

บทคัดย่อ

168593

พืชสกุลไก่แดง (*Aeschynanthus*) เป็นสกุลของพืชอิงอาศัยประมาณ 160 ชนิด กระจายทั่วไปในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ มีดอกทรงหลอดสีแดงหรือเหลืองสดและถูกนำมาปลูกกันเป็นไม้ดอกไม้ประดับ จากการศึกษาเอกสารและตัวอย่างแห่งพบว่ามีอยู่ประมาณ 20 ชนิดในประเทศไทย พืชเหล่านี้ส่วนใหญ่ยังไม่เคยได้รับการศึกษาทางด้านระบบวิวัฒนาการและวิวัฒนาการระดับอนุกรมมาก่อน ดังนั้นโครงการวิจัยนี้จึงได้ทำการศึกษาความสัมพันธ์ทางวงศ์วานวิวัฒนาการระดับอนุกรมของพืชสกุลไก่แดงในประเทศไทย โดยเน้นไปที่บริเวณไอทีเอสของยีนนิวเคลียร์ไรโบโซมอลดีเอ็นเอ การรวบรวมตัวอย่างพืชเริ่มจากการเก็บตัวอย่างจากตลาดขายต้นไม้ และได้รับจากองค์กรต่างประเทศ ดีเอ็นเอของตัวอย่างพืชได้ถูกสกัดและบริเวณไอทีเอสได้ถูกเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิคพีซีอาร์ ก่อนที่จะถูกนำมาหาลำดับเบสและจัดเรียงเทียบกับข้อมูลเดิม เพื่อสร้างแผนภูมิต้นไม้วงศ์วานวิวัฒนาการขึ้นมาใหม่ ผลการทดลองได้ยืนยันถึงการแบ่งพืชสกุลไก่แดงออกเป็นสองกลุ่มใหญ่ ตัวอย่างพืชที่เพิ่มเข้าไปใหม่เกือบทั้งหมดที่มีชื่อเดียวกันแต่ต่างเลขประจำตัวกับคู่ของมันที่เคยศึกษามาก่อนจะจับกลุ่มอยู่ด้วยกัน ต้นไก่แดงในประเทศไทยส่วนใหญ่จัดอยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง ขณะที่เฉพาะ *A. radicans* และ *A. parvifolius* จัดอยู่ในกลุ่มที่สอง สำหรับ *A. andersonii*, *A. humilis* และ *A. hildebrandii* ซึ่งเป็นสามชนิดที่อาจมีปัญหารื่องชื่อซ้ำซ้อนกันนั้น จากการศึกษาวงศ์วานวิวัฒนาการเชิงโมเลกุลและเทคนิคพีซีอาร์อาร์เอฟพี ดี พบว่า *A. andersonii* และ *A. humilis* ควรเป็นพืชชนิดเดียวกัน การขาดข้อมูลทางด้านสัณฐานวิทยาของต้นไก่แดงหลายชนิดได้จำกัดการอธิบายถึงรูปแบบการเกิดวิวัฒนาการของเมล็ดของมัน โครงการวิจัยนี้ยังได้ใช้เทคนิคทางโมเลกุลในการระบุชื่อชนิดของต้นไก่แดงทั้งที่เป็นพืชปลูกและพืชตามธรรมชาติได้สำเร็จ เป็นที่น่าสนใจว่าตัวอย่างพืชไก่แดงต้นหนึ่งซึ่งมีดอกสีชมพูแปลกไปจากปรกตินั้น พบว่ามีลำดับดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอสที่เฉพาะตัวและอาจจะเป็นพืชชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยถูกรายงานมาก่อน

Abstract

168593

Aeschynanthus (Lipstick vines) is an epiphyte genus with c.160 species widespread in Southeast Asia. They have brightly red or orange tubular flowers and therefore are commercially cultivated for their splendid flowers. Literature reviews and herbarium visits indicated that there are approximately 20 species in Thailand. Most of these plants have not been studied in molecular systematics and evolution. Thus this research had studied molecular phylogenetic relationships of Thai *Aeschynanthus* using sequences of internal transcribed spacer (ITS) regions of nuclear ribosomal DNA genes. Plant sample collections were done by fieldwork expeditions, buying from plant markets, and receiving from foreign organisations. DNA of the plant specimens was extracted and ITS regions were amplified with PCR method before sequenced and aligned with previous data to reconstruct a phylogenetic tree. The result confirmed the division of *Aeschynanthus* into two major groups. Almost all additional samples having the same name but different in accession number to their investigated counterparts were clustered together. Most of Thai species were placed in the Clade I while only *A. radicans* and *A. parvifolius* were in the Clade II. *Aeschynanthus andersonii*, *A. humilis* and *A. hildebrandii* - the three supposedly synonymous species – were found from molecular phylogenetic and PC-RAPD studies that *A. andersonii* and *A. humilis* should be the same species. Lacks of morphological information of some *Aeschynanthus* specie limited a discussion on their seed evolutionary patterns. This research also used molecular techniques to identify cultivated and wild samples successfully. Interestingly, one species with unusual pink flowers showed unique ITS sequence and may be a new undescribed species.