



การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม  
ของมะม่วงในประเทศไทยโดยใช้ลำดับดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวปิยดา บุสดี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ปีการศึกษา 2558

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม  
ของมะม่วงในประเทศไทยโดยใช้ลำดับดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวปิยดา บุสดี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ปีการศึกษา 2558

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์



Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
(*Mangifera indica* L.) in Thailand  
Using DNA Sequences

BY

Miss PIYADA BUSSADEE

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF THE REQUIREMENTS  
FOR THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE (BIOTECHNOLOGY)

DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY  
FACULTY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY

THAMMASAT UNIVERSITY

ACADEMIC YEAR 2015

COPYRIGHT OF THAMMASAT UNIVERSITY

มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์  
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

วิทยานิพนธ์

ของ

นางสาวปิยดา บุสดี

เรื่อง

การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม  
ของมะม่วงในประเทศไทยโดยใช้ลำดับดีเอ็นเอ

ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

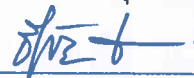
เมื่อ 28 กรกฎาคม พ.ศ. 2558

ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ศุภชัย วุฒิพงศ์ชัยกิจ)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก



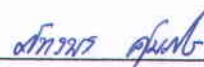
(รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย ธนानันต์)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม



(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นงมล ธนานันต์)

กรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(อาจารย์ ดร. ภัทรพร คุ่มภัย)

คณบดี



(รองศาสตราจารย์ ปกรณ์ เสริมสุข)

|                                 |                                                                                              |
|---------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|
| หัวข้อวิทยานิพนธ์               | การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงในประเทศไทยโดยใช้ลำดับดีเอ็นเอ |
| ชื่อผู้เขียน                    | นางสาวปิยดา บุสดี                                                                            |
| ชื่อปริญญา                      | วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)                                                        |
| สาขาวิชา/คณะ/มหาวิทยาลัย        | สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ<br>คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี<br>มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์               |
| อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์     | รองศาสตราจารย์ ดร. อีระชัย ธนानันต์                                                          |
| อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม | ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์                                                         |
| ปีการศึกษา                      | 2558                                                                                         |

### บทคัดย่อ

มะม่วง (*Mangifera indica* L.) เป็นไม้ผลเมืองร้อนที่มีความสำคัญและนิยมปลูกกันมากชนิดหนึ่งของไทย ซึ่งมะม่วงมีมากมายหลายพันธุ์ แต่มะม่วงที่สามารถส่งเป็นสินค้าออกไปยังต่างประเทศนั้นมีเพียงไม่กี่พันธุ์ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงตรวจสอบพันธุ์มะม่วงในประเทศไทยเพื่อการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์มะม่วงในอนาคต โดยรวบรวมตัวอย่างมะม่วงที่พบในประเทศไทยจำนวน 18 พันธุ์ มาตรวจสอบลำดับดีเอ็นเอของยีน *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *pabA* พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 4 บริเวณ ไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ออกจากกัน อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาจากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันทั้ง 4 บริเวณ พบว่าสามารถจำแนกมะม่วงพันธุ์โชคอนันต์ เขียวเสวย อกרון และมะปริงป่าออกจากพันธุ์อื่น ๆ ได้ ดังนั้นจึงควรใช้ลำดับดีเอ็นเอบริเวณอื่นร่วมด้วย เพื่อให้ได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีความผันแปรและเหมาะสมสำหรับจำแนกพันธุ์มะม่วงทั้งหมด

**คำสำคัญ:** มะม่วง; ยีน *rbcl*; ยีน *rpoC1*; ยีน *rpoB*; ชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*; ลำดับดีเอ็นเอ

|                               |                                                                                                                         |
|-------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Thesis Title                  | Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango ( <i>Mangifera indica</i> L.) in Thailand Using DNA Sequences |
| Author                        | Miss Piyada Bussadee                                                                                                    |
| Degree                        | Master of science in biotechnology                                                                                      |
| Department/Faculty/University | Department of Biotechnology<br>Faculty of Science and Technology<br>Thammasat University                                |
| Thesis Advisor                | Associate Professor Dr. Theerachai Thanananta                                                                           |
| Thesis Co-Advisor             | Assistant Professor Dr. Narumol Thanananta                                                                              |
| Academic Years                | 2015                                                                                                                    |

## ABSTRACT

Mango (*Mangifera indica* L.) is one of the important tropical fruits which is popularly grown in Thailand. There are a lot of mango cultivars, but only a few of them can be exported. This research was focused on identification of mangoes cultivars in Thailand for conservation and improvement of mango cultivars in the future. Eighteen mangoes cultivars were collected and DNA sequences of *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* genes and *trnH-psbA* intergenic spacer region were determined. The results show that the nucleotide sequences of the 4 regions could not be used to identify all of them. However, all regions could be identify *M. indica* var. Chok Anan, Khiaosawoey, Okrong and Mapring Pa. Therefore, it is suggested that some regions more than others may be included in DNA sequence-based identification to increase variable and informative sites for distinguish all mangoes.

**Keywords:** mango; *rbcl*; *rpoC1*; *rpoB*; *trnH-psbA* intergenic spacer; DNA sequence

## กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. อีระชัย ธนानันต์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่กรุณาให้ความรู้ และคำแนะนำ ตลอดจนช่วยแก้ไขปัญหาดังกล่าวที่เกิดขึ้นตลอดระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์ ทั้งให้ความรู้ ความเข้าใจ ในการศึกษาการวิจัยวิทยานิพนธ์นี้ดำเนินไปได้ด้วยดี

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ศุภชัย วุฒิพงศ์ชัยกิจ ประธานกรรมการสอบ วิทยานิพนธ์ และ อาจารย์ ดร. ภัทรพร คุ่มภัย กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่คอยให้การดูแล ให้ความรู้และคำแนะนำ ที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัย และช่วยแนะแนวทางสำหรับการแก้ไขปัญหาดังกล่าว ที่เกิดขึ้นตลอดระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์ จนงานวิจัยสามารถสำเร็จลงได้ด้วยดี

ขอขอบคุณ คุณอาจารย์ พี่ๆ นักวิทยาศาสตร์และเจ้าหน้าที่ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพทุกท่าน สำหรับความช่วยเหลือ ความเอื้อเฟื้อ ความรัก ความเมตตา ความหวังดี ที่ให้คำแนะนำแก่ตัวข้าพเจ้า

ขอขอบคุณเพื่อนๆ ในห้องปฏิบัติการเดียวกัน สำหรับกำลังใจและความช่วยเหลือในทุกๆ ด้าน ตลอดระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้

สุดท้ายขอขอบคุณครอบครัวของข้าพเจ้าที่ให้กำลังใจ เข้าใจ และสนับสนุนในด้าน การศึกษาของข้าพเจ้ามาโดยตลอด

นางสาวปิยดา บุสดี

## สารบัญ

|                                          | หน้า  |
|------------------------------------------|-------|
| บทคัดย่อภาษาไทย                          | (i)   |
| บทคัดย่อภาษาอังกฤษ                       | (ii)  |
| กิตติกรรมประกาศ                          | (iii) |
| สารบัญตาราง (ถ้ามี)                      | (ix)  |
| สารบัญภาพ (ถ้ามี)                        | (x)   |
| บทที่ 1 บทนำ                             | 1     |
| 1.1 ที่มาและความสำคัญ                    | 1     |
| 1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย              | 1     |
| 1.3 ขอบเขตของงานวิจัย                    | 1     |
| 1.4 สมมุติฐาน                            | 2     |
| 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ            | 2     |
| 1.6 สถานที่ทำการวิจัย                    | 2     |
| บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง | 3     |
| 2.1 มะม่วง                               | 3     |



## สารบัญ (ต่อ)

|                                  | หน้า |
|----------------------------------|------|
| 2.1.1 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์        | 3    |
| 2.1.1.1 ราก                      | 3    |
| 2.1.1.2 ลำต้น                    | 3    |
| 2.1.1.3 ใบ                       | 3    |
| 2.1.1.4 ดอก                      | 4    |
| 2.1.1.5 ผล                       | 4    |
| 2.1.1.6 เมล็ด                    | 5    |
| 2.2 การแบ่งกลุ่มมะม่วง           | 5    |
| 2.2.1 มะม่วงกลุ่มอินเดีย         | 5    |
| 2.2.2 มะม่วงกลุ่มอินโดจีน        | 5    |
| 2.3 การจัดจำแนกกลุ่มพันธุ์มะม่วง | 6    |
| 2.3.1 กลุ่มแก้ว                  | 6    |
| 2.3.2 กลุ่มเขียวเสวย             | 8    |
| 2.3.3 กลุ่มน้ำดอกไม้             | 9    |
| 2.3.4 กลุ่มหนังกลางวัน           | 10   |
| 2.3.5 กลุ่มอกร่อง                | 11   |
| 2.3.6 กลุ่มพราหมณ์               | 12   |
| 2.3.7 กลุ่มผลกลม                 | 13   |
| 2.3.8 กลุ่มเบ็ดเตล็ด             | 14   |
| 2.4 พันธุ์มะม่วงที่นิยมปลูก      | 14   |
| 2.4.1 พันธุ์เขียวเสวย            | 14   |
| 2.4.2 พันธุ์น้ำดอกไม้            | 14   |
| 2.4.3 พันธุ์แรด                  | 15   |
| 2.4.4 พันธุ์แก้ว                 | 15   |
| 2.4.5 พันธุ์โชคอนันต์            | 15   |
| 2.4.6 พันธุ์หนังกลางวัน          | 15   |
| 2.4.7 พันธุ์อกร่อง               | 15   |
| 2.4.8 พันธุ์ฟาลัน                | 16   |

## สารบัญ (ต่อ)

|                                                                 | หน้า |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| 2.4.9 พันธุ์หนองแขง                                             | 16   |
| 2.5 เครื่องหมายทางพันธุกรรม                                     | 16   |
| 2.5.1 เครื่องหมายทางสัณฐาน                                      | 16   |
| 2.5.2 เครื่องหมายทางโมเลกุล                                     | 17   |
| 2.6 เครื่องหมายดีเอ็นเอ                                         | 17   |
| 2.6.1 เครื่องหมายจากการไฮบริดดิซ                                | 18   |
| 2.6.2 เครื่องหมายจากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส                   | 18   |
| 2.7 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ | 18   |
| 2.8 การจำแนกมะม่วงโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ                     | 22   |
| 2.9 การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม                     | 24   |
| 2.9.1 Character-based                                           | 24   |
| 2.9.2 Distance-based                                            | 24   |
| บทที่ 3 วิธีการวิจัย                                            | 25   |
| 3.1 ตัวอย่างพันธุ์มะม่วง                                        | 25   |
| 3.2 เครื่องมือและอุปกรณ์                                        | 25   |
| 3.2.1 การสกัดดีเอ็นเอและการตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอ             | 25   |
| 3.2.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส   | 25   |
| 3.3 สารเคมี                                                     | 26   |
| 3.3.1 การสกัดดีเอ็นเอ                                           | 26   |
| 3.3.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส   | 26   |
| 3.3.3 การวิเคราะห์เจลอะกาโรสอิเล็กโตรโฟรีซิส                    | 26   |
| 3.4 วิธีการดำเนินการ                                            | 27   |
| 3.4.1 การสกัดดีเอ็นเอ                                           | 27   |
| 3.4.2 การตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของดีเอ็นเอ                      | 28   |
| 3.4.3 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส   | 28   |
| โดยเทคนิคหาลำดับดีเอ็นเอ                                        |      |

## สารบัญ (ต่อ)

|                                                                                                  | หน้า |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 3.4.4 การวิเคราะห์ผล                                                                             | 30   |
| บทที่ 4 ผลการวิจัยและอภิปรายผล                                                                   | 32   |
| 4.1 ผลการวิจัย                                                                                   | 32   |
| 4.1.1 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i>                                              | 32   |
| 4.1.1.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส                                  | 32   |
| 4.1.1.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์                                                                   | 33   |
| 4.1.1.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์                                                          | 35   |
| 4.1.1.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์                                                            | 40   |
| 4.1.2 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i>                                              | 42   |
| 4.1.2.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส                                  | 42   |
| 4.1.2.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์                                                                   | 42   |
| 4.1.2.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์                                                          | 43   |
| 4.1.2.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์                                                            | 46   |
| 4.1.3 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>                                             | 48   |
| 4.1.3.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส                                  | 48   |
| 4.1.3.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์                                                                   | 48   |
| 4.1.3.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์                                                          | 49   |
| 4.1.3.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์                                                            | 53   |
| 4.1.4 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน<br><i>trnH</i> กับ <i>psbA</i> | 56   |
| 4.1.4.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส                                  | 56   |
| 4.1.4.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์                                                                   | 56   |
| 4.1.4.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์                                                          | 57   |
| 4.1.4.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์                                                            | 62   |
| 4.1.5 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 4 ตำแหน่ง ร่วมกัน                                       | 65   |
| 4.2 อภิปราย                                                                                      | 71   |

## สารบัญ (ต่อ)

|                                                          | หน้า |
|----------------------------------------------------------|------|
| บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ                      | 74   |
| 5.1 สรุปผลการวิจัย                                       | 74   |
| 5.2 ข้อเสนอแนะ                                           | 75   |
| รายการอ้างอิง                                            | 76   |
| ภาคผนวก                                                  |      |
| ภาคผนวก ก การเตรียมสาร                                   | 84   |
| ภาคผนวก ข ดีเอ็นเอมาตรฐาน                                | 86   |
| ภาคผนวก ค ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่จัดเก็บในฐานข้อมูล Genbank | 87   |
| ประวัติผู้เขียน                                          | 159  |

## สารบัญตาราง

| ตารางที่                                                                                                                                                | หน้า |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 3.1 ไพรเมอร์ที่ใช้สำหรับหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน                                                                                                       | 29   |
| 3.2 องค์ประกอบที่ใช้ในปฏิกิริยาแลงคาชเชอร์                                                                                                              | 29   |
| 3.3 สภาวะที่ใช้ในปฏิกิริยาแลงคาชเชอร์                                                                                                                   | 30   |
| 4.1 หมายเลขเฉพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i><br>และยีน <i>trnH</i> ที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i> | 34   |
| 4.2 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i> ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ                                                                  | 39   |
| 4.3 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์<br>ของยีน <i>rbcL</i>                                                  | 41   |
| 4.4 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i> ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ                                                                  | 46   |
| 4.5 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์<br>ของยีน <i>rpoB</i>                                                  | 47   |
| 4.6 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ                                                                 | 53   |
| 4.7 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์<br>ของยีน <i>rpoC1</i>                                             | 55   |
| 4.8 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>trnH</i> ที่อยู่ระหว่าง<br>ยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i> ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ                | 62   |
| 4.9 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์<br>ของยีน <i>trnH</i> ที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>    | 64   |

## สารบัญภาพ

| ภาพที่                                                                                                                   | หน้า |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 2.1 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มแก้ว                                                                                    | 7    |
| 2.2 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มเขียวเสวย                                                                               | 8    |
| 2.3 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มน้ำดอกไม้                                                                               | 9    |
| 2.4 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มหนังกลางวัน                                                                             | 10   |
| 2.5 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มอกร่อง                                                                                  | 11   |
| 2.6 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มพราหมณ์                                                                                 | 12   |
| 2.7 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มผลกลม                                                                                   | 13   |
| 4.1 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน <i>rbcl</i>                                                     | 32   |
| 4.2 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>                                                                  | 35   |
| 4.3 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rbcl</i>                                                              | 40   |
| 4.4 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน <i>rpoB</i>                                                     | 42   |
| 4.5 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i>                                                                  | 43   |
| 4.6 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rpoB</i>                                                              | 46   |
| 4.7 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน <i>rpoC1</i>                                                    | 48   |
| 4.8 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>                                                                 | 49   |
| 4.9 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rpoC1</i>                                                             | 54   |
| 4.10 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>                         | 57   |
| 4.11 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>                       | 58   |
| 4.12 แผนภูมิความทางพันธุกรรมที่ได้ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>                           | 63   |
| 4.13 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> และยีน <i>rpoB</i><br>ร่วมกัน                         | 65   |
| 4.14 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> และยีน <i>rpoC1</i><br>ร่วมกัน                        | 66   |
| 4.15 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> และชิ้นดีเอ็นเอ<br>ที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i> | 66   |
| 4.16 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i> และยีน <i>rpoC1</i><br>ร่วมกัน                        | 67   |

## สารบัญภาพ (ต่อ)

| ภาพที่                                                                                                                                          | หน้า |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 4.17 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i> และขึ้นดีเอ็นเอ<br>ที่อยู่ระหว่างยีน <i>tmH-psbA</i>                         | 67   |
| 4.18 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> และขึ้นดีเอ็นเอ<br>ที่อยู่ระหว่างยีน <i>tmH-psbA</i>                        | 68   |
| 4.19 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ยีน <i>rpoB</i><br>และยีน <i>rpoC1</i> ร่วมกัน                               | 68   |
| 4.20 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ยีน <i>rpoB</i><br>และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>tmH-psbA</i> ร่วมกัน  | 69   |
| 4.21 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ยีน <i>rpoC1</i><br>และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>tmH-psbA</i> ร่วมกัน | 69   |
| 4.22 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoB</i> ยีน <i>rpoC1</i><br>และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>tmH-psbA</i> ร่วมกัน | 70   |
| 4.23 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนทั้ง 4 ตำแหน่ง ร่วมกัน                                                                    | 70   |

## บทที่ 1

### บทนำ

#### 1.1 ที่มาและความสำคัญ

มะม่วง (*Mangifera indica* L.) เป็นไม้ผลเมืองร้อน ไม่ผลัดใบ ที่เกษตรกรนิยมปลูกกันมาก และยังเป็นไม้ผลที่มีความสำคัญของไทยอีกชนิดหนึ่ง เนื่องจากสามารถรับประทานได้ทั้งผลดิบและผลสุก นอกจากนี้ยังสามารถแปรรูปเก็บไว้สำหรับจำหน่ายหรือรับประทานนอกฤดูได้ ไม้ผลส่วนใหญ่เป็นไม้ยืนต้นที่มีอายุการให้ผลผลิตที่ค่อนข้างยาวนาน ดังนั้นการปรับปรุงพันธุ์พืชจำพวกไม้ผลจึงนิยมใช้การคัดเลือกพันธุ์เดิมที่เห็นว่าดีอยู่แล้วมาขยายพันธุ์ ซึ่งการคัดเลือกโดยวิธีการนี้บางครั้งสามารถเกิดการผิดพลาดได้ เนื่องจากเกิดการเปลี่ยนแปลงลักษณะหรือมีการผสมพันธุ์ข้ามชนิด ทำให้ได้ต้นลูกไม่ตรงตามความต้องการ และหากตรวจสอบโดยใช้ลักษณะทางสัณฐาน ได้แก่ รูปร่างของใบ ดอก ผล เป็นต้น ลักษณะเหล่านี้จำเป็นต้องอาศัยระยะเวลาในการเจริญเติบโตและการสืบพันธุ์ ดังนั้นหากเกษตรกรนำสายพันธุ์ที่ได้ไปปลูกกว่าจะทราบว่าสายพันธุ์ที่เปลี่ยนไปหรือด้อยคุณภาพกว่าพันธุ์เดิมก็อาจต้องใช้เวลาหลายปี

อย่างไรก็ตาม มะม่วงนอกจากการจำหน่ายภายในประเทศแล้วยังมีการส่งออกไปขายยังต่างประเทศอีกด้วย ซึ่งการนำมะม่วงส่งออกยังต่างประเทศจำเป็นต้องได้รับการตรวจสอบคุณภาพของมะม่วง เนื่องจากผลมะม่วงบางพันธุ์นั้นมีลักษณะภายนอกที่คล้ายคลึงกัน หากทำการจำแนกด้วยตาเปล่า อาจไม่สามารถจำแนกหรือเกิดความผิดพลาดในการจำแนกได้

ด้วยความสำคัญดังกล่าวการนำเทคนิคทางพันธุศาสตร์โมเลกุลมาใช้น่าจะเป็นทางเลือกที่ดีในการตรวจสอบต้นที่สงสัยว่าเป็นพันธุ์อะไร และใช้จำแนกพันธุ์มะม่วงแต่ละชนิดออกจากกัน เพื่อใช้ในการอนุรักษ์ การตรวจสอบ และการปรับปรุงพันธุ์มะม่วงในอนาคต

#### 1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อจำแนกพันธุ์และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงที่พบในประเทศไทย ด้วยลำดับดีเอ็นเอบางตำแหน่ง

#### 1.3 ขอบเขตงานวิจัย

ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงในประเทศไทย 18 พันธุ์ ได้แก่ โชคอนันต์ มะปริงป้า ทองดำ เจ้าคุณทิพย์ กะล่อน แรด ศรีสยาม ฟาลัน เพชรบ้านลาด หนองแขง หนังกกลางวัน



มันขุนศรี เหั่ว เขียวเสวย แก้ว น้ำดอกไม้ พูลถวายพะวาย และอกร่อง โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ 4 ตำแหน่ง ได้แก่ *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และ ขึ้นดิเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 1.4 สมมุติฐาน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เหมาะสมสามารถตรวจสอบ จำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงได้ โดยข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ให้ความแตกต่างระหว่างพันธุ์สามารถใช้จำแนกพันธุ์มะม่วงในระดับโมเลกุลได้

#### 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

สามารถตรวจสอบและจำแนกพันธุ์มะม่วงด้วยลำดับดีเอ็นเอบางตำแหน่ง ซึ่งสามารถประยุกต์ใช้ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์และตรวจสอบคุณภาพของมะม่วงได้

#### 1.6 สถานที่ทำการวิจัย

ห้องปฏิบัติการ B403 และ B407 อาคารเรียนและปฏิบัติการคณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (บรรยายรวม5, บร.5) ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อำเภอคลองหลวง ตำบลคลองหนึ่ง จังหวัดปทุมธานี

## บทที่ 2

### วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 มะม่วง

มะม่วง (*Mangifera indica* L.) มีชื่อสามัญว่า Mango จัดอยู่ในวงศ์ Anacardiceae เป็นไม้ผลเมืองร้อน ไม้ผลัดใบ มีถิ่นกำเนิดแถบภาคตะวันออกเฉียงเหนือของอินเดีย พม่า และเกาะอันดามัน ต่อมาได้กระจายพันธุ์ไปยังประเทศต่าง ๆ ทั่วโลก (ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556)

มะม่วงเป็นไม้ผลที่นิยมปลูกกันแพร่หลายเพราะเป็นพืชที่ปลูกง่าย สามารถเจริญเติบโตได้ในดินเกือบทุกชนิด ทนต่ออากาศร้อนได้ดี จึงเป็นผลไม้ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจชนิดหนึ่งของไทย เนื่องจากสามารถบริโภคได้ทั้งดิบและสุก รสชาติอร่อย มีกลิ่นหอม และสามารถแปรรูปเก็บไว้สำหรับจำหน่ายหรือรับประทานนอกฤดู (มนตรี, 2556)

##### 2.1.1 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของมะม่วง มีดังนี้

###### 2.1.1.1 ราก

มะม่วงมีระบบรากเป็นรากแก้ว ความยาวของรากมีตั้งแต่ 6-8 เมตร หรือมากกว่า (ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556) สำหรับรากดูดอาหารนั้นอยู่หนาแน่นในบริเวณผิวดิน โดยลึกประมาณ 30-60 เซนติเมตร และแผ่กว้างออกเป็นรัศมีประมาณ 750 เซนติเมตร ในบางครั้งอาจเห็นรากมะม่วงเจริญโผล่ขึ้นมาบนดินให้เห็น หากขาดการพรวนดินพูนโคนเป็นเวลานาน (วนิสสา, 2552)

###### 2.1.1.2 ลำต้น

ขนาดของลำต้นขึ้นอยู่กับพันธุ์และอายุ โดยลำต้นมีลักษณะตรง ความสูงประมาณ 10-14 เมตร มีสีผิวจากเทาหรือเกือบดำ เปลือกอ่อนมีสีเขียว เปลือกแก่จะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาล มีลักษณะแข็ง ผิวขรุขระและมีเกล็ดมาก เนื้อไม้เมื่ออายุน้อยจะมีสีเขียว เมื่อแก่มีอายุมากขึ้นจะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลแกมแดง มีกิ่งก้านสาขาขนาดใหญ่ แข็งแรง ลักษณะทรงพุ่มเป็นรูปครึ่งวงกลมหรือรูปไข่ (ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556)

###### 2.1.1.3 ใบ

ใบเป็นใบเดี่ยวเรียงตัวแบบสลับทำให้มีลักษณะใบเรียงตัวเป็นเกลียวดังนั้น บริเวณปลายกิ่งจึงมักจะมีใบเกิดถี่ ใบไม่มีขน ไม่มีหูใบ และผลิใบออกมาเป็นระยะ ๆ ใบอ่อนมักมีสี

ออกแดง เมื่อใบแก่จะเปลี่ยนเป็นสีเขียวเข้ม ผิวใบเป็นมัน ก้านใบยาว 1-10 เซนติเมตร แผ่นใบยาว 8-40 เซนติเมตร กว้าง 2-10 เซนติเมตร ใบมีรูปร่างแบนรูปโล่ รูปหอก รูปไข่ และเรียวยาว ฐานใบค่อย ๆ กว้างออกคล้ายรูปลิ้นแหลม ปลายใบแหลม ขอบใบมักจะเป็นคลื่น (วนิสสา, 2552)

#### 2.1.1.4 ดอก

ดอกเป็นแบบดอกช่อแยกแขนง (panicle) ออกตามปลายกิ่งหรือตาดอกที่อยู่ปลายกิ่ง ตามก้านช่อดอกมีสีเขียวออกแดงและมีขน ในแต่ละช่อดอกประกอบด้วยดอก 2 ประเภท คือ ดอกเพศผู้ และดอกสมบูรณ์เพศอยู่ร่วมช่อดอกเดียวกัน ดอกสมบูรณ์เพศ คือ ดอกที่มีทั้งเกสรเพศผู้และเกสรเพศเมียอยู่ในดอกเดียวกัน และสามารถเจริญกลายเป็นผลได้เมื่อได้รับการผสมเกสร ส่วนดอกเพศผู้ไม่สามารถเจริญเป็นผลได้ ดอกมีหลายสีแตกต่างกัน ได้แก่ แดง ชมพู หรือขาว กลีบเลี้ยงมี 4-5 กลีบ แยกกัน ลักษณะโค้งงอมีสีเขียวอมเหลือง และมีขนแข็งขนาดยาวปกคลุม กลีบดอกโดยทั่วไปมี 5 กลีบแยกกัน มีความยาวเป็น 2 เท่า ของกลีบเลี้ยง กลีบดอกมีสีเหลืองครีมและมีร่องสีเหลืองเข้มบริเวณโคนกลีบดอก เมื่อกลีบดอกแก่จะเปลี่ยนเป็นสีชมพู ระหว่างวงกลีบดอก และวงเกสรเพศผู้มีแผ่นจานกลมคั่นอยู่ เกสรเพศผู้แทรกอยู่ที่ขอบนอกของแผ่นจานกลม ดอกเพศผู้มีเกสรเพศผู้ 5 อัน แต่อันที่ทำหน้าที่จะมีเพียง 1 หรือ 2 อัน นอกนั้นจะฝ่อ ซึ่งเกสรเพศผู้มีความยาว 2 มิลลิเมตร เมื่อแก่อับเรณูเปลี่ยนจากสีชมพูเป็นสีม่วง สำหรับดอกเพศผู้เกสรเพศเมียจะฝ่อ ส่วนดอกสมบูรณ์เพศมีเกสรเพศผู้ 2-5 อัน แต่ทำหน้าที่เพียงอันเดียว มีตำแหน่งอยู่เหนือฐานดอก เกสรเพศเมียประกอบด้วยรังไข่อันเดียวและมีช่องเดียว รังไข่เปี้ยว ไม่มีก้าน ก้านเกสรเพศเมียเอียงไปข้างหนึ่ง ยอดเกสรเพศเมียมีขนาดเล็กความยาวเท่ากับเกสรเพศผู้ที่ทำหน้าที่ ออวุลมีจำนวน 1 ฟอง และคว่ำ (วนิสสา, 2552; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556)

#### 2.1.1.5 ผล

ผลเป็นแบบผลเดี่ยว (fleshy drupe) โดยในแต่ละพันธุ์จะมีความแตกต่างกันในเรื่องของขนาด รูปร่าง สี ปริมาณเส้น รสชาติ และกลิ่น ผิวเรียบ ขนาดความยาวของผลมีตั้งแต่ 5-20 เซนติเมตร ความกว้าง 4-8 เซนติเมตร (ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556) รูปร่างของผลมีตั้งแต่กลมไปจนถึงรูปไข่ค่อนข้างยาว อาจแตกต่างกันในส่วนของแก้ม (sinus) ไหล่ (shoulder) หลัง (back) ปลาย (apex) คาง (nak) และจะงอยปาก (beak) สีเปลือกด้านนอกของผลประกอบด้วยส่วนผสมของสีต่าง ๆ เช่น เขียว เหลือง และแดง มะม่วงมีผนังผล 3 ชั้น คือ ผนังผลชั้นนอก (exocarp) หนาและมีต่อมเกิดเป็นจุด ๆ ผนังผลชั้นกลาง (mesocarp) เป็นเนื้อที่รับประทานได้ ความหวานของเนื้อมากน้อยขึ้นอยู่กับชนิด และผนังผลชั้นใน (endocarp) มีลักษณะ

เป็นเสี้ยน แข็ง คล้ายไม้ เปลือกชั้นในอาจล่อนหรือมีเสี้ยนยึดติดกับผนังผลชั้นกลางก็ได้ (วนิสสา, 2552)

#### 2.1.1.6 เมล็ด

เมล็ดอยู่ถัดจากผนังผลชั้นใน มีขนาดใหญ่ไปจนถึงเกือบไม่มีเมล็ด (หรือ เมล็ดลีบ) แตกต่างกันไปตามพันธุ์ เปลือกหุ้มเมล็ดมีเยื่อหุ้ม 2 ชั้น คือ ชั้นนอก (testa) และชั้นใน (tegmen) เมล็ดบางชนิดเป็น monoembryony ประกอบด้วย zygotic embryo เพียงอย่างเดียว ส่วนเมล็ดบางชนิดเป็น polyembryony ประกอบด้วยเอ็มบริโอ (embryo) จำนวน 2–12 อัน ซึ่ง เมล็ดแบบหลังนี้มี apomictic embryo เกิดจากผิวของเนื้อเยื่อ nucellus และลักษณะเด่นอีกอย่าง ของมะม่วงก็คือ มีน้ำยาง (resinous sap) อยู่ทุกส่วนของพืช (วนิสสา, 2552)

### 2.2 การแบ่งกลุ่มมะม่วง

มะม่วงที่ปลูกกันอยู่ในปัจจุบันถูกแบ่งออกเป็น 2 ประเภท ตามลักษณะถิ่นกำเนิดและการ กระจายพันธุ์ ซึ่งแตกต่างกันอย่างเด่นชัดทั้งทางกายภาพและทางสรีรวิทยา ดังนี้

#### 2.2.1 มะม่วงกลุ่มอินเดีย

มะม่วงในกลุ่มนี้มีถิ่นกำเนิดทางตอนเหนือของประเทศอินเดียและปากีสถาน เป็นที่ ต้องการของตลาด มีลักษณะเด่น คือ เมล็ดที่เพาะให้ต้นกล้า 1 ต้นต่อเมล็ด ต้นกล้านั้นจะกลายพันธุ์ ไม่ตรงกับต้นแม่ เพราะเป็นต้นกล้าที่เกิดจากการปฏิสนธิ (zygotic หรือ gametic seedling) เท่านั้น (ทาริกา, 2550) ผลของมะม่วงในกลุ่มนี้ ค่อนข้างกลมรี เปลือกหนามีสีออกม่วงหรือแดงเมื่อสุก มี กลิ่นซีได้แรง เนื้อหนาอาจจะมีหรือไม่มีเสี้ยนก็ได้

#### 2.2.2 มะม่วงกลุ่มอินโดจีน

มะม่วงในกลุ่มนี้มีถิ่นกำเนิดในประเทศแถบอินโดจีนและเอเชียตะวันออกเฉียงใต้เมื่อนำเมล็ดมาเพาะจะให้ต้นกล้ามากกว่า 1 ต้นต่อเมล็ด คือ ต้นกล้าที่เกิดจากการปฏิสนธิ และต้นกล้าที่เกิดจากนิวเซลลัส (nucellar seedling) ต้นกล้าที่ได้ส่วนมากจะตรงกับพันธุ์เดิม แต่อาจมีการเปลี่ยนแปลงของลักษณะพันธุ์บ้างในบางต้น (ทาริกา, 2550) ผลของมะม่วงในกลุ่มนี้ ค่อนข้างยาวรี เปลือกบางและเปลี่ยนเป็นสีเหลืองเมื่อสุก รสชาติหวานจัด มักไม่มีเสี้ยน แต่เนื่องจากผิวเปลือกที่บาง และรสชาติที่หวานจัด ไม่มีกลิ่นแรง ทำให้ไม่เป็นที่ต้องการของตลาดในแถบยุโรปและอเมริกา

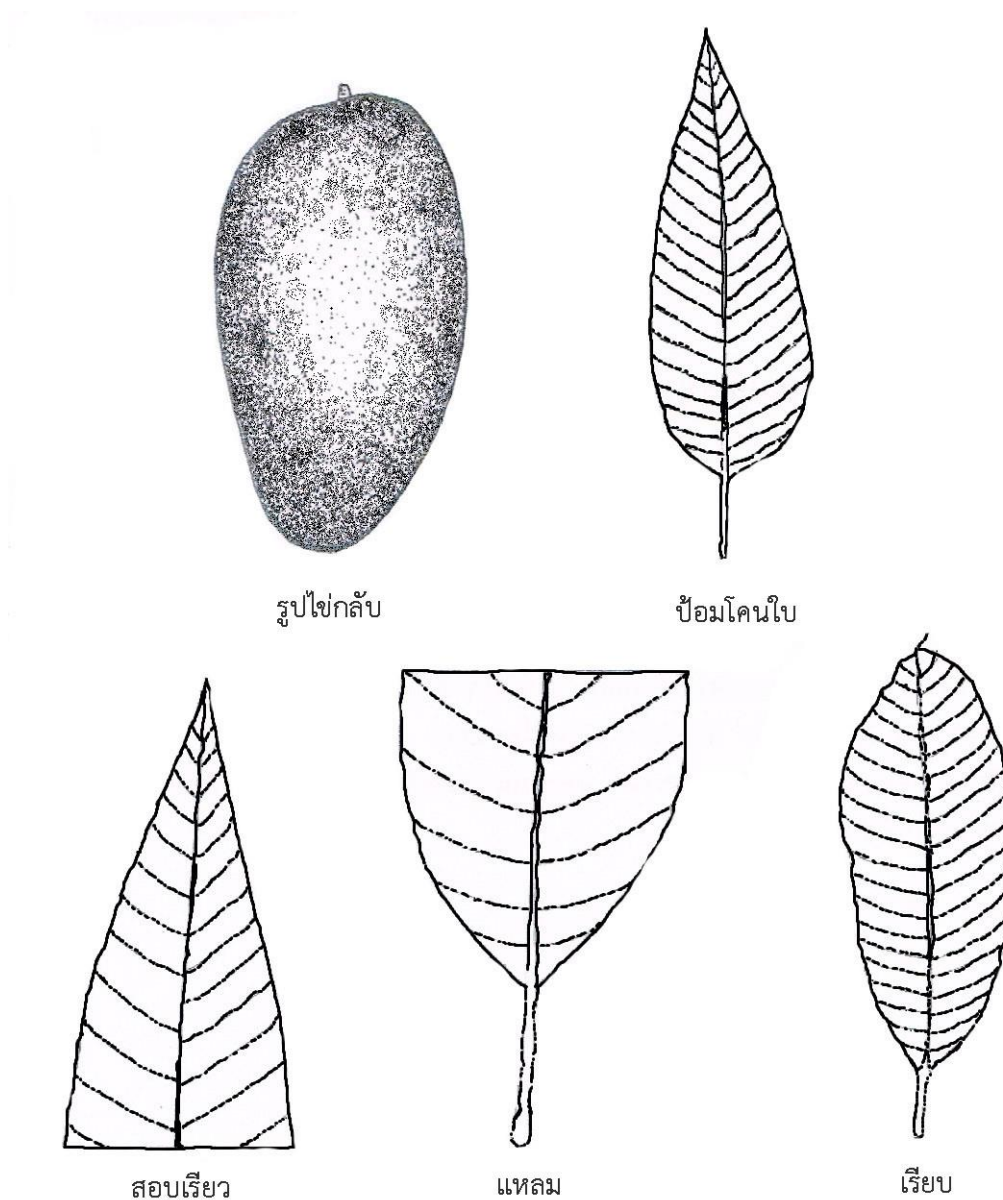
ความเป็นมาของมะม่วงในประเทศไทยคล้ายกับแหล่งอื่นของโลก คือ มีการขยายพันธุ์ด้วยวิธีเพาะเมล็ด โดยเฉพาะต้นที่มีลักษณะดี เช่น รสหวาน มัน เมื่อระยะเวลาผ่านไปจึงมีการผสมพันธุ์เพื่อให้ได้ลักษณะที่ดีเพิ่มมากขึ้นจึงเกิดพันธุ์มะม่วงเพิ่มเติมจำนวนมาก ปัจจุบันนิยมขยายพันธุ์ด้วยวิธีการต่อกิ่ง เพื่อให้ได้ต้นพันธุ์ที่เหมือนกับต้นแม่

## 2.3 การจัดจำแนกกลุ่มพันธุ์มะม่วง

มะม่วงที่พบในประเทศไทยมีหลายพันธุ์ ซึ่งมีลักษณะที่เหมือนและแตกต่างกันไป โดยบางพันธุ์นั้นอาจมีชื่อเรียกหลายชื่อแตกต่างกันตามสภาพแวดล้อมของแหล่งเพาะปลูก ดังนั้นจึงได้มีการจัดแบ่งกลุ่มมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ โดยศึกษาจากลักษณะของใบและผลเป็นหลัก ซึ่งสามารถจัดแบ่งกลุ่มของมะม่วง ได้ดังนี้

### 2.3.1 กลุ่มแก้ว

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปไข่กลับ (obovate) ทรงใบมีลักษณะป้อมโคนใบ (lanecolate) บริเวณปลายใบมีลักษณะสอบเรียว (attenuate) ฐานใบแหลม (acute) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบเรียบ (entire) (ภาพที่ 2.1)

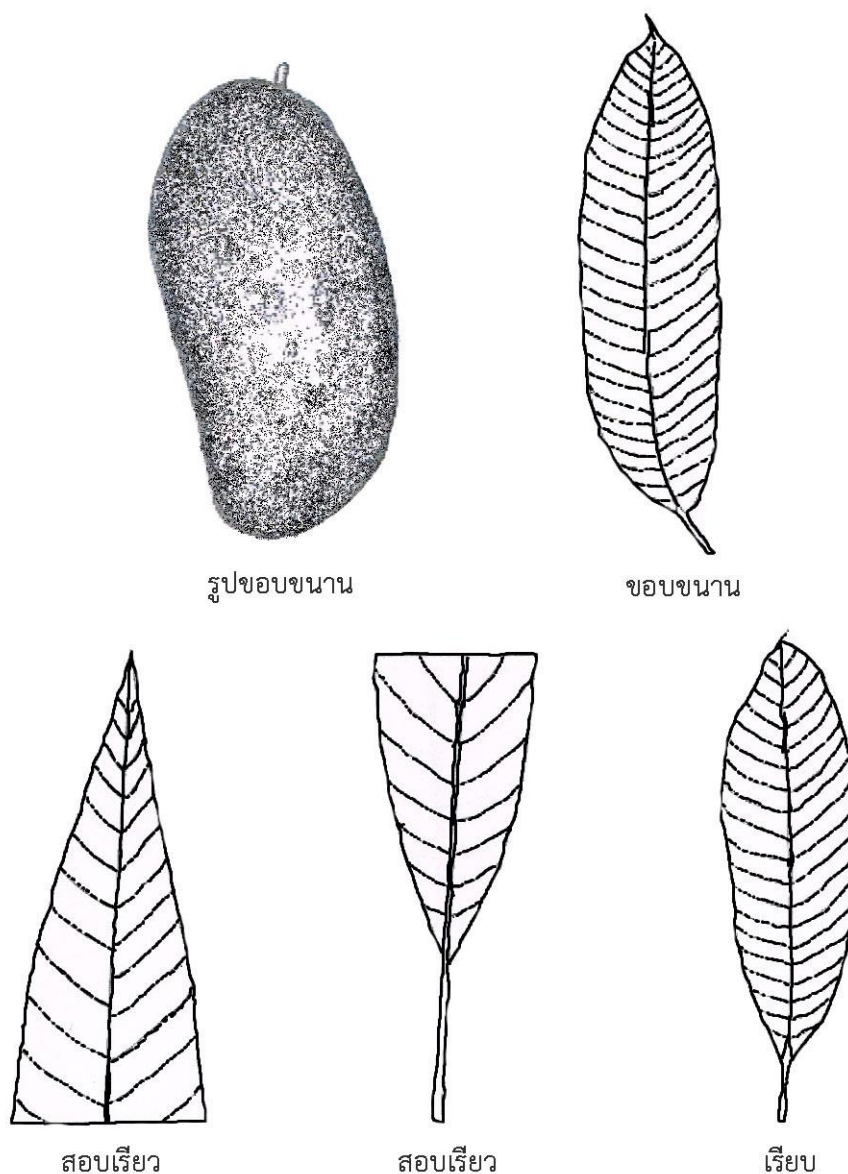


ภาพที่ 2.1 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มแก้ว

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.2 กลุ่มเขี้ยวเสวย

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปขอบขนาน (oblong) ทรงใบมีลักษณะขอบขนาน (oblong) บริเวณปลายใบมีลักษณะสอบเรียว (attenuate) ฐานใบสอบเรียว (attenuate) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบเรียบ (entire) (ภาพที่ 2.2)

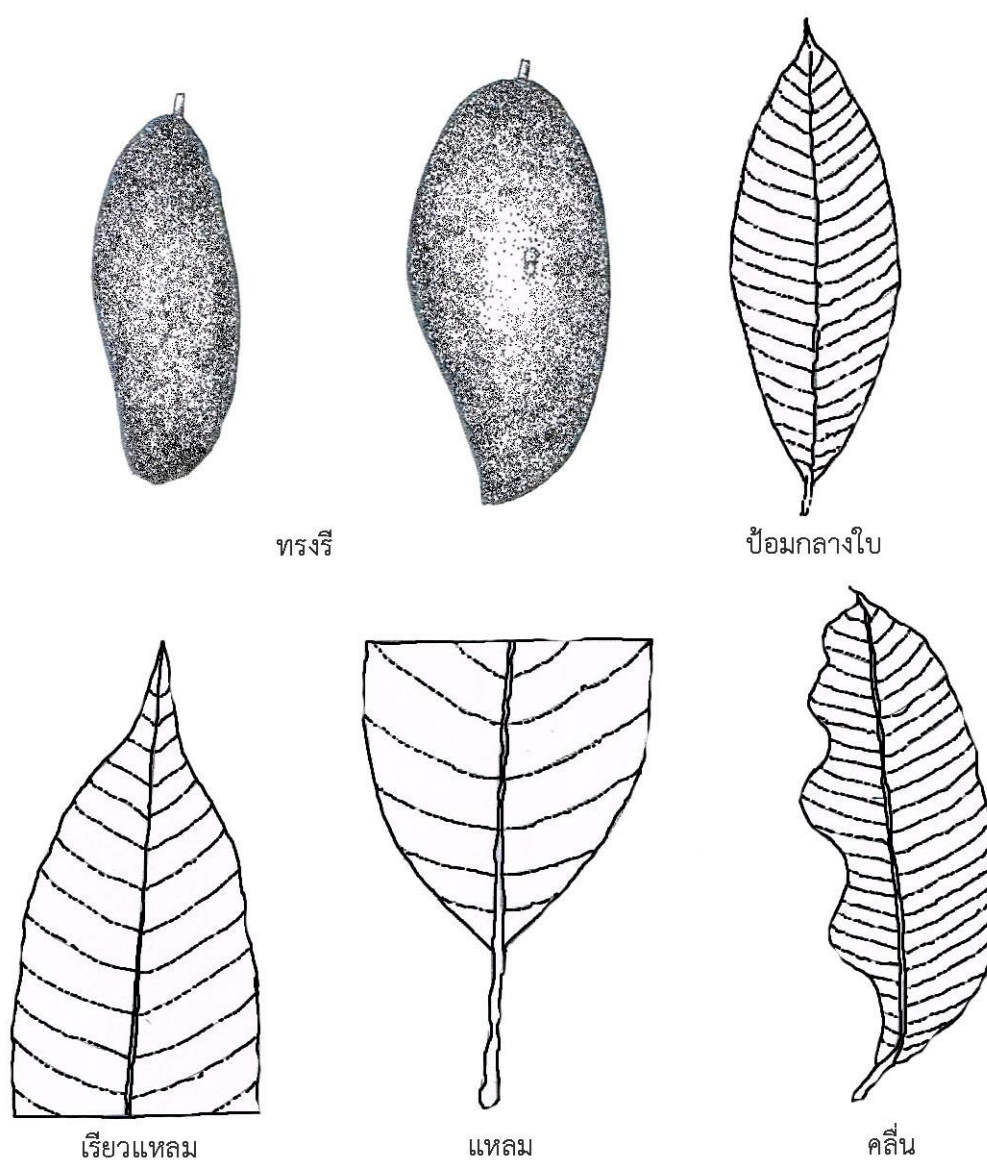


ภาพที่ 2.2 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มเขี้ยวเสวย

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.3 กลุ่มน้ำดอกไม้

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปทรงรี (elliptical) ทรงใบมีลักษณะป้อมกลางใบ (elliptical) บริเวณปลายใบมีลักษณะเรียวแหลม (acuminate) ฐานใบแหลม (acute) ขอบใบมีลักษณะเป็นคลื่น (undulate) (ภาพที่ 2.3)



ภาพที่ 2.3 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มน้ำดอกไม้

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

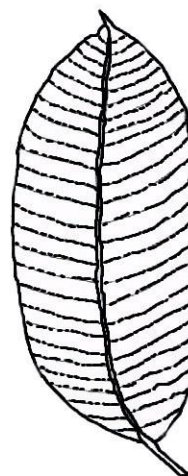


### 2.3.4 กลุ่มหนังกกลางวัน

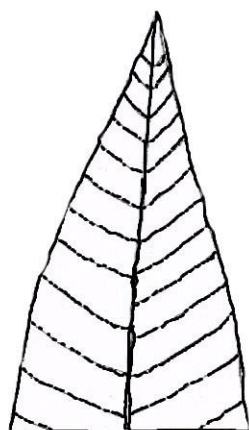
มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปทรงกระบอก (cylindrical) ทรงใบมีลักษณะ  
ขอบขนาน (oblong) บริเวณปลายใบมีลักษณะสอบเรียว (attenuate) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบ  
เรียบ (entire) (ภาพที่ 2.4)



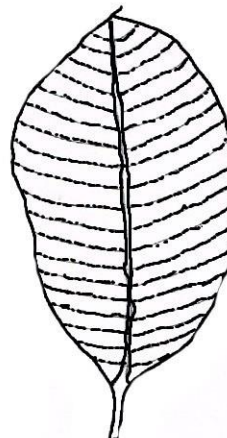
ทรงกระบอก



ขอบขนาน



สอบเรียว



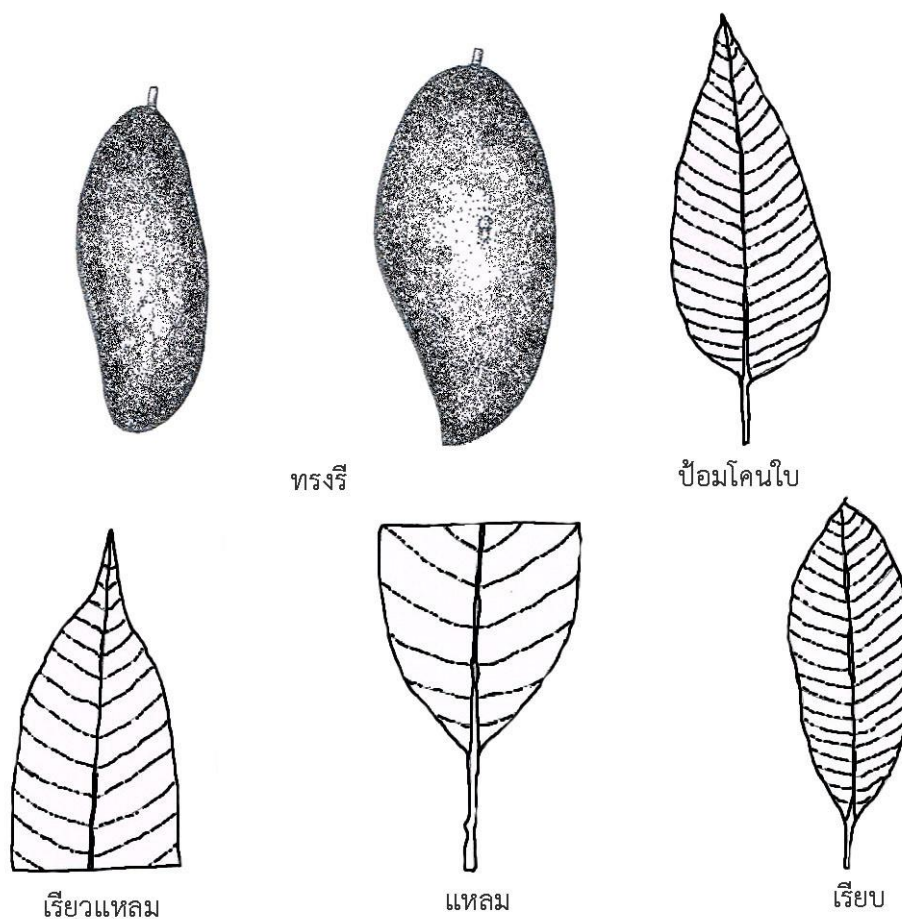
เรียบ

ภาพที่ 2.4 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มหนังกกลางวัน

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.5 กลุ่มอกร่อง

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปทรงรี (elliptical) ทรงใบมีลักษณะป้อมโคนใบ (lanecolate) บริเวณปลายใบมีลักษณะเรียวแหลม (acuminate) ฐานใบแหลม (acute) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบเรียบ (entire) (ภาพที่ 2.5)

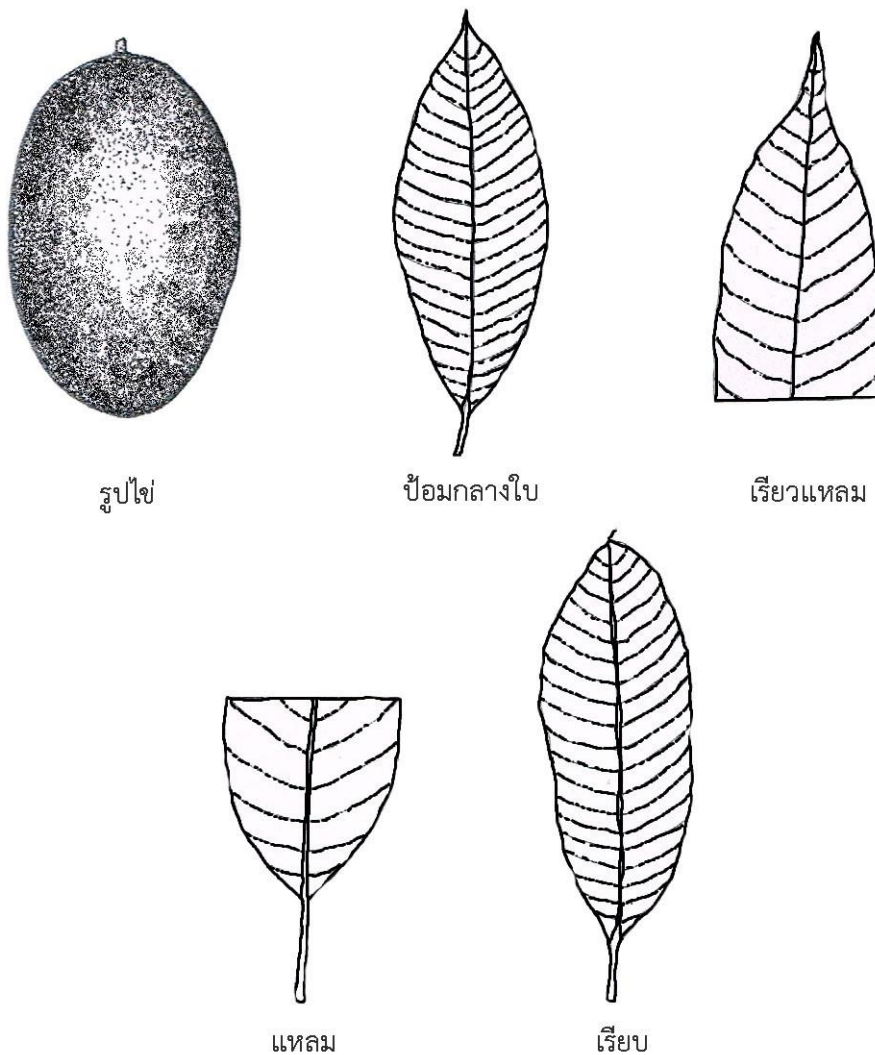


ภาพที่ 2.5 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มอกร่อง

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.6 กลุ่มพราหมณ์

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปไข่ (ovate) ทรงใบมีลักษณะป้อมกลางใบ (elliptical) บริเวณปลายใบมีลักษณะเรียวแหลม (acuminate) ฐานใบแหลม (acute) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบเรียบ (entire) (ภาพที่ 2.6)

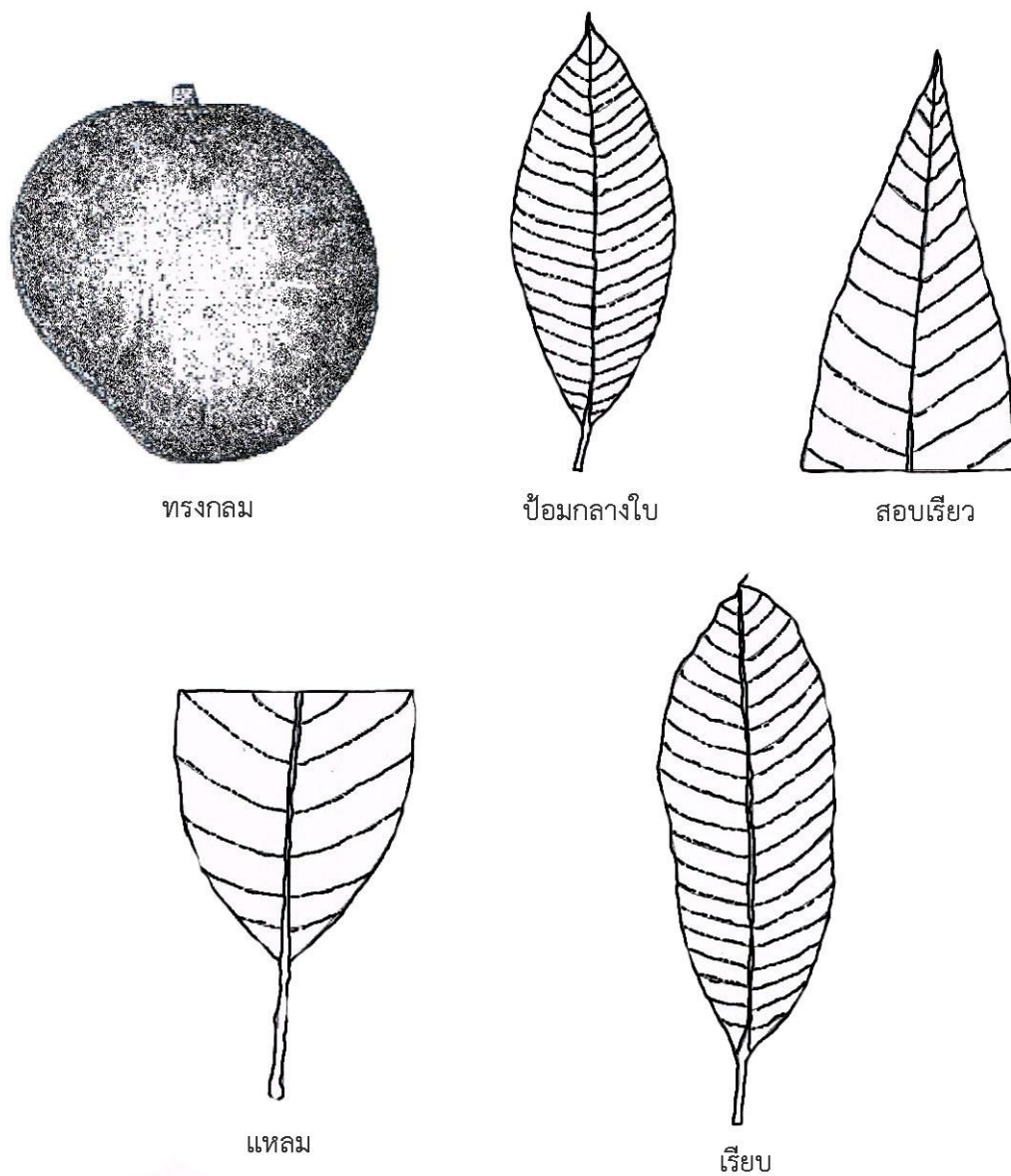


ภาพที่ 2.6 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มพราหมณ์

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.7 กลุ่มผลกลม

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลเป็นรูปทรงกลม (roundish) ทรงใบมีลักษณะป้อมกลางใบ (elliptical) บริเวณปลายใบมีลักษณะสอบเรียว (attenuate) ฐานใบแหลม (acute) ขอบใบมีลักษณะเป็นขอบเรียบ (entire) (ภาพที่ 2.7)



ภาพที่ 2.7 ลักษณะผลและใบของมะม่วงในกลุ่มผลกลม

ที่มา : ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์มะม่วง, 2547; ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว, 2556

### 2.3.8 กลุ่มเบ็ดเตล็ด

มะม่วงในกลุ่มนี้มีลักษณะผลหลายแบบ ไม่สามารถจัดเข้ารวมกลุ่มใดกลุ่มหนึ่งได้ ในส่วนของลักษณะทรงใบ ปลายใบ ฐานใบ และขอบใบนั้น ก็ไม่สามารถระบุเข้ากลุ่มใดกลุ่มหนึ่งได้เช่นกันหรืออาจมีลักษณะของกลุ่มหนึ่งปนกับลักษณะอีกกลุ่มหนึ่ง เป็นต้น

## 2.4 พันธุ์มะม่วงที่นิยมปลูก

มะม่วงแต่ละพันธุ์จะมีลักษณะเด่นที่แตกต่างกันไปซึ่งมะม่วงที่นิยมปลูกและบริโภคนั้นมีเพียงไม่กี่ชนิด ดังนั้นการจะเลือกปลูกมะม่วงพันธุ์ใดจึงขึ้นอยู่กับความต้องการของตลาด ซึ่งมะม่วงที่ได้ความนิยมเป็นส่วนมาก ได้แก่

### 2.4.1 พันธุ์เขียวเสวย

มะม่วงพันธุ์เขียวเสวย เป็นพันธุ์ที่นิยมปลูกกันมากเพราะเป็นที่ต้องการของตลาด มีรสชาติมัน เหมาะสำหรับรับประทานผลดิบในระยะผลแก่จัด เป็นพันธุ์ที่ให้ผลดก ขอบที่แข็ง แต่การเจริญเติบโตและการแตกกิ่งค่อนข้างช้า มีความต้านทานต่อโรคและแมลงได้ดี แต่ไม่ทนต่อโรคยางไหล ลักษณะผลค่อนข้างกลมเรียวยาว ปลายงอนเล็กน้อย ผลดิบเปลือกมีสีเขียวเข้มและออกนวลเมื่อแก่ รสชาติมัน เนื้อมีสีขาว ละเอียดย กรอบ มีเสี้ยนค่อนข้างน้อย เมล็ดลีบ ผลอ่อนมีรสเปรี้ยว เมื่อผลสุกเปลือกมีสีเขียวปนเหลือง เนื้อสีเหลือง รสหวาน (มนตรี, 2556)

### 2.4.2 พันธุ์น้ำดอกไม้

มะม่วงพันธุ์น้ำดอกไม้เป็นมะม่วงประเภทรับประทานผลแบบสุก เจริญเติบโตดี ออกดอกง่ายและดก สามารถบังคับให้ออกดอกนอกฤดูได้ดี ผลมีขนาดปานกลางถึงใหญ่ ค่อนข้างกลมยาว ปลายผลแหลม มีผิวเรียบ เปลือกบางเปราะ มีต่อมกระจายอยู่ห่างๆ ทั่วผล ผลดิบเปลือกมีสีเขียวนวล เนื้อมีสีขาว แน่น เมล็ดแบนยาว มีรสเปรี้ยวจัด เมื่อผลสุกเปลือกมีสีเขียวอมเหลืองถึงเหลือง ข้าง่าย รสหวาน มีเสี้ยนค่อนข้างน้อย (มนตรี, 2556)

### 2.4.3 พันธุ์แรด

มะม่วงพันธุ์แรดเป็นมะม่วงพันธุ์เบา ทนต่อโรคแมลงและสภาพแวดล้อมได้ดี ติดผลตกผลแก่เร็ว ผลมีขนาดปานกลาง ลักษณะกลม ปลายผลเรียวแหลมเล็กน้อยและมน ผิวเป็นคลื่นไม่เรียบ จะมีลักษณะเด่นที่เห็นได้ชัด คือ มีนออยู่บริเวณส่วนบนของผล เปลือกค่อนข้างหนาและเหนียว ผลดิบเปลือกมีสีเขียวปนขาว เนื้อมีสีขาวยาวปนเหลือง เนื้อหยาบ กรอบ และหนา ผลอ่อนมีรสเปรี้ยวจัด ผลแก่มีรสอมเปรี้ยวเล็กน้อย มีเสี้ยนค่อนข้างมาก เมื่อผลสุกเปลือกมีสีเหลืองเข้ม เมล็ดมีรูปร่างค่อนข้างสั้น และมีเสี้ยนติดเมล็ดมาก (มนตรี, 2556)

### 2.4.4 พันธุ์แก้ว

มะม่วงพันธุ์แก้วเป็นพันธุ์พื้นบ้านของไทย เจริญเติบโตเร็ว ทนทานต่อโรคแมลงและสภาพแวดล้อมได้ดี เหมาะต่อสภาพไร่ที่มีการดูแลรักษาน้อย ติดผลตกผลแก่ช้า ลักษณะผลค่อนข้างกลมป้อม ผลดิบเปลือกมีสีเขียวเข้มและหนาปานกลาง เนื้อสีขาวยาว หยาบ มีแฉกมาก ผลสุกเปลือกมีสีเหลือง เนื้อสีเหลืองเข้ม แน่น มีรสหวาน เมล็ดค่อนข้างโต (มนตรี, 2556)

### 2.4.5 พันธุ์โชคอนันต์

มะม่วงพันธุ์โชคอนันต์เป็นพันธุ์ที่มีการติดผลลักษณะเป็นพวง ลักษณะเด่นของมะม่วงพันธุ์นี้ คือ การออกดอกทะวาย สามารถออกดอกได้ตลอดปี ติดผลง่าย เปลือกหนา เนื้อแน่น เป็นพันธุ์ที่สามารถทำให้ติดผลนอกฤดูได้ง่ายกว่าพันธุ์อื่น ผลดิบเปลือกมีสีเขียวอ่อน ผิวเรียบ รสชาติจัด ผลสุกเปลือกสีเหลืองส้ม เนื้อแน่นออกแข็งๆ รสหวาน มีเสี้ยนน้อย (มนตรี, 2556)

### 2.4.6 พันธุ์หนังกกลางวัน

มะม่วงพันธุ์หนังกกลางวันเป็นมะม่วงพันธุ์หนักที่ให้ผลตก โดยเฉพาะต้นที่มีอายุมาก ๆ จะยิ่งให้ผลตกมาก ทนทานต่อโรคและแมลงได้ดี ผลมีขนาดปานกลางถึงใหญ่ รูปร่างยาวเรียว เปลือกค่อนข้างหนาและเหนียว ผิวเรียบ ผลดิบมีเปลือกสีเขียวเข้ม เนื้อสีขาวยาว ละเอียด กรอบ มีเสี้ยนน้อย รสเปรี้ยว เมื่อแก่จัดรสมันอมเปรี้ยว ผลสุกเปลือกและเนื้อมีสีทอง เนื้อละเอียด แน่น มีเสี้ยนน้อย รสหวาน เมล็ดยาวแบนมีเสี้ยนติดกับเมล็ดเล็กน้อย (มนตรี, 2556)

### 2.4.7 พันธุ์กร่อง

มะม่วงพันธุ์กร่องเป็นพันธุ์ที่นิยมรับประทานผลสุก ให้ผลตก ผลมีขนาดค่อนข้างเล็ก ทรงยาวแบนเล็กน้อย มีร่องเป็นแนวยาวที่ด้านท้องอย่างเห็นได้ชัด เปลือกบาง ผลดิบเปลือกมีสีเขียว

เนื้อสีขาวนวลละเอียด มีเสี้ยนน้อย รสเปรี้ยวจัด ผลสุกเปลือกมีสีเหลืองทองและเขียวอ่อน เนื้อสีเหลืองทองละเอียด แน่น ฉ่ำน้ำ มีเสี้ยนมากปานกลาง รสหวาน เมล็ดแบนยาว (เจนวิทย์, 2553)

#### 2.4.8 พันธุ์ฟาลัน

มะม่วงพันธุ์ฟาลันมีลักษณะเด่น คือ ติดผลค่อนข้างดีและเก็บขายได้ตั้งแต่ผลยังอ่อน แต่มีข้อเสียคือ ผลแตกง่ายถ้ามีฝนตก ผลมีลักษณะยาวปลายเรียวแหลม เปลือกหนาไม่เหนียว ผลดิบเปลือกมีสีเขียว เนื้อสีขาวนวล หยาบ กรอบ มีเสี้ยนค่อนข้างน้อย รสมันตั้งแต่ผลเล็ก ๆ กระทั่งผลแก่จัด ผลสุกเปลือกมีสีเขียวปนเหลือง เนื้อมีสีเหลือง ละเอียด มีเสี้ยนน้อย รสหวานไม่จัดเมล็ดมีรูปร่างยาวแบน (เจนวิทย์, 2553)

#### 2.4.9 พันธุ์หนองแขง

มะม่วงพันธุ์หนองแขงเป็นมะม่วงไทยที่มีถิ่นกำเนิดบริเวณอำเภอนองแขง จังหวัดสระบุรี ต้นเจริญเติบโตเร็ว ทรงพุ่มค่อนข้างทึบ การแตกใบมีลักษณะเป็นหลายฉัตร ออกดอกติดผลดี เปลือกค่อนข้างหนา ผลดิบเปลือกมีสีเขียวปนขาว เนื้อสีขาว มีเสี้ยนน้อย ผลอ่อนมีรสมันจัด เมื่อแก่มีรสมันกรอบ ผลสุกเปลือกมีสีเหลือง เนื้อสีเหลือง ละเอียด รสหวานซัด (เจนวิทย์, 2553)

### 2.5 เครื่องหมายทางพันธุกรรม

เครื่องหมายทางพันธุกรรม หมายถึง ลักษณะหรือตัวบ่งชี้ความแตกต่างหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตทั้งทางปริมาณและคุณภาพ สามารถนำมาใช้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้ เพื่อช่วยให้การจำแนกความแตกต่างของสายพันธุ์มีความถูกต้อง เครื่องหมายใช้บ่งชี้ความแตกต่างนี้มี 2 ประเภท คือ เครื่องหมายทางสัณฐาน (morphological marker) และเครื่องหมายทางโมเลกุล (molecular marker) (สุรินทร์, 2552)

#### 2.5.1 เครื่องหมายทางสัณฐาน

เครื่องหมายทางสัณฐานบ่งบอกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยใช้วิธีการเปรียบเทียบลักษณะภายนอกทางสัณฐานหรือทางสรีระ ใช้ตรวจสอบลักษณะที่มักขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อม ทำให้ผลของการตรวจสอบผิดพลาดได้ง่าย อย่างไรก็ตาม การตรวจสอบลักษณะทางสัณฐานยังมีความจำเป็นต้องทำเป็นอันดับแรก แล้วจึงใช้วิธีอื่นประกอบเพื่อให้ได้ข้อมูลที่สมบูรณ์มากขึ้น (สุรินทร์, 2552)

### 2.5.2 เครื่องหมายทางโมเลกุล

เครื่องหมายทางโมเลกุลมี 2 ระดับ คือ ระดับโปรตีน เป็นการตรวจสอบที่โมเลกุลของโปรตีนชนิดต่าง ๆ และระดับดีเอ็นเอ เป็นการตรวจสอบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลของดีเอ็นเอ โดยการตรวจสอบในระดับดีเอ็นเอมีข้อดีกว่าการตรวจสอบโปรตีน เนื่องจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายโปรตีนนั้นจำนวนยีนที่ตรวจสอบยังมีไม่มากนัก ไม่กระจายครอบคลุมทั้งจีโนม และยีนที่ศึกษาต้องมีการแสดงออก จึงจำเป็นต้องเลือกเนื้อเยื่อพืชและระยะการเจริญที่เหมาะสมในการวิเคราะห์ นอกจากนี้โปรตีนยังสูญเสียสภาพธรรมชาติได้ง่ายจึงต้องวิเคราะห์ผลในระยะเวลาที่จำกัด ทำให้โอกาสการตรวจพบความแตกต่างในระดับโปรตีนมีค่าต่ำกว่าความเป็นจริง ไม่เหมาะในการนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ (สุรินทร์, 2552)

### 2.6 เครื่องหมายดีเอ็นเอ

เครื่องหมายดีเอ็นเอ เป็นการใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายในการบ่งชี้ความจำเพาะของสิ่งมีชีวิต โดยดีเอ็นเอนั้นอาจเป็นดีเอ็นเอที่อยู่ตำแหน่งหนึ่ง ๆ บนโครโมโซม (nuclear DNA) หรือดีเอ็นเอในออร์แกเนลล์ (mitochondrial DNA หรือ chloroplast DNA) การที่สามารถใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายได้เนื่องจากเกิดความผันแปร (variation) ของนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลดีเอ็นเอ หรือเกิดความหลากหลาย (polymorphism) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลดีเอ็นเอ การตรวจสอบในระดับโมเลกุลของดีเอ็นเอมีความเสถียรกว่าการตรวจสอบในระดับโมเลกุลของโปรตีนเนื่องจากสามารถเก็บไว้ได้ในระยะเวลายาวนานกว่า และดีเอ็นเอเป็นองค์ประกอบที่มีอยู่เกือบทุกเซลล์ในปริมาณที่เท่ากันจึงสามารถตรวจสอบจากเนื้อเยื่อใด ๆ ก็ได้ ไม่ขึ้นกับสภาพแวดล้อม สามารถตรวจสอบได้ทั้งส่วนที่เป็นยีนหรือส่วนที่ไม่ใช่ยีนก็ได้ จะมีการแสดงออกของยีนหรือไม่มีการแสดงออกของยีนก็ได้ ครอบคลุมทั้งจีโนม และมีเครื่องหมายหลายแบบให้เลือกใช้ ทำให้การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายที่สามารถประยุกต์ใช้ได้อย่างกว้างขวาง และสามารถใช้ในด้านต่าง ๆ ได้อย่างไม่จำกัด (สุรินทร์, 2552)

เครื่องหมายดีเอ็นเอสามารถแบ่งออกเป็น 2 ประเภท คือ hybridization-based marker และ PCR-based marker



### 2.6.1 เครื่องหมายจากการไฮบริดไดซ์ (hybridization-based marker)

เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอ ซึ่งพัฒนาขึ้นโดยอาศัยหลักการเข้าสู่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ดีเอ็นเอที่เป็นคู่สมกันระหว่างดีเอ็นเอติดตาม (probe) กับดีเอ็นเอที่ต้องการตรวจสอบ โดยใช้เทคนิคไฮบริดไดซ์ (hybridization) ตัวอย่าง เช่น อาร์เอฟแอลพี (restriction fragment length polymorphism, RFLP) (Tanksley *et al.*, 1989; McCouch and Tanksley, 1991; Kochert, 1994)

### 2.6.2 เครื่องหมายจากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ (PCR-based marker)

เป็นเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่พัฒนาขึ้น โดยอาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ หรือ พีซีอาร์ (polymerase chain reaction, PCR) ตัวอย่างเครื่องหมายดีเอ็นเอที่นิยมใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์พืช ได้แก่ อาร์เอฟพีดี (random amplified polymorphic DNA, RAPD) (William *et al.*, 1990) เอเอฟแอลพี (amplified fragment length polymorphism, AFLP) (Vos *et al.*, 1995) และไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite) หรือ เอสเอสอาร์ (simple sequence repeat, SSR) (Brown *et al.*, 1996; Powell *et al.*, 1996)

## 2.7 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์

ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เรียงตัวเป็นองค์ประกอบของสายดีเอ็นเอหรือยีนบางชนิดของสิ่งมีชีวิตที่มีขนาดสั้น ๆ สามารถใช้ในการจำแนกชนิดของสิ่งมีชีวิตโดยใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอ (DNA barcode) ซึ่งเทคนิครหัสแท่งดีเอ็นเอนี้มีแนวคิดมาจากแถบของรหัสแท่งสีขาว-ดำสลับกันที่ใช้ในการตรวจสอบสินค้า หนังสือ หรือใบอนุญาตต่าง ๆ เพื่อระบุตัวสินค้าหรือเอกลักษณ์ของสิ่งนั้น ๆ โดยผู้ที่ได้เสนอแนวความคิดรหัสแท่งดีเอ็นเอ คือ Hebert และคณะ (2003) ได้ศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน Cytochrome c oxidase subunit I (COI) ที่อยู่ในไมโทคอนเดรีย (mitochondria DNA, mtDNA) เพื่อใช้จำแนกและระบุชนิดของผีเสื้อ Lepidoptera จำนวนกว่า 200 ชนิด พบว่าสามารถจำแนกชนิดของผีเสื้อในกลุ่มนี้ได้ถูกต้อง ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดมีบริเวณอนุรักษ์ (conserved sequences region) ที่สามารถใช้ไพรเมอร์สากล (universal primer) สำหรับเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณนั้นด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์เพื่อนำมาใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอได้

ในปี ค.ศ. 2004 โครงการ Consortium for the Barcode of Life (CBOL) ได้ก่อตั้งขึ้น และโครงการนี้ได้จัดทำฐานข้อมูล The Barcode of Life Data System (BOLD) ด้วยความร่วมมือ

ของ 150 สถาบัน จาก 45 ประเทศทั่วโลก เพื่อจุดประสงค์ในการพัฒนาวิธีการที่เป็นมาตรฐานสากลในการศึกษาหัสแท่งดีเอ็นเอและสร้างฐานข้อมูลหัสแท่งดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตขึ้น

ปัจจุบันการศึกษาหัสแท่งดีเอ็นเอในพืชนั้นยังมีน้อย เนื่องจากลำดับนิวคลีโอไทด์บนบริเวณ ยีน *COI* ไม่สามารถนำมาประยุกต์ใช้ได้ในพื้นที่ เนื่องจากไมโทคอนเดรียในพืชมีอัตราการวิวัฒนาการต่ำ ทำให้ความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์บนยีน *COI* ระหว่างชนิดมีน้อยมากไม่เพียงพอสำหรับการนำมาใช้สนับสนุนการจำแนกชนิดในกลุ่มของพืชได้ (Cho *et al.*, 2004) นักวิจัยจึงได้พยายามหาตำแหน่งต่าง ๆ ที่อยู่บนสายดีเอ็นเอ ทั้งส่วนของยีนและไมไ้ยีน กระทั่งพบตำแหน่งที่เหมาะสมสำหรับการทำหัสแท่งดีเอ็นเออยู่บนยีนที่อยู่บนคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ (chloroplast DNA, cpDNA) ซึ่ง CBOL Plant Working Group ได้เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในพลาสติด (plastid) 7 ตำแหน่ง เพื่อประเมินความเหมาะสมสำหรับใช้เป็นหัสแท่งดีเอ็นเอ ได้แก่ *atpF-atpH* spacer, *matK*, *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1*, *psbK-psbL* spacer และ *trnH-psbA* spacer โดยมีเกณฑ์ในการพิจารณา คือ วิธีการได้มาซึ่งลำดับดีเอ็นเอ คุณภาพของข้อมูล และความสามารถในการจำแนกชนิด (species) และได้สรุปว่าตำแหน่งที่เหมาะสมสำหรับใช้เป็นหัสแท่งดีเอ็นเอในพืชคือ *rbcl* และ *matK* ซึ่งต้องใช้ข้อมูลจากทั้งสองยีนร่วมกันในการระบุชนิดของพืช

ยีน ribulose-bisphosphate carboxylase (*rbcl*) เป็นยีนที่อยู่ในคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ และสามารถแปลรหัส (translation) เป็น large subunit ของเอนไซม์ ribulose-1,5 biphosphate carboxylase/oxygenase (RUBISCO) (Gielly and Taberlet, 1994) โดยเกี่ยวข้องกับกลไกการตรึงคาร์บอนไดออกไซด์ (carbon dioxide fixation) ของพืช ในกระบวนการสังเคราะห์ด้วยแสง (photosynthesis) เพื่อเปลี่ยนคาร์บอนไดออกไซด์ในอากาศให้เป็นโมเลกุลที่ให้พลังงานสูง ซึ่งเอนไซม์ชนิดนี้สามารถเร่งปฏิกิริยาทั้ง carboxylation และ oxygenation ได้

ยีน MaturaseK (*matK*) อยู่ในคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ เป็นยีนที่มีบริเวณอนุรักษ์สูง มีขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส อยู่ภายในอินทรอน (intron) ของยีน *trnK* สามารถแปลรหัสเป็นเอนไซม์ maturase ซึ่งเกี่ยวข้องกับการ splicing ของอินทรอนกลุ่มที่ 2 นอกจากนี้ยีน *matK* ยังมีอัตราการแทนที่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในแต่ละชนิดสูงซึ่งได้รับความนิยมในการนำมาใช้เป็นตัวเลือกในการศึกษาวิวัฒนาการของพืช (Selvaraj *et al.*, 2008)

ยีน *rpoB* และ *rpoC1* คือ ยีนที่แปลรหัสได้เป็นพอลิเพปไทด์ (polypeptide) ที่ประกอบในเอนไซม์อาร์เอ็นเอพอลิเมอเรส (RNA polymerase) ในพลาสติด โดยยีน *rpoB* และ *rpoC1* เป็น

ตำแหน่งที่เหมาะสมสำหรับใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอในพืชเช่นกัน ญัฐกร และคณะ (2554) ประเมินลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และ *rpoB* สำหรับการใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอโดยศึกษาในพืชสกุล *Alpinia* spp. Roxb. (Zingiberaceae) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 10 ชนิด จากทั้งหมด 16 ชนิด คิดเป็น 62.5 % ส่วนลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 8 ชนิด จากทั้งหมด 15 ชนิด คิดเป็น 53.3 % ซึ่งพบว่าการจำแนกชนิดโดยใช้ *rpoB* หรือ *rpoC1* ตามลำพังสามารถจำแนกพืชได้ไม่ดี

จีนติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* (*trnH-psbA*) อยู่ในคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ นิยมนำมาศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชที่มีระดับอนุกรมวิธานต่ำและเหมาะสมสำหรับการใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอ เนื่องจากบริเวณดังกล่าวมีบทบาทสำคัญในกระบวนการการควบคุมการแสดงออกของทั้ง 2 ยีน ซึ่งยีน *trnH* (tRNA-His) จะถอดรหัส ได้เป็น tRNA<sup>his</sup> (GUG) และจับกับกรดอะมิโนฮิสทีดีน (histidine, H) เพื่อนำไปสู่การแปลรหัส (transcription) เป็นพอลิเพปไทด์ และยีน *psbA* สามารถแปลรหัสเป็นโปรตีน D1 โดยทำหน้าที่ร่วมกับโปรตีน D2 ของระบบแสง II ในกระบวนการสังเคราะห์ด้วยแสง (Degtjareva *et al.*, 2012)

นฤมล และคณะ (2557) จำแนกพันธุ์และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลกุหลาบด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ พบว่าบริเวณ ITS ไม่เหมาะสมที่จะนำมาใช้เนื่องจากไม่สามารถเพิ่มปริมาณจีนติเอ็นเอของกล้วยไม้ได้ครบทั้ง 13 พันธุ์ นอกจากนี้ยังพบว่ายีน *matK* และจีนติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจำแนกพันธุ์กล้วยไม้ออกจากกันได้ 11 พันธุ์ โดยไม่สามารถแยกเอื้องกุหลาบชมพูกระปี่กับเอื้องกุหลาบน่านออกจากกัน ในขณะที่ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และ *rpoB* สามารถจำแนกเอื้องกุหลาบชมพูกระปี่กับเอื้องกุหลาบน่านออกจากกันได้

มัทนา และคณะ (2552) ศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* เพื่อใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอสำหรับการระบุพืชสกุล *Alpinia* spp. Roxb. พบว่าข้อมูลลำดับดีเอ็นเอบริเวณยีน *matK* สามารถจำแนกพืชได้ 85.97 % แต่ไม่สามารถจำแนกพืชชนิดที่มีลำดับดีเอ็นเอเหมือนกันออกจากกันได้ ดังนั้นลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีความเหมาะสมในการใช้เป็นรหัสแท่งดีเอ็นเอ เนื่องจากสามารถใช้ไพรเมอร์สากลในการเพิ่มปริมาณจากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ อย่างไรก็ตาม ควรใช้ลำดับดีเอ็นเอบริเวณอื่นร่วมด้วย

พรรษา และคณะ (2556) ศึกษาหัตสแห่งดีเอ็นเอสำหรับใช้ระบุชนิดสมุนไพรแปรรูปสกุล *Senna* พบว่าหัตสดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* สามารถระบุชนิดของพืชสกุล *Senna* ได้ดีที่สุด โดยมีค่าความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์ 0.04-0.60 ส่วนลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rbcl* มีค่าความผันแปร 0.02-0.33 และ 0.04-0.25 ตามลำดับ

นฤมล และคณะ (2557) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสี (colored rice cultivars) โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และ *rpoC1* พบว่าข้าวมีสีมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูง แต่ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และ *rpoC1* ในข้าวมีสีทั้ง 10 พันธุ์ มีความแตกต่างกัน 50 และ 6 ตำแหน่ง ตามลำดับ ซึ่งสามารถประยุกต์ใช้ในการจำแนกพันธุ์ข้าวมีสีได้

ณัฐกร และคณะ (2554) ประเมินลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และ *rpoB* ในการใช้เป็นรหัสแห่งดีเอ็นเอในพืชสกุล *Alpinia* spp. พบว่ายีน *rpoB* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 10 ชนิด จากทั้งหมด 16 ชนิด คิดเป็น 62.5 % ส่วนยีน *rpoC1* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 8 ชนิด จากทั้งหมด 15 ชนิด คิดเป็น 53.3 % การจำแนกชนิดโดยใช้ *rpoB* หรือ *rpoC1* ตามลำดับสามารถจำแนกพืชได้ไม่ดี แต่เมื่อใช้ข้อมูลจากยีนหลายตำแหน่งมาวิเคราะห์ร่วมกันเพื่อจำแนกชนิดพืช พบว่าสามารถจำแนกพืชได้ดีขึ้น โดยยีนคู่ที่มีประสิทธิภาพสูงที่สุดในการจำแนกพืชแต่ละชนิดออกจากกัน คือ ยีน *rpoB* และ *matK* ซึ่งสามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ทุกชนิด

นฤมล และคณะ (2557) จำแนกพันธุ์และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสาย (*Dendrobium*) โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1* พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ของยีน *matK* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ 7 ชนิด ส่วนแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoC1* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ทั้ง 13 ชนิด ซึ่งให้ค่าสัมประสิทธิ์ความต่าง (distance coefficient) เป็น 0.000-0.027 และ 0.002-0.014 ตามลำดับ

Liu และคณะ (2012) ประยุกต์ใช้รหัสแห่งดีเอ็นเอสำหรับระบุชนิดของพืชสกุล *Araliaceae* พบว่าจากการตรวจสอบโดยอาศัยดีเอ็นเอ 5 ตำแหน่ง (*matK*, *rbcl*, ITS2, *psbA-trnH* และ *ycf5*) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ ITS2 สามารถระบุชนิดของพืชได้ถูกต้องในระดับสกุลและสปีชีส์ 85.23 % และ 97.29 % ตามลำดับ

Ma และคณะ (2014) ระบุชนิดของพืช *Liliaceae* (*Tulipa edulis*) โดยใช้รหัสแห่งดีเอ็นเอ พบว่าดีเอ็นเอทั้ง 3 ตำแหน่ง (*matK*, *psbA-trnH* และ *rbcl*) สามารถใช้ในการระบุชนิดของพืช

*T. edulis* โดย *rbcL* และ *psbA-trnH* สามารถระบุและจำแนกชนิดได้อย่างถูกต้อง ส่วนยีน *matK* สามารถบ่งบอกถึงความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิดได้ ดังนั้นยีน *matK* จึงมีความเหมาะสมมากกว่ายีน *rbcL* และ *psbA-trnH*

นฤมล และคณะ (2557) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยาม (*Bulbophyllum*) โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนจำเพาะ พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoB*, *rpoC1* และซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ไม่มีลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณใดที่สามารถแยกกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามทั้ง 12 ชนิด ออกจากกันได้ทั้งหมด แต่การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rbcL* ร่วมกันสามารถแยกกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามออกจากกันได้ ยกเว้นสิงโตกำมพูใหญ่และสิงโตกำมพูแดง ซึ่งสามารถแยกด้วยการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* หรือซินติเอ็นเอ *trnH-psbA*

ณัฐกานต์ และคณะ (2557) จัดจำแนกพืชวงศ์บัวสาย (Nymphaeaceae) โดยใช้คลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ โดยใช้ลำดับดีเอ็นเอของยีน *trnK* ร่วมกับยีน *matK* และบริเวณระหว่างยีน *trnL-F* ในคลอโรพลาสต์ พบว่าซินติเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้มีขนาด 1,180-1,209 คู่เบส และ 991-1,095 คู่เบส ตามลำดับ ผลการศึกษาพบว่าสามารถจำแนกพืชในวงศ์บัวสายออกได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มบัวญี่ปุ่น (*Nuphar*) กลุ่มไต้ปลาไหล (*Barclaya*) บัวสาย บัวกระดังง์ ยูริอาเร่ และออนดิเนีย (*Nymphaea*, *Victoria*, *Euryale* and *Ondinea*)

## 2.8 การจำแนกมะม่วงโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ

Xin-hua และคณะ (2007) ประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและความหลากหลายของมะม่วงโดยใช้เครื่องหมาย chloroplast inter-simple sequence repeat (cpLSSR) พบว่ามีไพรเมอร์ 8 คู่ ที่สามารถทำให้เกิดความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอ (จากไพรเมอร์ทั้งหมด 50 คู่) คิดเป็น 77.2 % โดยเครื่องหมาย cpLSSR สามารถระบุชนิดของพันธุ์มะม่วงได้

Wichan และคณะ (1999) ระบุชนิดของมะม่วงในประเทศไทย โดยศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ พบว่าไพรเมอร์ 40 คู่ มีเพียง 7 คู่ ที่สามารถทำให้เกิดความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอ และสามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprinting) เพื่อจำแนกจีโนไทป์ของมะม่วง

Shamili และคณะ (2012) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของจีโนไทป์มะม่วง Iranian (*M. indica* L.) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ พบว่ามีมะม่วงในอิหร่าน 41 พันธุ์ เมื่อตรวจสอบด้วยไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลต์ 16 คู่ พบว่ามี 56 แอลลีล ที่สามารถตรวจสอบได้ มีความหลากหลาย 15 แบบ (เฉลี่ย 3.7 แอลลีลต่อตำแหน่ง) ซึ่งสามารถแยกมะม่วงพันธุ์อิหร่านออกจากพันธุ์ต้นกำเนิดจากอินเดียและปากีสถานได้

Tsai และคณะ (2013) ระบุชนิดและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วง (*M. indica* L.) ในไต้หวันโดยใช้ไมโครแซทเทลไลต์ 37 ชนิด พบว่ามีจำนวนแอลลีลต่อตำแหน่ง 2-11 แอลลีล (มีทั้งหมด 182 แอลลีล เฉลี่ย 4.86 แอลลีลต่อตำแหน่ง) แสดงให้เห็นว่า การวิเคราะห์ข้อมูลไมโครแซทเทลไลต์เป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพสำหรับระบุชนิดพันธุ์

Hidayat และคณะ (2013) ศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของมะม่วงโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณตำแหน่ง ITS พบว่าสามารถแยกมะม่วงออกได้ 3 กลุ่ม โดยในกลุ่มแรกส่วนมากเป็นมะม่วงที่พบในประเทศมาเลเซีย กลุ่มที่สองส่วนมากเป็นมะม่วงที่พบในประเทศไต้หวัน และกลุ่มสุดท้ายเป็นมะม่วงที่พบได้ในประเทศอินโดนีเซีย แสดงให้เห็นว่ามะม่วงในแต่ละแหล่งต่างมีความใกล้ชิดกัน

Suparman และคณะ (2013) วิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์จากยีน *rbcl* ในคลอโรพลาสต์ พบว่ามีมะม่วง สกุล *Mangifera* ทั้ง 16 ชนิด จากอินโดนีเซียและไทย สามารถแยกออกเป็นกลุ่มได้ 4 กลุ่ม และสามารถแยก *M. laurina* และ *M. macrocarpa* ของไทยและอินโดนีเซียออกจากกันได้

ถึงแม้ว่าในปัจจุบันการจัดจำแนกชนิดของพืชโดยใช้เทคนิครหัสแท่งดีเอ็นเอจะเป็นที่นิยมเนื่องจากสามารถกระทำได้อย่างรวดเร็วและมีความถูกต้องแม่นยำ โดยเทคนิครหัสแท่งดีเอ็นเอนี้เป็นการเลือกเพียงตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งที่เป็นตำแหน่งอนุรักษ์ของพืชมาใช้ในการวิเคราะห์ ซึ่งเหมาะสมต่อการจำแนกพืชที่ต่างชนิดหรือสปีชีส์ หากแต่พืชที่ใช้ในการจำแนกมีสปีชีส์เดียวกัน อาจเป็นการยากสำหรับการเทคนิคนี้ในการจำแนกชนิดของพืชนั้น ๆ เนื่องจากพืชที่มีสปีชีส์เดียวกันจะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูง

## 2.9 การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม คือ แผนภาพที่แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต โดยแผนภาพนี้เป็นเครื่องมือสำหรับการอธิบายและเป็นข้อมูลประกอบสำหรับการบ่งชี้ความหลากหลายทางชีวภาพ การจัดหมวดหมู่ เพื่อให้มีความเข้าใจในวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ

การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมนั้นอาศัยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนหรือลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนเพื่อเป็นข้อมูลสำหรับการใช้จำแนกชนิดของสิ่งมีชีวิต โดยก่อนการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต้องเปรียบเทียบ (alignment) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของชุดข้อมูลเพื่อดูความคล้ายคลึงกัน (homologous) ก่อนจึงสามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้

การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสามารถสร้างได้ 2 แบบ คือ character-based และ distance-based

### 2.9.1 Character-based

การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้วิธี character-based เป็นวิธีการสร้างแผนภูมิจากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโนโดยตรง แล้วสร้างแบบจำลองโมเดล (model) วิวัฒนาการของแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (สุรินทร์, 2552)

### 2.9.2 Distance-based

การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้วิธี distance-based นั้น เป็นวิธีการสร้างแผนภูมิจากการเปรียบเทียบเป็นคู่ (pairwise) ของลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโน โดยอาศัยระยะห่างซึ่งเกิดจากการเปลี่ยนลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโนเป็นค่าเมทริกซ์ (matrix) ระยะห่างระหว่างลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโนนั้น ๆ เพื่อใช้สำหรับการสร้างแบบจำลองโมเดล (model) วิวัฒนาการของแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (สุรินทร์, 2552)

## บทที่ 3

### วิธีการวิจัย

#### 3.1 ตัวอย่างพันธุ์มะม่วง

มะม่วงที่พบได้ในประเทศไทยทั้ง 18 ชนิด ได้แก่ โชคอนันต์ มะปริงป้า ทองดำ เจ้าคุณทิพย์ กะล่อน แรด ศรีสยาม ฟาลัน เพชรบ้านลาด หนองแซง หนังกกลางวัน มั่นขุนศรี แห้ว เขียวเสวย แก้ว น้ำดอกไม้ พูลถวายทะวาย และอกร่อง

#### 3.2 เครื่องมือและอุปกรณ์

##### 3.2.1 การสกัดดีเอ็นเอและการตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอ

ได้แก่ (1) ชุดโม่บดตัวอย่าง (mortar และ pestle) (2) กระบอกตวง (cylinder) (3) หลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร และ 50 มิลลิลิตร (4) ปิเปตอัตโนมัติ (automatic pipettes) และปิพขนาดต่าง ๆ (5) ตู้ดูดควัน (fume hood) (6) เครื่องปรับอุณหภูมิด้วยน้ำ (water bath) (7) เครื่องหมุนเหวี่ยงความเร็วสูง (high speed refrigerated centrifuge) (8) เครื่องชั่งทศนิยม 4 ตำแหน่งไฟฟ้า (electric balance) (9) เครื่องทำความเย็น (freezer) ได้แก่ ตู้แช่  $-20^{\circ}\text{C}$  และตู้เย็น  $4^{\circ}\text{C}$  (10) เครื่องวัดความเป็นกรดเป็นด่าง (pH meter) (11) เครื่องผสม (vortex mixer) (12) ตู้อบแห้ง (hot air oven) (13) หม้อนึ่งความดัน (autoclave) (14) เครื่องวัดค่าการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) เป็นต้น

##### 3.2.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

ได้แก่ (1) หลอดสำหรับทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (2) หลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร (3) ปิเปตอัตโนมัติ (automatic pipettes) และปิพขนาดต่าง ๆ (4) เครื่องผสม (vortex mixer) (5) เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (thermal cycler machine) (6) เครื่องจ่ายกระแสไฟฟ้า (power supply) (7) เครื่องชั่งทศนิยม 4 ตำแหน่งไฟฟ้า (electric balance) (8) ชุดอุปกรณ์อิเล็กโทรโฟรีซิส (electrophoresis set) (9) เตาไมโครเวฟ (microwave) (10) เครื่องถ่ายภาพเจล (UV transilluminator) เป็นต้น



### 3.3 สารเคมี

#### 3.3.1 การสกัดดีเอ็นเอ

ได้แก่ (1) ซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ (CTAB, cetyltrimethyl ammonium bromide) (2) โซเดียมคลอไรด์ (sodium chloride, NaCl) ความเข้มข้น 2.5 โมลาร์ (3) โซเดียมโดเดซิลซัลเฟต (sodium dodecyl sulfate, SDS) (4) เอทิลีนไดอะมีนเตตราอะซิติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA) พีเอช 8.0 ความเข้มข้น 20 มิลลิโมลาร์ (5) ทริส-คลอไรด์ (Tris-HCl) พีเอช 8.0 ความเข้มข้น 100 มิลลิโมลาร์ (6) โซเดียมเมตาไบซัลเฟต (sodium metabisulfite, Na<sub>2</sub>S<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) (7) พอลิไวนิลไพร์โรลิโดน (polyvinyl pyrrolidone, PVP) (8) เบตาเมอแคปโตเอทานอล ( $\beta$ -mercaptoethanol) (9) คลอโรฟอร์ม (chloroform) (10) ไอโซ-เอมิลแอลกอฮอล์ (isoamylalcohol) (11) ลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) (12) ไอโซโพรพานอล (isopropanol) (13) เอทานอลบริสุทธิ์ (absolute ethanol) (14) เอนไซม์ RNase A (15) ฟีนอล (phenol) (16) โซเดียมอะซิเตต (sodium acetate) พีเอช 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ (17) สารละลายบัฟเฟอร์ TE (10 mM Tris-HCl pH 8.0, 1mM EDTA pH 8.0) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นต้น

#### 3.3.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

ได้แก่ (1) ชุดสารเคมีสำเร็จรูป *Taq* DNA polymerase (Recombinant, Vivantis<sup>®</sup>) ประกอบด้วย เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase ความเข้มข้น 5 ยูนิตต่อไมโครลิตร สารละลายบัฟเฟอร์ A ความเข้มข้น 10 เท่า แมกนีเซียมคลอไรด์ (MgCl<sub>2</sub>) ความเข้มข้น 50 มิลลิโมลาร์ (2) dNTPs (deoxyribonucleotide triphosphate) ความเข้มข้น 2 มิลลิโมลาร์ (3) น้ำกลั่น เป็นต้น

#### 3.3.3 การวิเคราะห์เจลอะกาโรสอิเล็กโตรโฟรีซิส

ได้แก่ (1) เจลอะกาโรส (agarose gel) (2) สารละลายบัฟเฟอร์ TAE ความเข้มข้น 1 เท่า (Tris-base, EDTA pH 8.0 และ glacial acetic acid) (3) สารละลายบัฟเฟอร์ DNA loading ความเข้มข้น 6 เท่า (glycerol และ bromophenol blue) (4) เอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร (5) ดีเอ็นเอมาตรฐาน (DNA Ladder, Invitrogen<sup>™</sup> Life Technology, USA) และ (6) น้ำกลั่น เป็นต้น

### 3.4 วิธีการดำเนินงาน

#### 3.4.1 การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีประยุกต์จาก Doyle และ Doyle (1987) โดยชั่งใบมะม่วง ปริมาณ 4-6 กรัม ใส่ในชุดโกร่งบดตัวอย่าง เติมน้ำบัฟเฟอร์สกัด (Extraction buffer : 4 % CTAB, 2.5 M NaCl, 0.6 % SDS, 20 mM EDTA pH 8.0, 100 mM Tris-HCl pH 8.0 และ 0.1 % Sodium metabisulfite) ซึ่งอุ่นไว้ในอ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ปริมาตร 20 มิลลิลิตร และพอลิไวนิลไพโรลิโดนปริมาณ 0.3 กรัม บดให้ละเอียดเป็นเนื้อเดียวกัน เทส่วนผสมทั้งหมดลงในหลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 50 มิลลิลิตร เติมน้ำเบตาเมอแคปโตเอทานอล ปริมาตร 20 ไมโครลิตร นำไปบ่มในอ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมงโดยมีการพลิกกลับไป-มาเป็นระยะ แล้ววางให้เย็นที่อุณหภูมิห้อง เติมคลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ อัตราส่วน 24:1 ปริมาตร 1 เท่าของปริมาณทั้งหมด ผสมให้เข้ากัน แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดเซนตริฟิวซ์ใหม่ เติมลิเนียร์-พอลิอะครีลาไมด์ ปริมาตร 100 ไมโครลิตร และไอโซโพรพานอล ปริมาตร 1 เท่าของปริมาณทั้งหมด ผสมให้เข้ากัน นำไปบ่มที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เทสารละลายทิ้งและล้างตะกอนด้วย 70 เปอร์เซ็นต์ เอทานอล ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทานอลที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ละลายตะกอนด้วยบัฟเฟอร์ TE ปริมาตร 500 ไมโครลิตร แล้วถ่ายสารละลายใส่หลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติมนิเออร์น RNase A ปริมาตร 2.5 ไมโครลิตร บ่มที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมง เติมนิเออร์น : คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ อัตราส่วน 25:24:1 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตรใหม่ เติมนิเออร์น : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ อัตราส่วน 24:1 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดเซนตริฟิวซ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตรใหม่ เติมนิเออร์น : พอลิอะครีลาไมด์ ปริมาตร 5 ไมโครลิตร โซเดียมอะซิเตต พีเอช 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ 10 เปอร์เซ็นต์ของปริมาณทั้งหมด และไอโซโพรพานอล ปริมาตร 1 เท่าของปริมาณทั้งหมด นำไปบ่มที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เทสารละลายทิ้งและล้างตะกอนด้วย 70 เปอร์เซ็นต์ เอทานอล ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทา

นอลที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ละลายตะกอนด้วยบัฟเฟอร์ TE ปริมาตร 100 ไมโครลิตร

### 3.4.2 การตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของดีเอ็นเอ

ตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอได้ด้วยวิธีการวัดค่าการดูดกลืนแสงอัลตราไวโอเลต (ultraviolet) ด้วยเครื่องวัดค่าการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร และ 280 นาโนเมตร โดยดูอัตราส่วนของค่าดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร (O.D260/O.D280 ) และตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอด้วยวิธีเจลอะกาโรสอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ความเข้มข้นของเจลอะกาโรส 0.8 เปอร์เซ็นต์ จากนั้นย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นตรวจสอบด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล (UV documentation)

### 3.4.3 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยเทคนิคหัตถ์แห่ง

#### ดีเอ็นเอ

นำดีเอ็นเอตัวอย่างมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ มาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอบริเวณยีน *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และส่วนของดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้ไพรเมอร์ชนิดที่มีลำดับสากล (Universal primer) (ตารางที่ 3.1) โดยมีองค์ประกอบในปฏิกิริยาและสภาวะที่ใช้ในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส ดังตารางที่ 3.2 และ 3.3 ตามลำดับ

ตารางที่ 3.1 ไพรเมอร์ที่ใช้สำหรับหาลำดับดีเอ็นเอ

| ยีน              | ชื่อไพรเมอร์    | ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3') | อ้างอิง                            |
|------------------|-----------------|-----------------------------|------------------------------------|
| <i>rbcL</i>      | <i>rbcL</i> _F  | TCACCACAAACAGAACTAAAGC      | CBOL, 2005                         |
|                  | <i>rbcL</i> _R  | GGCACAAAATAAGAAACGATCTC     | CBOL, 2005                         |
| <i>rpoB</i>      | <i>rpoB</i> _F  | AAGTGCATTGTTGGAAGTGG        | Hollingsworth <i>et al.</i> , 2009 |
|                  | <i>rpoB</i> _R  | CCGTATGTGAAAAGAAGTATA       | Hollingsworth <i>et al.</i> , 2009 |
| <i>rpoC1</i>     | <i>rpoC1</i> _F | GTGGATACACTTCTTGATAATGG     | CBOL, 2009                         |
|                  | <i>rpoC1</i> _R | TGAGAAAACATAAGTAAACGGGC     | CBOL, 2009                         |
| <i>trnH-psbA</i> | <i>trnH</i> _F  | CGCGCATGGTGGATTCAATCC       | Tate and Simpson, 2003             |
|                  | <i>psbA</i> _R  | GTTATGCATGAACGTAATGCTC      | Sang <i>et al.</i> 1997            |

ตารางที่ 3.2 องค์ประกอบที่ใช้ในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

| สาร                                 | ปริมาตร (ไมโครลิตร) |
|-------------------------------------|---------------------|
| 100 ng/μl ดีเอ็นเอแม่แบบ            | 2                   |
| 10 μM F Primer                      | 2                   |
| 10 μM R Primer                      | 2                   |
| 50 mM MgCl <sub>2</sub>             | 3                   |
| 2 mM dNTP                           | 4                   |
| 10X บัฟเฟอร์                        | 4                   |
| 5 unit/μl <i>Taq</i> DNA polymerase | 0.25                |
| ddH <sub>2</sub> O                  | 22.75               |
| ปริมาตรรวม                          | 40                  |

ตารางที่ 3.3 สภาวะที่ใช้ในปฏิกิริยาแลงซ์พอลิเมอเรส

| ขั้นตอน                 | อุณหภูมิ<br>(องศาเซลเซียส) | ระยะเวลา<br>(นาทีก) | จำนวนรอบ |
|-------------------------|----------------------------|---------------------|----------|
| Initiation Denaturation | 94                         | 3.00                | -        |
| Denaturation            | 94                         | 0.30                | 35       |
| Annealing               | 53                         | 0.40                |          |
| Extension               | 72                         | 0.40                |          |
| Final Extension         | 72                         | 5.0                 | -        |

#### 3.4.4 การวิเคราะห์ผล

หาลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequencing) โดยนำส่งบริษัท Solgent (ประเทศเกาหลี) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ในแต่ละยีนของมะม่วงแต่ละพันธุ์ มาเปรียบเทียบลำดับข้อมูลกันแบบ การเทียบเรียงกลุ่ม (multiple alignment) โดยใช้โปรแกรม ClustalW2 (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>) เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของมะม่วงแต่ละพันธุ์ และฝาก เก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ไว้ใน GenBank ของฐานข้อมูลออนไลน์ NCBI (National center for biotechnology information) หลังจากนั้นยังนำผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จาก โปรแกรม ClustalW2 มาหาค่าดัชนีความแตกต่างและนำมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 6.0 (molecular evolutionary genetics analysis) โดยเลือกการจัดกลุ่มแบบ Neighbor-joining (NJ)

## บทที่ 4

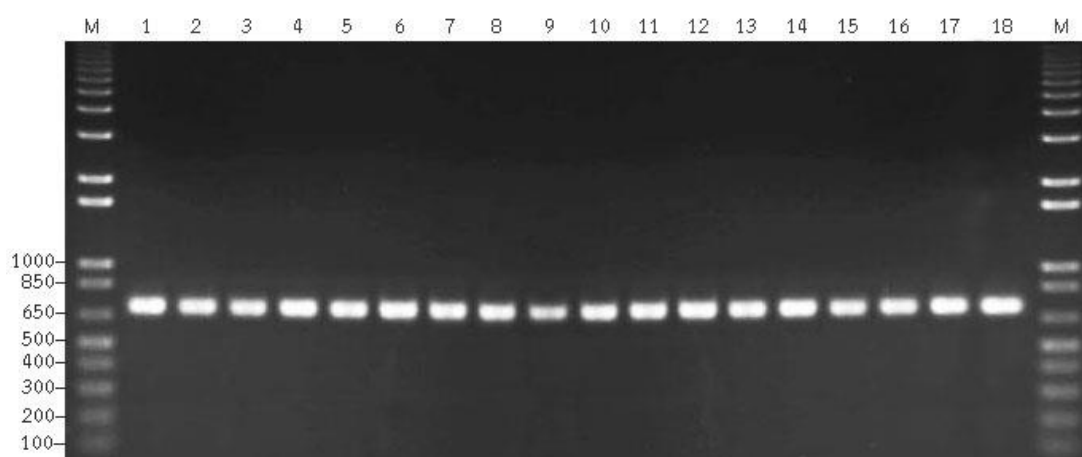
### ผลการวิจัยและอภิปรายผล

#### 4.1 ผลการวิจัย

##### 4.1.1 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*

##### 4.1.1.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีน *rbcL* พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ทั้ง 18 พันธุ์ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 650 คู่เบส (ภาพที่ 4.1)



ภาพที่ 4.1 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rbcL* ในมะม่วง 18 พันธุ์ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ [M คือดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA), 1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง]

#### 4.1.1.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอหลังจากเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอร์ของบริเวณยีน *rbcl* โดยนำส่งบริษัท Solgent (ประเทศเกาหลีใต้) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ของมะม่วงแต่ละพันธุ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI (National Center for Biotechnology Information) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ตรงกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ในพืชชนิดอื่นที่พบในฐานข้อมูลออนไลน์ หลังจากนั้นได้ฝากเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนดังกล่าว ไว้ในฐานข้อมูล NCBI โดยมีหมายเลขเฉพาะ (accession number) ดังตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 หมายเลขเฉพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *rpoB*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

| พันธุ์มะม่วง | หมายเลขเฉพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ |             |              |                  |
|--------------|----------------------------------|-------------|--------------|------------------|
|              | <i>rbcL</i>                      | <i>rpoB</i> | <i>rpoC1</i> | <i>trnH-psbA</i> |
| โชคอนันต์    | KR610374                         | KR422626    | KR028419     | KR071822         |
| มะปริงป่า    | KR610375                         | KR422627    | KR071805     | KR071823         |
| ทองคำ        | KR610376                         | KR422628    | KR071806     | KR071824         |
| เจ้าคุณทิพย์ | KR610377                         | KR422629    | KR071807     | KR071825         |
| กะล่อน       | KR610378                         | KR422630    | KR071808     | KR071826         |
| แรด          | KR610379                         | KR422631    | KR071809     | KR071827         |
| ศรีสยาม      | KR610380                         | KR422632    | KR071810     | KR071828         |
| ฟ้าลั่น      | KR610381                         | KR422633    | KR071811     | KR071829         |
| เพชรบ้านลาด  | KR610382                         | KR422634    | KR071812     | KR071830         |
| หนองแซง      | KR610383                         | KR422635    | KR071813     | KR071831         |
| หนังกลางวัน  | KR610384                         | KR422636    | KR071814     | KR071832         |
| มันขุนศรี    | KR610385                         | KR422637    | KR071815     | KR071833         |
| แก้ว         | KR610386                         | KR422638    | KR071816     | KR071834         |
| เขียวเสวย    | KR610387                         | KR422639    | KR071817     | KR071835         |
| แก้ว         | KR610388                         | KR422640    | KR071818     | KR071836         |
| น้ำดอกไม้    | KR610389                         | KR422641    | KR071819     | KR071837         |
| ทุลฉวยทะวาย  | KR610390                         | KR422642    | KR071820     | KR071838         |
| อกร่อง       | KR071821                         | KR422643    | KR071821     | KR071839         |



#### 4.1.1.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอบริเวณยีน *rbcl* มาเปรียบเทียบด้วยโปรแกรม ClustalW พบว่าได้ผลดังภาพที่ 4.2

```

12 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
18 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
3 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
4 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
10 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
11 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
17 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
16 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
15 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
13 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
14 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
1 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
9 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
8 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
7 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
6 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
5 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
2 TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCGTTAAAGACTATAAA 60
*****

12 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
18 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
3 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
4 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
10 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
11 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
17 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
16 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
15 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
13 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
14 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
1 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
9 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
8 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
7 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
6 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
5 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
2 TTGACTTATTATACTCCTGACTATATAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTC CGA 120
****

```

ภาพที่ 4.2 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้างัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกวางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน)]

```

12      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
18      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
3       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
4       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
10      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
11      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
17      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
16      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
15      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
13      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
14      GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
1       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
9       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
8       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
7       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
6       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
5       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
2       GTAACCTCCTCAACCTGGAGTTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCT 180
*****

12      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
18      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
3       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
4       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
10      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
11      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
17      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
16      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
15      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
13      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
14      TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
1       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
9       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
8       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
7       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
6       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
5       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
2       TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAA 240
*****

12      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
18      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
3       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
4       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
10      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
11      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
17      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
16      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
15      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
13      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
14      GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
1       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
9       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
8       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
7       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
6       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
5       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
2       GGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTA 300
*****

```

ภาพที่ 4.2 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง

ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชร  
บ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เพียวเสวย  
(15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกรณ์ (รูปแบบการ  
เปลี่ยนแปลง █ คือ อินเดล █ คือ ทรานสเวอร์ชัน █ คือ พิวรีนทรานสลิชัน)] (ต่อ)

```

12      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
18      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
3       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
4       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
10      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
11      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
17      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
16      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
15      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
13      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
14      GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
1       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
9       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
8       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
7       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
6       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
5       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
2       GCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTG 360
*****

12      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
18      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
3       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
4       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
10      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
11      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
17      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
16      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
15      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
13      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
14      GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
1       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
9       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
8       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
7       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
6       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
5       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
2       GGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTAGAGGATCTACGAATCCCT 420
*****

12      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
18      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
3       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
4       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
10      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
11      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
17      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
16      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
15      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
13      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
14      ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
1       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
9       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
8       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
7       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
6       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
5       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
2       ACCGCGTATATAAAAACTTTCCAAGGACCACCGCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA 480
*****

```

ภาพที่ 4.2 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง

ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชร  
บ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เพียวเสวย  
(15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกรณ์ (รูปแบบการ  
เปลี่ยนแปลง █ คือ อินเดล █ คือ ทรานสเวอร์ชัน █ คือ พิวรีนทรานสชัน)] (ต่อ)

```

12      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
18      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
3       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
4       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
10      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
11      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
17      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
16      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
15      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
13      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
14      TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
1       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
9       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
8       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
7       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
6       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
5       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
2       TTGAACAAGTATGGCCGTCCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCGAAATTAGGTTTATCC 540
*****

12      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
18      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
3       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
4       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
10      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
11      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
17      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
16      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
15      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
13      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
14      GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
1       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
9       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
8       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
7       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
6       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
5       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
2       GCTAAGAAC TACGGTAGAGCTGTTTATGAATGCTACGTGGTGGACTTGACTTTACCAA 600
*****

12      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 653
18      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 653
3       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
4       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
10      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
11      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
17      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
16      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
15      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
13      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
14      GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
1       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
9       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
8       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
7       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
6       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
5       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
2       GACGATGAGAACGTGAACTCCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTT 654
*****

```

ภาพที่ 4.2 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชร บ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกลาวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน)] (ต่อ)

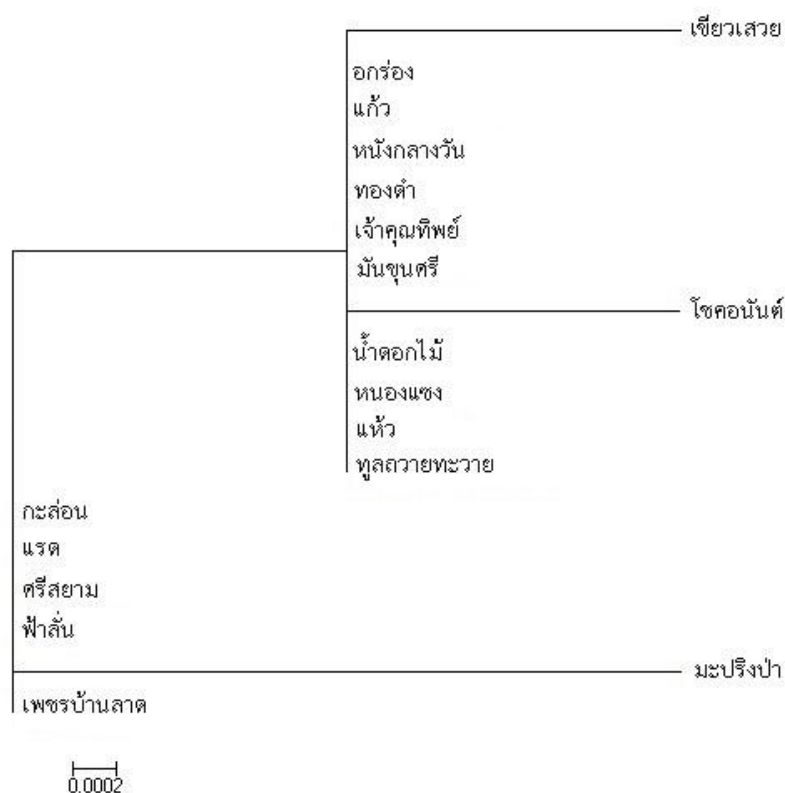
ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbCL* ในมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ พบว่าไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน อย่างไรก็ตาม ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbCL* นี้สามารถแยกมะม่วงได้ 3 พันธุ์ คือ โชคอนันต์ มะปริงป้า และเขียวเสวย และจากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ พบว่ามีตำแหน่งของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างกันอยู่ 6 ตำแหน่ง (ตารางที่ 4.2) ซึ่งเกิดจากการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยเป็นการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์แบบทรานสเวอร์ชัน 4 ตำแหน่งเป็นการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์แบบพิวรีนทรานสิชัน 1 ตำแหน่ง และเป็นการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์แบบอินเดิล 1 ตำแหน่ง โดยตำแหน่งที่สามารถระบุความแตกต่างสำหรับการแสดงเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปริงป้า คือ ตำแหน่งที่ 65 และ 437 ตำแหน่งที่สามารถระบุความแตกต่างสำหรับการแสดงเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์เขียวเสวย คือ ตำแหน่งที่ 607 และตำแหน่งที่สามารถระบุความแตกต่างสำหรับการแสดงเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์โชคอนันต์ คือ ตำแหน่งที่ 609

ตารางที่ 4.2 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbCL* ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ

| ตำแหน่ง | ชนิดของมะม่วง                                          | รูปแบบความแตกต่าง | รูปแบบความเปลี่ยนแปลง |
|---------|--------------------------------------------------------|-------------------|-----------------------|
| 65      | มะปริงป้า                                              | C เป็น A          | ทรานสเวอร์ชัน         |
| 437     | มะปริงป้า                                              | C เป็น G          | ทรานสเวอร์ชัน         |
| 607     | เขียวเสวย                                              | G เป็น A          | พิวรีนทรานสิชัน       |
| 609     | โชคอนันต์                                              | G เป็น C          | ทรานสเวอร์ชัน         |
| 653     | มันขุนศรีและอกร่อง                                     | Gap (deletion)    | อินเดิล               |
| 654     | มะปริงป้า กะล่อน แรด ศรีสยาม<br>ฟ้าลั่น และเพชรบ้านลาด | T เป็น A          | ทรานสเวอร์ชัน         |

#### 4.1.1.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณ *ribosomal DNA* มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MEGA พบว่าสามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ แต่เมื่อวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้วไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน โดยแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rbcl* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining สามารถแยกมะม่วงเขียวเสวย โชคอนันต์ และมะปรางป่าได้ (ภาพที่ 4.3) และมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.006 (ตารางที่ 4.3)



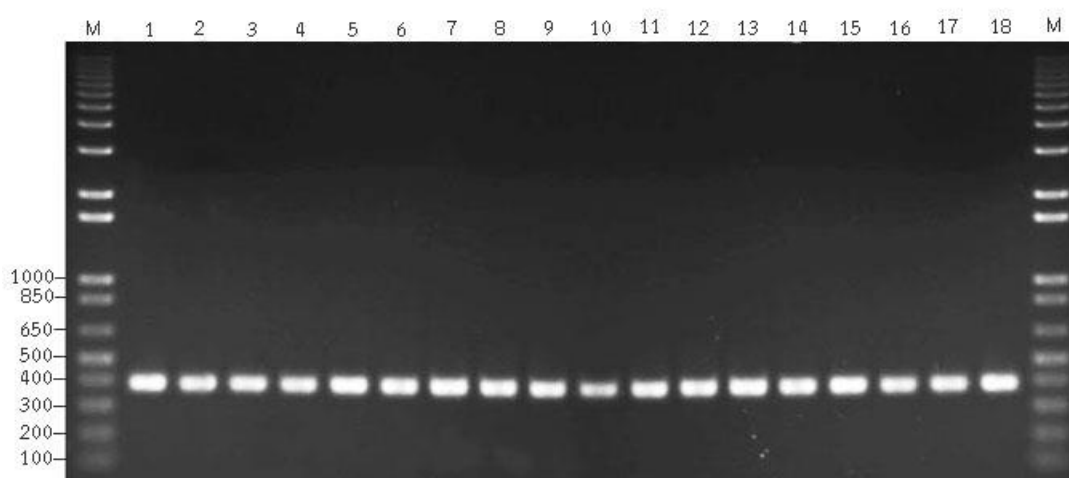
ภาพที่ 4.3 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rbcl* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



#### 4.1.2 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB*

##### 4.1.2.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีน *rpoB* พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ทั้ง 18 พันธุ์ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 400 คู่เบส (ภาพที่ 4.4)



ภาพที่ 4.4 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rpoB* ในมะม่วง 18 พันธุ์ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ [M คือดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA), 1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง]

##### 4.1.2.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอหลังจากเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของยีน *rpoB* โดยนำส่งบริษัท Solgent (ประเทศเกาหลีใต้) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงแต่ละพันธุ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI (National Center for



Biotechnology Information) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ตรงกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนในพืชชนิดอื่นที่พบในฐานข้อมูลออนไลน์ หลังจากนั้นได้ฝากเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนดังกล่าวไว้ในฐานข้อมูล NCBI โดยมีหมายเลขเฉพาะ (accession number) ดังตารางที่ 4.1

#### 4.1.2.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอยีน *rpoB* มาเปรียบเทียบกับโปรแกรม ClustalW พบว่าได้ผลดังภาพที่ 4.5 และตารางที่ 4.4

```

17 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
18 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
16 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
15 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
14 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
13 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
12 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
11 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
9 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
6 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
10 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
7 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
8 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
4 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
3 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
2 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
1 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
5 AAGTGCATTGTTGGAAC TGGGTTGGAACGCCAAGCGGCTCTAGATT CAGGAGTTCCTGCT 60
*****

17 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
18 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
16 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
15 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
14 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
13 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
12 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
11 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
9 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
6 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
10 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
7 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
8 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
4 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
3 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
2 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
1 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
5 ATAGCCCAACACGAGGGAAGATCATTATACCGATATTGACAAGATCGTTTTATCGGCC 120
*****

```

ภาพที่ 4.5 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง (รูปแบบการ [ ] คือ พิวรีนทรานสิชัน)]

```

17 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
18 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
16 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
15 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
14 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
13 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
12 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
11 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
9 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
6 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
10 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
7 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
8 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
4 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
3 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
2 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
1 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
5 AATGGAGATACTATAAGTATTCAATTCGTTGCTCTATCAACGTTCCAACAA GAATACTTGT 180
*****

17 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
18 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
16 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
15 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
14 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
13 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
12 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
11 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
9 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
6 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
10 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
7 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
8 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
4 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
3 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
2 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
1 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
5 ATGCATCAAAAAAGACAGGTTGGACGGAGTAAATGCATTA AAAAGGGACAAGTTT TAGCG 240
*****

17 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
18 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
16 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
15 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
14 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
13 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
12 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
11 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
9 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
6 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
10 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
7 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
8 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
4 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
3 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
2 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
1 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
5 GATGGTGCCGCTACAGTTGGGGGCGAACTCGCTTTGGGGAAAAACGTATTAGTAGCTTAT 300
*****

```

ภาพที่ 4.5 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpOB* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง

ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรต (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชร  
บ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เพียวเสวย  
(15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) หูลถวยทะวาย และ (18) อกร่อง (รูปแบบการ คือ  
พิวรีนทรานสิชัน)] (ต่อ)

```

17 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
18 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
16 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
15 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
14 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
13 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
12 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
11 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
9 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
6 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
10 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
7 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
8 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
4 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
3 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
2 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
1 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
5 ATGCCATGGGAAGGTTATAATTTTGAGGATGCGGTACTTATTAGCGAACGTCTGATATAT 360
*****

17 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
18 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
16 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
15 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
14 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
13 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
12 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
11 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
9 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
6 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
10 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
7 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
8 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
4 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
3 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
2 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
1 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
5 GAAGATATTTATACTTCTTTTCACATACGGA 391
*****

```

ภาพที่ 4.5 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* [1-19 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง (รูปแบบการ  คือ พิวรีนทรานสิชัน)] (ต่อ)

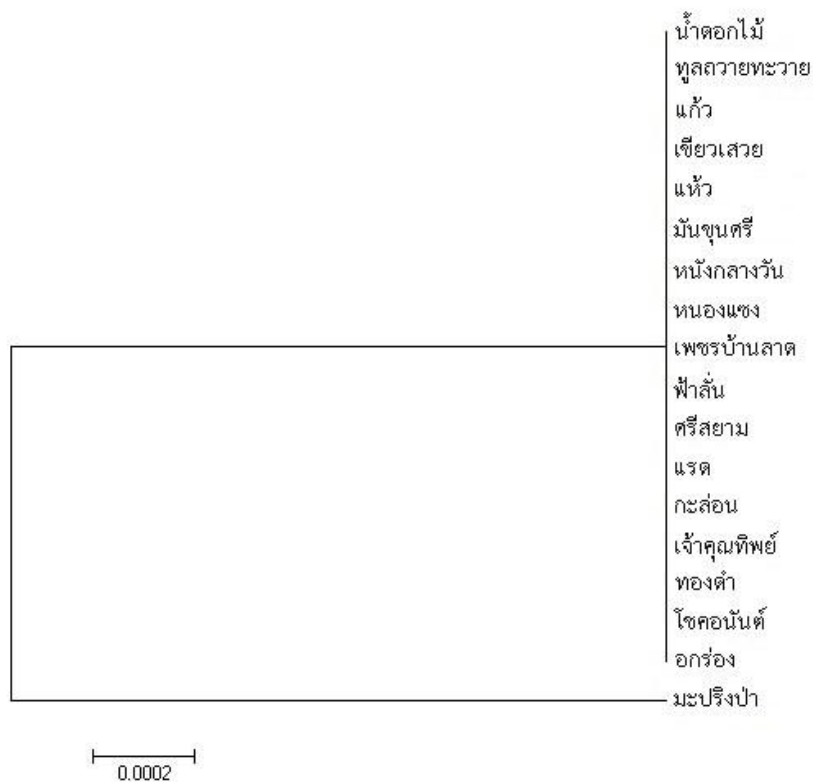
ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* ในมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ พบว่าไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน อย่างไรก็ตาม ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณยีน *rpoB* นี้สามารถแยกมะม่วงได้ 1 พันธุ์ คือ มะปริงป้า ซึ่งเป็นตำแหน่งที่สามารถระบุความแตกต่างสำหรับการแสดงเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปริงป้าได้ โดยตำแหน่งนั้นคือตำแหน่งที่ 171 ซึ่งมีการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์แบบพิวรีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.4 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ

| ตำแหน่ง | ชนิดของมะม่วง | รูปแบบความแตกต่าง | รูปแบบความเปลี่ยนแปลง |
|---------|---------------|-------------------|-----------------------|
| 171     | มะปริงป่า     | G เป็น A          | พิวรีนทรานสิชัน       |

#### 4.1.2.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rpoB* มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MEGA พบว่าสามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ แต่เมื่อวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้วไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน โดยแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoB* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining สามารถแยกมะม่วงมะม่วงมะปริงป่าได้ (ภาพที่ 4.6) และมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.003 (ตารางที่ 4.5)



ภาพที่ 4.6 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rpoB* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

ตารางที่ 4.5 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB*

|              |           |           |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
|--------------|-----------|-----------|-------|--------------|--------|-------|---------|---------|-------------|---------|-------------|-----------|-------|-----------|-------|-----------|-------------|--------|
| โชคอนันต์    | 0.000     |           |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| มะปริงป่า    | 0.003     | 0.000     |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ทองคำ        | 0.000     | 0.003     | 0.000 |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| เจ้าคุณทิพย์ | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| กะล่อน       | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| แรด          | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ศรีสยาม      | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ฟ้าลั่น      | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| เพชรบ้านลาด  | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| หนองแขง      | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   |             |           |       |           |       |           |             |        |
| หนังกลางวัน  | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       |           |       |           |       |           |             |        |
| มันขุนศรี    | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     |       |           |       |           |             |        |
| แห้ว         | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 |           |       |           |             |        |
| เขียวเสวย    | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000     |       |           |             |        |
| แก้ว         | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000 |           |             |        |
| น้ำดอกไม้    | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000 | 0.000     |             |        |
| พุดฉวยพะวาย  | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000       |        |
| อกร่อง       | 0.000     | 0.003     | 0.000 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000 | 0.000     | 0.000       | 0.000  |
|              | โชคอนันต์ | มะปริงป่า | ทองคำ | เจ้าคุณทิพย์ | กะล่อน | แรด   | ศรีสยาม | ฟ้าลั่น | เพชรบ้านลาด | หนองแขง | หนังกลางวัน | มันขุนศรี | แห้ว  | เขียวเสวย | แก้ว  | น้ำดอกไม้ | พุดฉวยพะวาย | อกร่อง |

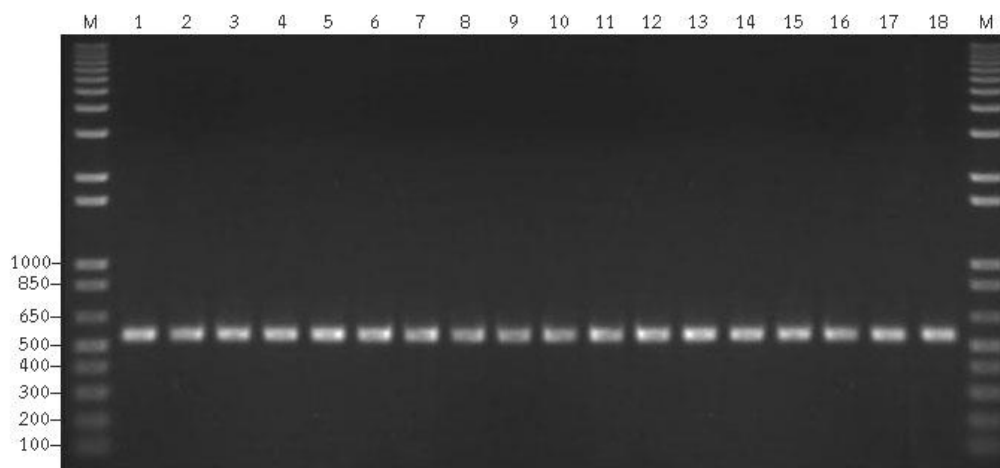
### 4.1.3 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

#### 4.1.3.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีน *rpoC1* พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ทั้ง 18 พันธุ์ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 550 คู่เบส (ภาพที่ 4.7)

#### 4.1.3.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์

หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอหลังจากเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของยีน *rpoC1* โดยนำส่งบริษัท Solgent (ประเทศเกาหลีใต้) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ในแต่ละยีนของมะม่วงแต่ละพันธุ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI (National Center for Biotechnology Information) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ตรงกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนในพืชชนิดอื่นที่พบในฐานข้อมูลออนไลน์ หลังจากนั้นได้ฝากเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนดังกล่าวไว้ในฐานข้อมูล NCBI โดยมีหมายเลขเฉพาะ (accession number) ดังตารางที่ 4.1



ภาพที่ 4.7 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rpoC1* ในมะม่วง 18 พันธุ์ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ [M คือดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA), 1-18 คือ (1) ไซคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) หัว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง]

#### 4.1.3.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ หลังจากการเพิ่มปริมาณ  
 ขึ้นดีเอ็นเอของยีน *rpoC1* มาเปรียบเทียบกับโปรแกรม ClustalW พบว่าได้ผลดังภาพที่ 4.8 และ  
 ตารางที่ 4.6

|       |                                                               |     |
|-------|---------------------------------------------------------------|-----|
| 15    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 18    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 14    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 9     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 8     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 7     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 5     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 1     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 17    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 16    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 13    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 12    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 11    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 10    | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 4     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 3     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 6     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| 2     | GTGGATACACTTCTTGATAATGGAATCCGGGGACAACCAACGAGGGATGGTCATAATAAG  | 60  |
| ***** |                                                               |     |
| 15    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 18    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 14    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 9     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 8     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 7     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 5     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 1     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 17    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 16    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 13    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 12    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 11    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 10    | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 4     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 3     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 6     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| 2     | GTTTATAAGTCCTTTTCGGATGTAATTGAAGGCAAAGAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTC | 120 |
| ***** |                                                               |     |

ภาพที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง  
 ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้าน  
 ลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว  
 (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ  
 อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)]

```

15 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
18 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
14 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
9 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
8 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
7 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
5 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
1 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
17 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
16 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
13 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
12 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
11 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
10 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
4 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
3 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
6 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
2 CTTGGCAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTAGGCCCCCTCACTTTCA 180
*****

15 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
18 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
14 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
9 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
8 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
7 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
5 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
1 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
17 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
16 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
13 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
12 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
11 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
10 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
4 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
3 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
6 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
2 TTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATCGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATT 240
*****

15 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
18 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
14 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
9 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
8 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
7 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
5 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
1 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
17 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
16 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
13 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
12 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
11 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
10 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
4 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
3 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
6 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
2 TGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCTTCAAACATAGGAGTTGCTAAGAGTAAATTCGG 300
*****

```

ภาพที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *proC1* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้างัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแสง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) หัว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)



```

15      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
18      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
14      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
9       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
8       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
7       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
5       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
1       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
17      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
16      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
13      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
12      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
11      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
10      GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
4       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
3       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
6       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
2       GAAAAAGGGCCGATTGTATGGGAAATACCTTCAGGAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTG 360
*****

15      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
18      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
14      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
9       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
8       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
7       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
5       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
1       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
17      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
16      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
13      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
12      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
11      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
10      CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
4       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
3       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
6       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
2       CTGAATAGAGCGCTACGCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTAGTG 420
*****

15      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
18      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
14      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
9       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
8       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
7       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
5       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
1       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
17      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
16      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
13      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
12      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
11      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
10      GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
4       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
3       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
6       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAACGCAGACTTTGAT 480
2       GAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAATGCAGACTTTGAT 480
*****

```

ภาพที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริง ป่า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) หัว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทุลฉวยทวย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)

```

15      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
18      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
14      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
9       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
8       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
7       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
5       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
1       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
17      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
16      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
13      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
12      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
11      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
10      GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
4       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
3       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
6       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
2       GGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTA 540
*****

15      CTTTGTTTTT--CTCAA 555
18      CTTTGTTTTT--CTCAA 557
14      CTTTGTTTTT--CTCAA 555
9       CTTTGTTTTT--CTCAA 555
8       CTTTGTTTTT--CTCAA 555
7       CTTTGTTTTT--CTCAA 555
5       CTTTGTTTTT--CTCAA 555
1       CTTTGTTTTT--CTCAA 555
17      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
16      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
13      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
12      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
11      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
10      CTTTGTTTTT--CTCAA 556
4       CTTTGTTTTT--CTCAA 556
3       CTTTGTTTTT--CTCAA 556
6       CTTTGTTTTT--CTCAA 556
2       CTTTGTTTTT--CTCAA 556
*****

```

ภาพที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้างัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) หัว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายถวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)

ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ในมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ พบว่าไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน อย่างไรก็ตาม ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* นี้สามารถแยกมะม่วงได้ 2 พันธุ์ คือ อกร่อง และมะปริงป้า จากลำดับนิวคลีโอไทด์มี 2 ตำแหน่งที่มีการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ ซึ่งทั้งสองตำแหน่งถือเป็นตำแหน่งที่เป็นเอกลักษณ์ของมะม่วงทั้งสองพันธุ์ โดยตำแหน่งที่ 468 เป็นตำแหน่งที่ระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปริงป้า ซึ่งมีการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ในรูปแบบทรานสเวอร์ชัน และ

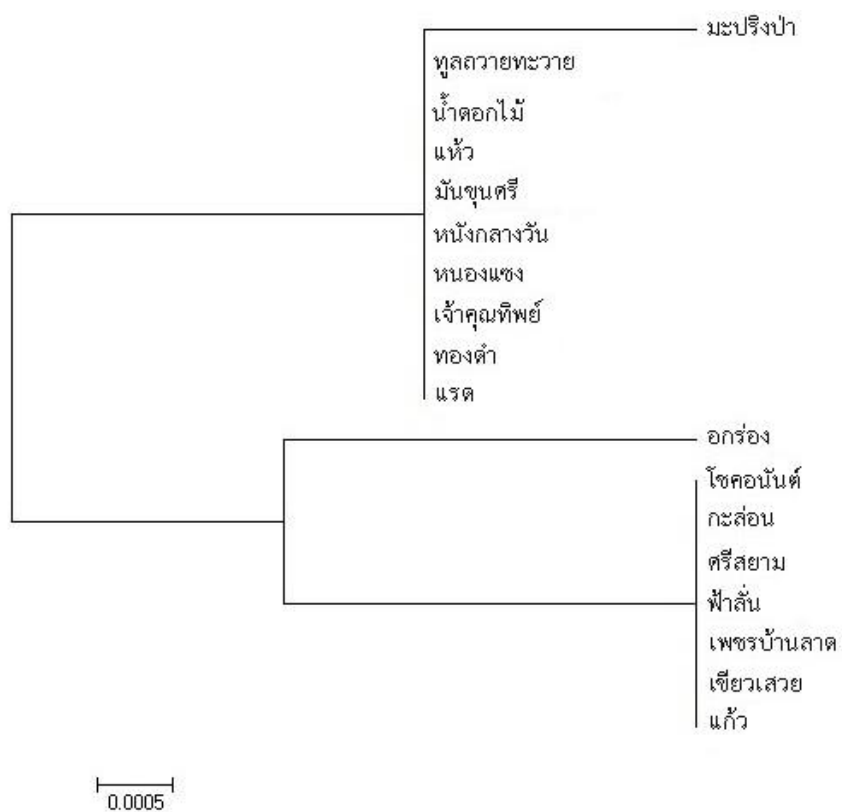
ตำแหน่งที่ 551 และ 552 เป็นตำแหน่งที่ระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์อกร่อง ซึ่งมีการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ในรูปแบบอินเดล

ตารางที่ 4.6 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoc1* ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ

| ตำแหน่ง | ชนิดของมะม่วง | รูปแบบความแตกต่าง | รูปแบบความเปลี่ยนแปลง |
|---------|---------------|-------------------|-----------------------|
| 468     | มะปรางป่า     | C เป็น T          | ทรานสเวอร์ชัน         |
| 551     | อกร่อง        | Gap (deletion)    | อินเดล                |
| 552     | อกร่อง        | Gap (deletion)    | อินเดล                |

#### 4.1.3.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rpoc1* มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MEGA พบว่าสามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ แต่เมื่อวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้วไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน โดยแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoc1* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining สามารถแยกอกร่อง และมะปรางป่าได้ (ภาพที่ 4.9) และมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.009 (ตารางที่ 4.7)



ภาพที่ 4.9 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rpoC1* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

ตารางที่ 4.7 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มะม่วงเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoc1*

|              |           |           |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
|--------------|-----------|-----------|-------|--------------|--------|-------|---------|---------|-------------|---------|-------------|-----------|-------|-----------|-------|-----------|-------------|--------|
| โชคอนันต์    | 0.000     |           |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| มะปริงป่า    | 0.009     | 0.000     |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ทองคำ        | 0.007     | 0.002     | 0.000 |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| เจ้าคุณทิพย์ | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        |        |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| กะล่อน       | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  |       |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| แรด          | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 |         |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ศรีสยาม      | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  | 0.007 | 0.000   |         |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| ฟ้าลั่น      | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  | 0.007 | 0.000   | 0.000   |             |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| เพชรบ้านลาด  | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  | 0.007 | 0.000   | 0.000   | 0.000       |         |             |           |       |           |       |           |             |        |
| หนองแขง      | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   |             |           |       |           |       |           |             |        |
| หนังกลางวัน  | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   | 0.000       |           |       |           |       |           |             |        |
| มันขุนศรี    | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   | 0.000       | 0.000     |       |           |       |           |             |        |
| แห้ว         | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 |           |       |           |             |        |
| เขียวเสวย    | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  | 0.007 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.007   | 0.007       | 0.007     | 0.007 | 0.000     |       |           |             |        |
| แก้ว         | 0.000     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.000  | 0.007 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.007   | 0.007       | 0.007     | 0.007 | 0.000     | 0.000 |           |             |        |
| น้ำดอกไม้    | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.007     | 0.007 | 0.000     |             |        |
| พุดฉวยพะวาย  | 0.007     | 0.002     | 0.000 | 0.000        | 0.007  | 0.000 | 0.007   | 0.007   | 0.007       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.007     | 0.007 | 0.000     | 0.000       |        |
| อกร่อง       | 0.005     | 0.009     | 0.007 | 0.007        | 0.005  | 0.007 | 0.005   | 0.005   | 0.005       | 0.007   | 0.007       | 0.007     | 0.007 | 0.005     | 0.005 | 0.007     | 0.007       | 0.000  |
|              | โชคอนันต์ | มะปริงป่า | ทองคำ | เจ้าคุณทิพย์ | กะล่อน | แรด   | ศรีสยาม | ฟ้าลั่น | เพชรบ้านลาด | หนองแขง | หนังกลางวัน | มันขุนศรี | แห้ว  | เขียวเสวย | แก้ว  | น้ำดอกไม้ | พุดฉวยพะวาย | อกร่อง |

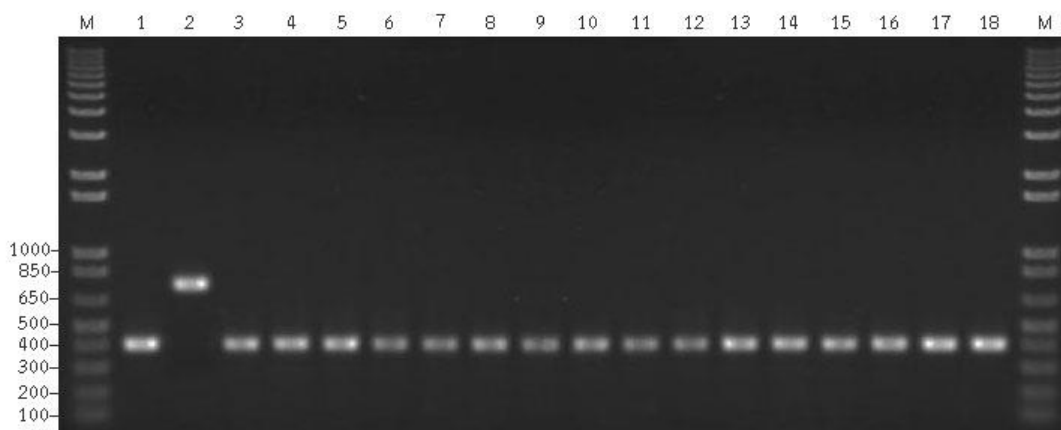
#### 4.1.4 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

##### 4.1.4.1 การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ทั้ง 18 พันธุ์ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 400 และ 700 คู่เบส (ภาพที่ 4.10)

##### 4.1.4.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่ถูกเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* โดยนำส่งบริษัท Solgent (ประเทศเกาหลีใต้) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงแต่ละพันธุ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI (National Center for Biotechnology Information) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ตรงกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนในพืชชนิดอื่นที่พบในฐานข้อมูลออนไลน์ หลังจากนั้นได้ฝากเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนดังกล่าวไว้ในฐานข้อมูล NCBI โดยมีหมายเลขเฉพาะ (accession number) ดังตารางที่ 4.1



ภาพที่ 4.10 แลบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ในมะม่วง 18 พันธุ์ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะ [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen<sup>TM</sup> Life Technology, USA), 1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟาลัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแซง (11) หนังกวางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง]

#### 4.1.4.3 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ หลังจากการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* มาเปรียบเทียบกับโปรแกรม ClustalW พบว่าได้ผลดังภาพที่ 4.11 และตารางที่ 4.8

```

17 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
18 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
16 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
15 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
14 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
13 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
12 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
11 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
10 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
9 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
8 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
7 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
6 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
5 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
4 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
3 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
1 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
2 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATTGAAGCTCCA 60
*****

17 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
18 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
16 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
15 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
14 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
13 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
12 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
11 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
10 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
9 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
8 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
7 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
6 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
5 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
4 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
3 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
1 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
2 TCTACAAATGTATAAGATTTTCGTTTTTTGTGTATACGAGTTTTTAAAAATAACGGAGCAA 120
*****

17 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
18 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
16 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
15 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
14 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
13 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
12 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
11 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
10 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
9 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
8 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
7 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
6 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
5 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
4 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
3 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
1 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
2 TACCAATTTCTTGCAAAGGGTCGGTATTGCTCCGTTATTTAGTAGTTTTTTATTACATA 180
*****

```

ภาพที่ 4.11 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีนดิเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

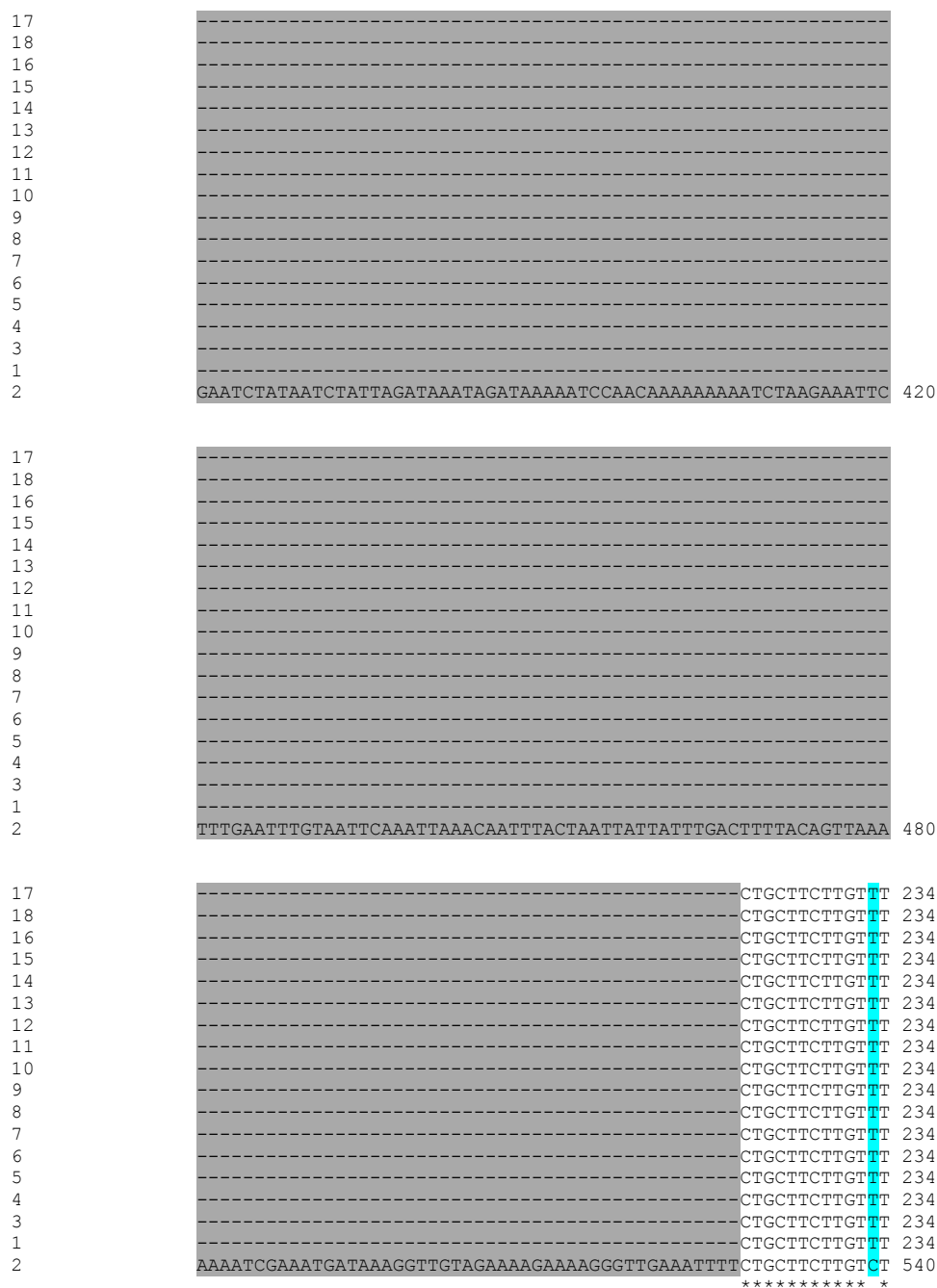
[1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกวางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) หัว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)]



|       |                                                                |     |
|-------|----------------------------------------------------------------|-----|
| 17    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 18    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 16    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 15    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 14    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 13    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 12    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 11    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 10    | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 9     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 8     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 7     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 6     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 5     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 4     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 3     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 1     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTT                     | 221 |
| 2     | CGTTTCGTTTGGTTGTTTGTGTTTTCAACAAAACAAAATTTTATGCAAAATTAATTAATGTT | 240 |
| ***** |                                                                |     |
| 17    |                                                                |     |
| 18    |                                                                |     |
| 16    |                                                                |     |
| 15    |                                                                |     |
| 14    |                                                                |     |
| 13    |                                                                |     |
| 12    |                                                                |     |
| 11    |                                                                |     |
| 10    |                                                                |     |
| 9     |                                                                |     |
| 8     |                                                                |     |
| 7     |                                                                |     |
| 6     |                                                                |     |
| 5     |                                                                |     |
| 4     |                                                                |     |
| 3     |                                                                |     |
| 1     |                                                                |     |
| 2     | AATATATATTTTCATTTCTATTTCTTCTATTTCTAGAAATAAGAACTCGAAACAATTGAT   | 300 |
| 17    |                                                                |     |
| 18    |                                                                |     |
| 16    |                                                                |     |
| 15    |                                                                |     |
| 14    |                                                                |     |
| 13    |                                                                |     |
| 12    |                                                                |     |
| 11    |                                                                |     |
| 10    |                                                                |     |
| 9     |                                                                |     |
| 8     |                                                                |     |
| 7     |                                                                |     |
| 6     |                                                                |     |
| 5     |                                                                |     |
| 4     |                                                                |     |
| 3     |                                                                |     |
| 1     |                                                                |     |
| 2     | TTCTATCTATTTAATAATAATAATATTAATATAATATTCTTCTGTATATTAGAATCCATA   | 360 |

ภาพที่ 4.11 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

[1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกวางวัน (12) มั่นขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) พูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)



ภาพที่ 4.11 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

[1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป๋า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชรบ้านลาด (10) นอนงแซง (11) หนังกกลางวัน (12) มั่น ขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายทะวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)

|         |                                                               |     |
|---------|---------------------------------------------------------------|-----|
| 17      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 18      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 16      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 15      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 14      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 13      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 12      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 11      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 10      | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 9       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 8       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 7       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 6       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 5       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 4       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 3       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 1       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 294 |
| 2       | TGTATCTTCATTTTCGAGATTGATAAGTAAGGTACCATAAAAAAAGGAGAATGATCAAAAA | 600 |
| *****   |                                                               |     |
| 17      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 18      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 16      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 15      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 14      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 13      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 12      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 11      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 10      | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 9       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 8       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 7       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 6       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 5       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 4       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 3       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 1       | T-----ATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG    | 346 |
| 2       | TTATGATCAATGGTAGAAATTGTAATCCTTGTATTTTTTGTAAATTTTTTAAGAGGGGCGG | 660 |
| * ***** |                                                               |     |
| 17      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 18      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 16      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 15      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 14      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 13      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 12      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 11      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 10      | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 9       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 8       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 7       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 6       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 5       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 4       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 3       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 1       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 383 |
| 2       | ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATC                         | 697 |
| *****   |                                                               |     |

ภาพที่ 4.11 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

[1-18 คือ (1) โชคอนันต์ (2) มะปริงป้า (3) ทองดำ (4) เจ้าคุณทิพย์ (5) กะล่อน (6) แรด (7) ศรีสยาม (8) ฟ้ายัน (9) เพชรบ้านลาด (10) หนองแขง (11) หนังกวางวัน (12) มันขุนศรี (13) แห้ว (14) เขียวเสวย (15) แก้ว (16) น้ำดอกไม้ (17) ทูลถวายเป็นถวาย และ (18) อกร่อง] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ ทรานสเวอร์ชัน)] (ต่อ)

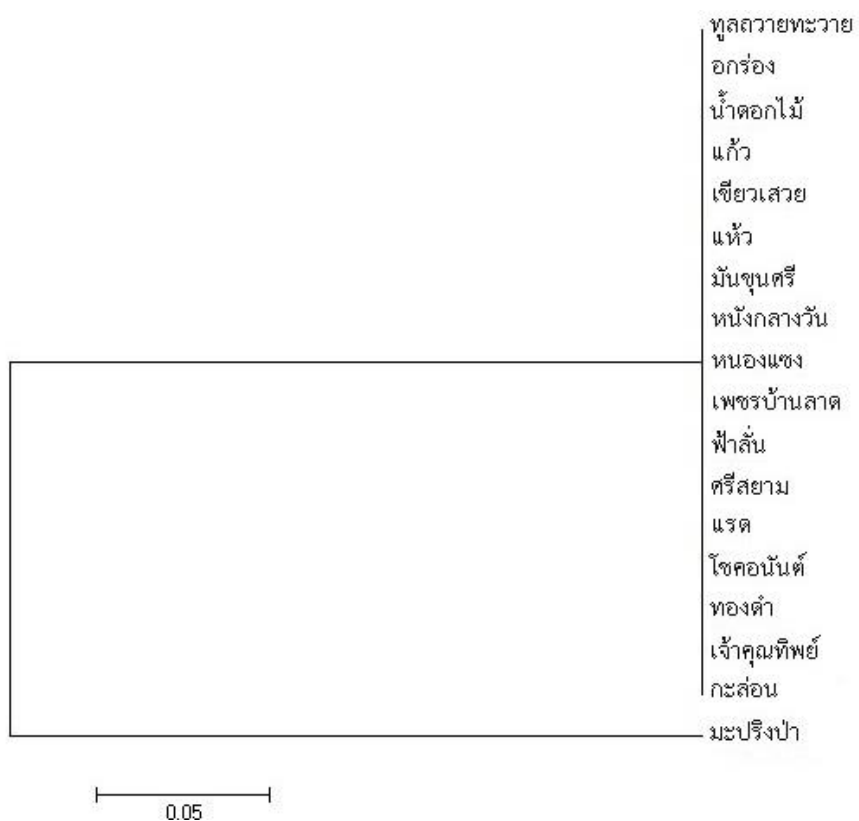
ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ในมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ พบว่าไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน อย่างไรก็ตาม ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถแยกมะม่วงได้เพียง 1 พันธุ์ คือ มะปริงป้า ซึ่งเป็นตำแหน่งที่มีการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ในรูปแบบของอินเดลและทรานสิชัน

ตารางที่ 4.8 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ในมะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ

| ตำแหน่ง     | ชนิดของมะม่วง | รูปแบบความแตกต่าง | รูปแบบความเปลี่ยนแปลง |
|-------------|---------------|-------------------|-----------------------|
| 221 ถึง 527 | มะปริงป้า     | Gap (deletion)    | อินเดล                |
| 539         | มะปริงป้า     | C เป็น T          | ทรานสิชัน             |
| 602 ถึง 609 | มะปริงป้า     | Gap (deletion)    | อินเดล                |

#### 4.1.4.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณซีเอ็นเอของซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MEGA พบว่าสามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ แต่เมื่อวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้วไม่สามารถแยกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกัน เนื่องจากลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน โดยแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของบริเวณซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining สามารถแยกมะม่วงมะปริงป้าได้ (ภาพที่ 4.12) และมีค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.399 (ตารางที่ 4.9)



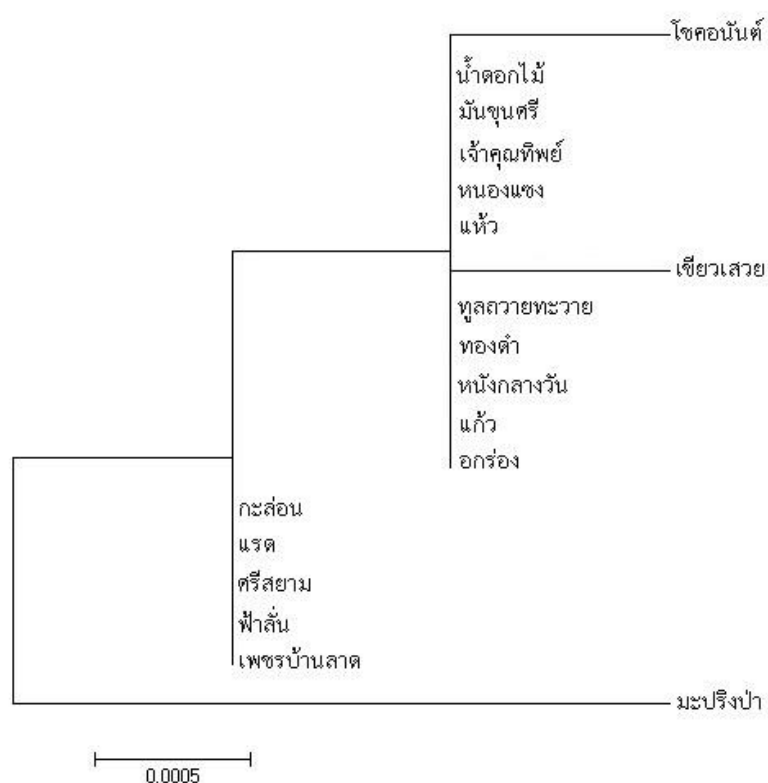
ภาพที่ 4.12 แผนภูมิความทางพันธุกรรมที่ได้ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *tmH* กับ *psbA*

เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

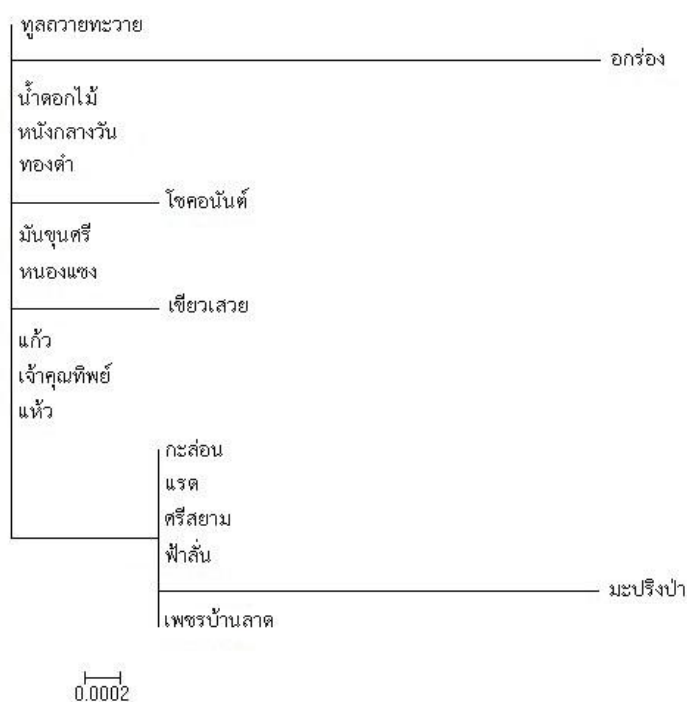
|              |           |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
|--------------|-----------|-------|--------------|--------|-------|---------|---------|-------------|---------|-------------|-----------|-------|------------|-------|-----------|-------------|--------|-------|
| โชคอนันต์    | 0.000     |       |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| มะปริงป่า    | 0.399     | 0.000 |              |        |       |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| ทองคำ        | 0.000     | 0.399 | 0.000        |        |       |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| เจ้าคุณทิพย์ | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  |       |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| กะล่อน       | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 |         |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| แรด          | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   |         |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| ศรีสยาม      | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   |             |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| ฟ้าล้าน      | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       |         |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| เพชรบ้านลาด  | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   |             |           |       |            |       |           |             |        |       |
| หนองแขง      | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       |           |       |            |       |           |             |        |       |
| หนังกลางวัน  | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     |       |            |       |           |             |        |       |
| มันขุนศรี    | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 |            |       |           |             |        |       |
| แห้ว         | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      |       |           |             |        |       |
| เขี้ยวเสวย   | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      | 0.000 |           |             |        |       |
| แก้ว         | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      | 0.000 | 0.000     |             |        |       |
| น้ำดอกไม้    | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      | 0.000 | 0.000     | 0.000       |        |       |
| ทุลฉวยทะวาย  | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      | 0.000 | 0.000     | 0.000       | 0.000  |       |
| อกร่อง       | 0.000     | 0.399 | 0.000        | 0.000  | 0.000 | 0.000   | 0.000   | 0.000       | 0.000   | 0.000       | 0.000     | 0.000 | 0.000      | 0.000 | 0.000     | 0.000       | 0.000  | 0.000 |
| โชคอนันต์    | มะปริงป่า | ทองคำ | เจ้าคุณทิพย์ | กะล่อน | แรด   | ศรีสยาม | ฟ้าล้าน | เพชรบ้านลาด | หนองแขง | หนังกลางวัน | มันขุนศรี | แห้ว  | เขี้ยวเสวย | แก้ว  | น้ำดอกไม้ | ทุลฉวยทะวาย | อกร่อง |       |

#### 4.1.5 การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 4 ตำแหน่ง ร่วมกัน

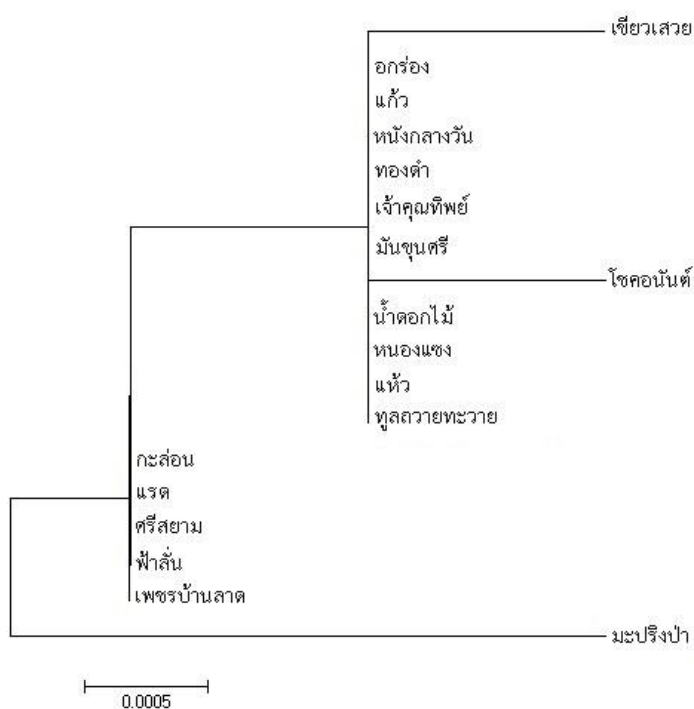
เมื่อตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์แต่ละตำแหน่งแล้วพบว่าไม่สามารถแยกแยะได้ทั้ง 18 พันธุ์ ดังนั้นจึงนำตำแหน่งที่ทำการตรวจสอบทั้งหมดมาวิเคราะห์ร่วมกัน โดยนำลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 2-4 ตำแหน่ง มาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ได้ดังภาพที่ 4.13-4.23



ภาพที่ 4.13 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และยีน *rpoB* ร่วมกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



ภาพที่ 4.14 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และยีน *rpoC1* ร่วมกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

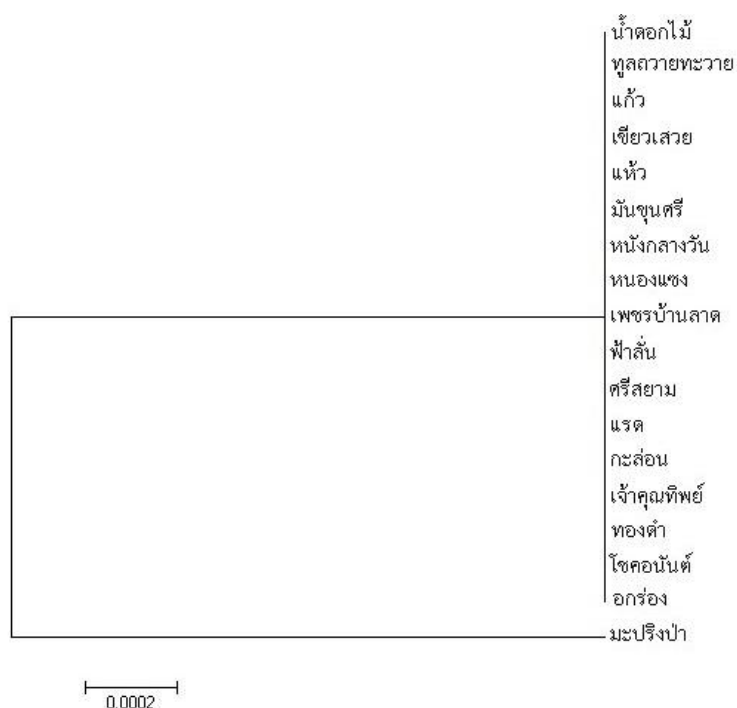


ภาพที่ 4.15 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และยีน *trnH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

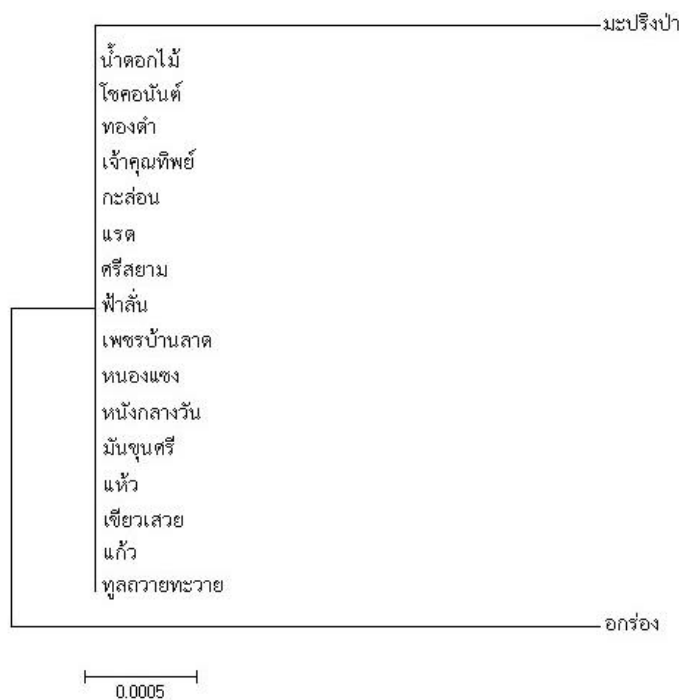




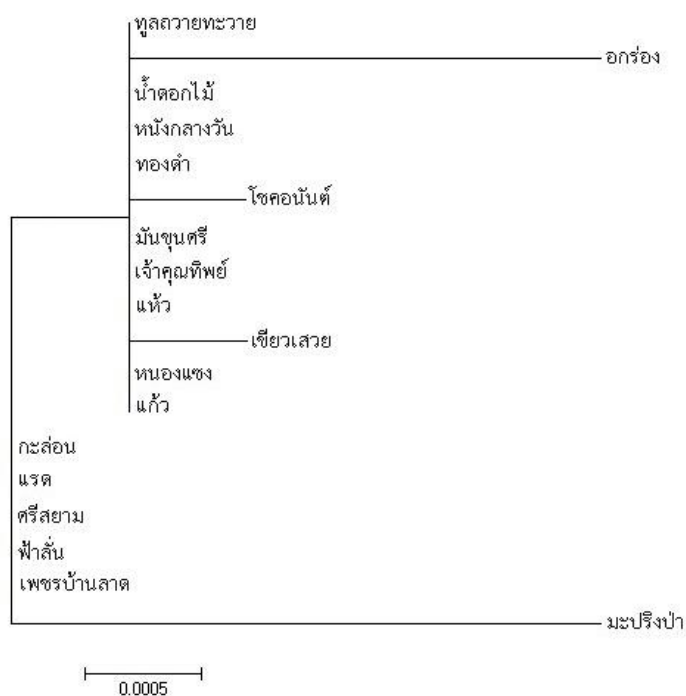
ภาพที่ 4.16 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และยีน *rpoC1* ร่วมกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



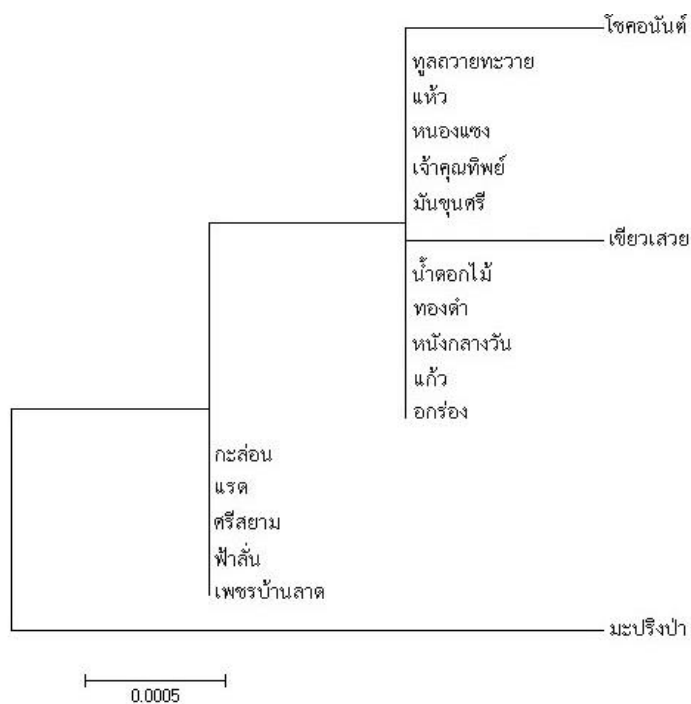
ภาพที่ 4.17 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และยีน *trnH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



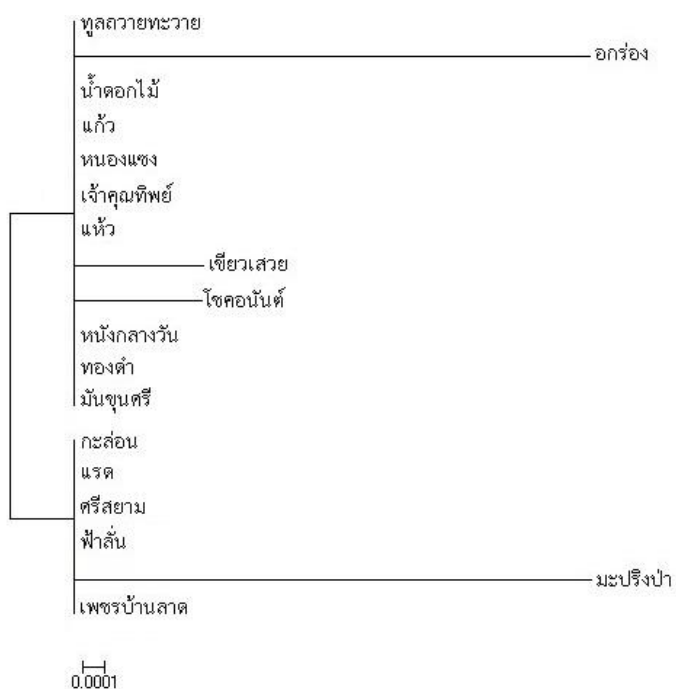
ภาพที่ 4.18 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *tmH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



ภาพที่ 4.19 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ยีน *rpoB* และยีน *rpoC1* ร่วมกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



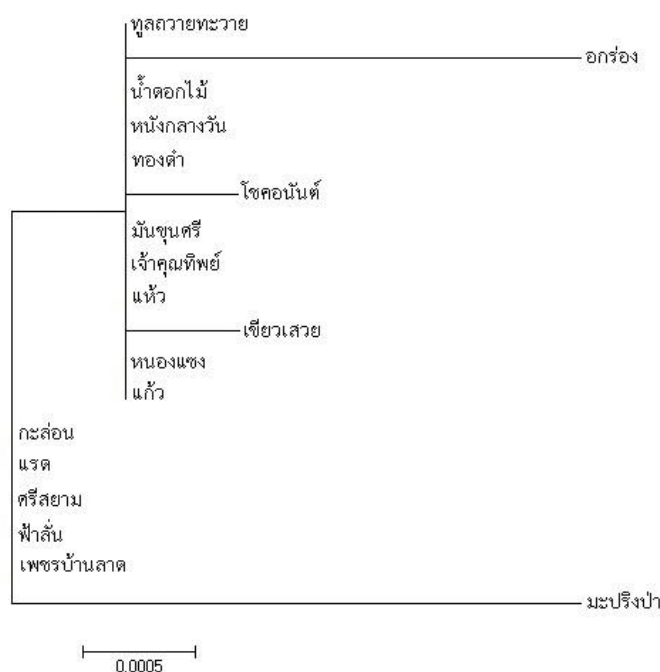
ภาพที่ 4.20 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ยีน *rpoB* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



ภาพที่ 4.21 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



ภาพที่ 4.22 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ร่วมกันเมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining



ภาพที่ 4.23 แผนภูมิความทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนทั้ง 4 ตำแหน่ง ร่วมกัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-Joining

จะเห็นได้ว่าการวิเคราะห์จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 2-4 ตำแหน่ง ร่วมกัน ยังไม่สามารถแยกมะม่วงออกจากกัน แต่สามารถแยกไซคอนันต์ เขียวเสวย อกร่อง และมะปริงป่าออกจากพันธุ์อื่น ๆ โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และยีน *rpoC1* มาวิเคราะห์ร่วมกัน ซึ่งทั้งสองยีนเป็นตำแหน่งที่สามารถจำแนกมะม่วงออกจากกันได้ดีที่สุดจากทั้งหมดสี่ตำแหน่งของยีน

## 4.2 อภิปรายผล

การตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะในมะม่วงที่พบในประเทศไทย 18 พันธุ์ เมื่อสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อชิ้นดีเอ็นเอของยีน *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ตำแหน่งไม่สามารถจำแนกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกันได้อย่างไรก็ตามลำดับนิวคลีโอไทด์และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rbcl* สามารถจำแนกมะม่วงได้ 3 พันธุ์ คือ ไซคอนันต์ เขียวเสวย และมะปริงป่า

เมื่อพิจารณาดำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าเมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนจะมีลำดับกรดอะมิโนเปลี่ยนไปด้วย ได้แก่

(1) ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 65 มีการเปลี่ยนแปลงไปสามารถระบุมะม่วงพันธุ์มะปริงป่า เมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนแล้วพบว่าการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนจากทรีโอนีน (threonine) เป็นแอสพาราจีน (asparagine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มมีซัลแต่ไม่มีประจุเช่นเดียวกัน

(2) ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 437 สามารถระบุมะม่วงพันธุ์มะปริงป่า เมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนแล้วพบว่าการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนจากทรีโอนีน (threonine) เป็นเซอริน (serine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มมีซัลแต่ไม่มีประจุ

(3) ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 607 สามารถระบุมะม่วงพันธุ์เขียวเสวย เมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนแล้วพบว่าการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนจากกรดกลูตามิก (glutamic acid) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มมีซัลและมีประจุเป็นลบเป็นไลซีน (lysine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มมีซัลและมีประจุเป็นบวก

(4) ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 609 สามารถระบุมะม่วงพันธุ์ไซคอนันต์ เมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนแล้วพบว่าการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนจากกรดกลูตามิก (glutamic acid) เป็นกรดแอสพาทิก (aspartic acid) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มมีซัลและมีประจุเป็นลบ

(5) ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 653 สามารถระบุมะม่วงพันธุ์มันขุนศรีและอกร่อง เมื่อแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนแล้วพบว่าลำดับของกรดอะมิโนนั้นไม่มีการเปลี่ยนแปลง (ตารางที่ 4.10) กล่าวคือ แม้จะมีการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์และรหัสพันธุกรรม (genetic code) แต่ยังคงกำหนดการสร้างกรดอะมิโนชนิดเดิม ซึ่งถือว่าการกลายแบบพ้อง (synonymous mutation หรือ silent mutation) (ธีระชัย, 2553)

ตารางที่ 4.10 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในยีน *rbcL* ซึ่งเมื่อแปลรหัสแล้วมีกรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงไป

| ตำแหน่ง | พันธุ์มะม่วง       | การเปลี่ยนแปลงของนิวคลีโอไทด์ | การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน |
|---------|--------------------|-------------------------------|----------------------------|
| 65      | มะปริงป้า          | C เป็น A                      | Thr เป็น Asn               |
| 437     | มะปริงป้า          | C เป็น G                      | Thr เป็น Ser               |
| 607     | เขียวเสวย          | G เป็น A                      | Glu เป็น Lys               |
| 609     | โชคอนันต์          | G เป็น C                      | Glu เป็น Asp               |
| 653     | มันขุนศรีและอกร่อง | Gap (deletion)                | ไม่เปลี่ยนแปลง             |

แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoB* และชิ้นของดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจำแนกมะม่วงพันธุ์มะปริงป้า ออกจากพันธุ์อื่น ๆ ได้ และเมื่อนำไปพิจารณาการแปลรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโนโดยพิจารณาเพียงยีน *rpoB* เท่านั้น เนื่องจากชิ้นของดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* คือ อินตรอน (intron) ไม่ได้แปลรหัสเป็นยีนที่มีผลต่อการทำงานของพืช ซึ่งจากการพิจารณาพบว่าการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 171 ของยีน *rpoB* ไม่มีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนซึ่งถือว่าการกลายแบบพ้อง (ธีระชัย, 2553) เช่นเดียวกับยีน *rpoC1* ที่ไม่มีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน แต่สามารถจำแนกอกร่องและมะปริงป้าได้จากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน

แม้ว่าทั้งสี่ตำแหน่งจะเป็นที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลายสำหรับการทำรหัสแท่งดีเอ็นเอ (Degtjareva *et al.*, 2012) แต่เนื่องจากตัวอย่างพันธุ์มะม่วงที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์นี้อยู่ในสปีชีส์เดียวกัน จึงอาจมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่มีความใกล้ชิดกันสูงทำให้ยากต่อการจำแนกพันธุ์

มะม่วงโดยใช้บริเวณใดบริเวณหนึ่งสำหรับการจำแนกพันธุ์ แม้ว่าจะมีการพิจารณาในหลายตำแหน่งร่วมกันก็ตาม ซึ่งสอดคล้องกับ นฤมล และคณะ (2557) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสีโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และยีน *rbcL* ซึ่งไม่สามารถจำแนกชนิดของข้าวมีสีได้ในแต่ละพันธุ์ แต่มีความต่างของผลวิจัยจากสุรินทร์ และคณะ (2538) ที่สามารถแยกความแตกต่างของมะม่วงในแต่ละพันธุ์ได้โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี (random amplified polymorphic DNA; RAPD) และผลวิจัยของ Wichan และคณะ (1999) ที่สามารถแยกความแตกต่างของมะม่วงในแต่ละพันธุ์ได้โดยใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลต์ (simple sequence repeat; SSR) ซึ่งในขณะเดียวกันรหัสแท่งดีเอ็นเอกลับมีความเหมาะสมสำหรับการใช้จำแนกสิ่งมีชีวิตที่มีความต่างกันของสปีชีส์ เช่น การแยกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสาย (นฤมล และคณะ, 2557) การแยกกล้วยไม้กลุ่มสิงโตสยาม (นฤมล และคณะ, 2557) การแยกกล้วยไม้สกุลกุหลาบ (นฤมล และคณะ, 2557) หรือมะม่วงที่มีความต่างของสปีชีส์ (Suparman *et al.*, 2013; Topik *et al.*, 2013)

ดังนั้นจึงกล่าวได้ว่า การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะเพียงตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งอาจไม่เพียงพอต่อการใช้แยกชนิดของพืช เนื่องจากตำแหน่งนั้นมีขนาดเล็กมากเมื่อเทียบกับขนาดจีโนม (genome) (นฤมล และคณะ, 2557) ของพืชชนิดนั้น ๆ หรือเนื่องจากตำแหน่งนั้นมีการผันแปรทางพันธุกรรมต่ำเป็นผลให้บริเวณดังกล่าวไม่มีวิวัฒนาการต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับทางพันธุกรรม ซึ่งต่างจากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่สามารถวิเคราะห์ได้ทั่วทั้งจีโนมมากกว่าวิเคราะห์ที่ตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งเพียงอย่างเดียว (สุรินทร์ และคณะ, 2538)

## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

#### 5.1 สรุปผลการวิจัย

การใช้เทคนิครหัสแท่งดีเอ็นเอในการตรวจสอบเพื่อจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงที่พบในประเทศไทยทั้ง 18 พันธุ์ เมื่อสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ส โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีน *rbcL* ยีน *rpoB* ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* พบว่าไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อยีนดังกล่าวทั้ง 4 ไพรเมอร์ สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอของมะม่วงโดยใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์สได้ทั้ง 18 พันธุ์

ยีน *rbcL* สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอ โดยแถบของดีเอ็นเอมีขนาดประมาณ 650 คู่เบส และเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่ามีตำแหน่งของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีการเปลี่ยนแปลงอยู่ 6 ตำแหน่ง ซึ่งจากการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ 6 ตำแหน่งนี้ มี 4 ตำแหน่งที่สามารถเป็นตำแหน่งสำหรับการระบุเอกลักษณ์ของพันธุ์ คือ ตำแหน่งที่ 65 และ 438 สามารถระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปรางป่าได้ ตำแหน่งที่ 607 สามารถระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์เขียวเสวยได้ และตำแหน่งที่ 609 สามารถระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์โชคอนันต์ได้

ยีน *rpoB* สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ โดยแถบของดีเอ็นเอมีขนาดประมาณ 400 คู่เบส และเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่ามีตำแหน่งของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีการเปลี่ยนแปลงอยู่ 1 ตำแหน่ง คือตำแหน่งที่ 171 ของลำดับนิวคลีโอไทด์ ซึ่งตำแหน่งดังกล่าวยังเป็นตำแหน่งสำหรับการระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปรางป่าได้

ยีน *rpoC1* สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ โดยแถบของดีเอ็นเอมีขนาดประมาณ 550 คู่เบส และเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่ามีตำแหน่งของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีการเปลี่ยนแปลงอยู่ 2 ตำแหน่ง ซึ่งทั้ง 2 ตำแหน่งสามารถใช้ระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงได้ ได้แก่ ตำแหน่งที่ 468 สามารถระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปรางป่า และตำแหน่งที่ 552 สามารถระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์อกร่องได้

ชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอได้ โดยแถบของดีเอ็นเอมีขนาดประมาณ 400 และ 700 คู่เบส และเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่ามี 3



บริเวณของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่สามารถใช้สำหรับการระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงได้ ได้แก่ บริเวณตำแหน่งที่ 221 ถึง 527 ตำแหน่งที่ 539 และบริเวณตำแหน่งที่ 602 ถึง 609 ที่สามารถ ระบุเอกลักษณ์ของมะม่วงพันธุ์มะปริงป่า

## 5.2 ข้อเสนอแนะ

การตรวจสอบพันธุ์พืชโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์มาวิเคราะห์นั้น หากเป็นพืชที่มีระดับชนิดหรือมีสปีชีส์เดียวกันนั้นจะสามารถแยกความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้ยาก เนื่องจากพืชเหล่านั้นมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมาก ดังนั้นหากต้องการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ควรทำการวิเคราะห์ในพืชที่มีความแตกต่างกันในระดับชนิดหรือสปีชีส์ขึ้นไป จึงจะเห็นความผันแปรทางพันธุกรรม เนื่องจากพืชที่มีระดับชนิดหรือมีสปีชีส์เดียวกันนั้นจะมีความผันแปรทางพันธุกรรมต่ำจึงไม่สามารถบอกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพืชนั้นได้ และการใช้เทคนิครหัสแท่งดีเอ็นเอในการจำแนกชนิดของมะม่วงนี้จำเป็นต้องใช้ มากกว่า 2 ยีนขึ้นไป สำหรับการวิเคราะห์ร่วมกัน ซึ่งมีค่าใช้จ่ายค่อนข้างสูง ดังนั้นจึงควรหาวิธีหรือบริเวณใหม่ที่สามารถใช้จำแนกความแตกต่างของมะม่วงได้เพียงตำแหน่งเดียวเพื่อเป็นการประหยัดค่าใช้จ่าย

## รายการอ้างอิง

1. กรมวิชาการเกษตร. (2547). *ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์พืช: มะม่วง เล่ม 2*. เอกสารวิชาการลำดับที่ 10/2545. ฝ่ายคุ้มครองพันธุ์พืช กองคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กรุงเทพฯ.
2. กรมวิชาการเกษตร. (2551). *เอกสารวิชาการ เรื่อง มะม่วง*. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.
3. เจนวิทย์ พิชิตพันธ์. (2553). *เทคนิคการผลิตมะม่วงนอกฤดู*. พิมพ์ครั้งที่ 2. ธนธการพิมพ์, กรุงเทพฯ.
4. เถลิ้มชัย แก้ววรชาติ. (2539). *การปลูกมะม่วง*. อักษรสยามการพิมพ์, กรุงเทพฯ.
5. ณัฐกร เพชรชา, ดวงกมล แม้นศิริ, และสุรพล แสนสุข. (2554). *การประเมินดีเอ็นเอในพลาสมิดบริเวณ rpoC1 และ rpoB ในการใช้เป็น DNA barcode และกรณีศึกษาในพืชสกุล Alpinia Roxb. (Zingiberaceae)*. การจัดประชุมเสนอผลงานวิจัยระดับบัณฑิตศึกษาแห่งชาติ, 554-563.
6. ณัฐกานต์ โกเสนตอ, สุณิสา ณัฐพรณิกุล, และ มลิวรรณ นาคขุนทด. (2557). *การจัดจำแนกพืชวงศ์บัวสาย โดยใช้โคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ*. ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร. วารสารวิทยาศาสตร์บูรพา, 1-5.
7. ทาริกา สุทธสม. (2550). *สัณฐานวิทยาและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงเขียวมรกตสายต้นคัด*. (วิทยานิพนธ์ปริญญาโท). มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.
8. นฤมล ธนानันต์, เกียรติชัย แซ่ใต้ และธีระชัย ธนานันต์. (2557). *การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลโศภนิกตา หมู่สิงโตสยามโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนจำเพาะ*. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, 22(4), 523-530.
9. นฤมล ธนานันต์, จาตุรงค์ สัมฤทธิ์ และธีระชัย ธนานันต์. (2557). *การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสี โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน rbcL และ rpoC1*. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, 22(5), 674-682.

10. นฤมล ธนารัตน์, ฐิติพร โทมัสโสภา และธีระชัย ธนารัตน์. (2557). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1*. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี, 23(1), 1-10.
11. นฤมล ธนารัตน์, วริศรา แทนสง่า และธีระชัย ธนารัตน์. (2557). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลกุหลาบด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ. วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, 22(5), 664-673.
12. พรรษา มนต์แข็ง, อรุณรัตน์ ฉวีราช, ธวัชชัย ธานี และรุ่งลาวัลย์ สุตมุล. (2556). ดีเอ็นเอบาร์โค้ดเพื่อการระบุชนิดสมุนไพรแปรรูปสกุล *Senna*. การประชุมเสนอผลงานวิจัยระดับบัณฑิตศึกษาแห่งชาติ, 532-543.
13. มนตรี นันทสิทธิ์. (2556). การปลูกมะม่วง. ธนัชการพิมพ์, กรุงเทพฯ.
14. มัทนา จอณาและดวงกมล แม้นศิริ. (2552). ดีเอ็นเอบริเวณยีน *matK* สำหรับใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดเพื่อระบุพืชสกุล *Alpinia* Roxb. การประชุมเสนอผลงานวิจัยระดับบัณฑิตศึกษาแห่งชาติ, 1403-1402.
15. วนิษฐา หวานเสนาะ. (2552). ประสิทธิภาพและประสิทธิผลของเอ็นเอเอ และเอทีฟอน เพื่อการชักนำการหลุดร่วงของช่อดอกและช่อดอกของมะม่วงน้ำดอกไม้. (วิทยานิพนธ์ปริญญามหาบัณฑิต). มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.
16. วิจิตร วังโน. (2529). มะม่วง. ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
17. ศูนย์นวัตกรรมเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว. (2556). มะม่วง-การผลิตและเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว. สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา, เชียงใหม่.
18. สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ. (2544). ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์พืชมะม่วง (*Plant Germplasm Database for Mango*). กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. กรุงเทพฯ.
19. สุรินทร์ ปิยะโชคนากุล, สมศักดิ์ อภิสิทธิ์วานิช, ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ, เสาวนีย์ สุพุทธิธาดา และสุนัน มาสุธน. (2538). การพัฒนาเทคนิคทางพันธุวิศวกรรมเพื่อการจำแนกและรับรองพันธุ์มะม่วงและมังคุด. รายงานการวิจัย. 45 น.
20. สุรินทร์ ปิยะโชคนากุล. (2552). เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

21. อรุณรัตน์ ฉวีราช. (2552). *อนุกรมวิธานระดับโมเลกุลของพืช (Plant Molecular Systematics)*. โครงการผลิตตำรา ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
22. โองการ วนิชาชีวะ. (2555). ดีเอ็นเอบาร์โค้ด: เครื่องมือใหม่สำหรับการระบุชนิดทางชีวภาพ. *วารสารวิทยาศาสตร์. มหาวิทยาลัยขอนแก่น*, 40(2), 396-407
23. Bernard, S., Greg, I., J., Pedro, W., C., Teresa, A., C., Brenda, D., W., & Michael, J. W. (2005). *Phylogenetic and morphological re-evaluation of the Botryosphaeria species causing diseases of Mangifera indica*. *Mycologia*, 97(1), 99–110.
24. Brown, S.M., Szewc-McFadden, A. K., & Kresovich, S. (1996). *Development and application of simple sequence repeat (SSR) loci for plant genome analysis*. Florida: CRS Press.
25. CBOL Plant working Group. (2009). *A DNA barcode for land plants*. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 106, 12794-12797.
26. Chase, M.W., Cowan ,R.S., Hollingsworth, P.M., VanderBerg, C., Madrinan, S., Petersen, G., Seberg, O., Jorgensen, T., Cameron-Kenneth, M., Carine, M., Pedersen, N., Hedderson-Terry, H., Conrad, F., Salazar-Gerardo, A., Richardson-James, E., Hollingsworth-Michelle, L., Barraclough-Timothy, G., Kelly, L., & Wilkinson, M. (2007). *A proposal for a standardized protocol to barcode all land plants*. *Taxon*, 56, 295–299.
27. Cho, Y., J., Mower, P., Qiu, Y.L., & Palmer J.D. (2004). *Mitochondrial substitution rates are extraordinarily elevated and variable in a genus of flowering plants*. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 101, 17741–17746.
28. Das, S., Dash, H., Mangwani, N., Chakraborty, J., & Kumari, S. (2014). *Understanding molecular identification and polyphasic taxonomic approaches for genetic relatedness and phylogenetic relationships of microorganisms*. *Journal of Microbiological Methods*. 103: 80–100.

29. Degtjareva, G.V., Logacheva, M.D., Samigullin, T.H., Terentjeva E.I., & Roman C. M. V. (2012). *Organization of Chloroplast psbA-trnH Intergenic Spacer in Dicotyledonous Angiosperms of the Family Umbelliferae*. Biochemistry, 77, 1056-1064.
30. Doyle, J. J., & Doyle, J.L. (1987). *A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue*. Phytochemical Bulletin, 19, 11-15.
31. Gielly, L., & Taberlet P. (1994). *The Use of Chloroplast DNA to Resolve Plant Phylogenies: Noncoding versus rbcL Sequences*. Molecular Biology and Evolution, 11(5), 769-777.
32. Hare K., Singh S.K. (2007). *Biotechnological advances in mango (Mangifera indica L.) and their future implication in crop improvement — A review*. Biotechnology Advances, 25, 223–243.
33. Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., & deWaard, J.R.. (2003). *Biological identification through DNA barcodes*. Proceedings of the Royal Society B, 270, 313-321.
34. Hollingsworth, P.M., Forrest, L.L., Spouge, J.L., Hajibabaei, M., Ratnasingham, S., Van der Bank, M., Chase, M.W., Cowan, R.S., Erickson, D.L., Fazekas, A.J., Graham, S.W., James, K.E., Kim, K.J., Kress, W.J., Schneider, H., van Alphen Stahl, J., Barrett, S.C., van den Berg, C., Bogarin, D., Burgess, K.S., Cameron, K.M., Carine, M., Chacón, J., Clark, A., Clarkson, J.J., Conrad, F., Devey, D.S., Ford, C.S., Hedderson, T.A., Hollingsworth, M.L., Husband, B.C., Kelly, L.J., Kesanakurti, P.R., Kim, J.S., Kim, Y.D., Lahaye, R., Lee, H.L., Long, D.G., Madriñán, S., Maurin, O., Meusnier, I., Newmaster, S.G., Park, C.W., Percy, D.M., Petersen, G., Richardson, J.E., Salazar, G.A., Savolainen, V., Seberg, O., Wilkinson, M.J., Yi, D.K., & Little, D.P. (2009). *A DNA barcode for land plants*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 106(31), 12794-12797.
35. Ivanova, N.V., Zemlak, T.S., Hanner, R.H., & Hebert, P. D. N. (2007). *Universal primer cocktails for fish DNA barcoding*. Molecular Ecology Notes, 7, 543-548.

36. Kiyomi, N., Young, A., C., Chitose, H., Wichan, E., & Keizo, Y. (2006). *Application of genomic in situ hybridization for phylogenetic study between Mangifera indica L. and eight wild species of Mangifera*. Scientia Horticulturae, 110, 114-117.
37. Kochert, G. (1994). *RFLP technology. In DNA-based markers in plants*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers.
38. Lahaye, R., Savolainen, V., Duthoit, S., Maurin, O. & Bank, M. (2008). *A test of psbK-psbI and atpF-atpH as potential plant DNA barcodes using the flora of the Kruger National Park as a model system (South Africa)*. Nature Precedings.
39. Li, M., Wong, K., Chan, W., Li, J., But, P.P.H., Cao, H., & Shawa, P. (2012). *Establishment of DNA barcodes for the identification of the botanical sources of the Chinese 'cooling' beverage*. Food Control. 25: 758-766.
40. Liu, Z., Zeng, X., Yang, D., Chu, G., Yuan, Z., & Chen, S. (2012). *Applying DNA barcodes for identification of plant species in the family Araliaceae*. Gene, 499, 76-80.
41. Ma, H., Zhu, Z., Zhang, X., Miao, Y., & Guo, Q. (2014). *Species identification of the medicinal plant Tulipa edulis (Liliaceae) by DNA barcode marker*. Biochemical Systematics and Ecology, 55, 362-368.
42. McCouch, S., & Tanksley, S.D. (1991). *Development and use of restriction fragment length polymorphisms in rice breeding and genetic in rice biotechnology*. Wallingford: Khush, G.S. and Toenniessen, G.H. (eds.) CAB International.
43. Natalie, L., D., David, J., I., Ian, S., E., B., Carole, L., W., Luke, C., D., & Ralf. G., D. (2014). *Expressed Sequence Tag-Simple Sequence Repeat (EST-SSR) Marker Resources for Diversity Analysis of Mango (Mangifera indica L.)*. Diversity, 6, 72-87.
44. Olivier, C., Lilian, E., Christian, R., Adriano, S., Spencer, B., Arnaud, C., Corine, C., Eliane, K., Roxana, Y., Tatiana, T., S., & Sophie, N. (2010). *Evolution of oil-producing trichomes in Sisyrinchium (Iridaceae): insights from the first comprehensive phylogenetic analysis of the genus*. Annals of Botany, 1-26.

45. Powell, W., Machray, C., & Provan, J. (1996). *Polymorphism revealed by simple sequence repeats*. Trends in Plant Sci, 1, 215-222.
46. Prasad, M.,P., & Rekha, S. (2014). *Phylogenetic Analysis of Mangifera Using RAPD Molecular Markers*. International Journal of Advanced Biotechnology and Research, 5(3), 452-456.
47. Sang, T., Crawford, D.J, Stuessy, T.F., (1997). *Chloroplast DNA phylogeny, reticulate evolution and biogeography of Paeonia (Paeoniaceae)*. American Journal of Botany, 84, 1120–1136.
48. Selvaraj, D., Sarma, R. K., & Sathishkumar, R. (2008). *Phylogenetic analysis of chloroplast matK gene from Zingiberaceae for plant DNA barcoding*. Bioinformation, 3(1), 24-27.
49. Suparman, S., Adi, P., Topik, H. (2013). *Phylogenetic Analisis of Mangifera Base on RBCL Sequences, Chloroplast DNA*. Scientific Papers. Series B, Horticulture, 57, 235-240.
50. Tanksley, S.D., Young, N.D., Paterson, A.H., & Bonierbale, M.W. (1989). *RFLP mapping in plant breeding: New tools for an old science*. Biotechnology, 7, 257-264.
51. Tate, J.A. and Simpson B.B. (2003). *Paraphyly of Tarasa (Malvaceae) and Diverse Origins of the Polyploid Species*. Systematic Botany, 28(4), 723–737.
52. Tomar, R., S., Gajera, H., P., Viradiya, R., R., Patel, S., V., & Golakiya, B., A. (2011). *Phylogenetic relationship among Mango (Mangifera indica L.) Landraces of Saurashtra based on DNA fingerprinting*. Journal of Horticulture and Forestry, 3(13), 379-385.
53. Topik, H., Adi, P., Diah, K., & Wichan, E. (2011). *Molecular Diversification and Phylogeny of Mangifera (Anacardiaceae) in Indonesia and Thailand*. Proceeding of the International Conference on Advanced Science, Engineering and Information Technology.
54. Topik, H., Adi, P., Diah, K., & Wichan, E. (2012). *Development matK Gene as DNA Barcode to Assess Evolutionary Relationship of Important Tropical Forest Tree*

- Genus Mangifera (Anacardiaceae) in Indonesia and Thailand*. Jurnal Teknologi, 59, 17-20.
55. Topik, H., Shahkila, M., A., & Azman, A., S. (2013). *Molecular Biodiversity of Selected Mango Cultivars Based on DNA Sequences of Internal Transcribed Spacer Region*. Pakistan Journal of Biological Sciences, 16(19), 1072-1075.
  56. Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., & Zebeau, M. (1995). *AFLP: A new technique for DNA fingerprintings*. Nucleic Acids Research, 23, 4407-4414.
  57. Wichan, E., Keizo, Y., Akira, S., Naoki, U., & Suranant, S. (1999). *Identification of mango cultivars of Thailand and evaluation of their genetic variation using the amplified fragments by simple sequence repeat-(SSR-) anchored primers*. Scientia Horticulturae, 82, 57-66.
  58. Wichan, E., Keizo, Y., Akira, S., Naoki, U., & Suranant, S. (1999). *Analysis of phylogenetic relationships in Mangifera by restriction site analysis of an amplified region of cpDNA*. Scientia Horticulturae, 80, 145-155.
  59. Wichan, E., Keizo, Y., Shinya, K., & Akira, S. (2000). *Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis for Studying Genetic Relationships among Mangifera Species in Thailand*. Journal of the American Society for Horticultural Science, 125(2), 160-164.
  60. Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., & Tingey, S.U. (1990). *DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers*. Nucleic Acids Research, 18(22), 6531-6535.
  61. Xin-hua, H., Yong-ze, G., Yang-mi, L., & Sh-jin, O. (2007). *Assessment of the Genetic Relationship and Diversity of Mango and Its Relatives by cplSSR Marker*. Agricultural Sciences in China, 6(2), 137- 142.
  62. Yonemori, K., Honsho, C., Kanzaki, S., Eiadthong, W., & Sugiura, A. (2002). *Phylogenetic relationships of Mangifera species revealed by ITS sequences of nuclear ribosomal DNA and a possibility of their hybrid origin*. Plant Systematics and Evolution, 231, 59-75.



ภาคผนวก

## ภาคผนวก ก

### การเตรียมสาร

#### 1. สารละลายบัฟเฟอร์สกัด

##### 1.1 สารเคมี

- ซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ (cetyltrimethyl ammonium bromide, CTAB)
- เอทิลีนไดอะมีนเตตราอะซิติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA)
- โซเดียมคลอไรด์ (NaCl)
- ทริส-คลอไรด์
- โซเดียมโดเดซิลซัลเฟต (sodium dodecyl sulfate, SDS)
- โซเดียมเมตาไบซัลเฟส (sodium metabisulfite)

##### 1.2 วิธีการเตรียม

เทน้ำลงในบีกเกอร์ประมาณ 400 มิลลิลิตร นำไปต้มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียสเป็นเวลาประมาณ 15-30 นาที ใส่โซเดียมคลอไรด์ปริมาณ 146.1 กรัม ผสมให้เข้ากันจนไม่มีตะกอน จากนั้นเติม EDTA ความเข้มข้น 0.5 โมลาร์ pH 8.0 ปริมาตร 40 มิลลิลิตร และทริส-คลอไรด์ความเข้มข้น 1 โมลาร์ pH 8.0 ปริมาตร 100 มิลลิลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกัน เติมโซเดียมโดเดซิลซัลเฟตปริมาณ 6 กรัม เติมซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ปริมาณ 40 กรัม เติม โซเดียมเมตาไบซัลเฟส 1 กรัม ผสมให้เข้ากัน ปรับปริมาตรให้เป็น 1 ลิตร นำไปนิ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 15 นาที

#### 2. สารละลายบัฟเฟอร์ TAE ความเข้มข้น 50 เท่า

##### 2.1 สารเคมี

- ทริส-คลอไรด์
- กรดอะซิติกเข้มข้น (glacial acetic acid)
- เอทิลีนไดอะมีนเตตราอะซิติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA)

## 2.2 วิธีการเตรียม

เทน้ำลงในบีกเกอร์ประมาณ 400 มิลลิลิตร ใส่ทริส-คลอไรด์ปริมาณ 242 กรัม เติมกรดอะซีติกเข้มข้นปริมาตร 57.2 มิลลิลิตร เติม EDTA ความเข้มข้น 0.5 โมลาร์ pH 8.0 ปริมาตร 100 มิลลิลิตร ผสมให้เข้ากัน จากนั้นใช้น้ำกลั่นที่ผ่านการฆ่าเชื้อปรับปริมาตรให้เป็น 1 ลิตร

## 3. สารละลายบัฟเฟอร์ TE

### 3.1 สารเคมี

- ทริส-คลอไรด์
- เอทิลีนไดอะมีนเตตราอะซีติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA)

### 3.2 วิธีการเตรียม

เทน้ำลงในบีกเกอร์ประมาณ 400 มิลลิลิตร เติมทริส-คลอไรด์ความเข้มข้น 1 โมลาร์ ปริมาตร 10 มิลลิลิตร เติม EDTA ความเข้มข้น 0.5 มิลลิโมลาร์ pH 8.0 ปริมาตร 2 มิลลิลิตร ผสมให้เข้ากัน จากนั้นใช้น้ำกลั่นที่ผ่านการฆ่าเชื้อปรับปริมาตรให้เป็น 1 ลิตร

## 4. สารละลายบัฟเฟอร์ DNA Loading ความเข้มข้น 6 เท่า

### 4.1 สารเคมี

- โบโมฟีนอลบลู (bromophenol blue)
- xylene cyanol FF
- กลีเซอรอล (glycerol)

### 4.2 วิธีการเตรียม

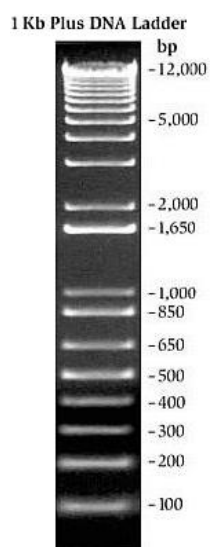
ประกอบด้วย bromophenol blue ความเข้มข้นร้อยละ 0.25 โดยมวลต่อปริมาตร xylene cyanol FF ความเข้มข้นร้อยละ 0.25 โดยมวลต่อปริมาตร และกลีเซอรอล ความเข้มข้นร้อยละ 30 โดยมวลต่อปริมาตร โดยใช้ น้ำกลั่นที่ปราศจากไอออน (deionized water) ในการปรับปริมาตร เก็บที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

ภาคผนวก ข

ดีเอ็นเอมาตรฐาน

ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA)

แสดงขนาดของดีเอ็นเอตั้งแต่ 100-12,000 คู่เบส



ภาพผนวกที่ 1 ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder ที่มา : Invitrogen™ Life Technology

## ภาคผนวก ค

## ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่จัดเก็บในฐานข้อมูล Genbank

LOCUS KR610374 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chok Anan ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610374  
 VERSION KR610374  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chok Anan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaag ccggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttggc agcattccga  
 121 gtaactcttc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagttga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaca acgtgaactc ccaaccattt atgcgttgga gagatcgttt cttta

ภาพผนวกที่ 1 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610374

LOCUS KR610375 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Mapring Pa ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610375  
 VERSION KR610375  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Mapring Pa"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116480"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLNYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKSFQGPFGHQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgaattatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgc ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaagttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht ctht

ภาพผนวกที่ 2 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610375

LOCUS KR610376 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thongdam ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610376  
 VERSION KR610376  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thongdam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116481"  
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPHGIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaatgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttt

ภาพผนวกที่ 3 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610376

LOCUS KR610377 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chaokhunthip ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610377  
 VERSION KR610377  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chaokhunthip"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116482"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgc ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgct tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttta

ภาพผนวกที่ 4 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610377



LOCUS KR610378 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Ka Lon ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610378  
 VERSION KR610378  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Ka Lon"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116483"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttt

ภาพผนวกที่ 5 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610378

LOCUS KR610379 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Raet ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610379  
 VERSION KR610379  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Raet"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116484"  
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttt

ภาพผนวกที่ 6 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610379

LOCUS KR610380 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Sri Sa Yam ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610380  
 VERSION KR610380  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Sri Sa Yam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116485"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF"  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaag ccggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atactctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttt

ภาพผนวกที่ 7 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610380

LOCUS KR610381 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Falan ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610381  
 VERSION KR610381  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Falan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116486"  
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRYCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGVSNTMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttt

ภาพผนวกที่ 8 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610381

LOCUS KR610382 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Phetbanlat ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610382  
 VERSION KR610382  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Phetbanlat"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116487"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRYCNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFF  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atactctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgc ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccattt atgcgttgga gagatcgttt cttt

ภาพผนวกที่ 9 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610382

LOCUS KR610383 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nongsaeng ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610383  
 VERSION KR610383  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nongsaeng"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116488"  
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttta

ภาพผนวกที่ 10 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610383

LOCUS KR610384 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nangklangwan ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KR610384

VERSION KR610384

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..654  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Nangklangwan"  
/db\_xref="taxon:29780"  
gene <1..>654  
/gene="rbcL"  
CDS <1..>654  
/gene="rbcL"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
/protein\_id="AL116489"  
/translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYITKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRYCYNIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDKLNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL"

ORIGIN  
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgct tagaggatct acgaatccct  
421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattggga tccaagtga gagagataaa  
481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttta

ภาพผนวกที่ 11 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610384

LOCUS KR610385 653 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Man Khun Sri ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610385  
 VERSION KR610385  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 653)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 653)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..653  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Man Khun Sri"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>653  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>653  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116490"  
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLDLRIPTAYIKTFQGPPhGIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRF"  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaag ccggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggtagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaatgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagttga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccattt atgcgttgga gagatcgttt cta

ภาพผนวกที่ 12 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610385



LOCUS c 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015

DEFINITION Mangifera indica cultivar Haeo ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KR610386

VERSION KR610386

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Mangifera indica (mango)

ORGANISM Mangifera indica

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; Mangifera.

REFERENCE 1 (bases 1 to 654)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (Mangifera indica L.) in Thailand Using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 654)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##

Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing

##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..654

/organism="Mangifera indica"

/organelle="plastid:chloroplast"

/mol\_type="genomic DNA"

/cultivar="Haeo"

/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..>654

/gene="rbcL"

CDS <1..>654

/gene="rbcL"

/codon\_start=1

/transl\_table=11

/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"

/protein\_id="AL116491"

/translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYITKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHIQVERDKLNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL"

ORIGIN

1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa

61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttgcc agcattccga

121 gtaactcttc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct

181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa

241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta

301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg

361 ggtaatgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct

421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa

481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc

541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa

601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttt

ภาพผนวกที่ 13 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610386

LOCUS KR610387 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Khiaosawoey ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610387  
 VERSION KR610387  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Khiaosawoey"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116492"  
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRYCNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDKNVNSQPFMRWRDRFL  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgct tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgataaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttta

ภาพผนวกที่ 14 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610387

LOCUS KR610388 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Kao ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610388  
 VERSION KR610388  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Kao"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116493"  
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTPDYITKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHQVERDKLNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL"  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcattgga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggttagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttacaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttta

ภาพผนวกที่ 15 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610388

LOCUS KR610389 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Namdokmai ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610389  
 VERSION KR610389  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="NamDokMai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="AL116494"  
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPFGHIQVERDKLNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL"  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcctggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaatgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgttt cttta

ภาพผนวกที่ 16 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610389

LOCUS KR610390 654 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thunthawai Tha Wai  
 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit  
 (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610390  
 VERSION KR610390  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 654)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..654  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thunthawai Tha Wai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>654  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase  
 large subunit"  
 /protein\_id="AL116495"  
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGVPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL  
 "  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaa cggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttggc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggttagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccgttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaattgat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagtga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggactga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccatth atgcgttgga gagatcgtht cttta

ภาพผนวกที่ 17 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610390

LOCUS KR610391 653 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Okrong ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR610391  
 VERSION KR610391  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 653)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 653)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (06-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..653  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="OkRong"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>653  
 /gene="rbcL"  
 CDS <1..>653  
 /gene="rbcL"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"  
 /protein\_id="ALI16496"  
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYITKDTDILAAFRVTPQ  
 PGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKRCYNIEPVAGEENQYICYVAY  
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLDLRIPTAYIKTFQGPPhGIQVERDK  
 LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRF"  
 ORIGIN  
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagtgtt ggattcaaag ccggcggttaa agactataaa  
 61 ttgacttatt atactcctga ctatataacc aaagatactg atatcttgcc agcattccga  
 121 gtaactcctc aacctggagt tccacccgag gaagcagggg ctgcggtagc tgcggaatct  
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggacc gatgggctta ccagccttga tcgttacaaa  
 241 ggacgatgct acaacattga gcccggttgct ggagaagaaa atcaatatat atgttatgta  
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg  
 361 ggtaatgtat ttgggttcaa agccctgcgc gctctacgtc tagaggatct acgaatccct  
 421 accgcgtata taaaaacttt ccaaggacca ccgcatggga tccaagttga gagagataaa  
 481 ttgaacaagt atggccgtcc cctattggga tgtactatta aaccgaaatt aggtttatcc  
 541 gctaagaact acggtagagc tgtttatgaa tgtctacgtg gtggacttga ctttaccaaa  
 601 gacgatgaga acgtgaactc ccaaccattt atgcgttgga gagatcgttt cta

ภาพผนวกที่ 18 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR610391

LOCUS KR422626 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chok Anan RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422626  
 VERSION KR422626  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chok Anan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116461"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 19 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422626

LOCUS KR422627 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Mapring Pa RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422627  
 VERSION KR422627  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Mapring Pa"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116462"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa aaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 20 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422627



LOCUS KR422628 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thongdam RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422628  
 VERSION KR422628  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thongdam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116463"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 21 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422628

LOCUS KR422629 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chaokhunthip RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422629  
 VERSION KR422629  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chaokhunthip"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116464"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 22 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422629

LOCUS KR422630 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Ka Lon RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422630  
 VERSION KR422630  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Ka Lon"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116465"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 23 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422630

LOCUS KR422631 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Raet RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422631  
 VERSION KR422631  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Raet"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116466"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKGVVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 24 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422631

LOCUS KR422632 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Sri Sa Yam RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422632  
 VERSION KR422632  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Sri Sa Yam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116467"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 25 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422632

LOCUS KR422633 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Falan RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422633  
 VERSION KR422633  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Falan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116468"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKGVVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg ggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 26 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422633

LOCUS KR422634 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Phetbanlat RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422634  
 VERSION KR422634  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Phetbanlat"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116469"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccg ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 27 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422634

LOCUS KR422635 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nongsaeng RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422635  
 VERSION KR422635  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nongsaeng"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116470"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 28 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422635



LOCUS KR422636 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nangklangwan RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422636  
 VERSION KR422636  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nangklangwan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116471"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 29 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422636

LOCUS KR422637 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Man Khun Sri RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422637  
 VERSION KR422637  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Man Khun Sri"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116472"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 30 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422637

LOCUS KR422638 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Haeo RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422638  
 VERSION KR422638  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Haeo"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116473"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKGVLDGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 31 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422638

LOCUS KR422639 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Khiaosawoey RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422639  
 VERSION KR422639  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Khiaosawoey"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116474"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aagggtataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 32 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422639

LOCUS KR422640 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Kaeo RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422640  
 VERSION KR422640  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Kaeo"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116475"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggtc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 33 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422640

LOCUS KR422641 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Namdokmai RNA polymerase beta subunit  
 (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422641  
 VERSION KR422641  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="NamDokMai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116476"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatcaaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 34 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422641

LOCUS KR422642 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thunthawai Tha Wai RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422642  
 VERSION KR422642  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thunthawai Tha Wai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116477"  
 /translation="KCI VGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKGVVLADGAATVGGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcgtt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgccatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatatatt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 35 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422642

LOCUS KR422643 391 bp DNA linear PLN 07-OCT-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Okrong RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR422643  
 VERSION KR422643  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 391)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (01-MAY-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..391  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="OkRong"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 CDS <1..>391  
 /gene="rpoB"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta subunit"  
 /protein\_id="AL116478"  
 /translation="KCIVGTGLERQAALDSGVPAIAQHEGKIIYTDIDKIVLSANGDT  
 ISIQFVVYQRSNKNTCMHQKRQVGRSKCIKKQVLADGAATVGELALGKNVLVAYMP  
 WEGYNFEDAVLISERLIYEDIYTSFHIR"  
 ORIGIN  
 1 aagtgcattg ttggaactgg gttggaacgc caagcggctc tagattcagg agttcctgct  
 61 atagcccaac acgagggaaa gatcatttat accgatattg acaagatcgt tttatcggcc  
 121 aatggagata ctataagtat tcaattcggt gtctatcaac gttccaacaa gaatacttgt  
 181 atgcatacaa aaagacaggt tggacggagt aaatgcatta aaaagggaca agtttttagcg  
 241 gatggtgccc ctacagttgg gggcgaactc gctttgggga aaaacgtatt agtagcttat  
 301 atgcatggg aaggttataa ttttgaggat gcggtactta ttagcgaacg tctgatatat  
 361 gaagatattt atacttcttt tcacatacgg a

ภาพผนวกที่ 36 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR422643



LOCUS KR028419 555 bp DNA linear PLN 04-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR028419  
 VERSION KR028419  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 555)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand Using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 555)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (25-MAR-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..555  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chok Anan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>555  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>555  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALD47590"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVPLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLCFSQ"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaatccgg ggacaaccaa cgaggggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 cttggcaaac gggtcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcaactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttghtaatt  
 241 tgtggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc cattttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttggtt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttggtttt ctcaa

ภาพผนวกที่ 37 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR028419

LOCUS KR071805 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Mapring Pa RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071805  
 VERSION KR071805  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Mapring Pa"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38037"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaatgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 38 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071805

LOCUS KR071806 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thongdam RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071806  
 VERSION KR071806  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thongdam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38038"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVPLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac gggtcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttghtaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 39 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071806

LOCUS KR071807 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chaokhunthip RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071807  
 VERSION KR071807  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chaokhunthip"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38039"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctggtgcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc cattttagt  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 40 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071807

LOCUS KR071808 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Ka Lon RNA polymerase beta' subunit  
 (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071808  
 VERSION KR071808  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Ka Lon"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38040"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctggtgcaaac ggttcgatata ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 41 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071808

LOCUS KR071809 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Raet RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071809  
 VERSION KR071809  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Raet"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38041"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttghtaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 42 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071809

LOCUS KR071810 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Sri Sa Yam RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071810  
 VERSION KR071810  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Sri Sa Yam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38042"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac gggtcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttghtaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 43 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071810

LOCUS KR071811 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Falan RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071811  
 VERSION KR071811  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Falan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38043"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 44 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071811



LOCUS KR071812 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION Mangifera indica cultivar Phetbanlat RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071812  
 VERSION KR071812  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast Mangifera indica (mango)  
 ORGANISM Mangifera indica  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; Mangifera.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (Mangifera indica L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Phetbanlat"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38044"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVPLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 45 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071812

LOCUS KR071813 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nongsaeng RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071813  
 VERSION KR071813  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nongsaeng"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38045"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatata ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 46 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071813

LOCUS KR071814 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nangklangwan RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071814  
 VERSION KR071814  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nangklangwan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38046"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatata ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 47 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071814

LOCUS KR071815 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Man Khun Sri RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071815  
 VERSION KR071815  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Man Khun Sri"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38047"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcaactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 48 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071815

LOCUS KR071816 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Haeo RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071816  
 VERSION KR071816  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Haeo"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38048"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctggtgcaaac ggttcgatga ttccggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctacttttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcaaatc gcaatagagc ttttccagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 49 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071816

LOCUS KR071817 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Khiaosawoey RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071817  
 VERSION KR071817  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Khiaosawoey"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38049"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLSNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagt  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 50 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071817

LOCUS KR071818 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION Mangifera indica cultivar Kao RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071818  
 VERSION KR071818  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast Mangifera indica (mango)  
 ORGANISM Mangifera indica  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; Mangifera.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (Mangifera indica L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source  
 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Kao"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS  
 <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38050"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 51 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071818

LOCUS KR071819 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar NamDokMai RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071819  
 VERSION KR071819  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="NamDokMai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38051"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctggtgcaaac ggttcgatata ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 52 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071819



LOCUS KR071820 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thunthawai Tha Wai RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071820  
 VERSION KR071820  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thunthawai Tha Wai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38052"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDISGRSVIVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK GPIVWEILQEVMQGHVPLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggatccgg ggacaaccaa cgaggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ctttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctcactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttccagac atttghtaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc catttttagtg  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 53 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071820

LOCUS KR071821 545 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar OkRong RNA polymerase beta' subunit  
 (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.  
 ACCESSION KR071821  
 VERSION KR071821  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;  
 Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae;  
*Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango  
 (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 545)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (05-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University,  
 Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..545  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="OkRong"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 CDS <1..>545  
 /gene="rpoC1"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="RNA polymerase beta' subunit"  
 /protein\_id="ALG38053"  
 /translation="VDTLLDNGIRGQPTRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR  
 VDYSGRSVIVVGPSLSLHRCGLPREIAIELFQTFVICGLIRQHLASNIGVAKSKIREK  
 GPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD  
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLL"  
 ORIGIN  
 1 gtggatacac ttcttgataa tggaaatccgg ggacaaccaa cgagggatgg tcataataag  
 61 gtttataaagt ccttttcgga tgtaattgaa ggcaaagagg gaagatttcg tgagactctc  
 121 ctgggcaaac ggttcgatta ttcggggcgt tctgtcattg tcgtaggccc ctactttca  
 181 ttacatcgat gtggattgcc tcgcgaaatc gcaatagagc ttttcagac atttgaatt  
 241 tgtgggtctaa ttagacaaca tcttgcttca aacataggag ttgctaagag taaaattcgg  
 301 gaaaaagggc cgattgtatg ggaaatactt caggaagtta tgcagggaca tcctgtattg  
 361 ctgaatagag cgcctacgct gcatagatta ggcatacagg cattccagcc cattttagt  
 421 gaaggacgtg ctatttgttt acatccatta gtttgtaagg gattcaacgc agactttgat  
 481 ggggatcaaa tggctgttca tgtaccttta tcttttagagg ctcaagcgga ggcccgttta  
 541 ctttg

ภาพผนวกที่ 54 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071821

LOCUS KR071822 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chok Anan photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071822

VERSION KR071822

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

|              |                                                                                                                                                                           |
|--------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|              | Location/Qualifiers                                                                                                                                                       |
| source       | 1..395<br>/organism="Mangifera indica"<br>/organelle="plastid:chloroplast"<br>/mol_type="genomic DNA"<br>/cultivar="Chok Anan"<br>/db_xref="taxon:29780"                  |
| gene         | <1..75<br>/gene="psbA"                                                                                                                                                    |
| CDS          | <1..75<br>/gene="psbA"<br>/codon_start=1<br>/transl_table=11<br>/product="photosystem II protein D1"<br>/protein_id="ALG38054"<br>/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV" |
| misc_feature | 76..343<br>/note="psbA-trnH intergenic spacer"                                                                                                                            |
| tRNA         | 344..>395<br>/product="tRNA-His"                                                                                                                                          |

ORIGIN

```

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca
61 tctacaaatg tataagatgt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaaat aacggagcaa
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc
241 ttcatttcga gattgataag taaggtagca taaaaaaagg agaagatgatc aaaatatggt
301 agaaattgta atccttgtag tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

```

ภาพผนวกที่ 55 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071822

LOCUS KR071823 698 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Mapring Pa photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071823

VERSION KR071823

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 698)  
AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 698)  
AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES  
Location/Qualifiers  
source 1..698  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Mapring Pa"  
/db\_xref="taxon:29780"  
gene <1..75  
/gene="psbA"  
CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38055"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
misc\_feature 76..657  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"  
tRNA 658..>698  
/product="tRNA-His"

ORIGIN  
1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tatgcaaatt aattaatggt  
241 aatatatatt tcatttctat ttctttctat ttctagaaat aagaactcga aacaattgat  
301 ttctatctat ttaataataa taatattaat ataataattt tctgtatatt agaattccata  
361 gaattctataa tctattagat aaatagataa aaatccaaca aaaaaaaatc taagaaattc  
421 tttgaatttg taattcaaat taaacaattt actaattatt atttgacttt tacagttaaa  
481 aaaatcgaaa tgataaagggt ttagaagaaag aaaagggttg aaattttctg cttcttgtct  
541 tgtatcttca tttcgagatt gataagtaag gtaccataaa aaaaggagaa tgatcaaaaa  
601 ttatgatcaa tggtagaaat tgtaatcctt gtattttttg taatttttta agaggggcgg  
661 atgtagccaa gtggatcaag gcagtggtatt gtgaatca

ภาพผนวกที่ 56 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071823

LOCUS KR071824 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thongdam photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071824

VERSION KR071824

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

|              |                                                                                                                                                                           |
|--------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|              | Location/Qualifiers                                                                                                                                                       |
| source       | 1..395<br>/organism="Mangifera indica"<br>/organelle="plastid:chloroplast"<br>/mol_type="genomic DNA"<br>/cultivar="Thongdam"<br>/db_xref="taxon:29780"                   |
| gene         | <1..75<br>/gene="psbA"                                                                                                                                                    |
| CDS          | <1..75<br>/gene="psbA"<br>/codon_start=1<br>/transl_table=11<br>/product="photosystem II protein D1"<br>/protein_id="ALG38056"<br>/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV" |
| misc_feature | 76..343<br>/note="psbA-trnH intergenic spacer"                                                                                                                            |
| tRNA         | 344..>395<br>/product="tRNA-His"                                                                                                                                          |

ORIGIN

```

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca
61 tctacaaatg tataagatgt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaaat aacggagcaa
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccggtatgt agtagttttt tatttacata
181 cgtttcgttt gggtgtttgt ttttcaacaa aacaaaatgt tctgcttctt gttttgtatc
241 ttcatttcga gattgataag taaggtagca taaaaaaagg agaagatgca aaaatatggg
301 agaaattgta atccttgtat tttttgtaat tttttaagag gggcggtatg agccaagtgg
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

```

ภาพผนวกที่ 57 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071824

LOCUS KR071825 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Chaokhunthip photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071825  
 VERSION KR071825  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Chaokhunthip"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38057"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 58 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071825

LOCUS KR071826 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Ka Lon photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071826  
 VERSION KR071826  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Ka Lon"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38058"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 59 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071826

LOCUS KR071827 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Raet photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071827

VERSION KR071827

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers  
1..395  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Raet"  
/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..75  
/gene="psbA"

CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38059"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"

misc\_feature 76..343  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"

tRNA 344..>395  
/product="tRNA-His"

ORIGIN

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 60 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071827



LOCUS KR071828 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Sri Sa Yam photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071828  
 VERSION KR071828  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Sri Sa Yam"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38060"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgta tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 61 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071828

LOCUS KR071829 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Falan photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071829

VERSION KR071829

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers  
1..395  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Falan"  
/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..75  
/gene="psbA"

CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38061"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"

misc\_feature 76..343  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"

tRNA 344..>395  
/product="tRNA-His"

ORIGIN

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 62 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071829

LOCUS KR071830 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Phetbanlat photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071830  
 VERSION KR071830  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Phetbanlat"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38062"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 63 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071830

LOCUS KR071831 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nongsaeng photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071831  
 VERSION KR071831  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nongsaeng"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38063"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 64 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071831

LOCUS KR071832 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Nangklangwan photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071832  
 VERSION KR071832  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Nangklangwan"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38064"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 65 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071832

LOCUS KR071833 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Man Khun Sri photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071833  
 VERSION KR071833  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Man Khun Sri"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38065"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 66 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071833

LOCUS KR071834 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Haeo photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071834

VERSION KR071834

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers  
1..395  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Haeo"  
/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..75  
/gene="psbA"

CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38066"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"

misc\_feature 76..343  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"

tRNA 344..>395  
/product="tRNA-His"

ORIGIN

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 67 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071834

LOCUS KR071835 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Khiaosawoey photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071835  
 VERSION KR071835  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Khiaosawoey"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38067"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 68 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071835



LOCUS KR071836 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Kao photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071836

VERSION KR071836

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers  
1..395  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="Kao"  
/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..75  
/gene="psbA"

CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38068"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"

misc\_feature 76..343  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"

tRNA 344..>395  
/product="tRNA-His"

ORIGIN

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 69 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071836

LOCUS KR071837 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015

DEFINITION *Mangifera indica* cultivar NamDokMai photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KR071837

VERSION KR071837

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)

ORGANISM *Mangifera indica*  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 395)

AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers  
1..395  
/organism="Mangifera indica"  
/organelle="plastid:chloroplast"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultivar="NamDokMai"  
/db\_xref="taxon:29780"

gene <1..75  
/gene="psbA"

CDS <1..75  
/gene="psbA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="photosystem II protein D1"  
/protein\_id="ALG38069"  
/translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"

misc\_feature 76..343  
/note="psbA-trnH intergenic spacer"

tRNA 344..>395  
/product="tRNA-His"

ORIGIN

1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 70 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071837

LOCUS KR071838 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar Thunthawai Tha Wai photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071838  
 VERSION KR071838  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="Thunthawai Tha Wai"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38070"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 71 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071838

LOCUS KR071839 395 bp DNA linear PLN 30-SEP-2015  
 DEFINITION *Mangifera indica* cultivar OkRong photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His gene, partial sequence; chloroplast.  
 ACCESSION KR071839  
 VERSION KR071839  
 KEYWORDS .  
 SOURCE chloroplast *Mangifera indica* (mango)  
 ORGANISM *Mangifera indica*  
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Sapindales; Anacardiaceae; *Mangifera*.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) in Thailand using DNA Sequences  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 395)  
 AUTHORS Bussadee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (08-APR-2015) Biotechnology, Thammasat University, Phahonyothin, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand  
 COMMENT ##Assembly-Data-START##  
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
 ##Assembly-Data-END##  
 FEATURES  
 source Location/Qualifiers  
 1..395  
 /organism="Mangifera indica"  
 /organelle="plastid:chloroplast"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /cultivar="OkRong"  
 /db\_xref="taxon:29780"  
 gene <1..75  
 /gene="psbA"  
 CDS <1..75  
 /gene="psbA"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="photosystem II protein D1"  
 /protein\_id="ALG38071"  
 /translation="VMHERNAHNFPLDLAAIEAPSTNV"  
 misc\_feature 76..343  
 /note="psbA-trnH intergenic spacer"  
 tRNA 344..>395  
 /product="tRNA-His"  
 ORIGIN  
 1 gttatgcatg aacgtaatgc tcataatttc cctctagacc tagctgctat tgaagctcca  
 61 tctacaaatg tataagattt cgttttttgt gtatacgagt ttttgaaat aacggagcaa  
 121 taccaatttc ttgcaaaggg tcggtattgc tccgttattt agtagttttt tatttacata  
 181 cgtttcgttt ggttgtttgt ttttcaacaa aacaaaattt tctgcttctt gttttgtatc  
 241 ttcatttcga gattgataag taaggtaacca taaaaaaagg agaatgatca aaaatatggt  
 301 agaaattgta atccttgat tttttgtaat tttttaagag gggcggatgt agccaagtgg  
 361 atcaaggcag tggattgtga atccaccatg cgcga

ภาพผนวกที่ 72 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KR071839

## ประวัติผู้เขียน

|                |                                                                               |
|----------------|-------------------------------------------------------------------------------|
| ชื่อ           | นางสาวปิยดา บุสดี                                                             |
| วันเดือนปีเกิด | 23 ตุลาคม 2532                                                                |
| วุฒิการศึกษา   | ปีการศึกษา 2554; วิทยาศาสตร์บัณฑิต<br>(เทคโนโลยีชีวภาพ) มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ |

## ผลงานทางวิชาการ

ปิยดา บุสดี, อีระชัย ธนानันต์ และ นฤมล ธนานันต์. (2558). การจำแนกพันธุ์มะม่วงในประเทศไทย จากลำดับดีเอ็นเอของยีน *rpoC1* และ *rbcL*, วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี 23(6): 983-993.

ปิยดา บุสดี, อีระชัย ธนานันต์ และ นฤมล ธนานันต์. (2559). การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และยีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงในประเทศไทย, วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี 24(1): 102-111.