

รหัสโครงการ : MRG5280100

ชื่อโครงการ : การจัดการทรัพยากรพันธุกรรมกล้วยในประเทศไทยอย่างยั่งยืน

ชื่อนักวิจัย : ดร. ศศิวิมล แสงผล ภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล

E-mail Address : scssg@mahidol.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : 16 มีนาคม พ.ศ. 2552 – 15 มีนาคม พ.ศ. 2554

บทคัดย่อ

ทรัพยากรพันธุกรรมกล้วยในประเทศไทยมีความหลากหลายมาก งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสำรวจ เก็บรวบรวม และจำแนกตัวอย่างเพื่อประเมินความหลากหลาย และอนุรักษ์พันธุกรรมกล้วยในประเทศไทย โดยผู้วิจัยได้สำรวจและเก็บรวบรวมตัวอย่างกล้วยได้มากกว่า 460 ตัวอย่าง จากการประเมินความหลากหลายด้วยลักษณะสัณฐานวิทยา และชีวโมเลกุล—ได้แก่ Amplified Fragment Length Polymorphism (เอเอฟแอลพี - AFLP) และลำดับดีเอ็นเอ (ไอทีเอส - ITS และ ทีอาร์เอ็นแอลเอฟ - TrnL-F)—พบกล้วยในประเทศไทยทั้งหมด 13 ชนิด ใน 3 สกุล คือ สกุลกล้วย (*Musa*) สกุลกล้วยโตน (*Ensete*) และสกุลกล้วยดารารัศมี (*Musella*) ทั้งที่เป็นชนิดพื้นเมือง และที่นำเข้ามา ในจำนวนนี้เป็นกล้วยชนิดใหม่ของโลก 1 ชนิด ได้แก่ *Musa serpentina* Swangpol & Somana ที่พบในเทือกเขาบริเวณชายแดนประเทศไทย-พม่า และรายงานเป็นครั้งแรกในประเทศไทย (new record) อีกหลาย taxa ในขณะเดียวกัน ได้พบกล้วยพันธุ์ปลูก (cultivars) หลายพันธุ์ มีสายสัมพันธ์เกี่ยวข้องกับกล้วยป่าพื้นเมืองบางชนิด และพันธุ์การค้า บางพันธุ์อาจนำเข้ามา ความหลากหลายของชนิดและพันธุ์ปลูก เช่น เอกลักษณ์ทางสัณฐานวิทยา และการนำมาใช้ประโยชน์ ประกอบกับที่บางชนิดและบางพันธุ์กลายเป็นพืชหายาก เนื่องจากการทำลายป่าซึ่งเป็นถิ่นอาศัย และการทำการเกษตรโดยการปลูกพืชเชิงเดี่ยว ทำให้ต้องมีการอนุรักษ์พื้นที่ป่าธรรมชาติและทรัพยากรพันธุกรรมกล้วย ทั้งนี้ผู้วิจัยได้เก็บรักษาตัวอย่างพืชอ้างอิงไว้ในพิพิธภัณฑ์พืช และหอพรรณไม้ต่างๆ และรวบรวมต้นพันธุ์ไว้ที่สวนพฤกษศาสตร์ และสวนรวบรวมตัวอย่างพันธุ์กล้วยในประเทศไทย โดยหวังว่าจะสามารถดูแลรักษาตัวอย่างเหล่านี้ไว้สำหรับการศึกษาวิจัยและโครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชในประเทศไทยอย่างยั่งยืนได้ในอนาคต อย่างไรก็ตาม ผู้วิจัยสันนิษฐานว่าน่าจะมีกล้วยอีกหลายชนิดในพื้นที่ป่าอุดมสมบูรณ์ที่ยังไม่มีการสำรวจมาก่อน บริเวณชายแดนประเทศไทยกับประเทศเพื่อนบ้านทุกประเทศ ซึ่งควรมีโครงการสำรวจพันธุกรรมกล้วยร่วมกับนักวิจัยในประเทศเพื่อนบ้านต่อไป

คำหลัก : วงศ์กล้วย สกุลกล้วย สกุลกล้วยโตน สกุลกล้วยดารารัศมี การหาลำดับดีเอ็นเอ

Project Code : MRG5280100
Project Title : Sustainable Managements of Banana Genetic Resources in Thailand
Investigator : Sasivimon Swangpol, Ph.D., Department of Plant Science, Faculty of Science, Mahidol University
E-mail Address : scssg@mahidol.ac.th
Project Period : 16 March 2009 – 15 March 2011

Abstract

Banana genetic resource in Thailand is highly diverse. This project was aimed to survey, collect, and classify banana samples in order to assess genetic diversity and conserve this invaluable resource. More than four hundred accessions of the bananas in Thailand were collected and, during the course of this project, systematically investigated based on morphology and molecular biology—i.e. Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLPs) and DNA sequences (*ITS* and *TrnL-F*). The result unveiled 13 native and exotic species in three genera including *Musa*, *Ensete*, and *Musella*. Among these, a species new-to-science, *Musa serpentina* Swangpol & Somana was discovered along Thailand-Myanmar mountain chain. Also, several new records and location will also be reported. Meanwhile, many cultivars were found to be related to native accessions and some of the commercial ones may have been introduced. Species and cultivar diversity, i.e. unique morphology and utility, and rarity due to deforestation and unbalanced artificial crop selections for monoculture, underline the importance of conservation of natural forest areas and the banana genetic resources. Preserved and living specimens were duplicated and distributed to selected herbaria, botanical gardens, and permanent collections in Thailand, in the hope to ensure sustainable availability of genetic diversity for future scientific research and conservation programmes on bananas in Thailand. Nevertheless, more natives are expected to be found in unexplored fertile forests across the borders to neighboring countries and banana expedition projects should be established in cooperation with researchers in neighboring countries in the near future.

Keywords: Musaceae, *Musa*, *Ensete*, *Musella*, DNA sequencing