

กรกนก ปานอำพันธ์ 2551: การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและทางชีวโมเลกุลของพันธุ์น้อยหน่า (*Annona squamosa* L.) ที่พบในประเทศไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พฤกษศาสตร์) สาขาวิชาพฤกษศาสตร์ สายวิชาวิทยาศาสตร์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์กุลศิริ ข. กรับส์, Ph.D. 181 หน้า

การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและทางชีวโมเลกุลของพันธุ์น้อยหน่าที่พบในประเทศไทย โดยการใช้ข้อมูลสัณฐานวิทยาและชีววิทยาโมเลกุลของน้อยหน่าจำนวน 95 พันธุ์ ที่ทำการรวบรวมพันธุ์ไว้ที่สถานีวิจัยปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา โดยศึกษาลักษณะต่างๆของใบ (การจัดเรียงตัว ขนาด รูปร่าง ขอบใบ โคนใบ ปลายใบ ความยาวก้านใบ) ดอก (ขนาด ลักษณะการบิดของกลีบดอก ปลายกลีบดอก จำนวนและสีของเกสรเพศผู้และเพศเมีย ทรงของเกสรเพศเมีย ความยาวก้านดอก) ผล (ขนาด น้ำหนัก สีผล สีส่องดา เมล็ด (จำนวนเมล็ดต่อผล สี รูปทรง) จากผลการทดลองพบว่าน้อยหน่าพันธุ์พื้นเมือง ได้แก่ พันธุ์ฝ้ายและหนัง มีลักษณะที่เหมือนกันหลายประการ พบลักษณะที่แตกต่างกันบ้าง ได้แก่ ลักษณะของสีผลและลักษณะของเมล็ด ในขณะที่ความแตกต่างของลูกผสมกับพันธุ์พื้นเมือง จะแสดงลักษณะแตกต่างที่ชัดเจน ได้แก่ สีและขนาดของใบ ลักษณะเนื้อใบ และลักษณะของดอก เมื่อนำข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยามาทำแผนภูมิวงเวียนวิทยา พบว่าการใช้ข้อมูลทางสัณฐานวิทยาเพียงลักษณะใดลักษณะหนึ่งไม่สามารถจัดกลุ่มน้อยหน่าได้ เมื่อใช้ทุกลักษณะร่วมกัน พบว่า สามารถแยกน้อยหน่าที่เป็นพันธุ์ลูกผสม พันธุ์กลาย ออกจากพันธุ์พื้นเมืองได้

การศึกษาลักษณะทางชีววิทยาโมเลกุล โดยใช้เทคนิค SSCP (single strand conformation polymorphism) โดยการทดสอบกับไพรเมอร์จำนวน 11 ชนิด ได้แก่ ABP ADH CAT CHIT G3PDH G6PDH IDH2 LFY PAT PDR2 และ SIN1 พบว่า G3PDH PDR2 และ SIN1 ให้แถบสว่างที่ชัดเจน จึงนำมาทำการโคลนและได้ออกแบบไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อพันธุ์จำนวน 6 คู่ ได้แก่ G3PDH1 G3PDH2 PDR1 PDR2 PDR3 และ SIN1 ผลการทดลอง พบว่าทุกไพรเมอร์สามารถแสดงความแตกต่างของพันธุ์พื้นเมืองออกจากพันธุ์ลูกผสมได้ โดยไพรเมอร์ G3PDH2 แสดงความแตกต่างได้ดีที่สุด ดังนั้นผลที่ได้จากข้อมูลทางสัณฐานวิทยาสอดคล้องกับข้อมูลทางชีวโมเลกุล โดยแสดงให้เห็นว่าน้อยหน่าพันธุ์พื้นเมือง มีลักษณะทางพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมาก เป็นไปได้ว่าน้อยหน่าที่พบในประเทศไทยมีแหล่งกำเนิดมาจากแหล่งเดียวกัน ลักษณะความผันแปรที่เกิดขึ้นน่าจะเป็นการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นภายหลังการนำเข้ามาปลูกในประเทศไทย

Kornkanok Panumpan 2008: A Study of Sugar Apple (*Annona squamosa* L.) Varieties in Thailand by Using Morphological and Molecular Characters. Master of Science (Economic Botany), Major Field: Economic Botany, Division of Science. Thesis Advisor: Assistant Professor Kunsiri Chaw Grubbs, Ph.D. 181 pages.

A study of sugar apple (*Annona squamosa* L.) varieties in Thailand by using morphological and molecular characters of 95 varieties conserved at the Pakchong Research Station, Nakonratchasima province, the analyses of morphological traits were based on leaf (arrangement, size, shape, margin, base, tip and length of petiole) flower (size, twisting of petal, tip, color and numbers of stamen and pistil, shape of pistil and length of pedicel or peduncle) fruit (size, weight, color and color of the fruitlet-crevice) and seed (number, color and shape). Although there was some variability among samples for each of the morphological features that were measured, there was extensive overlap between local varieties. One individual character could not be used to classify sugar apples into groups. Fruit color and seed characters could be used together to distinguish the local varieties apart, whereas size, color and texture of the leaf and shape of the flowers were used to classify hybrids from pure species. A phylogenetic tree based on the morphological features showed that by combining all of the traits together, it was possible to segregate the hybrids and mutants from the local varieties.

A molecular study using SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism) technique, 95 samples of sugar apples and soursop (outgroup) was analyzed. After an initial screening of 11 candidate primer pairs (ABP, ADH, CAT, CHIT2, G3PDH, G6PDH, IDH2, LFY, PAT, PDR2 and SIN1), three were chosen based on the reliable amplification and presence of DNA bands. Those 3 primers were used for cloning and design of specific primers. A total of 6 pairs of specific primer pairs. (G3PDH1, G3PDH2, PDR1, PDR2, and SIN1) showed polymorphism among sugar apple samples, it was clear that GPDH2 showed the highest polymorphism. The band patterns showed clear separation between the hybrids and the mutants from the local varieties. The molecular data as well as the morphological features support the fact that the local varieties shared a highly similarity genetic makeup probably due to the same origin and the variations found among them arose after sugar apples were introduced into Thailand.