

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสาकुในประเทศไทย

ผู้เขียน

นางสาวอัปสร วิทย์ประภรณ์

ปริญญา

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) พืชสวน

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รองศาสตราจารย์ เกศินี ระมิงค์วงศ์

ประธานกรรมการ

อาจารย์ ดร. จันทนา สุวรรณธาดา

กรรมการ

บทคัดย่อ

การหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสาकु 13 ตัวอย่าง คือ สาकुวิลาส 1-9 (*Maranta arundinacea* Linnaeus) สาकुค้าง (*Maranta arundinacea variegata* Hort.) ในตระกูล Marantaceae และสาकुจีน 1-3 (*Canna edulis* Ker Gawler) ในตระกูล Cannaceae พบว่า (ก) ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ใช้การแตกกิ่งของลำต้น ลักษณะก้านใบ ผิวใบ สีใบ และลักษณะเหง้า สร้างรูปวิธานแยกได้ 3 กลุ่ม คือ สาकुวิลาส สาकुค้าง และสาकुจีน (ข) กายวิภาคศาสตร์ของราก ลำต้น ใบ และออวูล มีลักษณะของเนื้อเยื่อ 7 ชนิด คือ เนื้อเยื่อชั้นผิวของราก ชั้นเอกโซเดอร์มิสของราก ท่อลำเลียงน้ำของราก ชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น กลุ่มเซลล์สเกลอเรจคิมาในชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น ต่อเมื่อภายในชั้นคอร์เทกซ์ของลำต้น ชนิดเนื้อเยื่อชั้นผิวของใบ สามารถจัดพืชออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส 1-9 และสาकुค้าง กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน 1-3 (ค) เซลล์วิทยาของสาकु แสดงจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुวิลาส และสาकुค้าง มีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ แห่ง กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจีน มีจำนวนโครโมโซม $2n = 27$ แห่ง และมีสูตรแคโรไทป์แตกต่างกันทั้ง 13 ตัวอย่าง (ง) แบบแผนของ allozyme จากไอโซไซม์ 4 ชนิด คือ acid phosphatase, esterase, malate dehydrogenase และ peroxidase ปรากฏแถบเอนไซม์จำนวน 2-5 แถบ มีตำแหน่งและความหนาแตกต่างกันแยกได้ 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुจีน 1-3 มีระดับความคล้ายคลึงกัน 96% กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुวิลาส 1-9 และสาकुค้าง มีระดับความคล้ายคลึงกันระหว่าง 52-96% (จ) สรีรวิทยาของการเจริญเติบโต มีวงจรรการเจริญเติบโตคล้ายคลึงกัน 2 กลุ่ม

คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาควิลาส และสาकुต่าง ใช้เวลาเจริญเติบโต 48 สัปดาห์ กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจิน ใช้เวลาเจริญเติบโต 40 สัปดาห์ (ณ) กายวิภาคศาสตร์ของเม็ดแป้ง คล้ายคลึงกัน 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาควิลาส และสาकुต่าง เม็ดแป้งรูปไตหรือรีแกมไข่ ศูนย์กลางการเจริญอยู่เกือบกึ่งกลาง มีความยาวเฉลี่ย 6-250 ไมโครเมตร กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาकुจิน เม็ดแป้งรูปร่างคล้ายเกล็ดหรือกลม ศูนย์กลางการเจริญอยู่ริมของปลายด้านหนึ่ง มีความยาวเฉลี่ย 12-325 ไมโครเมตร นอกจากนี้ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสาकुทั้ง 13 ตัวอย่าง วิเคราะห์โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา กายวิภาคศาสตร์ เซลล์วิทยา และแบบแผนของ allozyme ร่วมกัน ที่ระดับความคล้ายคลึงกันที่ 95% สามารถแยกสาकुออกได้ 2 กลุ่มใหญ่ คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สาकुจิน 1-3 มีระดับความคล้ายคลึงกัน 96% กลุ่มที่ 2 ได้แก่ สาควิลาส 1-9 และสาकुต่าง มีระดับความคล้ายคลึงกันระหว่าง 80-96%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title	Phylogenetics of Arrowroot in Thailand	
Author	Miss Absorn Wittayapraparat	
Degree	Master of Science (Agriculture) Horticulture	
Thesis Advisory	Associate Professor Kesinee Ramingwong	Chairperson
	Lecturer Dr. Chuntana Suwanthada	Member

Abstract

Phylogenetic studies were carried out in thirteen accessions of arrowroots, i.e. Sakhu Wilat 1-9 (*Maranta arundinacea* Linnaeus), Sakhu Dang (variegated Sakhu) (*Maranta arundinacea variegata* Hort.) of Marantaceae and Sakhu Chin 1-3 (*Canna edulis* Ker Gawler) of Cannaceae. (A) Morphological studies, including stem branching, petiole, leaf surface, leaf color and rhizome could be used in construction of keys to three groups i.e. Sakhu Wilat, Sakhu Dang and Sakhu Chin. (B) Anatomical studies, including root, stem, leaf and ovule, showed seven different types of tissues i.e. root (epidermis, exodermis, vascular bundle), stem (cortex, sclerenchyma in cortex, mucilage glands in cortex) and leaf (trichome on epidermis). Two groups were classified ; group I Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang and group II Sakhu Chin 1-3. (C) Cytological studies showed that the somatic chromosome numbers were different and could be divided in two groups i.e. group I, $2n = 52$ including Sakhu Wilat and Sakhu Dang while group II, $2n = 27$ including Sakhu Chin and with thirteen different karyotypes. (D) Four allozyme patterns, indicated by acid phosphatase, esterase, malate dehydrogenase and peroxidase, showed two to five bands of isozyme. Their band positions and thickness could classify the plants into two groups i.e. group I including Sakhu Chin 1-3 with 96% similarity and group II including Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang with 52-96% similarity. (E) Similar physiological

growth cycles were found in 2 groups i.e. group I including Sakhu Wilat and Sakhu Dang which took 48 weeks to complete the growth cycle while group II, including Sakhu Chin, took 40 weeks. (F) Anatomical study of starch granules showed 2 different groups. The granules with oval-shaped, centric hilum and size of 6-250 micrometres were found in Sakhu Wilat and Sakhu Dang while the granules with wedge-shaped, eccentric hilum and sizes of 12-325 micrometres were found in Sakhu Chin. The combination of morphology, anatomy, cytology and allozyme patterns made it possible the analysis of phylogenetics with 95% similarity. Those thirteen accessions were classified into 2 groups i.e. group I included Sakhu Chin 1-3 with 96% similarity and group II included Sakhu Wilat 1-9 and Sakhu Dang with 80-96% similarity.



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved