดีเอ็นเอในปฏิกิริยามากย่อมหมายถึงมีสารเจือปนที่อยู่ในสารละลายดีเอ็นเอมากขึ้นตามไปด้วยทำให้ปฏิกิริยาเกิดไม่ดีเท่าที่ควร ดังนั้นจึงควรทำการทดสอบปริมาณดีเอ็นเอที่เหมาะสมต่อปฏิกิริยา PCR จากการทดลองใช้ปริมาณดีเอ็นเอเริ่มต้นตั้งแต่ 5-100 ng ผลที่ได้แสดงดังภาพที่ 17

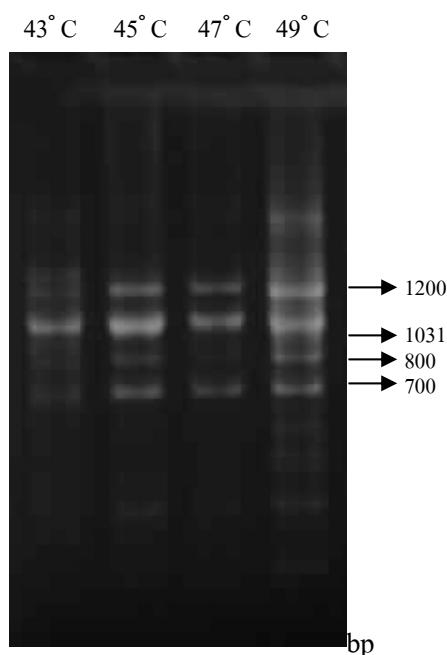


ภาพที่ 17 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 815 ที่ความเข้มข้นต่างกันของดีเอ็นเอเริ่มต้น คือ 100, 50, 25, 10 และ 5 ng ตามลำดับ แถว M คือ 100 bp DNA Ladder Plus

จะเห็นได้ว่าที่ความเข้มข้นของดีเอ็นเอเริ่มต้น 50 ng จะให้แถบของดีเอ็นเอชัดเจนที่สุด ดังนั้นจากการทดลองจึงควรเลือกใช้ปริมาณดีเอ็นเอเริ่มต้นที่ความเข้มข้น 50 ng

อุณหภูมิกับเวลาที่ใช้ใน โปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอมีความสำคัญต่อปฏิกิริยา PCR ด้วยเช่นกันเนื่องจากเวลาที่มากเกินไปอาจมีผลต่อการเสถียรภาพของดีเอ็นเอหรือเวลาน้อยเกินไปอาจทำให้การจับตัวกันของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอไม่ดีพอ ส่วนอุณหภูมิที่สูงหรือต่ำเกินไปย่อมส่งผลต่อการจับของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอเป้าหมายอันเป็นผลทำให้เกิดแถบของดีเอ็นเอที่ไม่ใช่แถบเป้าหมายขึ้นได้

จากการหาอุณหภูมิ temperature melting (T_m) และ annealing temperature (T_a) ของไพรเมอร์พบว่าอุณหภูมิ annealing ของไพรเมอร์อยู่ในช่วง 45-47 °C ดังนั้นจึงทำการเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิของโปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอช่วง annealing เป็นอุณหภูมิที่ 43 °C, 45 °C, 47 °C และ 49 °C ตามลำดับ เพื่อทดสอบอุณหภูมิที่เหมาะสม ผลการทดลองแสดงดังภาพที่ 18



ภาพที่ 18 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 815 ที่ annealing temperature ต่างๆกัน คือ 43 °C, 45 °C, 47 °C, และ 49 °C ตามลำดับ

จากภาพจะเห็นได้ว่า annealing temperature ที่อุณหภูมิ 45 °C และ 47 °C ให้แถบของดีเอ็นเอเป้าหมายชัดเจนที่สุดส่วนที่อุณหภูมิ 43 °C และ 49 °C ให้แถบดีเอ็นเอที่ไม่ชัดเจน ดังนั้นจึงควรเลือกใช้อุณหภูมิในช่วง 45 °C และ 47 °C ในโปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (อุณหภูมิดังกล่าวขึ้นอยู่กับ annealing temperature ของแต่ละไพรเมอร์ด้วย) ความเข้มข้นของสารต่างๆที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR และโปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแสดงดังตารางที่ 6 และ 7

ตารางที่ 6 ความเข้มข้นของสารที่ใช้เป็นองค์ประกอบต่างๆในปฏิกิริยา PCR

สารที่ใช้	ปริมาตร (μl)	ความเข้มข้นสุดท้าย ในปฏิกิริยา
1. ดีเอ็นเอ (50 ng/μl)	3.0	150 ng/15 μl
2. 10x PCR buffer	1.5	1 เท่า
3. MgCl ₂ (25 mM)	1.2	2 mM
4. dNTP (2 mM)	1.5	0.2 mM
5. ไพรมเมอร์ (10 pM/μl)	1.0	10 pM/15 μl
6. <i>Taq</i> polymerase (5 unit/μl)	0.25	1.25 unit/15 μl
7. น้ำกลั่น	6.55	-
รวม	15.0	

ตารางที่ 7 โปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา PCR

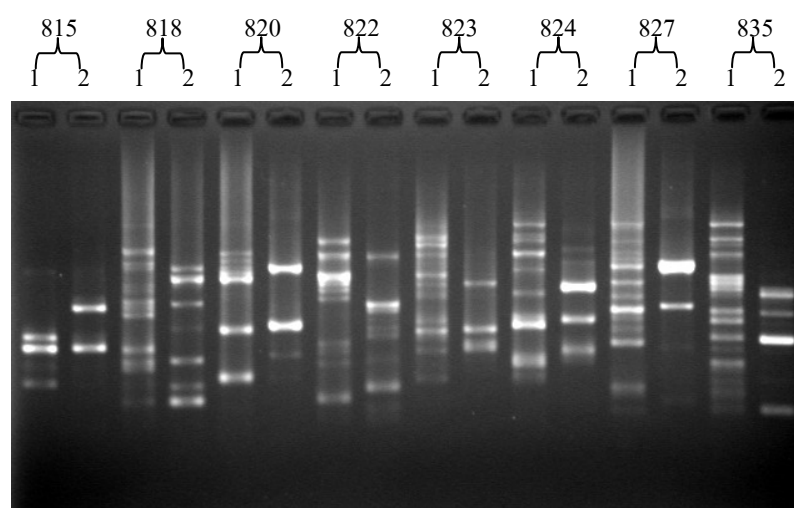
	อุณหภูมิ (°C)	เวลา (นาที)	จำนวนรอบ
1. Denaturation	94	3	1
2. Denaturation	94	1	
Annealing	45, 47	1	40
Extension	72	2	
3. Final extension	72	5	1

หมายเหตุ อุณหภูมิ 45 °C ใช้กับไพรมเมอร์ 814 และ 840 ส่วนอุณหภูมิ 47 °C ใช้กับไพรมเมอร์ 815, 835, 843 และ 844 ตามลำดับ

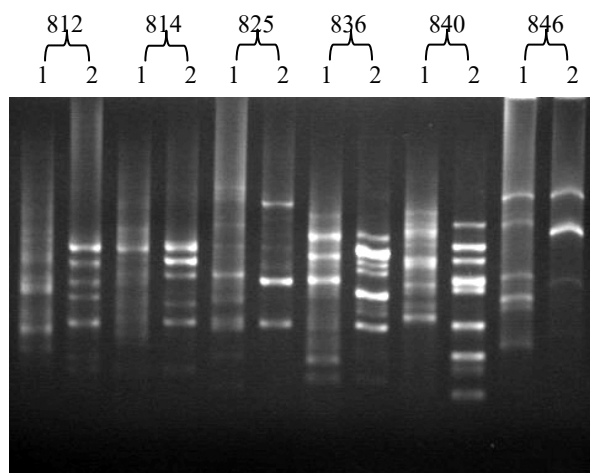
ขั้นตอนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา PCR ในเบื้องต้นต้องหาความเหมาะสมของปฏิกิริยาเพื่อช่วยในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ก่อน โดยใช้สารต่างๆในตารางที่ 6 และเงื่อนไขของอุณหภูมิในปฏิกิริยาการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในตารางที่ 7

ผลการตรวจหาไพรเมอร์ที่เหมาะสมโดยใช้ตัวอย่างกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี (เนื่องจากกล้วยทั้ง 2 ชนิดใช้เป็นตัวแทนของกล้วยในจีโนม A และ B ของกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกในปัจจุบัน) กับ ISSR ไพรเมอร์ (oligonucleotide set #9) จาก British Columbia University จำนวน 36 ไพรเมอร์ ผลการทดลองพบว่าไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้คือไพรเมอร์ 812, 814, 815, 818, 820, 822, 823, 824, 825, 827, 835, 836, 840, 841, 843, 844, 845 และ 846 ตามลำดับ รวมทั้งสิ้น 18 ไพรเมอร์ ส่วนไพรเมอร์ที่เหลือไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้

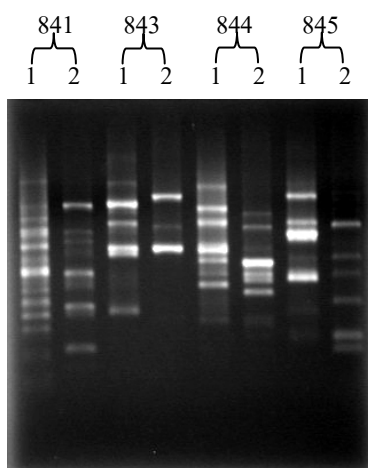
จากไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ดังกล่าวทำการคัดเลือกไพรเมอร์ที่เหมาะสม โดยดูจากความแตกต่างของตำแหน่งแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งเปรียบเทียบกับ โดยคู่ไพรเมอร์ใดมีความแตกต่างกันมาก (polymorphic) ก็นำมาใช้ในการวิเคราะห์ต่อไป ผลแสดงดังภาพที่ 19-21



ภาพที่ 19 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยป่าพม่า (1) กล้วยตานี (2) โดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 815 - 835



ภาพที่ 20 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยป่าพม่า (1) กล้วยตานี (2) โดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 812 - 846



ภาพที่ 21 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยป่าพม่า (1) กล้วยตานี (2) โดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 841 - 845

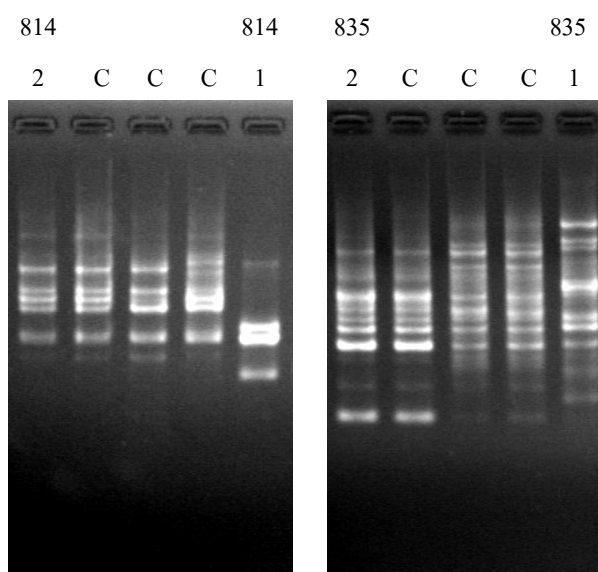
จากการทดลองพบว่ามีไพรเมอร์จำนวน 6 ไพรเมอร์ (คิดเป็น 16.67 เปอร์เซ็นต์) ตารางที่ 8 ที่ให้ความแตกต่างกันระหว่างตัวอย่างกล้วยที่ใช้ในการทดสอบสูง จาก ISSR ไพรเมอร์ คือ ไพรเมอร์ 814, 815, 835, 840, 843 และ 844 ดังแสดงในภาพที่ 19-21 หลังจากคัดเลือกไพรเมอร์ที่ใช้ในงานวิจัยได้แล้วต้องทำการตรวจเช็คไพรเมอร์ซ้ำอีกครั้งหนึ่งเพื่อตรวจสอบความคงที่ของไพรเมอร์ ดังนั้นจึงทำการสุ่มไพรเมอร์จำนวน 2 ไพรเมอร์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกับตัวอย่างเดิมคือ

กล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ผลการทดสอบนำมาเปรียบเทียบกับไพรเมอร์ที่ได้กระทำมาแล้ว แสดง
 ดังภาพที่ 22

ตารางที่ 8 ชนิดของไพรเมอร์ ลำดับเบส percent of G + C และค่า melting temperature (Tm) /
 annealing temperature (Ta) ที่ใช้ในงานวิจัย

Primer	Base sequencing (5' - 3')	Percent of G + C	Tm / Ta
814	-CTC TCT CTC TCT CTC TA-	47	50/45
815	-CTC TCT CTC TCT CTC TG-	52	52/47
835	-AGA GAG AGA GAG AGA GYC-	50	52/47
840	-GAG AGA GAG AGA GAG AYT-	44	50/45
843	-CTC TCT CTC TCT CTC TRA-	44	52/47
844	-CTC TCT CTC TCT CTC TRC-	50	52/47

จากภาพที่ 22 จะเห็นได้ว่าไพรเมอร์ที่สุ่มนำมาทดสอบซ้ำ (ไพรเมอร์ 814 และ 835) จาก
 ไพรเมอร์ที่คัดเลือกใช้ในงานวิจัยทั้ง 6 ไพรเมอร์สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้เช่นเดียวกับไพร
 เมอร์ที่คัดเลือกในครั้งแรก กล่าวคือไพรเมอร์สามารถทำซ้ำแล้วให้ผลเหมือนเดิม ดังนั้นไพรเมอร์
 ดังกล่าวจึงสามารถใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตัวอย่างในงานวิจัยได้



ภาพที่ 22 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากการสุ่มตรวจหาไพรเมอร์ที่เหมาะสมซ้ำ โดยเทคนิค ISSR ด้วยไพรเมอร์ 814 และ 835 เช่นเดียวกับการตรวจสอบในครั้งแรกกับกล้วยป่า (1) และกล้วยตานี (2) C คือ ตัวอย่างควบคุม

4. การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง *M. acuminata*, *M. balbisiana* และพันธุ์กล้วยปลูก

4.1 การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat

จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วย *M. acuminata* และพันธุ์กล้วยปลูกทั้งหมด 45 ตัวอย่างที่ตรวจสอบด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814, 815, 835, 840, 843 และ 844 ตามลำดับ นำผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ดังกล่าวมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยเปรียบเทียบถ้ามีแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งเดียวกันในทุกตัวอย่าง กำหนดเป็น “1” ถ้าไม่มีแถบดีเอ็นเอกำหนดเป็น “0” แล้วนำข้อมูลที่ได้มาหาความสัมพันธ์ในรูปของค่าดัชนีความคล้ายคลึง (similarity index) และจัดทำแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ด้วยวิธี UPGMA ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.01

จากการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ทั้ง 6 ไพรเมอร์จากทั้งหมด 36 ไพรเมอร์ ได้จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 128 แถบ โดยไพรเมอร์ 835 ให้แถบ

ดีเอ็นเอมากที่สุดคือ 25 แถบ ไพรมอร์ 814 จำนวน 20 แถบ ไพรมอร์ 815 จำนวน 22 แถบ ไพรมอร์ 840 จำนวน 21 แถบ ไพรมอร์ 843 จำนวน 23 แถบ และไพรมอร์ 844 ให้แถบดีเอ็นเอน้อยที่สุดคือ 17 แถบ ซึ่งแถบดีเอ็นเอทั้ง 128 แถบเป็นแถบดีเอ็นเอที่เกิด polymorphic (ความแตกต่างระหว่างตำแหน่ง) ทั้งหมดและไม่มีแถบดีเอ็นเอที่เป็น monomorphic

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรมอร์ 814 (ภาพที่ 23-25, 41 และ 42) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 20 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 2500-350 bp ประกอบไปด้วย 2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400 และ 350 bp ตามลำดับ

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรมอร์ 815 (ภาพที่ 26-28, 41 และ 42) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 22 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 2000-350 bp ประกอบไปด้วย 2000, 1875, 1750, 1500, 1425, 1350, 1275, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 850, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450 และ 350 bp ตามลำดับ และสามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม A กับกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม B จำนวน 2 แถบ คือ ขนาด 450 และ 700 bp โดยแถบดีเอ็นเอขนาดดังกล่าวปรากฏในลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างจีโนม A แต่ไม่ปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม B

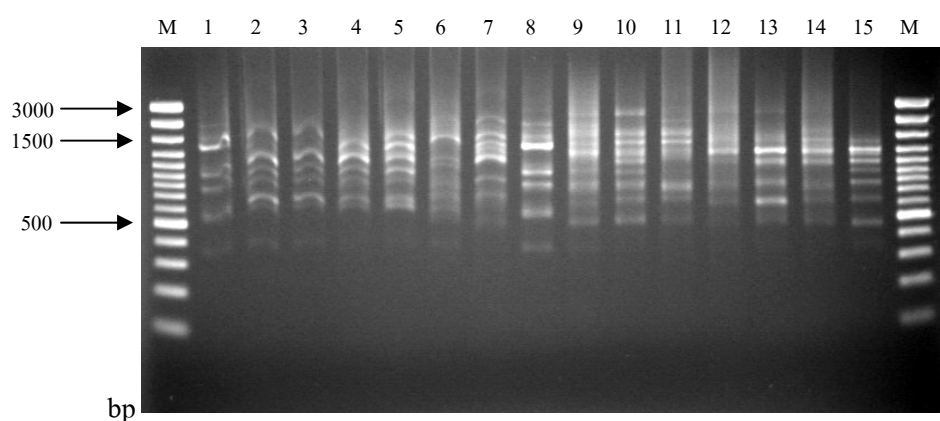
การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรมอร์ 835 (ภาพที่ 29-31, 41 และ 42) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 25 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 3000-250 bp ประกอบไปด้วย 3000, 2500, 2250, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 850, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400, 350, 300 และ 250 bp ตามลำดับ และสามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม A กับกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม B จำนวน 1 แถบ คือขนาด 1350 bp โดยแถบดี

เอ็นเอขนาดดังกล่าวปรากฏในลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างจีโนม A แต่ไม่ปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม B

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรเมอร์ 840 (ภาพที่ 32-34, 41 และ 43) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 21 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 2500-200 bp ประกอบไปด้วย 2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1031, 950, 900, 850, 800, 700, 650, 550, 500, 450, 400, 350, 300, 250 และ 200 bp ตามลำดับ

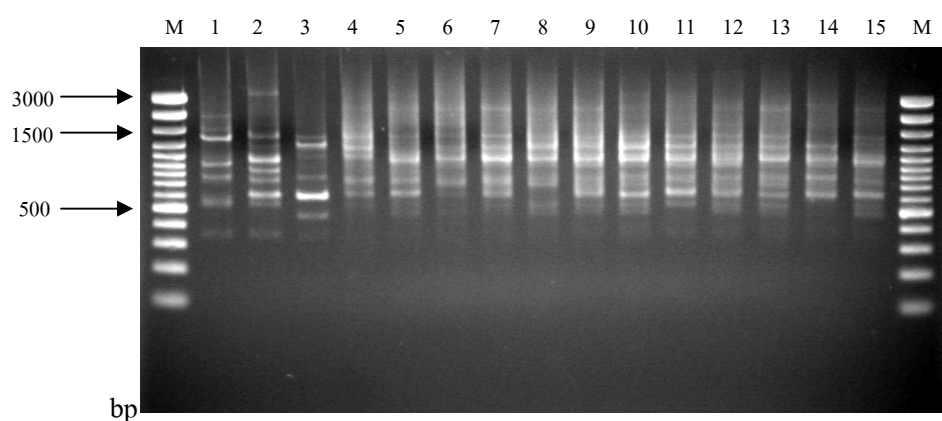
การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรเมอร์ 843 (ภาพที่ 35-37, 41 และ 43) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 23 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 3000-250 bp ประกอบไปด้วย 3000, 2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400, 350, 300 และ 250 bp ตามลำดับ และสามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม A กับกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม B จำนวน 1 แถบ คือขนาด 300 bp โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวจะปรากฏในลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างจีโนม A แต่ไม่ปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม B ส่วนแถบดีเอ็นเอขนาด 900 bp จะปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม B แต่ไม่ปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม A จึงทำให้สามารถแยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างได้

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่าง โดยไพรเมอร์ 844 (ภาพที่ 38-40, 41 และ 43) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 17 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดระหว่าง 2500-350 bp ประกอบไปด้วย 2500, 2000, 1750, 1625, 1500, 1350, 1200, 1031, 900, 850, 800, 700, 600, 550, 450, 400 และ 350 bp ตามลำดับ และสามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม A กับกลุ่มตัวอย่างที่มีจีโนม B จำนวน 2 แถบ คือขนาด 400 และ 600 bp โดยแถบดีเอ็นเอขนาดดังกล่าวปรากฏในลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างจีโนม B แต่ไม่ปรากฏในกลุ่มตัวอย่างจีโนม A ส่วนแถบดีเอ็นเอที่ขนาด 850 bp พบเฉพาะในกลุ่มตัวอย่างกล้วยตานี



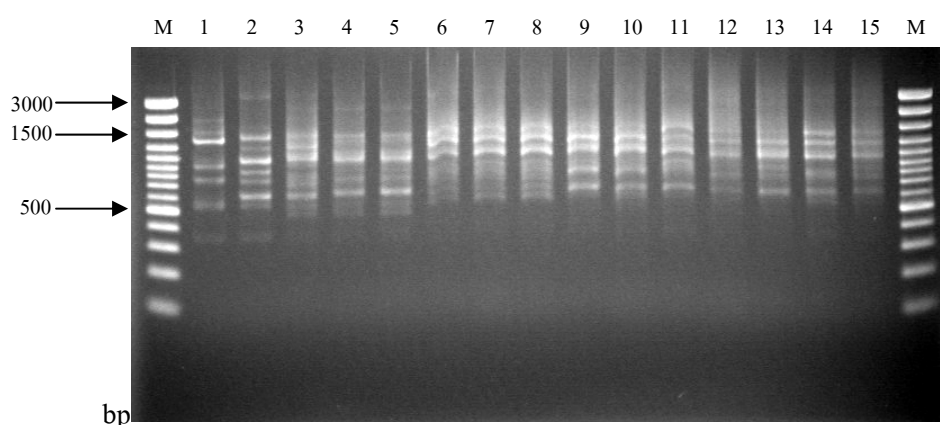
ภาพที่ 23 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยหูดจีโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่างกล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



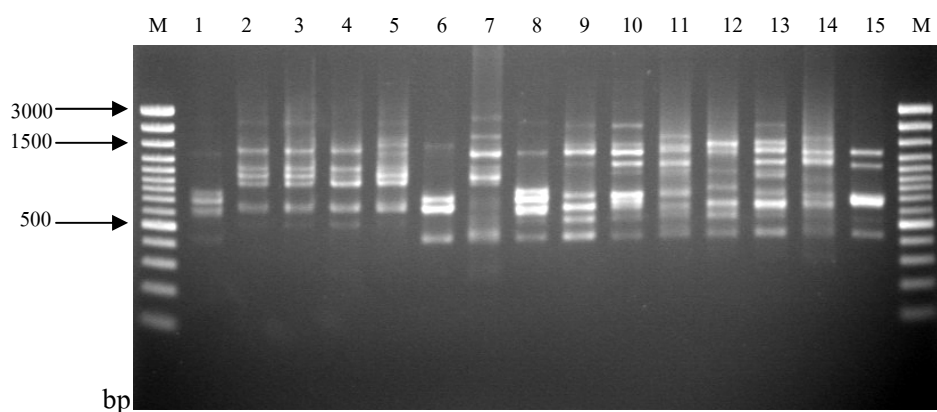
ภาพที่ 24 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และกล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ



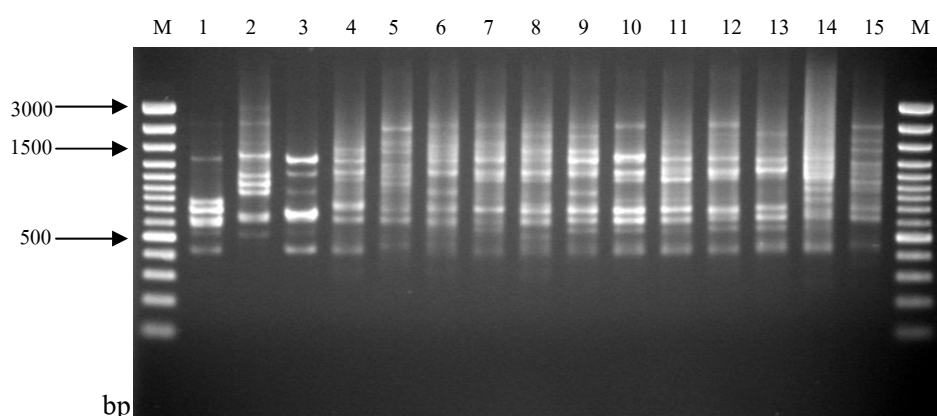
ภาพที่ 25 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลุขตจิโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมนสาว กล้วยน้ำฟ้า และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลุขตจิโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าใส่เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลุขตจิโนม ABBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลุขตจิโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และกล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ



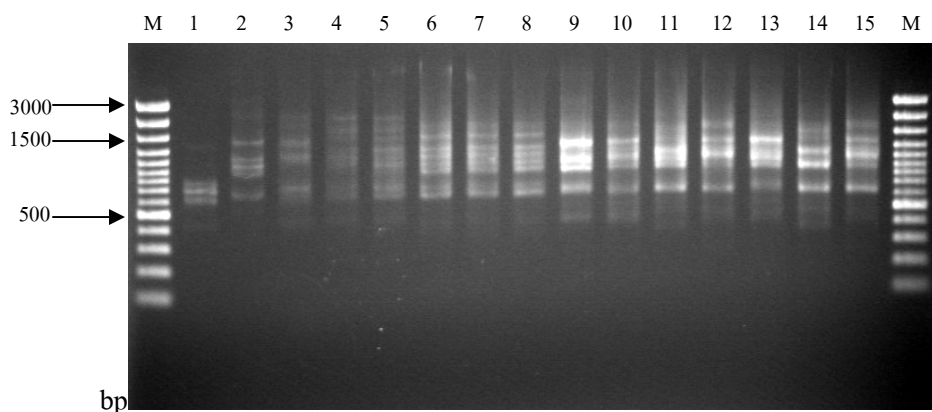
ภาพที่ 26 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 815 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยหูกจิโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่าง กล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



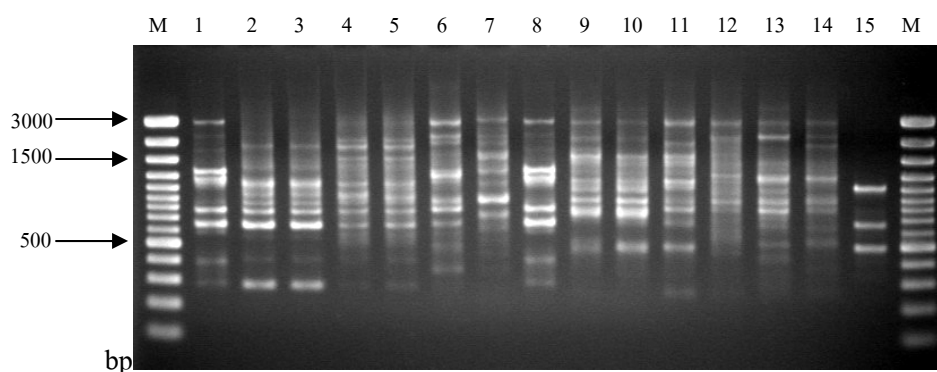
ภาพที่ 27 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 815 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และกล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ



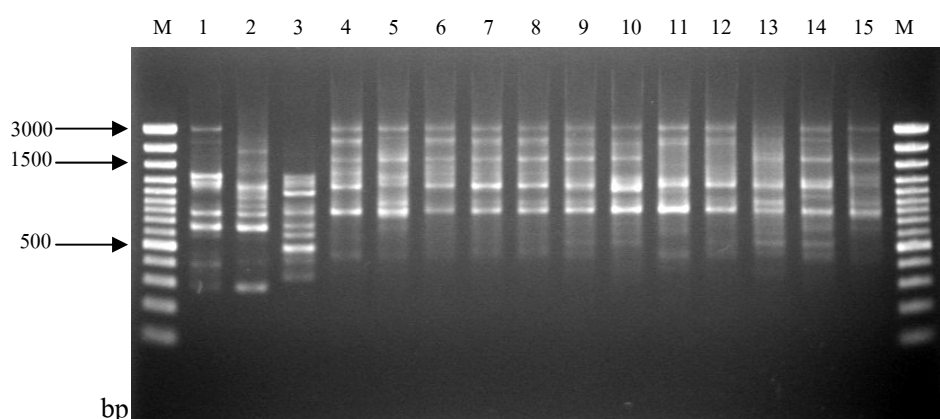
ภาพที่ 28 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 815 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยชุดจีโนม AA และ BB ประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมสาว กล้วยน้ำผ่าด และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าใส่เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม AB BB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และกล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ



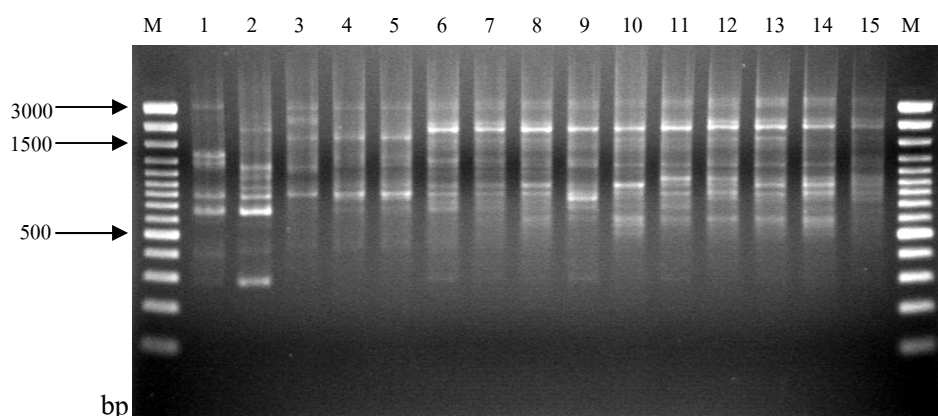
ภาพที่ 29 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 835 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่าง กล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



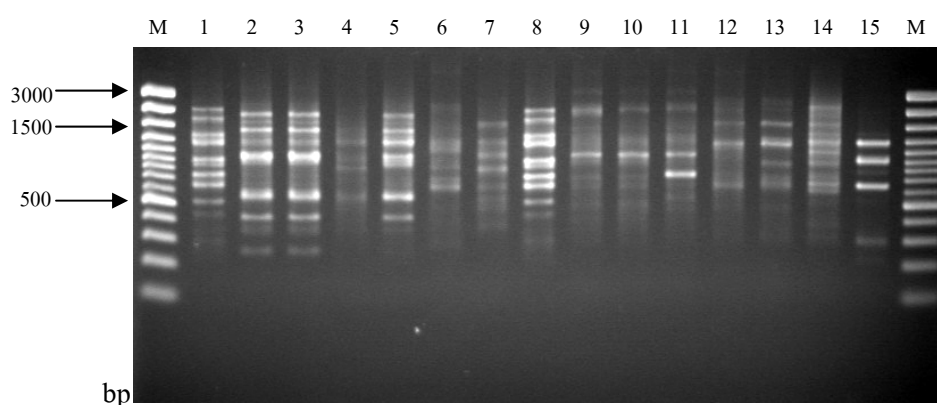
ภาพที่ 30 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 835 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยชุดจีโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วย กล้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม AA ประกอบด้วย ตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และ กล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ



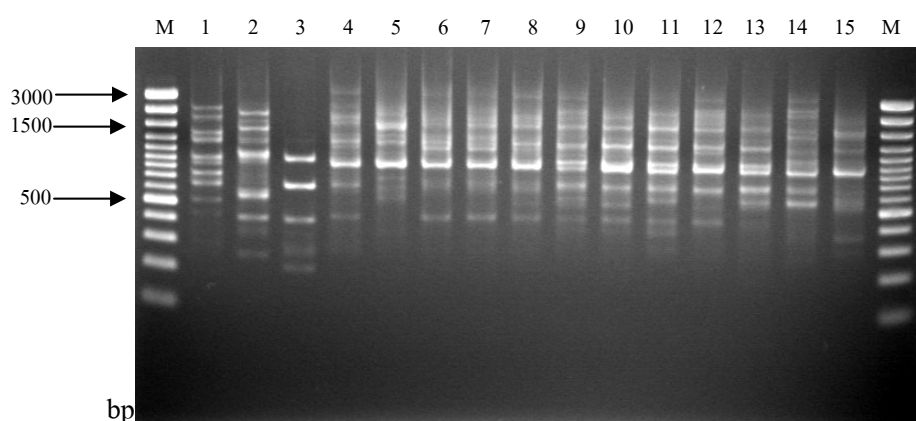
ภาพที่ 31 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 835 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมสาว กล้วยน้ำฟาด และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าไผ่เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม ABBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และ กล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ



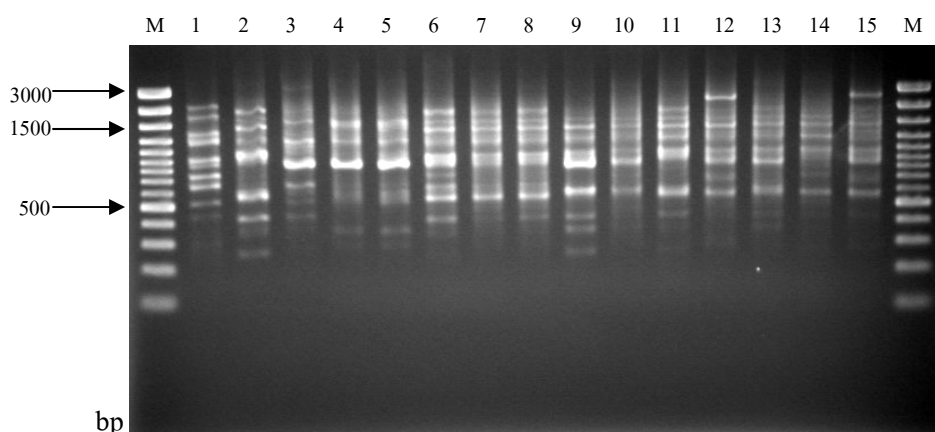
ภาพที่ 32 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 840 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยชุดจีโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่าง กล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



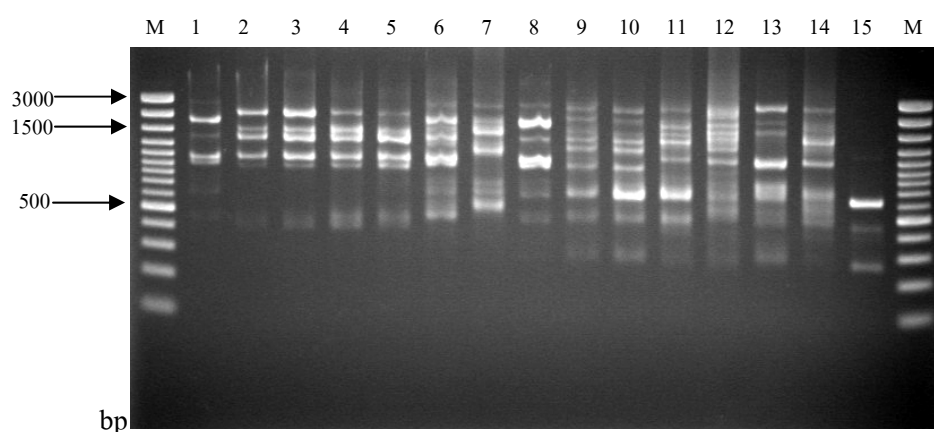
ภาพที่ 33 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 840 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และกล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ



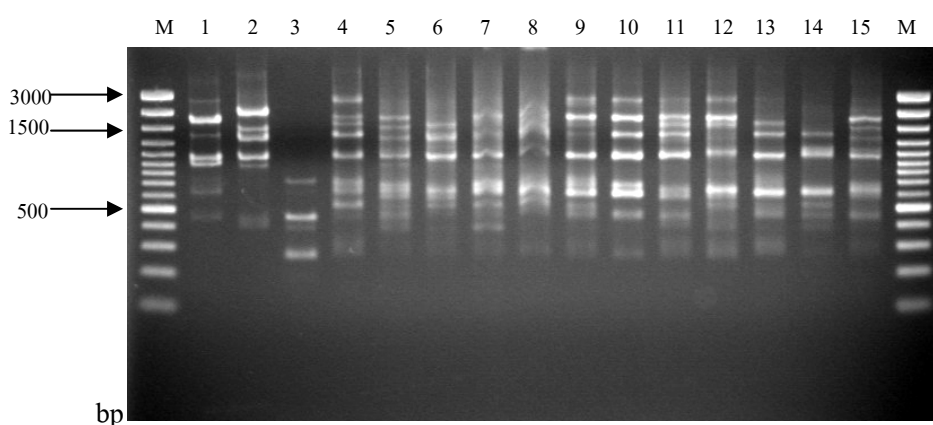
ภาพที่ 34 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 840 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยชุดจีโนม AA และ BB ประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมสาว กล้วยน้ำฟาด และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าไผ่เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม ABBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และ กล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ



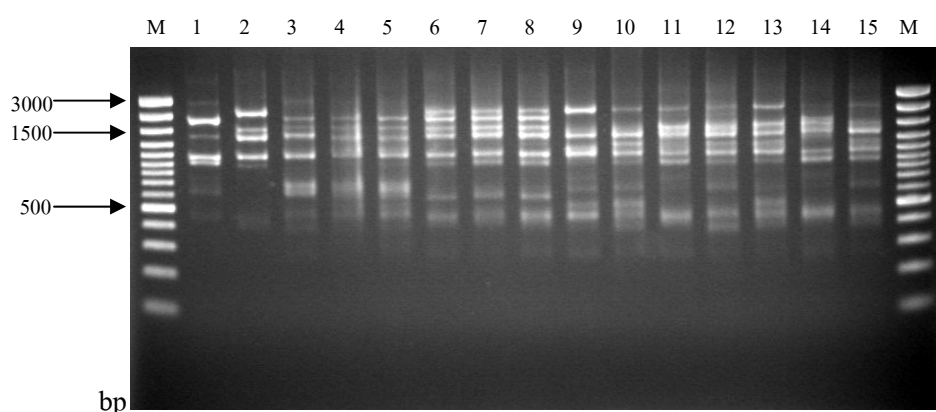
ภาพที่ 35 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 843 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยชูคินีโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่าง กล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



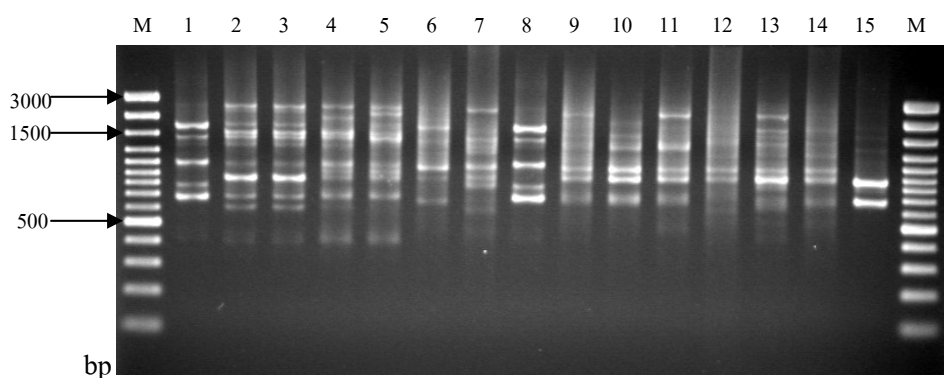
ภาพที่ 36 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 843 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และกล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ

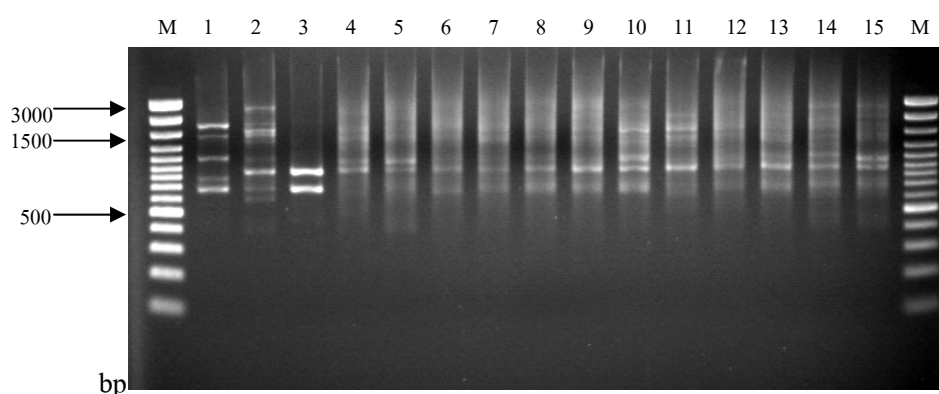


ภาพที่ 37 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 843 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA ประกอบด้วย กล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุด จีโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมสาว กล้วยน้ำฟาด และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าไผ่เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม ABBB ประกอบด้วยตัวอย่าง กล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจีโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และ กล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ

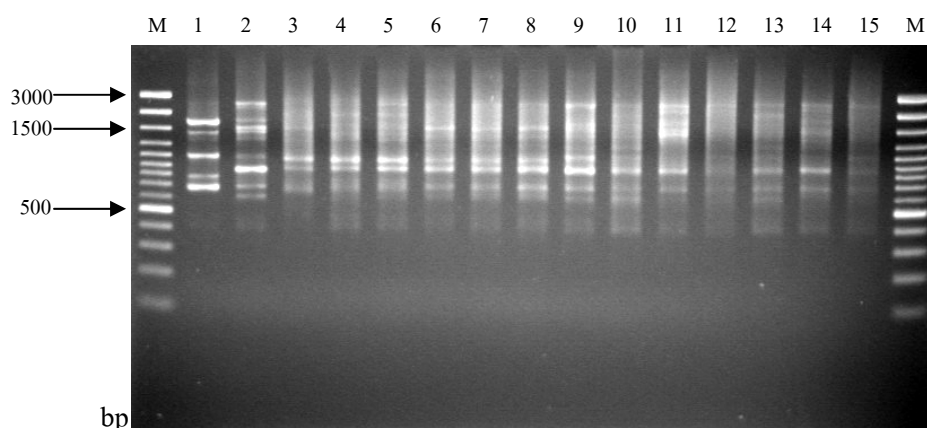


ภาพที่ 38 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 844 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ ตัวอย่าง กล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) แถวที่ 6-8 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) แถวที่ 9-11 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) แถวที่ 12-14 คือ ตัวอย่างกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) แถวที่ 15 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW13) ตามลำดับ



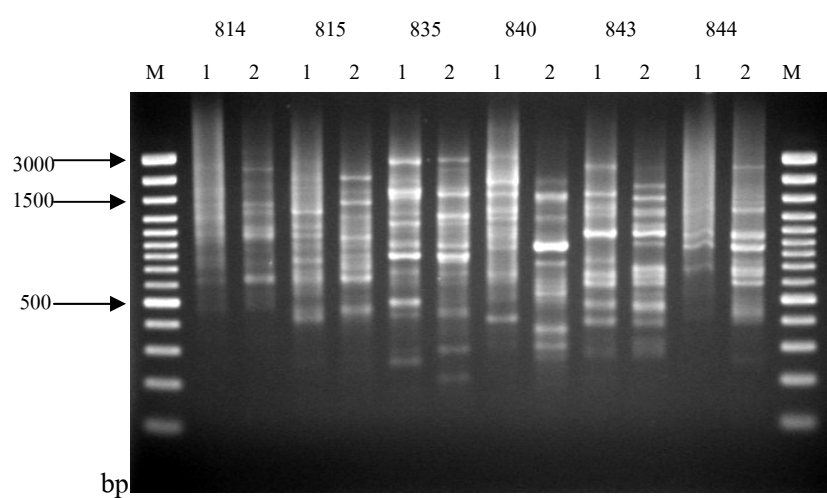
ภาพที่ 39 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 844 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ซึ่งประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3 คือ ตัวอย่างกล้วยป่าปลีเหลือง (MW14) แถวที่ 4-8 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมจำปา กล้วยน้ำไท กล้วยไข่ทองเงย กล้วยไข่ทองร่วง และกล้วยเล็บมือนาง (MC1, MC2, MC3, MC4 และ MC5) แถวที่ 9-13 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAA ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยหอมเขียวค่อม กล้วยนากแดง กล้วยไข่ บว.2 กล้วยไข่พระตะบอง และ กล้วยหอมทอง (MC6, MC7, MC8, MC9 และ MC10) แถวที่ 14-15 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกสุคติโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยกล้วย และ กล้วยร้อยหวี (MC11 และ MC12) ตามลำดับ

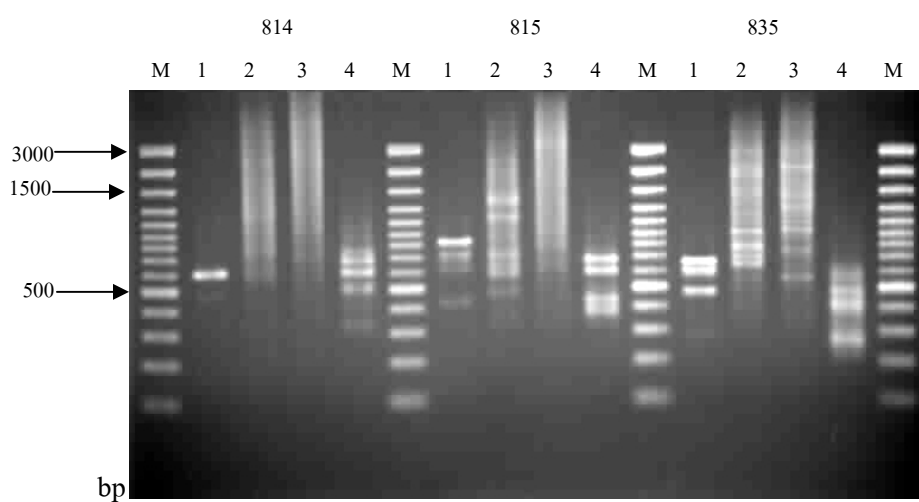


ภาพที่ 40 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 844 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 และ 2 คือ ตัวแทนชนิดกล้วยสุคติโนม AA และ BB ประกอบด้วยกล้วยป่าพม่าและกล้วยตานี ตามลำดับ แถวที่ 3-5 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจิโนม AAB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยนมสาว กล้วยน้ำผ่าด และกล้วยน้ำกาบดำ (MC13, MC14 และ MC15) แถวที่ 6-10 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจิโนม ABB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยน้ำว่าไ้เหลือง กล้วยน้ำว่าดำ กล้วยน้ำว่าค่อม กล้วยหักมุกเขียว และ กล้วยหักมุกขาว (MC16, MC17, MC18, MC19 และ MC20) แถวที่ 11 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจิโนม ABBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพรส (MC21) แถวที่ 12-15 คือ กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกชุดจิโนม BBB ประกอบด้วยตัวอย่างกล้วยเทพพนม กล้วยพม่าแหกคุก กล้วยเล็บช้างกุด และ กล้วยหิน (MC22, MC23, MC24 และ MC25) ตามลำดับ



ภาพที่ 41 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814, 815, 835, 840, 843 และ 844 ตามลำดับ M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 คือ กล้วยป่าผลเล็ก (MW15) แถวที่ 2 คือ กล้วยน้ำไท (MC26) ตามลำดับ

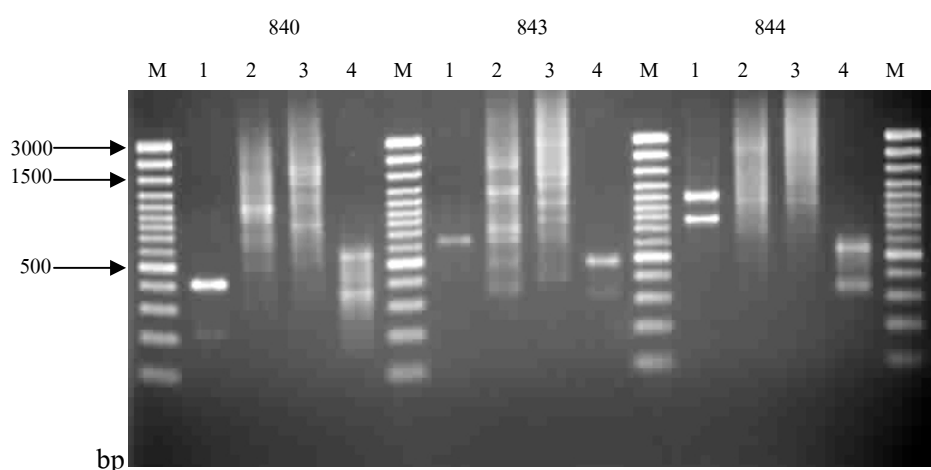


ภาพที่ 42 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 814, 815 และ 835 M คือ 100 bp

DNA Ladder Plus แถวที่ 1 คือ กล้วยหก (MI) แถวที่ 2 คือ กล้วยไหล (ML)

แถวที่ 3 คือ กล้วยรัดกัทร (MCo) และแถวที่ 4 คือ กล้วยนวน (EG) ตามลำดับ



ภาพที่ 43 รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเทคนิค

inter - simple sequence repeat ด้วยไพรเมอร์ 840, 843 และ 844 M คือ 100 bp DNA Ladder Plus แถวที่ 1 คือ กล้วยหก (MI) แถวที่ 2 คือ กล้วยไหล (ML) แถวที่ 3 คือ กล้วยรัตกัทร (MCo) และแถวที่ 4 คือ กล้วยนวล (EG) ตามลำดับ

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat ของกล้วย *M. acuminata* และ *M. balbisiana* รวมทั้งกล้วยใน section อื่นและพันธุ์กล้วยปลูกรวมทั้งหมด 45 ตัวอย่างด้วย ISSR ไพรเมอร์จำนวน 6 ไพรเมอร์ (ภาพที่ 23-43) พบว่า สามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 128 แถบ โดยแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมีขนาดอัลลีล (allele size) ระหว่าง 3,000-200 bp และมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อไพรเมอร์ (average per primer) เท่ากับ 21.33 ความถี่ของอัลลีล (allele frequency) เท่ากับ 0.18 ค่า polymorphic percentage เท่ากับ 1.00 ค่า heterozygosity เท่ากับ 0.29 ตามลำดับ รายละเอียดแสดงดังตารางที่ 9

ตารางที่ 9 ชนิดของไพรเมอร์ จำนวนอัลลีล ค่าความถี่ของอัลลีล ขนาดของอัลลีล ค่า polymorphic percentage และ ค่า heterozygosity (Hn) ที่ใช้ในงานวิจัย

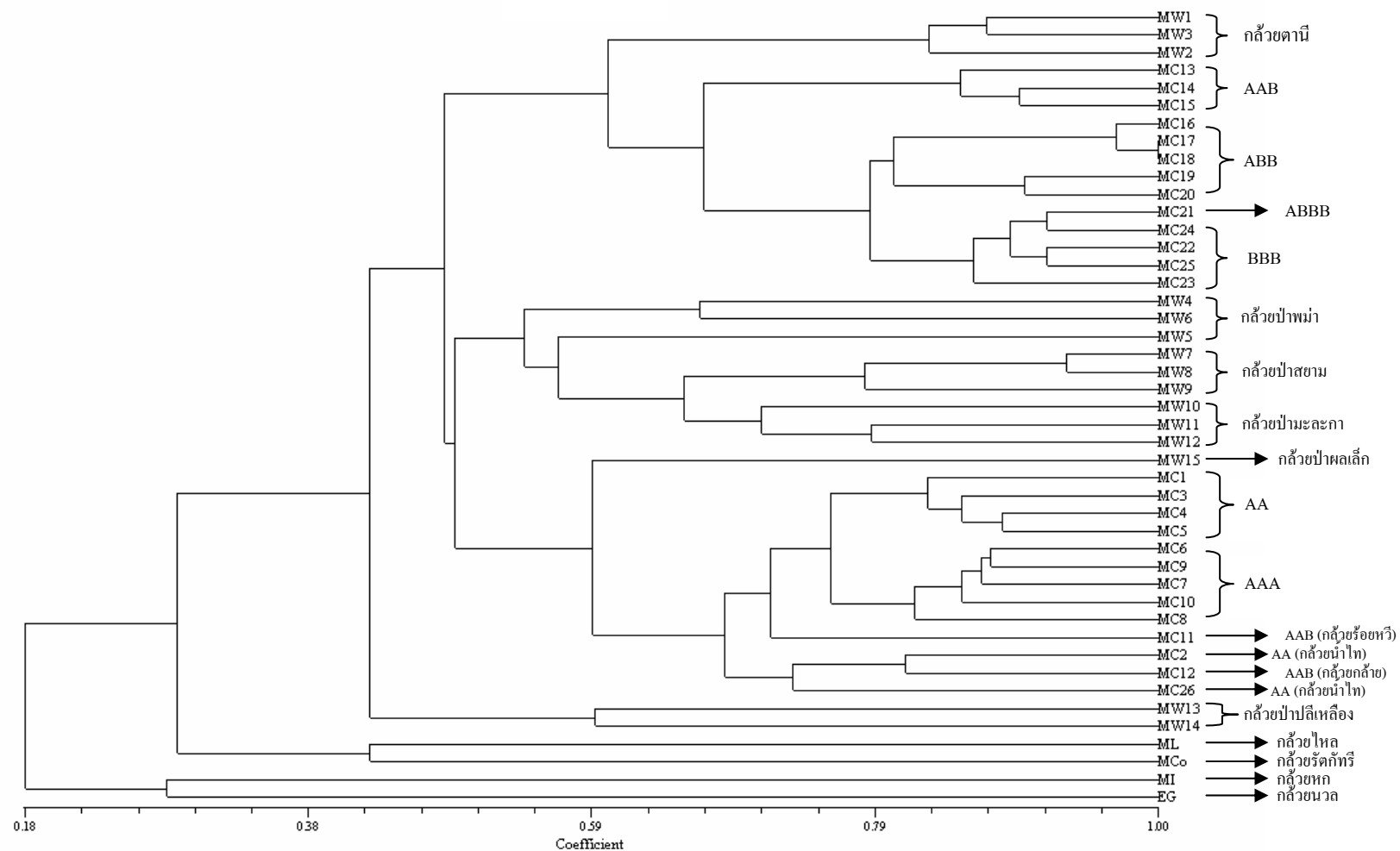
Primer	Number of allele	Allele frequency	Allele size (bp)	Size (bp)	Polymorphic percentage	Heterozygosity (Hn)
814	20	0.17	350-2500	2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400, 350	1.00	0.23
815	22	0.17	350-2000	2000, 1875, 1750, 1500, 1425, 1350, 1275, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 850, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 350	1.00	0.34
835	25	0.19	250-3000	3000, 2500, 2250, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 850, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400, 350, 300, 250	1.00	0.30
840	21	0.21	200-2500	2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1031, 950, 900, 850, 800, 700, 650, 550, 500, 450, 400, 350, 300, 250, 200	1.00	0.32
843	23	0.17	250-3000	3000, 2500, 2000, 1750, 1500, 1350, 1200, 1116, 1031, 950, 900, 800, 750, 700, 650, 600, 550, 500, 450, 400, 350, 300, 250	1.00	0.29
844	17	0.19	350-2500	2500, 2000, 1750, 1625, 1500, 1350, 1200, 1031, 900, 850, 800, 700, 600, 550, 450, 400, 350	1.00	0.28
Total	128	-	-	-	-	-
Average	21.33	0.18	-	-	1.00	0.29

4.2 การวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอจำนวน 128 แถบนำมาคำนวณหาค่าดัชนีความคล้ายคลึง ด้วยคอมพิวเตอร์โดยใช้โปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.01 ดังตารางผนวกที่ 1 และจัดทำแผนภาพ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA ดังภาพที่ 44 พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างได้ 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย กล้วยไหล กล้วยรัศกัทธิ กล้วยหก กล้วยนวล รวมทั้งกล้วยป่าปลีเหลือง และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยทั้ง 4 ชนิดย่อยของ *Musa acuminata*, กล้วยตานี และกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูก โดยในกลุ่มที่ 2 นี้สามารถแยกได้ 3 กลุ่มย่อย คือ

กลุ่มย่อยที่ 1 ชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ตัวอย่างกล้วยในกลุ่มนี้ประกอบไปด้วย กล้วยป่าพม่า (MW4, MW5 และ MW6) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.59 กล้วยป่าสยาม (MW7, MW8 และ MW9) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.83 และกล้วยป่ามะละกา (MW10, MW11 และ MW12) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.74 ช่วงค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่ม เท่ากับ 0.93-0.47 และค่าดัชนีความคล้ายคลึงเฉลี่ยทั้งหมดภายในกลุ่มเท่ากับ 0.62

กลุ่มย่อยที่ 2 กลุ่มกล้วยตานีและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกจีโนม B (BBB, AB BB, ABB และ AAB) ตัวอย่างกล้วยในกลุ่มนี้ประกอบไปด้วยกล้วยตานี (MW1, MW2 และ MW3) มีค่าดัชนี ความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.85 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกชุดจีโนม BBB ประกอบไปด้วย กล้วยเทพนม (MC22) กล้วยพม่าแหกคุก (MC23) กล้วยเล็บช้างกุด (MC24) และกล้วยหิน (MC25) มีค่าดัชนี ความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.89 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกชุดจีโนม AB BB ประกอบไปด้วย กล้วยเทพรส (MC21) กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกชุดจีโนม ABB ประกอบไปด้วย กล้วยน้ำว่าใส่เหลือง (MC16) กล้วย น้ำว่าดำ (MC17) กล้วยน้ำว่าค่อม (MC18) กล้วยหักมุกเขียว (MC19) และกล้วยหักมุกขาว (MC20) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.87 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกชุดจีโนม AAB ประกอบไปด้วย กล้วยนมสาว (MC13) กล้วยน้ำฝาด (MC14) และกล้วยน้ำกาบดำ (MC15) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึง เท่ากับ 0.87 ช่วงค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่มเท่ากับ 0.46-1.00 และค่าดัชนีความคล้ายคลึง เฉลี่ยทั้งหมดภายในกลุ่มเท่ากับ 0.72



ภาพที่ 44 แผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (dendrogram) ระหว่าง *M. acuminata*, *M. balbisiana* และพันธุ์กล้วยปลุกด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat

กลุ่มย่อยที่ 3 กล้วยป่าผลเล็กและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม A (AA, AAA, AAB) ตัวอย่างกล้วยในกลุ่มนี้ประกอบไปด้วย กล้วยป่าผลเล็ก กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม AA ประกอบไปด้วย กล้วยหอมจำปา (MC1) กล้วยไข่ทองเงย (MC3) กล้วยไข่ทองร่วง (MC4) กล้วยเล็บมือนาง (MC5) และกล้วยน้ำไท (MC2 และ MC26) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.76 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม AAA ประกอบไปด้วย กล้วยหอมเขียวค่อม (MC6) กล้วยหอมนาแกแดง (MC7) กล้วยไข่ บว.2 (MC8) กล้วยไข่พระตะบอง (MC9) และกล้วยหอมทอง (MC10) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.85 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม AAB ประกอบไปด้วย กล้วยกล้วย (MC11) และ กล้วยร้อยหวี (MC12) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.72 ช่วงค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่มเท่ากับ 0.51-0.89 และค่าดัชนีความคล้ายคลึงเฉลี่ยทั้งหมดภายในกลุ่มเท่ากับ 0.72

ส่วนกล้วยในกลุ่มตัวอย่างที่ 1 ประกอบไปด้วย กล้วยป่าปลีเหลือง (MW13 และ MW14) กล้วยไหล (ML) กล้วยรัตกัทธิ (MC0) กล้วยหก (MI) และกล้วยนวล (EG) มีช่วงค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่มเท่ากับ 0.05-0.59 และค่าดัชนีความคล้ายคลึงเฉลี่ยทั้งหมดภายในกลุ่มเท่ากับ 0.25

จากแผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (dendrogram) ระหว่าง *Musa acuminata* กับพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม A พบว่า *Musa acuminata* ที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม A มากที่สุดคือ กล้วยป่าผลเล็ก และเมื่อหาค่าดัชนีความคล้ายคลึงพบว่า กล้วยป่าผลเล็ก มีค่าความคล้ายคลึงกับกล้วยน้ำไท (MC26) มากที่สุด คือ มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.71 รองลงมาคือ กล้วยน้ำไท (MC2) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.66 กล้วยไข่ทองร่วง (MC4) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.63 และ กล้วยหอมทอง (MC10) และ กล้วยกล้วย (MC11) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.62 ตามลำดับ

จากแผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (dendrogram) ระหว่างกล้วยตานี (*Musa balbisiana*) กับพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม B พบว่ากลุ่มพันธุ์กล้วยปลุกจิโนม B ที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกล้วยตานี มากที่สุดคือ กล้วยเทพรส (MC21) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.66 รองลงมาคือ กล้วยพม่าแหกคุก (MC23) กล้วยหักมุกเขียว (MC19) กล้วยน้ำว่าได้เหลือง (MC16) กล้วยน้ำว่าดำ (MC17) กล้วยน้ำว่าค่อม (MC18) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.65 และ กล้วยหักมุกขาว มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.64 ตามลำดับ

วิจารณ์

Musa acuminata ในประเทศไทยมี 4 ชนิดย่อย ประกอบด้วย กล้วยป่าสยาม กล้วยป่าผลเล็ก กล้วยปามะละกา และ กล้วยป่าพม่า (เบญจมาศ, 2538) ผลจากการเก็บตัวอย่าง *M. acuminata* และทำการจัดจำแนกในระดับชนิดย่อย พบว่า สามารถจำแนกได้เพิ่ม 1 ชนิดย่อย คือ กล้วยป่าปติเหลือง ซึ่งพบเป็นชนิดย่อยที่นำเข้ามาปลูกจากต่างประเทศและไม่พบกระจายพันธุ์ในประเทศไทย (Simmonds, 1957) ชนิดย่อยของ *M. acuminata* สามารถจัดจำแนกด้วยการมีใบและไม่มีใบของกาบใบ ซึ่งในกลุ่มที่กาบใบมีใบประกอบด้วย กล้วยป่าปติเหลือง กล้วยปามะละกา และกล้วยป่าสยาม ซึ่ง กล้วยป่าปติเหลืองสามารถจำแนกได้ด้วยลักษณะของกาบใบมีใบบางๆและมีดอกเพศผู้ที่สมบูรณ์อย่างน้อย 1 ดอก ส่วนกล้วยปามะละกา และกล้วยป่าสยาม สามารถจำแนกออกจากกันด้วยลักษณะของการหลุดร่วงของกาบปติและการซ้อนเหลื่อมของกาบปติ ส่วนในกลุ่มที่กาบใบไม่มีใบประกอบด้วย กล้วยป่าผลเล็ก และกล้วยป่าพม่า สามารถจำแนกออกจากกันได้ด้วยลักษณะเมล็ดสีของลำต้นเทียมและการซ้อนเหลื่อมของกาบปติ

การจัดจำแนกชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ในการศึกษาครั้งนี้ได้เพิ่มเติมลักษณะของ rachis รูปทรงปติ และลักษณะของผล (Ortiz and Dirk, 1998) เพื่อใช้ประกอบการจัดจำแนก เนื่องจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ใช้จัดจำแนกของ Simmonds (1957) ในบางลักษณะมีความใกล้เคียงกันและยากต่อการวินิจฉัย เช่น เมล็ดสีของลำต้นเทียม สีของกาบปติ ซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่เพิ่มเติมเข้ามานี้จะช่วยในการจัดจำแนกออกเป็นชนิดย่อยต่างๆ ได้ชัดเจนยิ่งขึ้น

การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค inter - simple sequence repeat โดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 6 ชนิด คิดเป็น 16.67 % ประกอบไปด้วยไพรเมอร์ 814, 815, 835, 840, 843 และ 844 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้ต่อชนิดไพรเมอร์ เท่ากับ 20, 22, 25, 21, 23 และ 17 แถบ ตามลำดับ รวมทั้งสิ้น 128 แถบ มีจำนวนอัลลีลต่อไพรเมอร์ เท่ากับ 21.33 ความถี่อัลลีล เท่ากับ 0.18 เนื่องจากกล้วยเป็นพืช polyploid มีโครโมโซมหลายชุดที่เกิดจากความผันแปรทางพันธุกรรมสูงจึงทำให้ค่าอัลลีลมีค่ามากตามไปด้วย ค่า heterozygosity เท่ากับ 0.29 ค่า polymorphic percentage เท่ากับ 1.00 เนื่องจากเกิด polymorphic ทุกแถบดีเอ็นเอที่ศึกษา ขนาดดีเอ็นเอที่ได้มีขนาดตั้งแต่ 200 – 3,000 bp โดยไพรเมอร์ 835 มีจำนวนแถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้จำนวนมากที่สุด คือ 25 แถบ ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับ percent of G + C ที่มีค่า 50 (มีค่าสูงสุด) และไพรเมอร์ 844 มีจำนวนแถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้น้อยที่สุด คือ 19 แถบ ซึ่งมีค่าไม่สอดคล้องกับเปอร์เซ็นต์ G + C

ที่มีค่า 50 เนื่องจากจำนวนแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยไพรเมอร์นี้มีความไม่ชัดเจน ดังนั้นจึงต้องตัดแถบดีเอ็นเอที่ไม่ชัดเจนนั้นออกจึงทำให้จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ได้มีค่าน้อย ส่วนในไพรเมอร์อื่นๆจะเห็นได้ว่าให้จำนวนแถบดีเอ็นเอในจำนวนที่ใกล้เคียงกันและสอดคล้องกับ percent of G + C ซึ่งสอดคล้องกับผลงานวิจัยของ Grapin *et al.* (1998) เมื่อทำการทดลองด้วยเทคนิค STMS (sequence tagged microsatellite site) พบแถบดีเอ็นเอที่เกิด polymorphic จำนวน 72 แถบ จากไพรเมอร์ทั้งหมด 9 ไพรเมอร์ มีค่าเฉลี่ยของอัลลีลต่อไพรเมอร์เท่ากับ 8.0 และ Bhat *et al.* (1995) พบแถบดีเอ็นเอที่เกิด polymorphic จำนวน 605 แถบ จากไพรเมอร์ทั้งหมด 49 ไพรเมอร์ มีค่าเฉลี่ยของอัลลีลต่อไพรเมอร์เท่ากับ 12.0 และ Creste *et al.* (2003) พบแถบดีเอ็นเอที่เกิด polymorphic จำนวน 67 แถบ จากไพรเมอร์ทั้งหมด 11 ไพรเมอร์ มีค่าเฉลี่ยของอัลลีลต่อไพรเมอร์เท่ากับ 6.1 ค่า average heterozygote frequency เท่ากับ 0.90

จากจำนวนแถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้ทั้งหมด 128 แถบ พบว่าทุกแถบดีเอ็นเอเกิด polymorphic กับจำนวนตัวอย่างทั้งหมด 45 ตัวอย่างที่ใช้ในการตรวจสอบ และไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถตรวจสอบได้แถบใดที่พบในตำแหน่งเดียวกันกับทุกตัวอย่าง (monomorphic) ที่ใช้ตรวจสอบ ดังนั้นจึงสรุปได้ว่าไพรเมอร์ที่ใช้ทดสอบนี้มีความเหมาะสมต่อการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของชุดตัวอย่างกล้วยทั้ง 45 ตัวอย่าง (ทั้งระดับชนิด ชนิดย่อยและความแตกต่างระหว่างพันธุ์ที่อยู่ในระดับชุดจีโนมเดียวกันและต่างชุดจีโนมกัน) เนื่องจากมีความแตกต่างกันทุกตำแหน่งที่ตรวจสอบ นอกจากนี้ยังพบว่าไพรเมอร์ให้แถบดีเอ็นเอเฉพาะในตัวอย่างกล้วยจีโนม A ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วย *Musa acuminata* และ พันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม AA และ AAA คือแถบดีเอ็นเอขนาด 450 และ 700 bp ในไพรเมอร์ 815 แถบดีเอ็นเอขนาด 1,350 bp ในไพรเมอร์ 835 และ แถบดีเอ็นเอขนาด 300 bp ในไพรเมอร์ 843 และให้แถบดีเอ็นเอเฉพาะในตัวอย่างกล้วยจีโนม B ซึ่งประกอบไปด้วยกล้วย *Musa balbisiana* และกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลชุดจีโนม AAB, ABB, AB BB และ BBB คือ แถบดีเอ็นเอขนาด 900 bp ในไพรเมอร์ 835 แถบดีเอ็นเอขนาด 400 และ 600 bp ในไพรเมอร์ 844 และให้แถบดีเอ็นเอขนาด 850 bp ในไพรเมอร์ 844 ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับกล้วยตานี โดยให้ผลสอดคล้องกับเทคนิค RAPD ที่ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 320 bp และแถบดีเอ็นเอขนาด 100 – 600 bp มีความจำเพาะกับ *Musa acuminata* และให้แถบดีเอ็นเอขนาด 200, 250 และ 300 bp มีความจำเพาะกับ *Musa balbisiana* (Pillay *et al.*, 2000)

จากการวิเคราะห์หาค่าดัชนีความคล้ายคลึง (similarity index) และจัดทำแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA ดังภาพที่ 44 จะเห็นได้ว่าสามารถจัดกลุ่ม

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย กล้วยไหล กล้วยรัตกัทธิ กล้วย
 หก กล้วยนวล รวมทั้งกล้วยปาปลีเหลือง และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย 4 ชนิดย่อยของ *Musa*
acuminata, กล้วยตานี และกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูก ภายในกลุ่มที่ 2 สามารถแยกออกได้ 3 กลุ่มย่อย คือ
 กลุ่มย่อยที่ 1 ชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ประกอบด้วย กล้วยป่าพม่า กล้วยป่าสยาม และกล้วย
 ป่ามะละกา กลุ่มย่อยที่ 2 กล้วยตานีและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม B ที่เป็นองค์ประกอบ (BBB,
 ABBB และ ABB) และกลุ่มย่อยที่ 3 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม A ที่เป็นองค์ประกอบ (AA, AAA)
 และ กล้วยป่าผลเล็ก

ชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ทั้ง 5 ชนิดย่อยที่ได้จากการจัดจำแนกด้วยลักษณะพื้นฐาน
 วิทยาและนำมาหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่า กล้วยป่าพม่า กล้วยป่าสยาม และ กล้วยป่ามะ
 ละกา มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.62 เช่นเดียวกับ
 Wong *et al.* (2001, 2002) ที่ได้ศึกษาด้วยเทคนิค AFLP พบว่า กล้วยป่ามะละกา กล้วยป่าพม่า และ
 กล้วยป่าสยาม ถูกจัดให้อยู่ในกลุ่มเดียวกันและมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ส่วน
 กล้วยปาปลีเหลืองมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกลุ่มกล้วยป่าพม่า กล้วยป่ามะละกา และ กล้วย
 ป่าสยาม น้อยที่สุดมีค่าดัชนีความคล้ายคลึงอยู่ในช่วง 0.30-0.53 สำหรับกล้วยป่าผลเล็กถูกจัดให้มี
 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม A มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงอยู่
 ในช่วง 0.51-0.89 และจะเห็นได้ว่าผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่เป็น
 ชนิดย่อยเดียวกันเมื่อเก็บจากแหล่งกำเนิดต่างกันผลการวิเคราะห์ที่ได้ยังคงแสดงความสัมพันธ์ทาง
 พันธุกรรมใกล้เคียงกันเหมือนเดิม ดังที่พบในตัวอย่างของ กล้วยป่ามะละกา และกล้วยป่าสยาม

กล้วยตานีและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม B ผลการศึกษาพบว่า กล้วยตานีถูกจำแนกออกมา
 จาก *Musa acuminata* ซึ่งให้ผลสอดคล้องเมื่อจัดจำแนกด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาและความผัน
 แปลทางพันธุกรรมภายในกลุ่มกล้วยตานีมีน้อยกว่า *Musa acuminata* (Ge *et al.*, 2005) เนื่องจากมี
 ค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.85 แต่ถึงอย่างไรก็ตามจะเห็นได้จากกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม B ที่
 เป็นองค์ประกอบไม่ว่าชุดจีโนม AAB, ABB, ABBB และ BBB มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับ
 กล้วยตานีมากกว่า *Musa acuminata* จากภาพที่ 44 แสดงให้เห็นว่ากล้วยที่รับประทานได้ในกลุ่มนี้
 ได้รับหน่วยพันธุกรรมมาจากกล้วยตานีมากกว่า *Musa acuminata* ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษา
 ของ Creste (2003) ที่พบว่ากลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูกจีโนม B ถูกแยกออกมาจากกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูก
 จีโนม A อย่างชัดเจนและกล้วยที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับกล้วยตานี คือ กล้วยเทพ

รส (MC21) กล้วยพม่าแหกคุก (MC23) กล้วยหักมุกเขียว (MC19) กล้วยน้ำว่าไล่เหลือง (MC16) กล้วยน้ำว่าดำ (MC17) กล้วยน้ำว่าค่อม (MC18) และ กล้วยหักมุกขาว (MC20) ตามลำดับ

กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม A ที่เป็นองค์ประกอบเป็นกลุ่มพันธุ์ที่ประกอบไปด้วยกล้วยที่ใช้รับประทานถูกจัดจำแนกออกจากกลุ่มย่อยที่ 1 และ 2 อย่างชัดเจน เช่นเดียวกับผลการศึกษาของ Creste (2003) และยังพบว่าในกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม A นี้ประกอบไปด้วยกล้วยกล้วย และกล้วยร้อยหวี เมื่อพิจารณาด้วยลักษณะพื้นฐานวิทยาแล้ว กล้วยทั้งสองพันธุ์ถูกจัดรวมอยู่ในกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AAB ที่มีลักษณะพื้นฐานวิทยาใกล้เคียงกับกล้วยตานี (เบญจมาศ, 2538) แต่เมื่อทำการจัดจำแนกด้วยความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้ว พบว่า กล้วยทั้งสองพันธุ์ถูกจัดรวมอยู่ในกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AA และ AAA เพราะฉะนั้นกล้วยทั้งสองพันธุ์นี้น่าจะมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AA, AAA มากกว่ากลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AAB

กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AA และ AAA มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกล้วยป่าผลเล็ก มากกว่าชนิดย่อยอื่นของ *Musa acuminata* มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเฉลี่ยทั้งหมดภายในกลุ่มเท่ากับ 0.72 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ Ude (2001) ที่พบว่า กล้วยป่าผลเล็ก มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม A และกล้วยป่ามะละกามีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม B เมื่อทำการทดสอบด้วยเทคนิค AFLP

ภายในกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกลูจิโนม AA และ AAA พบว่าพันธุ์กล้วยน้ำไท (MC2 และ MC26) มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกล้วยป่าผลเล็ก มากที่สุด มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงอยู่ในช่วง 0.66-0.71 รองลงมาคือ กล้วยไข่ทองร่วง (MC4) มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.63 ดังนั้นอาจสรุปได้ว่า กล้วยน้ำไท และ กล้วยไข่ทองร่วง เป็นกล้วยรับประทานได้ในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับกล้วยป่าผลเล็ก จนมีสมมุติฐานได้ว่ากล้วยทั้งสองพันธุ์น่าจะมีวิวัฒนาการมาจากกล้วยป่าผลเล็ก

สำหรับชนิดกล้วยไหล กล้วยรัศถักริ กล้วยหก และกล้วยนวล ถูกจัดอยู่ในกลุ่มความห่างทางพันธุกรรมจากกล้วยที่รับประทานได้ เนื่องจากกล้วยในกลุ่มนี้มีโครโมโซมพื้นฐาน ลักษณะทางพื้นฐานวิทยา และความผันแปรทางพันธุกรรมต่างจากกล้วยในกลุ่มอื่น จากแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม จะเห็นได้ว่ากล้วยไหลมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกล้วยรัศถักริ

และมีค่าดัชนีความคล้ายคลึงอยู่ที่ 0.43 ขณะที่ กล้วยหก มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมกับกล้วย รัศกัทธิและค่าดัชนีความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.28 ซึ่งน้อยมาก แต่ถึงอย่างไรก็ตามกล้วยในกลุ่มนี้ สะท้อนให้เห็นถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์กล้วยปลูกในกลุ่มจีโนมต่างๆและชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ที่จัดให้กล้วยดังกล่าวอยู่ในจีโนมเดียวกันและให้มีความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมใกล้เคียงกัน สำหรับกล้วยที่อยู่ต่างจีโนมกันถูกจัดให้มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ต่างกัน

จะเห็นได้ว่าค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่มของ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย กล้วยไผ่ (section *Rhodochlamys*) กล้วยรัศกัทธิ (section *Callimusa*) กล้วยหก กล้วยนวล รวมทั้งกล้วยป่าปาลี เหลือง และ ในกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย กลุ่มย่อยที่ 1 ชนิดย่อยของ *Musa acuminata* ประกอบด้วย กล้วยป่าพม่า กล้วยป่าสยาม และกล้วยป่ามะละกา กลุ่มย่อยที่ 2 กล้วยตานีและกลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกจีโนม B ที่เป็นองค์ประกอบ (BBB, ABBB และ ABB) และกลุ่มย่อยที่ 3 กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกจีโนม A ที่เป็นองค์ประกอบ (AA, AAA) และ กล้วยป่าผลเล็ก มีค่าดัชนีความคล้ายคลึงภายในกลุ่มเท่ากับ 0.25, 0.62, 0.72 และ 0.72 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าสมาชิกในกลุ่มย่อยที่ 2 และ 3 มีความสัมพันธ์ ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันมากกว่ากลุ่มอื่น เนื่องจากกล้วยในกลุ่มดังกล่าวมีความผันแปรทาง พันธุกรรมและมีวิวัฒนาการร่วมกันมา ผลการศึกษาสอดคล้องกับ เบญจมาศ (2538) เมื่อจัดจำแนก ด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยา ช่วงค่าดัชนีความคล้ายคลึงของกล้วยกลุ่มที่ 1 อยู่ในช่วง 0.05-0.59 และทั้ง 3 กลุ่มย่อยของกลุ่มที่ 2 คือ 0.47-0.93 (กลุ่มย่อยที่ 1) 0.46-1.00 (กลุ่มย่อยที่ 2) และ 0.51-0.89 (กลุ่มย่อยที่ 3) ตามลำดับ

สำหรับไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อการวิเคราะห์หาความแตกต่างระหว่างพันธุ์กล้วยปลูก ในแต่ละชุดจีโนมเป็นข้อมูลที่มีความสำคัญต่อการจำแนกพันธุ์กล้วยให้มีความชัดเจนยิ่งขึ้นที่จะ นำไปเป็นแนวทางในการคัดเลือกพันธุ์กล้วยที่จะหาลักษณะที่ดีไม่ว่าเป็น ความต้านทานโรค ความ ทนทานต่อสภาพแวดล้อมวิกฤตต่างๆ (Crouch, 1999) ไปใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์กล้วยต่อไป ซึ่ง กลุ่มพันธุ์กล้วยปลูกที่มีลักษณะที่ดีดังกล่าวมาแล้วนั้นสามารถใช้เทคนิคทางพันธุวิศวกรรม ตรวจสอบและประยุกต์ใช้เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ได้ ซึ่งนับว่าเป็นวิธีการที่รวดเร็วกว่าวิธีการ ปรับปรุงพันธุ์ตามธรรมชาติ (Baurens, 1997) ที่จะต้องใช้ระยะเวลาอันกว่าจะได้ผลผลิต รวมทั้ง การตรวจสอบลูกผสม อัตราการกลายพันธุ์ ความผันแปรทางพันธุกรรม การถ่ายทอดหน่วย พันธุกรรมระหว่างพ่อ แม่ ลูก รวมทั้งเป็นแบบแผนทางพันธุกรรมที่ใช้ในการตรวจสอบชนิดหรือ พันธุ์ใหม่ๆของกล้วยที่ยังขาดการศึกษาซึ่งปรากฏในประเทศไทยอยู่อีกหลายพันธุ์

ถึงอย่างไรก็ตามงานวิจัยครั้งนี้จำเป็นต้องทำการศึกษาให้ละเอียดมากยิ่งขึ้นโดยการเพิ่มจำนวนตัวอย่างและจำนวนไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อพันธุกรรมในแต่ละชุดจีโนมตลอดจนใช้เทคนิคทางชีวโมเลกุลขั้นสูงมาเป็นเครื่องมือที่ช่วยหาข้อมูลในบางประเด็นมาพิจารณาร่วมกับข้อมูลที่ได้รับการศึกษามาแล้วอันจะนำไปสู่การศึกษาจัดทำแผนที่ยีนทั้งจีโนมของกล้วยต่อไปดังที่มีการศึกษาอยู่ในข่าว