

สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของกล้วยตานี *Musa balbisiana* Colla

เครือญาติ และลูกผสม โดยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ

ศศิวิมล แสงวงผล

อาจารย์ที่ปรึกษา : อ.ดร. ต่อศักดิ์ สีลาพันธ์; อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม : อ.ดร. Hugo Volkaert

วิทยานิพนธ์ดุษฎีบัณฑิต ปีการศึกษา 2546

สาขาวิชาวิทยาศาสตร์ชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทคัดย่อ

กล้วยเป็นพืชปลูกเก่าแก่ที่สุดชนิดหนึ่งของโลก เชื่อกันว่าพันธุ์กล้วยไม่มีเมล็ดที่นิยมปลูกเป็นไม้ผลนั้น พัฒนามาจากหรือเป็นลูกผสมระหว่างกล้วยป่า 2 ชนิด ได้แก่ กล้วยป่า *Musa acuminata* Colla (AA) และกล้วยตานี *M. balbisiana* Colla (BB) แต่ยังไม่มีการศึกษาไดยีนย่นแน่นชัดในความเชื่อนี้ และแม้ว่าจะเป็นที่ยอมรับทั่วไปว่ามีการปลูกกล้วยเป็นครั้งแรกในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ แต่ยังไม่ทราบที่ท้องถิ่นใดเป็นแหล่งกำเนิดที่ชัดเจน การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสืบหาต้นกำเนิดของกล้วยปลูก โดยเฉพาะพันธุ์ที่ยังมีความสับสนในการจัดกลุ่มอยู่มาก คือ กลุ่มที่มีโครโมโซม 3 ชุด ABB/BBA ได้แก่ หิน ชามบา และน้ำว่า โดยการวิเคราะห์สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการในระดับโมเลกุล คลอโรพลาสต์ จำนวน 4 loci ได้แก่ อินทรอนของยีน *rpl16* และ *ndhA* และลำดับเบสระหว่างยีน *psaA-ycf3* และระหว่างยีน *petA-psbJ-psbL* และโมเลกุลนิวเคลียส ได้แก่ ยีน *GBSS* หรือ *waxy* จากการวิเคราะห์ลำดับ DNA ของพันธุ์กล้วยที่ศึกษา พบว่ามีความแตกต่างหลากหลาย คือ มีการแทนที่นิวคลีโอไทด์ และมีการเพิ่มหรือลดลำดับนิวคลีโอไทด์ (อินเดล) ณ ช่วงตำแหน่งต่างๆ แตกต่างกัน การวิเคราะห์สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ และเปรียบเทียบการจัดการอินเดลด้วยวิธีต่างๆ ทำให้ได้พบว่ากล้วยตานีที่พบในป่าทางภาคเหนือของไทยมีพันธุกรรมแตกต่างจากพันธุ์ปลูก และลบล้างสมมติฐานเดิมที่กล่าวว่ากล้วยชนิดนี้ไม่ได้มีกำเนิดในประเทศไทย สำหรับในกล้วยลูกผสม ABB/BBA นั้น พบว่ามีจีโนมของแม่และพ่อจากหลายแหล่ง ซึ่งสามารถจำแนกชนิดของบรรพบุรุษออกจากกันได้ โดยเฉพาะสายพันธุกรรมจากแม่ซึ่งมีความแตกต่างระหว่างจีโนม A และจีโนม B อย่างชัดเจน และยังสามารถเสนอให้ปรับการเรียกจีโนมของกล้วยบางพันธุ์เพื่อแสดงสายพันธุกรรมจากแม่จาก ABB เป็น BBA อีกด้วย จากการศึกษาใน *GBSS* ในนิวเคลียส พบว่ากล้วยน้ำว่ามี 3 อัลลีลเท่ากับจำนวนจีโนม และหนึ่งในสามอัลลีลนั้นเป็นอัลลีล B อย่างไรก็ตามผลการศึกษาในครั้งนี้ยังบอกได้ไม่ชัดเจนว่าการคัดเลือกลักษณะพันธุ์ปลูกโดยเกษตรกรมีผลต่อวิวัฒนาการทางโมเลกุลของกล้วย โดยเฉพาะต่อพันธุ์กล้วยลูกผสมอย่างไร และควรต้องมีการศึกษาเพิ่มเติมในกล้วยหลากหลายชนิดย่อยและหลากหลายพันธุ์ต่อไป

**Phylogeny of Klui Tani *Musa balbisiana* Colla,
its related cultivars and hybrids based on DNA analysis**

Sasivimon Swangpol

Thesis Advisor : Tosak Seelanan, Ph.D.; Thesis Co-advisor : Hugo Volkaert, Ph.D.

Ph.D. Thesis, Academic Year 2003

Ph.D. Programme in Biological Science, Faculty of Science, Chulalongkorn University

ABSTRACT

Bananas is one of the oldest cultivated crops. It is widely believed that edible seedless banana cultivars have been derived from or are hybrids of two wild diploid species, namely *Musa acuminata* Colla (AA) and *M. balbisiana* Colla (BB). Though the banana domestication is believed to have occurred in the Southeast Asian region, the genomic and geographical origin(s) of the ancestral bananas are still uncertain. We are exploring DNA sequence polymorphism to determine the domestication history of bananas with special emphasis on the Southeast Asian triploid ABB/BBA complex; 'Hin' / 'Saba' / 'Namwa'. Four chloroplast (cp-) non-coding loci—*rpl16* and *ndhA* introns, *psaA-ycf3* and *petA-psbJ-psbL* spacers—and a nuclear (nu-) locus, *GBSS* or *waxy*, markers have been developed. By analyzing the four cp-loci combined sequences, the A and B genome derived alleles could be relatively easily distinguished. Polymorphism within each genome included nucleotide substitutions and insertion/deletions (indels). In the hybrid cultivars, the alleles derived from each of the contributing genomes could be separated. Phylogenetic analyses based on these DNA sequence data with different treatments of indels resulted in the discovery of a distinct population of wild *M. balbisiana* in northern Thailand. This finding rejected the hypothesis that this species was not native. Diversity within triploid hybrids was found and particular B genome-rich triploids (ABBs) were given new genome designation as BBAs to indicate their maternal genealogy. In the investigation of the nuclear (nu-) genome, three *GBSS* alleles were found in triploid hybrids 'Namwa' cultivars and one among the three can be designated as B allele. In order to estimate the influence of agricultural selection on the evolutionary history of banana, more samplings and further investigation are required.