

เซลล์พันธุศาสตร์ของสกุลโหระพา *Ocimum* L. ในประเทศไทย



นางสาวปวีณนุช เลชะพันธุ์

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทคัดย่อและแฟ้มข้อมูลฉบับเต็มของวิทยานิพนธ์ตั้งแต่ปีการศึกษา 2554 ที่ให้บริการในคลังปัญญาจุฬาฯ (CUIR)
เป็นแฟ้มข้อมูลของนิสิตเจ้าของวิทยานิพนธ์ ที่ส่งผ่านทางบัณฑิตวิทยาลัย

The abstract and full text of theses from the academic year 2011 in Chulalongkorn University Intellectual Repository (CUIR)
are the thesis authors' files submitted through the University Graduate School.

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพฤกษศาสตร์

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2560

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

CYTOGENETICS OF BASIL GENUS *Ocimum* L. IN THAILAND

Miss Paweenuch Lekhapan



A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Science Program in Genetics

Department of Botany

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2017

Copyright of Chulalongkorn University

หัวข้อวิทยานิพนธ์	เซลล์พันธุศาสตร์ของสกุลโหระพา <i>Ocimum</i> L. ในประเทศไทย
โดย	นางสาวปวีณนุช เลขะพันธุ์
สาขาวิชา	พันธุศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เพลินพิศ โชคชัยชำนาญกิจ
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ศาสตราจารย์ ดร.เกษรา อนามธวัช-จอนสัน

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

.....คณบดีคณะวิทยาศาสตร์
(รองศาสตราจารย์ ดร.พลกฤษณ์ แสงวงนิช)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

.....ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร.วรวิมล จุฬาลักษณ์นกุล)
.....อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เพลินพิศ โชคชัยชำนาญกิจ)
.....อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม
(ศาสตราจารย์ ดร.เกษรา อนามธวัช-จอนสัน)

.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พงศ์ธาริน โล่ห์ตระกูล)

.....กรรมการ
(รองศาสตราจารย์สุมิตรา คงชื่นสิน)

.....กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย
(ดร.สมราน สุดดี)

ปริญญ์ เลขะพันธุ์ : เซลล์พันธุศาสตร์ของสกุลโหระพา *Ocimum* L. ในประเทศไทย (CYTOGENETICS OF BASIL GENUS *Ocimum* L. IN THAILAND) อ.ที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์หลัก: ผศ. ดร.เพลินพิศ โชคชัยชำนาญกิจ, อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม: ศ. ดร.
เกษรา อนามธวัช-จอนสัน, 79 หน้า.

สกุลโหระพาจัดอยู่วงศ์ Lamiaceae ประกอบด้วยพืช 65-160 ชนิด ซึ่งมีการกระจายพันธุ์ไปทั่วโลก โดยที่ประเทศไทยพบพืชสกุลโหระพา 5 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ เนื่องจากมีการปรับปรุงพันธุ์พืชกลุ่มนี้ และการเกิดลูกผสมโดยธรรมชาติ ส่งผลให้พืชสกุลโหระพามีจำนวนโครโมโซมที่หลากหลาย ดังนั้นการศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจสอบความหลากหลายของโครโมโซม และอธิบายความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทย โดยเก็บตัวอย่างพืชสกุลโหระพาจากจังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดนครราชสีมา จังหวัดพระนครศรีอยุธยา จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ และจังหวัดตรัง นำมาศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิสและไมโอซิส พบว่าพืชสกุลโหระพาแต่ละชนิดมีจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน กล่าวคือ แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ มีจำนวนโครโมโซม $2n = 26\ 52\ 78\ 36$ และ 40 ตามลำดับ ซึ่งความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมบ่งบอกถึงที่มาของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทย และจากข้อมูลความหลากหลายของขนาดและรูปร่างของโครโมโซม รวมถึงการพบ secondary constriction แสดงให้เห็นความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพา โดยแมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม ทั้งนี้แมงลักและโหระพาอาจมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษร่วมกัน นอกจากนี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างกะเพราและยี่หระ อาจเกิดจากการเกิดวิวัฒนาการในทิศทางที่เป็นอิสระต่อกัน ยิ่งไปกว่านั้นความหลากหลายของโครโมโซมยังแสดงให้เห็นว่าโหระพาและแมงลักอยู่ระหว่างการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมผ่านการเกิดดีลีชัน อินเวอร์ชัน และทรานสโลเคชัน รวมถึงมีการลดการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซม เพื่อลดจำนวนและเพิ่มความเสถียรของโครโมโซม สำหรับกะเพราและยี่หระ มีความเสถียรของโครโมโซมมากกว่าโหระพาและแมงลัก รวมทั้งมีขนาดของจีโนมเล็กกว่าจีโนมของโหระพาและแมงลัก แสดงว่ากะเพราและยี่หระมีวิวัฒนาการสูงกว่าโหระพาและแมงลัก

ภาควิชา	พฤกษศาสตร์	ลายมือชื่อนิสิต
สาขาวิชา	พันธุศาสตร์	ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาหลัก
ปีการศึกษา	2560	ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาร่วม

5772051923 : MAJOR GENETICS

KEYWORDS: KARYOTYPE / CHIASMA FREQUENCY / MITOSIS / MEIOSIS / GENUS OCIMUM

PAWEENUCH LEKHAPAN: CYTOGENETICS OF BASIL GENUS *Ocimum* L. IN THAILAND.

ADVISOR: ASST. PROF.PLOENPIT CHOKCHAICHAMNANKIT, Ph.D., CO-ADVISOR:
PROF.KESARA ANAMTHAWAT-JONSSON, Ph.D., 79 pp.

The genus *Ocimum* L. (Lamiaceae) comprises 65-160 species and has a worldwide distribution. In Thailand, there are five species including *O. americanum* L., *O. basilicum* L., *O. africanum* Lour., *O. gratissimum* L., and *O. tenuiflorum* L.. Due to cultivar improvement and natural hybridization, the chromosome numbers of the *Ocimum* L. species are highly variable. Therefore, the objectives of this study were to investigate the chromosome variation and to explain genetic relationship of the genus *Ocimum* L. in Thailand. Plant materials were collected from Chiang Mai, Nakhon Ratchasima, Phra Nakhon Si Ayutthaya, Prachuap Khiri Khan, and Trang. Mitosis and meiosis were examined on all species. The results showed differences in chromosome numbers among the *Ocimum* L. species, consisting of $2n = 26, 52, 78, 36,$ and 40 for *O. americanum* L., *O. basilicum* L., *O. africanum* Lour., *O. tenuiflorum* L., and *O. gratissimum* L., respectively, which suggested the provenance of the genus *Ocimum* L. in Thailand. With respect to the chromosome size and shape and the existence of secondary constriction, the genetic relationship in the genus *Ocimum* L. was proposed. The closed genetic relationship among *O. americanum* L., *O. basilicum* L., and *O. africanum* Lour. was implied, namely *O. americanum* L. possibly is the common ancestor shared by *O. basilicum* L. and *O. africanum* Lour.. Moreover, the genetic distant between *O. tenuiflorum* L. and *O. gratissimum* L. were considered responsible to independent evolution. In addition, variation in chromosome also demonstrated that *O. basilicum* L. and *O. africanum* Lour. are in the process of chromosome rearrangements, including deletion, inversion, and translocation, together with the reduction in chromosome recombination in order to decrease the chromosome number and increase chromosome stability. Unlike those of *O. basilicum* L. and *O. africanum* Lour., chromosome of *O. tenuiflorum* L. and *O. gratissimum* L. have higher stability but smaller size, indicating a more evolved genome.

Department: Botany

Student's Signature

Field of Study: Genetics

Advisor's Signature

Academic Year: 2017

Co-Advisor's Signature

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยความช่วยเหลือของหลายๆ ท่านดังต่อไปนี้

กราบขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เพลินพิศ โชคชัยชำนาญกิจ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ และศาสตราจารย์ ดร.เกษรา อนามธวัช-จอนสัน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่ได้กรุณาให้คำปรึกษา คำแนะนำ และความช่วยเหลือตลอดการทำวิทยานิพนธ์ รวมถึงช่วยฝึกทักษะในการทำงานทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ด้วยความเต็มใจ

กราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.วรวุฒิ จุฬาลักษณ์านุกูล ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ รองศาสตราจารย์สุมิตรา คงชื่นสิน ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พงศ์ธาริน โล่ห์ตระกูล และ ดร.สมราน สุดดี กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาช่วยตรวจแก้วิทยานิพนธ์

กราบขอบพระคุณ โครงการพัฒนากำลังคนด้านวิทยาศาสตร์ (ทุนเรียนดีวิทยาศาสตร์แห่งประเทศไทย) และภาควิชาพฤกษศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ให้โอกาสและสนับสนุนเงินทุนในการศึกษา

กราบขอบพระคุณครอบครัวต้นตริกซ์ธรรม นายผจญ คงแก้ว และนางสาวสุทธิณี เหลลาแตว รวมถึงชาวบ้านในอำเภอดอยหล่อ จังหวัดเชียงใหม่ อำเภอสีคิ้ว จังหวัดนครราชสีมา อำเภอบางบาล จังหวัดพระนครศรีอยุธยา อำเภอบึงสามพัน จังหวัดบึงสามพัน และอำเภอมืองตรัง จังหวัดตรัง ที่ให้ความอนุเคราะห์เรื่องตัวอย่างในการศึกษาด้วยความเต็มใจ

ท้ายที่สุด ขอกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา คณาจารย์ทุกท่าน และขอขอบคุณ พี่เพื่อน และน้องในภาควิชาพฤกษศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ให้กำลังใจและความช่วยเหลือด้านต่าง ๆ ในการทำวิทยานิพนธ์เสมอมา

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	จ
กิตติกรรมประกาศ	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญรูป	ฌ
สารบัญตาราง.....	ญ
บทที่ 1 บทนำ	1
บทที่ 2 ตรวจสอบเอกสาร.....	4
พืชสกุลโหระพา	4
การศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานของพืชสกุลโหระพา	6
การศึกษาทางด้านอนุพันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพา	7
ความสามารถในการผสมข้ามในพืชสกุลโหระพา.....	8
การศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์	10
การศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพา.....	12
บทที่ 3 อุปกรณ์ และวิธีดำเนินการศึกษา.....	16
อุปกรณ์.....	16
สารเคมี.....	16
วิธีดำเนินการ	17
1. การเก็บตัวอย่างพืช.....	17
2. การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิส	18
3. การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส.....	19
บทที่ 4 ผลการศึกษา.....	20

การเก็บตัวอย่างพืช.....	20
การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิส	26
การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส	50
บทที่ 5 วิจัยรณผลการศึกษา.....	58
บทที่ 6 สรุปลผลการศึกษา	72
รายการอ้างอิง.....	73
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์.....	79



สารบัญรูป

รูปที่ 1 การศึกษาความสามารถในการผสมข้ามระหว่างแมงกะแซงและโหระพา	9
รูปที่ 2 พิกัดและความสูงเหนือระดับน้ำทะเลปานกลางของพื้นที่ในการเก็บตัวอย่างพืชสกุล โหระพา.....	17
รูปที่ 3 ลักษณะสัณฐานวิทยาของแมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ ประกอบด้วย ลักษณะดอก ช่อดอก เมล็ดแห้ง เมล็ดเปียก และใบ	25
รูปที่ 4 แคริโอไทป์ของแมงกะแซง.....	27
รูปที่ 5 แคริโอไทป์ของโหระพา.....	33
รูปที่ 6 แคริโอไทป์ของแมงลัก	40
รูปที่ 7 แคริโอไทป์ของกะเพรา.....	44
รูปที่ 8 แคริโอไทป์ของยี่หระ.....	49
รูปที่ 9 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงกะแซง.....	50
รูปที่ 10 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของโหระพา.....	51
รูปที่ 11 เซลล์ที่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในโหระพา.....	52
รูปที่ 12 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงลัก.....	53
รูปที่ 13 เซลล์ที่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในแมงลัก.....	54
รูปที่ 14 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของกะเพรา.....	55
รูปที่ 15 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของยี่หระ.....	56
รูปที่ 16 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ผ่านการเกิดอินเวอร์ชัน และทรานส์โลเคชัน ซึ่งทำให้จำนวนโครโมโซมลดลง.....	68
รูปที่ 17 เปรียบเทียบเซลล์และโครโมโซมของพืชสกุลโหระพา ได้แก่ แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ.....	71

สารบัญตาราง

ตารางที่ 1	จำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาที่มีการศึกษาจากทั่วโลก	13
ตารางที่ 2	จำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทย	14
ตารางที่ 3	หมายเลข voucher specimen ของพืชสกุลโหระพาจากพื้นที่ต่าง ๆ ที่เก็บรักษาอยู่ที่ พิพิธภัณฑ์พืช ศ.กลิน สุวตะพันธ์ุ ภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย...	20
ตารางที่ 4	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงกะแซง PK.....	26
ตารางที่ 5	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหระพา CM.....	29
ตารางที่ 6	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหระพา NM	30
ตารางที่ 7	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหระพา AY.....	31
ตารางที่ 8	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหระพา TR.....	32
ตารางที่ 9	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก CM	36
ตารางที่ 10	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก NM.....	37
ตารางที่ 11	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก AY	38
ตารางที่ 12	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก TR.....	39
ตารางที่ 13	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา CM.....	41
ตารางที่ 14	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา NM	42
ตารางที่ 15	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา AY	42
ตารางที่ 16	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา TR.....	43
ตารางที่ 17	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ CM	45
ตารางที่ 18	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ NM	46
ตารางที่ 19	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ AY	47
ตารางที่ 20	ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ TR.....	48
ตารางที่ 21	จำนวนและพฤติกรรมของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาจากพื้นที่ต่าง ๆ	57

ตารางที่ 22 เปรียบเทียบจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลหระพาจากการศึกษานี้ และจากแหล่ง
ต่าง ๆ ที่เคยมีการศึกษามาก่อน 61

ตารางที่ 23 สภาพแวดล้อมของพื้นที่ที่เก็บตัวอย่างพืชสกุลหระพาที่ใช้ในการศึกษานี้ 67



บทที่ 1

บทนำ

ที่มาและความสำคัญ

พืชสกุลโหระพา *Ocimum* L. จัดอยู่ในวงศ์ Lamiaceae ประกอบด้วยพืชประมาณ 65 - 160 ชนิด (Khosla and Sobti, 1985; Paton, Harley, and Harley, 1999) มีการกระจายพันธุ์ไปทั่วโลก โดยมีศูนย์กลางความหลากหลาย (center of diversity) 3 พื้นที่ คือ เขตร้อนและกึ่งร้อนของทวีปแอฟริกา เขตร้อนของทวีปเอเชีย และเขตร้อนของทวีปอเมริกาใต้ สำหรับในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้พบพืชสกุลโหระพา 7 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง (*O. americanum* L.) โหระพา (*O. basilicum* L.) แมงลัก (*O. africanum* Lour.) กะเพรา (*O. tenuiflorum* L.) กะเพราแขก (*O. kilimandcharicum* Baker ex Gürke) ยี่หระ (*O. gratissimum* var. *gratissimum* L. และ *O. gratissimum* var. *macrophyllum* Briq.) และ *O. filamentosum* Forssk. (Suddee, Paton, and Parnell, 2005) ทั้งนี้ประเทศไทยพบพืชสกุลโหระพา 6 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา กะเพราแขก และยี่หระ (*O. gratissimum* var. *macrophyllum* Briq.) (เต็ม สมิตินันท์, 2557) และเชื่อว่ากะเพราแขกได้สูญพันธุ์ไปจากประเทศไทยแล้ว (สมราน สุดดี, สัมภาษณ์, 23 กันยายน 2558) พืชสกุลนี้หลายชนิดเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ โดยนำมาสกัดน้ำมันหอมระเหย ใช้เป็นยาสมุนไพรพื้นบ้าน ใช้ประกอบอาหาร และเป็นไม้ประดับ รวมถึงเป็นวัตถุดิบในอุตสาหกรรมการผลิตน้ำหอมและเครื่องสำอาง ด้วยความสำคัญเหล่านี้ทำให้พืชหลายชนิดในสกุลนี้ถูกนำไปปลูกอย่างกว้างขวางทั่วโลก (Carović-Stanko et al., 2010; Keng, 1978; Lawrence, 1992; Makri and Kintzios, 2008; Martins et al., 1999; Paton et al., 1999) จากการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาเพื่อให้ได้ลักษณะที่มีประโยชน์ทางเศรษฐกิจ เช่น การปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีขนาดใหญ่ มีปริมาณน้ำมันหอมระเหยสูง หรือมีความต้านทานโรคราน้ำค้าง ทำให้เกิดพันธุ์ใหม่ ๆ ขึ้น นอกจากนี้ยังมีการเกิดลูกผสมโดยธรรมชาติ (natural hybridization) ซึ่งทำให้พืชสกุลโหระพามีความหลากหลายทั้งในด้านสัณฐานวิทยา เซลล์วิทยา และ องค์ประกอบทางเคมี (Ben-Naim, Falach, and Cohen, 2015; Grayer, Bryan, et al., 1996; Grayer, Kite, et al., 1996; Koutsos, Chatzopoulou, and Katsiotis, 2009; Labra et al., 2004; Paton and Putievsky, 1996; Pyne et al., 2017; Srivastava, 2002) ส่งผลให้การศึกษานุกรมวิธานของพืชสกุลโหระพายังคงมีความสับสน จึงได้มีการนำเทคนิคต่าง ๆ มาใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ของพืชสกุลโหระพา เช่น การศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยา การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุล (molecular markers) การศึกษาความสามารถในการผสมข้าม (crossability) รวมถึงการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ (Carović-Stanko et al., 2010; Grayer,

Kite, et al., 1996; Khosla, 1995; Paton and Putievsky, 1996; Putievsky et al., 1999; Vieira, Goldsbrough, and Simon, 2003; Vieira and Simon, 2000)

จากการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาของพืชสกุลโหระพาในปัจจุบันพบว่า แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก ถูกจำแนกให้อยู่ในสกุลย่อย (subgenus) และหมู่ (section) เดียวกัน นั่นคือ สกุลย่อย *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) หมู่ *Ocimum* (*Basilica* Briq.) ส่วนยี่หระถูกจำแนกให้อยู่ในสกุลย่อย *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) เช่นเดียวกัน แต่อยู่ในหมู่ *Gratissima* Benth. ในขณะที่กะเพราถูกจำแนกให้อยู่ในสกุลย่อย *Gymnocymum* Benth (Paton et al., 1999) แสดงให้เห็นว่า แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกัน (Bentham, 1832, 1848; Paton, 1992; Paton et al., 1999) ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลต่าง ๆ เช่น random amplification of polymorphic DNA (RAPD) amplified fragment length polymorphism (AFLP) inter simple sequence repeats (ISSR) และ sequence-related amplified polymorphism (SRAP) ซึ่งพบว่าสามารถแบ่งพืชในสกุลโหระพา ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วย แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก ส่วนกลุ่มที่สองประกอบด้วยกะเพราและยี่หระ โดยที่กะเพราและยี่หระมีความสัมพันธ์ระหว่างชนิดค่อนข้างต่ำ (Carović-Stanko et al., 2010; Singh et al., 2004; Vieira et al., 2003) และการศึกษาความสามารถในการผสมข้ามโดย Pushpangadan และ Sobti (1982) ยังสนับสนุนว่าแมงลักน่าจะมีแมงกะแซงกับโหระพาเป็นบรรพบุรุษ กล่าวคือ เมื่อผสมพันธุ์แมงกะแซง (ในรายงานระบุว่า เป็น *O. canum* Sims. ซึ่งปัจจุบันเป็นชื่อพ้องของ *O. americanum* L.) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ $2n = 2x = 24$ กับโหระพาซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ $2n = 4x = 48$ จะได้ลูกผสมที่มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาอยู่ระหว่างแมงกะแซงกับโหระพา และยังคงคล้ายกับแมงลัก (ในรายงานระบุว่า เป็น *O. americanum* sensu ซึ่งปัจจุบันเป็นชื่อพ้องของ *O. africanum* Lour.) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นเฮกซะพลอยด์ $2n = 6x = 72$ แต่ลูกผสมมีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ และระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส โครโมโซมในเซลล์ส่วนใหญ่จะเกิดการเข้าคู่กันเป็น 12 bivalent และเกิด 12 univalent จึงเป็นไปได้ว่าโครโมโซมทั้งหมดของแมงกะแซงสามารถเข้าคู่กับโครโมโซมของโหระพาได้ ดังนั้นโหระพาน่าจะมีโครโมโซมเป็น allopolyploid โดยมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษ และเมื่อใช้สาร colchicine กระตุ้นให้ลูกผสมเกิด chromosome doubling แล้วนำเมล็ดจากลูกผสมนี้ไปปลูก พบว่าพืชที่ได้มีจำนวนโครโมโซม $2n = 72$ มีลักษณะคล้ายแมงลัก และสามารถผสมพันธุ์กับแมงลักแล้วได้ลูกผสมที่ไม่เป็นหมัน แสดงว่าแมงลักน่าจะมีแมงกะแซงกับโหระพาเป็นบรรพบุรุษ อย่างไรก็ตามยังไม่มีการศึกษาว่าระหว่างกระบวนการเกิดลูกผสมซึ่งนำไปสู่การเกิดพืชชนิดใหม่ นั่นคือ โหระพา และแมงลัก โครโมโซมเกิดการ

เปลี่ยนแปลงอย่างไรบ้าง ดังนั้นการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ทั้งในเรื่องจำนวน ขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพา จึงเป็นทางเลือกที่น่าสนใจในการนำมาใช้อธิบายการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมที่เกิดขึ้น

จากการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพา พบว่าพืชสกุลโหระพามีจำนวนโครโมโซมไม่เท่ากันทั้งระหว่างชนิดและภายในชนิดเดียวกัน กล่าวคือ มีการรายงานว่าแมงกะแซงมีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ และ 26 โหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 42$ 50 52 53 56 72 และ 74 แมงลักมีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ และ 72 กะเพรามีจำนวนโครโมโซม $2n = 32$ 36 และ 76 และยี่ห่วยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ (Carović-Stanko et al., 2010; Edet and Aikpokpodion, 2014; Khosla and Sobti, 1985; Khosla, 1995; Morton, 1962; Mukherjee and Datta, 2006; Mukherjee, Datta, and Maiti, 2005; Paton and Putievsky, 1996) สำหรับในประเทศไทย Congchuensin (1972) รายงานว่า โหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ แมงลัก (ในรายงานระบุว่า เป็น *O. canum* Sims. แต่ในปัจจุบันคือ *O. africanum* Lour.) มีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ กะเพรา มีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ และยี่ห่วยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ แต่ Paton และ Putievsky (1996) พบว่าโหระพาและแมงลักที่ได้จากประเทศไทยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ และ $2n = 64$ ตามลำดับ อย่างไรก็ตาม การศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพาส่วนใหญ่มีรายงานเพียงจำนวนโครโมโซม ส่วนการศึกษาขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมยังคงมีไม่มาก และในประเทศไทยยังไม่เคยมีรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซง ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงสนใจศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ทั้งในเรื่องจำนวน ขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพา โดยจะศึกษาทั้งความสัมพันธ์ภายในพืชชนิดเดียวกันและความสัมพันธ์ระหว่างพืชต่างชนิดกัน ซึ่งคาดว่าข้อมูลที่ได้จากการศึกษานี้จะสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการอธิบายการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมซึ่งอาจมีความสัมพันธ์กับการเกิดพืชชนิดใหม่ในสกุลโหระพา รวมถึงสนับสนุนการศึกษานุกรมวิธาน และการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาได้ต่อไป

วัตถุประสงค์

เพื่อศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของสกุลโหระพา *Ocimum* L. ในประเทศไทย

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถอธิบายการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมซึ่งอาจจะมีความสัมพันธ์กับการเกิดพืชชนิดใหม่ในสกุลโหระพาที่พบในประเทศไทย
2. ใช้เป็นข้อมูลในการสนับสนุนการศึกษานุกรมวิธาน และการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพา

บทที่ 2

ตรวจสอบเอกสาร

พืชสกุลโหระพา

พืชสกุลโหระพา (*Ocimum* L.) หรือสกุลเบซิล (basil) จัดอยู่ในวงศ์ Lamiaceae ลักษณะทั่วไปของพืชสกุลโหระพา คือ เป็นไม้ล้มลุก หรือไม้พุ่มขนาดเล็ก ลำต้นเป็นเหลี่ยม หรือเหลี่ยมกิ่งกลม บริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบเป็นใบเดี่ยว มีก้านใบ ออกเป็นคู่ตรงข้าม ขอบใบเรียบ หรือจักฟันเลื่อย ช่อดอกออกที่ปลายยอดแบบช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อห่าง ๆ ช่อกระจุกเรียงตรงข้าม ไม่มีก้านช่อ ช่อหนึ่งประกอบด้วยดอก 3 ดอก ใบประดับเป็นรูปไข่ มีขนาดเล็กจนถึงใหญ่ มีก้านใบสั้นหรือมีลักษณะคล้ายก้านกลีบ ร่วงง่าย กลีบเลี้ยงเป็นรูปปากเปิดทรงรูปไข่หรือรูปประฆัง จะโค้งพับลงจากแกนช่อดอกในระยะเป็นผล กลีบบนกว้าง มี 1 แฉก รูปร่างกลมหรือรูปไข่กลับ ในระยะเป็นผลจะมีลักษณะโค้งพับลงและเป็นครีบบนหลอดกลีบเลี้ยง กลีบล่างมักจะยาวกว่ากลีบบนและโค้งขึ้นด้านบน บางครั้งจะโค้งขึ้นมาปิดส่วนของหลอดกลีบเลี้ยงในระยะเป็นผล กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยที่ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปคล้ายสามเหลี่ยมด้านเท่า หรือรูปใบหอก บางครั้งขอบจักซี่ฟันขนาดเล็ก หรือมีลักษณะเป็นแฉกเล็ก ๆ จำนวนมาก กลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปใบหอกหรือมีลักษณะยาวและเรียวยาวแหลมคล้ายเข็ม หลอดกลีบเลี้ยงไม่มีขน หรือมีขนเป็นวงรอบ กลีบดอกมีขนาดใหญ่กว่าหรือเท่ากับกลีบเลี้ยง กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก กลีบปากล่างมี 1 แฉก มีความยาวมากกว่ากลีบบน ตรงกลางของกลีบปากล่างราบหรือเป็นแอ่ง ขอบเรียบ หลอดกลีบดอกบริเวณโคนตั้งตรง บริเวณกึ่งกลางของหลอดกลีบดอกพองออกและขยายออกไปจนถึงบริเวณใกล้กับแฉกกลีบดอก เกสรเพศผู้มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน มีลักษณะโค้งขึ้น ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบดอก เกสรเพศผู้ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนปกคลุมในแนวขวางหรือมีขนเป็นกลุ่มแน่น ๆ อยู่ที่โคน ก้านชูอับเรณูแยกกัน รังไข่ไม่มีขน ฐานดอกแยกออกเป็น 4 พู ก้านยอดเกสรเพศเมียโค้งมาก ปลายแยกเป็น 2 แฉก มีขนาดใกล้เคียงกัน เป็นรูปลิ้นแฉกและแบน ผลเป็นแบบผลแยกเป็นพวงผลเปลือกแข็ง มีเมล็ดเพียง 1 เมล็ด มีขนาดเล็ก เป็นรูปไข่กลับ รูปขอบขนาน ทรงรี หรือค่อนข้างกลม ผิวเรียบหรือมีตุ่มเล็ก ๆ บางครั้งจะมีการสร้างเมือกเมื่อเปียก (Suddee et al., 2005)

พืชสกุลโหระพาประกอบด้วยพืชประมาณ 65 - 160 ชนิด มีการกระจายพันธุ์ไปทั่วโลกโดยมีศูนย์กลางความหลากหลาย (center of diversity) อย่างน้อย 3 พื้นที่ ได้แก่ เขตร้อนและกึ่งร้อนของทวีปแอฟริกา เขตร้อนของทวีปเอเชีย และเขตร้อนของทวีปอเมริกาใต้ (ประเทศบราซิล) ทั้งนี้บริเวณเขตร้อนของทวีปแอฟริกาน่าจะเป็นศูนย์กลางก่อกำเนิด (center of origin) เนื่องจากในพื้นที่

ดังกล่าวพืชสกุลโหระพามีความหลากหลายสูงที่สุด หลังจากนั้นพืชสกุลโหระพาจึงถูกนำเข้ามาสู่เขตร้อนของทวีปเอเชีย และเขตร้อนของทวีปอเมริกาโดยนักล่าอาณานิคมชาวยุโรปและทาสชาวแอฟริกัน (Khosla, 1995; Paton et al., 1999; Vieira and Simon, 2000)

สำหรับในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้พบพืชสกุลโหระพา 7 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง (*O. americanum* L.) โหระพา (*O. basilicum* L.) แมงลัก (*O. africanum* Lour.) กะเพรา (*O. tenuiflorum* L.) กะเพราแขก (*O. kilimandcharicum* Baker ex Gürke) ยี่หระ (*O. gratissimum* var. *gratissimum* L. และ *O. gratissimum* var. *macrophyllum* Briq.) และ *O. filamentosum* Forssk. (Suddee et al., 2005) ทั้งนี้ประเทศไทยพบพืชสกุลโหระพา 6 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา กะเพราแขก และยี่หระ (*O. gratissimum* var. *macrophyllum* Briq.) (เต็ม สมิตินันท์, 2557) และเชื่อว่ากะเพราแขกได้สูญพันธุ์ไปจากประเทศไทยแล้ว (สมราน สุคติ, สัมภาษณ์, 23 กันยายน 2558) พืชสกุลนี้หลายชนิดเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ โดยนำมาสกัดน้ำมันหอมระเหย ใช้เป็นยาสมุนไพรพื้นบ้าน ใช้ประกอบอาหาร และเป็นไม้ประดับ รวมถึงเป็นวัตถุดิบในอุตสาหกรรมการผลิตน้ำหอมและเครื่องสำอาง ด้วยความสำคัญเหล่านี้ทำให้พืชหลายชนิดในสกุลนี้ถูกนำไปปลูกอย่างกว้างขวางทั่วโลก (Carović-Stanko et al., 2010; Keng, 1978; Lawrence, 1992; Makri and Kintzios, 2008; Martins et al., 1999; Paton et al., 1999) จากการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาเพื่อให้ได้ลักษณะที่มีประโยชน์ทางเศรษฐกิจ เช่น การปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีขนาดใหญ่ มีปริมาณน้ำมันหอมระเหยสูง หรือมีความต้านทานโรคราน้ำค้าง ทำให้เกิดพันธุ์ใหม่ ๆ ขึ้น นอกจากนี้ยังมีการเกิดลูกผสมโดยธรรมชาติ (natural hybridization) ซึ่งทำให้พืชสกุลโหระพามีความหลากหลายทั้งในด้านสัณฐานวิทยา เซลล์วิทยา และองค์ประกอบทางเคมี (Ben-Naim et al., 2015; Grayer, Bryan, et al., 1996; Grayer, Kite, et al., 1996; Koutsos et al., 2009; Labra et al., 2004; Paton and Putievsky, 1996; Pyne et al., 2017; Srivastava, 2002) ส่งผลให้การศึกษาอนุกรมวิธานของพืชสกุลโหระพามีความสับสน จึงได้มีการนำเทคนิคต่าง ๆ มาใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ของพืชสกุลโหระพา เช่น การศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยา การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุล (molecular markers) การศึกษาความสามารถในการผสมข้าม (crossability) รวมถึงการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ (Carović-Stanko et al., 2010; Grayer, Kite, et al., 1996; Khosla, 1995; Paton and Putievsky, 1996; Putievsky et al., 1999; Vieira et al., 2003; Vieira and Simon, 2000)

การศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานของพืชสกุลโหระพา

สกุลโหระพาได้รับการตีพิมพ์ครั้งแรกในปี ค.ศ. 1753 โดย Linnaeus ซึ่งมีการกล่าวถึงพืชในสกุลนี้ไว้ 5 ชนิด ได้แก่ แมงกะแซง โหระพา กะเพรา ยี่หระ และ *O. minimum* L. ต่อมาในปี ค.ศ. 1832 Bentham ได้จำแนกพืชสกุลโหระพา 40 ชนิด ตามลักษณะของเกสรเพศผู้เป็น 3 หมู่ (section) ได้แก่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.), *Hierocymum* Benth. และ *Gymnocymum* Benth. ต่อมาในปี ค.ศ. 1848 Bentham ได้เพิ่มหมู่ *Hemizygia* Benth. ทำให้พืชสกุลโหระพาประกอบด้วย 4 หมู่ นอกจากนี้ Bentham (1848) ยังแบ่งพืชในหมู่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) ตามลักษณะสัณฐานวิทยาของกลีบเลี้ยงเป็น 3 หมู่ย่อย (subsection) ได้แก่ *Ocimum* (*Basilica* Briq.), *Gratissima* Benth. และ *Hiantia* Benth. ทั้งนี้ แมงลักจัดอยู่ในหมู่ *Hemizygia* Benth. กะเพราจัดอยู่ในหมู่ *Hierocymum* Benth. แมงกะแซงและโหระพา จัดอยู่ในหมู่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) หมู่ย่อย *Ocimum* (*Basilica* Briq.) ส่วนยี่หระจัดอยู่ในหมู่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) หมู่ย่อย *Gratissima* Benth. ในปี ค.ศ. 1992 Paton ได้ศึกษาความสัมพันธ์ของพืชสกุลโหระพาในทวีปแอฟริกา และได้แยกพืชในหมู่ *Hemizygia* Benth. และหมู่ย่อย *Hiantia* Benth. ออกจากสกุลโหระพา และกำหนดให้แมงลักเป็นพืชชนิดเดียวกับแมงกะแซง แต่ Pushpangadan (1974 อ้างถึงใน Paton et al., 1999) ได้แบ่งพืชสกุลโหระพาเป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่ม *basilicum* ซึ่งเป็นไม้ล้มลุก มีอายุปีเดียวหรือหลายปี เมล็ดเป็นสีดำ รูปร่างเป็นทรงรี มีเมือกมาก และมี basic chromosome number เป็น $x = 12$ และกลุ่ม *sanctum* ซึ่งเป็นไม้พุ่ม มีอายุหลายปี เมล็ดเป็นสีน้ำตาล รูปร่างเป็นทรงกลม ไม่มีเมือกหรือมีเมือกน้อย และมี basic chromosome number เป็น $x = 8$ สำหรับพืชในกลุ่ม *basilicum* ได้แก่ พืชในหมู่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) หมู่ย่อย *Ocimum* (*Basilica* Briq.) เท่านั้น ส่วนพืชชนิดอื่น ๆ จะจัดอยู่ในกลุ่ม *sanctum* อย่างไรก็ตามการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ของพืชสกุลโหระพาทั้งสองระบบยังคงมีปัญหาอยู่ ดังนั้น Paton และคณะ (1999) จึงเสนอวิธีการจัดกลุ่มพืชสกุลโหระพาใหม่ โดยแบ่งพืชสกุลโหระพาทั่วโลกทั้งหมด 65 ชนิด ออกเป็น 3 สกุลย่อย (subgenus) ได้แก่ *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.), *Nautochilus* (Bremek.) A. J. Paton และ *Gymnocimum* (Benth.) A. J. Paton โดยที่สกุลย่อย *Ocimum* (*Ocymodon* Benth.) ถูกแบ่งออกเป็น 3 หมู่ ได้แก่ *Ocimum* (*Basilica* Briq.), *Gratissima* (Benth.) A. J. Paton และ *Hiantia* (Benth.) A. J. Paton ซึ่งหมู่ *Gratissima* (Benth.) A. J. Paton ถูกแบ่งเป็น 2 หมู่ย่อย ได้แก่ *Gratissima* Benth. และ *Erythrochlamys* (Gürke) A. J. Paton และหมู่ *Hiantia* (Benth.) A. J. Paton ถูกแบ่งเป็น 2 หมู่ย่อย ได้แก่ *Hiantia* Benth. และ *Nudicaulia* (Briq.) A. J. Paton ซึ่งหมู่ย่อย *Hiantia* Benth. ถูกแบ่งเป็น 3 ชุด (series) ได้แก่ *Monobecium* (Sebald) A. J. Paton, *Serpyllifolium* (Sebald) A. J. Paton และ

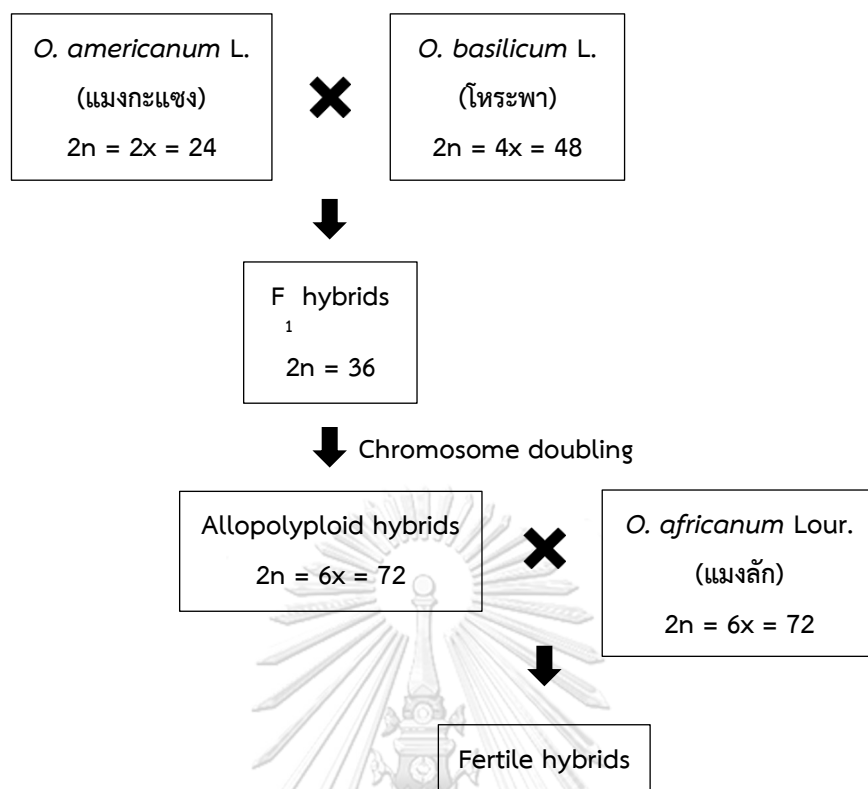
Hiantia (Benth.) A. J. Paton ส่วนสกุลย่อย *Gymnocimum* (Benth.) A. J. Paton ถูกแบ่งออกเป็น 2 หมู่ ได้แก่ *Gymnocimum* Benth. และ *Hierocimum* Benth. ทั้งนี้ แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก จัดอยู่ในหมู่ *Ocimum* (*Basilica* Briq.) ยี่ห่วยจัดอยู่ในหมู่ย่อย *Gratissima* Benth. ส่วนกะเพราจัดอยู่ในหมู่ *Hierocimum* Benth. แสดงให้เห็นว่า แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกัน (Bentham, 1832, 1848; Paton, 1992; Paton et al., 1999)

การศึกษาทางด้านอนุพันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพา

ที่ผ่านมาได้มีการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพาด้วยเทคนิคทางด้านอนุพันธุศาสตร์ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลต่าง ๆ เช่น random amplification of polymorphic DNA (RAPD) amplified fragment length polymorphism (AFLP) inter simple sequence repeats (ISSR) และ sequence-related amplified polymorphism (SRAP) ตัวอย่างเช่น Vieira และคณะ (2003) ได้ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล RAPD พบว่า แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันสูง ในขณะที่กะเพราและยี่ห่วยมีความสัมพันธ์ระหว่างชนิด รวมถึงความสัมพันธ์กับพืชทั้ง 3 ชนิดข้างต้นค่อนข้างต่ำ นอกจากนี้การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลโหระพาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล RAPD และ AFLP โดย Carovic-Stanko และคณะ (2010) สามารถแบ่งพืชสกุลโหระพาได้เป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ *O. americanum* clade และ *O. basilicum* clade โดยที่ *O. americanum* clade ประกอบด้วย แมงกะแซง โหระพา 1 พันธุ์ (*O. basilicum* var. *purpurascens* Benth. จากประเทศรัสเซีย) และแมงลัก ส่วน *O. basilicum* clade ประกอบด้วยโหระพาส่วนใหญ่ (รวมถึง *O. basilicum* var. *purpurascens* Benth. จากประเทศออสเตรเลีย) และ *O. minimum* L. ส่วนกะเพราและยี่ห่วยถูกแยกออกมาจากสองกลุ่มข้างต้น นอกจากนี้กะเพราและยี่ห่วยยังมีความสัมพันธ์ระหว่างชนิดต่ำ เช่นเดียวกับการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชในสกุลโหระพาของ Singh และคณะ (2004) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล RAPD พบว่าสามารถแบ่งพืชในสกุลโหระพา ได้เป็น 2 กลุ่ม โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยแมงกะแซงและโหระพา ส่วนกลุ่มที่สองประกอบด้วยกะเพราและยี่ห่วย จะเห็นได้ว่าผลการศึกษาส่วนใหญ่มีความสอดคล้องกัน และสอดคล้องกับข้อมูลจากการศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานของพืชสกุลโหระพา ซึ่งบ่งบอกว่า แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกัน

ความสามารถในการผสมข้ามในพืชสกุลโหระพา

จากการศึกษาการพัฒนาโครงสร้างของดอกของพืชสกุลโหระพา พบว่า ดอกของพืชสกุลโหระพาเป็นดอกแบบโปรตแอนดรัส (protandrous) กล่าวคือ เป็นลักษณะของดอกที่มีอับเรณูเจริญเต็มที่และกระจายละอองเรณูก่อนที่เกสรเพศเมียจะพร้อมรับการผสมเกสร ส่งผลให้พืชสกุลโหระพาส่วนใหญ่มีการผสมข้าม (cross pollination) โดยธรรมชาติ ทำให้เกิดลูกผสมที่มีความหลากหลายทั้งในด้านสัณฐานวิทยา เซลล์วิทยา และองค์ประกอบทางเคมี (Srivastava, 2002) ในกรณีที่มีการผสมข้ามชนิด ลูกผสมที่เกิดขึ้นจะมีพฤติกรรมการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิสที่ผิดปกติ โดยความผิดปกติที่พบบ่อย คือ การไม่เข้าคู่กันของโครโมโซมในระยะ metaphase I โครโมโซมที่เข้าคู่กันแยกออกจากกันเร็วกว่าปกติ หรือโครโมโซมที่เข้าคู่กันไม่เกิดการแยกออกจากกันเมื่อเข้าสู่ระยะ anaphase I ซึ่งข้อมูลการเข้าคู่กันของโครโมโซมนี้สามารถบ่งบอกถึงความสัมพันธ์ระหว่างจีโนมของพืชที่นำมาผสมข้ามชนิดได้ ตัวอย่างเช่น การศึกษาของ Pushpangadan และ Sobti (1982) ซึ่งผสมพันธุ์แมงกะแซง (ในรายงานระบุว่าเป็น *O. canum* Sims. ซึ่งปัจจุบันเป็นชื่อพ้องของ *O. americanum* L.) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ $2n = 2x = 24$ กับโหระพาซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ $2n = 4x = 48$ ได้ลูกผสมที่มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาอยู่ระหว่างแมงกะแซงกับโหระพา และยังคงคล้ายกับแมงกะแซง (ในรายงานระบุว่าเป็น *O. americanum sensu* ซึ่งปัจจุบันเป็นชื่อพ้องของ *O. africanum* Lour.) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นเฮกซะพลอยด์ $2n = 6x = 72$ แต่ลูกผสมมีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ และระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส โครโมโซมในเซลล์ส่วนใหญ่จะเกิดการเข้าคู่กันเป็น 12 bivalent และเกิด 12 univalent จึงเป็นไปได้ว่าโครโมโซมทั้งหมดของแมงกะแซงสามารถเข้าคู่กับโครโมโซมของโหระพาได้ ดังนั้นโหระพาน่าจะมีโครโมโซมเป็น allopolyploid โดยมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษ และเมื่อใช้สาร colchicine กระตุ้นให้ลูกผสมเกิด chromosome doubling แล้วนำเมล็ดจากลูกผสมนี้ไปปลูก พบว่าพืชที่ได้มีจำนวนโครโมโซม $2n = 72$ มีลักษณะคล้ายแมงกะแซง และสามารถผสมพันธุ์กับแมงกะแซงแล้วได้ลูกผสมที่ไม่เป็นหมัน แสดงว่าแมงกะแซงน่าจะมีแมงกะแซงกับโหระพาเป็นบรรพบุรุษ (รูปที่ 1)



รูปที่ 1 การศึกษาความสามารถในการผสมข้ามระหว่างแมงกะแซงและโหระพา โดย Pushpangadan และ Sobti (1982)

นอกจากนี้ยังมีการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างพืชสกุลโหระพาต่างชนิดกัน ได้แก่ โหระพา แมงลัก กะเพรา ยี่ห่วย และ *O. minimum* L. และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างโหระพาที่มีพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกต่างกัน โดย Paton และ Putievsky (1996) ซึ่งนำพืชสกุลโหระพาแต่ละชนิด หรือแต่ละพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกมาผสมพันธุ์กัน แล้วประเมินค่าความสามารถในการผสมข้ามจากร้อยละของจำนวนเมล็ดที่ได้จากดอกที่ได้รับการผสมข้ามหารด้วยจำนวนดอกที่ได้รับการผสมข้าม คูณด้วย 4 (พืชสกุลโหระพา 1 ดอก มี 4 เมล็ด) พบว่า พืชสกุลโหระพาพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกต่างกันสามารถผสมพันธุ์กันได้ทุกคู่ผสม โดยที่แต่ละคู่ผสมจะมีความสามารถในการผสมข้ามแตกต่างกัน ในขณะที่ลูกผสมจากการผสมพันธุ์พืชสกุลโหระพาต่างชนิดกัน สามารถเกิดได้จากการผสมพันธุ์โหระพากับแมงลักเท่านั้น เนื่องจากแมงลักมีโหระพาเป็นบรรพบุรุษ โดยที่ความสามารถในการผสมข้ามระหว่างแมงลักกับโหระพาพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกต่าง ๆ มีความแตกต่างกัน แสดงว่าแมงลักมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับโหระพาพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกต่าง ๆ ไม่เท่ากัน ซึ่งผลการศึกษานี้สอดคล้องกับผลจากการศึกษาของ Putievsky และคณะ (1999) ซึ่งนำพืชสกุลโหระพาแต่ละพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกมาผสมพันธุ์กัน และพบว่าพืชสกุลโหระพาพันธุ์หรือพันธุ์ปลูกต่างกันสามารถผสมพันธุ์

กันและทำให้เกิดลูกผสมที่ไม่เป็นหมันได้ทุกคู่ผสม และสอดคล้องกับผลจากการศึกษาของ Congchuensin (1972) ซึ่งนำโทรระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ มาผสมพันธุ์กันและพบว่า มีเพียง โทรระพาและแมงลักที่สามารถผสมพันธุ์กันแล้วทำให้เกิดลูกผสมที่ไม่เป็นหมันได้

การศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์

เซลล์พันธุศาสตร์เป็นการศึกษาส่วนประกอบของเซลล์ที่มีความเกี่ยวข้องกับการถ่ายทอด ลักษณะทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต นั่นคือโครโมโซม โดยที่การศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์จะ ครอบคลุมทั้งในเรื่องการใช้เทคนิคต่าง ๆ ที่ใช้ในการย้อมสีโครโมโซม การศึกษาการทำงานและการ เคลื่อนที่ของโครโมโซมระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิสและไมโอซิส การศึกษาจำนวน ขนาด และรูปร่างของโครโมโซม และนำมาจัดทำแคโรไทป์ รวมถึงศึกษาเกี่ยวกับความเปลี่ยนแปลงต่าง ๆ ที่เกิดขึ้นกับโครโมโซมทั้งในด้านโครงสร้าง และพฤติกรรมของโครโมโซม ซึ่งมีความเกี่ยวข้องกับการ ถ่ายทอดและการแสดงออกของยีน (Singh, 1993) ดังนั้นจึงสามารถนำข้อมูลที่ได้จากการศึกษาเซลล์ พันธุศาสตร์มาใช้ประโยชน์ในการสนับสนุนการศึกษานุกรมวิธานได้ ซึ่งโดยส่วนใหญ่จะใช้จำนวน โครโมโซมในการระบุชนิดพืช หรือใช้ในการอธิบายความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมระหว่างชนิดพืช เช่น การศึกษาจำนวนโครโมโซมพืชในสกุล *Lessingianthus* H. Rob. และ *Alstroemeria* L. รวมถึง การศึกษาจำนวนโครโมโซมพืชในวงศ์ Hyacinthaceae (Angulo and Dematteis, 2012; Baeza et al., 2016; Hamouche et al., 2010) นอกจากนี้เซลล์พันธุศาสตร์ยังใช้อธิบายการเกิด วิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตเพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ได้ เช่น การศึกษาเซลล์ พันธุศาสตร์ในข้าวสาลีซึ่งเริ่มมีการศึกษาตั้งแต่ปี ค.ศ. 1918 มาจนถึงปัจจุบัน ทำให้เข้าใจกลไกการ เกิดวิวัฒนาการในพืชที่มีโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ และสามารถปรับปรุงพันธุกรรมของข้าวสาลีได้ ทำให้เกิดข้าวสาลีสายพันธุ์ใหม่ ๆ ขึ้นจำนวนมาก (Gupta, Kulwal, and Rustgi, 2005)

จากการศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชในปัจจุบัน พบว่าพืชส่วนใหญ่รวมถึงข้าวสาลี มีการเกิด polyploidization ขึ้นมาแล้วอย่างน้อย 1 ครั้ง หลังจากเกิด polyploidization พืชจะมีการลดการเกิดรีคอมบิเนชันเพื่อให้โครโมโซมที่เข้ามาเข้าคู่กันต้องเป็นโฮโมโลกัสโครโมโซม (homologous chromosome) กันเท่านั้น เพื่อลดความผิดปกติของโครโมโซมระหว่างการแบ่ง นิวเคลียสแบบไมโอซิส เช่น การเกิด univalent หรือ multivalent (Lopez et al., 2013) ซึ่งการลด การเกิดรีคอมบิเนชันเกิดขึ้นโดยการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม (structural chromosome rearrangements) (Auger and Sheridan, 2012) ทั้งนี้กระบวนการทั้งหมด หลังจากการเกิด polyploidization มีวัตถุประสงค์เพื่อให้พืชปรับตัวอยู่ในสภาวะที่คล้ายกับดิพลอยด์ มากที่สุด ซึ่งเรียกกระบวนการนี้ว่าการเกิด diploidization (Lysak et al., 2006) ซึ่งการเกิด

polyploidization ร่วมกับการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม อาจทำให้พืชไม่สามารถผสมพันธุ์กับประชากรเดิมได้ ซึ่งจะส่งผลให้เกิดเป็นพืชชนิดใหม่ที่มีจำนวนโครโมโซมแตกต่างจากเดิม (Ramsey, 2011) หรืออาจกล่าวได้ว่าความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมสามารถเกิดได้จาก 2 สาเหตุ ได้แก่ การเพิ่มจำนวนโครโมโซมผ่านกระบวนการ polyploidization และการลดจำนวนโครโมโซมผ่านกระบวนการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมแบบต่าง ๆ (Lysák and Schubert, 2013) ดังนี้

1. ดูพลิเคชัน (duplication) เกิดจากการเพิ่มจำนวนของชิ้นส่วนของโครโมโซมที่ไม่มีส่วนของเซนโทรเมียร์รวมอยู่ด้วย ซึ่งไปแทรกอยู่บนโครโมโซมเดิม หรือโครโมโซมที่เป็นโฮโมโลกัสโครโมโซมกัน เนื่องจากบนโครโมโซมนั้นมีจุดแตกหัก 1 จุด ส่งผลให้โครโมโซมมีชิ้นส่วนของโครโมโซมที่ซ้ำกันเพิ่มขึ้น

2. ดีลีชัน (deletion) เกิดจากการแตกหักบนโครโมโซม ทำให้ชิ้นส่วนของโครโมโซมที่ไม่มีเซนโทรเมียร์รวมอยู่ด้วยขาดหายไป สามารถแบ่งได้เป็น 2 ชนิด

2.1 เทอร์มินอล ดีลีชัน (terminal deletion) เกิดการแตกหัก 1 จุด บนโครโมโซม ทำให้ชิ้นส่วนโครโมโซมตั้งแต่จุดแตกหักจนถึงปลายโครโมโซมหายไป

2.2 อินเทอร์สทิเชียล ดีลีชัน (interstitial deletion) เกิดการแตกหัก 2 จุด บนโครโมโซม และจุดแตกหัก 2 จุด กลับมาเชื่อมติดกัน ทำให้ชิ้นส่วนของโครโมโซมที่อยู่ระหว่างจุดแตกหักหายไป

3. อินเวอร์ชัน (inversion) เกิดจากการแตกหัก 2 จุด บนโครโมโซม และชิ้นส่วนโครโมโซมที่อยู่ระหว่างจุดแตกหักกลับมาเชื่อมเข้ากับโครโมโซมแท่งเดิมในทิศทางกลับกัน ดังนั้นการเกิดอินเวอร์ชันจึงไม่ทำให้ชิ้นส่วนของโครโมโซมเพิ่มขึ้นมาหรือขาดหายไป แต่ส่งผลให้การเรียงลำดับของยีนบนโครโมโซมเปลี่ยนไป การเกิดอินเวอร์ชันสามารถแบ่งได้เป็น 2 ชนิด

3.1 พาราเซนทริก อินเวอร์ชัน (paracentric inversion) จุดแตกหักอยู่บนแขนข้างเดียวกันของโครโมโซม ทำให้ชิ้นส่วนโครโมโซมที่เกิดอินเวอร์ชันไม่มีเซนโทรเมียร์รวมอยู่

3.2 เพอริเซนทริก อินเวอร์ชัน (pericentric inversion) จุดแตกหักอยู่บนแขนคนละข้างกันของโครโมโซม ทำให้ชิ้นส่วนโครโมโซมที่เกิดอินเวอร์ชันมีเซนโทรเมียร์รวมอยู่ด้วย

4. ทรานสโลเคชัน (translocation) เกิดจากการแตกหักบนโครโมโซม และชิ้นส่วนโครโมโซมที่แตกหักออกมาไปเชื่อมกับโครโมโซมที่ไม่ใช่โฮโมโลกัสโครโมโซมกัน ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนของโครโมโซมระหว่างโครโมโซมที่ไม่ใช่โฮโมโลกัสโครโมโซมกัน แบ่งได้เป็น 3 ชนิด

4.1 ซิมเปิ้ล ทรานสโลเคชัน (simple translocation) เกิดจากการแตกหัก 1 จุด บนโครโมโซม และชิ้นส่วนของโครโมโซมตั้งแต่จุดแตกหักไปจนถึงปลายโครโมโซมไปเชื่อมต่อกับโครโมโซมที่ไม่ใช่โฮโมโลกัสโครโมโซมกัน

4.2 ชิฟท์ ทรานสโลเคชัน (shift translocation) เกิดจากการแตกหัก 2 จุด บนโครโมโซม และชิ้นส่วนที่แตกหักออกมาไปแทรกอยู่บนโครโมโซมที่ไม่ใช่โฮโมโลกัสโครโมโซมกัน ที่มีจุดแตกหัก 1 จุด

4.3 รีซิโพรคอล ทรานสโลเคชัน (reciprocal translocation) เกิดจากการแตกหัก 2 จุด บนโครโมโซม 2 แห่ง (โครโมโซมแต่ละแห่งเกิดการแตกหัก 1 จุด) ที่ไม่ใช่โฮโมโลกัสโครโมโซมกัน และชิ้นส่วนของโครโมโซมตั้งแต่จุดแตกหักไปจนถึงปลายโครโมโซมไปเชื่อมต่อกับโครโมโซมสลับแห่งกัน ทั้งนี้หากรีซิโพรคอล ทรานสโลเคชันเกิดขึ้นกับโครโมโซม 2 แห่ง ที่มีรูปร่างอะโครเซนทริก และจุดแตกหักบนโครโมโซมทั้ง 2 นั้น อยู่บนแขนข้างสั้นของโครโมโซม จะส่งผลให้โครโมโซมแบบอะโครเซนทริก 2 แห่ง เปลี่ยนเป็นโครโมโซมแบบเมทาเซนทริกหรือ ซับเมทาเซนทริก 1 แห่ง เรียกการทรานสโลเคชันแบบนี้ว่า โรเบิร์ตโซเนียน ทรานสโลเคชัน (Robertsonian translocation)

5. เซนทริก ฟิชชัน (centric fission) เกิดจากการแตกหักบนโครโมโซมที่มีรูปร่างเมทาเซนทริก ที่ตำแหน่งเซนโทรเมียร์ ทำให้โครโมโซมแห่งนั้นกลายเป็นโครโมโซมที่มีรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แห่ง ทั้งนี้การเกิดเซนทริก ฟิชชัน มักพบในสัตว์มากกว่าพืช

การศึกษาทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพา

จากการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพาทั่วโลกพบความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาทั้งระหว่างชนิดและภายในชนิดเดียวกัน ดังแสดงในตารางที่ 1 กล่าวคือ มีการรายงานว่า แมงกะเขงมีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ และ 26 โหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ 50 52 53 56 72 และ 74 แมงลักมีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ และ 72 กะเพรมีจำนวนโครโมโซม $2n = 32$ 36 และ 76 และยี่ห่วยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ (Carović-Stanko et al., 2010; Edet and Aikpokpodion, 2014; Khosla and Sobti, 1985; Khosla, 1995; Morton, 1962; Mukherjee and Datta, 2006; Mukherjee et al., 2005; Paton and Putievsky, 1996) ในขณะที่ในประเทศไทยมีการรายงานความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาทั้งระหว่างชนิดและภายในชนิดเดียวกันเช่นกัน ดังแสดงในตารางที่ 2 โดยโหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ และ 52 กะเพรมีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ ยี่ห่วยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ และแมงลักมีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ (Congchuensin, 1972; Paton and Putievsky, 1996) ซึ่งจำนวนโครโมโซมของแมงลักที่พบในประเทศไทยยังแตกต่างจากจำนวนโครโมโซมของแมงลักที่มีการรายงานในต่างประเทศ

จากความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาดังแสดงในตารางที่ 1 และ 2 ทำให้นักวิจัยหลายคนสรุปว่าพืชสกุลโหระพามี basic chromosome number มากกว่า 2 ค่า ประกอบด้วย $x = 8, 9, 10, 12$ หรือ 16 (Carović-Stanko et al., 2010; Khosla and Sobti, 1985; Khosla, 1995; Morton, 1962) แต่จากผลการศึกษา secondary chromosome association ซึ่งเป็นการศึกษาการรวมกลุ่มกันของโครโมโซมมากกว่า 2 แห่ง หรือการรวมกลุ่มของ bivalent ในระยะ metaphase I ระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส เพื่อใช้ในการระบุ basic chromosome number ของพืชสกุลโหระพา 4 ชนิด ได้แก่ โหระพา แมงกะแซง กะเพรา และยี่หระ โดย Mukherjee และ Datta (2006) และ Mukherjee และคณะ (2005) พบว่า เซลล์ในระยะ metaphase I ของพืชสกุลโหระพา ทั้ง 4 ชนิด ส่วนใหญ่มีการรวมกลุ่มของ bivalent เป็น 12 กลุ่ม ดังนั้นพืชสกุลโหระพาน่าจะมี basic chromosome number เป็น $x = 12$ และมีการเปลี่ยนแปลงไปเป็นจำนวนต่าง ๆ ผ่านการเกิด polyploidization ร่วมกับการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม นอกจากนี้ Mehra และ Gill (1972) เชื่อว่า basic chromosome number ของพืชสกุลโหระพาทุกชนิด คือ $x = 8$

ตารางที่ 1 จำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาที่มีการศึกษาจากทั่วโลก

ชนิด	จำนวนโครโมโซม	อ้างอิง	
แมงกะแซง	$2n=24$	Khosla, 1995	
		Morton, 1962	
	$2n=26$	Pushpangadan and Sobti, 1982	
		Khosla, 1995	
		Mukherjee and Datta, 2006	
		Pushpangadan and Sobti, 1982	
โหระพา	$2n=48$	Carovic'-Stanko et al., 2010	
		Edet and Aikpokpodion, 2014	
		Khosla, 1995	
		Mehra and Gill, 1970	
	$2n=52$	Morton, 1962	
		Mukherjee et al., 2005	
		Paton and Putievsky, 1996	
		$2n=53$	Paton and Putievsky, 1996
			$2n=56$
$2n=60$	Edet and Aikpokpodion, 2014		

ชนิด	จำนวนโครโมโซม	อ้างอิง
โหระพา	2n=72	Carovic'-Stanko et al., 2010 Mukherjee et al., 2005 Paton and Putievsky, 1996
	2n=74	Paton and Putievsky, 1996
แมงลัก	2n=72	Carovic'-Stanko et al., 2010 Khosla, 1995
กะเพรา	2n=32	Khosla, 1995 Mehra and Gill, 1970
	2n=36	Carovic'-Stanko et al., 2010
	2n=76	Mukherjee and Datta, 2006 Paton and Putievsky, 1996
	2n=40	Carovic'-Stanko et al., 2010 Khosla, 1995 Morton, 1962
ยี่หระ	2n=48	Morton, 1962

ตารางที่ 2 จำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทย

ชนิด	จำนวนโครโมโซม	อ้างอิง
โหระพา	2n=48	Congchuensin, 1972
	2n=52	Paton and Putievsky, 1996
แมงลัก	2n=64	Congchuensin, 1972 Paton and Putievsky, 1996
	2n=36	Congchuensin, 1972
ยี่หระ	2n=40	Congchuensin, 1972

อย่างไรก็ตามการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของพืชสกุลโหระพาส่วนใหญ่มีรายงานเพียงจำนวนโครโมโซม ส่วนการศึกษาขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมยังคงมีไม่มาก และในประเทศไทยยังไม่เคยมีรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซง ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงสนใจศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ทั้งในเรื่องจำนวน ขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพา โดยจะศึกษาทั้งความสัมพันธ์ภายในพืชชนิดเดียวกันและความสัมพันธ์ระหว่างพืชต่างชนิดกัน ซึ่งคาดว่าข้อมูลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้จะสามารถนำไปใช้

ประโยชน์ในการอธิบายการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมซึ่งอาจมีความสัมพันธ์กับการเกิดพืชชนิดใหม่
ในสกุลโหระพา รวมถึงสนับสนุนการศึกษาอนุกรมวิธาน และการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาได้
ต่อไป



บทที่ 3

อุปกรณ์ และวิธีดำเนินการศึกษา

อุปกรณ์

- กล้องจุลทรรศน์แบบใช้แสง รุ่น BX 51 (Olympus, Japan) พร้อมกล้องถ่ายภาพ Olympus รุ่น DP 71
- กล้องจุลทรรศน์แบบสเตอริโอ (Olympus, Japan)
- กรวยกรอง (Pyrex, USA)
- กระจกปิดสไลด์ (Thermoscientific, Germany)
- กระดาษกรอง (Whatman, UK)
- กระบอกตวง (Pyrex, USA)
- ขวดรูปชมพู่ (Pyrex, USA)
- เข็มเขี่ย
- เครื่องกวนสารให้ความร้อน (Fisher scientific, USA)
- เครื่องชั่งสารแบบละเอียด 4 ตำแหน่ง รุ่น AG285 (Mettler Toledo, Switzerland)
- จานเพาะเชื้อ (Pyrex, USA)
- ข้อนตักสาร
- น้ำยาทาเล็บแบบใส
- ปีกเกอร์ (Schott, Germany)
- ปากคีบ (Mira, Germany)
- พาราฟิล์ม (Bemis, USA)
- สไลด์ (Sail brand, UK)
- หลอดทดลอง ขนาด 1.5 มิลลิลิตร (Axygen, Germany)
- หลอดทดลอง ขนาด 5 มิลลิลิตร (Axygen, Germany)

สารเคมี

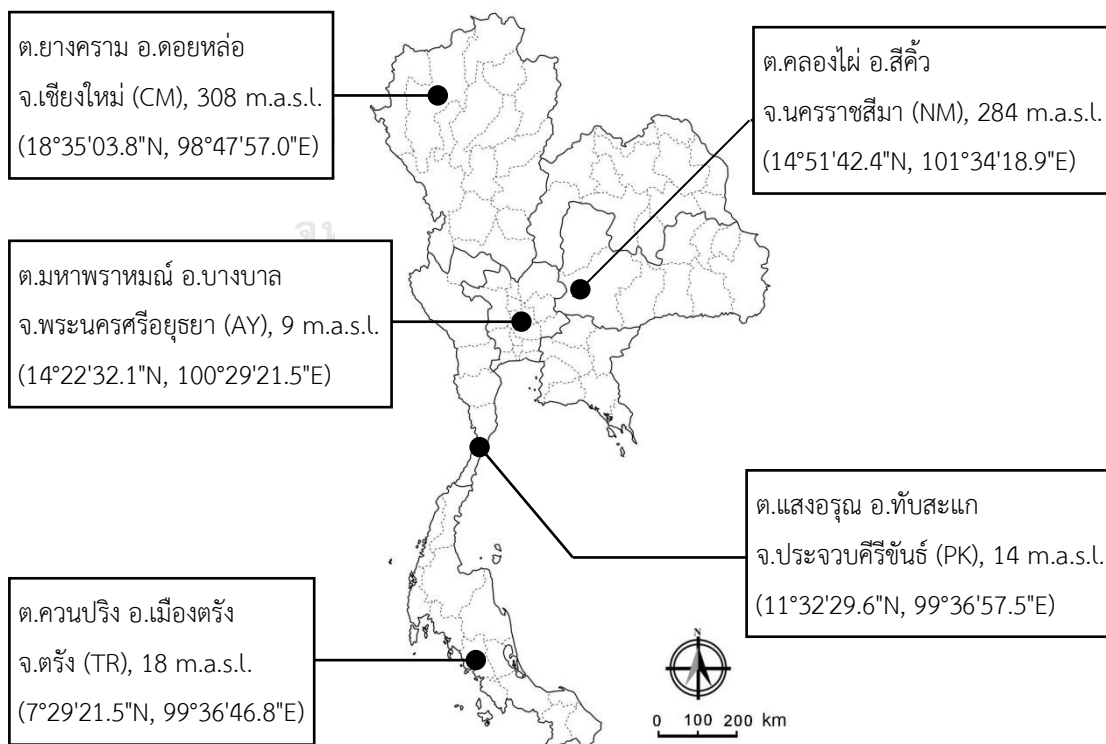
- กรดไฮโดรคลอริก (hydrochloric acid; HCl) (Merck, Germany)
- กรดแอสติก (acetic acid) (Merck, Germany)
- พารา-ไดคลอโรเบนซีน (*para*-dichlorobenzene) (Sigma, USA)

- ออร์ซีน (orcein) (Merck, Germany)
- เอทานอล (ethanol) (Merck, Germany)

วิธีดำเนินการ

1. การเก็บตัวอย่างพืช

พืชสกุลโหระพาที่ใช้ในการศึกษาประกอบด้วย แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ โดยแหล่งที่มาของตัวอย่างพืชที่ศึกษาได้มาจากการเก็บตัวอย่างจากธรรมชาติ หรือจากครัวเรือนที่ปลูกพืชสกุลโหระพาเพื่อการบริโภค โดยเก็บตัวอย่างโหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ ชนิดละอย่างน้อย 12 ต้น ประกอบด้วย ตัวอย่างจากตำบลยางคราม อำเภอดอยหล่อ จังหวัดเชียงใหม่ (CM) ตำบลคลองไผ่ อำเภอสีคิ้ว จังหวัดนครราชสีมา (NM) ตำบลมหาพราหมณ์ อำเภอบางบาล จังหวัดพระนครศรีอยุธยา (AY) และตำบลควนปริง อำเภอเมืองตรัง จังหวัดตรัง (TR) ซึ่งมีความสูงเหนือระดับน้ำทะเลปานกลางดังแสดงในรูปที่ 2 พื้นที่ละ 3 ต้น สำหรับแมงกะแซงจะเก็บตัวอย่างจากตำบลแสงอรุณ อำเภอบ้านสระแก จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ (PK) จำนวน 3 ต้น และระบุชนิดของพืชสกุลโหระพาโดยอ้างอิงจากเอกสารของ Suddee และคณะ (2005) พร้อมทั้งทำ voucher specimen ของพืชสกุลโหระพาที่เก็บจากแต่ละแหล่งชนิดละอย่างน้อย 1 ตัวอย่าง



รูปที่ 2 พิกัดและความสูงเหนือระดับน้ำทะเลปานกลางของพื้นที่ในการเก็บตัวอย่างพืชสกุลโหระพา

2. การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิส

ดัดแปลงจากวิธีการของ Sharma และ sharma (1999) และ Singh (1993)

2.1 การเก็บตัวอย่างราก

ตัดปลายรากแซในพารา-ไดคลอโรเบนซีน แล้วนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 27 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1-3 ชั่วโมง แล้วล้างรากด้วยน้ำกลั่น จากนั้นย้ายรากลงในสารละลาย fixative (ประกอบด้วย 95% ethanol และ glacial acetic acid ในอัตราส่วน 3:1) ที่เตรียมใหม่ ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 1 ชั่วโมง ในระหว่างนี้เปลี่ยนสารละลาย fixative 1 ครั้ง เก็บรักษารากไว้ในสารละลาย fixative ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะทำการทดลองขั้นต่อไป

2.2 การเตรียมโครโมโซมจากราก

นำปลายรากมาวางบนสไลด์ หยดสารละลาย 1 N HCl ลงไป บ่มที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา ประมาณ 15 นาที จากนั้นย้อมด้วยสีย้อม 1% aceto-orcein ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลาประมาณ 15 นาที แล้วจึงปิดด้วยแผ่นแก้วปิดสไลด์ ใช้ปลายเข็มเขี่ยค่อย ๆ เคาะตรงตำแหน่งที่มีปลายรากเพื่อให้เซลล์กระจายออกจากกัน จากนั้นกดเบา ๆ เพื่อให้เซลล์แบน นำสไลด์ไปตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์แบบใช้แสง Olympus รุ่น BX 51 แล้วถ่ายภาพเซลล์ที่โครโมโซมมีการกระจายตัวดีด้วยกล้องถ่ายภาพ Olympus รุ่น DP 71

2.3 การทำแคริโอไทป์

ทำแคริโอไทป์ของพืชสกุลโหระพา ทั้งหมด 10 เซลล์ ในพืชแต่ละต้น โดยวัดความยาวแขนข้างสั้น (Ls) และแขนข้างยาว (LL) ของโครโมโซมจากภาพถ่าย แล้วนำมาคำนวณค่า RL (relative length) และ arm ratio เพื่อใช้ในการจับคู่และจำแนกรูปร่างของโครโมโซม ตามวิธีการของ Levan Fredga และ Sandberg (1964) โดยที่ RL มีค่าเท่ากับ ความยาวของโครโมโซมแต่ละแท่ง ($LT = Ls+LL$) ทหารด้วยผลรวมของความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คูณด้วยหนึ่งร้อย ส่วน arm ratio มีค่าเท่ากับความยาวแขนข้างยาวหารด้วยความยาวแขนข้างสั้น (LL / Ls) โดยที่ค่า RL จะใช้ในการจับคู่โครโมโซม โดยโครโมโซมที่เป็นคู่กันจะมีค่า RL เท่ากันหรือใกล้เคียงกันมาก สำหรับการจำแนกรูปร่างของโครโมโซมจะใช้ค่า arm ratio โดยที่โครโมโซมเมทาเซนทริก (m) มีค่าระหว่าง 1.00 – 1.70 โครโมโซมซับเมทาเซนทริก (sm) มีค่าระหว่าง 1.70 – 3.00 โครโมโซมอะโครเซนทริก หรือสับเทโลเซนทริก (a) มีค่าระหว่าง 3.00 – 7.00 และโครโมโซมเทโลเซนทริก (t) มีค่ามากกว่า 7.00 และจำแนกขนาดของโครโมโซมจากค่าความยาวของโครโมโซมตามวิธีการของกันยาร์ตัน ไฮสตุต (2532) โดยที่โครโมโซมขนาดใหญ่ (large: L) มีความยาวมากกว่าครึ่งหนึ่งของผลบวกระหว่างความยาวโครโมโซมคูที่ยาวที่สุดและคูที่สั้นที่สุด โครโมโซมขนาดกลาง (medium: M) มีความยาวน้อยกว่าครึ่งหนึ่งของผลบวกระหว่างความยาวโครโมโซมคูที่ยาวที่สุดและคูที่สั้นที่สุดแต่มากกว่า

ครึ่งหนึ่งของความยาวของโครโมโซมคู่ที่ยาวที่สุด และโครโมโซมขนาดเล็ก (small: S) มีความยาวน้อยกว่าครึ่งหนึ่งของความยาวของโครโมโซมคู่ที่ยาวที่สุด

2.4 การวิเคราะห์ข้อมูล

เปรียบเทียบแคโรไทป์ของพืชสกุลโหระพาทั้งจำนวน ขนาด และรูปร่างของโครโมโซมระหว่างพืชสกุลโหระพาต่างชนิดกัน และระหว่างพืชสกุลโหระพาชนิดเดียวกันที่เก็บตัวอย่างมาจากพื้นที่แตกต่างกัน

3. การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส

ดัดแปลงจากวิธีการของ Sharma และ Sharma (1999)

3.1 การเก็บตัวอย่างดอก

เก็บตัวอย่างดอกอ่อนขนาดต่าง ๆ ในช่อดอกมาใส่ในสารละลาย fixative ที่เตรียมใหม่ ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 12 ชั่วโมง แล้วล้างด้วย 95% ethanol 3 ครั้ง ครั้งละ 5 นาที เก็บดอกใน 70% ethanol ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะทำการทดลองขั้นต่อไป

3.2 การเตรียมโครโมโซมจากดอก

เลือกดอกที่มีขนาดเหมาะสม วางดอกบนสไลด์ เชีย้อับเรณูออกมา แล้วเชียส่วนอื่น ๆ ของดอกทิ้ง หยดสีย้อม 1% aceto-orcein ลงไป 1-2 หยด แล้วใช้เข็มเชียฉีกอับเรณูเพื่อให้ pollen mother cell แยกออกมาจากอับเรณู เชียเศษอับเรณูออก ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 5 นาที แล้วปิดด้วยแผ่นแก้วปิดสไลด์ จากนั้นกดเบา ๆ เพื่อให้เซลล์แบน นำสไลด์ไปตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์แบบใช้แสง Olympus รุ่น BX 51 ศึกษาพฤติกรรมของโครโมโซมระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส ในระยะ metaphase I แล้วถ่ายภาพเซลล์ที่อยู่ระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส ในระยะ metaphase I จำนวนอย่างน้อย 10 เซลล์ ในพืชแต่ละต้น

3.3 การวิเคราะห์ข้อมูล

วิเคราะห์ข้อมูลพฤติกรรมของโครโมโซมระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส ในระยะ metaphase I โดยนับจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ จากการเข้าคู่กันของฮอโมโลกัสโครโมโซม โดยที่ rod bivalent จะมี 1 ไคแอสมา และ ring bivalent จะมี 2 ไคแอสมา แล้วทดสอบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ในพืชสกุลโหระพาแต่ละชนิด และในพืชชนิดเดียวกันที่เก็บมาจากต่างพื้นที่กัน ด้วยวิธี Tukey's test ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 % โดยใช้โปรแกรม SPSS 17.0 (SPSS Inc, USA) นอกจากนี้บันทึกข้อมูลความผิดปกติของการเข้าคู่กันระหว่างฮอโมโลกัสโครโมโซม เช่น การเกิด univalent หรือ multivalent

บทที่ 4

ผลการศึกษา

การเก็บตัวอย่างพืช

พืชสกุลโหระพาที่ใช้ในการศึกษานี้ประกอบด้วย แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ ได้รับการระบุชนิดโดยอ้างอิงจากเอกสารของ Suddee และคณะ (2005) พร้อมทั้งทำ voucher specimen เก็บรักษาอยู่ที่พิพิธภัณฑ์พืช ศ.กสิน สุวตะพันธุ์ ภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย (BCU) โดยมีชื่อและหมายเลขผู้เก็บ (collector name และ collector number) ดังตารางที่ 3 ทั้งนี้พืชสกุลโหระพาแต่ละชนิดที่ได้มาจากการเก็บตัวอย่างมีลักษณะสัณฐานวิทยา ดังนี้ (รูปที่ 3)

ตารางที่ 3 หมายเลข voucher specimen ของพืชสกุลโหระพาจากพื้นที่ต่าง ๆ ที่เก็บรักษาอยู่ที่พิพิธภัณฑ์พืช ศ.กสิน สุวตะพันธุ์ ภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ชนิด	พื้นที่เก็บตัวอย่าง	รหัสพื้นที่เก็บตัวอย่าง	ชื่อและหมายเลขผู้เก็บ
แมงกะแซง	ต.แสงอรุณ อ.ทับสะแก จ.ประจวบคีรีขันธ์	PK	P. Lekhapan 1
โหระพา	ต.ยางคราม อ.ดอยหล่อ จ.เชียงใหม่	CM	P. Lekhapan 2
	ต.คลองไผ่ อ.สีคิ้ว จ.นครราชสีมา	NM	P. Lekhapan 3
	ต.มหาพราหมณ์ อ.บางบาล จ.พระนครศรีอยุธยา	AY	P. Lekhapan 4
	ต.ควนปริง อ.เมืองตรัง จ.ตรัง	TR	P. Lekhapan 6
แมงลัก	ต.ยางคราม อ.ดอยหล่อ จ.เชียงใหม่	CM	P. Lekhapan 7
	ต.คลองไผ่ อ.สีคิ้ว จ.นครราชสีมา	NM	P. Lekhapan 8
	ต.มหาพราหมณ์ อ.บางบาล จ.พระนครศรีอยุธยา	AY	P. Lekhapan 9
	ต.ควนปริง อ.เมืองตรัง จ.ตรัง	TR	P. Lekhapan 11
กะเพรา	ต.ยางคราม อ.ดอยหล่อ จ.เชียงใหม่	CM	P. Lekhapan 12
	ต.คลองไผ่ อ.สีคิ้ว จ.นครราชสีมา	NM	P. Lekhapan 13
	ต.มหาพราหมณ์ อ.บางบาล จ.พระนครศรีอยุธยา	AY	P. Lekhapan 14
	ต.ควนปริง อ.เมืองตรัง จ.ตรัง	TR	P. Lekhapan 16
ยี่หระ	ต.ยางคราม อ.ดอยหล่อ จ.เชียงใหม่	CM	P. Lekhapan 17
	ต.คลองไผ่ อ.สีคิ้ว จ.นครราชสีมา	NM	P. Lekhapan 18
	ต.มหาพราหมณ์ อ.บางบาล จ.พระนครศรีอยุธยา	AY	P. Lekhapan 19
	ต.ควนปริง อ.เมืองตรัง จ.ตรัง	TR	P. Lekhapan 21

1 แมงกะแซง

แมงกะแซงเป็นไม้ล้มลุกถึงไม้พุ่มขนาดเล็ก สูงได้ถึง 55 เซนติเมตร ลำต้นเป็นเหลี่ยมกิ่งกลม ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ บริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบเป็นรูปใบหอกถึงรูปไข่ ปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบจักฟันเลื่อย มีขนาด 8 - 33 x 5 - 15 มิลลิเมตร ผิวใบด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนกระจายทั่วไปและมีขนยาวบริเวณเส้นใบ ก้านใบยาว 6 - 15 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้นที่มีทิศทางชี้ขึ้นข้างบนและขนยาวที่แผ่กางออก ช่อดอกไม่แน่น มีลักษณะเป็นช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อห่าง ๆ แต่ละชั้นมีระยะห่างได้ถึง 13 มิลลิเมตร ก้านช่อดอกถูกปกคลุมด้วยขนที่มีทิศทางชี้ขึ้นข้างบน ใบประดับเป็นรูปไข่ มีความยาว 4 - 5 มิลลิเมตร ปลายแหลม โคนเป็นรูปปลีมี ขอบใบมีขนยาวตรงและอ่อนนุ่มปกคลุม มีต่อมรูปร่างแบนกระจายเป็นจุด ๆ ตามผิว ก้านใบประดับโค้งลง ยาวประมาณ 2 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ กลีบเลี้ยงเป็นทรงรูประฆังคว่ำ ในระยะออกดอกมีความยาว 1.5 - 2 มิลลิเมตร ในระยะออกผลมีความยาว 3 - 3.5 มิลลิเมตร กลีบบนรูปร่างกลม เป็นครึ่งใบอยู่บนหลอดกลีบเลี้ยง ปลายมีติ่งเล็กและเรียวแหลมยื่นขึ้นไปจากส่วนที่มน กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยกลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปใบหอก และโค้งขึ้นด้านบน มีความยาวมากกว่ากลีบบน ส่วนกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปคล้ายสามเหลี่ยมด้านเท่า ปลายแหลม มักจะมีขนาดยาวเท่ากับกลีบบน หลอดกลีบเลี้ยงด้านนอกไม่มีขน ด้านในมีขนยาวซึ่งสานกันไปมาเป็นวงรอบเฉพาะบริเวณหลอดกลีบเลี้ยงที่พองออกมา กลีบดอกมีสีขาว ยาว 4 - 5 มิลลิเมตร กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก โดยกลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปขอบขนาน ส่วนกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปขอบขนานถึงรูปไข่กลับ กลีบปากล่างมี 1 แฉก เป็นรูปขอบขนาน ตรงกลางของกลีบปากล่างเป็นแอ่งคล้ายเรือ โคนหลอดกลีบดอกตั้งตรงและไม่มีขน เกสรเพศผู้มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบดอก เกสรเพศผู้ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนปกคลุมในแนวขวางอยู่ที่โคน ก้านยอดเกสรเพศเมีย ปลายแยกเป็น 2 แฉก ผลเป็นแบบผลแห้งที่แก่แล้วไม่แตกขนาดเล็ก มีสีดำ เป็นทรงรูปขอบขนาน ผิวเรียบ และมีการสร้างเมือกเมื่อเปียก

2. โหระพา

โหระพาเป็นไม้ล้มลุกถึงไม้พุ่มขนาดเล็ก สูงได้ถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเหลี่ยมกิ่งกลม ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ บริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบมีสีเขียวเข้ม เป็นรูปไข่ ปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบเป็นจักฟันเลื่อยห่าง ๆ มีขนาด 10 - 50 x 4 - 23 มิลลิเมตร ผิวใบด้านบนเกลี้ยง ผิวใบด้านล่างมีขนกระจายทั่วไปและมีขนยาวบริเวณเส้นใบ ก้านใบยาวได้ถึง 22 มิลลิเมตร ช่อดอกไม่แน่น มีลักษณะเป็นช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อห่าง ๆ แต่ละชั้นมีระยะห่างได้ถึง 15 มิลลิเมตร ก้านช่อดอกถูกปกคลุมด้วยขนที่มีทิศทางชี้ขึ้นข้างบน ใบประดับเป็น

รูปไข่แกมรูปรี ยาวได้ถึง 8 มิลลิเมตร มีปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบมีขนยาวตรงและอ่อนนุ่มปกคลุม มีต่อมรูปร่างแบนกระจายเป็นจุด ๆ ตามผิว เห็นเส้นกลางใบชัดเจน ก้านใบประดับโค้งลง ยาวประมาณ 4 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ กลีบเลี้ยงเป็นทรงรูปประฆังคว่ำ ในระยะออกดอกมีความยาวประมาณ 5 มิลลิเมตร ในระยะเป็นผลมีความยาวประมาณ 7 มิลลิเมตร กลีบบนรูปรางกลม เป็นครีบบนหลอดกลีบเลี้ยง ปลายมีติ่งเล็กและเรียวแหลมยื่นขึ้นไปจากส่วนที่มน กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยกลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปใบหอกและโค้งขึ้นด้านบน มีความยาวมากกว่ากลีบบน ส่วนกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปคล้ายสามเหลี่ยมด้านเท่า ปลายเป็นติ่งแหลม มักจะมีขนาดยาวเท่ากลีบปากบน หลอดกลีบเลี้ยงด้านนอกไม่มีขน ด้านในมีขนยาวซึ่งสานกันไปมาเป็นวงรอบเฉพาะบริเวณหลอดกลีบเลี้ยงที่พองออกมา กลีบดอกมีสีขาว หรือม่วง ยาว 7 - 8 มิลลิเมตร กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก แต่ละแฉกเป็นรูปขอบขนาน กลีบปากล่างมี 1 แฉก เป็นรูปขอบขนาน ตรงกลางของกลีบปากล่างเป็นแอ่งคล้ายเรือ โคนหลอดกลีบดอกตั้งตรงและไม่มีขน เกสรเพศผู้มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบดอก เกสรเพศผู้ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนปกคลุมในแนวขวางอยู่ที่โคน ก้านยอดเกสรเพศเมียปลายแยกเป็น 2 แฉก ผลเป็นแบบผลแยกเป็นพวงผลเปลือกแข็ง มีสีน้ำตาลเข้ม เป็นทรงรูปขอบขนาน ผิวเรียบ และมีการสร้างเมือกเมื่อเปียก

3. แมงลัก

แมงลักเป็นไม้ล้มลุกถึงไม้พุ่มขนาดเล็ก สูงได้ถึง 70 เซนติเมตร ลำต้นเป็นเหลี่ยมกิ่งกลม ปกคลุมด้วยขนสั้นที่มีลักษณะกางออกและชี้ขึ้นข้างบนหนาแน่น โดยที่ขนค่อนข้างยาวบริเวณปล้องบริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบเป็นรูปไข่แกมรูปรี ปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบจักฟันเลื่อยห่าง ๆ มีขนาด 7 - 50 x 5 - 23 มิลลิเมตร ผิวใบด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนกระจายทั่วไปและมีขนยาวบริเวณเส้นใบ ก้านใบยาวได้ถึง 20 มิลลิเมตร ถูกปกคลุมด้วยขนสั้นมีลักษณะชี้ขึ้นข้างบนและขนยาวที่กางออกด้านข้าง ช่อดอกไม่แน่น มีลักษณะเป็นช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อห่าง ๆ แต่ละชั้นมีระยะห่างได้ถึง 15 มิลลิเมตร ก้านช่อดอกถูกปกคลุมด้วยขนที่มีทิศทางชี้ขึ้นข้างบนหนาแน่น ใบประดับรูปไข่แกมรูปรี ยาวได้ถึง 8 มิลลิเมตร ปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบมีขนยาวตรงและอ่อนนุ่มปกคลุม มีต่อมรูปร่างแบนกระจายเป็นจุด ๆ ตามผิว ก้านใบประดับโค้งลง ยาว 2 - 3 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้นที่กางออก กลีบเลี้ยงเป็นทรงรูปประฆังคว่ำ ในระยะออกดอกมีความยาว 2.5 - 3 มิลลิเมตร ในระยะเป็นผลมีความยาว 5.5 - 6 มิลลิเมตร กลีบบนรูปรางกลม เป็นครีบบนหลอดกลีบเลี้ยง ปลายมีติ่งเล็กและเรียวแหลมยื่นขึ้นไปจากส่วนที่มน กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยกลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปใบหอกและโค้งขึ้นด้านบน มีความยาวมากกว่ากลีบบน ส่วนกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปคล้ายสามเหลี่ยมด้านเท่า ปลายเป็นติ่งแหลม มักจะมีขนาดยาว

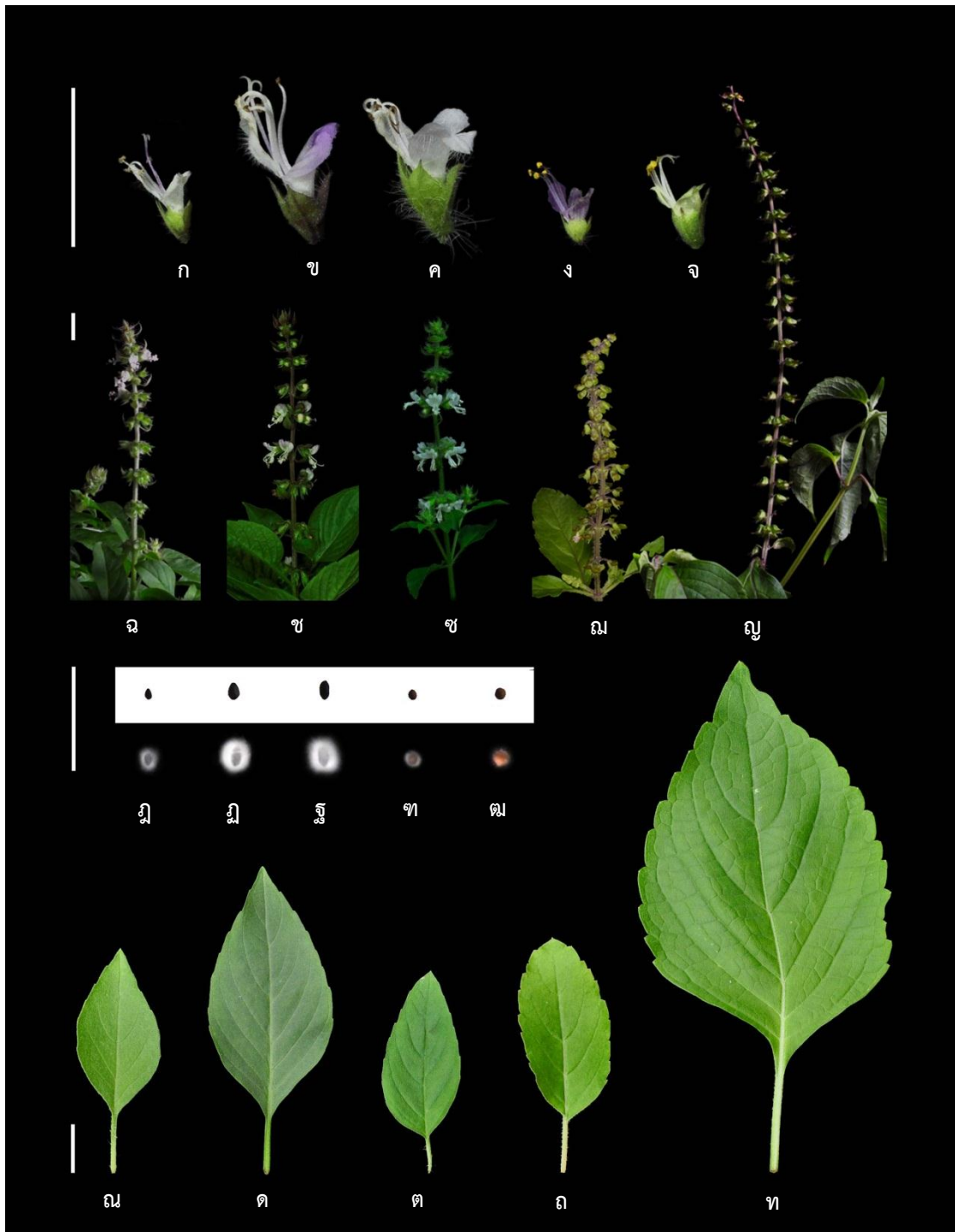
เท่ากลีบปากบน หลอดกลีบเลี้ยงด้านนอกไม่มีขน ด้านในมีขนยาวซึ่งสานกันไปมาเป็นวงรอบเฉพาะบริเวณหลอดกลีบเลี้ยงที่พองออกมา กลีบดอกมีสีขาว หรือม่วงอ่อน ยาว 4 - 5 มิลลิเมตร กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก แต่ละแฉกเป็นรูปขอบขนาน กลีบปากล่างมี 1 แฉก เป็นรูปขอบขนาน ตรงกลางของกลีบปากล่างเป็นแอ่งคล้ายเรือ โคนหลอดกลีบดอกตั้งตรงและไม่มีขน เกสรเพศผู้มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบดอก เกสรเพศผู้คู่ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนปกคลุมในแนวขวางอยู่ที่โคน ก้านยอดเกสรเพศเมียปลายแยกเป็น 2 แฉก ผลเป็นแบบผลแยกเป็นพวงผลเปลือกแข็ง มีสีดำ เป็นทรงรูปขอบขนาน มีความยาว 1 - 1.5 มิลลิเมตร ผิวเรียบ และมีการสร้างเมือกเมื่อเปียก

4. กะเพรา

กะเพราเป็นไม้พุ่มขนาดเล็ก สูงได้ถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเหลี่ยมกิ่งกลม ปกคลุมด้วยขนหยาบ ๆ และแข็ง บริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบเป็นรูปไข่ถึงรูปรี ปลายแหลม โคนมน ขอบจักฟันเลื่อยห่าง ๆ มีขนาด 7 - 55 x 5 - 27 มิลลิเมตร ผิวใบด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนกระจายทั่วไปและมีขนยาวบริเวณเส้นใบ ก้านใบยาวได้ถึง 25 มิลลิเมตร ถูกปกคลุมด้วยขนหยาบ ช่อดอกไม่แน่น มีลักษณะเป็นช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อ แต่ละชั้นมีระยะห่างได้ถึง 10 มิลลิเมตร ก้านช่อดอกถูกปกคลุมด้วยขนหยาบ ใบประดับรูปไข่ ยาวได้ถึง 4 มิลลิเมตร ปลายมีติ่งเล็กและเรียวแหลมยื่นขึ้นไปจากส่วนที่มน ก้านใบสั้นมาก มีเส้นขนละเอียด ตามขอบใบ ผิวใบปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ ก้านใบประดับโค้งลง ยาวประมาณ 3 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ กลีบเลี้ยงเป็นทรงรูปประฆังคว่ำ ในระยะออกดอกมีความยาว 1 - 2 มิลลิเมตร ในระยะเป็นผลมีความยาว 4 - 4.5 มิลลิเมตร กลีบบนรูปรางกลม เป็นครีบบนหลอดกลีบเลี้ยง ปลายมีติ่งเล็กและเรียวแหลมยื่นขึ้นไปจากส่วนที่มน กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยกลีบ 2 แฉกตรงกลางเป็นรูปใบหอกและโค้งขึ้นด้านบน มีความยาวมากกว่ากลีบปากบน ส่วนกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปคล้ายสามเหลี่ยมด้านเท่า ปลายแหลม มักจะมีขนาดยาวเท่ากลีบปากบน มีต่อมที่มีก้านสั้นมาก ๆ กระจายบนผิวด้านนอก กลีบดอกสีม่วงอมแดง ยาวประมาณ 3 มิลลิเมตร กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก แต่ละแฉกเป็นรูปขอบขนาน กลีบปากล่างมี 1 แฉก เป็นรูปขอบขนาน ตรงกลางของกลีบปากล่างเป็นแอ่งคล้ายเรือ โคนหลอดกลีบดอกตั้งตรงและไม่มีขน เกสรเพศผู้มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบดอก เกสรเพศผู้คู่ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนเป็นกลุ่มแน่น ๆ อยู่ที่โคน ก้านยอดเกสรเพศเมียปลายแยกเป็น 2 แฉก ผลเป็นแบบผลแยกเป็นพวงผลเปลือกแข็ง มีสีน้ำตาล เป็นทรงรูปไข่ มีความยาว 0.5 - 1 มิลลิเมตร ผิวเรียบ และมีการสร้างเมือกเล็กน้อยเมื่อเปียก

5. ยี่หระ

ยี่หระเป็นไม้พุ่มขนาดเล็ก สูงได้ถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเหลี่ยมกิ่งกลม ไม่มีขนปกคลุม บริเวณโคนต้นมักแข็งคล้ายมีเนื้อไม้ และมีการแตกกิ่งจำนวนมาก ใบแผ่กว้างเป็นรูปไข่ ปลายแหลม โคนรูปปลีมี ขอบจักฟันเลื่อยลึก ๆ มีขนาด 14 - 110 x 6 - 55 มิลลิเมตร ผิวใบด้านบนเกลี้ยง ด้านล่าง มีขนกระจายทั่วไปและมีขนยาวบริเวณเส้นใบ ก้านใบยาวได้ถึง 70 มิลลิเมตร มีขนอยู่ประปราย ช่อดอกไม่แน่น มีลักษณะเป็นช่อกระจุกเรียงรอบแกนช่อห่าง ๆ แต่ละชั้นมีระยะห่างได้ถึง 13 มิลลิเมตร ก้านช่อดอกถูกปกคลุมด้วยขนประปราย ใบประดับร่วงง่าย เป็นรูปไข่ฐานกว้าง มีความยาว 6 - 7 มิลลิเมตร ปลายเรียวแหลม โคนรูปปลีมี มีเส้นขนเล็ก ๆ ตามขอบใบ ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ ทั้ง 2 ด้าน ก้านใบประดับโค้งลง ยาว 2 - 3 มิลลิเมตร ปกคลุมด้วยขนสั้น ๆ กลีบเลี้ยงเป็นทรงรูปประฆังคว่ำ ในระยะออกดอกมีความยาว 2 - 3 มิลลิเมตร ในระยะเป็นผลมีความยาว 4 - 5.5 มิลลิเมตร กลีบบน รูปรีแกมกลม เป็นครีบบนยอดกลีบเลี้ยง ปลายแหลม กลีบล่างแยกเป็น 4 แฉก มีขนาดเท่ากัน และสั้นกว่ากลีบบนมาก โดยกลีบ 2 แฉกด้านข้างเป็นรูปใบหอก ส่วนกลีบ 2 แฉกตรงกลางแนบกับ กลีบบน และโค้งขึ้นมาปิดส่วนของหลอดกลีบเลี้ยงในระยะเป็นผล กลีบดอกมีสีขาวอมเขียว ยาว ประมาณ 5 มิลลิเมตร กลีบบนแยกเป็น 4 แฉก แต่ละแฉกเป็นรูปขอบขนาน กลีบปากล่างมี 1 แฉก เป็นรูปขอบขนาน ตรงกลางของกลีบปากล่างเป็นแอ่งคล้ายเรือ โคนหลอดกลีบดอกตั้งตรง เกสรเพศผู้ มี 4 เกสร อยู่เป็นคู่ยาวไม่เท่ากัน ยื่นพ้นมาจากหลอดกลีบดอก เชื่อมติดอยู่กับฐานของหลอดกลีบ ดอก เกสรเพศผู้ที่อยู่ด้านหน้าจะยาวกว่าคู่ที่อยู่ด้านหลัง และมีขนปกคลุมในแนวขวางอยู่ที่โคน ก้าน ยอดเกสรเพศเมียปลายแยกเป็น 2 แฉก ผลเป็นแบบผลแยกเป็นพวงผลเปลือกแข็ง มีสีน้ำตาล เป็นทรง ค่อนข้างกลม มีความยาว 1 - 1.5 มิลลิเมตร ผิวเรียบ และมีการสร้างเมือกเล็กน้อยเมื่อเปียก



รูปที่ 3 ลักษณะสัณฐานวิทยาของแมงกะแซง (ก ฉ ญ และ ณ) โหระพา (ช ซ ฎ และ ด) แมงลัก (ค ซ ฐ และ ต) กะเพรา (ง ณ ฑ และ ถ) และยี่หระ (จ ญ ฒ และ ท) ประกอบด้วย ดอก (ก - จ) ช่อดอก (ฉ - ญ) เมล็ดแห้ง (ฎ - ฒ บน) เมล็ดเปียก (ฎ - ฒ ล่าง) และใบ (ณ - ท) (แถบสเกลมีขนาด 1 เซนติเมตร)

การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิส

1. แมงกะแซง

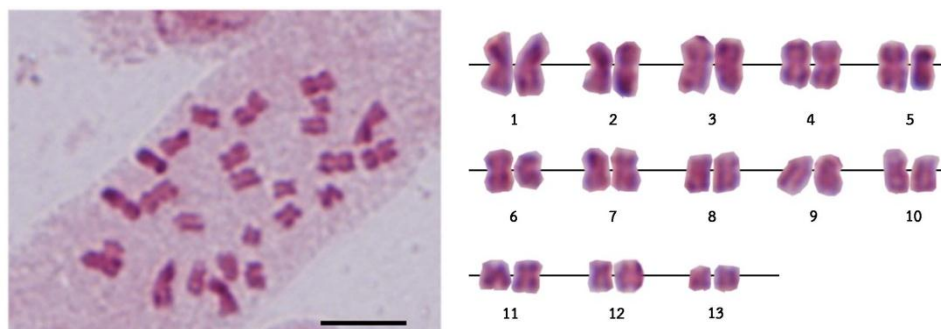
จากการศึกษาโครโมโซมจากเซลล์ที่ปลายรากของแมงกะแซง พบว่าแมงกะแซง PK มีจำนวนโครโมโซม $2n = 26$ ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.26 – 5.64 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 12 แห่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (2.87 – 3.64 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 4 แห่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แห่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 4 แห่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.95 – 2.46 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 2 แห่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แห่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแห่ง คือ 99.39 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคริโอไทป์ได้ ดังนี้ $12L^m + 4M^m + 2M^{sm} + 4M^a + 2S^m + 2S^a$ นอกจากนี้ยังพบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 3 และบริเวณแขนข้างสั้นของโครโมโซมคู่ที่ 10 โดยเรียกลักษณะของโครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มี secondary constriction อยู่ที่บริเวณปลายแขนข้างสั้นดังเช่นโครโมโซมคู่ที่ 10 ว่า satellite chromosome (ตารางที่ 4 และรูปที่ 4)

ตารางที่ 4 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงกะแซง PK

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.41	3.23	5.64	5.68	1.34	m	L
2	2.41	2.87	5.28	5.31	1.19	m	L
3	2.31	2.62	4.92	4.95	1.13	m-sc	L
4	2.05	2.62	4.67	4.70	1.28	m	L
5	2.15	2.31	4.46	4.49	1.07	m	L
6	1.79	2.46	4.26	4.28	1.37	m	L
7	1.64	2.00	3.64	3.66	1.22	m	M
8	1.23	2.21	3.44	3.46	1.79	sm	M
9	0.63	2.50	3.13	3.14	4.00	a	M
10	0.43	2.70	3.13	3.14	6.26	a-sat	M
11	1.38	1.49	2.87	2.88	1.07	m	M
12	1.18	1.28	2.46	2.48	1.09	m	S
13	0.26	1.69	1.95	1.96	6.60	a	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. a-sat หมายถึง โครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มีลักษณะเป็น satellite chromosome



รูปที่ 4 แคริโอไทป์ของแมงกะแซง PK (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

2. โหระพา

จากการศึกษาโครโมโซมจากเซลล์ที่ปลายรากของโหระพา พบว่าโหระพาจากทุกพื้นที่มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 52$ แต่มีแคริโอไทป์แตกต่างกัน ดังนี้

แคริโอไทป์ของโหระพา CM ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (3.33 – 5.10 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 22 แท่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 8 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (2.65 – 3.20 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 8 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.56 – 2.24 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 181.50 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคริโอไทป์ได้ ดังนี้ $22L^m + 8L^{sm} + 4M^m + 8M^a + 2M^t + 2S^m + 4S^a + 2S^t$ นอกจากนี้ยังพบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 และ 2 และบริเวณปลายแขนข้างสั้นของโครโมโซมคู่ที่ 16 หรือเป็น satellite chromosome (ตารางที่ 5 และรูปที่ 5)

แคริโอไทป์ของโหระพา NM ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.01 – 6.12 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 22 แท่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.20 – 3.74 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.77 – 2.93 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 8 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 8 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 175.92 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคริโอไทป์ได้ ดังนี้ $22L^m + 2L^{sm} + 2M^m + 4M^{sm} + 4M^a + 8S^m + 8S^a + 2S^t$ นอกจากนี้พบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 และ 4 และบริเวณปลายแขนข้างสั้นของโครโมโซมคู่ที่ 16 หรือเป็น satellite chromosome (ตารางที่ 6 และรูปที่ 5)

แคโรไทป์ของโครโมโซม AY ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.92 – 7.50 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 20 แท่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.92 – 4.58 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (2.17 – 3.58 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 8 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 6 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 198.78 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคโรไทป์ได้ ดังนี้ $20L^m + 4L^{sm} + 4M^m + 4M^{sm} + 4M^a + 8S^m + 6S^a + 2S^t$ นอกจากนี้ยังพบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 4 และ 16 (ตารางที่ 7 และรูปที่ 5)

แคโรไทป์ของโครโมโซม TR ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (3.52 – 5.51 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 22 แท่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 6 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (2.86 – 3.47 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 4 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 6 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.53 – 2.65 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 6 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 4 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 190.41 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคโรไทป์ได้ ดังนี้ $22L^m + 6L^{sm} + 4M^m + 2M^{sm} + 6M^a + 6S^m + 4S^a + 2S^t$ นอกจากนี้ยังพบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 และ 4 และบริเวณปลายแขนข้างสั้นของโครโมโซมคู่ที่ 16 หรือเป็น satellite chromosome (ตารางที่ 8 และรูปที่ 5)

เมื่อเปรียบเทียบรูปร่างของโครโมโซม พบว่าโครโมโซมบางคู่ของโครโมโซมจากทั้ง 4 พันธุ์ มีรูปร่างแตกต่างกัน ได้แก่ โครโมโซมคู่ที่ 2 10 18 และ 25 โดยที่โครโมโซมคู่ที่ 2 ในโครโมโซม CM มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 2 ในโครโมโซม NM โครโมโซม AY และโครโมโซม TR มีรูปร่างเมทาเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 10 ในโครโมโซม CM และโครโมโซม NM มีรูปร่างเมทาเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 10 ในโครโมโซม AY และโครโมโซม TR มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 18 ในโครโมโซม CM มีรูปร่างเทโลเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 18 ในโครโมโซม NM โครโมโซม AY และโครโมโซม TR มีรูปร่างเมทาเซนทริก และโครโมโซมคู่ที่ 25 ในโครโมโซม CM และโครโมโซม NM มีรูปร่างเทโลเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 25 ในโครโมโซม AY และโครโมโซม TR มีรูปร่างเมทาเซนทริก และเมื่อพิจารณาขนาดของโครโมโซม พบว่าโครโมโซมคู่ที่ 13 14 15 18 19 20 21 และ 22 ในโครโมโซมที่มาจากต่างพันธุ์กัน ถูกจำแนกให้มีขนาดต่างกัน และยังพบโครโมโซมที่มี secondary constriction บนโครโมโซม จำนวน 3 คู่ ในโครโมโซมจากทุกพันธุ์ ได้แก่ โครโมโซมคู่ที่ 1

คู่ที่ 16 และคู่ที่ 2 หรือ 4 โดยโครโมโซมคู่ที่ 1 พบ secondary constriction อยู่บริเวณแขนข้างยาว ในโครมาทิดจากทุกพื้นที่ โครโมโซมคู่ที่ 16 พบ secondary constriction บริเวณแขนข้างสั้นใน โหระพา CM โหระพา NM และโหระพา TR แต่อยู่บริเวณแขนข้างยาวในโหระพา AY สำหรับ โครโมโซมคู่สุดท้ายที่พบ secondary constriction ได้แก่ โครโมโซมคู่ที่ 4 บริเวณแขนข้างยาวใน โหระพา NM โหระพา AY และโหระพา TR และคู่ที่ 2 ในโหระพา CM

ตารางที่ 5 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหระพา CM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.31	2.79	5.10	326.09	1.21	m-sc	L
2	1.43	3.67	5.10	326.09	2.57	sm-sc	L
3	2.24	2.45	4.69	300.00	1.09	m	L
4	2.24	2.45	4.69	300.00	1.09	m	L
5	2.11	2.38	4.49	286.96	1.13	m	L
6	2.18	2.24	4.42	282.61	1.03	m	L
7	2.11	2.18	4.29	273.91	1.03	m	L
8	2.11	2.18	4.29	273.91	1.03	m	L
9	1.90	2.18	4.08	260.87	1.14	m	L
10	1.77	1.97	3.74	239.13	1.12	m	L
11	1.70	2.04	3.74	239.13	1.20	m	L
12	1.09	2.59	3.67	234.78	2.38	sm	L
13	1.56	1.90	3.47	221.74	1.22	m	L
14	1.22	2.11	3.33	213.04	1.72	sm	L
15	1.22	2.11	3.33	213.04	1.72	sm	L
16	0.75	2.45	3.20	204.35	3.27	a-sat	M
17	0.54	2.52	3.06	195.65	4.63	a	M
18	0.29	2.78	3.06	195.65	9.71	t	M
19	1.22	1.63	2.86	182.61	1.33	m	M
20	0.48	2.38	2.86	182.61	5.00	a	M
21	1.29	1.36	2.65	169.57	1.05	m	M
22	0.48	2.18	2.65	169.57	4.57	a	M
23	1.02	1.22	2.24	143.48	1.20	m	S
24	0.29	1.96	2.24	143.48	6.86	a	S
25	0.29	1.62	1.90	121.74	5.67	a	S
26	0.04	1.52	1.56	100.00	37.33	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. sm-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

3. a-sat หมายถึง โครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มีลักษณะเป็น satellite chromosome

ตารางที่ 6 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหรพา NM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.31	3.13	5.44	320.00	1.35	m-sc	L
2	2.31	2.59	4.90	288.00	1.12	m	L
3	2.31	2.45	4.76	280.00	1.06	m	L
4	2.24	2.52	4.76	280.00	1.12	m-sc	L
5	2.11	2.31	4.42	260.00	1.10	m	L
6	1.97	2.38	4.35	256.00	1.21	m	L
7	2.04	2.04	4.08	240.00	1.00	m	L
8	2.04	2.04	4.08	240.00	1.00	m	L
9	1.84	2.04	3.88	228.00	1.11	m	L
10	1.84	2.04	3.88	228.00	1.11	m	L
11	1.63	2.24	3.88	228.00	1.38	m	L
12	0.95	2.65	3.61	212.00	2.79	sm	L
13	1.36	1.97	3.33	196.00	1.45	m	M
14	0.88	2.31	3.20	188.00	2.62	sm	M
15	0.82	2.31	3.13	184.00	2.83	sm	M
16	0.48	2.45	2.93	172.00	5.14	a-sat	M
17	0.48	2.45	2.93	172.00	5.14	a	M
18	1.29	1.36	2.65	156.00	1.05	m	S
19	1.29	1.36	2.65	156.00	1.05	m	S
20	0.54	2.04	2.59	152.00	3.75	a	S
21	1.02	1.29	2.31	136.00	1.27	m	S
22	0.41	1.90	2.31	136.00	4.67	a	S
23	0.95	1.16	2.11	124.00	1.21	m	S
24	0.34	1.77	2.11	124.00	5.20	a	S
25	0.41	1.56	1.97	116.00	3.83	a	S
26	0.20	1.50	1.70	100.00	7.33	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. a-sat หมายถึง โครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มีลักษณะเป็น satellite chromosome

ตารางที่ 7 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหรพา AY

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.72	3.40	6.12	346.15	1.25	m-sc	L
2	2.59	2.86	5.44	307.69	1.11	m	L
3	2.52	2.65	5.17	292.31	1.05	m	L
4	2.38	2.79	5.17	292.31	1.17	m-sc	L
5	2.31	2.65	4.97	280.77	1.15	m	L
6	2.38	2.52	4.90	276.92	1.06	m	L
7	2.31	2.45	4.76	269.23	1.06	m	L
8	2.11	2.38	4.49	253.85	1.13	m	L
9	2.11	2.31	4.42	250.00	1.10	m	L
10	1.43	2.86	4.29	242.31	2.00	sm	L
11	1.77	2.31	4.08	230.77	1.31	m	L
12	1.29	2.72	4.01	226.92	2.11	sm	L
13	1.63	2.11	3.74	211.54	1.29	m	M
14	1.22	2.52	3.74	211.54	2.06	sm	M
15	1.09	2.59	3.67	207.69	2.38	sm	M
16	0.75	2.86	3.61	203.85	3.82	a-sc	M
17	0.75	2.86	3.61	203.85	3.82	a	M
18	1.29	1.90	3.20	180.77	1.47	m	M
19	1.16	1.77	2.93	165.38	1.53	m	S
20	0.54	2.38	2.93	165.38	4.38	a	S
21	1.16	1.50	2.65	150.00	1.29	m	S
22	0.41	2.18	2.59	146.15	5.33	a	S
23	0.95	1.50	2.45	138.46	1.57	m	S
24	0.34	2.11	2.45	138.46	6.20	a	S
25	1.02	1.22	2.24	126.92	1.20	m	S
26	0.04	1.73	1.77	100.00	42.33	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

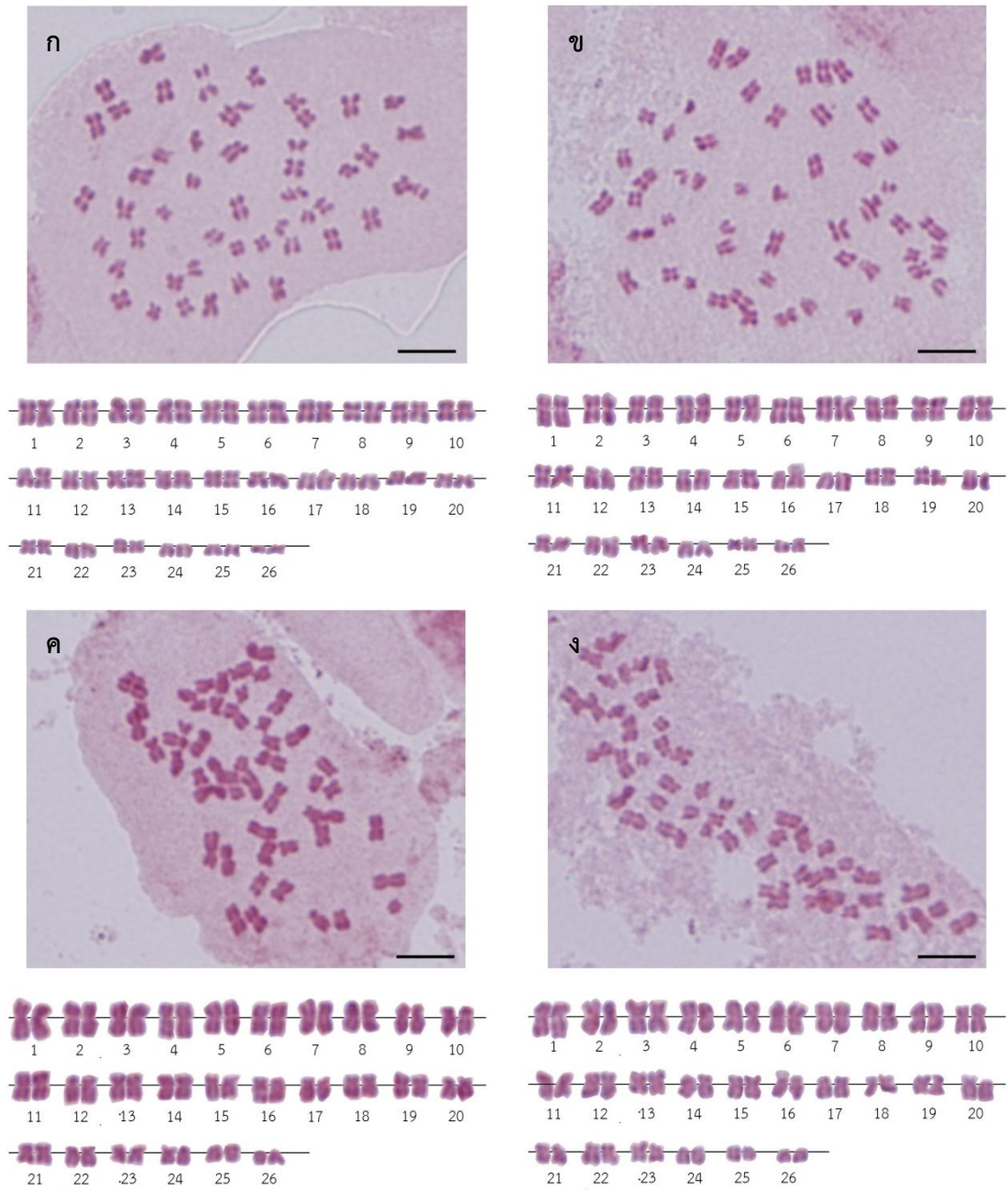
2. a-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มี secondary constriction

ตารางที่ 8 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของโหรพา TR

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.09	3.42	5.51	360.00	1.63	m-sc	L
2	2.45	2.81	5.26	343.33	1.15	m	L
3	2.50	2.70	5.20	340.00	1.08	m	L
4	1.99	3.06	5.05	330.00	1.54	m-sc	L
5	2.35	2.50	4.85	316.67	1.07	m	L
6	2.35	2.45	4.80	313.33	1.04	m	L
7	2.24	2.24	4.49	293.33	1.00	m	L
8	2.14	2.35	4.49	293.33	1.10	m	L
9	2.04	2.35	4.39	286.67	1.15	m	L
10	1.38	2.91	4.29	280.00	2.11	sm	L
11	1.68	2.35	4.03	263.33	1.39	m	L
12	1.38	2.45	3.83	250.00	1.78	sm	L
13	1.53	2.09	3.62	236.67	1.37	m	L
14	1.07	2.45	3.52	230.00	2.29	sm	L
15	0.92	2.55	3.47	226.67	2.78	sm	M
16	0.66	2.50	3.16	206.67	3.77	a-sat	M
17	0.66	2.50	3.16	206.67	3.77	a	M
18	1.38	1.58	2.96	193.33	1.15	m	M
19	1.33	1.63	2.96	193.33	1.23	m	M
20	0.41	2.45	2.86	186.67	6.00	a	M
21	1.28	1.38	2.65	173.33	1.08	m	S
22	0.37	2.29	2.65	173.33	6.22	a	S
23	1.07	1.28	2.35	153.33	1.19	m	S
24	0.36	1.84	2.19	143.33	5.14	a	S
25	0.77	1.17	1.94	126.67	1.53	m	S
26	0.04	1.49	1.53	100.00	36.50	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. a-sat หมายถึง โครโมโซมรูปร่างอะโครเซนทริกที่มีลักษณะเป็น satellite chromosome



รูปที่ 5 แคโรไทป์ของโหระพา CM (ก) โหระพา NM (ข) โหระพา AY (ค) และโหระพาTR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

3. แมงลัก

จากการศึกษาโครโมโซมจากเซลล์ที่ปลายรากของแมงลัก พบว่าแมงลักจากทุกพื้นที่มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 78$ แต่มีแคโรไทป์แตกต่างกัน ดังนี้

แคโรไทป์ของแมงลัก CM ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.49 – 6.89 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 32 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.53 – 4.42 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 10 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 12 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (2.05 – 3.33 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 12 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 8 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 330.26 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคโรไทป์ได้ ดังนี้ $32L^m + 10M^m + 12M^{sm} + 2M^a + 12S^m + 2S^{sm} + 8S^t$ นอกจากนี้พบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 4 18 23 และ 25 (ตารางที่ 9 และรูปที่ 6)

แคโรไทป์ของแมงลัก NM ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.47 – 6.79 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 32 แท่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.46 – 4.27 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 6 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 14 แท่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (2.01 – 3.35 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 16 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 330.30 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคโรไทป์ได้ ดังนี้ $32L^m + 2L^{sm} + 6M^m + 14M^{sm} + 2M^a + 2M^t + 16S^m + 2S^{sm} + 2S^t$ นอกจากนี้พบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 4 18 และ 23 และบริเวณปลายแขนข้างสั้นของโครโมโซมคู่ที่ 25 หรือเป็น satellite chromosome (ตารางที่ 10 และรูปที่ 6)

แคโรไทป์ของแมงลัก AY ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.36 – 6.41 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 22 แท่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.33 – 4.23 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 16 แท่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 14 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แท่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (2.05 – 3.21 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 16 แท่ง และรูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 8 แท่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแท่ง คือ 296.41 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคโรไทป์ได้ ดังนี้ $22L^m + 16M^m + 14M^{sm} + 2M^a + 16S^m + 8S^a$ นอกจากนี้พบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 4 18 23 และ 25 (ตารางที่ 11 และรูปที่ 6)

แคเรียโอไทป์ของแมงลัก TR ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (4.10 - 6.22 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 32 แห่ง และรูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แห่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (3.27 - 3.85 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 10 แห่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 10 แห่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 2 แห่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.67 - 3.01 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 10 แห่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 2 แห่ง รูปร่างอะโครเซนทริก จำนวน 2 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 6 แห่ง โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแห่ง คือ 295.77 ไมโครเมตร สามารถเขียนเป็นสูตรแคเรียโอไทป์ได้ดังนี้ $32L^m + 2L^{sm} + 10M^m + 10M^{sm} + 2M^a + 2M^t + 10S^m + 2S^{sm} + 2S^a + 6S^t$ นอกจากนี้พบ secondary constriction อยู่ที่บริเวณแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 1 4 18 และ 23 (ตารางที่ 12 และรูปที่ 6)

เมื่อเปรียบเทียบรูปร่างของโครโมโซม พบว่าโครโมโซมบางแห่งของแมงลักจากทั้ง 4 พื้นที่ มีรูปร่างแตกต่างกัน ได้แก่ โครโมโซมคู่ที่ 25 28 31 33 34 และ 38 โดยที่โครโมโซมคู่ที่ 25 ในแมงลัก CM และแมงลัก TR มีรูปร่างเมทาเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 25 ในแมงลัก NM และแมงลัก AY มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 28 ในแมงลัก CM แมงลัก AY และแมงลัก TR มีรูปร่างเมทาเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 28 ในแมงลัก NM มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 31 ในแมงลัก CM และแมงลัก AY มีรูปร่างเมทาเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 31 ในแมงลัก NM และแมงลัก TR มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 33 ในแมงลัก CM มีรูปร่างซับเมทาเซนทริก ในแมงลัก NM มีรูปร่างเมทาเซนทริก ในแมงลัก AY มีรูปร่างเทโลเซนทริก และในแมงลัก TR มีรูปร่างอะโครเซนทริก โครโมโซมคู่ที่ 34 ในแมงลัก CM และแมงลัก TR มีรูปร่างเทโลเซนทริก ในขณะที่ในแมงลัก NM และแมงลัก AY มีรูปร่างเมทาเซนทริก และโครโมโซมคู่ที่ 38 ในแมงลัก CM แมงลัก AY และแมงลัก TR มีรูปร่างเทโลเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมคู่ที่ 28 ในแมงลัก NM มีรูปร่างเมทาเซนทริก และเมื่อพิจารณาขนาดของโครโมโซม พบว่าโครโมโซมคู่ที่ 12 13 14 15 17 และ 28 ในแมงลักที่มาจากต่างพื้นที่กันถูกจำแนกให้มีขนาดต่างกัน และยังพบโครโมโซมที่มี secondary constriction บนโครโมโซม จำนวน 4 - 5 คู่ ในแมงลักจากทุกพื้นที่ โดยโครโมโซมคู่ที่ 1 4 18 และ 23 พบ secondary constriction อยู่บริเวณแขนข้างยาวในแมงลักจากทุกพื้นที่ และบนโครโมโซมคู่ที่ 25 พบ secondary constriction บริเวณแขนข้างยาวในแมงลัก CM และแมงลัก AY แต่อยู่บริเวณแขนข้างสั้นในแมงลัก NM และไม่พบ secondary constriction บนโครโมโซมคู่ที่ 25 ในแมงลัก TR

ตารางที่ 9 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก CM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	3.24	3.65	6.89	2.09	1.13	m-sc	L
2	2.88	3.59	6.47	1.96	1.24	m	L
3	2.85	3.27	6.12	1.86	1.15	m	L
4	2.37	3.75	6.12	1.85	1.58	m-sc	L
5	2.50	3.40	5.90	1.79	1.36	m	L
6	2.56	3.14	5.71	1.73	1.23	m	L
7	2.37	3.01	5.38	1.64	1.27	m	L
8	2.50	2.88	5.38	1.64	1.15	m	L
9	2.50	2.82	5.32	1.61	1.13	m	L
10	2.37	2.95	5.32	1.61	1.24	m	L
11	2.44	2.69	5.13	1.55	1.11	m	L
12	1.92	3.21	5.13	1.55	1.67	m	L
13	2.37	2.50	4.87	1.48	1.05	m	L
14	2.24	2.50	4.74	1.44	1.11	m	L
15	1.92	2.69	4.62	1.40	1.40	m	L
16	1.99	2.50	4.49	1.36	1.26	m	L
17	1.60	2.82	4.42	1.34	1.76	sm	M
18	1.35	2.88	4.23	1.28	2.14	sm-sc	M
19	1.86	2.37	4.23	1.28	1.28	m	M
20	1.60	2.53	4.13	1.25	1.58	m	M
21	1.73	2.24	3.97	1.20	1.30	m	M
22	1.28	2.69	3.97	1.20	2.10	sm	M
23	1.28	2.76	4.04	1.22	2.15	sm-sc	M
24	1.35	2.44	3.78	1.14	1.81	sm	M
25	1.60	2.18	3.78	1.14	1.36	m-sc	M
26	1.35	2.37	3.72	1.12	1.76	sm	M
27	0.83	2.69	3.53	1.07	3.23	a	M
28	1.41	2.12	3.53	1.07	1.50	m	M
29	0.13	3.21	3.33	1.01	25.00	t	S
30	1.41	1.79	3.21	0.97	1.27	m	S
31	1.35	1.79	3.14	0.95	1.33	m	S
32	1.22	1.79	3.01	0.91	1.47	m	S
33	0.96	1.79	2.76	0.83	1.87	sm	S
34	0.13	2.76	2.88	0.87	21.50	t	S
35	1.15	1.60	2.76	0.83	1.39	m	S
36	1.03	1.54	2.56	0.78	1.50	m	S
37	0.90	1.41	2.31	0.70	1.57	m	S
38	0.13	2.05	2.18	0.66	16.00	t	S
39	0.13	1.92	2.05	0.62	15.00	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. sm-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

ตารางที่ 10 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก NM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	3.16	3.63	6.79	2.057	1.15	m-sc	L
2	2.99	3.33	6.32	1.915	1.11	m	L
3	2.78	3.16	5.94	1.801	1.14	m	L
4	2.24	3.57	5.81	1.760	1.59	m-sc	L
5	2.69	2.95	5.64	1.709	1.10	m	L
6	2.52	3.03	5.56	1.684	1.20	m	L
7	2.37	3.03	5.41	1.635	1.28	m	L
8	2.39	2.86	5.26	1.591	1.20	m	L
9	2.44	2.80	5.24	1.585	1.15	m	L
10	2.20	3.03	5.24	1.585	1.38	m	L
11	2.39	2.71	5.11	1.546	1.13	m	L
12	2.22	2.61	4.83	1.462	1.17	m	L
13	2.22	2.56	4.79	1.449	1.15	m	L
14	2.22	2.39	4.62	1.398	1.08	m	L
15	2.05	2.56	4.62	1.398	1.25	m	L
16	2.07	2.48	4.55	1.379	1.20	m	L
17	1.39	3.08	4.47	1.351	2.22	sm	L
18	1.41	2.86	4.27	1.293	2.03	sm-sc	M
19	1.71	2.52	4.23	1.281	1.48	m	M
20	1.67	2.44	4.10	1.243	1.46	m	M
21	1.50	2.52	4.02	1.217	1.69	m	M
22	1.28	2.56	3.85	1.164	2.00	sm	M
23	1.24	2.56	3.80	1.152	2.07	sm-sc	M
24	1.28	2.52	3.80	1.152	1.97	sm	M
25	1.24	2.56	3.80	1.152	2.07	sm-sat	M
26	1.32	2.39	3.72	1.126	1.81	sm	M
27	0.81	2.91	3.72	1.126	3.58	a	M
28	1.24	2.26	3.50	1.060	1.83	sm	M
29	0.13	3.33	3.46	1.048	26.00	t	M
30	1.32	2.03	3.35	1.015	1.53	m	S
31	1.15	2.14	3.29	0.997	1.85	sm	S
32	1.18	1.99	3.16	0.957	1.69	m	S
33	1.20	1.88	3.08	0.931	1.57	m	S
34	1.28	1.75	3.03	0.917	1.37	m	S
35	1.15	1.75	2.91	0.880	1.52	m	S
36	1.13	1.60	2.74	0.827	1.42	m	S
37	1.03	1.75	2.78	0.841	1.71	m	S
38	0.90	1.45	2.35	0.710	1.62	m	S
39	0.13	1.88	2.01	0.607	14.67	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. sm-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

3. sm-sat หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มีลักษณะเป็น satellite chromosome

ตารางที่ 11 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก AY

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	2.95	3.46	6.41	2.163	1.174	m-sc	L
2	2.69	2.82	5.51	1.860	1.048	m	L
3	2.31	2.95	5.26	1.773	1.278	m	L
4	2.44	2.69	5.13	1.730	1.105	m-sc	L
5	2.31	2.69	5.00	1.687	1.167	m	L
6	2.31	2.69	5.00	1.687	1.167	m	L
7	2.18	2.56	4.74	1.600	1.176	m	L
8	1.92	2.44	4.36	1.471	1.267	m	L
9	1.92	2.44	4.36	1.471	1.267	m	L
10	1.79	2.56	4.36	1.471	1.429	m	L
11	2.05	2.31	4.36	1.471	1.125	m	L
12	1.92	2.31	4.23	1.427	1.200	m	M
13	1.92	2.31	4.23	1.427	1.200	m	M
14	2.05	2.18	4.23	1.427	1.063	m	M
15	1.79	2.44	4.23	1.427	1.357	m	M
16	1.67	2.56	4.23	1.427	1.538	m	M
17	1.41	2.82	4.23	1.427	2.000	sm	M
18	1.28	2.82	4.10	1.384	2.200	sm-sc	M
19	1.79	2.05	3.85	1.298	1.143	m	M
20	1.54	2.05	3.59	1.211	1.333	m	M
21	1.41	2.18	3.59	1.211	1.545	m	M
22	1.28	2.31	3.59	1.211	1.800	sm	M
23	1.28	2.31	3.59	1.211	1.800	sm-sc	M
24	1.15	2.31	3.46	1.168	2.000	sm	M
25	0.90	2.44	3.33	1.125	2.714	sm-sc	M
26	1.15	2.18	3.33	1.125	1.889	sm	M
27	0.77	2.56	3.33	1.125	3.333	a	M
28	1.54	1.67	3.21	1.081	1.083	m	S
29	0.13	3.08	3.21	1.081	24.000	t	S
30	1.41	1.67	3.08	1.038	1.182	m	S
31	1.41	1.67	3.08	1.038	1.182	m	S
32	1.28	1.67	2.95	0.995	1.300	m	S
33	0.13	2.69	2.82	0.952	21.000	t	S
34	1.15	1.41	2.56	0.865	1.222	m	S
35	1.03	1.54	2.56	0.865	1.500	m	S
36	1.15	1.28	2.44	0.822	1.111	m	S
37	1.03	1.28	2.31	0.779	1.250	m	S
38	0.13	2.18	2.31	0.779	17.000	t	S
39	0.13	1.92	2.05	0.692	15.000	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

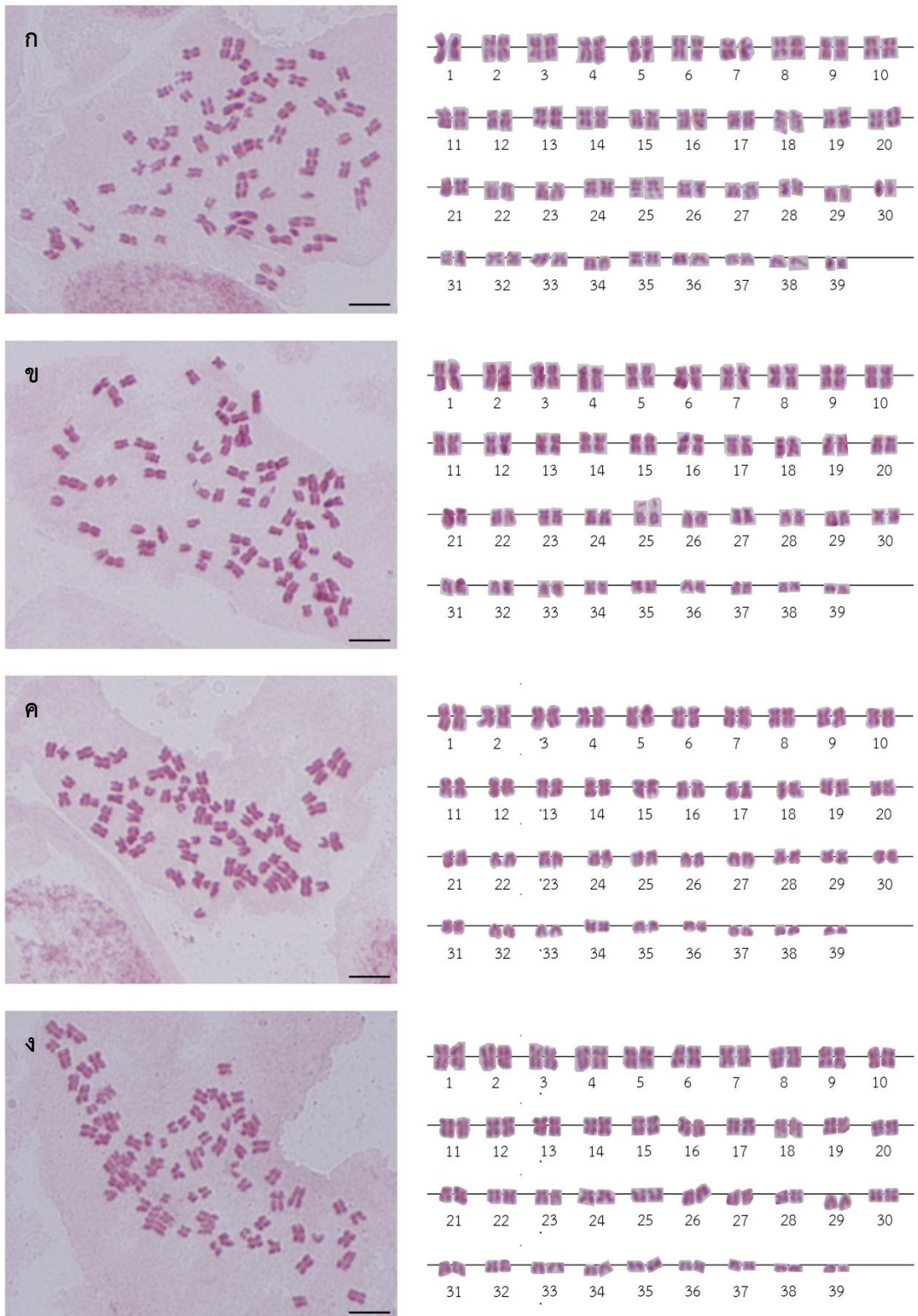
2. sm-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

ตารางที่ 12 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของแมงลัก TR

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	3.013	3.205	6.218	2.102	1.064	m-sc	L
2	2.660	2.949	5.609	1.896	1.108	m	L
3	2.500	2.788	5.288	1.788	1.115	m	L
4	2.340	2.853	5.192	1.755	1.219	m-sc	L
5	2.244	2.885	5.128	1.734	1.286	m	L
6	2.436	2.724	5.160	1.745	1.118	m	L
7	2.308	2.692	5.000	1.690	1.167	m	L
8	2.115	2.564	4.679	1.582	1.212	m	L
9	2.051	2.628	4.679	1.582	1.281	m	L
10	2.051	2.564	4.615	1.560	1.250	m	L
11	2.051	2.500	4.551	1.539	1.219	m	L
12	1.955	2.564	4.519	1.528	1.311	m	L
13	1.987	2.340	4.327	1.463	1.177	m	L
14	1.923	2.308	4.231	1.430	1.200	m	L
15	1.827	2.372	4.199	1.419	1.298	m	L
16	1.538	2.628	4.167	1.409	1.708	m	L
17	1.410	2.692	4.103	1.387	1.909	sm	L
18	1.410	2.436	3.846	1.300	1.727	sm-sc	M
19	1.795	2.051	3.846	1.300	1.143	M	M
20	1.474	2.244	3.718	1.257	1.522	M	M
21	1.667	1.923	3.590	1.214	1.154	M	M
22	1.026	2.372	3.397	1.149	2.313	sm	M
23	1.154	2.244	3.397	1.149	1.944	sm-sc	M
24	1.154	2.179	3.333	1.127	1.889	sm	M
25	1.410	1.859	3.269	1.105	1.318	m	M
26	0.962	2.308	3.269	1.105	2.400	sm	M
27	0.769	2.436	3.205	1.084	3.167	a	M
28	1.410	1.731	3.141	1.062	1.227	m	M
29	0.128	3.141	3.269	1.105	24.500	t	M
30	1.282	1.731	3.013	1.019	1.350	m	S
31	0.833	1.923	2.756	0.932	2.308	sm	S
32	1.218	1.538	2.756	0.932	1.263	m	S
33	0.577	2.115	2.692	0.910	3.667	a	S
34	0.128	2.628	2.756	0.932	20.500	t	S
35	0.962	1.538	2.500	0.846	1.600	m	S
36	1.122	1.282	2.404	0.813	1.143	m	S
37	1.026	1.346	2.372	0.802	1.313	m	S
38	0.128	1.891	2.019	0.683	14.750	t	S
39	0.128	1.538	1.667	0.564	12.000	t	S

หมายเหตุ 1. m-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction

2. sm-sc หมายถึง โครโมโซมรูปร่างซับเมทาเซนทริกที่มี secondary constriction



รูปที่ 6 แคริโอไทป์ของแมงลัก CM (ก) แมงลัก NM (ข) แมงลัก AY (ค) และแมงลัก TR (ง) (แถบสเกล มีขนาด 10 ไมโครเมตร)

4. กะเพรา

จากการศึกษาโครโมโซมจากเซลล์ที่ปลายรากของกะเพรา พบว่ากะเพราจากทุกพื้นที่มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน และมีแคโรไทป์เหมือนกัน กล่าวคือ กะเพรามีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (2.69 – 3.75 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 6 แห่ง รูปร่างซับเมทาเซนทริก จำนวน 4 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 4 แห่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (1.92 – 2.33 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 4 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 8 แห่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.28 – 1.69 ไมโครเมตร) รูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 10 แห่ง สามารถเขียนเป็นสูตร แคโรไทป์ได้ ดังนี้ $6L^m + 4L^{sm} + 4L^t + 4M^m + 8M^t + 10S^t$ โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแห่ง คือ 72.78 – 95.94 ไมโครเมตร (ตารางที่ 13 14 15 และ 16 และรูปที่ 7)

ตารางที่ 13 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา CM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.39	1.85	3.24	4.45	1.33	m	L
2	1.02	2.04	3.06	4.20	2.00	sm	L
3	0.74	2.04	2.78	3.82	2.75	sm	L
4	1.30	1.30	2.59	3.56	1.00	m	L
5	1.11	1.30	2.41	3.31	1.17	m	L
6	0.06	2.35	2.41	3.31	42.33	t	L
7	0.06	2.35	2.41	3.31	42.33	t	L
8	0.83	1.11	1.94	2.67	1.33	m	M
9	0.06	1.89	1.94	2.67	34.00	t	M
10	0.83	0.83	1.67	2.29	1.00	m	M
11	0.06	1.61	1.67	2.29	29.00	t	M
12	0.06	1.61	1.67	2.29	29.00	t	M
13	0.06	1.61	1.67	2.29	29.00	t	M
14	0.06	1.52	1.57	2.16	27.33	t	S
15	0.06	1.43	1.48	2.04	25.67	t	S
16	0.06	1.24	1.30	1.78	22.33	t	S
17	0.06	1.24	1.30	1.78	22.33	t	S
18	0.06	1.24	1.30	1.78	22.33	t	S

ตารางที่ 14 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา NM

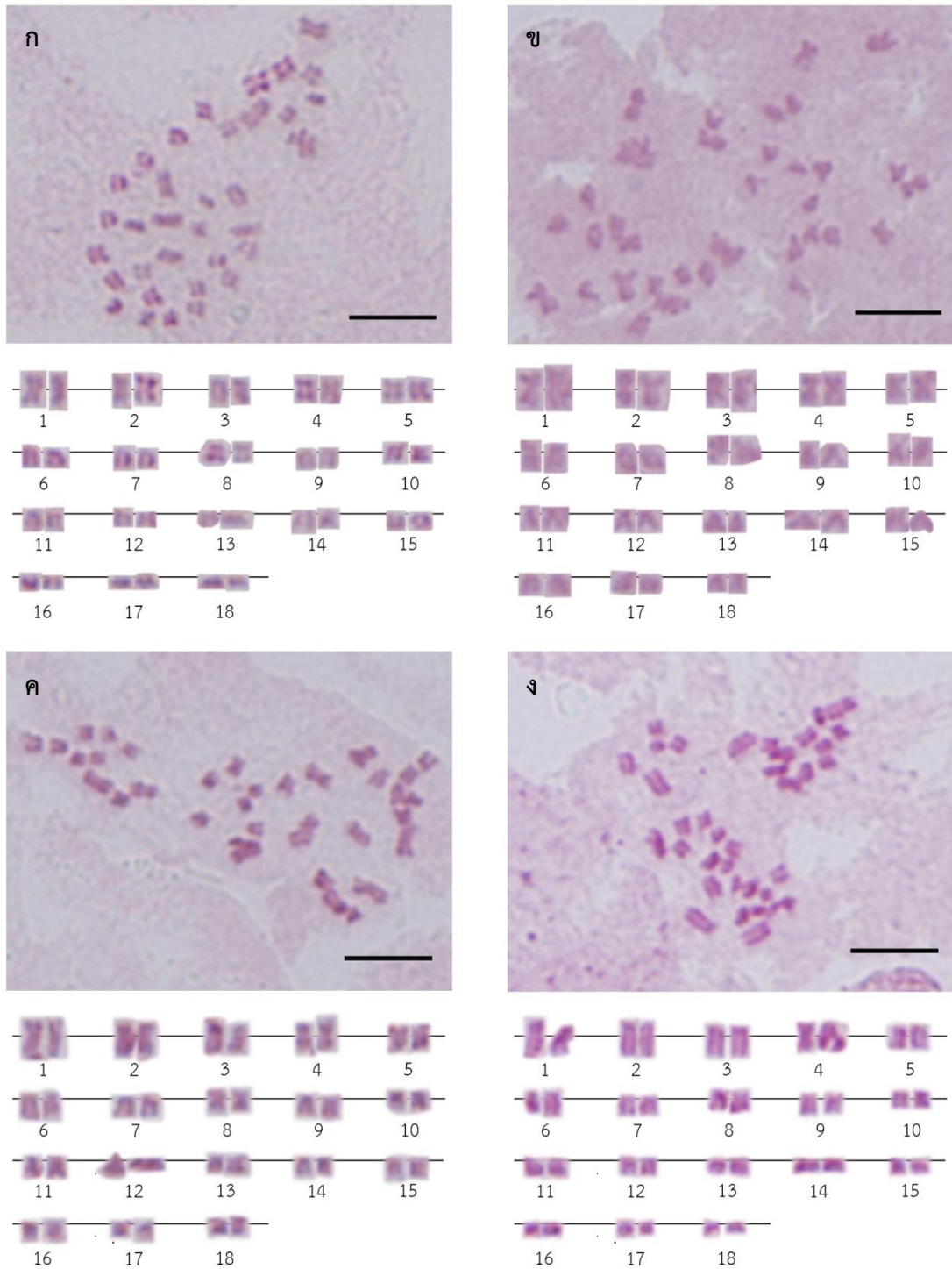
โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.94	2.22	4.17	4.34	1.14	m	L
2	1.39	2.64	4.03	4.20	1.90	sm	L
3	1.39	2.50	3.89	4.05	1.80	sm	L
4	1.67	1.81	3.47	3.62	1.08	m	L
5	1.53	1.53	3.06	3.18	1.00	m	L
6	0.28	2.78	3.06	3.18	10.00	t	L
7	0.06	3.00	3.06	3.18	54.00	t	L
8	1.11	1.53	2.64	2.75	1.38	m	M
9	0.06	2.58	2.64	2.75	46.50	t	M
10	1.11	1.11	2.22	2.32	1.00	m	M
11	0.06	2.17	2.22	2.32	39.00	t	M
12	0.06	2.17	2.22	2.32	39.00	t	M
13	0.06	2.17	2.22	2.32	39.00	t	M
14	0.06	1.89	1.94	2.03	34.00	t	S
15	0.06	1.89	1.94	2.03	34.00	t	S
16	0.06	1.75	1.81	1.88	31.50	t	S
17	0.06	1.64	1.69	1.77	29.50	t	S
18	0.06	1.64	1.69	1.77	29.50	t	S

ตารางที่ 15 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา AY

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.76	1.94	3.70	4.67	1.11	m	L
2	1.11	2.13	3.24	4.09	1.92	sm	L
3	1.02	1.94	2.96	3.74	1.91	sm	L
4	1.30	1.48	2.78	3.50	1.14	m	L
5	1.20	1.48	2.69	3.39	1.23	m	L
6	0.22	2.37	2.59	3.27	10.67	t	L
7	0.22	2.37	2.59	3.27	10.67	t	L
8	1.11	1.20	2.31	2.92	1.08	m	M
9	0.06	2.26	2.31	2.92	40.67	t	M
10	0.93	1.11	2.04	2.57	1.20	m	M
11	0.06	1.80	1.85	2.34	32.33	t	M
12	0.06	1.80	1.85	2.34	32.33	t	M
13	0.06	1.80	1.85	2.34	32.33	t	M
14	0.06	1.52	1.57	1.99	27.33	t	S
15	0.06	1.33	1.39	1.75	24.00	t	S
16	0.06	1.33	1.39	1.75	24.00	t	S
17	0.06	1.24	1.30	1.64	22.33	t	S
18	0.06	1.15	1.20	1.52	20.67	t	S

ตารางที่ 16 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของกะเพรา TR

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.85	2.04	3.89	4.67	1.10	m	L
2	1.39	2.41	3.80	4.56	1.73	sm	L
3	0.93	2.41	3.33	4.01	2.60	sm	L
4	1.30	1.67	2.96	3.56	1.29	m	L
5	1.20	1.48	2.69	3.23	1.23	m	L
6	0.22	2.46	2.69	3.23	11.08	t	L
7	0.22	2.46	2.69	3.23	11.08	t	L
8	1.20	1.20	2.41	2.89	1.00	m	M
9	0.06	2.35	2.41	2.89	42.33	t	M
10	0.83	1.30	2.13	2.56	1.56	m	M
11	0.06	2.07	2.13	2.56	37.33	t	M
12	0.06	1.89	1.94	2.34	34.00	t	M
13	0.06	1.89	1.94	2.34	34.00	t	M
14	0.06	1.61	1.67	2.00	29.00	t	S
15	0.06	1.33	1.39	1.67	24.00	t	S
16	0.06	1.33	1.39	1.67	24.00	t	S
17	0.06	1.15	1.20	1.45	20.67	t	S
18	0.06	0.89	0.94	1.14	16.00	t	S



รูปที่ 7 แคริโอไทป์ของกบเพรา CM (ก) กบเพรา NM (ข) กบเพรา AY (ค) และกบเพรา TR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

5. ยี่หระ

จากการศึกษาโครโมโซมจากเซลล์ที่ปลายรากของยี่หระ พบว่ายี่หระจากทุกพื้นที่มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน และมีแคริโอไทป์เหมือนกัน กล่าวคือ ยี่หระมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ ประกอบด้วยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ (2.38 – 3.25 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 16 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 4 แห่ง โครโมโซมที่มีขนาดกลาง (1.63 – 2.13 ไมโครเมตร) รูปร่างเมทาเซนทริก จำนวน 8 แห่ง และรูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 6 แห่ง และโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก (1.25 – 1.38 ไมโครเมตร) รูปร่างเทโลเซนทริก จำนวน 6 แห่ง สามารถเขียนเป็นสูตรแคริโอไทป์ได้ ดังนี้ $16L^m + 4L^t + 8M^m + 6M^t + 6S^t$ โดยที่ผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแห่ง คือ 88.50 – 94.00 ไมโครเมตร (ตารางที่ 17 18 19 และ 20 และรูปที่ 8)

ตารางที่ 17 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ CM

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.63	2.13	3.75	3.99	1.31	m	L
2	1.63	2.00	3.63	3.86	1.23	m	L
3	1.38	1.75	3.13	3.32	1.27	m	L
4	1.38	1.63	3.00	3.19	1.18	m	L
5	1.25	1.50	2.75	2.93	1.20	m	L
6	1.13	1.63	2.75	2.93	1.44	m	L
7	1.25	1.38	2.63	2.79	1.10	m	L
8	0.28	2.35	2.63	2.79	8.55	t	L
9	1.25	1.25	2.50	2.66	1.00	m	L
10	0.28	2.23	2.50	2.66	8.09	t	L
11	0.05	2.33	2.38	2.53	46.50	t	M
12	1.00	1.13	2.13	2.26	1.13	m	M
13	1.00	1.13	2.13	2.26	1.13	m	M
14	0.88	1.13	2.00	2.13	1.29	m	M
15	0.05	1.95	2.00	2.13	39.00	t	M
16	0.88	0.88	1.75	1.86	1.00	m	S
17	0.05	1.70	1.75	1.86	34.00	t	S
18	0.05	1.33	1.38	1.46	26.50	t	S
19	0.05	1.08	1.13	1.20	21.50	t	S
20	0.05	1.08	1.13	1.20	21.50	t	S

ตารางที่ 18 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ NM

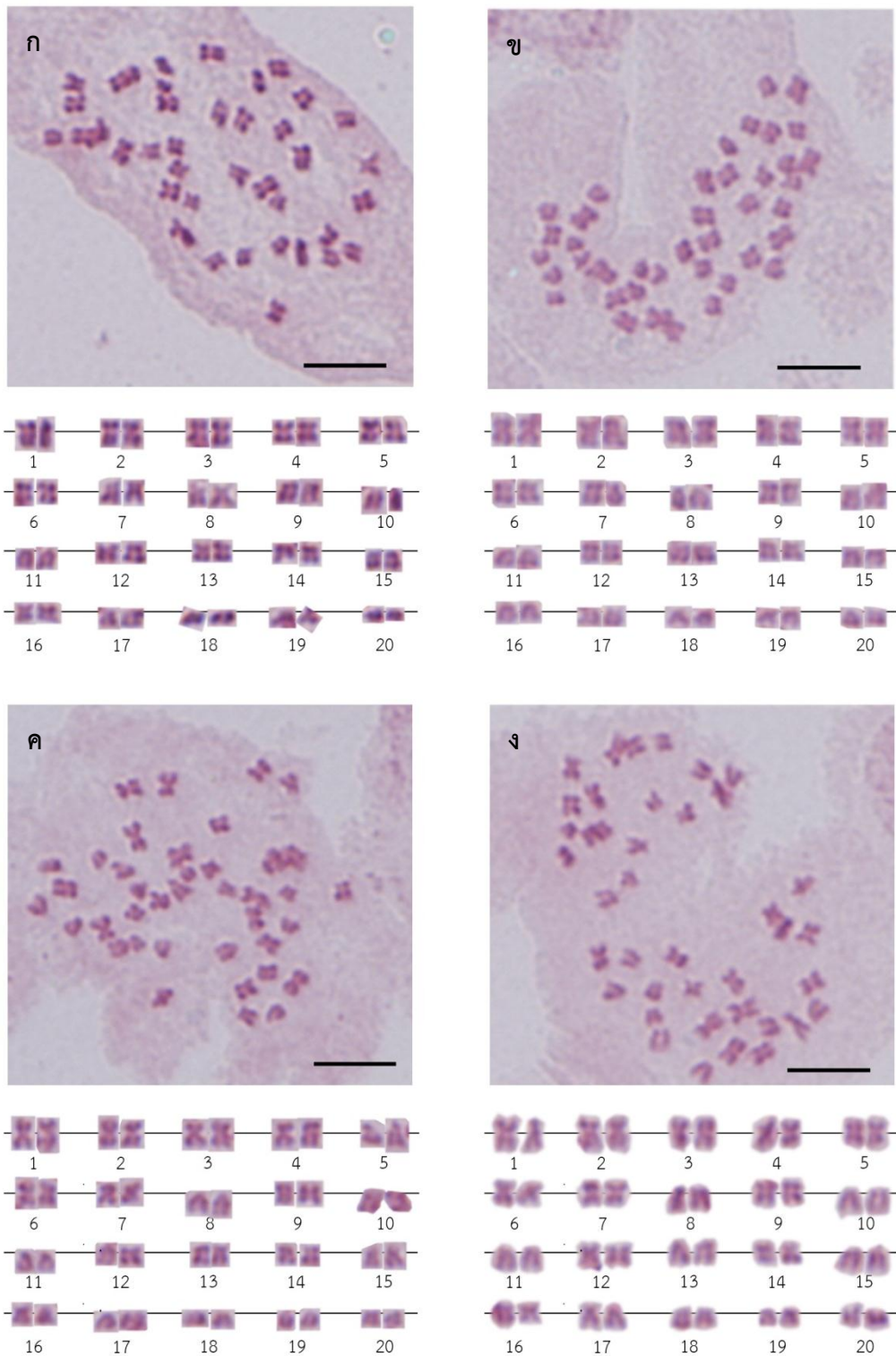
โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.50	1.67	3.17	3.49	1.11	m	L
2	1.33	1.83	3.17	3.49	1.38	m	L
3	1.33	1.67	3.00	3.31	1.25	m	L
4	1.33	1.58	2.92	3.22	1.19	m	L
5	1.25	1.50	2.75	3.03	1.20	m	L
6	1.17	1.42	2.58	2.85	1.21	m	L
7	1.17	1.42	2.58	2.85	1.21	m	L
8	0.27	2.32	2.58	2.85	8.69	t	L
9	1.00	1.33	2.33	2.57	1.33	m	L
10	0.05	2.28	2.33	2.57	45.67	t	L
11	0.05	2.20	2.25	2.48	44.00	t	M
12	1.00	1.00	2.00	2.21	1.00	m	M
13	1.00	1.00	2.00	2.21	1.00	m	M
14	0.92	1.00	1.92	2.11	1.09	m	M
15	0.05	1.87	1.92	2.11	37.33	t	M
16	0.75	0.92	1.67	1.84	1.22	m	M
17	0.05	1.62	1.67	1.84	32.33	t	M
18	0.05	1.45	1.50	1.65	29.00	t	S
19	0.05	1.45	1.50	1.65	29.00	t	S
20	0.05	1.45	1.50	1.65	29.00	t	S

ตารางที่ 19 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ AY

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.63	1.63	3.25	3.67	1.00	m	L
2	1.50	1.50	3.00	3.39	1.00	m	L
3	1.38	1.50	2.88	3.25	1.09	m	L
4	1.38	1.50	2.88	3.25	1.09	m	L
5	1.13	1.75	2.88	3.25	1.56	m	L
6	1.25	1.38	2.63	2.97	1.10	m	L
7	1.25	1.38	2.63	2.97	1.10	m	L
8	0.05	2.58	2.63	2.97	51.50	t	L
9	1.13	1.25	2.38	2.68	1.11	m	L
10	0.05	2.33	2.38	2.68	46.50	t	L
11	0.15	1.98	2.13	2.40	13.17	t	M
12	0.88	1.00	1.88	2.12	1.14	m	M
13	0.88	1.00	1.88	2.12	1.14	m	M
14	0.88	1.00	1.88	2.12	1.14	m	M
15	0.05	1.83	1.88	2.12	36.50	t	M
16	0.75	0.88	1.63	1.84	1.17	m	M
17	0.05	1.58	1.63	1.84	31.50	t	M
18	0.05	1.33	1.38	1.55	26.50	t	S
19	0.05	1.20	1.25	1.41	24.00	t	S
20	0.05	1.20	1.25	1.41	24.00	t	S

ตารางที่ 20 ค่าเฉลี่ยความยาวของโครโมโซมของยี่หระ TR

โครโมโซมคู่ที่	Ls (um)	Ll (um)	Lt (um)	RL	arm ratio	รูปร่าง	ขนาด
1	1.58	2.00	3.58	3.83	1.26	m	L
2	1.58	1.58	3.17	3.39	1.00	m	L
3	1.42	1.67	3.08	3.30	1.18	m	L
4	1.42	1.58	3.00	3.21	1.12	m	L
5	1.25	1.58	2.83	3.03	1.27	m	L
6	1.25	1.33	2.58	2.76	1.07	m	L
7	1.08	1.50	2.58	2.76	1.38	m	L
8	0.25	2.42	2.67	2.85	9.67	t	L
9	1.08	1.33	2.42	2.58	1.23	m	L
10	0.27	2.23	2.50	2.67	8.38	t	L
11	0.05	2.28	2.33	2.50	45.67	t	M
12	1.00	1.08	2.08	2.23	1.08	m	M
13	1.00	1.08	2.08	2.23	1.08	m	M
14	1.00	1.08	2.08	2.23	1.08	m	M
15	0.05	2.03	2.08	2.23	40.67	t	M
16	0.83	1.00	1.83	1.96	1.20	m	M
17	0.05	1.78	1.83	1.96	35.67	t	M
18	0.05	1.37	1.42	1.52	27.33	t	S
19	0.05	1.37	1.42	1.52	27.33	t	S
20	0.05	1.12	1.17	1.25	22.33	t	S



รูปที่ 8 แคริโอไทป์ของยี่หระ CM (ก) ยี่หระ NM (ข) ยี่หระ AY (ค) และยี่หระ TR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

การศึกษาโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส

1. แมงกะแซง

ผลการศึกษาโครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงกะแซง PK พบว่า มีจำนวนโครโมโซม $2n = 26$ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 9) โดยพบการเข้าคู่กันเป็น bivalent ทั้งแบบ rod bivalent และ ring bivalent โดยมีค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์เท่ากับ 17.87 อย่างไรก็ตามไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในแมงกะแซง PK



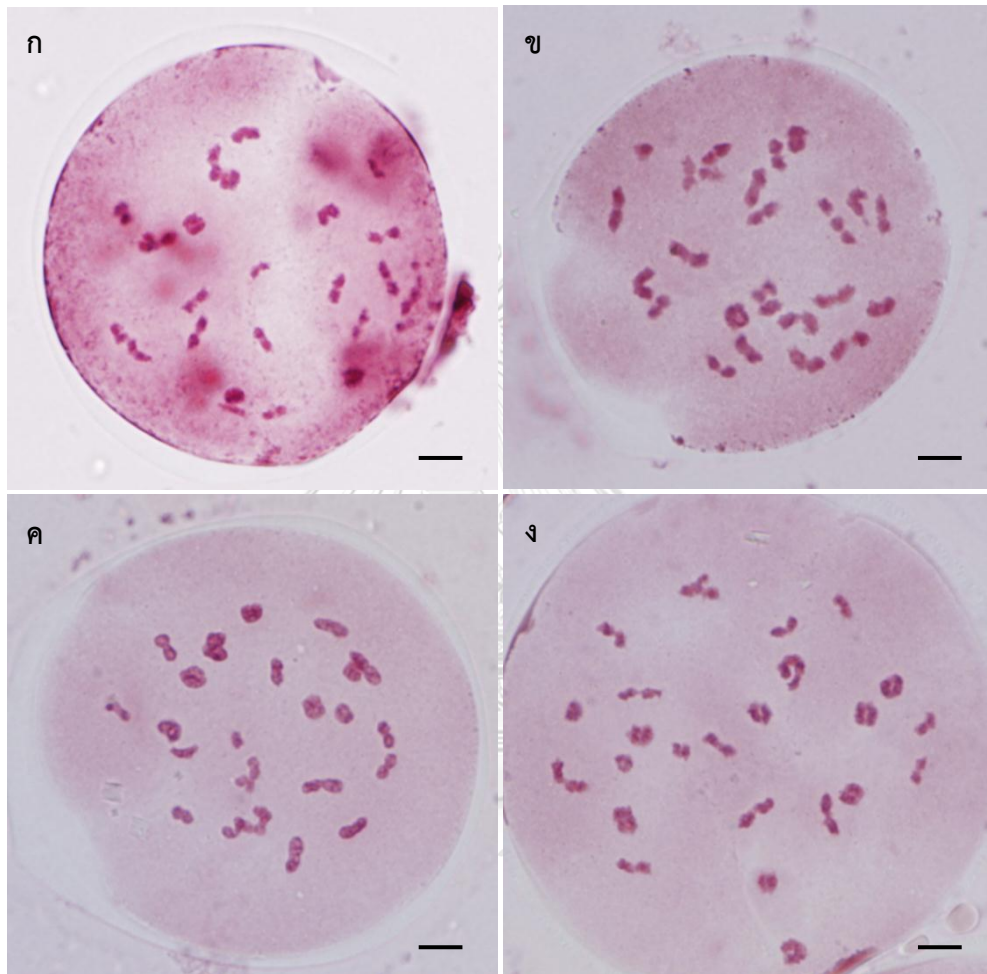
รูปที่ 9 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงกะแซง PK (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

2. โหระพา

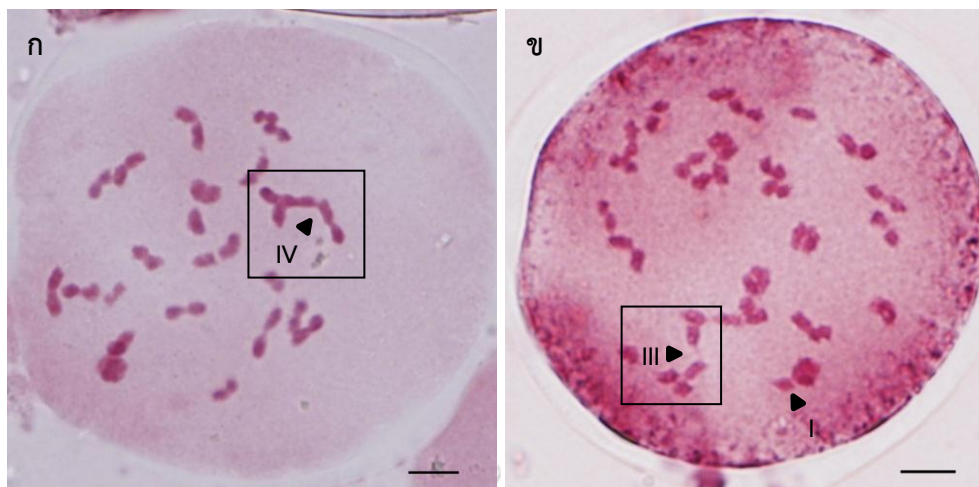
ผลการศึกษาโครโมโซมจาก pollen mother cell ของโหระพา พบว่าโหระพาจากทั้ง 4 พื้นที่ มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 52$ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 10) และพบการเข้าคู่กันเป็น bivalent ทั้งแบบ rod bivalent และ ring bivalent อย่างไรก็ตาม พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในโหระพา CM และโหระพา NM โดยพบ quadrivalent ในโหระพา NM (ตารางที่ 21 และรูปที่ 11 ก) และพบ trivalent และ univalent ในโหระพา CM (ตารางที่ 21 และรูปที่ 11 ข)

จากการศึกษาค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของโหระพาที่เก็บมาจากทั้ง 4 พื้นที่ พบว่าค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของโหระพาจากแต่ละพื้นที่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ โดยสามารถแบ่งกลุ่มโหระพาได้เป็น 3 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มของโหระพาที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ต่ำ ได้แก่ โหระพา CM และโหระพา NM ซึ่งมีค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์เท่ากับ 32.73 และ 32.37 ตามลำดับ กลุ่มของโหระพาที่มี

ค่าเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมต่อเซลล์ระหว่างกลาง คือ โหระพา AY ซึ่งมีค่าเฉลี่ยจำนวนโครโมโซมต่อเซลล์เท่ากับ 35.60 และกลุ่มของโหระพาที่มีค่าเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมต่อเซลล์สูง คือ โหระพา TR ซึ่งมีค่าเฉลี่ยจำนวนโครโมโซมต่อเซลล์เท่ากับ 36.43 ตามลำดับ (ตารางที่ 21)



รูปที่ 10 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของโหระพา CM (ก) โหระพา NM (ข) โหระพา AY (ค) และโหระพา TR (ง)

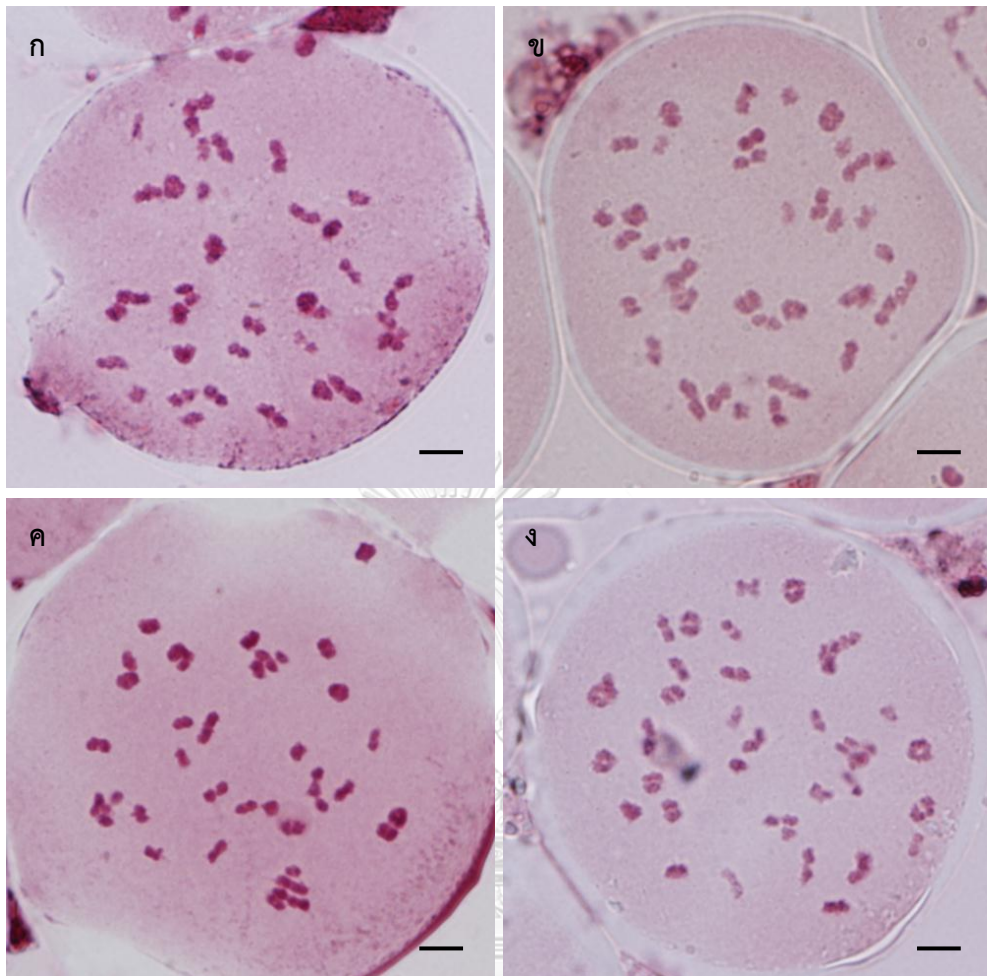


รูปที่ 11 เซลล์ที่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในโพละพา NM พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 24 bivalent (II) และ 1 quadrivalent (IV) (ก) และในโพละพา CM พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 24 bivalent (II) 1 trivalent (III) และ 1 univalent (I) (ข) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

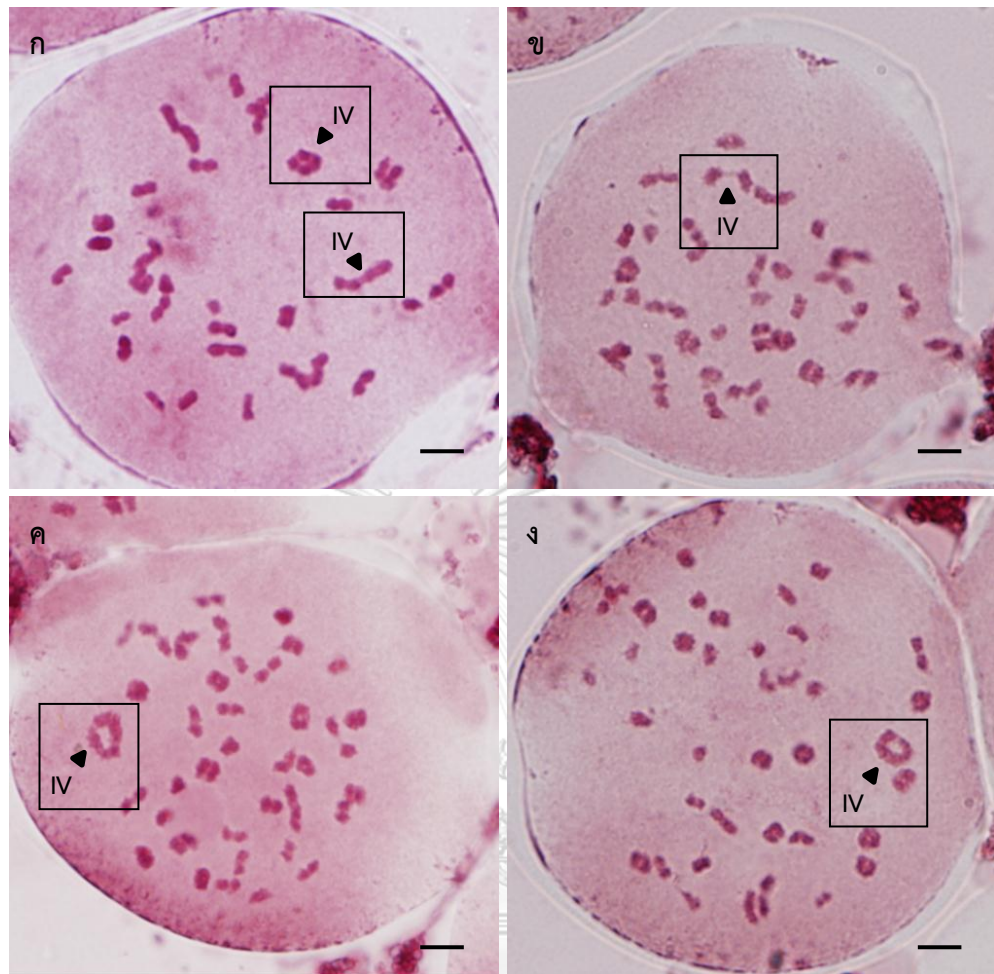
3. แมงลัก

จากการศึกษาโครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงลัก พบว่าแมงลักจากทั้ง 4 พื้นที่ มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 78$ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 12) และพบการเข้าคู่กันเป็น bivalent ทั้งแบบ rod bivalent และ ring bivalent อย่างไรก็ตาม พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I นั่นคือ quadrivalent ในแมงลักจากทั้ง 4 พื้นที่ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 13)

จากการศึกษาค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของแมงลักที่เก็บมาจากทั้ง 4 พื้นที่ พบว่าค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของแมงลักจากแต่ละพื้นที่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ โดยสามารถแบ่งกลุ่มแมงลักได้เป็น 2 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มของแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยของจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ต่ำ ได้แก่ แมงลัก CM และแมงลัก NM ซึ่งมีค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์เท่ากับ 50.70 และ 50.57 ตามลำดับ และกลุ่มของแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยของจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์สูง ได้แก่ แมงลัก AY และแมงลัก TR ซึ่งมีค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์เท่ากับ 54.87 และ 54.40 ตามลำดับ (ตารางที่ 21)



รูปที่ 12 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของแมงลัก CM (ก) แมงลัก NM (ข) แมงลัก AY (ค) และแมงลัก TR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

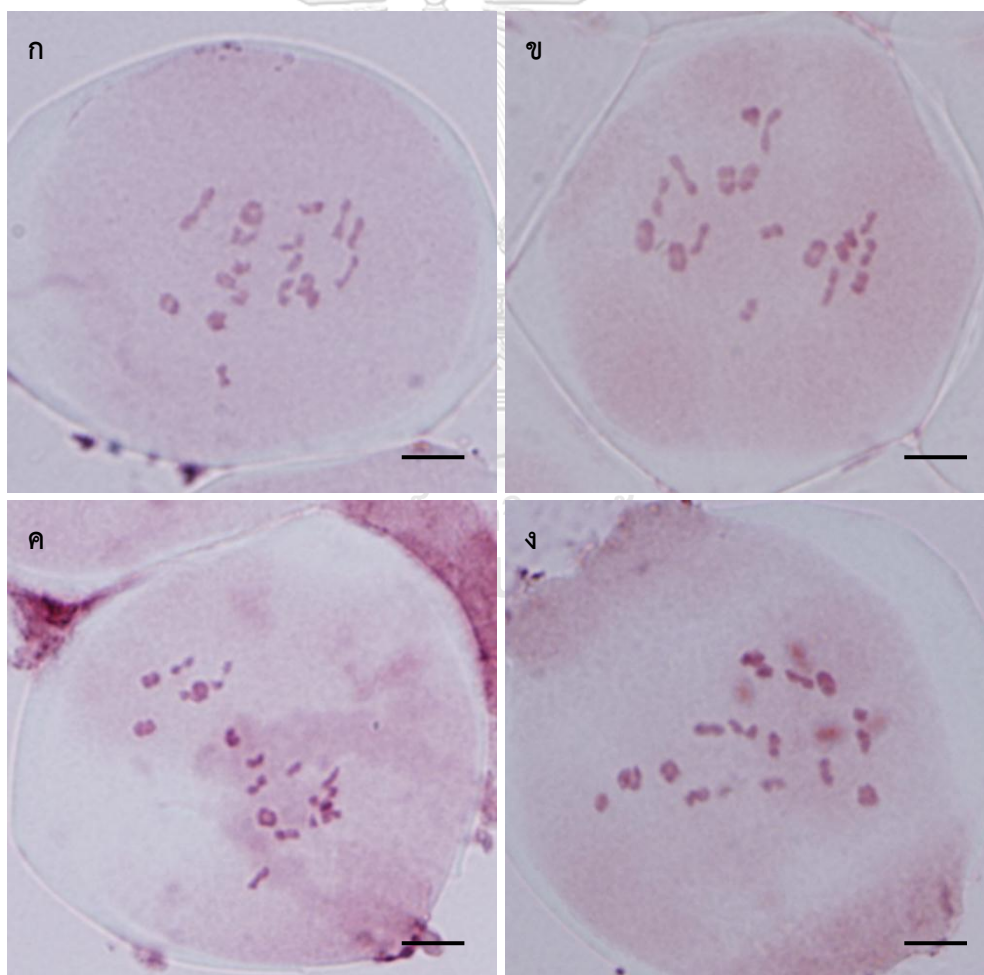


รูปที่ 13 เซลล์ที่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในแมงลัก CM พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 35 bivalent (II) และ 2 quadivalent (IV) (ก) ในแมงลัก NM พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 37 bivalent (II) และ 1 quadivalent (I) (ข) ในแมงลัก AY พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 37 bivalent (II) และ 1 quadivalent (IV) (ค) และในแมงลัก TR พบโครโมโซมที่เข้าคู่กัน 37 bivalent (II) และ 1 quadivalent (IV) (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

4. กะเพรา

จากการศึกษาโครโมโซมจาก pollen mother cell ของกะเพรา พบว่า กะเพราจากทั้ง 4 พื้นที่ มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 36$ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 14) และพบการเข้าคู่กันเป็น bivalent ทั้งแบบ rod bivalent และ ring bivalent โดยไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในกะเพรา

จากการศึกษาค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของกะเพราที่เก็บมาจากทั้ง 4 พื้นที่ พบว่าค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของกะเพราจากแต่ละพื้นที่ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ โดยที่กะเพรา CM กะเพรา NM กะเพรา AY และกะเพรา TR มีค่าเฉลี่ยของจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ เท่ากับ 26.50 26.57 26.50 และ 26.50 ตามลำดับ

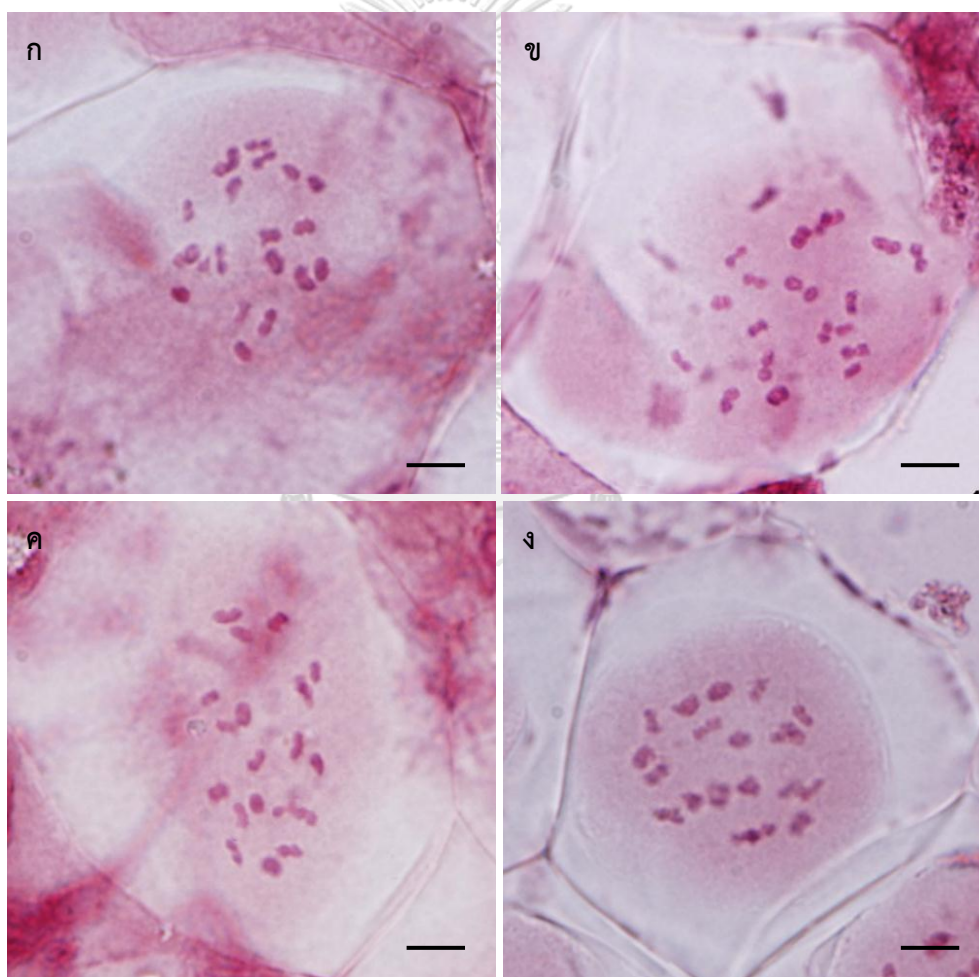


รูปที่ 14 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของกะเพรา CM (ก) กะเพรา NM (ข) กะเพรา AY (ค) และกะเพรา TR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

5. ยี่หระ

จากการศึกษาโครโมโซมจาก pollen mother cell ของยี่หระ พบว่ายี่หระจากทั้ง 4 พื้นที่ มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ $2n = 40$ (ตารางที่ 21 และรูปที่ 15) และพบการเข้าคู่กันเป็น bivalent ทั้งแบบ rod bivalent และ ring bivalent โดยไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ในยี่หระ

จากการศึกษาค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของยี่หระที่เก็บมาจากทั้ง 4 พื้นที่ พบว่าค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ของยี่หระจากแต่ละพื้นที่ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ โดยที่ยี่หระ CM ยี่หระ NM ยี่หระ AY และยี่หระ TR มีค่าเฉลี่ยของจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์ เท่ากับ 28.53 28.50 28.53 และ 28.53 ตามลำดับ



รูปที่ 15 โครโมโซมจาก pollen mother cell ของยี่หระ CM (ก) ยี่หระ NM (ข) ยี่หระ AY (ค) และยี่หระ TR (ง) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

ตารางที่ 21 จำนวนและพฤติกรรมของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาจากพื้นที่ต่าง ๆ

ชนิด	พื้นที่	จำนวนโครโมโซม	รูปแบบการเข้าคู่กันของโครโมโซม	ค่าเฉลี่ยจำนวนไดแอนสมาต่อเซลล์
แมงกะแซง	PK	26	13 II (100.00 %)	17.87 ^a
โหระพา	CM	52	26 II (96.67 %) 24 II + 1 III + 1 I (3.33 %)	32.73 ^b
	NM	52	26 II (96.67 %) 22 II + 1 IV (3.33 %)	32.37 ^b
	AY	52	26 II (100.00 %)	35.60 ^c
	TR	52	26 II (100.00 %)	36.43 ^d
แมงลัก	CM	78	39 II (96.67 %) 35 II + 2 IV (3.33 %)	50.70 ^e
	NM	78	39 II (96.67 %) 37 II + 1 IV (3.33 %)	50.57 ^e
	AY	78	39 II (96.67 %) 37 II + 1 IV (3.33 %)	54.87 ^f
	TR	78	39 II (96.67 %) 37 II + 1 IV (3.33 %)	54.40 ^f
	กะเพรา	CM	36	18 II (100.00 %)
	NM	36	18 II (100.00 %)	26.57 ^g
	AY	36	18 II (100.00 %)	26.50 ^g
	TR	36	18 II (100.00 %)	26.50 ^g
ยี่หระ	CM	40	20 II (100.00 %)	28.53 ^h
	NM	40	20 II (100.00 %)	28.50 ^h
	AY	40	20 II (100.00 %)	28.53 ^h
	TR	40	20 II (100.00 %)	28.53 ^h

- หมายเหตุ 1. ตัวอักษรภาษาอังกฤษที่ต่างกันในคอลัมน์สุดท้ายแสดงความแตกต่างทางสถิติจากการทดสอบด้วยวิธี Tukey's test ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 %
2. ตัวอักษร I II III และ IV ในคอลัมน์ที่ 4 แทน univalent bivalent trivalent และ quadrivalent ตามลำดับ
3. ค่าเปอร์เซ็นต์ของรูปแบบการเข้าคู่กันของโครโมโซมในคอลัมน์ที่ 4 คำนวณโดยเปรียบเทียบสัดส่วนจากจำนวนเซลล์ 30 เซลล์ ที่ได้จากพืชสกุลโหระพา 3 ต้น

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการศึกษา

เนื่องจากในปัจจุบันมีการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาเพื่อให้ได้ลักษณะที่มีประโยชน์ทางเศรษฐกิจ ทำให้เกิดพันธุ์ปลูกการค้าขึ้นจำนวนมาก ดังนั้นในการศึกษาความหลากหลายของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาเพื่อใช้อธิบายการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมซึ่งอาจมีความสัมพันธ์กับการเกิดพืชชนิดใหม่ในสกุลโหระพานี้ จึงจำเป็นต้องหลีกเลี่ยงการเก็บตัวอย่างโหระพาที่อาจจะเป็นพันธุ์ปลูกทางการค้าเดียวกัน มีพันธุกรรมเหมือนกัน ที่ถูกนำไปจำหน่ายในพื้นที่ต่าง ๆ โดยการเก็บตัวอย่างพืชสกุลโหระพาจากแหล่งธรรมชาติ หรือจากครัวเรือนที่ปลูกพืชสกุลโหระพาเพื่อการบริโภค และมีการขยายพันธุ์ด้วยวิธีการปักชำ หรือการเพาะเมล็ดที่ได้จากต้นดั้งเดิมมาเป็นระยะเวลานานเท่านั้น โดยเลือกเก็บตัวอย่างพืชสกุลโหระพาแต่ละชนิดจากพื้นที่ใน 4 ภูมิภาค ที่แตกต่างกัน เพื่อเพิ่มโอกาสที่จะพบความหลากหลายของโครโมโซมของพืชสกุลโหระพา ซึ่งอาจเป็นผลมาจากการปรับตัวให้เข้ากับสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน ยกเว้นแมงกะแซงที่เก็บตัวอย่างจากจังหวัดประจวบคีรีขันธ์เท่านั้น เนื่องจากข้อจำกัดในเรื่องข้อมูลการกระจายพันธุ์ของแมงกะแซง ทั้งนี้ตัวอย่างพืชสกุลโหระพาทุกชนิดจากแต่ละพื้นที่ได้มาจากแหล่งธรรมชาติ หรือครัวเรือนเดียวกัน ดังนั้นพืชสกุลโหระพาแต่ละชนิดในแต่ละพื้นที่จึงอาจมาจากโคลนเดียวกัน และมีพันธุกรรมเหมือนกัน

จากการศึกษาจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทย พบว่าพืชสกุลโหระพาชนิดเดียวกันที่เก็บตัวอย่างมาจากพื้นที่ต่างกัน มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน ส่วนพืชสกุลโหระพาต่างชนิดกันมีจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน โดยแมงกะแซงมีจำนวนโครโมโซม $2n = 26$ ซึ่งยังไม่เคยมีการรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงในประเทศไทยมาก่อน ดังนั้นการศึกษานี้จึงเป็นการรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงครั้งแรกในประเทศไทย ซึ่งสอดคล้องกับรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงที่พบในประเทศอินเดีย (Khosla, 1995; Mukherjee and Datta, 2006; Pushpangadan and Sobti, 1982) อย่างไรก็ตามจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงที่พบในการศึกษานี้แตกต่างจากรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงจากประเทศเคนยา และพื้นที่แถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา ซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ (Khosla, 1995; Morton, 1962; Pushpangadan and Sobti, 1982) (ตารางที่ 22) ทั้งนี้จากที่เคยมีรายงานจำนวนโครโมโซม 2 ไฮโดไทป์ (cytotype) ในแมงกะแซง เชื่อว่าไฮโดไทป์ $2n = 26$ เป็นผลมาจากการเกิด aneuploidization ของไฮโดไทป์ $2n = 24$ (Pushpangadan and Sobti, 1982) และจากผลการศึกษาที่พบว่าแมงกะแซงในประเทศไทยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 26$ ซึ่งตรงกับไฮโดไทป์ของ

แมงกะแซงจากทางตอนใต้ของอินเดีย จึงมีความเป็นไปได้ว่าแมงกะแซงในประเทศไทยอาจจะมีการกระจายพันธุ์มาจากประเทศอินเดีย หรือมีบรรพบุรุษร่วมกับแมงกะแซงในประเทศอินเดีย

ผลจากการศึกษาจำนวนโครโมโซมของโหระพาในประเทศไทยพบว่า มีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ ซึ่งสอดคล้องกับรายงานจำนวนโครโมโซมของโหระพาจากประเทศไทย บราซิล สหรัฐอเมริกา อังกฤษ อินเดีย และอิสราเอล (Mukherjee et al., 2005; Paton and Putievsky, 1996) เนื่องจากไม่เคยมีรายงานว่าโหระพาเป็นพืชที่มีถิ่นกำเนิดในประเทศไทย จึงเป็นไปได้ว่าโหระพาที่ใช้ในการศึกษานี้ถูกนำเข้ามาปลูกในประเทศไทยตั้งแต่ในอดีต โดยอาจถูกนำเข้ามาจากประเทศบราซิล สหรัฐอเมริกา อังกฤษ อินเดีย และอิสราเอล อย่างไรก็ตามจำนวนโครโมโซมของโหระพาที่พบในการศึกษานี้แตกต่างจากรายงานจำนวนโครโมโซมของโหระพาจากแหล่งต่าง ๆ ทั่วโลก ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็น $2n = 48$ 50 53 56 60 72 และ 74 ซึ่งจำนวนโครโมโซมของโหระพาที่พบทั่วโลกมีความหลากหลายมากอาจเป็นเพราะโหระพามีหลายไซโตไทป์เหมือนกับพืชหลายชนิดที่มีรายงานว่าหลายไซโตไทป์ (Elias, Sartor, and Neffa, 2011; Otiskova et al., 2014; Pushpangadan and Sobti, 1982) นอกจากนี้ผลการศึกษาโครโมโซมของโหระพาในครั้งนี้แตกต่างจากจำนวนโครโมโซมของโหระพาในประเทศไทยที่รายงานโดย Congchuensin (1972) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ แต่สอดคล้องกับจำนวนโครโมโซมของโหระพาในประเทศไทยที่รายงานโดย Paton และ Putievsky (1996) ซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ (ตารางที่ 22) จึงเป็นไปได้ว่าโหระพาที่พบในประเทศไทยมีอยู่ 2 ไซโตไทป์ คือ $2n = 48$ และ 52 อย่างไรก็ตามสาเหตุที่ไม่พบโหระพาที่มีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ อาจเนื่องมาจากการเก็บตัวอย่างโหระพาในการศึกษานี้ยังไม่ครอบคลุมทุกประชากรของโหระพาที่มีอยู่ในประเทศไทย

ผลจากการศึกษาจำนวนโครโมโซมของแมงลักในประเทศไทย พบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 78$ ซึ่งแตกต่างจากรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงลักจากประเทศตุรกีและอินเดียที่พบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 72$ (Carović-Stanko et al., 2010; Khosla, 1995) และแมงลักจากประเทศไทยที่พบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ (Congchuensin, 1972; Paton and Putievsky, 1996) (ตารางที่ 22) อย่างไรก็ตามเคยมีการศึกษาว่าแมงลักอาจเป็นลูกผสมระหว่างแมงกะแซงและโหระพาที่เกิดขึ้นเองโดยธรรมชาติ แล้วลูกผสมที่ได้เกิด chromosome doubling โดย Pushpangadan และ Sobti (1982) ได้นำแมงกะแซงจากประเทศอินเดียซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ และ 26 ผสมพันธุ์กับโหระพาจากประเทศอินเดียซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 48$ ได้ลูกผสมที่มีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ และ 37 โดยลูกผสมมีลักษณะสัณฐานวิทยาอยู่ระหว่างแมงกะแซงกับโหระพา และคล้ายแมงลัก และเมื่อกระตุ้นให้ลูกผสมที่มีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ เกิด chromosome doubling พบว่าลูกผสมที่ได้มีจำนวนโครโมโซม $2n = 72$ เมื่อพิจารณาผลการศึกษา

ในครั้งนี้นับว่าแมงลักมีจำนวนโครโมโซม $2n = 78$ แมงกะแซงมีจำนวนโครโมโซม $2n = 26$ และ โหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ จึงมีความเป็นไปได้ว่าแมงลักในประเทศไทยที่ใช้ในการศึกษานี้ อาจเกิดจากแมงกะแซงและโหระพาเกิดการผสมพันธุ์กันเองในธรรมชาติ ทำให้ได้ลูกผสมที่มีจำนวนโครโมโซม $2n = 39$ และเกิด chromosome doubling เป็น $2n = 78$ อย่างไรก็ตามจำนวนโครโมโซมของแมงลักในการศึกษานี้แตกต่างจากรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงลักในประเทศไทยที่เคยมีรายงานมาก่อน จึงมีความเป็นไปได้ว่าแมงลักในประเทศไทยมี 2 ไฮโดไทป์ คือ $2n = 64$ และ 78 แต่สาเหตุที่ไม่พบแมงลักที่มีจำนวนโครโมโซม $2n = 64$ อาจเป็นเพราะการเก็บตัวอย่างแมงลักในการศึกษานี้ยังไม่ครอบคลุมทุกประชากรของแมงลักที่มีอยู่ในประเทศไทย

สำหรับกะเพราในประเทศไทย พบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 36$ สอดคล้องกับรายงานจำนวนโครโมโซมของกะเพราที่พบในประเทศไทย เยอรมัน และอินเดีย (Carović-Stanko et al., 2010; Congchuensin, 1972; Mukherjee and Datta, 2006) อย่างไรก็ตามจำนวนโครโมโซมของกะเพราในการศึกษานี้แตกต่างจากรายงานจำนวนโครโมโซมของกะเพราจากประเทศอินเดียซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 32$ 34 และ 76 (Khosla, 1995; Mehra and Gill, 1972; Paton and Putievsky, 1996; Singh and Sharma, 1981) (ตารางที่ 22) ทั้งนี้อาจเป็นไปได้ว่ากะเพราที่พบในอินเดียมีหลาย ไฮโดไทป์ แต่กะเพราที่พบในประเทศไทยมีเพียงไฮโดไทป์เดียว โดยกะเพราในประเทศไทยอาจจะมีการกระจายพันธุ์มาจากประเทศอินเดีย หรือมีบรรพบุรุษร่วมกับกะเพราในประเทศไทย

ส่วนยี่ห่วยพบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ สอดคล้องกับรายงานจำนวนโครโมโซมของยี่ห่วยที่พบในประเทศไทย อินเดีย และสหรัฐอเมริกา (Carović-Stanko et al., 2010; Congchuensin, 1972; Khosla, 1995) อย่างไรก็ตามพบว่าจำนวนโครโมโซมของยี่ห่วยในครั้งนี้นี้แตกต่างจากจำนวนโครโมโซมของยี่ห่วยในแถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา ซึ่งมีจำนวนโครโมโซม $2n = 40$ และ 48 (Morton, 1962) (ตารางที่ 22) ทั้งนี้อาจเป็นไปได้ว่ายี่ห่วยในประเทศไทยถูกนำเข้ามาจากประเทศอินเดียหรือสหรัฐอเมริกาเนื่องจากมีไฮโดไทป์เดียวกัน

จากการศึกษาจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาพบว่า พืชสกุลโหระพาต่างชนิดกันมีจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน แต่พืชสกุลโหระพาชนิดเดียวกันมีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน อย่างไรก็ตามเมื่อเปรียบเทียบผลการศึกษานี้ กับจำนวนโครโมโซมของพืชชนิดเดียวกันที่เคยมีรายงานมาก่อน พบว่ามีทั้งที่สอดคล้องและแตกต่างจากรายงานก่อนหน้านี้อย่างเห็นได้ชัดว่าพืชสกุลโหระพามีความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมภายในพืชชนิดเดียวกัน ซึ่งสาเหตุของความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมภายในพืชชนิดเดียวกันอาจเนื่องมาจากผู้ศึกษาใช้ตัวอย่างที่มีที่มาแตกต่างกัน ดังที่มีรายงานในพืชหลายชนิด เช่น การศึกษารูปแบบการกระจายตัวของ *Turnera sidoides* subsp.

pinnatifida ซึ่งเป็นพืชในสกุลบานเช้า วงศ์ Turneraeae ที่พบในบริเวณเทือกเขาทางตอนกลางของประเทศอาร์เจนตินา ซึ่งพบว่า *T. sidoides* ที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ ($2n = 2x = 14$) มีการกระจายตัวในพื้นที่ที่อยู่สูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางมาก และมีสภาพภูมิอากาศเย็นชื้น ส่วน *T. sidoides* ที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ ($2n = 4x = 28$) มีการกระจายตัวได้ทั่วไป และ *T. sidoides* มีจำนวนโครโมโซมเป็นเฮกซะพลอยด์ ($2n = 6x = 42$) พบเฉพาะในบริเวณที่อยู่สูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางไม่มากและมีความชื้นในอากาศต่ำ (Elias et al., 2011) นอกจากนี้ยังมีศึกษาความหลากหลายของจำนวนโครโมโซมของ *Centaurea stoebe* ซึ่งเป็นพืชในวงศ์ Asteraceae ในสาธารณรัฐเช็ก และพบว่า *C. stoebe* มีจำนวนโครโมโซม 2 ค่า ที่มีรูปแบบการกระจายพันธุ์แตกต่างกัน กล่าวคือ *C. stoebe* ที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ ($2n = 2x = 18$) มักจะกระจายตัวในสภาพแวดล้อมทางธรรมชาติที่ไม่ถูกรบกวนโดยมนุษย์ ในขณะที่ *C. stoebe* ที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ ($2n = 4x = 36$) มักจะกระจายตัวในสภาพแวดล้อมที่ถูกรบกวนจากกิจกรรมต่าง ๆ ของมนุษย์ (Otiskova et al., 2014) จากตัวอย่างข้างต้นแสดงให้เห็นได้ว่าสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกันมีผลทำให้พืชชนิดเดียวกันเกิดการปรับตัวไปในทิศทางที่แตกต่างกันผ่านกระบวนการ aneuploidization polyploidization และการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ซึ่งหากการเกิด aneuploidization polyploidization ร่วมกับการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมมีผลทำให้พืชไม่สามารถผสมพันธุ์กับประชากรเดิมได้ จะส่งผลเกิดเป็นพืชชนิดใหม่ที่มีจำนวนโครโมโซมแตกต่างจากเดิม (Ramsey, 2011)

ตารางที่ 22 เปรียบเทียบจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาจากการศึกษานี้ และจากแหล่งต่าง ๆ ที่เคยมีการศึกษามาก่อน

ชนิด	จำนวนโครโมโซม	แหล่งที่มาของตัวอย่างโหระพา	อ้างอิง
แมงกะแซง	2n = 24	อินเดีย	Khosla, 1995
		พื้นที่แถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา	Morton, 1962
		เคนยา	Pushpangadan and Sobti, 1982
	2n = 26	ไทย	การศึกษานี้
		อินเดีย	Khosla, 1995
โหระพา	2n = 48	อินเดีย	Mukherjee and Datta, 2006
		อินเดีย	Pushpangadan and Sobti, 1982
		โครเอเชีย สหรัฐอเมริกา ออสเตรีย มาซิโดเนีย อิตาลี สโลวาเกีย เยอรมัน และรัสเซีย	Carovic'-Stanko et al., 2010
		ไทย	Congchuensin, 1972
		ไนจีเรีย	Edet and Aikpokpodion, 2014
	อินเดีย	Khosla, 1995	
	อินเดีย	Mehra and Gill, 1970	

ชนิด	จำนวนโครโมโซม	แหล่งที่มาของตัวอย่างโหระพา	อ้างอิง
โหระพา	2n = 48	พื้นที่แถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา	Morton, 1962
	2n = 50	สหรัฐอเมริกา	Paton and Putievsky, 1996
	2n = 52	ไทย	การศึกษานี้
		อินเดีย	Mukherjee et al., 2005
		บราซิล สหรัฐอเมริกา อังกฤษ อินเดีย อิสราเอล และไทย	Paton and Putievsky, 1996
	2n = 53	ไม่ทราบแหล่งที่มา	Paton and Putievsky, 1996
	2n = 56	อังกฤษ อิตาลี และฮอลแลนด์	Paton and Putievsky, 1996
	2n = 60	ไนจีเรีย	Edet and Aikpokpodion, 2014
	2n = 72	อินเดีย	Mukherjee et al., 2005
		รัสเซีย	Carovic'-Stanko et al., 2010
เยเมน		Paton and Putievsky, 1996	
2n = 74	สหรัฐอเมริกา	Paton and Putievsky, 1996	
แมงลัก	2n = 64	ไทย	Congchuensin, 1972
			Paton and Putievsky, 1996
	2n = 72	ตุรกี	Carovic'-Stanko et al., 2010
		อินเดีย	Khosla, 1995
2n = 78	ไทย	การศึกษานี้	
กะเพรา	2n = 32	อินเดีย	Khosla, 1995
		อินเดีย	Mehra and Gill, 1970
	2n = 36	ไทย	การศึกษานี้
		ไทย	Congchuensin, 1972
		เยอรมัน อินเดีย	Carovic'-Stanko et al., 2010 Mukherjee and Datta, 2006
2n = 76	ไม่ทราบแหล่งที่มา	Paton and Putievsky, 1996	
ยี่ห่วย	2n = 40	ไทย	การศึกษานี้
		ไทย	Congchuensin, 1972
		สหรัฐอเมริกา	Carovic'-Stanko et al., 2010
		อินเดีย	Khosla, 1995
		พื้นที่แถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา	Morton, 1962
	2n = 48	พื้นที่แถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา	Morton, 1962

แม้ว่าจำนวนโครโมโซมของพืชสกุลโหระพาในประเทศไทยชนิดเดียวกันจะไม่มี ความแตกต่างกัน แต่เมื่อศึกษาขนาดและรูปร่างของโครโมโซม และนำมาจัดทำแคโรไโทป์ พบว่าโครโมโซม บางคู่ของโหระพาและแมงลักจากทั้ง 4 พื้นที่ มีขนาดและรูปร่างแตกต่างกัน แสดงให้เห็นว่ามีการเกิด การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ได้แก่ ดูพลีเคชัน ดีลีชัน อินเวอร์ชัน หรือทรานสโลเคชัน ใน จีโนมของโหระพาและแมงลัก เช่นเดียวกับที่พบจากการศึกษาแคโรไโทป์ของสตรอว์เบอร์รี่พันธุ์ป่า *Fragaria chiloensis* และ *Fragaria virginiana* ในทวีปยุโรป ซึ่งพบว่ามีจำนวนโครโมโซมเป็น พอลิพลอยด์ และพบว่ามีสตรอว์เบอร์รี่ชนิดเดียวกันที่เก็บตัวอย่างมาจากพื้นที่ต่างกัน มีขนาด และรูปร่างของโครโมโซมแตกต่างกัน อันเป็นผลมาจากการเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของ โครโมโซม (Nathewet et al., 2010) อย่างไรก็ตามจากการศึกษาแคโรไโทป์ของกะเพราและยี่หระ พบว่าขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของกะเพราและยี่หระที่มาจากต่างพื้นที่กันไม่มีความแตกต่างกัน แต่โครโมโซมเกินกว่าครึ่งของกะเพรามีรูปร่างเทโลเซนทริก ในขณะที่โครโมโซมเกินกว่าครึ่งของยี่หระ มีรูปร่างเมทาเซนทริก ดังนั้นถึงแม้กะเพราและยี่หระจะมีขนาดของโครโมโซมใกล้เคียงกัน แต่ข้อมูล เรื่องรูปร่างของโครโมโซมแสดงให้เห็นว่า กะเพราและยี่หระมีทิศทางการเกิดวิวัฒนาการเป็นอิสระต่อกัน สอดคล้องกับการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยา การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุล และการศึกษา ความสามารถในการผสมข้ามในพืชสกุลโหระพาซึ่งบ่งบอกว่ากะเพราและยี่หระยังมีความสัมพันธ์ ระหว่างชนิดต่ำ (Bentham, 1832, 1848; Carović-Stanko et al., 2010; Congchuensin, 1972; Paton, 1992; Paton et al., 1999; Paton and Putievsky, 1996; Putievsky et al., 1999; Singh et al., 2004; Vieira et al., 2003)

นอกจากข้อมูลด้านจำนวน ขนาด และรูปร่างของโครโมโซมแล้ว ในการศึกษาครั้งนี้ยังพบ ความหลากหลายของจำนวน และตำแหน่งของ secondary constriction ด้วย โดย secondary constriction ในแมงกะแซงพบบนโครโมโซม 2 คู่ ในโหระพาพบบนโครโมโซม 3 คู่ และในแมงลัก พบบนโครโมโซม 5 คู่ ส่วนกะเพราและยี่หระไม่พบ secondary constriction ทั้งนี้ secondary constriction คือ ตำแหน่งที่ตั้งของ ribosomal gene ซึ่งมียีนเรียงตัวเป็นจำนวนหลายซ้ำ และเมื่อ เข้าสู่ระยะการแบ่งเซลล์ บริเวณ ribosomal gene จะหดตัวซีกกว่าดีเอ็นเอบริเวณอื่น จึงยังคงเป็น เส้นบาง และย้อมไม่ติดสี จึงปรากฏเป็นรอยคอดบนโครโมโซม (Funaki, Matsui, and Sasaki, 1975; Guerra et al., 1997; Roa and Guerra, 2012) อย่างไรก็ตามสิ่งมีชีวิตหลายชนิด อาจไม่พบ secondary constriction แต่สามารถตรวจพบตำแหน่งที่ตั้งของ ribosomal gene จากการย้อม แถบสีโครโมโซมแบบ NORs-band หรือใช้เทคนิค Fluorescent *in situ* hybridization (FISH) (Carvalho et al., 2010; Lavia et al., 2011; Vasconcelos et al., 2010) สำหรับการศึกษาครั้งนี้ จำนวน secondary constriction สามารถบอกความแตกต่างระหว่างแมงกะแซง โหระพา และ

แมงลักได้ อีกทั้งยังพบว่าตำแหน่งของ secondary constriction ในพืชทั้ง 3 ชนิดนี้ มีความสอดคล้องกัน กล่าวคือพบ secondary constriction บนแขนข้างยาวของโครโมโซมขนาดใหญ่ รูปร่างเมทาเซนทริก และแขนข้างสั้นของโครโมโซมขนาดกลาง รูปร่างอะโครเซนทริกเหมือนกัน แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมของพืชทั้ง 3 ชนิดนี้ โดยที่แมงลักและโหระพา อาจมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษร่วมกัน นอกจากนี้ยังพบความหลากหลายของตำแหน่งของ secondary constriction ในโหระพาจากพื้นที่ต่างกัน โดยพบ secondary constriction บนแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 2 ในโหระพา CM ในขณะที่ในโหระพา NM โหระพา AY และโหระพา TR พบ secondary constriction บนแขนข้างยาวของโครโมโซมคู่ที่ 4 แสดงให้เห็นว่าอาจเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมผ่านการเกิดทรานสโลเคชัน และบนโครโมโซมคู่ที่ 16 พบ secondary constriction บนแขนข้างสั้นในโหระพา CM โหระพา NM และโหระพา TR แต่พบ secondary constriction บนแขนข้างยาวในโหระพา AY แสดงให้เห็นว่าอาจเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมผ่านการเกิดอินเวอร์ชัน สำหรับในแมงลักพบว่า บนโครโมโซมคู่ที่ 25 พบ secondary constriction บนแขนข้างยาวในแมงลัก CM และแมงลัก AY แต่พบ secondary constriction บนแขนข้างสั้นในแมงลัก NM รวมถึงไม่พบ secondary constriction บนโครโมโซมคู่ที่ 25 ในแมงลัก TR แสดงให้เห็นว่า อาจเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมผ่านการเกิดอินเวอร์ชันและดีลีชัน อย่างไรก็ตาม บนโครโมโซมคู่อื่นของแมงกะแซง โหระพา และแมงลัก อาจมีบริเวณของ ribosomal gene อยู่ แต่ไม่ปรากฏเป็นโครงสร้าง secondary constriction อาจเป็นเพราะที่บริเวณ ribosomal gene มีจำนวนซ้ำของยีนอยู่น้อย หรือยีนมีการแสดงออกน้อย หรือยีนไม่มีการแสดงออก จึงไม่เกิดเป็นโครงสร้าง secondary constriction (Roa and Guerra, 2012) และหากต้องการตรวจสอบตำแหน่งของ ribosomal gene จำเป็นต้องใช้เทคนิคการย้อมแถบสีโครโมโซมแบบ NORs-band หรือ FISH ซึ่งการตรวจสอบตำแหน่งของ ribosomal gene บนโครโมโซม จะสามารถอธิบายความสัมพันธ์ระหว่างสิ่งมีชีวิตได้ดียิ่งขึ้น (Chokchaichamnankit, Anamthawat-Jónsson, and Chulalaksananukul, 2008; Nowicka, Grzebelus, and Grzebelus, 2016; Sultana et al., 2010)

นอกจากความแตกต่างของแคริโอไทป์ที่พบในพืชสกุลโหระพาแล้ว เมื่อศึกษาพฤติกรรมของโครโมโซมในระยะ metaphase I พบว่า แมงกะแซง โหระพา แมงลัก กะเพรา และยี่หระ มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์แตกต่างกัน โดยที่เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ระหว่างแมงกะแซง โหระพา และแมงลัก พบว่าค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์เพิ่มขึ้นอย่างเป็นสัดส่วนเมื่อจำนวนโครโมโซมเพิ่มขึ้น นอกจากนี้โหระพาและแมงลักที่เก็บตัวอย่างมาจากต่างพื้นที่กัน ยังมีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์แตกต่างกัน โดยสามารถแบ่งกลุ่มโหระพาออกเป็น 3 กลุ่ม

ได้แก่ กลุ่มของโหระพาที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ต่ำ ประกอบด้วยโหระพา CM และโหระพา NM กลุ่มของโหระพาที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ระหว่างกลาง คือ โหระพา AY และกลุ่มของโหระพาที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์สูง คือ โหระพาTR และสามารถแบ่งกลุ่มแมงลักออกเป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มของแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ต่ำ ประกอบด้วยแมงลัก CM และแมงลัก NM และกลุ่มของแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์สูง ประกอบด้วยแมงลัก AY และแมงลัก TR แสดงให้เห็นว่าโหระพาและแมงลักที่มาจากพื้นที่ต่างกันมีการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซมในระดับที่แตกต่างกัน เนื่องจากจำนวนโคแอสมาแสดงถึงจำนวนการเกิดครอสซิงโอเวอร์ซึ่งส่งผลต่อจำนวนการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซม โดยการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซมในระดับที่แตกต่างกันของโหระพา และแมงลักที่มาจากพื้นที่ต่างกันอาจเกี่ยวข้องกับการลดการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซมในกรณีที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ เพื่อลดการเกิดความผิดปกติของโครโมโซมระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิสที่อาจส่งผลต่อความมีชีวิตของเรณู ดังเช่น พืชสกุล *Senecio* วงศ์ทานตะวัน (Asteraceae) ที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ มีการลดการเกิดรีคอมบิเนชันเพื่อลดการเกิดความผิดปกติของโครโมโซมระหว่างการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส (Lopez et al., 2013) นอกจากนี้ยังพบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ได้แก่ univalent trivalent และ quadrivalent ซึ่งสนับสนุนว่าการลดการเกิดรีคอมบิเนชันของโครโมโซมของโหระพาและแมงลักเป็นผลมาจากการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมที่เกิดจากการเกิดอินเวอร์ชัน หรือทรานสโลเคชัน ในทางตรงกันข้าม ไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I สำหรับพืชที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ ดังเช่น แมงกะแซง PK อย่างไรก็ตามสาเหตุที่ทำให้ไม่พบความหลากหลายของค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ในแมงกะแซง PK อาจเนื่องมาจากตัวอย่างแมงกะแซงที่ใช้ในการศึกษานี้มาจากโคลนเดียวกัน จึงมีพันธุกรรมเหมือนกัน

จากผลของค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ที่ทำให้สามารถแบ่งกลุ่มโหระพาออกเป็น 3 กลุ่ม และสามารถแบ่งกลุ่มแมงลักออกเป็น 2 กลุ่ม โดยโหระพา CM โหระพา NM แมงลัก CM และแมงลัก NM ซึ่งเป็นกลุ่มของโหระพาและแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์ต่ำนั้น เจริญเติบโตบนพื้นที่ที่อยู่สูงจากระดับน้ำทะเลปานกลาง 284 – 308 เมตร ในขณะที่โหระพา AY โหระพา TR แมงลัก AY และแมงลัก TR เป็นกลุ่มของโหระพาและแมงลักที่มีค่าเฉลี่ยจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์สูง เจริญเติบโตบนพื้นที่ที่อยู่สูงจากระดับน้ำทะเลปานกลาง 9–18 เมตร นอกจากนี้ อุณหภูมิและปริมาณน้ำฝนในแต่ละจังหวัดยังมีความแตกต่างกัน (ตารางที่ 23) สอดคล้องกับการศึกษา *Linum austriacum* L. ซึ่งเป็นพืชวงศ์ Linaceae ที่เจริญเติบโตในพื้นที่ที่มีระดับความสูงจากระดับน้ำทะเลต่างกัน มีจำนวนโคแอสมาต่อเซลล์แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ

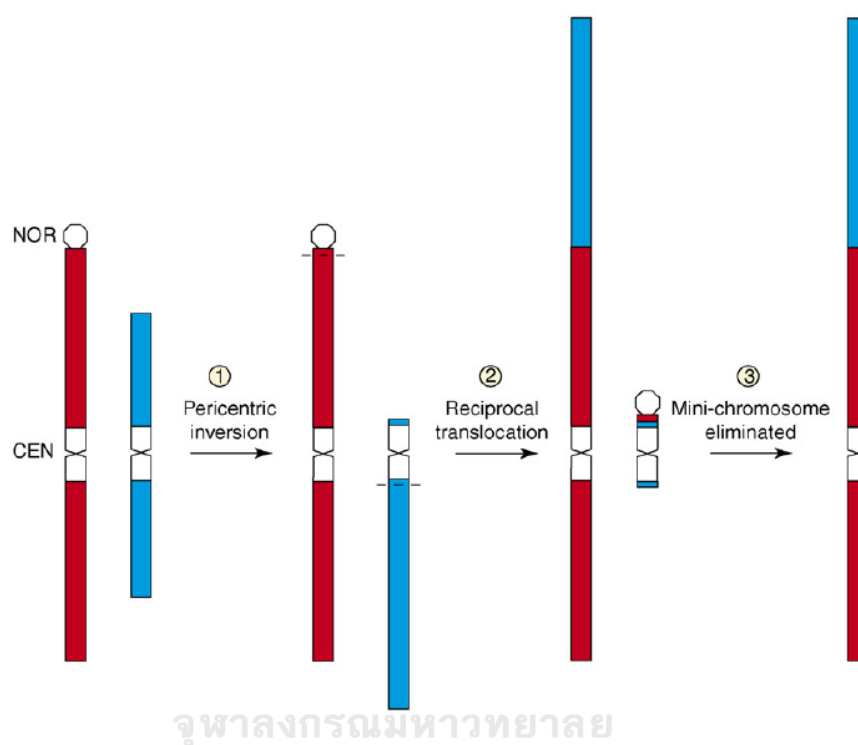
ความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ (Noormohammadi et al., 2015) จึงเป็นไปได้ว่าความแตกต่างของจำนวนโคเอสมาต่อเซลล์ระหว่างแต่ละประชากรเป็นผลมาจากการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมซึ่งมีการตอบสนองต่อสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกันในแต่ละระดับความสูงของพื้นที่ เนื่องจากการศึกษาความหลากหลายของการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมของ *Mimulus guttatus* ซึ่งเป็นพืชวงศ์ Phrymaceae ที่มีกระจายพันธุ์ในพื้นที่แถบตะวันตกของทวีปอเมริกาเหนือ และพบว่า *Mimulus guttatus* ที่เป็นพืชปีเดียว และเจริญเติบโตในบริเวณที่มีปริมาณน้ำในดินน้อยในฤดูร้อน และ *Mimulus guttatus* ที่เป็นพืชหลายปี และเจริญเติบโตในบริเวณที่มีปริมาณน้ำในดินสูงตลอดทั้งปี มีรูปแบบการเกิดอินเวอร์ชันของโครโมโซมแตกต่างกัน ซึ่งเมื่อนำ *Mimulus guttatus* ผสมพันธุ์กันเพื่อแลกเปลี่ยนโครโมโซมที่มีรูปแบบการเกิดอินเวอร์ชันของโครโมโซมแตกต่างกัน พบว่ารูปแบบการเกิดอินเวอร์ชันส่งผลต่อสัณฐานวิทยาและช่วงเวลาในการออกดอกของ *Mimulus guttatus* แสดงว่าการเกิดอินเวอร์ชันของโครโมโซมในรูปแบบที่ต่างกันส่งผลต่อการปรับตัวของพืชในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกัน (Lowry and Willis, 2010) สำหรับสาเหตุที่ทำให้การแบ่งกลุ่มโหระพาและแมงลักจากค่าเฉลี่ยจำนวนโคเอสมาต่อเซลล์มีแนวโน้มไปในทิศทางเดียวกัน อาจเป็นเพราะมีการเกิด gene flow ระหว่างโหระพาและแมงลักที่เจริญเติบโตอยู่ในพื้นที่เดียวกันผ่านลูกผสมระหว่างโหระพาและแมงลักที่เกิดขึ้นได้เองในธรรมชาติ เนื่องจากการศึกษาพบว่าโหระพาสามารถผสมพันธุ์กับแมงลักและทำให้เกิดเมล็ดที่มีความสามารถในการเจริญเติบโตได้ร้อยละ 23 ถึง 50 (Paton and Putievsky, 1996) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของต้นเบิร์ช (birch) ซึ่งเป็นพืชในสกุล *Betula* (Betulaceae) ในประเทศไอซ์แลนด์ ซึ่งพบการเกิด gene flow ระหว่าง *B. nana* ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ ($2n = 28$) กับ *B. pubescent* ซึ่งมีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ ($2n = 56$) ผ่านพืชลูกผสมที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นทริพลอยด์ ($2n = 42$) ซึ่งไม่เป็นหมัน โดยที่การเกิด gene flow สามารถเกิดขึ้นได้ถึงแม้ว่าจะมีพืชลูกผสมที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นทริพลอยด์เกิดขึ้นในธรรมชาติจำนวนไม่มาก (Anamthawat-Jonsson and Tomasson, 1990)

ตารางที่ 23 สภาพแวดล้อมของพื้นที่ที่เก็บตัวอย่างพืชสกุลโหระพาที่ใช้ในการศึกษานี้ (สมควร ช้างเอม, 2559)

สภาพแวดล้อม	ปี พ.ศ.	เชียงใหม่	นครราชสีมา	พระนครศรีอยุธยา	ประจวบคีรีขันธ์	ตรัง
อุณหภูมิต่ำเฉลี่ย (องศาเซลเซียส)	2553	27.30	28.20	28.70	28.40	27.80
	2554	26.00	26.90	27.60	27.40	27.20
	2555	27.00	28.10	28.60	28.00	27.20
	2556	27.00	27.60	28.20	27.70	27.60
	2557	26.70	27.90	28.40	27.80	27.40
อุณหภูมิต่ำสุดเฉลี่ย (องศาเซลเซียส)	2553	19.00	21.00	20.70	22.30	21.00
	2554	18.90	20.20	21.00	21.60	21.00
	2555	19.50	21.30	21.70	22.40	22.10
	2556	19.30	20.90	20.60	22.20	22.30
	2557	18.70	20.80	20.20	21.20	21.60
อุณหภูมิต่ำสุดเฉลี่ย (องศาเซลเซียส)	2553	36.40	36.80	36.60	36.20	35.80
	2554	34.60	35.20	35.30	35.50	35.10
	2555	35.80	36.10	35.90	36.30	35.50
	2556	35.60	36.20	36.70	36.30	35.20
	2557	35.60	37.00	36.90	36.20	35.70
ปริมาณน้ำฝนเฉลี่ย (มิลลิเมตร)	2553	1156.00	1386.20	1154.30	722.80	2342.70
	2554	1449.50	1208.60	1529.60	901.50	2335.40
	2555	958.40	1054.00	892.80	1175.80	2579.10
	2556	1288.00	1306.00	779.20	1418.50	2242.20
	2557	1064.40	976.70	1154.30	998.50	2076.90

จากการศึกษาจำนวนขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมในการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิสของโหระพา และแมงลักที่พบในประเทศไทย พบว่ามีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ และ 78 ตามลำดับ และโหระพา และแมงลักที่เก็บตัวอย่างมาจากพื้นที่ต่างกัน มีขนาด และรูปร่างของโครโมโซม และค่าเฉลี่ยจำนวนไคแอสมาต่อเซลล์แตกต่างกัน รวมถึงพบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I แสดงให้เห็นว่าโหระพา และแมงลักที่พบในประเทศไทยน่าจะเกิดจากการเพิ่มจำนวนชุดของโครโมโซมหรือการเกิด polyploidization (Soltis et al., 2015) แล้วมีการลดการเกิดรีคอมบิเนชันผ่านการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ได้แก่ อินเวอร์ชัน และทรานสโลเคชัน เพื่อให้โหระพาและแมงลักที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ ปรับตัวให้อยู่ในสภาวะที่คล้ายกับดิพลอยด์ หรือการเกิด diploidization ซึ่งสอดคล้องกับการเกิดวิวัฒนาการของโครโมโซมในพืชชนิดอื่น ๆ ที่มีการศึกษามาก่อน เช่น พืชในวงศ์ผักกาด (Brassicaceae) ซึ่งเกิด polyploidization จาก

การรวมกันของจีโนมพืชอย่างน้อย 2 ชนิด จากนั้นเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ผ่านการเกิดอินเวอร์ชัน และทรานสโลเคชัน จึงส่งผลให้เกิด diploidization ซึ่งทำให้จำนวนโครโมโซมลดลงและพืชเปลี่ยนเป็นดิพลอยด์ (รูปที่ 16) (Lysak et al., 2006; Schranz, Lysak, and Mitchell-Olds, 2006) นอกจากนี้ยังพบความผิดปกติของโครโมโซมในระยะ metaphase I ได้แก่ univalent trivalent และ quadrivalent ซึ่งเป็นการแสดงให้เห็นอย่างชัดเจนว่าโหรพาและแมงลักมีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ (Tayalé and Parisod, 2013)



รูปที่ 16 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม ผ่านการเกิดอินเวอร์ชัน และทรานสโลเคชัน ซึ่งทำให้จำนวนโครโมโซมลดลง (Schranz et al., 2006)

เมื่อพิจารณาจำนวน ขนาด รูปร่าง และพฤติกรรมของโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโทซิสและไมโอซิสจะพบว่าแมงกะเข่งน่าจะมีจำนวนโครโมโซมเป็นดิพลอยด์ ($2n = 2x = 26$) เนื่องจากไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมในขณะที่เกิดการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส ส่วนในโหรพาและแมงลักน่าจะมีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ เนื่องจากพบความผิดปกติของโครโมโซมในขณะที่เกิดการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส และเมื่อพิจารณาจำนวนโครโมโซมของพืชทั้ง 3 ชนิดนี้ พบความเป็นไปได้ว่า โหรพามีจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ ($2n = 4x = 52$) และแมงลักมีจำนวนโครโมโซมเป็นเฮกซะพลอยด์ ($2n = 6x = 78$) โดยมี basic chromosome

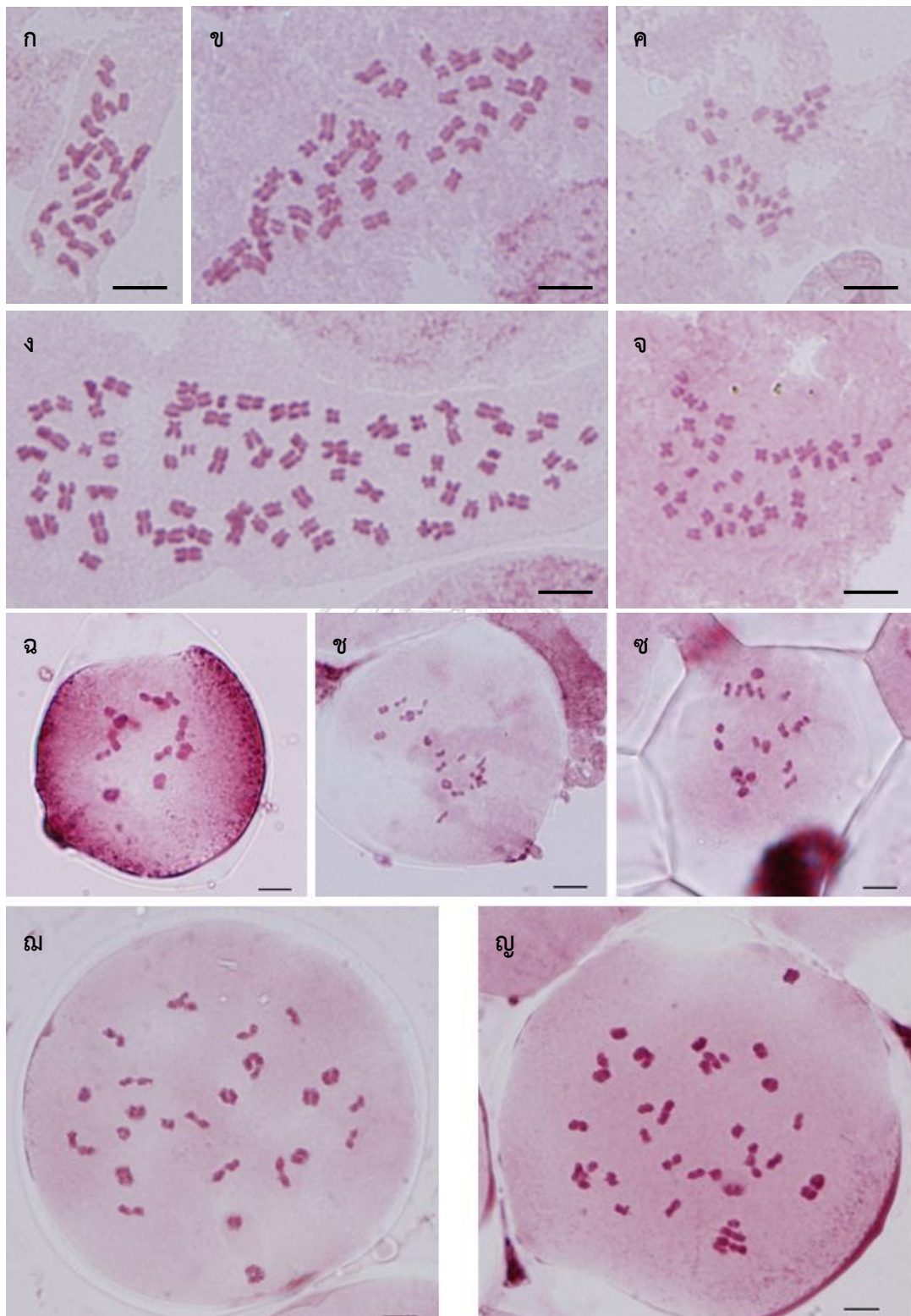
number เป็น 13 ($x = 13$) ซึ่งแตกต่างจากรายงานของ Mukherjee และ Datta (2006) และ Mukherjee และคณะ (2005) ซึ่งศึกษา secondary chromosome association ในพืชสกุล โหระพา แล้วรายงานว่า basic chromosome number คือ 12 สำหรับกะเพราและยี่หระซึ่งไม่พบ ความผิดปกติของโครโมโซมในการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส แต่เมื่อพิจารณาจำนวนโครโมโซม เปรียบเทียบกับการศึกษาจำนวนโครโมโซมที่เคยมีรายงานมาก่อน และจากข้อมูลแคโรไทป์พบ โครโมโซมที่มีขนาดและรูปร่างเหมือนกันมากกว่า 1 คู่ จึงมีความเป็นไปได้ว่า กะเพราและยี่หระมี จำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ ($2n = 4x = 36$ และ $2n = 4x = 40$ ตามลำดับ) โดยมี basic chromosome number คือ 9 และ 10 ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Carović-Stanko และคณะ (2010) แต่แตกต่างจาก Mehra และ Gill (1970) และ Morton (1962) โดยสาเหตุที่ basic chromosome number ในการศึกษาครั้งนี้แตกต่างจากรายงานก่อนหน้า อาจเป็นเพราะพืชสกุล โหระพาแต่ละชนิดมีหลายไฮโดไทป์ จึงทำให้มี basic chromosome number แตกต่างกัน ซึ่งอาจ เป็นผลจากการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม และการเปลี่ยนแปลงจำนวนโครโมโซมผ่าน กระบวนการ aneuploidization (Carović-Stanko et al., 2010; Khosla and Sobti, 1985; Khosla, 1995; Mukherjee et al., 2005)

สำหรับโครโมโซมของกะเพราและยี่หระ ที่คาดว่ามีความจำนวนโครโมโซมเป็นเตตระพลอยด์ แต่ ไม่พบความผิดปกติของโครโมโซมจากการแบ่งนิวเคลียสแบบไมโอซิส อาจเป็นเพราะโครโมโซมของ กะเพราและยี่หระผ่านการเกิด polyploidization การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซม เพื่อลด จำนวนโครโมโซม และการเกิด diploidization ทำให้โครโมโซมมีความเสถียรและอยู่ในสภาวะที่เป็น ดิพลอยด์ ซึ่งคล้ายคลึงกับกระบวนการเกิดวิวัฒนาการของโครโมโซมของพืชวงศ์ผักกาด (Lysak et al., 2006) และแสดงให้เห็นว่ากะเพราและยี่หระมีวิวัฒนาการของโครโมโซมสูงกว่าโหระพาและ แมงลัก ซึ่งยังคงอยู่ระหว่างการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมหลังจากการเกิด polyploidization

เมื่อเปรียบเทียบจำนวนและขนาดของโครโมโซม พบว่ากะเพราและยี่หระมีจำนวน โครโมโซมน้อยกว่าโหระพาและแมงลัก และยังมีขนาดของโครโมโซมเล็กกว่าโหระพาและแมงลักอีก ด้วย (ตารางที่ 4 – 20 และ รูปที่ 17) นอกจากนี้ยังพบว่าผลรวมความยาวของโครโมโซมทุกแห่งของ กะเพราและยี่หระใกล้เคียงกับแมงกะแซง แต่น้อยกว่าโครโมโซมของโหระพาและแมงลัก สอดคล้อง กับการศึกษาปริมาณดีเอ็นเอในนิวเคลียสด้วยเทคนิค flow cytometry ที่พบว่ากะเพราและยี่หระมี ปริมาณดีเอ็นเอในนิวเคลียสน้อยกว่าโหระพาและแมงลัก (Carović-Stanko et al., 2010; Koroch et al., 2010) ซึ่งสนับสนุนว่ากะเพราและยี่หระมีวิวัฒนาการสูงกว่าโหระพาและแมงลัก เนื่องจากพืช หลายชนิดในธรรมชาติที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ จะเกิดวิวัฒนาการโดยการลดขนาดของ

จีโนมลงด้วยการกระตุ้นการทำงานของ transposon โดยเฉพาะอย่างยิ่ง retrotransposon การกำจัดลำดับดีเอ็นเอบางส่วนออกไปอย่างจำเพาะ เช่น ribosomal DNA และการเข้าคู่กันระหว่างโฮมีโอโลกัสโครโมโซม (homeologous chromosome) ซึ่งจะนำไปสู่การเกิดดีลีชันของโครโมโซมเพื่อลดกระบวนการต่าง ๆ ภายในเซลล์ที่เกี่ยวข้องกับดีเอ็นเอที่ไม่มีความจำเป็นต่อการดำรงชีวิตของพืช และเพิ่มความเสถียรของจีโนมของพืชที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ ส่งผลให้พืชที่มีจำนวนโครโมโซมเป็นพอลิพลอยด์ มีความสามารถในการอยู่รอดเพิ่มขึ้น จึงอาจเป็นไปได้ว่ากะเพราและยี่ห่วยามีวิวัฒนาการสูงกว่าโหระพาและแมงลัก (Leitch and Bennett, 2004)

จากการศึกษานี้แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมของแมงกะแซงโหระพา และแมงลัก โดยที่แมงลักและโหระพาอาจมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษร่วมกัน ซึ่งทำให้เห็นความเป็นไปได้ที่จะปรับปรุงพันธุ์โหระพาและแมงลักโดยใช้แมงกะแซงเป็นทรัพยากรทางพันธุกรรม (genetic resource) และข้อมูลการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมที่ได้จากการศึกษานี้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการวางแผนและจัดการการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาได้ในอนาคต เช่นเดียวกับการปรับปรุงพันธุ์ข้าวสาลีโดยใช้พื้นฐานความรู้ทางด้านเซลล์พันธุศาสตร์ (Gupta et al., 2005) นอกจากนี้แคโรไทป์ของพืชสกุลโหระพาที่ได้จากการศึกษานี้ยังสามารถนำไปใช้ในการสร้างแผนที่ยีนบนโครโมโซม เพื่อใช้ในการศึกษาและปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลโหระพาดังด้วยวิธี marker assisted selection (MAS) ได้ต่อไป



รูปที่ 17 เปรียบเทียบเซลล์และโครโมโซมของพืชสกุลไทรอศิวา ได้แก่ แมงกะแซง (ก และ ฉ) ไทรอศิวา (ข และ ฉ) แมงลัก (ง และ ญ) กะเพรา (ค และ ช) และยี่ห่วย (จ และ ช) (แถบสเกลมีขนาด 10 ไมโครเมตร)

บทที่ 6

สรุปผลการศึกษา

1. พืชสกุลโหระพาแต่ละชนิดมีจำนวนโครโมโซมแตกต่างกัน กล่าวคือ แมงกะแซงมีจำนวนโครโมโซม $2n = 2x = 26$ ซึ่งเป็นรายงานจำนวนโครโมโซมของแมงกะแซงเป็นครั้งแรกในประเทศไทย โหระพามีจำนวนโครโมโซม $2n = 4x = 52$ แมงลักมีจำนวนโครโมโซม $2n = 6x = 78$ ซึ่งเป็นจำนวนโครโมโซมใหม่ของแมงลักที่พบเฉพาะในประเทศไทย ส่วนกะเพรามีจำนวนโครโมโซม $2n = 4x = 36$ และยี่ห่วยมีจำนวนโครโมโซม $2n = 4x = 40$

2. แมงกะแซงและกะเพราในประเทศไทยอาจมีการกระจายพันธุ์มาจากประเทศอินเดีย หรือมีบรรพบุรุษร่วมกับแมงกะแซงและกะเพราในประเทศอินเดีย ตามลำดับ ส่วนยี่ห่วยอาจถูกนำเข้ามาปลูกจากประเทศอินเดียหรือสหรัฐอเมริกา

3. แมงกะแซง โหระพา และแมงลัก มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม โดยแมงลักอาจเป็นลูกผสมที่เกิดในธรรมชาติจากการผสมพันธุ์ระหว่างแมงกะแซงและโหระพา หรือแมงลักและโหระพา อาจมีแมงกะแซงเป็นบรรพบุรุษร่วมกัน

4. กะเพราและยี่ห่วยมีความเสถียรของโครโมโซมมากกว่าโหระพาและแมงลัก และมีขนาดของจีโนมเล็กกว่าโหระพาและแมงลัก แสดงว่ากะเพราและยี่ห่วยมีวิวัฒนาการสูงกว่าโหระพาและแมงลัก

5. โครโมโซมของกะเพราและยี่ห่วยมีรูปร่างแตกต่างกัน แสดงว่ากะเพราและยี่ห่วยมีทิศทางการเกิดวิวัฒนาการที่ไม่สัมพันธ์กัน

รายการอ้างอิง

- กันยารัตน์ ไชยสุด. 2532. **เซลล์พันธุศาสตร์และเซลล์อนุกรมวิธานของพืช สกุล *Zephyranthes***. กรุงเทพมหานคร: ภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- เต็ม สมิตินันท์. 2557. **ชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันท์ ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ. 2557**. กรุงเทพมหานคร: สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าและพันธุ์พืช กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม.
- สมควร ช้างเอม. 2559. **ระบบบริการสารสนเทศภูมิอากาศ Climate Information Service (CIS)**. กรุงเทพมหานคร: ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศ กรมอุตุนิยมวิทยา.
- สมราน สุดดี. **หัวหน้าฝ่ายอนุกรมวิธานพืช หอพรรณไม้. สัมภาษณ์**, 23 กันยายน 2558.
- Anamthawat-Jonsson, K. and Tomasson, T. 1990. Cytogenetics of hybrid introgression in Icelandic birch. **Hereditas** 112(1): 65-70.
- Angulo, M. B. and Dematteis, M. 2012. Cytotaxonomy of some species of the South American genus *Lessingianthus* (Asteraceae, Vernoniae). **Plant Systematics and Evolution** 298(2): 277-285.
- Auger, D. L. and Sheridan, W. F. 2012. Plant chromosomal deletions, insertions, and rearrangements. In H. W. Bass and J. A. Birchler (Eds.), **Plant cytogenetics: Genome structure and chromosome function**, pp. 3-36. New York, USA: Springer.
- Baeza, C., et al. 2016. Comparative karyotypic analysis and cytotaxonomy in the *Alstroemeria ligata* L. (Alstroemeriaceae) complex of Chile. **Brazilian Journal of Botany** 39(1): 305-313.
- Ben-Naim, Y., Falach, L., and Cohen, Y. 2015. Resistance against basil downy mildew in *Ocimum* Species. **Phytopathology** 105(6): 778-785.
- Bentham, G. 1832. **Labiatarum genera et species**. London: James Ridgway.
- Bentham, G. 1848. *Ocimum*. In A. P. de Candolle (Ed.), **Prodromus systematis naturalis regni vegetabilis**, pp. 31-44. Paris: Treuttel et Wurtz.
- Carović-Stanko, K., et al. 2010. Genetic relations among basil taxa (*Ocimum* L.) based on molecular markers, nuclear DNA content, and chromosome number. **Plant Systematics and Evolution** 285(1): 13-22.

- Carvalho, A., Polanco, C., Lima-Brito, J., and Guedes-Pinto, H. 2010. Differential rRNA genes expression in hexaploid wheat related to NOR methylation. **Plant Molecular Biology Reporter** 28(3): 403-412.
- Chokchaichamnankit, P., Anamthawat-Jónsson, K., and Chulalaksananukul, W. 2008. Chromosomal mapping of 18S-25S and 5S ribosomal genes on 15 species of fagaceae from northern Thailand. **Silvae Genetica** 57(1): 5-13.
- Congchuensin, S. 1972. **A genetical study of the genus *Ocimum***. Master's thesis. Graduate program in biology, major subject of genetics, Kasetsart University.
- Edet, O. U. and Aikpokpodion, P. O. 2014. Karyotype analysis of *Ocimum basilicum* in South-Eastern Nigeria. **American Journal of Plant Sciences** 5: 126-131.
- Eliás, G., Sartor, M., and Neffa, V. G. S. 2011. Patterns of cytotype variation of *Turnera sidoides* subsp. *pinnatifida* (Turneraceae) in mountain ranges of central Argentina. **Journal of Plant Research** 124(1): 25-34.
- Funaki, K., Matsui, S., and Sasaki, M. 1975. Location of nucleolar organizers in animal and plant chromosomes by means of an improved N-banding technique. **Chromosoma** 49(4): 357-370.
- Grayer, R. J., et al. 1996. External flavones in sweet basil, *Ocimum basilicum*, and related taxas. **Phytochemistry** 43(5): 1033-1039.
- Grayer, R. J., et al. 1996. Intraspecific taxonomy and essential oil chemotypes in sweet basil, *Ocimum basilicum*. **Phytochemistry** 43(5): 1033-1039.
- Guerra, M., Pedrosa, A., Cornélio, M. T. M., Santos, K., and Soares Filho, W. S. 1997. Chromosome number and secondary constriction variation in 51 accessions of a citrus germplasm bank. **Brazilian Journal of Genetics** 20(3).
- Gupta, P., Kulwal, P., and Rustgi, S. 2005. Wheat cytogenetics in the genomics era and its relevance to breeding. **Cytogenetic and Genome Research** 109(1-3): 315-327.
- Hamouche, Y., Amirouche, N., Misset, M. T., and Amirouche, R. 2010. Cytotaxonomy of autumnal flowering species of Hyacinthaceae from Algeria. **Plant Systematics and Evolution** 285(3-4): 177-187.
- Keng, H. 1978. Labiatae. In C. G. G. J. V. Steenis (Ed.), **Flora Malesiana**, pp. 301-393. The Netherlands: Sijthoff and Noordhoff International.

- Khosla, M. and Sobti, S. 1985. Karyomorphological studies in genus *Ocimum* II. *Sanctum* group. **Cytologia** 50(2): 253-263.
- Khosla, M. K. 1995. Study of inter-relationship, phylogeny and evolutionary tendencies in genus *Ocimum*. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding** 55(1): 71-83.
- Koroch, A. R., et al. 2010. Estimation of nuclear DNA content of cultivated *Ocimum* species by using flow cytometry. **Israel Journal of Plant Sciences** 58(3-4): 183-189.
- Koutsos, T. V., Chatzopoulou, P. S., and Katsiotis, S. T. 2009. Effects of individual selection on agronomical and morphological traits and essential oil of a "Greek basil" population. **Euphytica** 170(3): 365.
- Labra, M., et al. 2004. Morphological characterization, essential oil composition and DNA genotyping of *Ocimum basilicum* L. cultivars. **Plant Science** 167(4): 725-731.
- Lavia, G. I., Ortiz, A. M., Robledo, G., Fernández, A., and Seijo, G. 2011. Origin of triploid *Arachis pintoi* (Leguminosae) by autopolyploidy evidenced by FISH and meiotic behaviour. **Annals of Botany** 108(1): 103-111.
- Lawrence, B. M. 1992. Chemical components of Labiatae oils and their exploitation. In R. M. Harley and T. Reynolds (Eds.), **Advances in Labiate science**, pp. 399 - 436. UK: Royal Botanic Gardens, Kew.
- Leitch, I. J. and Bennett, M. D. 2004. Genome downsizing in polyploid plants. **Biological Journal of the Linnean Society** 82(4): 651-663.
- Levan, A., Fredga, K., and Sandberg, P. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. **Hereditas** 52(2): 201-220.
- Lopez, M. G., Xifreda, C. C., Poggio, L., and Wulff, A. F. 2013. Deep cytogenetics analysis reveals meiotic recombination depletion in species of *Senecio* (Asteraceae). **Botanical Studies** 54(1): 20.
- Lowry, D. B. and Willis, J. H. 2010. A widespread chromosomal inversion polymorphism contributes to a major life-history transition, local adaptation, and reproductive isolation. **PLOS Biology** 8(9): e1000500.

- Lysak, M. A., et al. 2006. Mechanisms of chromosome number reduction in *Arabidopsis thaliana* and related Brassicaceae species. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 103(13): 5224-5229.
- Lysák, M. A. and Schubert, I. 2013. Mechanisms of chromosome rearrangements. In J. Greilhuber, J. Dolezel, and J. F. Wendel (Eds.), **Plant genome diversity: Physical structure, behaviour and evolution of plant genomes**, pp. 137-147. Vienna: Springer Vienna.
- Makri, O. and Kintzios, S. 2008. *Ocimum* sp. (Basil): Botany, cultivation, pharmaceutical properties, and biotechnology. **Journal of Herbs, Spices and Medicinal Plants** 13(3): 123-150.
- Martins, A. P., et al. 1999. Composition of the essential oils of *Ocimum canum*, *O. gratissimum* and *O. minimum*. **Planta Medica** 65(2): 187-189.
- Mehra, P. N. and Gill, L. S. 1972. Cytology of West Himalayan Labiate: Tribe Ocimoideae. **Cytologia** 37(1): 53-57.
- Morton, J. K. 1962. Cytotaxonomic studies on the West African Labiatae. **Journal of the Linnean Society of London, Botany** 58(372): 231-283.
- Mukherjee, M. and Datta, A. K. 2006. Secondary chromosome associations in *Ocimum* spp. **Cytologia** 71(2): 149-152.
- Mukherjee, M., Datta, A. K., and Maiti, G. G. 2005. Chromosome number variation in *Ocimum basilicum* L. **Cytologia** 70(4): 455-458.
- Nathewet, P., Hummer, K. E., Yanagi, T., Iwatsubo, Y., and Sone, K. 2010. Karyotype analysis in octoploid and decaploid wild strawberries in *Fragaria* (Rosaceae). **Cytologia** 75(3): 277-288.
- Noormohammadi, Z., et al. 2015. Within and among-genetic variation in Asian flax *Linum austriacum* (Linaceae) in response to latitude changes: Cytogenetic and molecular analyses. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity** 16(2).
- Nowicka, A., Grzebelus, E., and Grzebelus, D. 2016. Precise karyotyping of carrot mitotic chromosomes using multicolour-FISH with repetitive DNA. **Biologia Plantarum** 60(1): 25-36.

- Otiskova, V., Koutecký, T., Kolár, F., and Koutecký, P. 2014. Occurrence and habitat preferences of diploid and tetraploid cytotypes of *Centaurea stoebe* in the Czech Republic. **Preslia** 86(1): 67-80.
- Paton, A. 1992. A synopsis of *Ocimum* L. (Labiatae) in Africa. **Kew Bulletin** 47(3): 403-435.
- Paton, A., Harley, R. M., and Harley, M. M. 1999. *Ocimum*-an overview of relationships and classification. In R. Hiltunen and Y. Holm (Eds.), **Basil: The genus *Ocimum***, pp. 1-38. Amsterdam: Harwood Academic.
- Paton, A. and Putievsky, E. 1996. Taxonomic problems and cytotoxic relationships between and within varieties of *Ocimum basilicum* and related species (Labiatae). **Kew Bulletin** 51(3): 509-524.
- Pushpangadan, P. and Sobti, S. N. 1982. Cytogenetical studies in the genus *Ocimum* L. origin of *O. americanum*, cytotoxicological and experimental proof. **Cytologia** 47(3-4): 575-583.
- Putievsky, E., et al. 1999. Crossability and relationship between morphological and chemical varieties of *Ocimum basilicum* L. **Journal of Herbs, Spices and Medicinal Plants** 6(3): 11-24.
- Pyne, R., et al. 2017. A first linkage map and downy mildew resistance QTL discovery for sweet basil (*Ocimum basilicum*) facilitated by double digestion restriction site associated DNA sequencing (ddRADseq). **PLoS ONE** 12(9): e0184319.
- Ramsey, J. 2011. Polyploidy and ecological adaptation in wild yarrow. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 108(17): 7096-7101.
- Roa, F. and Guerra, M. 2012. Distribution of 45S rDNA sites in chromosomes of plants: Structural and evolutionary implications. **BMC Evolutionary Biology** 12(1): 225.
- Schranz, M. E., Lysak, M. A., and Mitchell-Olds, T. 2006. The ABC's of comparative genomics in the Brassicaceae: building blocks of crucifer genomes. **Trends in Plant Science** 11(11): 535-542.
- Sharma, A. K. and Sharma, A. 1999. **Plant chromosome: Analysis, manipulation and engineering**. Amsterdam: Harwood Academic.

- Singh, A. P., et al. 2004. Phylogenetic relationships as in *Ocimum* revealed by RAPD markers. **Euphytica** 136(1): 11-20.
- Singh, R. J. 1993. **Plant cytogenetics**. USA: CRC press.
- Singh, T. P. and Sharma, A. K. 1981. Cytotypes and phenotypes in *Ocimum sanctum*- Their characteristics. **Cytologia** 46(4): 723-729.
- Soltis, P. S., Marchant, D. B., Van de Peer, Y., and Soltis, D. E. 2015. Polyploidy and genome evolution in plants. **Current Opinion in Genetics and Development** 35: 119-125.
- Srivastava, H. K. 2002. Basil (*Ocimum* species) and genetic improvement for essential oils. In S. Sahoo, D. B. Ramesh, P. K. Panda, and V. N. Misra (Eds.), **Plant resources utilization**, pp. 232-260. New Delhi: Allied Publishers Pvt.
- Suddee, S., Paton, A. J., and Parnell, J. A. N. 2005. Taxonomic revision of tribe Ocimeae Dumort. (Lamiaceae) in continental South East Asia III. Ociminae. **Kew Bulletin** 60(1): 3-75.
- Sultana, S., Lee, S.-H., Bang, J.-W., and Choi, H.-W. 2010. Physical mapping of rRNA gene loci and inter-specific relationships in wild *Lilium* distributed in Korea. **Journal of Plant Biology** 53(6): 433-443.
- Tayalé, A. and Parisod, C. 2013. Natural pathways to polyploidy in plants and consequences for genome reorganization. **Cytogenetic and Genome Research** 140(2-4): 79-96.
- Vasconcelos, S., et al. 2010. Heterochromatin and rDNA 5S and 45S sites as reliable cytogenetic markers for castor bean (*Ricinus communis*, Euphorbiaceae). **Micron** 41(7): 746-753.
- Vieira, R., Goldsbrough, P., and Simon, J. E. 2003. Genetic diversity of basil (*Ocimum* spp.) based on RAPD markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science** 128(1): 94-99.
- Vieira, R. F. and Simon, J. E. 2000. Chemical characterization of basil (*Ocimum* spp.) found in the markets and used in traditional medicine in Brazil. **Economic Botany** 54(2): 207-216.

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นางสาวปวีณนุช เลขะพันธุ์ เกิดวันที่ 16 กรกฎาคม พ.ศ. 2534 ที่จังหวัดนนทบุรี สำเร็จการศึกษาชั้นประถมศึกษาจากโรงเรียนอนุบาลพระนครศรีอยุธยา ต่อมาสำเร็จการศึกษา ระดับมัธยมศึกษาจากโรงเรียนสาธิตมหาวิทยาลัยราชภัฏพระนครศรีอยุธยา แล้วเข้าศึกษาต่อคณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย โดยได้รับทุนอุดหนุนการศึกษาแบบต่อเนื่อง ตริ-โท-เอก จากโครงการพัฒนากำลังคนด้านวิทยาศาสตร์ (ทุนเรียนดีวิทยาศาสตร์แห่งประเทศไทย) ในปี การศึกษา 2553 และสำเร็จการศึกษาในปีการศึกษา 2556 หลังจากนั้นเข้าศึกษาต่อในหลักสูตร วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยในปี การศึกษา 2557

