



การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ
กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเรและลูกผสม
ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์ปัทมา

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)
ภาควิชาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ
กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเอและลูกผสม
ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)
ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์



IDENTIFICATION AND ASSESSMENT OF GENETIC RELATIONSHIP
AMONG SECTION NIGROHIRSUTAE OF *Dendrobium* AND
THEIR HYBRIDS BY USING DNA MARKERS

BY

MISS JUTATIP PHANROOPHAW



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

นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว

เรื่อง

การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูล์
และลูกผสมด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

เมื่อ วันที่ 15 มิถุนายน พ.ศ. 2559

ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

อัคราพร

(อาจารย์ ดร. อัคราพร ศรีบุญเลิศ)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

สพช.บ.

(รองศาสตราจารย์ ดร. อีระชัย ธานันต์)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

สพช.บ.

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธานันต์)

กรรมการสอบวิทยานิพนธ์

ปกรณ

(อาจารย์ ดร. ปกรณ คุ้มภัย)

คณบดี

ปกรณ คุ้มภัย

(รองศาสตราจารย์ ปกรณ เสริมสุข)

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเชและลูกผสมด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ
ชื่อผู้เขียน	นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชา/คณะ/มหาวิทยาลัย	สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย ธนานันต์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์
ปีการศึกษา	2558

บทคัดย่อ

กล้วยไม้สกุลหวายเป็นกล้วยไม้ที่มีความสำคัญ เนื่องจากได้รับความนิยมและเป็นสินค้าส่งออกของประเทศไทย ดังนั้นจึงมีการพัฒนากล้วยไม้สกุลหวายพันธุ์ใหม่ ๆ เพื่อตอบสนองต่อความต้องการของผู้บริโภค ทำให้เกิดกล้วยไม้สกุลหวายลูกผสมมากมายและมีความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยเฉพาะกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเชและลูกผสม ผู้วิจัยจึงเลือกศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 3 ชนิด ได้แก่ แสตอาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์ และลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ผลการวิจัยพบว่าเครื่องหมายแอสตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวาย 15 พันธุ์ โดยปรากฏแถบดีเอ็นเอที่ให้ความหลากหลายรูป 229 และ 142 แถบ ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลของเครื่องหมายทั้งสองร่วมกันพบว่าสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการจัดจำแนกสูงขึ้น และสามารถจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ได้เป็น 5 กลุ่ม และเมื่อพิจารณาค่าดัชนีความเหมือนพบว่า เครื่องหมายแอสตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ซึ่งสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายได้ทั้ง 21 พันธุ์ โดยงานวิจัยนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการอนุรักษ์และปรับปรุงพันธุ์กล้วยไม้ต่อไป

คำสำคัญ: กล้วยไม้, สกุลหวาย, หมู่ไทรโครเซอร์ชูเช, เครื่องหมายดีเอ็นเอ, แสตอาร์เอพีดี, ไอเอสเอสอาร์, ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ, ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

Thesis Title	Identification and Assessment of Genetic Relationship Among Section Nigrohirsutae of <i>Dendrobium</i> and Their Hybrids by Using DNA Markers
Author	Miss Jutatip Phanroophaw
Degree	Master of Science
Department/Faculty/University	Department of Biotechnology Faculty of Science and Technology Thammasat University
Thesis Advisor	Associate Professor Dr. Theerachai Thanananta
Thesis Co-Advisor	Assistant Professor Dr. Narumol Thanananta
Academic Years	2015

ABSTRACT

Dendrobium is mostly importance, since it is popular and becomes to the export goods from Thailand. The breeding development of *Dendrobium* for customers' demand will generate new varieties and more genetic diversities, especially among section Nigrohirsutae of *Dendrobium* and their hybrids. In this study assessment of genetic relationship based on DNA markers which are HAT-RAPD, ISSR and nucleotide sequence of specific genes *matK*, *rbcl*, *rpoC1* and *trnH-psbA*. Data from HAT-RAPD and ISSR can identify 15 cultivars. They showed 229 and 142 bands, respectively. The analytical combination of HAT-RAPD and ISSR data indicated the greater effectiveness for identification that it classified among section Nigrohirsutae of *Dendrobium* and their hybrids to 5 clusters using UPGMA. The similarity coefficient of HAT-RAPD, ISSR and specific nucleotide sequence of *matK*, *rbcl*, *rpoC1* and *trnH-psbA* were considered for the genetic relationship, which can identify the 21 cultivars. This results are able to conserve and improve orchid's breeding.

Keywords: orchid, *Dendrodium*, Section Nigrohirsutae, DNA marker, HAT-RAPD, ISSR, specific nucleotide sequence, genetic relationship

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. ธีระชัย ธนานันต์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์ และ อาจารย์ ดร. ภัทรพร คุ่มภัย สำหรับการให้คำปรึกษาร่วมถึงการให้กำลังใจตลอดการทำวิทยานิพนธ์

ขอขอบคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ศุภชัย วุฒิพงศ์ชัยกิจ ประธานกรรมการสอบโครงร่างวิทยานิพนธ์ และ อาจารย์ ดร. อัจราพร ศรีบุญเลิศ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ สำหรับคำแนะนำตลอดการทำวิทยานิพนธ์

ขอขอบคุณอาจารย์ประจำภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ทุกท่าน สำหรับการมอบความรู้เพื่อใช้ศึกษาและเป็นแนวทางการทำวิทยานิพนธ์

ขอขอบคุณพี่นักวิทยาศาสตร์และพี่เจ้าหน้าที่ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ทุกท่าน สำหรับการอำนวยความสะดวกเรื่องอุปกรณ์ สารเคมี รวมถึงการดำเนินงานด้านเอกสารทุกเรื่องสำหรับวิทยานิพนธ์

ขอขอบคุณภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ สำหรับสถานที่ทำการศึกษาเพื่อการวิจัยในครั้งนี้

ขอขอบคุณ นายสามารถ พันธุ์รูปท้าว นางสาวใจ พันธุ์รูปท้าว บิดาและมารดาผู้ให้การสนับสนุนสำหรับการศึกษาระดับวิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต รวมถึงนายสิทธิโชค พันธุ์รูปท้าว พี่ชายผู้คอยให้กำลังใจมาโดยตลอด

นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	(1)
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	(2)
กิตติกรรมประกาศ	(3)
สารบัญตาราง	(8)
สารบัญภาพ	(9)
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ที่มาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย	2
1.3 สมมุติฐาน	2
1.4 ขอบเขตงานวิจัย	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
1.6 สถานที่ทำงานวิจัย	3
บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	4
2.1 กล้วยไม้	4
2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	4

2.2.1	ราก	4
2.2.2	ลำต้น	5
2.2.3	ใบ	5
2.2.4	ดอก	5
2.3	การจำแนกกล้วยไม้	5
2.4	กล้วยไม้สกุลหวาย	6
2.4.1	หมู่ฟาแลนแนนเธ	6
2.4.2	หมู่เซอร์ราโทเปียม	7
2.4.1	หมู่ยูจิแนนเธ	7
2.4.1	หมู่แคลลิสตา	7
2.4.1	หมู่ไนโกรเฮอร์ชูเธ	7
2.5	เครื่องหมายทางพันธุกรรม	7
2.6	เครื่องหมายดีเอ็นเอ	8
2.7	เครื่องหมายที่ใช้ในงานวิจัย	9
2.7.1	เครื่องหมายอาร์เอพีดี	9
2.7.2	เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	10
2.7.3	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ	10
บทที่ 3 วิธีการวิจัย		12
3.1	เครื่องมือและอุปกรณ์	12
3.1.1	เครื่องมือสำหรับการสกัดดีเอ็นเอ	12
3.1.2	เครื่องมือสำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส	12
3.2	สารเคมี	12
3.2.1	สารเคมีสำหรับสกัดดีเอ็นเอ	12
3.2.2	สารเคมีสำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส	13
3.2.3	สารเคมีสำหรับการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องอิเล็กโทรโฟรีซิส	13
3.3	วิธีการดำเนินงานวิจัย	13

3.3.1 การเตรียมพันธุ์กล้วยไม้ตัวอย่าง	13
3.3.1.1 กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ Dendrobium	13
3.3.1.2 กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ Nigrohirsutae	14
3.3.1.3 กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ Nigrohirsutae พันธุ์ลูกผสม	14
3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอ	15
3.3.3 การตรวจสอบปริมาณและวัดคุณภาพดีเอ็นเอ	15
3.3.4 การตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรส	16
3.3.4.1 ศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี และไอเอสเอสอาร์	16
3.3.4.2 การวิเคราะห์ผลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ	21
3.3.5 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ	21
3.3.5.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ	21
3.3.5.2 การวิเคราะห์ผลลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ	21
บทที่ 4 ผลการวิจัยและอภิปรายผล	23
4.1 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	23
4.1.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์แบบสุ่ม	23
4.1.2 การศึกษาความสัมพันธ์ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	34
4.1.3 ค่า PIC	35
4.2 เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	38
4.2.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์แบบไมโครแซทเทลไลท์	38
4.2.2 การศึกษาความสัมพันธ์ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	49
4.2.3 ค่า PIC	49
4.3 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีร่วมกับไอเอสเอสอาร์	49
4.4 เครื่องหมายนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ	52

4.4.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณจำเพาะภายในคลอโรพลาสต์	52
4.4.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์	52
4.4.3 ผลการฝากลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ	53
4.4.3.1 ยีน <i>matK</i>	54
4.4.3.2 ยีน <i>rbcL</i>	67
4.4.3.3 ยีน <i>rpoC1</i>	77
4.4.3.4 ซีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	88
4.5 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 2 ยีน	99
4.6 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 3 ยีน	105
4.7 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 4 ยีน	109
4.8 อภิปรายผล	114
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	116
5.1 สรุปผลการวิจัย	116
5.2 ข้อเสนอแนะ	117
รายการอ้างอิง	118
ภาคผนวก	
ภาคผนวก ก	122
ประวัติผู้เขียน	203

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
3.1 ไพรเมอร์แบบสุ่มของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด A และ B	17
3.2 ไพรเมอร์แบบสุ่มของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด C และ D	18
3.3 ไพรเมอร์แบบสุ่มของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด E และ F	19
3.4 ไพรเมอร์แบบไมโครแซทเทลไลท์ของเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	20
3.5 ไพรเมอร์ของลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ	22
4.1 การปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance ของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	36
4.2 การปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance ของเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	48
4.3 เลขการฝากลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล GenBank	53
4.4 ตำแหน่งพบความหลากหลายของยีน <i>matK</i>	60
4.5 ตำแหน่งพบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนกรดอะมิโนของยีน <i>matK</i>	60
4.6 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของยีน <i>matK</i>	64
4.7 ตำแหน่งพบความหลากหลายของยีน <i>rbcL</i>	71
4.8 ตำแหน่งพบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนกรดอะมิโนของยีน <i>rbcL</i>	72
4.9 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของยีน <i>rbcL</i>	74
4.10 ตำแหน่งพบความหลากหลายของยีน <i>rpoC1</i>	81
4.11 ตำแหน่งพบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนกรดอะมิโนของยีน <i>rpoC1</i>	82
4.12 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของยีน <i>rpoC1</i>	85
4.13 ตำแหน่งพบความหลากหลายของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	94
4.14 ตำแหน่งพบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนกรดอะมิโน ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	94
4.15 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	96
4.16 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพการจัดจำแนกของทั้ง 4 ยีน	110
4.17 การเปรียบเทียบลักษณะ maternal inheritance ของยีน <i>matK</i>	112
4.18 การเปรียบเทียบลักษณะ maternal inheritance ของยีน <i>rbcL</i>	113
4.19 การเปรียบเทียบลักษณะ maternal inheritance ของยีน <i>rpoC1</i>	113
4.20 การเปรียบเทียบลักษณะ maternal inheritance ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	114

4.30	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม จากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยไพรเมอร์ M26	43
4.31	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม จากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยไพรเมอร์ M27	44
4.32	ค่าดัชนีความเหมือนของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	50
4.33	แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	50
4.34	ค่าดัชนีความเหมือนของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีร่วมกับไอเอสเอสอาร์	51
4.35	แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีร่วมกับไอเอสเอสอาร์	51
4.36	การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	54
4.37	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>matK</i> โดยวิธี ML	65
4.38	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>matK</i> โดยวิธี MP	65
4.39	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>matK</i> โดยวิธี NJ	66
4.40	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>matK</i> โดยวิธี UPGMA	66
4.41	การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i>	67
4.42	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rbcL</i> โดยวิธี ML	75
4.43	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rbcL</i> โดยวิธี MP	75
4.44	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rbcL</i> โดยวิธี NJ	76
4.45	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rbcL</i> โดยวิธี UPGMA	76
4.46	การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	77
4.47	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rpoC1</i> โดยวิธี ML	86
4.48	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rpoC1</i> โดยวิธี MP	86
4.49	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rpoC1</i> โดยวิธี NJ	87
4.50	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน <i>rpoC1</i> โดยวิธี UPGMA	87
4.51	การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	88
4.52	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง ยีน <i>trnH-psbA</i> โดยวิธี ML	97
4.53	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง	97

ยีน <i>trnH-psbA</i> โดยวิธี MP	
4.54 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของชนิดเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง ยีน <i>trnH-psbA</i> โดยวิธี NJ	98
4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของชนิดเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง ยีน <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีUPGMA	98
4.56 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของการวิเคราะห์ร่วมกัน 2 ยีน	99
4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของการวิเคราะห์ร่วมกัน 3 ยีน	105
4.76 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของการวิเคราะห์ร่วมกัน 4 ยีน	109
4.78 การจัดแบ่งกลุ่มของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเซอร์ซูเทและลูกผสม ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะของการวิเคราะห์ร่วมกัน 4 ยีน	112



บทที่ 1

บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญ

กล้วยไม้สกุลหวาย (*Dendrobium*) เป็นพืชดอก (class Angiospermae) ที่มีสกุลใหญ่ที่สุดซึ่งพบมากกว่า 1,500 ชนิด (species) และมีเขตการแพร่กระจายพันธุ์บริเวณทวีปเอเชียตลอดจนเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (Schuiteman, 2014) โดยมีรูปแบบการเติบโตหลายแบบ เช่น เติบโตบนกิ่งไม้ พื้นหิน พื้นดิน และที่ชื้นแฉะ ประเทศไทยจัดเป็นศูนย์กลางการกระจายพรรณพืชของกล้วยไม้เขตร้อน (tropic) ที่พบความหลากหลายมากที่สุดในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ นักพฤกษศาสตร์ได้จำแนกกล้วยไม้สกุลหวายออกเป็นหมู่ 41 หมู่ (อบฉันท, 2543)

กล้วยไม้สกุลหวายจัดเป็นพืชชนิดหนึ่งที่มีความสำคัญเนื่องจากเป็นกล้วยไม้ตัดดอกที่มีความหลากหลายทั้งด้านสีกลิ่น กลิ่น ขนาด รูปทรง ซึ่งเป็นผลมาจากการเกิดวิวัฒนาการที่ซับซ้อนมาเป็นเวลานาน และยังมีอายุปักแจกันยาวนานเมื่อเปรียบเทียบกับไม้ตัดดอกทั่วไป ประเทศไทยเป็นแหล่งผลิตและส่งออกกล้วยไม้สกุลหวายและลูกผสมที่สำคัญอันดับ 2 ของโลก ซึ่งในปี พ.ศ. 2556 มีการส่งออกทั้งกล้วยไม้ตัดดอกและกล้วยไม้กระถางจำนวน 23,471 ล้านต้น (สำนักพัฒนาอุตสาหกรรมส่งเสริมการค้าระหว่างประเทศ, 2557) จากความต้องการของตลาดกล้วยไม้โลกที่เพิ่มสูงขึ้นทุกปี จึงมีการปรับปรุงพันธุ์กันอย่างแพร่หลาย ทำให้เกิดสายพันธุ์ใหม่ ๆ เพิ่มมากขึ้นอย่างรวดเร็ว และเพื่อให้เกิดลักษณะที่โดดเด่นหลายประการ เช่น มีกลิ่นหอม ช่อดอกใหญ่ และระยะเวลาการร่วงของช่อดอกช้าลง โดยพบการปรับปรุงพันธุ์ของกล้วยไม้ลูกผสมมากกว่าหนึ่งครั้ง ดังนั้นอาจเกิดความผันแปรทางพันธุกรรมสูงขึ้น อีกทั้งกล้วยไม้สกุลหวายเป็นกล้วยไม้ที่มีความสามารถต่ำในการคงทนต่อสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปในธรรมชาติ จึงเป็นอีกสาเหตุหนึ่งซึ่งส่งผลกระทบต่อกล้วยไม้สกุลหวายมีโอกาสเกิดการสูญพันธุ์ได้ง่ายมากขึ้น

ดังนั้นเพื่อเป็นการอนุรักษ์กล้วยไม้สกุลหวายไว้เป็นแม่และพ่อพันธุ์ในอนาคต จึงมีการศึกษาจัดจำแนกกล้วยไม้และลูกผสมเกิดขึ้นจากลักษณะสัณฐานภายนอก ซึ่งกล้วยไม้แต่ละสกุลจะมีรูปแบบแตกต่างกันอย่างเด่นชัด มีทั้งใบรูปกลม รูปรี รูปไข่ รูปหัวใจ เป็นต้น ลักษณะของใบนิยมใช้เป็นเกณฑ์อย่างหนึ่งในการจำแนกกล้วยไม้เบื้องต้นร่วมกับรูปแบบการเจริญเติบโตและการดำรงชีพหรือที่เรียกว่าการวิเคราะห์แบบ parsimony แต่การวิเคราะห์วิธีดังกล่าวยังพบข้อจำกัดบางประการ เช่น การไม่สามารถจำแนกกล้วยไม้พันธุ์ลูกผสมบางชนิดได้ (Adoms *et al.*, 2006) อีกทั้งการจัดจำแนกกล้วยไม้ด้วยโครงสร้างของดอกยังพบข้อจำกัด คือ การออกดอกของกล้วยไม้แต่ละพันธุ์ต้องใช้เวลานานประมาณ 3-4 ปี ทำให้ยากต่อการจำแนกพันธุ์

ด้วยเหตุนี้จึงมีแนวคิดเพื่อรวบรวมกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอและลูกผสมในประเทศไทย โดยการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) เพื่อสามารถนำมาเป็นแนวทางสำหรับการวางแผนการอนุรักษ์กล้วยไม้และการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไป โดยเลือกศึกษาด้วยเครื่องหมายทางชีวโมเลกุลจำนวน 3 เครื่องหมาย ได้แก่ 1. เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (high annealing temperature random amplify polymorphic DNA, HAT-RAPD) 2. เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ (inter-simple sequence repeats, ISSR) เป็นเครื่องหมายที่สร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) โดยอาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (PCR, polymorphic chain reaction) เป็นเครื่องหมายที่สามารถทำได้ง่าย ใช้อุปกรณ์และสารเคมีจำนวนน้อย รวมถึงมีค่าใช้จ่ายที่ต่ำ แต่ให้ประสิทธิภาพและความถูกต้องสูง 3. เครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ (nucleotide sequences of specific regions) คือ การศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีลำดับอนุรักษ์บริเวณตำแหน่งของซันยีนต่าง ๆ ภายในคลอโรพลาสต์ เป็นบริเวณที่เกิดการถ่ายทอดลักษณะจากต้นแม่พันธุ์ จึงมีการผันแปรทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างต่ำ

1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1.2.1 จำแนกชนิดและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอพันธุ์พื้นเมืองและพันธุ์ลูกผสมในประเทศไทยด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ 3 ชนิด

1.2.2 เปรียบเทียบผลจากการจัดจำแนกด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์ และลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งแบบจำเพาะ

1.3 สมมุติฐาน

เครื่องหมายดีเอ็นเอ 3 ชนิดเป็นเครื่องหมายที่มีประสิทธิภาพและสามารถวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอและลูกผสมในประเทศไทยได้ โดยอาศัยความแตกต่างของแบบแผนดีเอ็นเอหรือลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) ที่จำเพาะของกล้วยไม้แต่ละชนิด

1.4 ขอบเขตงานวิจัย

การเก็บรวบรวมกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ จากนั้นนำมาศึกษาความผันแปรและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์ และลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะบริเวณยีนภายในคลอโรพลาสต์ (chloroplast DNA, cpDNA) จำนวน 4 บริเวณ ได้แก่ ยีน *matK* ยีน *rbcl* ยีน *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.5.1 สามารถนำเครื่องหมายดีเอ็นเอมาประยุกต์ใช้ตรวจสอบกล้วยไม้สกุลหมุ่ในโกรเซอร์ซูเรและลูกผสม

1.5.2 สามารถนำข้อมูลทางพันธุกรรมในระดับจีโนมเลกุลไปวางแผนเพื่อปรับปรุงพันธุ์และอนุรักษ์พันธุกรรมกล้วยไม้สกุลหวายหมุ่ในโกรเซอร์ซูเรต่อไป

1.6 สถานที่ทำงานวิจัย

ห้องปฏิบัติการวิจัย B407 และห้องปฏิบัติการพันธุวิศวกรรม B403 ชั้น 4 อาคารบรรยายรวม 5 ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี



บทที่ 2

วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 กล้ายไม้

เอื้อง คือ คำที่ใช้เรียกกล้ายไม้ในสมัยอยุธยาและสุโขทัย แต่เมื่อช่วงสมัยรัตนโกสินทร์ ตอนต้นเริ่มนิยมเรียกว่า กล้ายไม้ (orchidaceae) กันอย่างแพร่หลาย กล้ายไม้ คือ พืชดอกที่มีลักษณะสัณฐานคล้ายกับกล้วย แต่แท้จริงแล้วส่วนนั้นคือลำลูกกล้วย (ครรชิต, 2550) กล้ายไม้เป็นพืชดอกในกลุ่มพืชใบเลี้ยงเดี่ยว (monocotyledonous plant) ซึ่งเป็นพืชดอกวงศ์ใหญ่ที่สุดในบรรดาพรรณพืชทั่วโลก สามารถเจริญเติบโตได้ในทุกทวีปยกเว้นทวีปแอนตาร์กติกา ซึ่งในประเทศไทยมีการสำรวจพบแล้วทั้งสิ้น 168 สกุล และมากกว่า 1,170 ชนิด ประมาณ 1 ใน 15 ของกล้ายไม้ที่พบทั่วโลก กล้ายไม้ไทยมีความหลากหลายทั้งถิ่นฐานที่อยู่และพันธุกรรมมากกว่าประเทศเขตร้อนอื่น (tropical zone) จากรูปทรงที่มีลักษณะสวยงาม อีกทั้งยังมีรูปแบบการดำรงชีพที่แปลกกว่าพืชชนิดอื่น ทำให้กล้ายไม้เป็นพืชที่ได้รับความนิยมจากผู้คนทุกยุคทุกสมัย ประเทศไทยเริ่มมีการสำรวจและตั้งชื่อพฤกษศาสตร์ของกล้ายไม้ตั้งแต่สมัยกรุงธนบุรี โดยนักพฤกษศาสตร์ชาวเดนมาร์กชื่อ Johann Gerhard Konig (สลิล, 2549) ปัจจุบันนักพฤกษศาสตร์ได้จัดจำแนกกล้ายไม้ตามหลักอนุกรมวิธานดังนี้ อาณาจักรพืช (kingdom: plantae) จำพวก (division: magnoliophyta) ชั้น (class: liliopsida) อันดับ (order: asparagales) วงศ์ (family: orchidaceae) ประกอบด้วย 5 วงศ์ย่อย (subfamily) ได้แก่ apostasioideae cyripedioideae orchidoideae vandoideae และ epidendroideae กล้ายไม้ที่กระจายอยู่ทั่วโลกส่วนใหญ่อยู่ในวงศ์ย่อย Epidendroideae และถูกค้นพบแล้วมากกว่า 25,000 ชนิด ซึ่งกล้ายไม้สวยงามส่วนใหญ่จะกระจายอยู่ในบริเวณเขตร้อนชื้นของอเมริกาและเอเชีย ได้แก่ จีน พม่า ลาว เวียดนาม กัมพูชา มาเลเซีย และ ไทย เป็นต้น (Dressler, 1993)

2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

2.2.1 ราก

กล้ายไม้จัดเป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว ที่พบเฉพาะรากฝอยอย่างเดี่ยว โดยมีขนาดตั้งแต่เล็กจนถึงขนาดใหญ่ และจากรูปแบบการเจริญเติบโต สามารถแบ่งชนิดของรากได้ 2 ชนิด คือ 1. รากอากาศ คือ รากที่เกิดการงอกออกจากบริเวณส่วนที่เป็นข้อปล้องของลำต้นหรือเหง้า 2. รากดิน คือ รากที่เกิดการงอกของรากออกจากบริเวณหัวสะสมอาหารที่ฝังอยู่ใต้ดิน (สลิล, 2549)

2.2.2 ลำต้น

ลำต้นของกล้วยไม้มีหลายลักษณะแตกต่างกันไปตามสัณฐานโดยแบ่งเป็น 1. ลำต้นแบบมีเหง้า (rhizome) มีลักษณะเป็นข้อปล้องบนเหง้า ลำต้นมีใบและช่อดอกชูตรง 2. ลำต้นแบบมีหัวใต้ดิน (root-stem tuberoid) ไม่มีข้อปล้อง พบเฉพาะกล้วยไม้ดินบ้างสกุล 3. ลำต้นเป็นหัวรูปทรงกลม (tuber) มีรูปร่างขนาดเล็กจนถึงขนาดใหญ่ และสามารถลำต้นเหนือดิน 4. ลำต้นแบบหัวเผือก (corm) ลำต้นเป็นหัวค่อนข้างกลมและแข็ง มีข้อปล้องไม่มากและ 5. ลำต้นแบบกก (reed-stem) ลำต้นตรงและมีจำนวนข้อปล้องน้อยมาก (สลิล, 2549)

2.2.3 ใบ

กล้วยไม้มีใบเลี้ยงเดี่ยวทั้งหมด ขนาดของใบพบตั้งแต่ใบขนาดเล็ก เช่น เปี้ยไม้ใบขน (*Trichostia dasyphylla*) จนใบขนาดใหญ่ของพลูช้าง (*Vanilla siamensis*) ประกอบด้วยจำนวนใบมากกว่า 1 ใบ เช่น กล้วยไม้สกุลหวาย แต่หลายชนิดมีเพียงใบเดียว เช่น กล้วยไม้สกุลอ้ว เชียงดาว เป็นต้น (สลิล, 2549)

2.2.4 ดอก

ดอกกล้วยไม้มีทั้งชนิดที่เป็นดอกเดี่ยว (solitary) และออกดอกเป็นช่อดอก (inflorescence) ซึ่งเป็นส่วนสำคัญที่สุดที่ใช้ในการจัดจำแนกกล้วยไม้ โดยกล้วยไม้จะประกอบด้วยดอกที่สมมาตรทางด้านข้าง (lateral symmetry) คือลักษณะเหมือนกันทั้งด้านขวาและด้านซ้าย มีรังไข่อยู่ใต้วงเล็บ โดยเชื่อมต่อกับส่วนที่เป็นก้านดอก มีทั้งที่สามารถแยกส่วนได้ชัดเจนและไม่ชัดเจน ซึ่งกล้วยไม้สกุลที่มีเพียงดอกเดียวอยู่ที่ปลายก้านดอก เช่น เอื้องนกระจิบ (*Trias nasuta*) สิงโตก้านหลอด (*Bulbophyllum*) เป็นต้น และมีบางสกุลดอกออกบริเวณส่วนปลายลำต้น เช่น กล้วยไม้สกุลเอื้องรรอง (*Panisea*) สำหรับกล้วยไม้แบบช่อดอก ประกอบด้วย 3 ส่วน คือ 1. ก้านช่อดอก คือ ส่วนที่ช่วยพยุงช่อดอกให้ตั้งตรงกับลำต้น 2. แกนช่อ คือ ส่วนฐานที่ยึดติดของดอก 3. ดอก มีการเรียงชิดกันแน่นของจำนวนดอกทั้งหมด (สลิล, 2549)

2.3 การจำแนกกล้วยไม้

การจำแนกตามลักษณะการดำรงชีพ (habit) คือความสามารถในการสร้างอาหารของกล้วยไม้แบ่งได้ 2 แบบ คือ กล้วยไม้ที่สามารถสร้างอาหารเอง (autophytic orchid) ซึ่งเป็นกล้วยไม้ส่วนใหญ่ที่พบในประเทศไทย โดยใช้ส่วนของคลอโรฟิลล์ ทำหน้าที่ในการสังเคราะห์แสงและกล้วยไม้ที่ไม่สามารถสร้างอาหารเอง (saprophytic orchid) หรือเรียกว่า กล้วยไม้กินซากเป็นกล้วยไม้ที่ไม่มีคลอโรฟิลล์ ส่วนของลำต้นมีสีขาวจนถึงขาวเหลือง จะอาศัยดูดสารอาหารที่ถูกย่อยด้วยจุลินทรีย์สำหรับการดำรงชีพ

การจำแนกตามลักษณะการเจริญเติบโต (growth habit) คือการพิจารณาจากจากการสร้างใบและดอก ซึ่งแบ่งได้ 2 ประเภท ได้แก่ การเจริญทางด้านข้างหรือ การเจริญแบบซิมโพเดียล (sympodial growth) คือการเจริญลักษณะเป็นกอ มีหน่อใหม่เจริญขึ้นแทนที่หน่อเก่าเป็นการเจริญที่พบมากที่สุดในช่วงกล้วยไม้ เช่น สกุลเอื้องหมาก (*Coelogyne*) สกุลเอื้องปากนกแก้ว (*Dendrobium cruentum*) เป็นต้น และการเจริญทางยอดหรือการเจริญแบบโมโนโพเดียล (monopodial growth) คือ กล้วยไม้ที่มีลำต้นเดียวสามารถออกดอกและแตกกิ่งใหม่ได้ เช่น สกุลฟ้ามุ่ย (*Vanda*) สกุลเอื้องกุหลาบ (*Aerides*)

การจำแนกตามสิ่งอาศัย คือ การแบ่งที่อยู่อาศัยของกล้วยไม้แต่ละชนิด แบ่งเป็น 4 แบบ คือ

1. กล้วยไม้ดิน (terrestrial orchid) พบได้ในป่าผลัดใบและป่าไม่ผลัดใบทั่วทุกภาคของประเทศไทย
2. กล้วยไม้อาศัยบนหิน (lithophytic) เป็นกล้วยไม้ที่มีลำลูกกล้วยและมีใบอวบหนาสำหรับเก็บสะสมอาหารเพื่อการดำรงชีพในสภาวะที่แห้งแล้ง
3. กล้วยไม้อิงอาศัย เป็นกล้วยไม้ที่เกาะบนกิ่งก้านของไม้ต้น พบได้ทั้งป่าผลัดใบและป่าไม่ผลัดใบ
4. กล้วยไม้อาศัยในน้ำ (aquatic orchid) ในประเทศไทยพบกล้วยไม้ประเภทนี้เพียงไม่กี่ชนิด พบบริเวณลำธารน้ำไหลของน้ำตกหินปูน (สลิล, 2549)

การจำแนกตามหลักอนุกรมวิธาน คือ การใช้ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ โดยจำแนกด้วยการนำลักษณะสำนฐานที่คล้ายคลึงกันรวมเข้ากลุ่มเดียวกัน จากที่มีลักษณะคล้ายกันน้อยไปจนถึงเหมือนกัน (สลิล, 2549)

2.4 กล้วยไม้สกุลหวาย

สกุลเด็นโดรเบียม หรือ สกุลหวาย เป็นกล้วยไม้ที่มีศูนย์กลางของแหล่งกำเนิดอยู่ในเขตร้อนของทวีปเอเชีย เช่น พม่า สาธารณรัฐประชาชนลาว กัมพูชา มาเลเซีย และไทย โดยมีความหลากหลายทั้งทางด้านรูปร่าง สีสันดอกอย่างกว้างขวาง นักพฤกษศาสตร์สาขาวิธานได้จำแนกกล้วยไม้สกุลหวายออกเป็นหมู่ย่อย ๆ (section) มากถึง 41 หมู่ เช่น (สลิล, 2549)

2.4.1 หมู่ฟาแลนแนนธ (Phalaenanth)

หวายหมู่นี้มีก้านช่อดอกยาว ตั้งแข็งและมีดอกหลายดอก กลีบในคู่มี่ลักษณะรูปแบบมนกลม ถ้ามองจากด้านข้างจะพบเดือยดอกมีขยักคล้ายมีสองเดือย นิยมเรียกว่า หวายฟอร์มกลม (*Phalaenopsis type*) มีถิ่นกำเนิดบริเวณเกาะในมหาสมุทรแปซิฟิกตอนใต้ นิยมเลือกหวายหมู่นี้ใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ในการผสมพันธุ์กันอย่างกว้างขวาง เช่น *Dendrobium phalaenopsis* และ *Dendrobium biggbum*

2.4.2 หมู๋เซอร์ราโทเบียม (Ceratobium)

หมู๋นี้ส่วนมากมีลักษณะทรงต้นสูงใหญ่และมีลำลูกกล้วยอ้วน แข็งแรง ใบหนาแข็ง ช่อดอกยาว ก้านช่อดอกตั้งแข็ง แต่ละช่อมีดอกจำนวนมาก กลีบดอกแคบ หลายชนิดมีกลีบในบิดเป็นเกลียว นิยมเรียกว่า หวายเขาบิด (antelope) มีถิ่นกำเนิดอยู่ตามเกาะมหาสมุทรแปซิฟิกตอนใต้ เป็นหยาวยที่เจริญเติบโตดีในพื้นที่เขตอบอุ่น เช่น *Dendrobium stratiotes* และ *Dendrobium discolor* เป็นต้น

2.4.3 หมู๋ยูจินแวนเธ (Eugenanthe)

หยาวยหมู๋นี้พบการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติบริเวณเทือกเขาหิมาลัย และทอดยาวผ่านประเทศอินเดีย พม่า ลาว จีนตอนใต้ และไทย สำหรับชนิดที่พบมากในประเทศไทยมีไม่น้อยกว่า 30 ชนิด เป็นหยาวยมีรูปทรงและดอกที่ความสวยงามมาก จึงได้รับความนิยมในอุตสาหกรรมการค้ากล้วยไม้โดยเฉพาะหยาวยพันธุ์ลูกผสม โนบิล (nobile type) หรือที่คนไทยเรียกว่า หยาวยแก้ว

2.4.4 หมู๋แคลลิสตา (Callista)

หยาวยหมู๋นี้มีถิ่นกำเนิดอยู่ที่ประเทศไทย และพบลักษณะเด่นคือ ใบไม่มีกาบใบ แต่ฐานติดอยู่กับส่วนปลายของลำลูกกล้วยซึ่งตรงกลางอ้วน ดอกมีสีเหลืองสด ออกดอกเป็นช่อ ๆ ละหลายดอก กลีบดอกกว้าง แผ่นปาก (mid lobe) มน เป็นหยาวยที่พบกันอย่างกว้างขวาง เช่น เอื้องม่อนไข่ (*Dendrobium thysiflorum*) และ เอื้องคำ (*Dendrobium chrysotoxum*) เป็นต้น

2.4.5 หมู๋ไนโกรเซอร์ซูเต (Nigrohirsutae)

หยาวยหมู๋นี้พบถิ่นกำเนิดบริเวณเขตเทือกเขาหิมาลัยลงไปถึงเกาะในมหาสมุทรแปซิฟิก มีลักษณะเด่นที่สามารถสังเกตเห็นได้ง่ายคือ ที่กาบใบห่อหุ้มลำลูกกล้วยมีขนสีดำหรือสีน้ำตาลอ่อน ลำลูกกล้วยค่อนข้างอวบหนา กลีบดอกสีขาวและมีสีเหลืองหรือสีแสดร่วมอยู่ด้วย เช่น เอื้องเงินหลวง (*Dendrobium formosum*) และ เอื้องแซะหอม (*Dendrobium scabrilingue*) เป็นต้น

2.5 เครื่องหมายทางพันธุกรรม

จากทฤษฎีวิวัฒนาการพบว่าสิ่งมีชีวิตทุกชนิดจำเป็นต้องปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงอยู่ตลอดเวลาเพื่อความอยู่รอดและลดการสูญพันธุ์ จึงต้องถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมที่สำคัญกับการดำรงชีพไปยังลูกรุ่นถัดไป และจากความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) ที่จำเพาะต่อสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดได้นำมาประยุกต์ใช้สำหรับงานวิจัยเพื่อจัดจำแนกและอนุรักษ์พันธุ์ของสิ่งมีชีวิต (Sudarshini, 2007; Kornorn *et al.*, 2015) การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมถูกพัฒนาขึ้นโดยการใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรม (genetic marker) คือ เครื่องหมายที่ช่วยจัดจำแนกความแตกต่างชนิดพันธุ์ ซึ่งเครื่องหมายที่นิยมใช้กันมานาน คือ

เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา (morphological- marker) เป็นเครื่องหมายสำหรับเปรียบเทียบลักษณะภายนอกทางสัณฐานหรือทางสรีระซึ่งเป็นลักษณะที่ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมจึงเกิดความผิดพลาดได้ แต่อย่างไรก็ตามการตรวจสอบลักษณะสัณฐานยังมีความจำเป็นต่อการตรวจสอบเบื้องต้น ด้วยเหตุนี้จึงมีการพัฒนาเครื่องหมายชนิดอื่น ๆ เพื่อใช้ประกอบเป็นข้อมูลที่ถูกต้องและสมบูรณ์ เช่น เครื่องหมายโปรตีน (protein marker) เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) เป็นต้น (สุรินทร์, 2552)

2.6 เครื่องหมายดีเอ็นเอ

เครื่องหมายดีเอ็นเอ คือ เครื่องหมายที่แสดงความจำเพาะของสิ่งมีชีวิตแต่ละสายพันธุ์ ซึ่งอาศัยช่วงลำดับนิวคลีโอไทด์ที่พบดีเอ็นเอทั้งในนิวเคลียส (nuclear genome) ไมโทคอนเดรีย (mitochondrial genome) หรือในคลอโรพลาสต์ (chloroplast genome) เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ได้เกิดจากความแปรปรวน (variation) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ ปรากฏเป็นลักษณะที่แตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ซึ่งเป็นที่รู้จักกันทั่วไปเรียกว่า พอลิมอร์ฟิซึม (DNA polymorphism) (สุรินทร์, 2552)

เครื่องหมายดีเอ็นเอสามารถแบ่งเป็น 2 ประเภท คือ hybridization-based marker และ PCR-based marker ซึ่งอาศัยหลักการที่แตกต่างกัน โดย hybridization-base marker คือ เครื่องหมายที่ใช้ดีเอ็นเอตรวจสอบ (prob) จับเข้ากับลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยวิธีไฮบริไดรเซชัน (hybridization) ตัวอย่าง เช่น อาร์เอฟแอลพี (restriction fragment length polymorphism, RFLP) (Kochert, 1994) แต่สำหรับ PCR-based marker คือการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสหรือพีซีอาร์ (polymerase chain reaction, PCR) ตัวอย่าง เช่น เอเอฟแอลพี (amplified fragment length polymorphisms, AFLP) (Vos, 1995; Xiang *et al.*, 2013) อาร์เอฟพี-ดี (randomly amplified polymorphic DNA, RAPD) (Williams *et al.*, 1990) ไอเอสเอสอาร์ (inter simple sequence repeat, ISSR) (Zietkiewicz *et al.*, 1994; Zhou *et al.*, 2009; Zhang *et al.*, 2010)

PCR-based marker เป็นเครื่องหมายที่ได้รับความนิยมสูงเนื่องจากมีวิธีการที่ซับซ้อนและการวิเคราะห์ผลที่น้อยกว่า hybridization-base marker ปัจจุบันพบการประยุกต์ใช้ PCR-based marker สำหรับงานวิจัยสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ ได้แก่ การจัดจำแนกสายพันธุ์ (identification) การใช้ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic diversity) การสร้างแผนที่ทางพันธุกรรม (genetic-mapping) และ การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอสำหรับบ่งบอกสายพันธุ์ (SCAR marker) (สุรินทร์, 2552)

2.7 เครื่องหมายที่ใช้ในงานวิจัย

เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในงานวิจัยนี้เป็นเครื่องหมายแบบ PCR-based marker จำนวน 3 เครื่องหมาย ได้แก่ เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (high annealing temperature random amplify polymorphic DNA, HAT-RAPD) ซึ่งเป็นไพรเมอร์ที่มีนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม (random primer) เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ (inter-simple sequence repeats, ISSR) ซึ่งเป็นไพรเมอร์ที่มีนิวคลีโอไทด์แบบซ้ำหรือไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite primer) และเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ (nucleotide sequences of specific regions) บริเวณยีนในคลอโรพลาสต์ โดยทั้ง 3 เครื่องหมายอาศัยหลักการที่แตกต่างกันดังต่อไปนี้

2.7.1 เครื่องหมายอาร์เอพีดี

เครื่องหมายอาร์เอพีดี คือ การสุ่มจับของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอเป้าหมายโดยเพื่อเพิ่มปริมาณ deoxyribonucleic acid (DNA) ซึ่งอาศัยความแตกต่างการเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ในโครโมโซมที่ตัวแทนบริเวณใดบริเวณหนึ่งบนสายดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด (สุริพร, 2546) ดังนั้นสิ่งมีชีวิตที่มีลำดับเบสต่างกันย่อมมีลายพิมพ์ดีเอ็นเอแตกต่างกัน และสิ่งมีชีวิตที่มีความใกล้เคียงกันมากจะมีลายพิมพ์ดีเอ็นเอคล้ายคลึงกัน เครื่องหมายอาร์เอพีดีใช้อุณหภูมิในขั้นตอน annealing ประมาณ 35-42 องศาเซลเซียส เพื่อเพิ่มความแม่นยำ และความถูกต้องของข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอมากขึ้น จึงมีการพัฒนาเครื่องหมายอาร์เอพีดีเป็นแฮตอาร์เอพีดี โดยมีข้อแตกต่างคือมีการเพิ่มอุณหภูมิช่วง annealing สูงขึ้นเป็น 46-62 องศาเซลเซียส ข้อดีของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี คือ วิธีการที่ไม่ยุ่งยาก สะดวก รวดเร็ว และมีใช้ให้ง่ายในการตรวจสอบค่อนข้างต่ำเมื่อเทียบกับวิธีอื่น ด้วยเหตุนี้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี จึงได้รับความนิยมเพื่อใช้วิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืช โดยมีหลายงานวิจัยที่ได้แสดงถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีตัวอย่าง เช่น

งานวิจัยของ Suttada *et al.* (2007) พบว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยทั้ง 22 พันธุ์ ด้วยไพรเมอร์แบบสุ่ม 14 สาย พบว่าสามารถจัดกลุ่มกล้วยตามลักษณะโครงสร้างจีโนมได้ 5 กลุ่ม ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของวิศัยและสมบูรณ์ (2551) ที่วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชสกุลไทร ทั้งหมด 25 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถจัดกลุ่มไทรได้ทั้งหมด 2 กลุ่มใหญ่

งานวิจัยของ Sitthiphrom *et al.* (2006) พบว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีเป็นเครื่องหมายที่มีประสิทธิภาพสำหรับการคัดแยกกล้วยพันธุ์ลูกผสม *Dimocarpus longan* Lour. โดยสอดคล้องกับงานวิจัยของ Chundet *et al.* (2007) ที่เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถคัดแยกพันธุ์ลูกผสม *Litchee chinensis* Sonn. ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลกุหลาบ 14 พันธุ์ ที่พบในประเทศไทยด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มจำนวน 24 ไพรเมอร์ สามารถแบ่งกลุ่มได้ 3 กลุ่ม และมีค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.37 ถึง 0.75 (วริศรา, 2554)

2.7.2 เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

สำหรับเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ คือการประยุกต์ใช้ไพรเมอร์จับดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างส่วนของลำดับนิวคลีโอไทด์ซ้ำหรือไมโครแซทเทลไลท์ ที่กระจายตัวอยู่ทั้งจีโนมโดยจะเพิ่มปริมาณปริมาณดีเอ็นเอแบบที่อยู่ระหว่างลำดับไมโครแซทเทลไลท์นี้ทั้งด้าน 5' และ 3' ด้วยไพรเมอร์เช่นเดียวกับปฏิกิริยาของ อาร์เอพีดี โดยเครื่องหมายชนิดนี้ สามารถทำได้ง่าย ไม่จำเป็นต้องทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมตัวอย่างก่อน จึงเป็นอีกหนึ่งเครื่องหมายที่นิยมใช้ในการจำแนกพันธุ์และศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต

งานวิจัยของ Choi *et al.* (2006) การศึกษาการจำแนกพันธุ์ของกล้วยไม้สกุลเข็มบริเตียมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ พบว่าเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีประสิทธิภาพในการจำแนกพันธุ์ซึ่งสอดคล้องกับงานในการศึกษาความหลากหลายของกล้วยไม้สกุลหวายทั้ง 31 ชนิด ของประเทศจีนมณฑลยูนนานด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ พบว่าเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์มีประสิทธิภาพสูงและสนับสนุนผลการศึกษาแผนที่ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายทั้ง 31 ชนิด

งานวิจัยของ Lucas *et al.* (2012) ที่ศึกษาถึงความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลแคทลียา ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์และอาร์เอพีดี เมื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของทั้ง 2 เครื่องหมาย พบว่าเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์และอาร์เอพีดี เป็นเครื่องหมายที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจำนวนมากจึงเหมาะสมที่ใช้สำหรับการจำแนกพันธุ์กล้วยไม้สกุลแคทลียา

2.7.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบจำเพาะ (nucleotide sequences of specific regions) คือการจำแนกพันธุ์ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีนในคลอโรพลาสต์ ซึ่งให้ความถูกต้องและแม่นยำสูงเนื่องจากการถ่ายทอดสารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่สามารถสังเคราะห์อาหารได้ด้วยแสงทุกชนิด จะถ่ายทอดสารพันธุกรรมดีเอ็นเอและอาร์เอ็นเอหรือยีนที่อยู่ภายในไซโทพลาสซึมจากเซลล์สืบพันธุ์ต้นแม่ก่อนที่จะเกิดการผสมกับเซลล์สืบพันธุ์ต้นพ่อ เป็นผลให้การแสดงออกบางลักษณะเกิดจากปัจจัยภายในไซโทพลาสซึม (maternal effects) ซึ่งเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยหน่วยพันธุกรรมที่อยู่นอกโครโมโซม (maternal inheritance) จึงเกิดการแปรผันทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างต่ำ (กิตติพัฒน์, 2549) ส่งผลให้เกิดบริเวณอนุรักษ์ (conserved sequences region) ของพืชแต่ละชนิด จึงสามารถประยุกต์ใช้เป็นไพรเมอร์สากล (universal primer) ได้

ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบจำเพาะเริ่มใช้ครั้งแรกในการจัดจำแนกสัตว์ โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Cytochrome C oxidase I (COI)* ที่อยู่ในไมโทคอนเดรีย เพื่อใช้ระบุชนิดของผีเสื้อสกุล *Lepidoptera* (Hebert *et al.*, 2003) พบว่าเป็นเครื่องหมายที่มีประสิทธิภาพอย่างยิ่ง แต่เมื่อนำมาศึกษาในการจัดจำแนกพืชแล้วพบว่าบริเวณลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนในไมโทคอนเดรียมีวิวัฒนาการค่อนข้างต่ำ ทำให้มีความผันแปรทางพันธุกรรมน้อยจึงไม่เหมาะสมสำหรับการจัดจำแนกพืช (CBOL Plant Working Group, 2009)

ด้วยเหตุนี้จึงมีกลุ่มนักวิทยาศาสตร์มากกว่า 50 ประเทศทั่วโลกร่วมกันจัดตั้งโครงการซีบีโอแอล (Consortium for the Barcode of Life, CBOL) พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีนในคลอโรพลาสต์เพื่อใช้สำหรับการจำแนกพืชแต่ละพันธุ์ ซึ่งเรียกเครื่องหมายนี้ว่ารหัสแท่งดีเอ็นเอ (DNA barcode) หรือลำดับนิวคลีโอไทด์แบบจำเพาะ โดยใช้ไพรเมอร์เข้าทำปฏิกิริยากับบริเวณตำแหน่งอนุรักษ์ของดีเอ็นเอที่พบในพืชทุกชนิดหรือตำแหน่งดีเอ็นเอมาตรฐาน ซึ่งตำแหน่งที่ถูกนำเสนอให้เป็นตำแหน่งดีเอ็นเอมาตรฐานของพืช คือ ยีน *rbcl*, ยีน *matK*, ยีน *rpoB*, ยีน *rpoC1*, และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างขั้วยีน *trnH-psbA*, *atpF-atpH* และ *psbK-psbI* (CBOL Plant Working Group, 2009) ข้อดีของเครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีนในคลอโรพลาสต์ คือ สามารถประเมินความหลากหลายของพืชได้อย่างรวดเร็ว และสามารถระบุชนิดของพืชได้จากชิ้นส่วนทุกช่วงวัย

โดยงานวิจัยนี้เลือกใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีนในคลอโรพลาสต์จำนวน 4 ยีน คือ ยีน *rbcl*, ยีน *matK*, ยีน *rpoC1* เป็นยีนที่ทำหน้าที่สังเคราะห์โปรตีน (protein coding gene) และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างขั้วยีน *trnH* กับยีน *psbA* ซึ่งแต่ละยีนมีความสำคัญต่อพืชดังนี้

ยีน *MaturaseK (matK)* คือ ยีนที่อยู่ในส่วนของอินทรอนกลุ่มที่ 2 (II intron) บริเวณระหว่างปลายสาย 5' และ 3' ของยีน *matK* เป็นตำแหน่งยีนจำเพาะขนาดใหญ่ (large single copy region) ภายในคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ ขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส แปลรหัสเป็นเอนไซม์แมทิวเรส (maturase) ซึ่งเกี่ยวข้องกับการดัดแปลงชิ้นอาร์เอ็นเอ (RNA splicing) (Reimo *et al.*, 2006)

ยีน *ribulose biphosphate carboxylase (rbcl)* คือ ยีนที่มีความสำคัญอย่างมาก แปลรหัสเป็นหน่วยย่อยของเอนไซม์ *ribulose biphosphate carboxylase oxygenase (RUBISCO)* เป็นเอนไซม์ที่ในกระบวนการตรึง CO₂ ในการสังเคราะห์อาหารด้วยแสงของพืช (photosynthesis) จึงได้รับความนิยมใช้เป็นเครื่องหมายสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการความสัมพันธ์ของพืชหลายชนิด (Schuettpelz *et al.*, 2006)

ยีน *rpoC1* คือ ยีนที่อยู่ในส่วนของอินทรอนและแปลรหัสเป็นเอนไซม์อาร์เอ็นเอพอลิเมอเรส (RNA polymerase) ในกระบวนการถอดรหัสดีเอ็นเอเป็นอาร์เอ็นเอ (transcription) (Downie *et al.*, 1996)

ขั้วดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับยีน *psbA (trnH-psbA)* คือ บริเวณที่เกิดการผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ยีน *trnH* เป็นยีนที่ทำหน้าที่สังเคราะห์อาร์เอ็นเอ (RNA gene) ชนิด tRNA (GUG) และเข้าจับกับกรดอะมิโนฮิสทีดีน (histidine, H) ในกระบวนการถอดรหัสดีเอ็นเอเป็นอาร์เอ็นเอ และ ยีน *psbA* สังเคราะห์โปรตีน D1 เพื่อจับกับโปรตีน D2 ในกระบวนการสังเคราะห์อาหารด้วยแสงระบบ II (Xiaohui *et al.*, 2012)

บทที่ 3 วิธีการวิจัย

3.1 เครื่องมือและอุปกรณ์

3.1.1 เครื่องมืออุปกรณ์สำหรับการสกัดดีเอ็นเอ

ประกอบด้วย (1) โกร่งบดบดตัวอย่าง (mortar และ pestle) ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลาง 16 เซนติเมตร (2) กระจกทรงวง (cylinder) ขนาด 25 50 100 1,000 มิลลิลิตร (3) หลอดเซนตริฟิวจ์พลาสติก (centrifuge tube) ขนาด 1.5 และ 50 มิลลิลิตร (4) ตะแกรงใส่หลอดทดลอง (test tube rack) (5) ปิเปตอัตโนมัติ (automatic pipettes) และ ทิป (tip) ขนาด 10 50 200 1,000 ไมโครลิตร (6) อ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ (water bath) ยี่ห้อ Julabo รุ่น TM20 (7) ตู้ดูดสารเคมี (fume hood) บริษัท Wiwatsan Lab (8) เครื่องชั่งน้ำหนัก (analytical balance) ยี่ห้อ Ohaus รุ่น PA2102 (9) ไมโครเวฟ (microwave) ยี่ห้อ sanyo รุ่น EM-T856C (10) หม้อนึ่งแรงดัน (autoclave) ยี่ห้อ Tomy รุ่น ES-315 (11) ตู้อบความร้อน (hot air oven) ยี่ห้อ binder (12) ตู้ทำความเย็น -20 องศาเซลเซียส (freezer) (13) เครื่องวัดความเป็นกรดต่าง (pH meter) (14) เครื่องหมุนเหวี่ยงความเร็วสูง (high speed refrigerated centrifuge) (15) เครื่องวัดค่าดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ยี่ห้อ Hitachi รุ่น U-1900 และ (16) เครื่องหมุนเหวี่ยงหลอดขนาดเล็กความเร็วสูง (micro high speed refrigerated centrifuge)

3.1.2 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

ประกอบด้วย (1) เครื่องผสมสาร (vortex mixer) (2) หลอดพีซีอาร์พร้อมฝาปิด (PCR tube) ขนาด 0.2 มิลลิลิตร (3) เครื่องจ่ายกระแสไฟ (power supply) บริษัท Bio-Rad (4) ชุดอุปกรณ์อิเล็กโทรโฟรีซิส (electrophoresis set) และ (5) เครื่องเพิงปริมาณสารพันธุกรรม (thermal cycler machine) ยี่ห้อ Perkin Elmer รุ่น Gene Amp PCR system 2400

3.2 สารเคมี

3.2.1 สารเคมีสำหรับการสกัดดีเอ็นเอ

ประกอบด้วย (1) เอทิลีนไดอามีนเตตราอะซิติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA) pH 8.0 ความเข้มข้น 20 มิลลิโมลาร์ (2) ซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ (cetyltrimethyl ammoniumbromide; CTAB) (3) ทริสคลอไรด์ (Tris-HCl) pH 8.0 ความเข้มข้น 100 มิลลิโมลาร์ (4) โซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ความเข้มข้น 2.5 โมลาร์ (5) โซเดียมโอดีลซัลเฟต

(SDS, sodium dodecyl sulfate) (6) โซเดียมเมตาไบซัลเฟต (sodium metabisulfite) (7) ฟีนอล (phenol) (8) คลอโรฟอร์ม (chloroform) (9) ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (isoamyl alcohol) (10) เอทานอลบริสุทธิ์ (absolute ethanol) (11) ไอโซโพรพานอล (isopropanol) (12) เบต้าเมอแคปโตเอทานอล (β -mercaptoethanol) (13) ลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) (14) โซเดียมอะซิเตต (sodium acetate) pH 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ (15) สารละลายบัฟเฟอร์ TE (10 mM Tris-HCl pH 8.0, 1mM EDTA pH 8.0) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร (16) พอลิไวนิลไพโรลิโดน (PVP, polyvinyl pyrrolidone) และ (17) เอนไซม์ RNase A

3.2.2 สารเคมีสำหรับการทำปฏิกิริยาพอลิเมอเรส

ประกอบด้วย (1) ชุดสารเคมีสำเร็จรูป *Taq* DNA polymerase (RBC Bioscience, Taiwan) (2) เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase ความเข้มข้น 5 ยูนิตต่อไมโครลิตร (3) สารละลายบัฟเฟอร์ ความเข้มข้น 10 เท่า (4) ชุด dNTP (deoxyribonucleotidetriphosphate; SPS) ความเข้มข้น 2 มิลลิโมลาร์ ซึ่งประกอบด้วย dATP dGTP dCTP และ dTTP และ (5) น้ำกลั่นปราศจากเชื้อ (sterile distilled water)

3.2.3 สารเคมีสำหรับการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิส

ประกอบด้วย (1) เจลอะกาโรส (agarose gel) (2) สารละลายบัฟเฟอร์ TAE (Tris-base, 0.5 M EDTA pH 8.0, glacial acetic acid) ที่ความเข้มข้น 500 เท่า และ 1 เท่า (3) สารละลายบัฟเฟอร์ DNA loading ความเข้มข้น 6 เท่า (4) เอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร และ (5) สารละลายดีเอ็นเอมาตรฐานขนาด 1 กิโลเบส ยี่ห้อ Invitrogen™ Life Technology ประเทศ USA

3.3 วิธีการดำเนินงานวิจัย

3.3.1 การเตรียมพันธุ์กล้วยไม้ตัวอย่าง

เก็บรวบรวมกล้วยไม้ตัวอย่างจำนวน 21 ชนิด นำมาเพาะปลูกจนออกดอกและจำแนกพันธุ์เบื้องต้นโดยการตรวจสอบลักษณะสัณฐาน โครงสร้างลำต้น ลักษณะใบ รวมถึงโครงสร้างดอก ดังนี้

3.3.1.1 กล้วยไม้สกุล *Dendrobium* หมู่ *Dendrobium*

(1) เอื้องสีตาล (*Dendrobium heterocarpum* Lindl.)

3.3.1.2 กล้ายไม้สกุล *Dendrobium* หมู่ Nigrohirsutae

- (1) เอื้องปากนกแก้ว (*Dendrobium cruentum* Rchb.f.)
- (2) เอื้องเงินหลวง (*Dendrobium formosum* Roxb. Ex Lindl.)
- (3) เอื้องแซะหอม (*Dendrobium scabrilingue* Lindl.)
- (4) เอื้องเงิน (*Dendrobium draconis* Rchb.f.)
- (5) เอื้องทอง (*Dendrobium ellipsophyllum* Tang & Wang)
- (6) เอื้องตาเหิน (*Dendrobium infundibulum* Lindl.)
- (7) เอื้องนางชี (*Dendrobium kontumense* Gagnep.)
- (8) เอื้องแซะภูกระดึง (*Dendrobium christyanum* Rchb.f.)
- (9) เอื้องเงินแสด (*Dendrobium williamsonii* Day & Rchb.f.)
- (10) เอื้องตาเหินเวียตนาม (*Dendrobium longicornu* Lindl.)
- (11) เอื้องเงินแดง (*Dendrobium cariniferum* Rchb.f.)
- (12) เอื้องแซะหม่น (*Dendrobium bellatulum* Rolfe)

3.3.1.3 กล้ายไม้สกุล *Dendrobium* หมู่ Nigrohirsutae ลูกผสม

- ลูกผสม 1 ดอนมารี (Dawn Maree)
= เอื้องปากนกแก้ว x เอื้องเงินหลวง
- ลูกผสม 2 รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (Roongkamol Vejvarut)
= ดอนมารี x เอื้องเงินหลวง
- ลูกผสม 3 กรีนแลนเทิร์น (Green Lanturn)
= ดอนมารี x เอื้องปากนกแก้ว
- ลูกผสม 4 ลูกผสมดอนมารี (Dawn Maree hybrid)
= ดอนมารี x เอื้องแซะหอม
- ลูกผสม 5 เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง
- ลูกผสม 6 เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (Wunderbar's Formosae)
- ลูกผสม 7 ฟรอสตี้ดอนปากแดง (Frosty Dawn. var. red labellum)
= ดอนมารี x ไลม์ฟรอส
(ไลม์ฟรอส = เอื้องปากนกแก้ว x เอื้องแซะหอม)
- ลูกผสม 8 ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (Frosty Dawn. var. yellow labellum)
= ดอนมารี x ไลม์ฟรอส
(ไลม์ฟรอส = เอื้องปากนกแก้ว x เอื้องแซะหอม)

3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอจากใบกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมทั้ง 21 ชนิด ด้วยวิธีประยุกต์ของ Doyle และ Doyle (1987) นำใบกล้วยไม้ปริมาณ 3-4 กรัม บดในโกร่งด้วยบัพเฟอร์สกัด (extraction buffer : 4 % CTAB, 2.5M NaCl, 0.6 % SDS, 20 mM EDTA pH 8.0, 100 mM Tris-HCl pH 8.0 และ 0.1 % sodium metabisulfite) 20 มิลลิลิตร พอลิไวนิลไพโรลิโดน (PVP) 0.3 กรัม และ 2-mercaptoethanol 20 ไมโครลิตร นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส นาน 60 นาที จากนั้นเติม คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (chloroform : isoamyl alcohol = 24:1) 500 ไมโครลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกัน แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 x g นาน 10 นาที ดูดสารละลายใสส่วนบนใส่หลอดใหม่แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะคริลาไมด์ (linear polyacrylamide) 100 ไมโครลิตร และไอโซโพรพานอล (isopropanol) 1 เท่า แล้วบ่มที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที และนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 x g นาน 15 นาทีและล้างตะกอนด้วย 70 เปอร์เซ็นต์ เอทานอล แล้วละลายตะกอนด้วยบัพเฟอร์ (TE buffer 10 mM Tris-HCl pH 8.0, 1 mM EDTA pH 8.0) 500 ไมโครลิตร จากนั้นเติมเอ็นไซม์อาร์เอ็นเอสเอ (RNase A 10 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร) 1.5 ไมโครลิตร บ่มที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส นาน 60 นาที หลังจากครบระยะเวลาสกัดด้วย ฟีนอล : คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (phenol : chloroform : isoamyl alcohol = 25:24:1) 500 ไมโครลิตร และสกัดด้วย คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (24:1) จากนั้นดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะคริลาไมด์ 5 ไมโครลิตร เติมสารละลายโซเดียมอะซิเตต (3 M sodium acetate pH 5.2) 10 เปอร์เซ็นต์ ของปริมาตรทั้งหมด แล้วเติมไอโซโพรพานอล 1 เท่า แล้วบ่มที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที และนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 x g นาน 15 นาที นำตะกอนดีเอ็นเอล้างด้วย 70 เปอร์เซ็นต์ เอทานอล และทำให้ตะกอนดีเอ็นเอแห้ง ละลายตะกอนในบัพเฟอร์ 100 ไมโครลิตร แล้วเก็บสารละลายดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียสแล้ว

3.3.3 การตรวจสอบปริมาณและวัดคุณภาพดีเอ็นเอ

แบ่งสารละลายดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างมาปรับความเข้มข้นในน้ำกลั่นปราศจากเชื้อ 50 เท่า แล้วนำมาตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอที่ได้ ด้วยวิธีวัดค่าการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ที่ช่วงความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร (nm) และตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิส (electrophoresis) ในเจลอะกาโรส (agarose) ที่ความเข้มข้น 0.8 เปอร์เซ็นต์ (Sambrook *et al.*, 1989) จากนั้นเตรียมตัวอย่างลายละลายดีเอ็นเอเพื่อใช้สำหรับขั้นตอนการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรส จากการค้าขาย

$$\text{ค่าความเข้มข้นของสารละลายดีเอ็นเอ (ng/}\mu\text{l)} = \text{OD}_{260} \times 50 \times \text{dilution factor}$$

3.3.4 การตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน

3.3.4.1 การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

เบื้องต้นสำหรับการวิจัยจำเป็นต้องตรวจสอบลักษณะสัญญาณ โครงสร้างข้อดงของตัวอย่าง เพื่อยืนยันความถูกต้องของกล้วยไม้ที่นำมาศึกษา จึงส่งผลต่อกล้วยไม้แต่ละชนิด โดยพบการออกข้อดงที่ระยะเวลาแตกต่างกัน ด้วยเหตุนี้จึงเลือกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเรที่ผ่านการตรวจสอบเบื้องต้นจำนวน 15 พันธุ์ สำหรับการศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ และเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเครื่องหมายทั้ง 2 จึงทำการศึกษากายใต้สภาวะการเกิดปฏิกิริยาเช่นเดียวกัน ซึ่งประกอบด้วย 2 ขั้นตอนหลัก ได้แก่ (1) การคัดเลือกไพรเมอร์ที่ตอบสนองต่อปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันกับตัวอย่างกล้วยไม้ เริ่มจากการนำดีเอ็นเอผสมของกล้วยไม้จำนวน 15 พันธุ์ มาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันซึ่งปฏิกิริยามีปริมาตรสุดท้ายเป็น 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 100 นาโนกรัม (ng) ในบัฟเฟอร์ 1 เท่า (500 mM KCl, 15 mM MgCl₂, 100 mM Tris-HCl pH 8.3, 1 mg/ml BSA, 100 mM (NH₄)₂SO₄) นิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด คือ dATP, dCTP, dGTP และ dTTP ชนิดละ 200 ไมโครโมลาร์ (μM) เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (RBC Bioscience, Taiwan) 1 ยูนิต (unit) และไพรเมอร์ของแต่ละเครื่องหมาย โดยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีใช้ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มจำนวน 72 ไพรเมอร์ มีขนาด 12 นิวคลีโอไทด์ (Wako Company, Japan) (ตารางที่ 3.1-3.3) ความเข้มข้น 250 นาโนโมลาร์ (nM) สำหรับเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ใช้ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไม่โครแซทเทลไลท์จำนวน 35 ไพรเมอร์ ซึ่งมีขนาด 17 นิวคลีโอไทด์ (Genome Reserch Group) (ตารางที่ 3.4) โดยทำปฏิกิริยากายใต้สภาวะที่ดัดแปลงงานจากงานวิจัยของ นฤมลและคณะ (2555) ซึ่งมี 3 ขั้นตอน คือ เริ่มจากดีเอ็นเอต้นแบบแยกเป็นสายเดี่ยว (denaturation) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 3 นาที จำนวน 1 รอบ ถัดมาคือขั้นตอนการเข้าจับของระหว่างไพรเมอร์ที่มีเบสเป็นคู่สมกับซิงดีเอ็นเอเป้าหมาย (annealing) บ่มที่อุณหภูมิ 46 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที จำนวน 40 รอบ และขั้นตอนสุดท้ายคือ *Taq* DNA polymerase ทำหน้าที่สังเคราะห์ดีเอ็นเอต่อจากไพรเมอร์ (extension) บ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที จำนวน 1 รอบ (2) การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยนำไพรเมอร์ที่คัดเลือกจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีจำนวน 17 สาย และจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์จำนวน 12 สาย ที่พบการให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมาตรวจสอบกับดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเรและลูกผสมแต่ละสายชนิด ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันภายใต้สภาวะที่ดัดแปลงเช่นเดียวกับข้อ (1) และนำผลผลิตจากปฏิกิริยาไปตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายอิเล็กโทรโฟรีซิส ในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์ และเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน

ตารางที่ 3.1 ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบคู่ของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด A และ B

ไพรเมอร์ชุด A		ไพรเมอร์ชุด B	
ชื่อไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')
A 21	AGAATTGGACCA	B 21	AAGCCTATACCA
A 22	GCCTGCCTCACG	B 22	GGTGACTGGTGG
A 23	ACTGACCTAGTT	B 23	GGTGCCGGAGCA
A 24	CTCCTGCTGTTG	B 24	CACACTACTTAT
A 25	CTCAGCGATACG	B 25	AGCACTGAATCT
A 26	ACTGAGAAAATA	B 26	ATGAGAAAGGAA
A 27	ATCGCGGAATA	B 27	GGCGGTTATGAA
A 28	ATTTGGATAGGG	B 28	GTCATTAAGCT
A 29	GGTTCGGGAATG	B 29	GCCATCGAAAAA
A 30	GACCTGCGATCT	B 30	CTTAGGTTACGT
A 31	AAGGCGGAACG	B 31	CACAAGGAACAT
A 32	TTGCCGGGACCA	B 32	ATCGCGGCTTAT

ตารางที่ 3.2 ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบคู่ของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด C และ D

ไพรเมอร์ชุด C		ไพรเมอร์ชุด D	
ชื่อไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')
C 21	GGAGAGCGGACG	D 21	GGCGATTCTGCA
C 22	GGTCACCGATCC	D 22	TGCCCACTACGG
C 23	CCGTCTTTTCTG	D 23	ACCATCAAACGG
C 24	CCTTGGCATCGG	D 24	GTGCAATTTGGC
C 25	AGATTCTTACTG	D 25	GTTTTGTCACCG
C 26	GCGTTCGAACGA	D 26	GATGAGCTAAAA
C 27	GCATTGCAATCG	D 27	AGAATGTCCGTA
C 28	GTCGACGCATCA	D 28	ACTGAGGGGGGA
C 29	GTCGCCTTACCA	D 29	ATCAAGTATCCA
C 30	TATTGGGATTGG	D 30	GAGACTACCGAA
C 31	TCTGCTGACCGG	D 31	GGAGGTCGACCA
C 32	TCTACACGAAGT	D 32	AAGCTGGGGGGA

ตารางที่ 3.3 โพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ชุด E และ F

โพรเมอร์ชุด E		โพรเมอร์ชุด F	
ชื่อโพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5'→3')	ชื่อโพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5'→3')
E 21	TGCTTCGTATTA	F 21	AACCTTTAGGGC
E 22	GGAATGGAACCG	F 22	AAGAGGGTTGAC
E 23	AGGTACGCCGCA	F 23	CCATCCGCACGA
E 24	CCGGAGTGGATG	F 24	ACTGTTATAACG
E 25	ATCGTTACAGTA	F 25	CCAGATCCGAAT
E 26	CTGCCTGTACCA	F 26	CTCAGCATTGAT
E 27	CCATTGTCGGTA	F 27	CAGGTGGGAGTA
E 28	CGCCCTGCAGTA	F 28	CCAAGATCCATT
E 29	GTTATGCAAGGG	F 29	GCCGCTAATATG
E 30	TACCTGGTTGAT	F 30	ACTTTCGCCGAA
E 31	GAGGACAGCAA	F 31	ATCGTGACGCCG
E 32	CAGGAACAGCAA	F 32	TTCAACATCGAC

ตารางที่ 3.4 ไพรมเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ของเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

ชื่อไพรมเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')	ชื่อไพรมเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' → 3')
M 01	AGAGAGAGAGAGAGAGG	M 19	TATATATATATATATAG
M 02	ACACACACACACACACG	M 20	TGTGTGTGTGTGTGTGG
M 03	ATATATATATATATATG	M 21	TCTCTCTCTCTCTCTCG
M 04	AGAGAGAGAGAGAGAGC	M 22	TATATATATATATATAC
M 05	ACACACACACACACACC	M 23	TGTGTGTGTGTGTGTGC
M 06	ATATATATATATATATC	M 24	TCTCTCTCTCTCTCTCC
M 07	GAGAGAGAGAGAGAGAG	M 25	ATCATCATCATCATCATC
M 08	GCGCGCGCGCGCGCGCG	M 26	CTCCTCCTCCTCCTCCTC
M 09	GTGTGTGTGTGTGTGTG	M 27	GTCGTCGTCGTCGTCGTC
M 10	GAGAGAGAGAGAGAGAC	M 28	TTCTTCTTCTTCTTCTTC
M 11	GCGCGCGCGCGCGCGCC	M 29	CACCACCACCACCACCAC
M 12	GTGTGTGTGTGTGTGTGTC	M 30	CGCCGCCGCCGCCGCCGC
M 13	CGCGCGCGCGCGCGCGG	M 31	CTACTACTACTACTACTAC
M 14	CACACACACACACACAG	M 32	CTACTACTACTACTACTAG
M 15	CTCTCTCTCTCTCTCTG	M 33	CTTCTTCTTCTTCTTCTTC
M 16	CGCGCGCGCGCGCGCGC	M 34	CTTCTTCTTCTTCTTCTTG
M 17	CACACACACACACACAC	M 35	CTGCTGCTGCTGCTGCTG
M 18	CTCTCTCTCTCTCTCTC		

3.3.4.2 การวิเคราะห์ผล

วิเคราะห์ผลจากลายพิมพ์ดีเอ็นเอซึ่งเกิดจากเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยให้คะแนนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏเท่ากับ 1 และที่ไม่ปรากฏเท่ากับ 0 แล้วนำมาวิเคราะห์ค่าดัชนีความเหมือน (similarity coefficient, S) แล้วจึงนำไปคำนวณค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance, GD) ด้วยวิธีของ Nei และ Li (Nei and Li, 1979) ด้วยโปรแกรม NTSY-PC รุ่น 2.0 แล้วนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี distance-base และเลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) (Rohlf, 2002)

3.3.5 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ

3.3.5.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

นำสารละลายดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเรที่ผ่านการตรวจสอบทั้งหมด 21 ชนิด มาวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ โดยการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ 100 นาโนกรัม ในบัฟเฟอร์ 1 เท่า (500 mM KCl, 15 mM MgCl₂, 100 mM Tris-HCl pH 8.3, 1 mg/ml BSA, 100 mM (NH₄)₂SO₄) และมีนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด คือ dATP, dCTP, dGTP และ dTTP ชนิดละ 200 ไมโครโมลาร์ (μM) เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (RBC Bioscience, Taiwan) 1 ยูนิต และไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อยีน *matK* ยีน *rbcl* ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ความเข้มข้น 5 ไมโครโมลาร์ (ตารางที่ 3.5) ซึ่งทำปฏิกิริยาภายใต้สภาวะ 3 ขั้นตอน คือ (1) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที จำนวน 1 รอบ (2) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ 53 องศาเซลเซียส นาน 40 นาที และอุณหภูมิ 72 องศา นาน 40 นาที จำนวน 35 รอบ และ (3) บ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที จำนวน 1 รอบ และนำผลผลิตจากปฏิกิริยาไปตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องขยายอิเล็กโทรโฟเรซิส ในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์ และเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน

3.3.5.2 การวิเคราะห์ผล

นำผลผลิตจากปฏิกิริยาถูกโซ่พอลิเมอร์เรสสังเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ที่บริษัท Solgent ประเทศเกาหลีใต้ แล้วนำผลการวิเคราะห์ที่ได้รับ ตรวจสอบความถูกต้องเบื้องต้นของชิ้นยีนเป้าหมายโดยเทียบกับฐานข้อมูล NCBI และแก้ไขลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม Bio edit จนถูกต้อง จากนั้นนำข้อมูลดังกล่าวมาวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม ClustalW (<http://www.genome.jp/tools/clustalw/>) และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป MEGA รุ่น 7 และทดสอบโมเดลที่เหมาะสมก่อนการนำไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยคำนวณน้ำหนัก 2 วิธี คือ (1) วิธี character-base วิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood (ML) maximum parsimony (MP) (2) วิธี distance-base

วิธีการจัดกลุ่มแบบ unweighted pair group method using rithmatic average (UPGMA) และ neighbor joining (NJ) ซึ่งวิเคราะห์ซ้ำ 1,000 รอบ

ตารางที่ 3.5 ไพรเมอร์ของบริเวณจำเพาะ

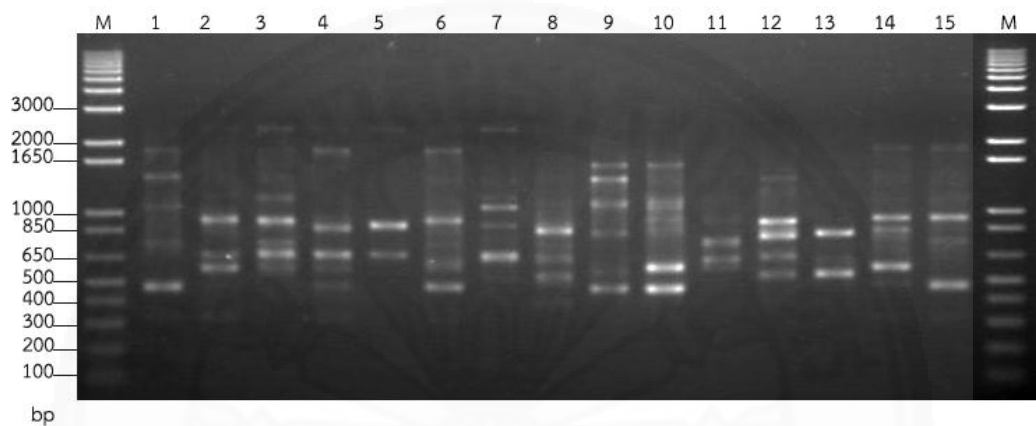
ชื่อบริเวณจำเพาะ	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5' → 3')	อ้างอิง
<i>matK</i>	matK_F_1	TAATTTACGATCAATTCATTC	CBOL, 2009
	matK_R_2	GTTCTAGCACAAAGAAAGTCG	CBOL, 2009
<i>rbcL</i>	rbcL_F	TCACCACAAACAGAACTAAAGC	CBOL, 2009
	rbcL_R	GGCACAAAATAAGAAACGATCTC	CBOL, 2009
<i>rpoC1</i>	Rpoc1_F	GTGGATACACTTCTTGATAATGG	CBOL, 2009
	Rpoc1_R	TGAGAAAACATAAGTAAACGGGC	CBOL, 2009
<i>trnH-psbA</i>	psbA3 F	CGCGCATGGTGGATTCAATCC	Tate and Simpson, 2003
	trnHf_05	GTTATGCATGAACGTAATGCTC	Sang <i>et al.</i> , 1997

บทที่ 4

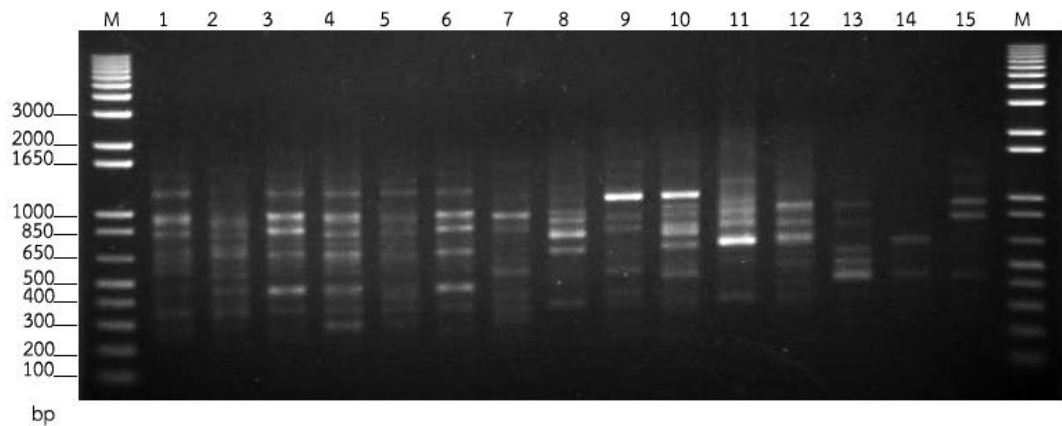
ผลการวิจัยและอภิปรายผล

4.1 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

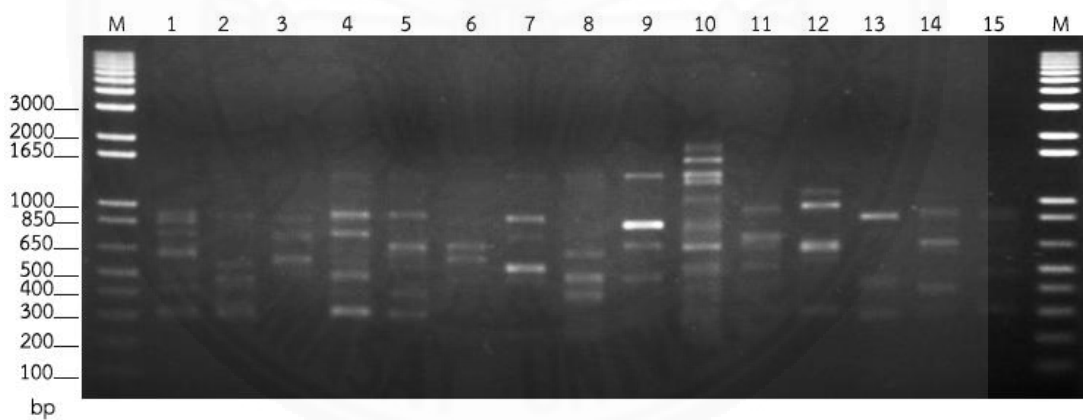
4.1.1 การเพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมต่อไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม



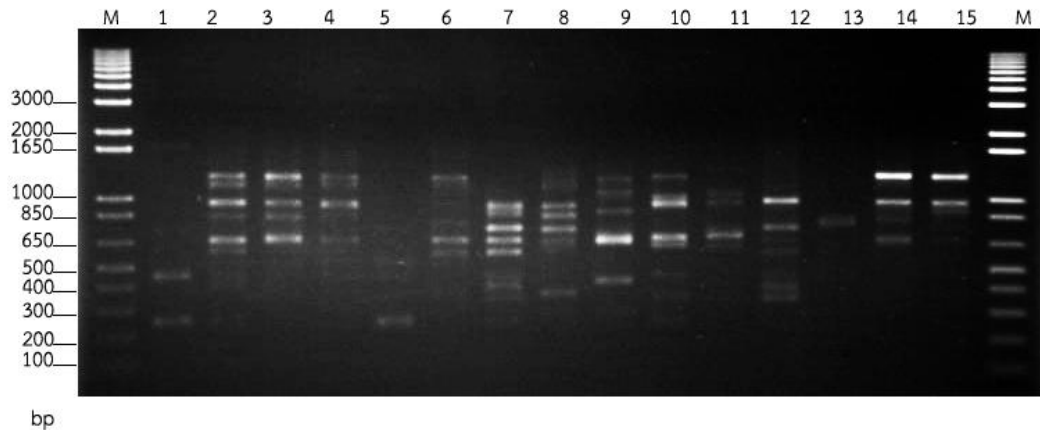
ภาพที่ 4.1 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



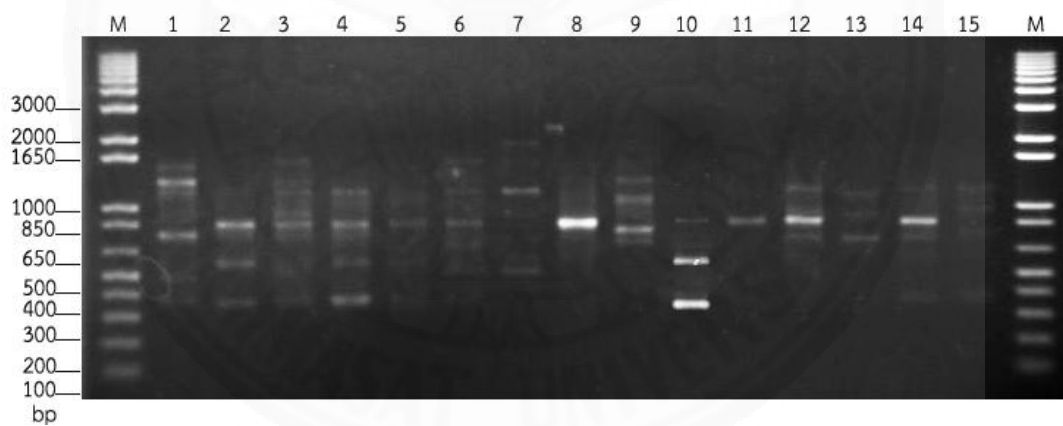
ภาพที่ 4.2 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



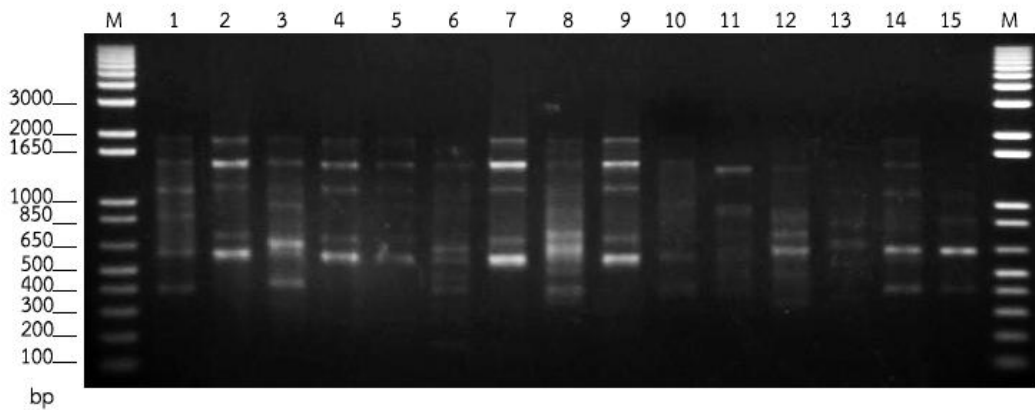
ภาพที่ 4.3 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



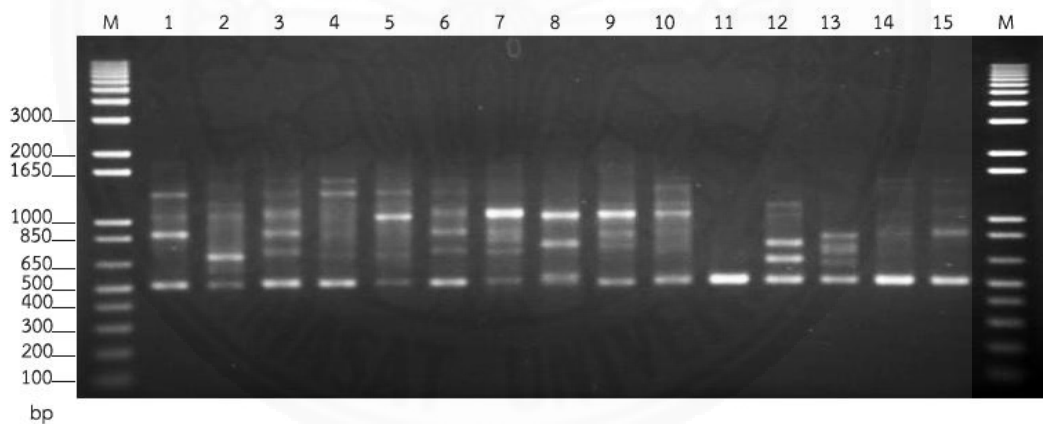
ภาพที่ 4.4 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมจากเครื่องหมาย
แฮตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder
(Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว
(2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม
ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง
(11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง
และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



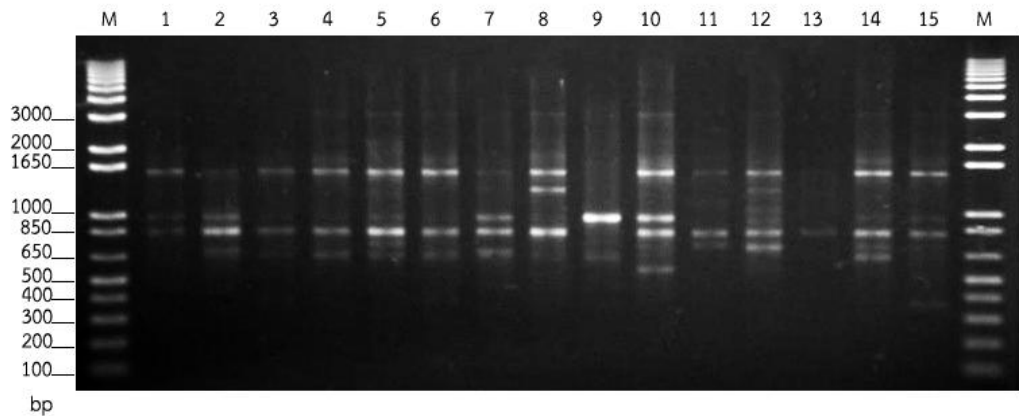
ภาพที่ 4.5 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมจากเครื่องหมาย
แฮตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder
(Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว
(2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม
ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง
(11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง
และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



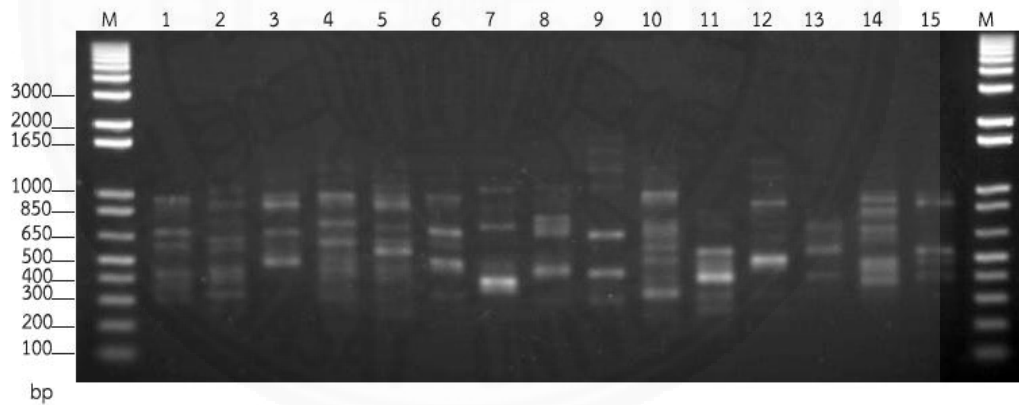
ภาพที่ 4.6 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ A31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



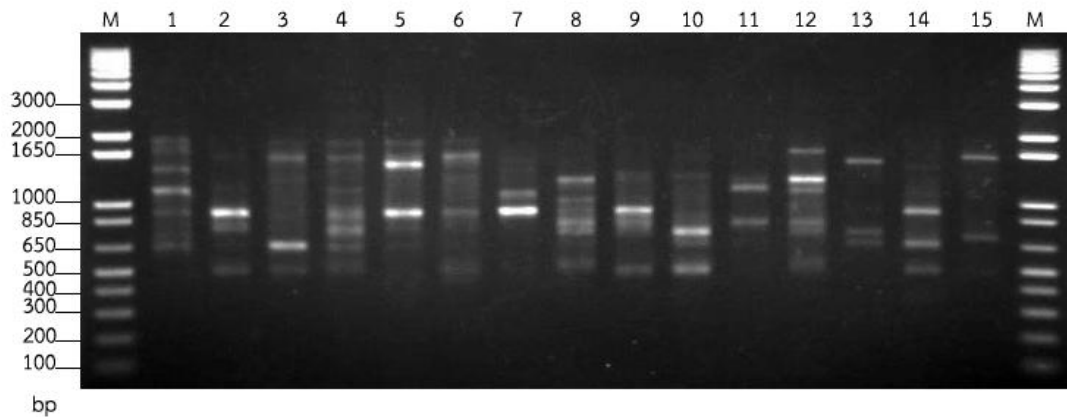
ภาพที่ 4.7 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ B22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



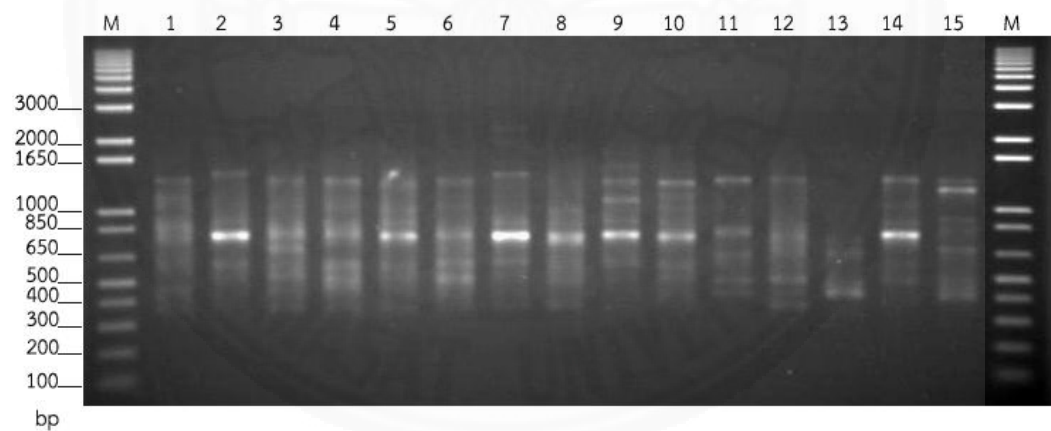
ภาพที่ 4.8 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ B23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



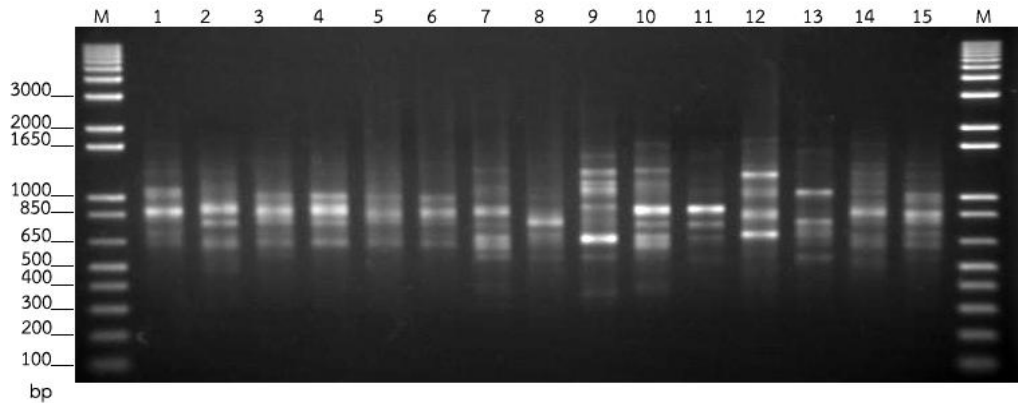
ภาพที่ 4.9 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ B27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



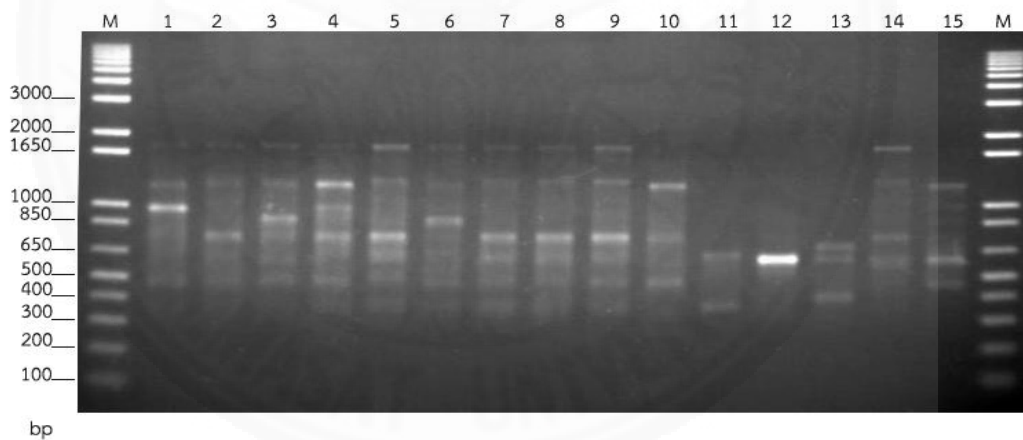
ภาพที่ 4.10 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แอสตาร์ทเอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ B32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



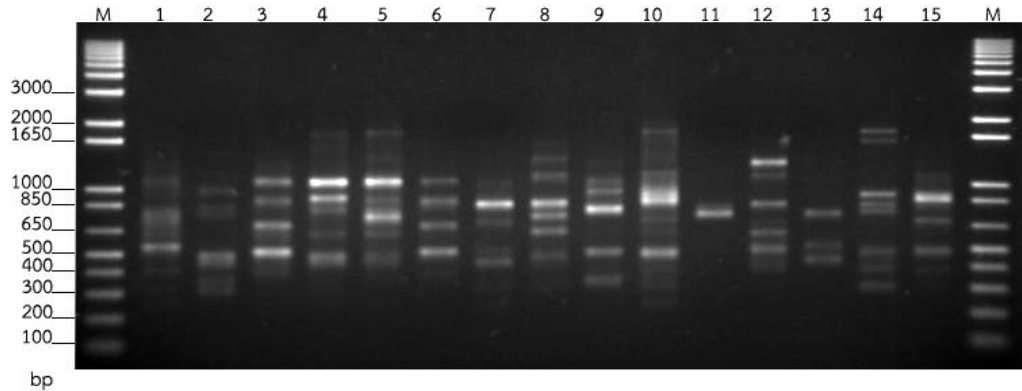
ภาพที่ 4.11 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แอสตาร์ทเอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ C21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



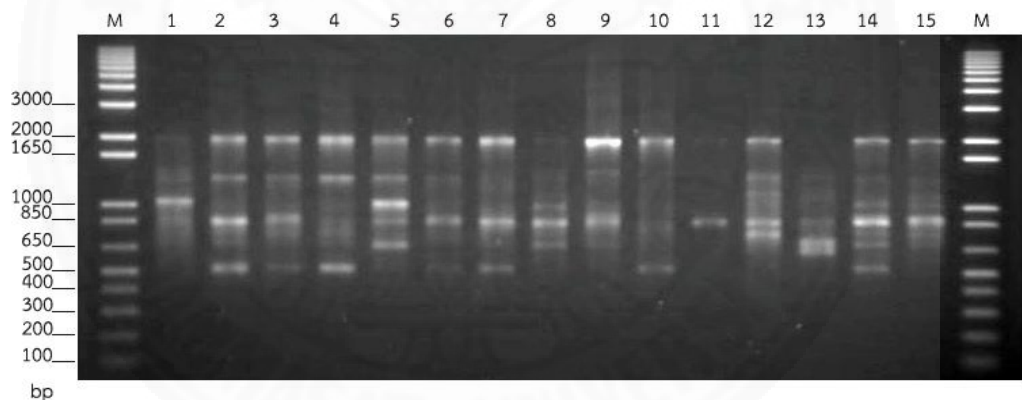
ภาพที่ 4.12 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ C28 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



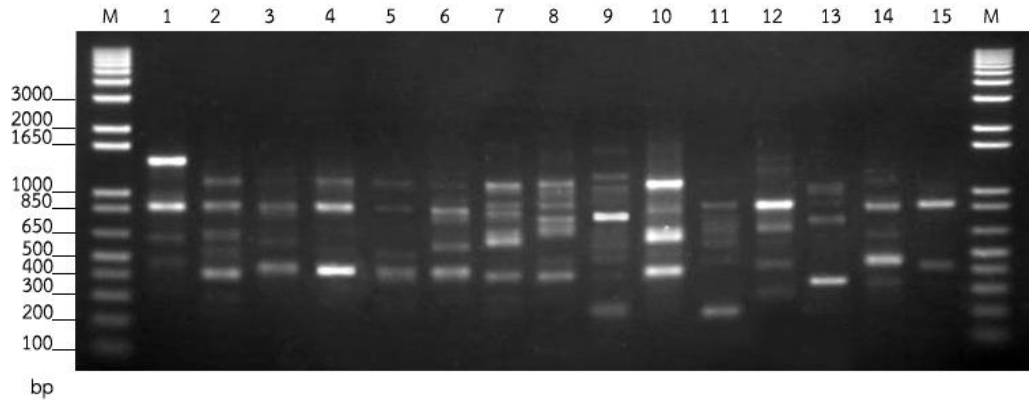
ภาพที่ 4.13 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ C31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



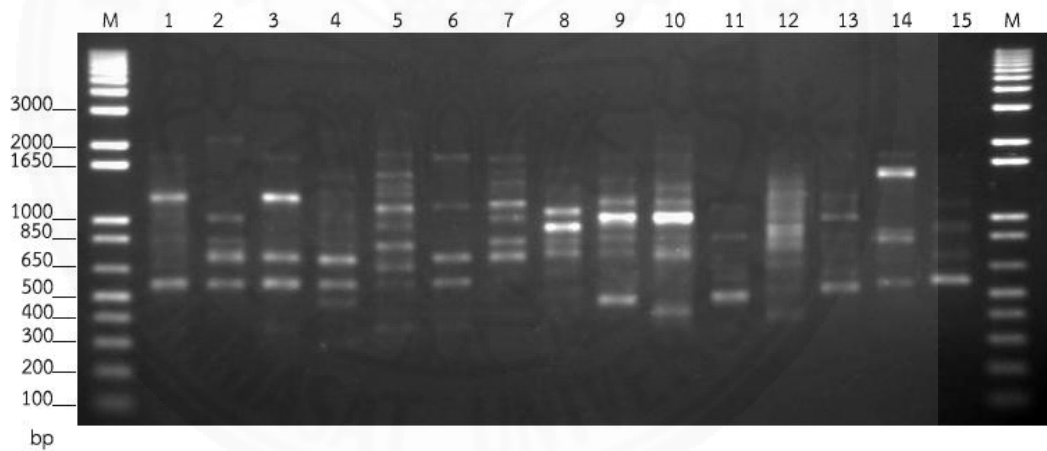
ภาพที่ 4.14 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ D23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



ภาพที่ 4.15 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ E23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



ภาพที่ 4.16 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ชูเชและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ F23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางซี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



ภาพที่ 4.17 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ชูเชและลูกผสมจากเครื่องหมาย แสตอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์ F25 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางซี (13) เอื้องแซะภูกระดัง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]

จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอรวมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจำนวน 15 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มจำนวน 72 ไพรเมอร์ พบว่าไพรเมอร์จำนวน 39 ไพรเมอร์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้ได้ คิดเป็น 54.17 เปอร์เซ็นต์ และไพรเมอร์จำนวน 17 ไพรเมอร์ สามารถเพิ่มลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจน คิดเป็น 23.61 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ A22, A24, A27, A29, A30, A31, B22, B23, B27, B32, C21, C28, C31, D23, E23, F23 และ F25 นำไพรเมอร์ 17 ไพรเมอร์ มาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมทั้ง 15 พันธุ์ ปรากฏแถบดีเอ็นเอรวมทั้งหมด 1,119 แถบ ซึ่งมีขนาดประมาณ 200 ถึง 3,000 คู่เบส โดยตำแหน่งแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏความหลากหลาย (polymorphisms) มีจำนวน 229 แถบ ดังภาพที่ 4.1-4.17

มีไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม 8 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 15 กลุ่ม ได้แก่ A22, A27, A29, B22, B27, B32, C21 และ F25

มีไพรเมอร์ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม 6 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 14 กลุ่ม ได้แก่ A24, A30, A31, B23, D23 และ F23

มีไพรเมอร์ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม 1 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 13 กลุ่ม ได้แก่ C28

มีไพรเมอร์ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม 1 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 12 กลุ่ม คือ C31 และ E23

โดยไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอ ที่จำเพาะต่อกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมได้ดังนี้

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A22 ปรากฏแถบความหลากหลาย 14 แถบ (ภาพที่ 4.1)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A24 ปรากฏแถบความหลากหลาย 16 แถบ (ภาพที่ 4.2)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A27 ปรากฏแถบความหลากหลาย 14 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,600, 1,300 และ 1,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งเงินหลวง \times เอ็งทอง ขนาดประมาณ 800 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งทอง (ภาพที่ 4.3)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A29 ปรากฏแถบความหลากหลาย 10 แถบ (ภาพที่ 4.4)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A30 ปรากฏแถบความหลากหลาย 9 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งชะหอม ขนาดประมาณ 1,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งทอง (ภาพที่ 4.5)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม A31 ปรากฏแถบความหลากหลาย 9 แถบ (ภาพที่ 4.6)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม B22 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 10 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 850 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งแชะภูกระดิ่ง และขนาดประมาณ 500 คู่เบส ที่แสดงความจำเพาะจำเพาะร่วมกันของกล้วยไม้ทั้ง 15 พันธุ์ (ภาพที่ 4.7)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม B23 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 12 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 550 คู่เบส ที่แสดงความจำเพาะจำเพาะต่อเอ็งเงินหลวง x เอ็งทอง ขนาดประมาณ 350 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟรอสต์ตอนปากเหลือง (ภาพที่ 4.8)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม B27 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 16 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,650 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งทอง ขนาดประมาณ 850 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟรอสต์ตอนปากแดง ขนาดประมาณ 800 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งเงิน (ภาพที่ 4.9)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม B32 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 15 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,000 และ 1,400 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งปากนกแก้ว ขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อกรีนแลนเทิร์น ขนาดประมาณ 1,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งเงิน (ภาพที่ 4.10)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม C21 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 13 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งแชะหอม ขนาดประมาณ 1,600 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งทอง (ภาพที่ 4.11)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม C28 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 14 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,550 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งทอง (ภาพที่ 4.12)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม C31 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 11 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 650 และ 400 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งแชะภูกระดิ่ง (ภาพที่ 4.13)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม D23 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 19 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,650 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟรอสต์ตอนปากแดง ขนาดประมาณ 1,200 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งนางซี ขนาดประมาณ 700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟรอสต์ตอนปากเหลือง (ภาพที่ 4.14)

ไพรมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม E23 ปรากฏแถบความหลากหลายรูป 9 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,200 และ 700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งนางซี ขนาดประมาณ 550 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็งแชะภูกระดิ่ง (ภาพที่ 4.15)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่ม F23 ปรากฏแถบความหลากหลาย 18 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 650 และ 250 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็นองนางซี ขนาดประมาณ 500 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อลูกผสมดอนมารี (ภาพที่ 4.16)

ไพรเมอร์ F25 ปรากฏแถบความหลากหลาย 19 แถบ อีกทั้งยังสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,100 และ 250 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอ็นองเงิน ขนาดประมาณ 750 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อกรีนแลนเทิร์น ขนาดประมาณ 600 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟรอสต์ด่อนปากเหลือง (ภาพที่ 4.17)

และการปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเร ลูกผสมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี พบรูปแบบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ และจะปรากฏในรุ่นลูกได้จำนวน 7 รูปแบบ (ตารางที่ 4.1) ซึ่งดอนมารีมีแถบดีเอ็นเอรูปแบบ IV และ V มากที่สุด คิดเป็น 21.77 เปอร์เซ็นต์ คือ แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏเหมือนแม่พันธุ์ หรือ พ่อพันธุ์ (+, - / -, +) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์และกรีนแลนเทิร์น มีรูปแบบ I มากที่สุด คิดเป็น 34.96, 24.60 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ คือ แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏเหมือนทั้งแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ (+, +) ลูกผสมดอนมารีพบแถบดีเอ็นเอรูปแบบ VI มากที่สุด คิดเป็น 23.58 เปอร์เซ็นต์ คือ แถบดีเอ็นเอไม่ปรากฏ เช่นเดียวกับแม่พันธุ์ (-, +) และเอ็นองเงินหลวง x เอ็งงแซะหอมพบแถบดีเอ็นเอรูปแบบ V มากที่สุด คิดเป็น 18 เปอร์เซ็นต์ คือ ไม่พบแถบดีเอ็นเอเช่นเดียวกับพ่อพันธุ์ (+, -)

4.1.2 การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเร และลูกผสมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

เมื่อวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 และเลือกจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA สามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ซึ่งมีค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.20 ถึง 0.77 (ภาพที่ 4.18) และเมื่อพิจารณาที่ค่าดัชนีความเหมือนที่ตำแหน่ง 0.46 พบว่าสามารถแยกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเรและลูกผสมเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่ม 1 ได้แก่ เอ็งงปากนกแก้ว เอ็งงเงินหลวง รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ดอนมารี ลูกผสมดอนมารี กรีนแลนเทิร์น ฟรอสต์ด่อนปากแดง และ ฟรอสต์ด่อนปากเหลือง กลุ่ม 2 ได้แก่ เอ็งงแซะหอม เอ็งงทอง เอ็งงเงินหลวง x เอ็งงทอง และ เอ็งงเงิน กลุ่ม 3 ได้แก่ เอ็งงตาเหิน กลุ่ม 4 ได้แก่ เอ็งงนางซี และกลุ่ม 5 ได้แก่ เอ็งงแซะภูกระดึง ถึงแม้ว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถใช้แยกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเรและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์ ออกจากกันและจัดกลุ่มได้ 5 กลุ่ม แต่พบว่าที่ค่าดัชนีความเหมือน 0.77 ยังไม่สามารถแยกดอนมารีและลูกผสมดอนมารีได้ (ภาพที่ 4.19)

4.1.3 การคำนวณค่า PIC (polymorphic information content)

วิเคราะห์ผลด้วยโปรแกรม power marker รุ่น 3.25 จากการวิเคราะห์แถบความถี่ของดีเอ็นเอจำนวนทั้งสิ้น 229 แถบ สามารถให้ค่า PIC อยู่ในช่วง 0.12-0.37 ซึ่งคิดเป็นค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.28 จากค่าดังกล่าวแสดงถึงค่าประสิทธิภาพในระดับปานกลาง (Bolaric *et al.*, 2005) ของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่สามารถจำแนกตัวอย่างอย่างง่ายภายในกลุ่มเดียวกันได้



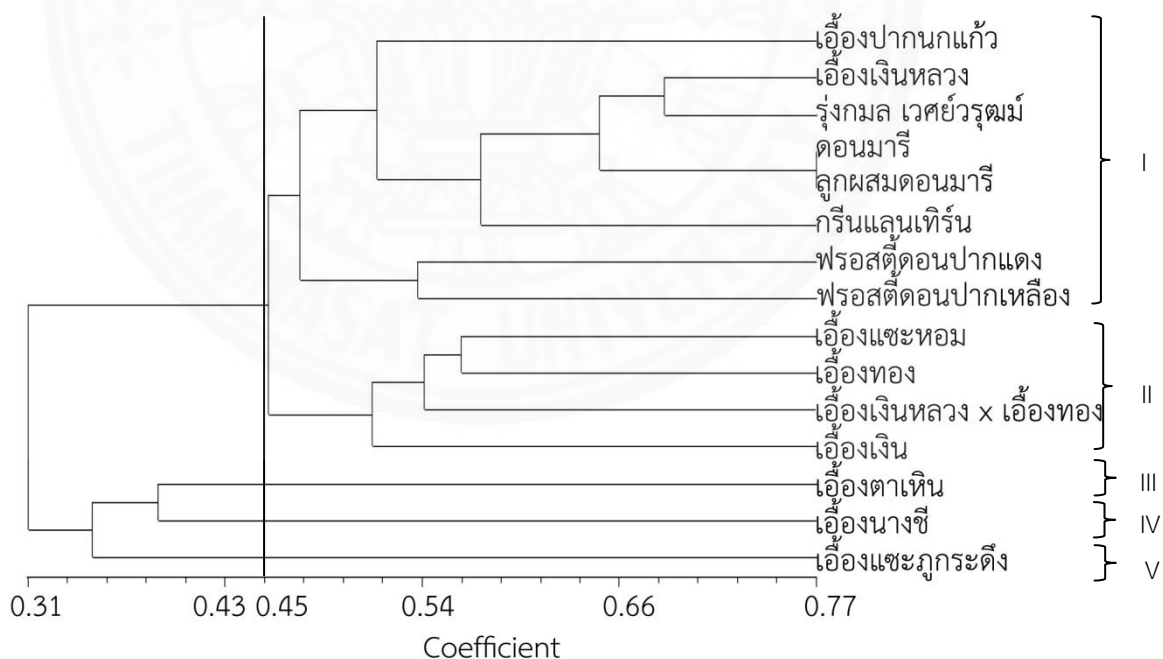
ตารางที่ 4. 1 การปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance จำนวน 7 รูปแบบ ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ชูเรลูกผสมด้วยเครื่องหมายแอสตอร์เอพีดี

รูปแบบดีเอ็นเอ	การปรากฏและไม่ปรากฏของแถบดีเอ็นเอ			ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแอสตอร์เอพีดีของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ชูเรลูกผสม									
				ดอนมารี		รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์		กรีนแลนเทิร์น		ลูกผสมดอนมารี		เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์	ลูกผสม	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%
I	+	+	+	24	19.35	43	34.96	31	24.60	28	22.76	26	17.33
II	+	+	-	3	2.42	9	7.32	20	15.87	7	5.69	10	6.67
III	+	-	+	22	17.74	13	10.57	8	6.35	31	25.20	19	12.67
IV	+	-	-	26	21.14	15	12.20	20	15.87	14	11.38	23	15.33
V	-	+	+	27	21.77	12	9.76	8	6.35	6	4.88	27	18
VI	-	+	-	20	16.13	14	11.38	20	16.13	29	23.58	20	13.33
VII	-	-	+	1	0.81	17	13.82	17	13.71	8	6.50	25	16.67
รวม				123		123		124		123		150	

กำหนดให้ + คือ ปรากฏแถบดีเอ็นเอ และ - คือ ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, * ฟรอสตี้ตอนปากเหลืองและฟรอสตี้ตอนปากแดงไม่มีข้อมูลต้นพ่อพันธุ์

เอื้อปากนกแก้ว	1.00																			
เอื้อเงินหลวง	0.39	1.00																		
ดอนมารี	0.64	0.66	1.00																	
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	0.47	0.68	0.67	1.00																
กรีนแลนเทิร์น	0.52	0.50	0.55	0.66	1.00															
ลูกผสมดอนมารี	0.55	0.58	0.77	0.66	0.60	1.00														
เอื้อแซะหอม	0.35	0.57	0.47	0.50	0.47	0.48	1.00													
เอื้อเงิน	0.35	0.51	0.46	0.53	0.55	0.47	0.50	1.00												
เอื้อทอง	0.40	0.45	0.40	0.40	0.41	0.46	0.57	0.50	1.00											
เอื้อแซะหอม x เอื้อทอง	0.38	0.52	0.47	0.57	0.49	0.51	0.52	0.54	0.57	1.00										
เอื้อตาเหิน	0.28	0.33	0.31	0.34	0.29	0.27	0.33	0.34	0.30	0.36	1.00									
เอื้อนางชี	0.34	0.33	0.29	0.28	0.36	0.30	0.33	0.41	0.35	0.41	0.39	1.00								
เอื้อแซะภูกระดิ่ง	0.28	0.30	0.25	0.24	0.26	0.20	0.29	0.31	0.21	0.24	0.34	0.36	1.00							
พรอสต์ดอนปากแดง	0.45	0.54	0.50	0.51	0.51	0.49	0.44	0.47	0.43	0.47	0.30	0.44	0.34	1.00						
พรอสต์ดอนปากเหลือง	0.45	0.41	0.46	0.43	0.40	0.50	0.39	0.36	0.38	0.40	0.36	0.40	0.34	0.54	1.00					

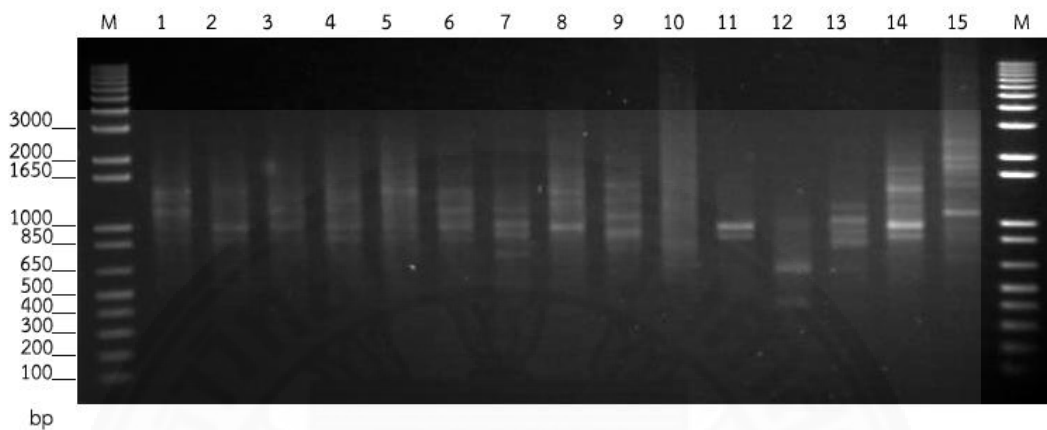
ภาพที่ 4.18 ค่าดัชนีความเหมือนกันของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเรและลูกผสมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี



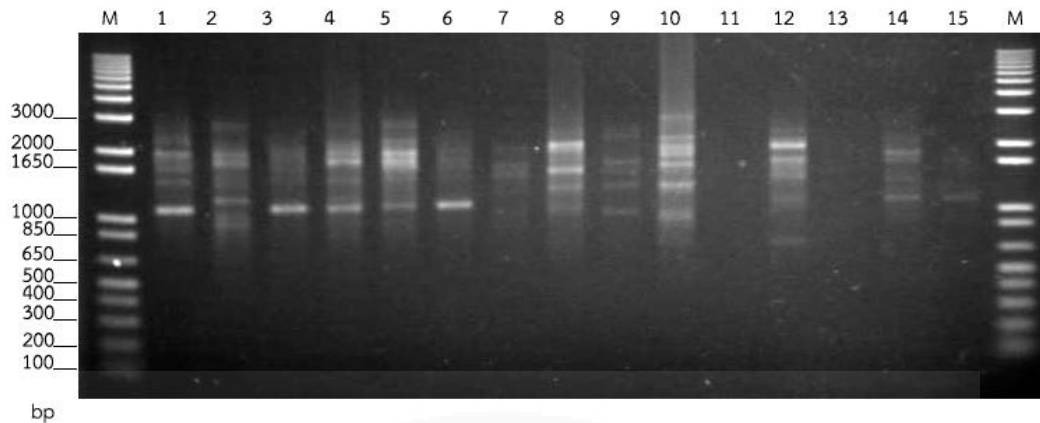
ภาพที่ 4.19 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเรและลูกผสมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

4.2 เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

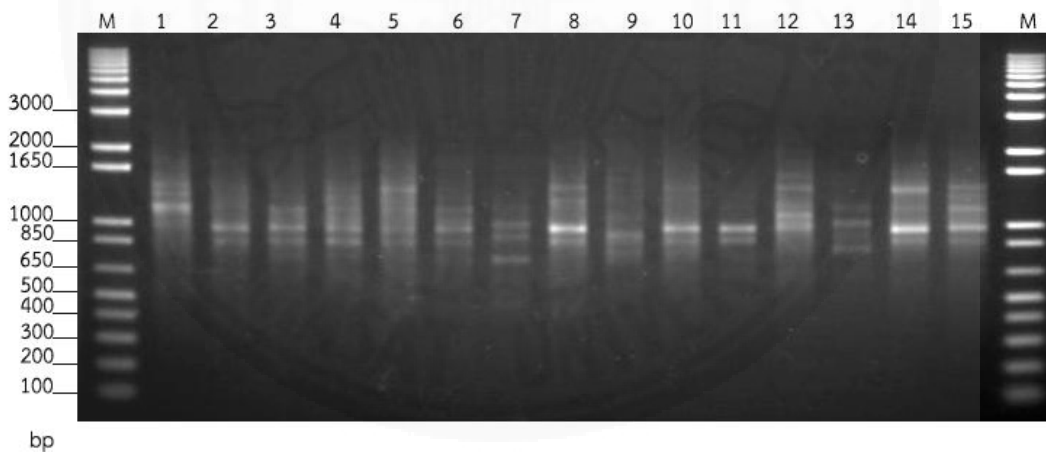
4.2.1 การเพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมต่อไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์



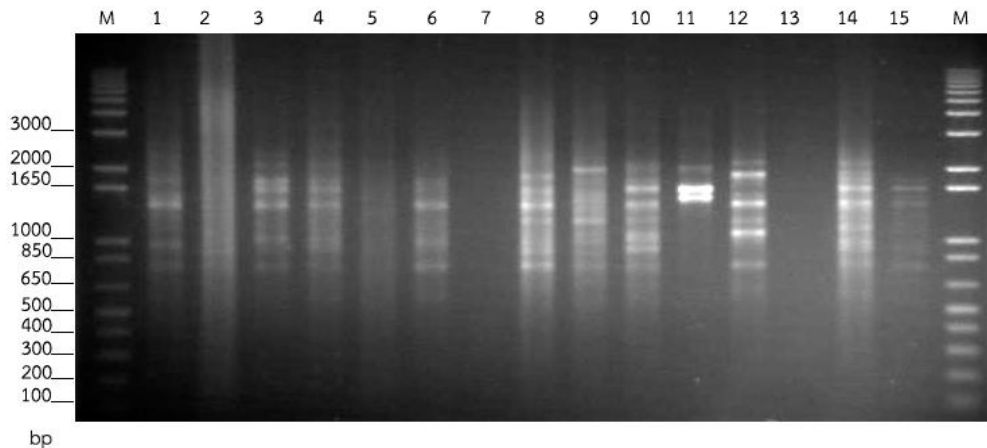
ภาพที่ 4.20 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M1 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ด่อนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ด่อนปากเหลือง ตามลำดับ]



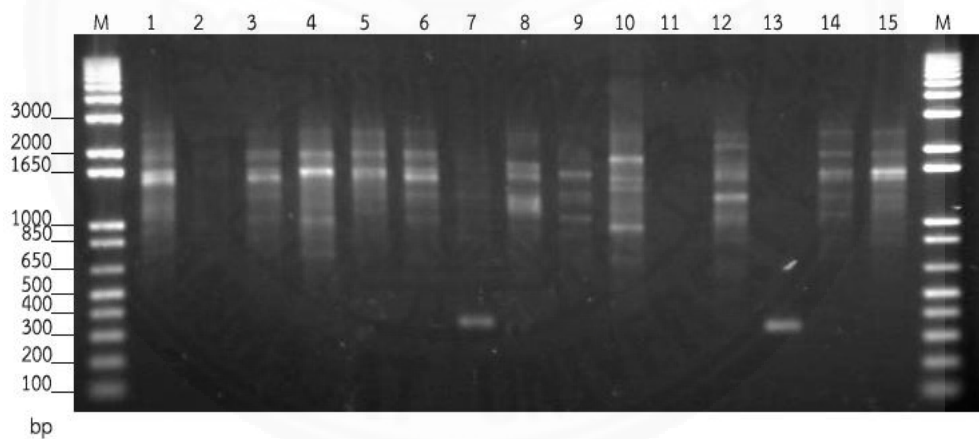
ภาพที่ 4.21 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M2 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสต์ตอนปากแดง และ (15) ฟรอสต์ตอนปากเหลือง ตามลำดับ]



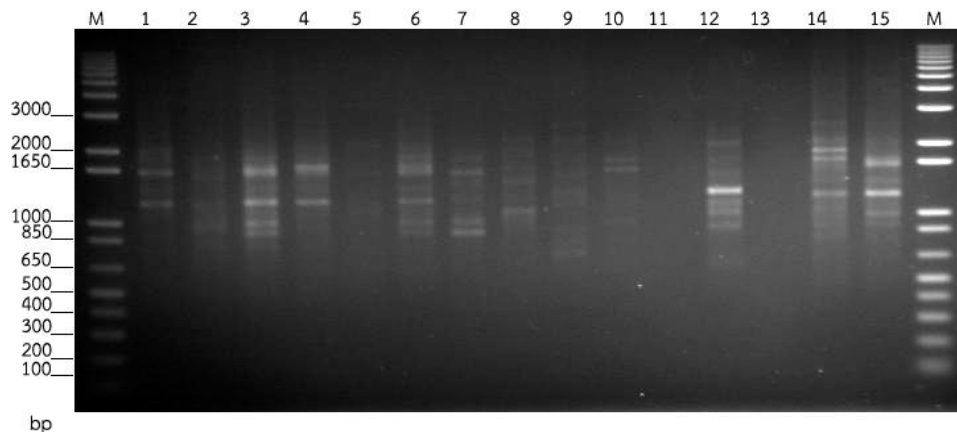
ภาพที่ 4.22 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M4 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสต์ตอนปากแดง และ (15) ฟรอสต์ตอนปากเหลือง ตามลำดับ]



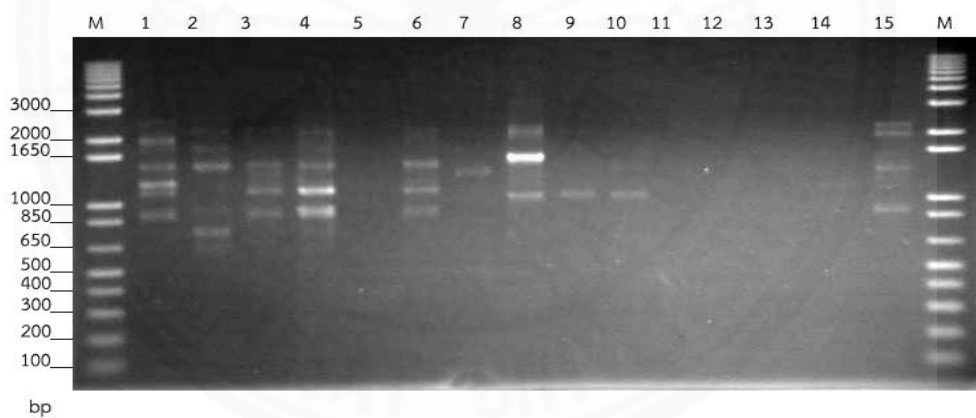
ภาพที่ 4.23 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M5 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ตอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ตอนปากเหลือง ตามลำดับ]



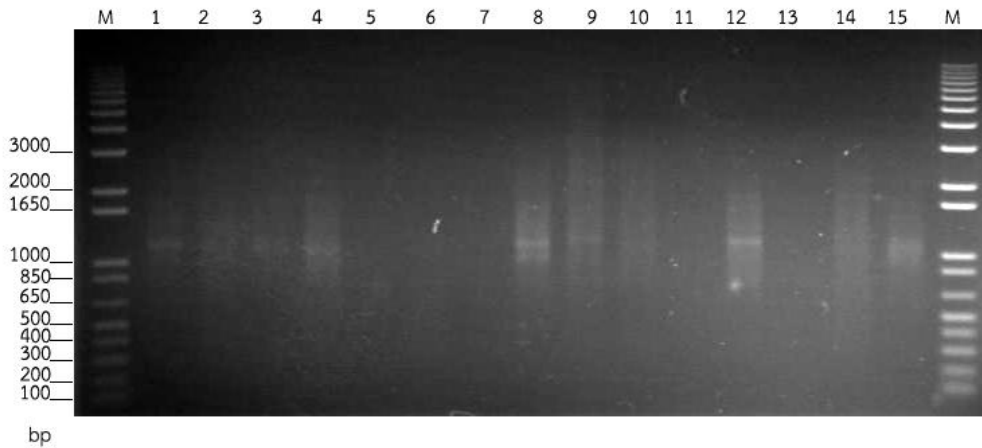
ภาพที่ 4.24 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M10 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ตอนปากแดง และ (15) ฟรอสตี้ตอนปากเหลือง ตามลำดับ]



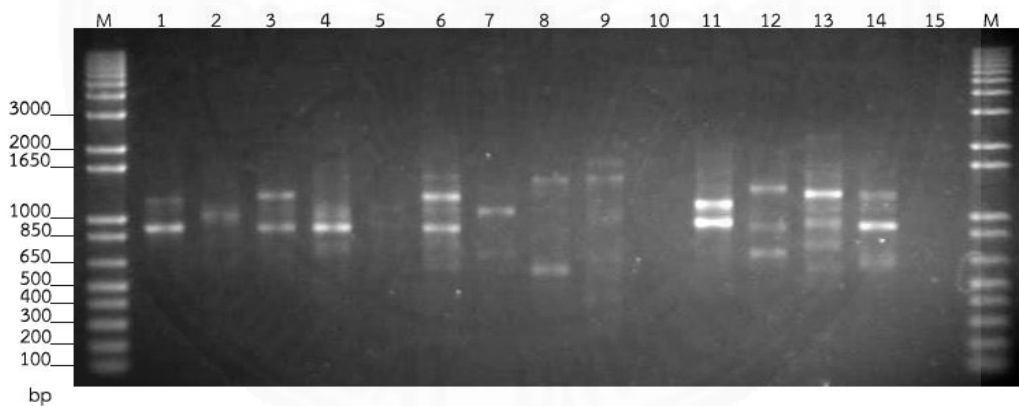
ภาพที่ 4.25 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M14 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



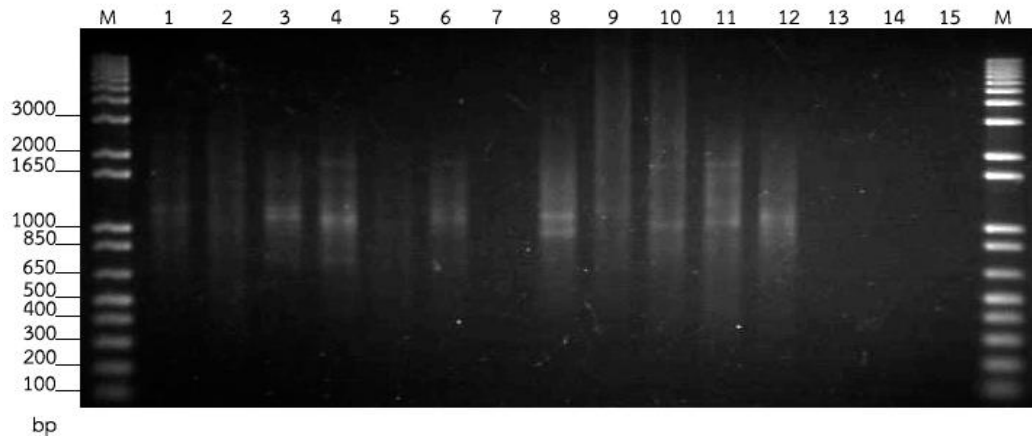
ภาพที่ 4.26 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M15 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ดอนปากแดง และ (15) พรอสตี้ดอนปากเหลือง ตามลำดับ]



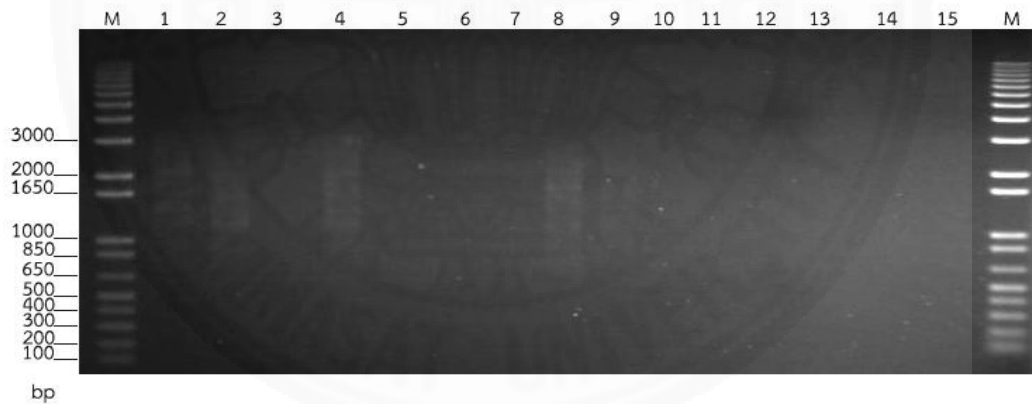
ภาพที่ 4.27 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M16 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอнопากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอнопากเหลือง ตามลำดับ]



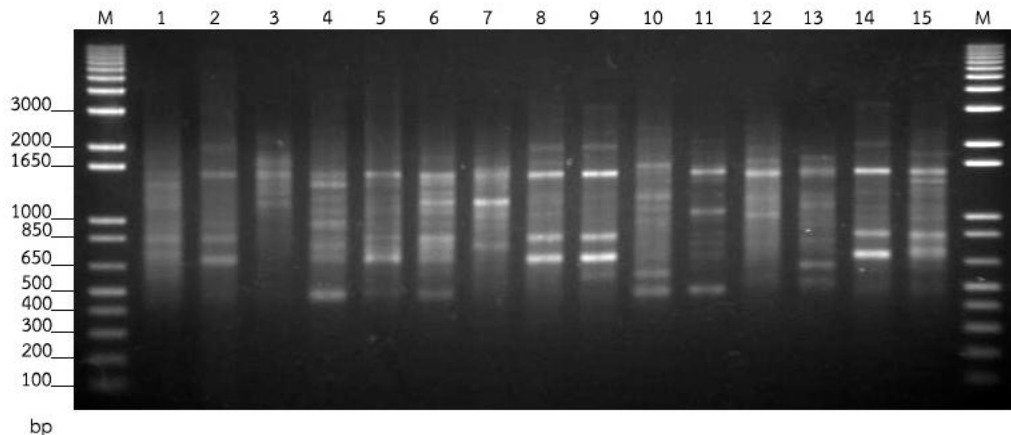
ภาพที่ 4.28 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) ฟรอสตี้ดอнопากแดง และ (15) ฟรอสตี้ดอнопากเหลืองตามลำดับ]



ภาพที่ 4.29 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสต์ต้อนปากแดง และ (15) พรอสต์ต้อนปากเหลือง ตามลำดับ]



ภาพที่ 4.30 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M26 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสต์ต้อนปากแดง และ (15) พรอสต์ต้อนปากเหลือง ตามลำดับ]



ภาพที่ 4.31 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-15 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องเงิน (9) เอื้องทอง (10) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (11) เอื้องตาเหิน (12) เอื้องนางชี (13) เอื้องแซะภูกระดึง (14) พรอสตี้ออนปากแดง และ (15) พรอสตี้ออนปากเหลือง ตามลำดับ]

จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอรวมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมจำนวน 15 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ ซึ่งใช้ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบซ้ำหรือไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 35 ไพรเมอร์ พบว่าไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 12 ไพรเมอร์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้และสามารถเพิ่มลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจน คิดเป็น 34.29 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ M 1, M 2, M 4, M 5, M 10, M 14, M 15, M 16, M 21, M 24, M 26 และ M 27 จากนั้นนำไพรเมอร์ 12 ไพรเมอร์ มาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมทั้ง 15 พันธุ์ ปรากฏแถบดีเอ็นเอรวมทั้งหมด 458 แถบ ซึ่งมีขนาดประมาณ 350 ถึง 3,000 คู่เบส โดยตำแหน่งแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏความหลากหลายมีจำนวน 142 แถบ ดังภาพที่ 4.20-4.31

มีไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 1 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมออกเป็น 15 กลุ่ม ได้แก่ M1

มีไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 1 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมออกเป็น 13 กลุ่ม ได้แก่ M27

มีไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 3 ไพรเมอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเซและลูกผสมออกเป็น 12 กลุ่ม ได้แก่ M5, M14 และ M21

มีไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 2 ไฟเบอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 11 กลุ่ม คือ M2 และ M4

มีไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 2 ไฟเบอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 10 กลุ่ม ได้แก่ M10 และ M24

มีไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 1 ไฟเบอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 9 กลุ่ม ได้แก่ M15

มีไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 1 ไฟเบอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ M16

มีไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ 1 ไฟเบอร์ ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมออกเป็น 5 กลุ่ม คือ M26

โดยแต่ละไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อกล้วยไม้สกุลหมุ่นไกรเซอร์ซูเซและลูกผสมได้ดังนี้

ไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M1 ปรากฏความหลากหลาย 13 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องชะห่อมขนาดประมาณ 400 คู่เบส สร้างความจำเพาะต่อเอื้องนางชี (ภาพที่ 4.20)

ไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M2 ปรากฏความหลากหลาย 13 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 3,000 และ 2,050 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง ขนาดประมาณ 2,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องนางชีขนาดประมาณ 1,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อลูกผสมดอนมารี (ภาพที่ 4.21)

ไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M4 ปรากฏความหลากหลาย 14 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,000, 1,650 และ 1,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องนางชี ขนาดประมาณ 1,700 และ 1,400 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องปากนกแก้วขนาดประมาณ 1,200 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงิน ขนาดประมาณ 750 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องชะงูกระดิ่ง และขนาดประมาณ 700 และ 450 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องชะห่อม (ภาพที่ 4.22)

ไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M5 ปรากฏความหลากหลาย 13 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง ขนาดประมาณ 550 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องนางชี (ภาพที่ 4.23)

ไฟเบอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M10 ปรากฏความหลากหลาย 13 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องปากนกแก้วขนาดประมาณ 2,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องนางชี ขนาดประมาณ 1,100 และ 700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อ รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ขนาดประมาณ 1,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะ

ต่อเอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง ขนาดประมาณ 380 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องแซะหอม ขนาดประมาณ 350 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องแซะภูกระดึง (ภาพที่ 4.24)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M14 ปรากฏความหลากหลาย 13 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,500 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องทอง ขนาดประมาณ 2,000 และ 700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องปากนกแก้ว ขนาดประมาณ 1,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อดอนมารี (ภาพที่ 4.25)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M15 ปรากฏความหลากหลาย 9 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,900 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องปากนกแก้ว และขนาดประมาณ 1,300 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องแซะหอม (ภาพที่ 4.26)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M16 ปรากฏความหลากหลาย 9 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,500 และ 1,700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (ภาพที่ 4.27)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M21 ปรากฏความหลากหลาย 14 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องแซะภูกระดึง ขนาดประมาณ 2,000 และ 1,100 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องตาเหิน ขนาดประมาณ 1,650 และ 400 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องทอง (ภาพที่ 4.28)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M24 ปรากฏความหลากหลาย 7 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 900 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงิน (ภาพที่ 4.29)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M26 ปรากฏความหลากหลาย 9 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,000 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงิน (ภาพที่ 4.30)

ไพรเมอร์ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบไมโครแซทเทลไลท์ M27 ปรากฏความหลากหลาย 15 แถบ อีกทั้งสามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 2,200 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อดอนมารี ขนาดประมาณ 1,700 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องนางชี ขนาดประมาณ 1,550 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อฟอสต์ตอนปากเหลือง ขนาดประมาณ 600 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง ขนาดประมาณ 550 คู่เบส แสดงความจำเพาะต่อเอื้องแซะภูกระดึง (ภาพที่ 4.31)

และจากการวิเคราะห์การปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance ของกล้วยไม้สกุลหวาย หมูไนโกรเซอร์ซูเรลุกผสมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยรูปแบบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่และจะปรากฏในรุ่นลูกได้จำนวน 7 รูปแบบ (ตารางที่ 4.2) ซึ่งดอนมารีและเอื้องเงินหลวง x เอื้องแซะหอม มีแถบดีเอ็นเอรูปแบบ VII มากที่สุด คิดเป็น 18.75, 30.14 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ คือ ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอเหมือนแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ (-,-)

รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ มีรูปแบบ III และ VII มากที่สุด คิดเป็น 22.16 เปอร์เซ็นต์ คือ แอบัติเอ็นเอที่ปรากฏเหมือนแม่พันธุ์ (+,-) และไม่ปรากฏแอบัติเอ็นเอเหมือนแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ (-,-) ตามลำดับ กรีนแลนเทิร์นพบแอบัติเอ็นเอรูปแบบ VI มากที่สุด คิดเป็น 29.03 เปอร์เซ็นต์ คือ แอบัติเอ็นเอไม่ปรากฏเช่นเดียวกับแม่พันธุ์ (-,+) ลูกผสมดอนมารีพบแอบัติเอ็นเอรูปแบบ III มากที่สุด คิดเป็น 28.85 เปอร์เซ็นต์ คือ แอบัติเอ็นเอปรากฏเช่นเดียวกับแม่พันธุ์ (+,-)



ตารางที่ 4.2 การปรากฏแถบดีเอ็นเอแบบ coinheritance จำนวน 7 รูปแบบ ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอรัชชูเรลูกผสมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

รูปแบบดีเอ็นเอ	การปรากฏและไม่ปรากฏของแถบดีเอ็นเอ			ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอรัชชูเรลูกผสม*									
				ดอนมารี		รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์		กรีนแลนเทิร์น		ลูกผสมดอนมารี		เอ็งเงินหลวง x เอ็งทอง	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์	ลูกผสม	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%	จำนวน	%
I	+	+	+	3	4.69	11	16.18	5	8.06	5	9.62	4	5.48
II	+	+	-	9	14.06	1	1.47	8	12.90	0	0.00	5	6.85
III	+	-	+	10	15.63	15	22.16	5	8.06	15	28.85	5	6.85
IV	+	-	-	11	17.19	7	10.29	16	25.81	13	25.00	17	23.29
V	-	+	+	9	14.06	8	11.76	2	3.23	2	3.85	7	9.59
VI	-	+	-	10	15.63	11	16.18	18	29.03	7	13.46	13	17.81
VII	-	-	+	12	18.75	15	22.16	8	12.90	10	19.23	22	30.14
รวม				64		68		62		52		73	

กำหนดให้ + คือ ปรากฏแถบดีเอ็นเอ และ - คือ ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, * ฟรอสตี้ตอนปากเหลืองและฟรอสตี้ตอนปากแดงไม่มีข้อมูลต้นพ่อพันธุ์

4.2.2 การศึกษาความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

เมื่อวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA สามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอ พบว่าค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.00 ถึง 0.69 (ภาพที่ 4.32) เมื่อพิจารณาที่ค่าดัชนีความเหมือนที่ตำแหน่ง 0.38 พบว่าสามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่ม 1 ได้แก่ เอื้องปากนกแก้ว เอื้องเงินหลวง ดอนมารี ลูกผสมดอนมารี รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ กรีนแลนเทิร์น ฟรอสตี้ดอนปากแดง และ ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง เอื้องเงิน และเอื้องทอง กลุ่ม 2 ได้แก่ เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง และ เอื้องนางชี กลุ่ม 3 ได้แก่ เอื้องตาเหิน กลุ่ม 4 ได้แก่ เอื้องแฉะภูกระดึง และกลุ่มที่ 5 ได้แก่ เอื้องแฉะหอม ถึงแม้ว่าเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์สามารถใช้แยกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์ ออกจากกันและจัดกลุ่มได้ 5 กลุ่ม แต่พบว่าที่ค่าดัชนีความเหมือน 0.69 ยังไม่สามารถแยกดอนมารีและลูกผสมดอนมารีได้ (ภาพที่ 4.33)

4.2.3 การคำนวณค่า PIC (polymorphic information content)

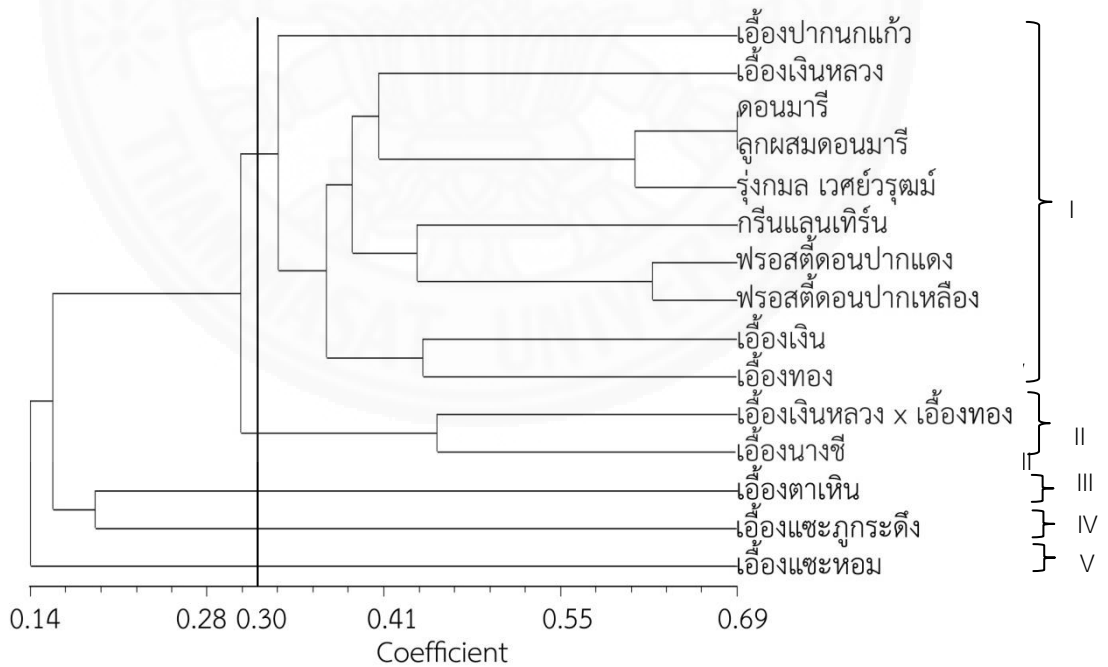
วิเคราะห์ผลด้วยโปรแกรม power marker รุ่น 3.25 จากการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอ จำนวนทั้งสิ้น 142 แถบ พบว่าค่า PIC อยู่ในช่วง 0.12-0.37 ซึ่งคิดเป็นค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.23 จากค่าดังกล่าวแสดงถึงค่าประสิทธิภาพในระดับปานกลาง (Bolaric *et al.*, 2005) ของเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ที่สามารถจำแนกตัวอย่างอย่างภายในกลุ่มเดียวกันได้

4.3 การใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอฟพีดีร่วมกับไอเอสเอสอาร์

เนื่องจากดอนมารีและลูกผสมดอนมารีมีความคล้ายคลึงกันอย่างมาก จึงไม่สามารถใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอเพียงชนิดเดียวจัดจำแนกได้ ด้วยเหตุนี้จึงวิเคราะห์เครื่องหมายแฮตอาร์เอฟพีดีร่วมกับเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ พบว่าค่าดัชนีความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.18 ถึง 0.74 เมื่อพิจารณาที่ค่าดัชนีความเหมือนที่ตำแหน่ง 0.41 (ภาพที่ 4.34) พบว่าสามารถแยกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่ม 1 ได้แก่ เอื้องปากนกแก้ว เอื้องเงินหลวง ลูกผสมดอนมารี ดอนมารี รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ กรีนแลนเทิร์น ฟรอสตี้ดอนปากแดง และฟรอสตี้ดอนปากเหลือง กลุ่ม 2 ได้แก่ เอื้องแฉะหอม เอื้องทอง เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง และ เอื้องเงิน กลุ่ม 3 ได้แก่ เอื้องนางชี กลุ่ม 4 ได้แก่ เอื้องตาเหิน และกลุ่ม 5 ได้แก่ เอื้องแฉะภูกระดึง ถึงแม้ว่าจะวิเคราะห์การจัดจำแนกโดยใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอฟพีดีร่วมกับเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ แต่พบว่าที่ค่าดัชนีความเหมือน 0.74 ยังไม่สามารถแยกดอนมารีและลูกผสมดอนมารีได้ (ภาพที่ 4.35)

เอื้อปากนกแก้ว	1.00																		
เอื้องเงินหลวง	0.38	1.00																	
ดอนมารี	0.39	0.37	1.00																
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	0.39	0.48	0.63	1.00															
กรีนแลนเทิร์น	0.26	0.35	0.36	0.49	1.00														
ลูกผสมดอนมารี	0.35	0.39	0.69	0.59	0.39	1.00													
เอื้องแซะหอม	0.13	0.09	0.21	0.25	0.11	0.28	1.00												
เอื้องเงิน	0.34	0.43	0.31	0.46	0.34	0.41	0.14	1.00											
เอื้องทอง	0.26	0.30	0.32	0.26	0.36	0.46	0.14	0.44	1.00										
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	0.17	0.26	0.31	0.32	0.34	0.32	0.00	0.32	0.33	1.00									
เอื้องตาเหิน	0.00	0.22	0.20	0.25	0.17	0.16	0.14	0.21	0.18	0.30	1.00								
เอื้องนางชี	0.19	0.11	0.32	0.36	0.29	0.36	0.11	0.36	0.29	0.46	0.21	1.00							
เอื้องแซะภูกระดึง	0.04	0.08	0.20	0.09	0.05	0.19	0.13	0.14	0.09	0.15	0.19	0.25	1.00						
ฟรอสต์ดอนปากแดง	0.26	0.33	0.35	0.36	0.48	0.49	0.14	0.39	0.45	0.42	0.23	0.37	0.27	1.00					
ฟรอสต์ดอนปากเหลือง	0.39	0.37	0.41	0.36	0.40	0.43	0.14	0.36	0.34	0.38	0.14	0.29	0.04	0.62	1.00				

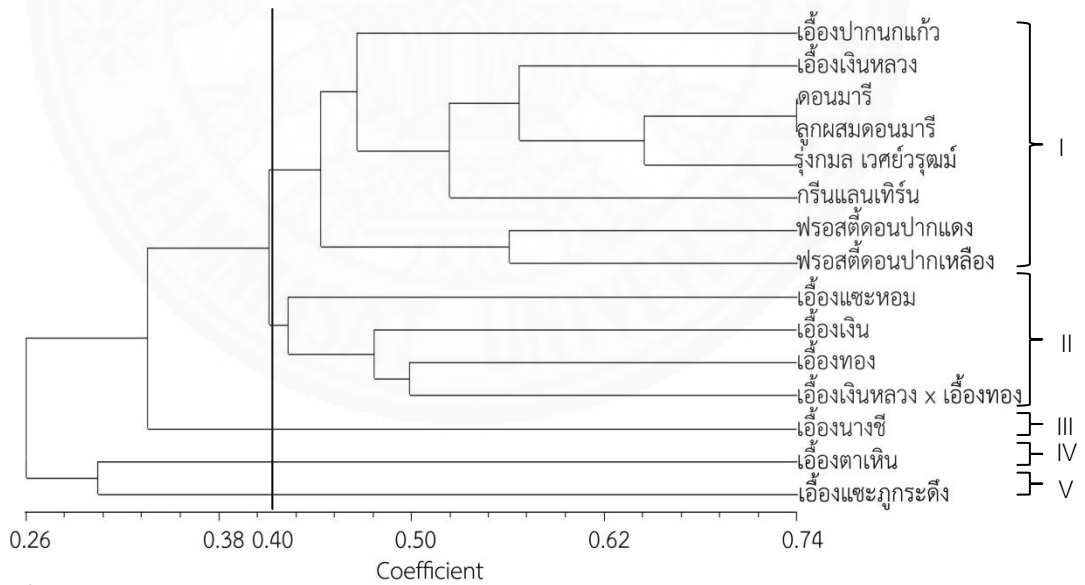
ภาพที่ 4.32 ค่าดัชนีความเหมือนกันของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์



ภาพที่ 4.33 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

เอื้องปากนกแก้ว	1.00																				
เอื้องเงินหลวง	0.39	1.00																			
คอนมารี	0.57	0.57	1.00																		
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	0.45	0.61	0.66	1.00																	
กรีนแลนเทิร์น	0.45	0.46	0.50	0.61	1.00																
ลูกผสมคอนมารี	0.49	0.52	0.74	0.64	0.54	1.00															
เอื้องแซะหอม	0.30	0.46	0.40	0.43	0.40	0.42	1.00														
เอื้องเงิน	0.35	0.49	0.41	0.51	0.50	0.45	0.40	1.00													
เอื้องทอง	0.36	0.41	0.37	0.36	0.40	0.46	0.47	0.48	1.00												
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	0.32	0.45	0.43	0.50	0.45	0.46	0.40	0.48	0.50	1.00											
เอื้องตาเหิน	0.20	0.30	0.28	0.31	0.26	0.24	0.30	0.30	0.27	0.34	1.00										
เอื้องนางชี	0.29	0.26	0.30	0.31	0.34	0.33	0.28	0.39	0.34	0.42	0.34	1.00									
เอื้องแซะภูกระดึง	0.21	0.24	0.23	0.19	0.22	0.20	0.26	0.26	0.18	0.21	0.31	0.32	1.00								
ฟรอสต์ต่อนปากแดง	0.40	0.48	0.46	0.46	0.50	0.49	0.37	0.45	0.44	0.46	0.28	0.42	0.32	1.00							
ฟรอสต์ต่อนปากเหลือง	0.43	0.40	0.45	0.41	0.40	0.48	0.33	0.36	0.37	0.40	0.29	0.36	0.26	0.56	1.00						

ภาพที่ 4.34 ค่าดัชนีความเหมือนกันของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอริชูเชและลูกผสมด้วยการวิเคราะห์เครื่องหมายแอสตาร์เอพีตีร่วมกับไอเอสเอสอาร์



ภาพที่ 4.35 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอริชูเชและลูกผสมด้วยการวิเคราะห์เครื่องหมายแอสตาร์เอพีตีร่วมกับไอเอสเอสอาร์

4.4 เครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ

4.4.1 การเพิ่มปริมาณซีเอ็นเอบริเวณจำเพาะภายในคลอโรพลาสต์

การเพิ่มปริมาณซีเอ็นเอของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับยีน *psbA* ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณซีเอ็นเอดังกล่าวในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเรอซูเรได้ทั้ง 21 ชนิด โดยผลิตภัณฑ์ลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันที่ได้มีขนาดประมาณ 900, 600, 500 และ 900 คู่เบส ตามลำดับ

4.4.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

นำส่งตัวอย่างเพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีขนาด 615-948 คู่เบส ยีน *rbcl* มีขนาด 613 คู่เบส ยีน *rpoC1* มีขนาด 544-545 คู่เบส และบริเวณระหว่างยีน *trnH* กับยีน *psbA* มีขนาด 873-905 คู่เบส นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวเปรียบเทียบกับฐานข้อมูล NCBI พบว่าทั้ง 4 ยีนมีลำดับนิวคลีโอไทด์คล้ายคลึงกับกล้วยไม้สกุล *Dendrobium* ประมาณ 97-99 เปอร์เซ็นต์ จึงนำไปฝากเก็บลำดับนิวคลีโอไทด์ไว้ในฐานข้อมูล GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) ซึ่งมีหมายเลขเฉพาะ (accession number) (ตารางที่ 4.3) จากนั้นนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเรอซูเรทั้ง 21 ชนิด มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม ClustalW พบความผันแปรทางพันธุกรรม (genetic variation) ที่เกิดความแตกต่างในกล้วยไม้ตัวอย่างแต่ละชนิด ซึ่งเกิดการกลายในระดับยีน (gene mutation) ทั้งหมด 4 รูปแบบ คือ การแทนที่ด้วยคู่เบสใหม่ (base-pair substitution) ทรานซิชัน (transition) ทรานส์เวอร์ชัน (transversion) และอินเดิล (insertion/deletion) ซึ่งการกลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวอาจส่งผลต่อการเกิดวิวัฒนาการ (evolution process) (ธีระชัย, 2553) เนื่องจากการแปลรหัส (translation) เป็นกรดอะมิโน (amino acid) ของพอลิเพปไทด์ (polypeptide) พบว่ายีน *matK* มีตำแหน่งลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เกิดการกลาย 339 ตำแหน่ง คิดเป็น 35.53 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.36) (ตารางที่ 4.4) ยีน *rbcl* มีตำแหน่งลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เกิดการกลาย 16 ตำแหน่ง คิดเป็น 2.41 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.41) (ตารางที่ 4.7) ยีน *rpoC1* มีตำแหน่งลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เกิดการกลาย 24 ตำแหน่ง คิดเป็น 4.32 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.46) (ตารางที่ 4.10) และซีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับยีน *psbA* มีตำแหน่งลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เกิดการกลาย 127 ตำแหน่ง คิดเป็น 13.70 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.51) (ตารางที่ 4.13)

4.4.3 ผลการฝากลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณจำเพาะ

ตารางที่ 4.3 เลขลำดับการฝากลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะในฐานข้อมูล GenBank

ชนิดกล้วยไม้	Accession number ของลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ			
	<i>matK</i>	<i>rcbL</i>	<i>rpoC1</i>	<i>trnH-psbA</i>
เอื้องปากนกแก้ว	KP762108	KP762094	KP762080	KP762140
เอื้องเงินหลวง	KP762109	KP762095	KP762081	KP762141
ดอนมารี	KP762110	KP762128	KP762134	KP762142
รุ่งกมล เวศย์วุฒม์	KP762111	KP762096	KP762082	KP762143
กรีนแลนเทิร์น	KP762112	KP762097	KP762083	KP762144
ลูกผสมดอนมารี	KP762113	KP762129	KP762135	KP762145
เอื้องแซะหอม	KP762114	KP762098	KP762084	KP762146
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	KP762115	KP762133	KP762139	KP762147
เอื้องเงิน	KP762116	KP762099	KP762085	KP762148
เอื้องทอง	KP762117	KP762100	KP762086	KP762149
เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	KP762118	KP762130	KP762136	KP762150
เอื้องตาเหิน	KP762119	KP762101	KP762087	KP762151
เอื้องนางชี	KP762120	KP762102	KP762088	KP762152
เอื้องแซะภูกระดึง	KP762123	KP762103	KP762089	KP762153
ฟรอสต์ดอนปากแดง	KP762121	KP762131	KP762137	KP762154
ฟรอสต์ดอนปากเหลือง	KP762122	KP762132	KP762138	KP762155
เอื้องเงินแสง	KP762124	KP762104	KP762090	KP762156
เอื้องสีตาล	KP762125	KP762105	KP762091	KP762157
เอื้องตาเหินเวียงนาม	KP762126	KP762106	KP762092	KP762158
เอื้องเงินแดง	KP762127	KP762107	KP762093	KP762159
เอื้องแซะหม่น	KU647193*	KU647190*	KU647191*	KU647192*

* ข้อมูลได้รับการพิจารณาจากฐานข้อมูล NCBI แล้วแต่อยู่ในกระบวนการรอการเผยแพร่

4.4.3.1 บริเวณยีน *matK*

บริเวณยีน *matK* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ 615-949 คู่เบส ถูกเปรียบเทียบด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment ดังนี้

```

2      TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
10     TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
8      TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
11     TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
5      TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CGTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
14     TAATTTACGATCAATTCATTCAATCAATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
6      TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CGTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
4      TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATAATCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
1      TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
3      TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
15     TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
19     TAATTTACGATCAATTCATTCAATCAATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
20     TAATTTACGATCAATTCATTCAATCAATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
12     TAATTTACGATCAATTCATTCAATCAATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
16     TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
7      TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
17     TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
18     TAATTTACGATCAATTCATTCA---ATATTTCCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
13     TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CCCTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
9      TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CGTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60
21     TAATTTACGATCAATTCATTCA-----CGTTTTAGAGGATAAATTTATCGCATT 60

2      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
10     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
8      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
11     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
5      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
14     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
6      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
4      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
1      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
3      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
15     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
19     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
20     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
12     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
16     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
7      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
17     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
18     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
13     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
9      AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120
21     AAATTATGTGTCAGATCTACTAATACCCCATCCCATCCATCTGGAAATCTGGTTCAAAT 120

```

ภาพที่ 4.36 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนด์เทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสต์ที่ดอนปากแดง (16) ฟรอสต์ที่ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงิน แสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

2      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
10     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
8      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
11     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
5      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
14     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
6      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
4      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
1      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
3      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
15     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
19     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
20     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
12     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
16     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
7      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
17     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
18     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
13     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
9      CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
21     CCTTCAATGTTGGATCAAAGATGTTCCCTCTTTGCATTATTGCGATTGTTTTCCACGA 180
-----
2      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
10     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
8      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
11     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
5      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
14     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
6      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
4      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
1      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
3      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
15     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
19     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
20     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
12     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
16     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
7      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
17     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
18     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
13     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAA-----TCCATTACGTATTTTC 240
9      ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAAAGGAATCCATTACGTATTTTC 240
21     ATATCATAATTTGAATAGTCTTTTACTTCAAAGAAAAGGAATCCATTACGTATTTTC 240
-----
2      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
10     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
8      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
11     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
5      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
14     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
6      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
4      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
1      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
3      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
15     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
19     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
20     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
12     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
16     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
7      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
17     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
18     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
13     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
9      AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
21     AAAAAGAAACAAAAGATTCTTTTGGTTCCTACATAAATCTTATGTATATGAATGCGAATA 300
-----

```

ภาพที่ 4.36 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือไพริมิดีนทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

2	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
10	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
8	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
11	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
5	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
14	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
6	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
4	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
1	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
3	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
15	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
19	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
20	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
12	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
16	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
7	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
17	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
18	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
13	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
9	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
21	TCTATTCCTGTTTCTTCGTA AACAGTCTTCTTATTTACGATCAATATCTTCTGGAGTCTT	360
2	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
10	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
8	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
11	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
5	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
14	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
6	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
4	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
1	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
3	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
15	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
19	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
20	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
12	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
16	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
7	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
17	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
18	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
13	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
9	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420
21	TCTTGAACGAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATATCTTATAGTCGTGTGTAATTC	420

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

ภาพที่ 4.36 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) พรอสตี๋ดอนปากแดง (16) พรอสตี๋ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียตนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)


```

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

2      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
10     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
8      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
11     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
5      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
14     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
6      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
4      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
1      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
3      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
15     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
19     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
20     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
12     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
16     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
7      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
17     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
18     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
13     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
9      TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
21     TGTGAATTCGGCAATCTTATTTTCACTTTTGGTTTCAACCTTATAGGATCCCTATAAAA 600
*****

2      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
10     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
8      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
11     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
5      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
14     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
6      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
4      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
1      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
3      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
15     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
19     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
20     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
12     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
16     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
7      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
17     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
18     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
13     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
9      GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
21     GCAATTACCCAACCTATTCCTCTCTTTTCTGGGGTCTTTTCAAGTGTACTGAAAAATCC 660
*****

```

ภาพที่ 4.36 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือการกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

2      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
10     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
8      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
11     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
5      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
14     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
6      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
4      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
1      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
3      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
15     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
19     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
20     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
12     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
16     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
7      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
17     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
18     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
13     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
9      TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
21     TTTGGTAGTAAGAAATCAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAAATACTCTATCTAAGAA 720
*****

2      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
10     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
8      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
11     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
5      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
14     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
6      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
4      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
1      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
3      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
15     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
19     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
20     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
12     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
16     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
7      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
17     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
18     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
13     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
9      ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
21     ATTAGATACCATAGCCCCAGTTATTTCTCTTATTGGATCATGTGCGAAAGCCAAATTTTG 780
*****

2      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
10     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
8      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
11     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
5      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
14     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
6      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
4      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
1      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
3      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
15     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
19     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
20     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
12     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
16     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
7      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
17     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
18     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
13     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
9      TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
21     TACTGTATTGGGTATCCTATTAGTAAACCGATCTGGACCGATTTATCGGATTCGATAT 840
*****

```

ภาพที่ 4.36 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสต์ตอนปากแดง (16) พรอสต์ตอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

2      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
10     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
8      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
11     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
5      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
14     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
6      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
4      TCTTGATCGATTTTGTCCGATAAGTAGAAATCTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
1      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
3      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
15     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
19     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
20     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
12     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
16     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
7      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
17     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
18     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
13     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
9      TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
21     TCTTGATCGATTTTGTCCGATATGTAGAAATCTTTTCGTTATCACAGCGGATCCTCAA 900
*****

```

```

2      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
10     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
8      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
11     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
5      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
14     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
6      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
4      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
1      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
3      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
15     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
19     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
20     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
12     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
16     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
7      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
17     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
18     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
13     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
9      GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
21     GAAACAGGTTTTGTATCCATAAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAGAAC 954
*****

```

ภาพที่ 4.36 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

ตารางที่ 4.4 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ที่พบความหลากหลาย

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> เกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์
อินเดล	22-323, 325-360 และ 924
พิวรีนทรานสิชัน	324, 367, 530 และ 774
ไพริมิดีนทรานสิชัน	30, 31, 34, 35, 423, 550 และ 619
ทรานสเวอร์ชัน	49, 169, 202, 250, 264, 375, 594, 714, 718, 745, 771, 811, 863, 875 และ 919

ตารางที่ 4.5 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในไทรเซอรัซุเซ และลูกผสม

ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์	พันธุ์กล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
30	4	T เป็น C	Phe เป็น Ser
35	5, 6 และ 9	T เป็น C	Phe เป็น Leu
49	14	A เป็น T	Lys เป็น Asp
218-220	9	อินเดล	เพิ่มกรดอะมิโน Lys
221-223	9	อินเดล	เพิ่มกรดอะมิโน Glu
250	18	G เป็น T	Lys เป็น Asp
264	17	G เป็น T	Trp เป็น Leu
324	15	A เป็น G	Glu เป็น Arg

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น]

ตารางที่ 4.5 (ต่อ) ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกเรเซอร์ซูเซ และลูกผสม

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	พันธุ์กล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
375	1, 3, 4, 5, 6, 14 และ 15	A เป็น T	His เป็น Leu
423	1, 3, 4, 5, 6, 14 และ 15	T เป็น C	Phe เป็น Ser
530	17	A เป็น G	Lys เป็น Glu
594	2, 8, 10 และ 11	A เป็น T	His เป็น Leu
714	12	C เป็น A	Ser เป็น Tyr
718	9	G เป็น T	Lys เป็น Asp
745	19 และ 20	T เป็น G	Ile เป็น Met
771	17	C เป็น A	Ala เป็น Asp
774	17	A เป็น G	Glu เป็น Arg
863	4	T เป็น A	Cys เป็น Ser
924	10	อินเดล	Lys เป็น Ser

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.5) ได้แก่

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 30 สามารถระบุรุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง (nonsynonymous mutation) โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีน (phenylalanine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว เปลี่ยนเป็นเซรีน (serine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 35 สามารถระบุกรีนแลนเทิร์น ลูกผสมดอนมารี และเอื้องเงิน เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง (neutral mutation) โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีนเปลี่ยนเป็นลิวซีน (leucine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีซัลฟิวเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 49 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีน (lysine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นแอสพาราจิ้น (asparagine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 218 ถึง 223 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเลื่อนกรอบรหัส (frameshift mutation) โดยพบการสอดแทรกของลำดับนิวคลีโอไทด์จึงแปลรหัสกรดอะมิโนเพิ่ม 2 กรดอะมิโน คือ ไลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นบวก และกรดกลูตามิก (glutamic acid) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 250 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนแปลงเป็นแอสพาราจิ้น (asparagine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 264 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากทริปโตแฟน (tryptophan) เป็นลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีซั่วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 324 สามารถระบุพรอสตี้ออนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกลูตามีน (glutamine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นลบ เปลี่ยนเป็นอาร์จิ้นนิน (arginine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่วและมีประจุเป็นลบ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 375 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง ดอนมารี กรีนแลนเทิร์น รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ลูกผสมดอนมารี พรอสตี้ออนปากเหลือง และ พรอสตี้ออนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฮิสทีดีน (histidine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั่ว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 423 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง ดอนมารี กรีนแลนเทิร์น รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ลูกผสมดอนมารี พรอสตี้ออนปากเหลือง และ พรอสตี้ออนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั่ว เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 530 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นกรดกลูตามิกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั่ว มีประจุเป็นลบ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 594 สามารถระบุเอ็งเงอแซะภูกระดิง เอ็งเงอแซะภูหอม x เอ็งเงอแซะภูทอง และ เอ็งเงอแซะภูหลวง x เอ็งเงอแซะภูทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการ

เปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฮิสทีดีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 714 สามารถระบุเอ็งจิงตาเหิน เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากเซรีนเปลี่ยนเป็นไทโรซีน (throsine) ซึ่งกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้าเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 718 สามารถระบุเอ็งจิงเงิน เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีนเป็นแอสพาราจิ้น ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นบวกเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 745 สามารถระบุเอ็งจิงเงิน เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไอโซลิวซีน (isoleucine) เป็นเมไทโอนีน (methionine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้าเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 771 สามารถระบุเอ็งจิงเงินแสด เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากอะลานีน (alanine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว เปลี่ยนเป็นกรดแอสพาร์ติก (aspartic acid) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นลบ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 774 สามารถระบุเอ็งจิงเงินแสด เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกลูตามีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า เปลี่ยนเป็นอาร์จินิกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นบวก

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 863 สามารถระบุรุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากซิสเทอีน (cysteine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

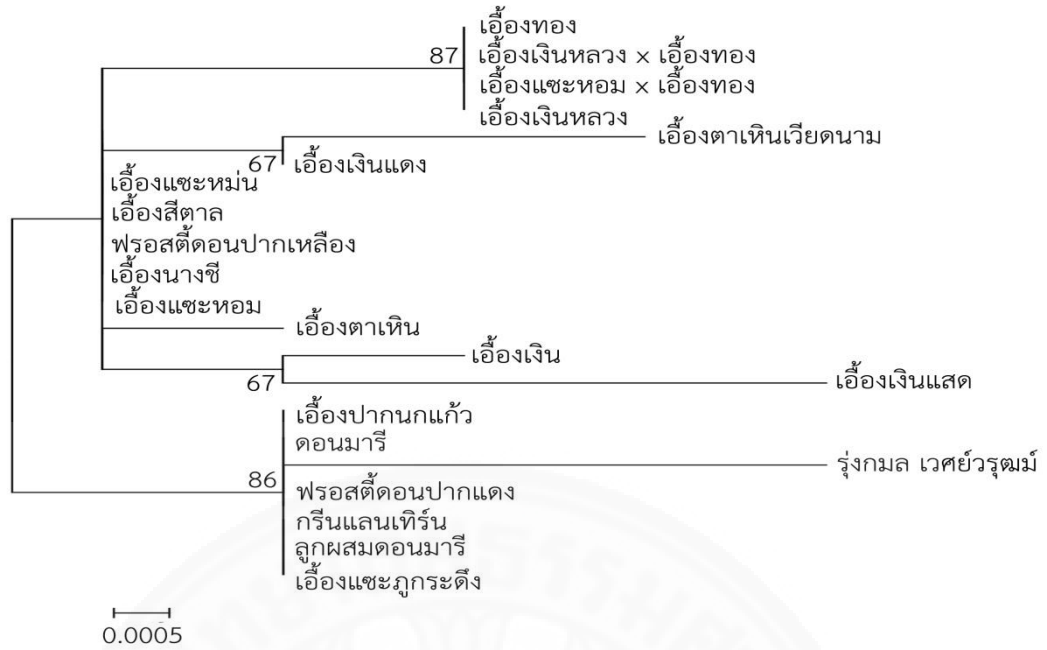
ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 924 สามารถระบุเอ็งจิงทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเลื่อนกรอบรหัส โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7 พบค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเธและลูกผสม จำนวน 21 พันธุ์ เท่ากับ 0.000-0.015 (ตารางที่ 4.6) ซึ่งโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ คือ tamura 3-parameter นำโมเดลดังกล่าวมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA (ภาพที่ 4.7-4.10) พบว่าวิธี maximum likelihood และ neighbor joining ให้ผลที่คล้ายคลึงกันและผลดังกล่าวยังสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างดอกของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเธและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์

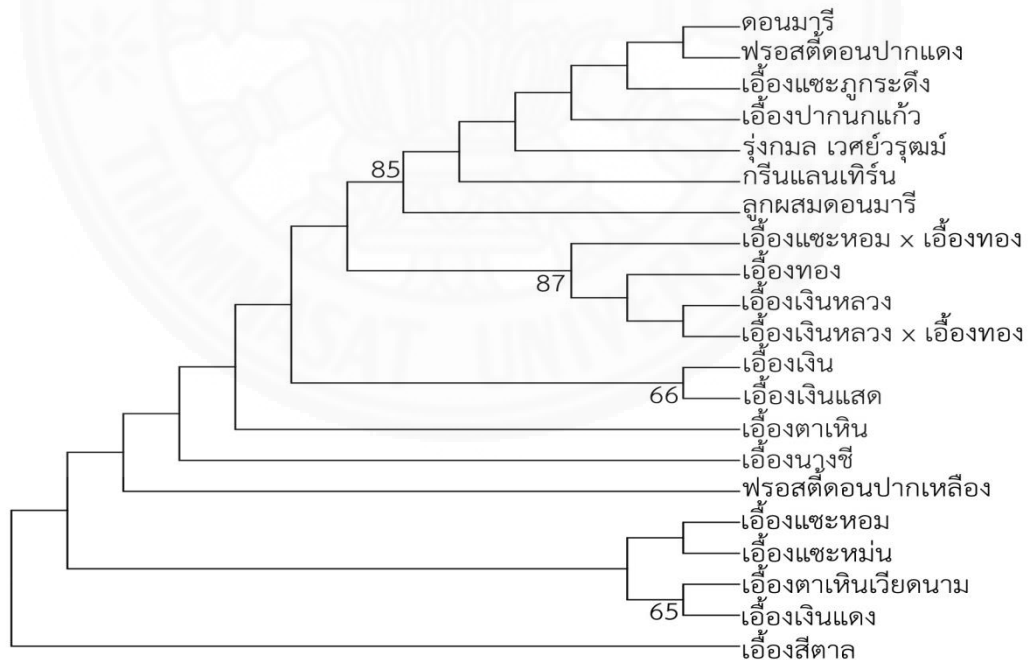
ตารางที่ 4.6 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเอและลูกผสมเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

1	0.000																				
2	0.007	0.000																			
3	0.000	0.007	0.000																		
4	0.005	0.011	0.005	0.000																	
5	0.000	0.007	0.000	0.005	0.000																
6	0.000	0.007	0.000	0.005	0.000	0.000															
7	0.003	0.003	0.003	0.008	0.003	0.003	0.000														
8	0.007	0.000	0.007	0.011	0.007	0.007	0.003	0.000													
9	0.007	0.007	0.007	0.011	0.007	0.007	0.003	0.007	0.000												
10	0.007	0.000	0.007	0.011	0.007	0.007	0.003	0.000	0.007	0.000											
11	0.007	0.000	0.007	0.011	0.007	0.007	0.003	0.000	0.007	0.000	0.000										
12	0.005	0.005	0.005	0.010	0.005	0.005	0.002	0.005	0.005	0.005	0.005	0.000									
13	0.003	0.003	0.003	0.008	0.003	0.003	0.000	0.003	0.003	0.003	0.003	0.002	0.000								
14	0.000	0.007	0.000	0.005	0.000	0.000	0.003	0.007	0.007	0.007	0.007	0.005	0.003	0.000							
15	0.000	0.007	0.000	0.005	0.000	0.000	0.003	0.007	0.007	0.007	0.007	0.005	0.003	0.000	0.000						
16	0.003	0.003	0.003	0.008	0.003	0.003	0.000	0.003	0.003	0.003	0.003	0.002	0.000	0.003	0.003	0.000					
17	0.010	0.010	0.010	0.015	0.010	0.010	0.007	0.010	0.007	0.010	0.010	0.008	0.007	0.010	0.010	0.007	0.000				
18	0.003	0.003	0.003	0.008	0.003	0.003	0.000	0.003	0.003	0.003	0.003	0.002	0.000	0.003	0.003	0.000	0.007	0.000			
19	0.008	0.008	0.008	0.013	0.008	0.008	0.005	0.008	0.008	0.008	0.008	0.007	0.005	0.008	0.008	0.005	0.011	0.005	0.000		
20	0.005	0.005	0.005	0.010	0.005	0.005	0.002	0.005	0.005	0.005	0.005	0.003	0.002	0.005	0.005	0.002	0.008	0.002	0.003	0.000	
21	0.003	0.003	0.003	0.008	0.003	0.003	0.000	0.003	0.003	0.003	0.003	0.002	0.000	0.003	0.003	0.000	0.007	0.000	0.005	0.002	0.000
พันธุ์ *	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุณม (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสตีดดอนปากแดง (16) พรอสตีดดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น



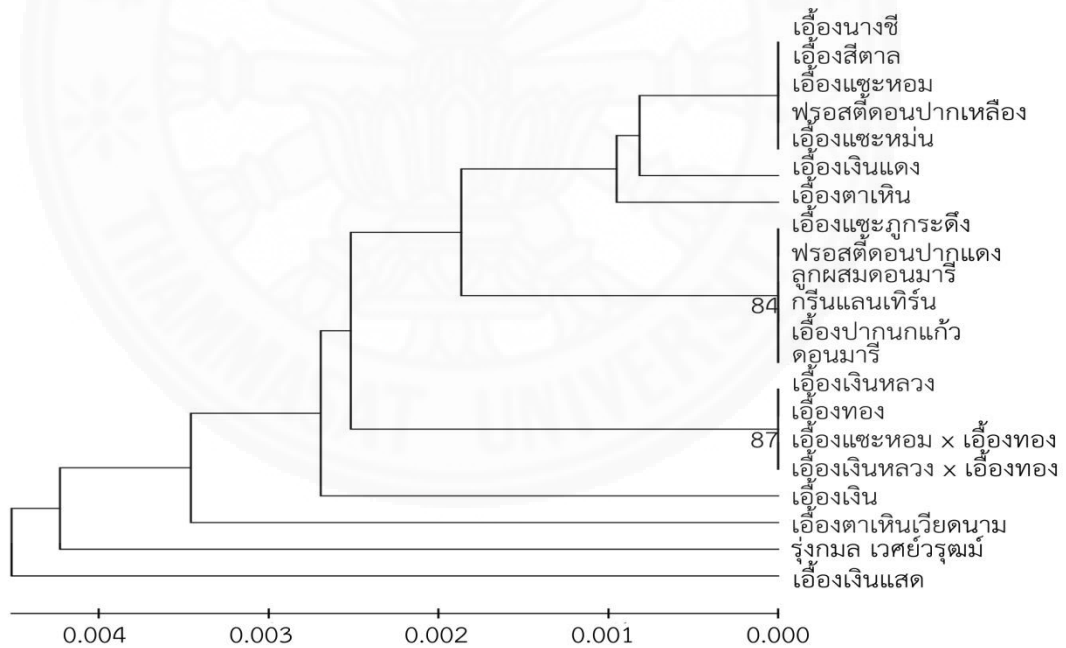
ภาพที่ 4.37 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอและลูกผสม โดยวิเคราะห์จากยีน *matK* คำนวณจากโมเดล *tamura 3-parameter* และสร้างด้วยวิธี *maximum likelihood*



ภาพที่ 4.38 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไทรโครเซอร์ชูเอและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* สร้างด้วยวิธี *maximum parsimony*



ภาพที่ 4.39 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอรัซุเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* คำนวณจากโมเดล *tamura 3-parameter* และสร้างด้วยวิธี *neighbor joining*



ภาพที่ 4.40 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอรัซุเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* คำนวณจากโมเดล *tamura 3-parameter* และสร้างด้วยวิธี *UPGMA*

4.4.3.2 บริเวณยีน *rbcL*

บริเวณยีน *rbcL* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ 663 คู่เบส ถูกเปรียบเทียบด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment ดังนี้

```

1      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
4      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
5      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
6      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
16     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
11     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
12     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
8      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
2      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
14     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
21     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
18     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
7      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
10     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
17     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
19     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
20     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
9      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
13     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
3      TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
15     TCACCACAAACAGAACTAAAGCAAGCGT-TGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAA 60
*****
1      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
4      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
5      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
6      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
16     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
11     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
12     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
8      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
2      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
14     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
21     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
18     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
7      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
10     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
17     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
19     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
20     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
9      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
13     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
3      ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
15     ATTGACTTATTATACGCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCG 120
*****

```

ภาพที่ 4.41 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรินทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

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

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

```

ภาพที่ 4.41 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสต์ดอนปากแดง (16) ฟรอสต์ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

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

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

```

ภาพที่ 4.41 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbL* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) พรอสตัด์ดอนปากแดง (16) พรอสตัด์ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

1      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
4      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
5      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
6      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
16     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
11     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
12     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
8      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
2      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
14     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
21     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
18     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
7      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
10     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
17     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
19     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
20     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
9      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
13     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
3      CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
15     CGCAAAAACCTACGGTAGAGCGTTTATGAATGTCTACGGGGTGGACTTGATTTTACTAA 600
*****

1      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
4      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
5      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
6      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
16     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
11     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
12     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
8      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
2      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
14     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
21     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
18     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
7      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
10     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
17     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
19     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
20     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
9      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
13     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
3      GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
15     GGATGATGAAAACGTAATTCACAACCATTTATGCGTTGAGAGATCGTTTCTTATTTTG 660
*****

```

ภาพที่ 4.41 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) พรอสตัด์ดอนปากแดง (16) พรอสตัด์ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

1	TGCC 664
4	TGCC 664
5	TGCC 664
6	TGCC 664
16	TGCC 664
11	TGCC 664
12	TGCC 664
8	TGCC 664
2	TGCC 664
14	TGCC 664
21	TGCC 664
18	TGCC 664
7	TGCC 664
10	TGCC 664
17	TGCC 664
19	TGCC 664
20	TGCC 664
9	TGCC 664
13	TGCC 664
3	TGCC 664
15	TGCC 664

ภาพที่ 4.41 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนด์เทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

ตารางที่ 4.7 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ที่พบความหลากหลาย

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i> เกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์
อินเดล	30 และ 49
พิวรีนทรานสิชัน	562 และ 640
ไพริมิตินทรานสิชัน	148, 264, 334, และ 421
ทรานสเวอร์ชัน	31, 35, 38, 43, 46, 76, 80, 82, 280 และ 421

ตารางที่ 4.8 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ ชูเชและลูกผสม

ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์	พันธุ์กล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
30	15	อินเดล	Val เป็น Gly
31	15	T เป็น G	Gly เป็น Typ
35	15	T เป็น G	Phe เป็น Ser
38	15	A เป็น T	Lys เป็น Leu
43	15	T เป็น G	Ala เป็น Ser
49	15	อินเดล	Val เป็น Gly
80	19 และ 20	G เป็น C	Asp เป็น His
82	18	C เป็น A	Asp เป็น Glu
264	10, 14, 18 และ 21	T เป็น C	Val เป็น Ala
280	7, 14, 18 และ 21	A เป็น T	Glu เป็น Asp

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น]

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.8) ได้แก่

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 30 สามารถระบุฟรอสตี้ดอนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเลื่อนกรอบรหัส โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากแวลีน (valine) เป็นไกลซีน (glycine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 31 สามารถระบุฟรอสตี้ดอนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไกลซีนเป็นทริปโตแฟน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีขั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 35 สามารถระบุฟรอสตี้ดอนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้ว เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 38 สามารถระบุพรอสต์ต่อนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 43 สามารถระบุพรอสต์ต่อนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากอะลานีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 49 สามารถระบุพรอสต์ต่อนปากแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเลื่อนกรอบรหัส โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากแวลีนเป็นไกลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีซัลฟิวเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 80 สามารถระบุเอื้องตาเหินเวียดนามและเอื้องเงินแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดแอสพาร์ติกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นลบ เปลี่ยนเป็นฮิสทีดีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีประจุเป็นบวก

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 82 สามารถระบุเอื้องสีตาล เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดแอสพาร์ติกเปลี่ยนเป็นกรดกลูตามิกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิวและมีประจุเป็นลบเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 264 สามารถระบุเอื้องทอง เอื้องแซะภูกระดึง เอื้องสีตาล และเอื้องแซะหม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากแวลีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว เปลี่ยนเป็นอะลานีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซัลฟิว

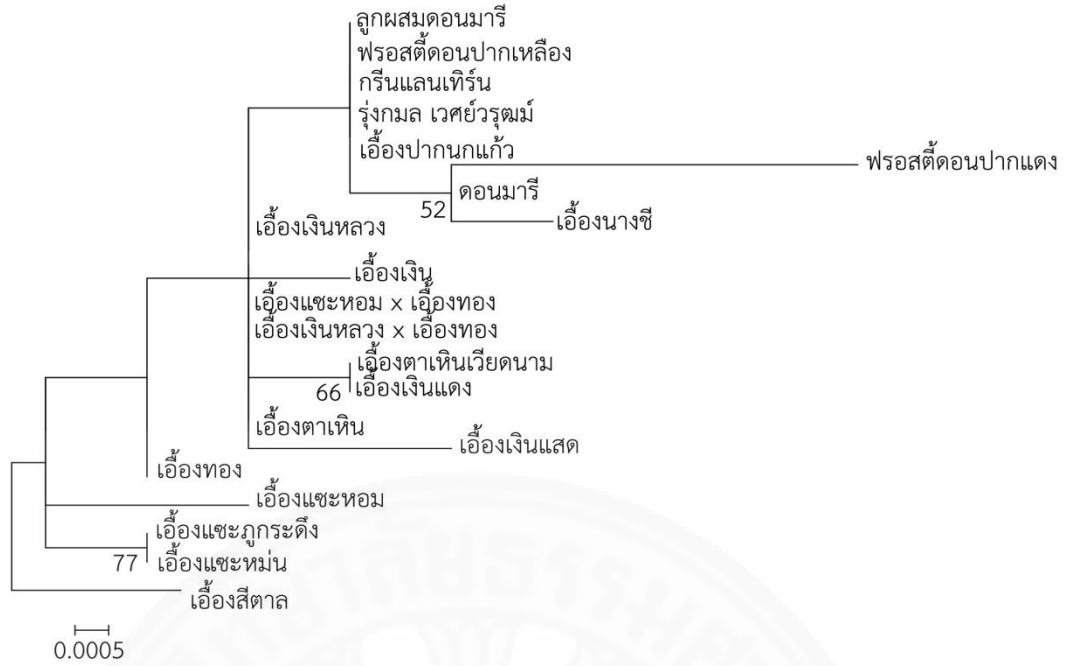
ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 280 สามารถระบุเอื้องแซะหอม เอื้องแซะภูกระดึง เอื้องสีตาล และเอื้องแซะหม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดกลูตามิกเป็นกรดแอสพาร์ติก ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซัลฟิว มีประจุเป็นลบเช่นเดียวกัน

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7 พบค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในไทรเฮอริชชูเรและลูกผสม จำนวน 21 พันธุ์ เท่ากับ 0.000-0.015 (ตารางที่ 4.9) ซึ่งโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ คือ jukes cantor นำโมเดลดังกล่าวมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA (ภาพที่ 4.42-4.45) พบว่าวิธี maximum likelihood และ neighbor joining ให้ผลที่คล้ายคลึงกันและผลดังกล่าวยังสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างดอกของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในไทรเฮอริชชูเรและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์

ตารางที่ 4.9 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ซูเรและลูกผสมเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*

1	0.000																				
2	0.002	0.000																			
3	0.002	0.003	0.000																		
4	0.000	0.002	0.002	0.000																	
5	0.000	0.002	0.002	0.000	0.000																
6	0.000	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000															
7	0.005	0.003	0.006	0.005	0.005	0.005	0.000														
8	0.002	0.000	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.000													
9	0.003	0.002	0.005	0.003	0.003	0.003	0.005	0.002	0.000												
10	0.003	0.002	0.005	0.003	0.003	0.003	0.005	0.002	0.003	0.000											
11	0.002	0.000	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.000	0.002	0.002	0.000										
12	0.002	0.000	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.000	0.002	0.002	0.000	0.000									
13	0.003	0.002	0.002	0.003	0.003	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.002	0.002	0.000								
14	0.006	0.005	0.008	0.006	0.006	0.006	0.005	0.005	0.006	0.003	0.005	0.005	0.006	0.000							
15	0.008	0.009	0.006	0.008	0.008	0.008	0.012	0.009	0.011	0.011	0.009	0.009	0.008	0.014	0.000						
16	0.000	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.002	0.003	0.006	0.008	0.000					
17	0.005	0.003	0.006	0.005	0.005	0.005	0.006	0.003	0.005	0.005	0.003	0.003	0.005	0.008	0.012	0.005	0.000				
18	0.008	0.006	0.009	0.008	0.008	0.008	0.006	0.006	0.008	0.005	0.006	0.006	0.008	0.005	0.015	0.008	0.008	0.000			
19	0.003	0.002	0.005	0.003	0.003	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.002	0.002	0.003	0.006	0.011	0.003	0.005	0.008	0.000		
20	0.003	0.002	0.005	0.003	0.003	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.002	0.002	0.003	0.006	0.011	0.003	0.005	0.008	0.000	0.000	
21	0.006	0.005	0.008	0.006	0.006	0.006	0.005	0.005	0.006	0.003	0.005	0.005	0.006	0.000	0.014	0.006	0.008	0.005	0.006	0.006	0.000
พันธุ์ *	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21

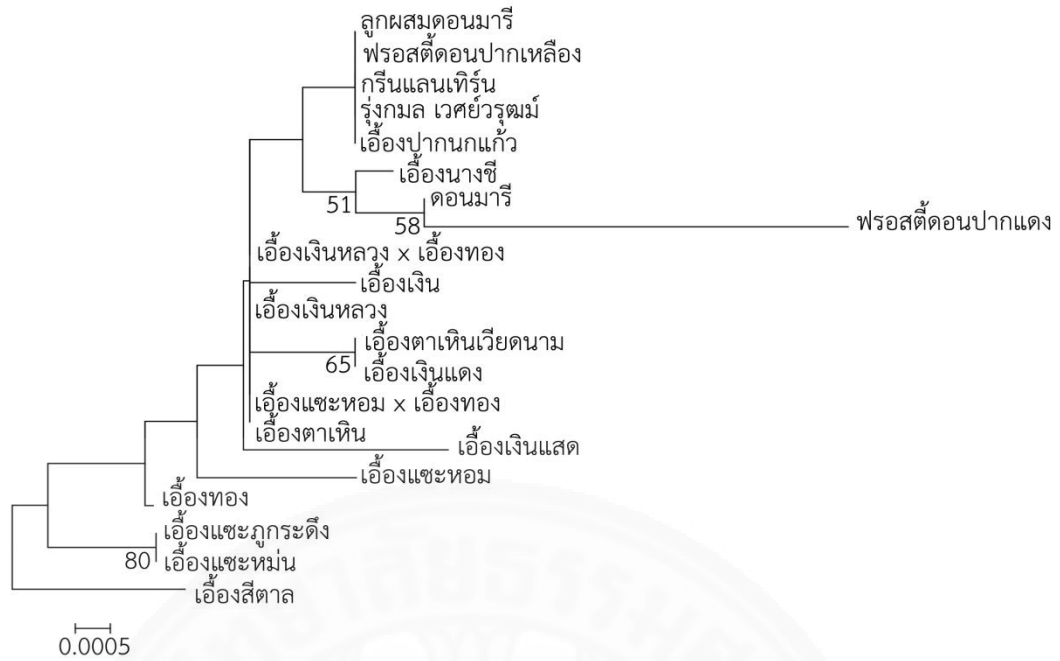
* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสตีตตอนปากแดง (16) พรอสตีตตอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น



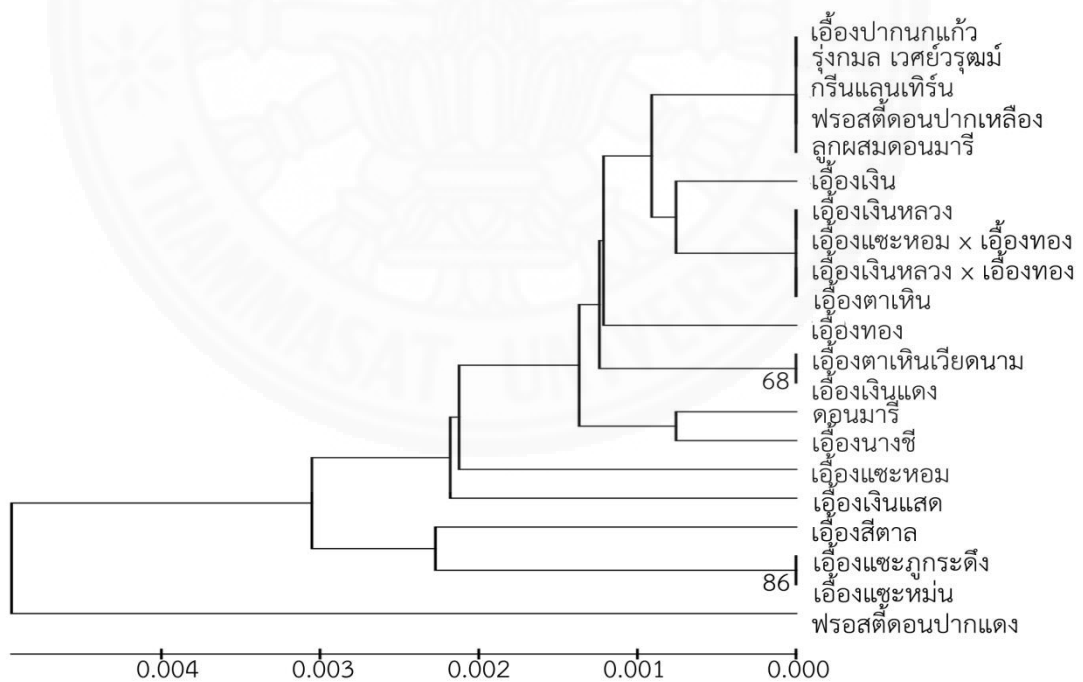
ภาพที่ 4.42 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเฮอรัซุเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี maximum likelihood



ภาพที่ 4.43 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเฮอรัซุเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* สร้างด้วยวิธี maximum parsimony



ภาพที่ 4.44 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี neighbor joining



ภาพที่ 4.45 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี UPGMA

4.4.4.3 บริเวณยีน *rpoC1*

บริเวณยีน *rpoC1* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ 554-555 คู่เบส ถูกเปรียบเทียบด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment ดังนี้

```

1      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
20     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
3      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
4      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
11     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
16     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
19     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
21     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
18     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
17     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
13     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
9      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
7      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
2      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
8      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
12     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
15     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
5      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
6      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
10     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
14     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGGGCAACCCATGAGAGTTGGT-CATAATAA 60
*****

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

```

ภาพที่ 4.46 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสม ดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภู กระดิ่ง (15) ฟรอสตี้ตอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ตอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียคนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพรมิ ดินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

1      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
20     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
3      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
4      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
11     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
16     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
19     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
21     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
18     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
17     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
13     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
9      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
7      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
2      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
8      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
12     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
15     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
5      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
6      GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
10     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
14     GCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGGCGTTCCTGTCATTGTCGTTGGGTCCTTTGCTTTC 180
*****
1      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
20     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
3      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
4      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
11     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
16     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
19     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
21     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
18     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
17     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
13     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
9      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
7      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
2      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
8      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
12     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
15     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
5      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
6      ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
10     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
14     ATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTCTTCCAAACATTTGTAAT 240
*****
1      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
20     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
3      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
4      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
11     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
16     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
19     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
21     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
18     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
17     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
13     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
9      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
7      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
2      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
8      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
12     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
15     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
5      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
6      TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
10     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
14     TCGTGGTCTAATCAGACAAGATGTTGTTCTAACACAGGGATTGCTAAAAAGAAAAATTCG 300
*****

```

ภาพที่ 4.46 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *mpoC1* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมาลี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนด์เทิร์น (6) ลูกผสมดอนมาลี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสต์ดอนปากแดง (16) ฟรอสต์ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

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

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

```

ภาพที่ 4.46 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpcC1* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางสี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) พรอสตัดต้นปากแดง (16) พรอสตัดต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

```

```

1 ACTTATGTTTTCTCA 555
20 ACTTATGTTTTCTCA 555
3 ACTTATGTTTTCTCA 555
4 ACTTATGTTTTCTCA 555
11 ACTTATGTTTTCTCA 555
16 ACTTATGTTTTCTCA 555
19 ACTTATGTTTTCTCA 555
21 ACTTATGTTTTCTCA 555
18 ACTTATGTTTTCTCA 555
17 ACTTATGTTTTCTCA 555
13 ACTTATGTTTTCTCA 555
9 ACTTATGTTTTCTCA 555
7 ACTTATGTTTTCTCA 555
2 ACTTATGTTTTCTCA 555
8 ACTTATGTTTTCTCA 555
12 ACTTATGTTTTCTCA 555
15 ACTTATGTTTTCTCA 555
5 ACTTATGTTTTCTCA 555
6 ACTTATGTTTTCTCA 555
10 ACTTATGTTTTCTCA 555
14 ACTTATGTTTTCTCA 555
*****

```

ภาพที่ 4.46 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpcC1* [1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสต์ต้นปากแดง (16) พรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

ตารางที่ 4.10 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ที่พบความหลากหลาย

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> เกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์
อินเดล	52
พิวรีนทรานสิชัน	33, 45 และ 47
ไพริมิดีนทรานสิชัน	41, 267, 512 และ 513
ทรานสเวอร์ชัน	29, 30, 40, 42, 48, 51, 55, 291, 434, 510, 511, 515, 516, 518, 519 และ 523

ตารางที่ 4.11 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม

ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์	พันธุ์กล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
41	4, 6 และ 10	T เป็น C	Met เป็น Thr
41	14	T เป็น C	Met เป็น Pro
48	4 และ 5	T เป็น A	Asp เป็น Gly
48	6 และ 10	T เป็น G	Asp เป็น Glu
48	14	T เป็น G	Asp เป็น Gly
55	10 และ 14	T เป็น G	His เป็น Glu
267	1, 3, 4, , 6, 8, 16 และ 20	C เป็น T	Ala เป็น Val
291	2, 12 และ 15	G เป็น T	Arg เป็น Ile

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น

ตารางที่ 4.11 (ต่อ) ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเซอร์ชูเรและลูกผสม

ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์	พันธุ์กล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
434	10	A เป็น C	Ile เป็น Leu
510	20	T เป็น A	Leu เป็น Typ
512	20	T เป็น C	Ser เป็น Leu
515	20	T เป็น G	Leu เป็น Glu
518	20	G เป็น T	Glu เป็น Ser

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมาลี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมาลี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.11) ได้แก่

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 41 สามารถระบุรุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ลูกผสมดอนมาลี และเอื้องทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากเมไทโอนีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้ว เปลี่ยนเป็นทรีโอนีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 41 สามารถระบุเอื้องแซะภูกระดึง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากเมไทโอนีนเป็นโพรลีน (proline) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 48 สามารถระบุรุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ กรีนแลนเทิร์น และเอื้องแซะภูกระดึง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดแอสพาร์ติกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้ว มีประจุเป็นลบ เปลี่ยนเป็นไกลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีขั้ว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 48 สามารถระบุลูกผสมดอนมาลี และ เอื้องทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดแอสพาร์ติกเป็นกรดกลูตามิก ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีประจุเป็นลบเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 55 สามารถระบุเอ็งทอง และ เอ็งแซ่ภูกระตัง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฮิสทีดีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นกลูตามีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 267 สามารถระบุเอ็งปากนกแก้ว ดอนมารี กรีนแลนเทิร์น รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ ลูกผสมดอนมารี เอ็งแซ่หอม x เอ็งทอง พรอสตีตตอนปากเหลือง เอ็งเงินแดง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากอะลานีนเป็นแวลีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 291 สามารถระบุเอ็งเงินหลวง พรอสตีตตอนปากแดง และ เอ็งตาเหิน เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากอาร์จินีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้ว มีประจุเป็นบวก เปลี่ยนเป็นไอโซลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั้ว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 434 สามารถระบุเอ็งทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไอโซลิวซีนเป็นลิวซีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่จัดอยู่ในกลุ่มไม่มีซั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 510 สามารถระบุเอ็งแซ่หม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจาก ลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั้ว เปลี่ยนเป็นไทโรซีน (thyrosine) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 512 สามารถระบุเอ็งแซ่หม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า เปลี่ยนเป็นลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั้ว

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 515 สามารถระบุเอ็งแซ่หม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากลิวซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีซั้ว เปลี่ยนเป็นกรดกลูตามิกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีประจุเป็นลบ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 518 สามารถระบุเอ็งแซ่หม่น เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากกรดกลูตามิกซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีประจุเป็นลบ เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีซั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7 พบค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเอและลูกผสม จำนวน 21 พันธุ์ เท่ากับ 0.000-0.032 (ตารางที่ 4.12) ซึ่งโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ คือ jukes-cantor

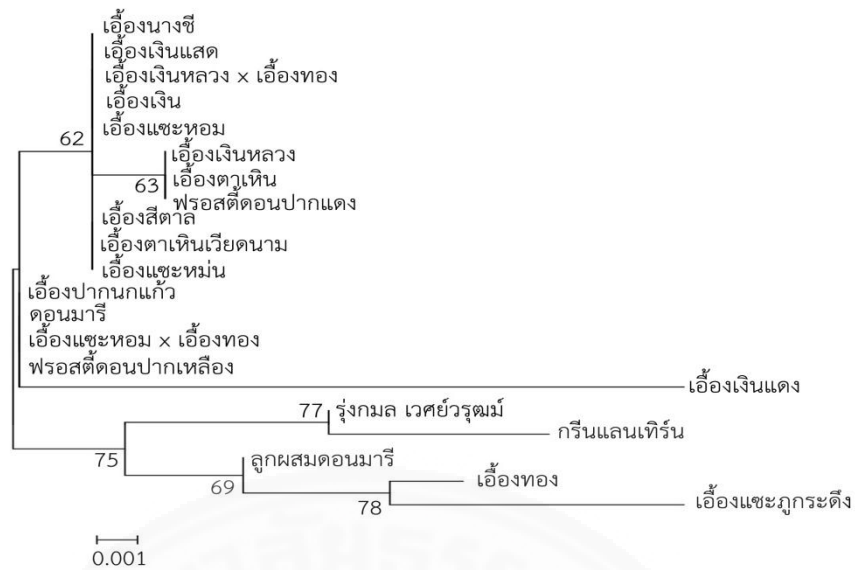
นำโมเดลดังกล่าวมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA (ภาพที่ 4.47-4.50) พบว่าวิธี maximum likelihood และ neighbor joining ให้ผลที่คล้ายคลึงกันและผลดังกล่าวยังสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างดอกของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเซอร์ชูเซและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์



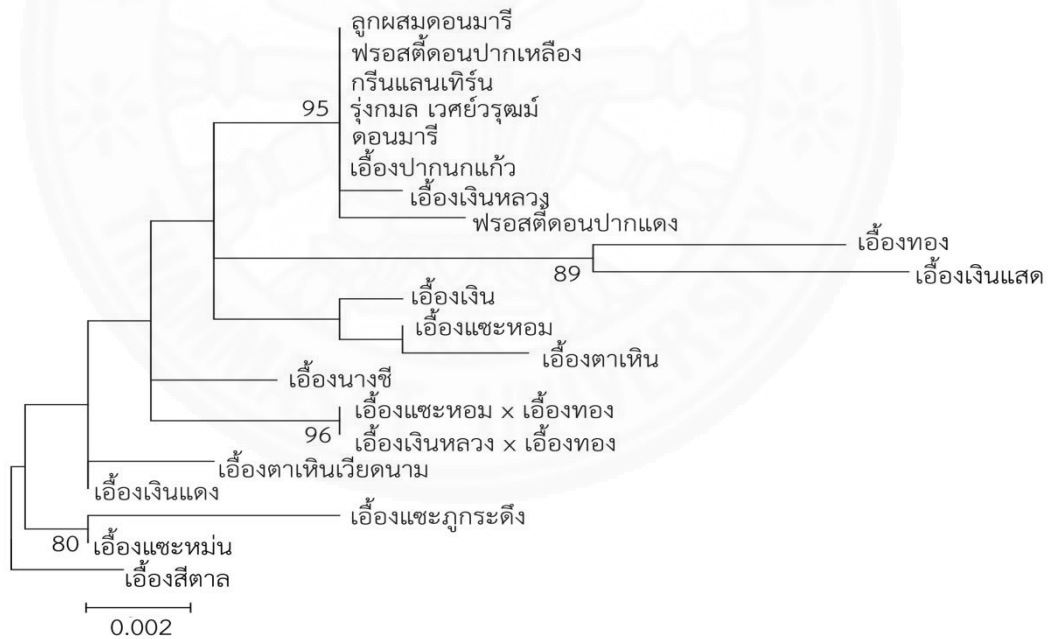
ตารางที่ 4.12 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่โนโครเซอร์ซูเรและลูกผสมเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

1	0.000																				
2	0.004	0.000																			
3	0.000	0.004	0.000																		
4	0.007	0.011	0.007	0.000																	
5	0.009	0.013	0.009	0.005	0.000																
6	0.005	0.009	0.005	0.007	0.013	0.000															
7	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000														
8	0.000	0.004	0.000	0.007	0.009	0.005	0.002	0.000													
9	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000												
10	0.011	0.011	0.011	0.013	0.018	0.005	0.009	0.011	0.009	0.000											
11	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000										
12	0.004	0.000	0.004	0.011	0.013	0.009	0.002	0.004	0.002	0.011	0.002	0.000									
13	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000								
14	0.016	0.016	0.016	0.014	0.020	0.011	0.014	0.016	0.014	0.009	0.014	0.016	0.014	0.000							
15	0.004	0.004	0.004	0.011	0.013	0.009	0.002	0.004	0.002	0.011	0.002	0.000	0.002	0.016	0.000						
16	0.000	0.002	0.000	0.007	0.009	0.005	0.002	0.000	0.002	0.011	0.002	0.004	0.002	0.016	0.004	0.000					
17	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.014	0.002	0.002	0.000				
18	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.014	0.002	0.002	0.000	0.000			
19	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.014	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000		
20	0.016	0.020	0.016	0.023	0.025	0.022	0.018	0.016	0.018	0.027	0.018	0.020	0.018	0.032	0.020	0.016	0.018	0.018	0.018	0.000	
21	0.002	0.002	0.002	0.009	0.011	0.007	0.000	0.002	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.014	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000
พันธุ์ *	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21

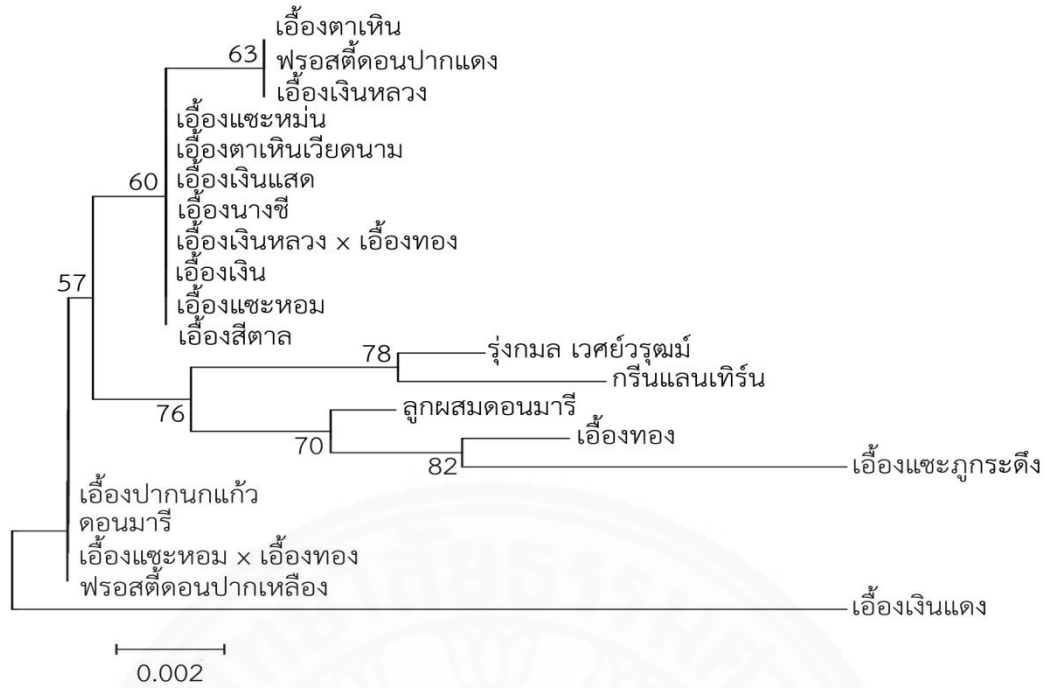
* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนนารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนนารี (7) เอื้องชะห่อม (8) เอื้องชะห่อม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องชะภูกระดัง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินสาด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องชะห่ม่น



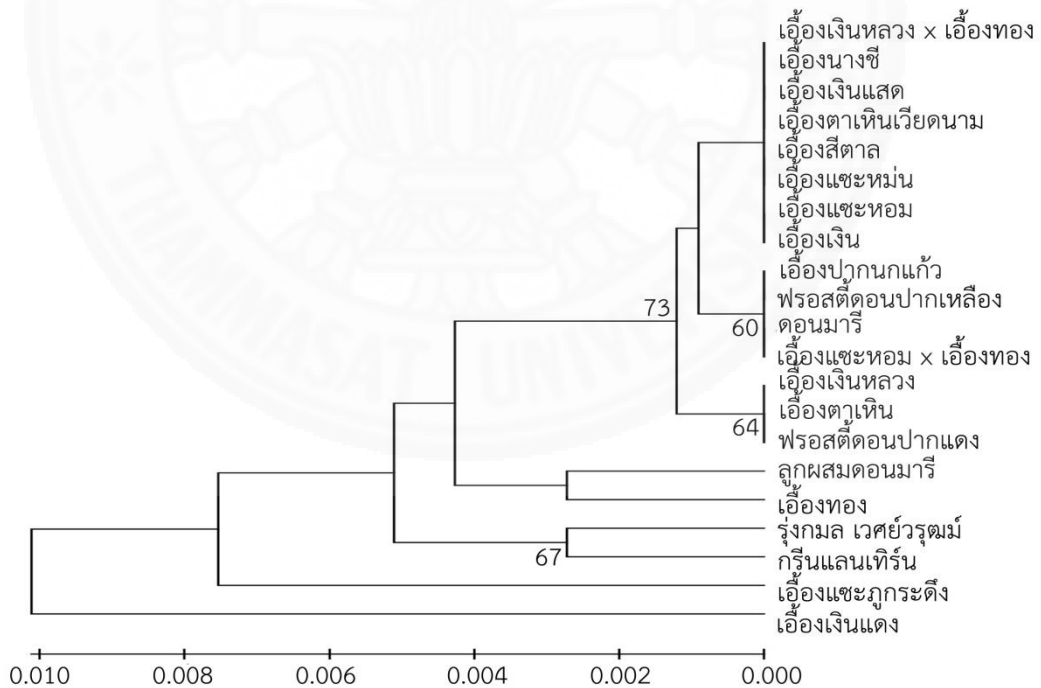
ภาพที่ 4.47 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี maximum likelihood



ภาพที่ 4.48 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rpoC1* สร้างด้วยวิธี maximum parsimony



ภาพที่ 4.49 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี neighbor joining



ภาพที่ 4.50 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล jukes cantor และสร้างด้วยวิธี UPGMA

4.4.4.4 บริเวณขึ้นยีน *trnH* และ ขึ้นยีน *psbA*

บริเวณระหว่างขึ้นยีน *trnH* และ ขึ้นยีน *psbA* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ 873-905 คู่เบส เปรียบเทียบโดยโปรแกรม ClustW ด้วยวิธี multiple alignment ดังนี้

```

8      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
11     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
12     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
18     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
10     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
17     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
7      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
9      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
13     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
14     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
21     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
19     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
20     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
16     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
5      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
4      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
3      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
1      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
15     CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
2      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
6      CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCGTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTTCCC 60
*****
8      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
11     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
12     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
18     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
10     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
17     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
7      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
9      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
13     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
14     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
21     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
19     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
20     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
16     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
5      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
4      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
3      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
1      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
15     TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
2      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
6      TTATCTAGCTAAAGGTTTCCTCTTTTTTCATTTCATCATTATACTTCAGATTAAGATCG 120
*****

```

ภาพที่ 4.51 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของขึ้นยีนเอที่อยูระหว่างยีน *trnH-psbA* (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)


```

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

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

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

```

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

- (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) ฟรอสต์ต้นปากแดง (16) ฟรอสต์ต้นปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียคนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

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

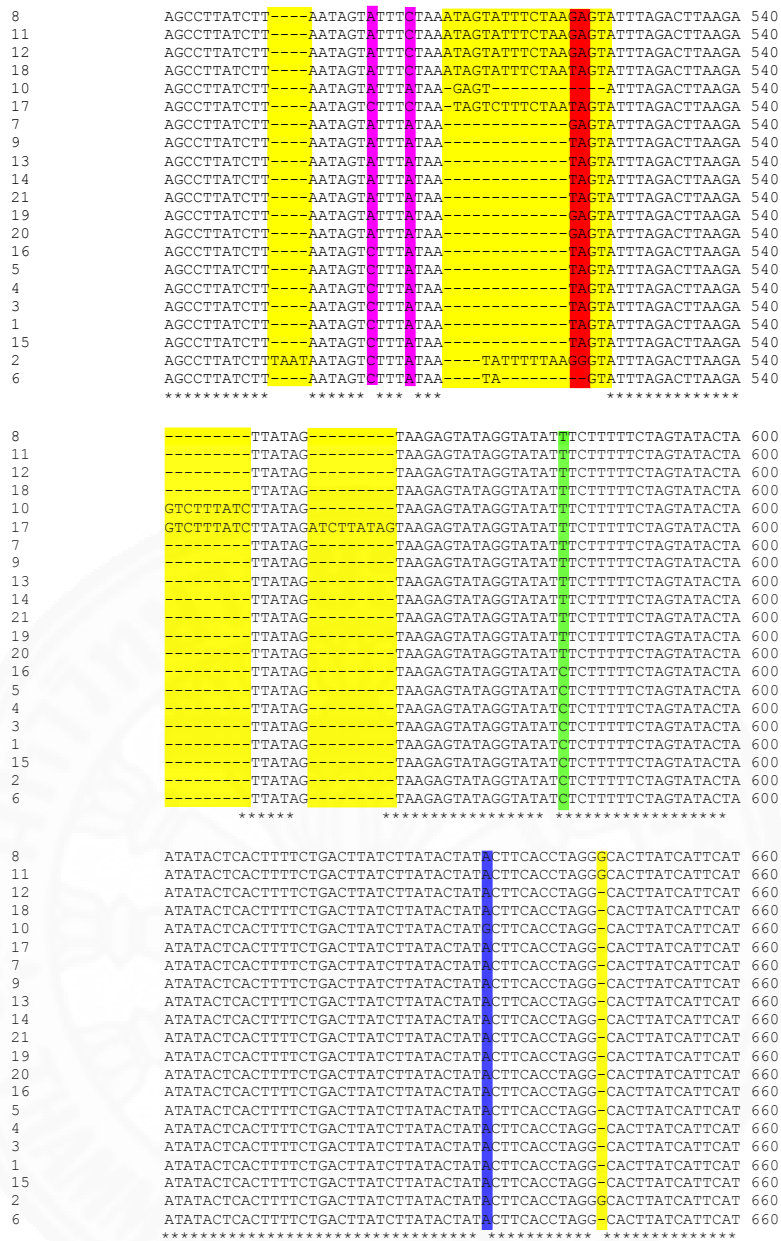
8 CACAGATCGTATGGTCGGTCACAAATGGGAGAATTCGCACCTACTCTACTTTTCGTGAG 420
11 CACAGATCGTATGGTCGGTCACAAATGGGAGAATTCGCACCTACTCTACTTTTCGTGAG 420
12 CACAGATCGTATGGTCGGTCACAAATGGGAGAATTCGCACCTACTCTACTTTTCGTGAG 420
18 CACAGATCGTATGGTCGGTCACAAATGGGAGAATTCGCACCTACTCTACTTTTCGTGAG 420
10 CACAGATCGTATGGTCGGTCACAAATGGGAGAATTCGCACCTACTCTACTTTTCGTGAG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

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

```

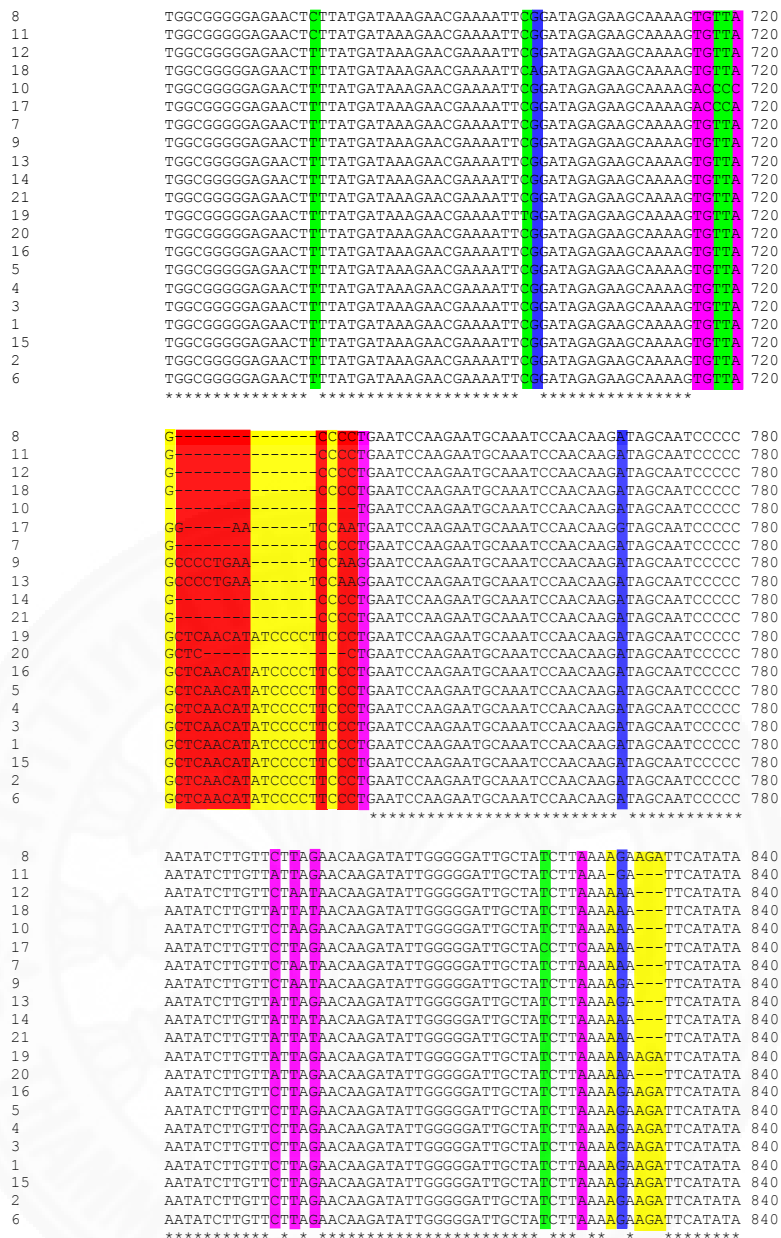
ภาพที่ 4.51 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

- (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสตี๊ดดอนปากแดง (16) พรอสตี๊ดดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)



ภาพที่ 4.51 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

(1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสตี๊ดอนปากแดง (16) พรอสตี๊ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง | คือ อินเดล | คือ การกลายหลายรูปแบบ | คือ ไพริมิตินทรานสิชัน | คือ พิวรีนทรานสิชัน และ | คือ ทรานเวอร์ชัน)



ภาพที่ 4.51 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

(1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดัง (15) พรอสตี๊ดอนปากแดง (16) พรอสตี๊ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง คือ อินเดล คือ การกลายหลายรูปแบบ คือ ไพริมิตินทรานสิชัน คือ พิวรีนทรานสิชัน และ คือ ทรานเวอร์ชัน)

```

8      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
11     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
12     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
18     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
10     CATAAAAAGTATTATCTATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
17     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
7      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
9      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
13     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
14     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
21     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
19     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
20     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
16     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
5      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
4      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
3      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
1      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
15     CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
2      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
6      CATAAAAAGTATTATCCATTTATAGATGGAGCTTCCACAGAGGCTAATCTAGAGGGA 900
*****
8      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
11     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
12     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
18     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
10     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
17     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
7      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
9      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
13     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
14     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
21     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
19     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
20     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
16     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
5      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
4      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
3      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
1      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
15     GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
2      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
6      GTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 927
*****

```

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

(1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสตี๋ดอนปากแดง (16) พรอสตี๋ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสด (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น] (รูปแบบการเปลี่ยนแปลง | คือ อินเดล | คือ การกลายหลายรูปแบบ | คือ ไพริมิตินทรานสิชัน | คือ พิวรีนทรานสิชัน และ | คือ ทรานเวอร์ชัน)

ตารางที่ 4.13 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* ที่พบความหลากหลาย

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i> เกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์
อินเดล	26-53, 492-495, 510-526, 541-549, 556-564, 646, 721-740, 827, 830-832, 875 และ 887
พิวรีนทรานสิชัน	24, 229, 524, 634, 699, 768, 828, 883, 888 และ 899
ไพริมิดีนทรานสิชัน	79, 145, 512, 582, 676, 698, 718-719, 723, 737, 820, 858 และ 874
ทรานสเวอร์ชัน	90, 409, 502, 506, 523, 716-717, 720, 722, 725-728, 739-741, 792, 794, 796, 824 และ 878

ตารางที่ 4.14 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบกับในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ชูเชและลูกผสม

ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์	พันธุกล้วยไม้ *	รูปแบบความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
858	10	C เป็น T	Gly เป็น Arg
874	14	T เป็น C	Val เป็น Gly
878	14	A เป็น T	Phe เป็น Ser
887	17	อินเดล	เปลี่ยนแปลงจำนวน 11 กรดอะมิโน **
899	14	A เป็น G	Phe เป็น Ser

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางชี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) ฟรอสตี้ดอนปากแดง (16) ฟรอสตี้ดอนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น

** จาก Leu Ala Ser Val Glu Ala Pro Ser Ile Asn Gly
เป็น Gln Ala Ala Trp Ser Ser Ile Tyr Lys Trp Ile

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* โดยตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.14) ได้แก่

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 858 สามารถระบุเอ็งทอง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากไกลซีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้ว เปลี่ยนเป็นอาร์จินีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีประจุเป็นบวก

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 874 สามารถระบุเอ็งแซ่ภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบเป็นกลาง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากแวลีนเป็นไกลซีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้วเช่นเดียวกัน

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 878 สามารถระบุเอ็งแซ่ภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้ว เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 887 สามารถระบุเอ็งเงินแสด ซึ่งพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโน จำนวน 11 กรดอะมิโน ถึงแม้ว่าลำดับการแปลรหัสกรดอะมิโนจะเปลี่ยนตำแหน่ง แต่ยังคงให้กรดอะมิโนชนิดเดิมจำนวน 5 กรดอะมิโน และอีก 6 กรดอะมิโนเกิดการเปลี่ยนแปลงแต่ยังเป็นกรดอะมิโนกลุ่มเดียวกันจำนวน 4 และกรดอะมิโนต่างกลุ่ม 2 กรดอะมิโน

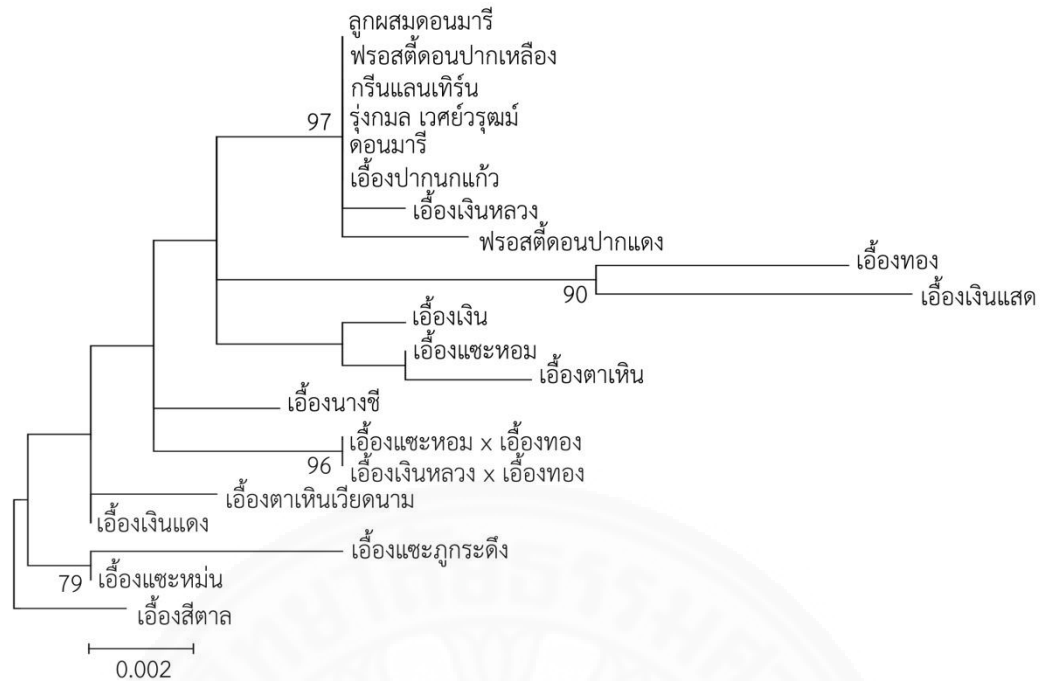
ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 899 สามารถระบุเอ็งแซ่ภูกระดิง เนื่องจากเกิดการกลายแบบไม่พ้อง โดยพบการเปลี่ยนแปลงการแปลรหัสกรดอะมิโนจากฟีนิลอะลานีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มไม่มีขั้ว เปลี่ยนเป็นเซรีนซึ่งเป็นกรดอะมิโนกลุ่มมีขั้วและมีความเป็นกลางทางไฟฟ้า

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7 พบค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเรและลูกผสม จำนวน 21 พันธุ์ เท่ากับ 0.000-0.019 (ตารางที่ 4.15) ซึ่งโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ คือ tamura 3-parameter นำโมเดลดังกล่าวมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA (ภาพที่ 4.52-4.55) พบว่าวิธี maximum likelihood และ neighbor joining ให้ผลที่คล้ายคลึงกัน และผลดังกล่าวยังสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างดอกของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเรและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์

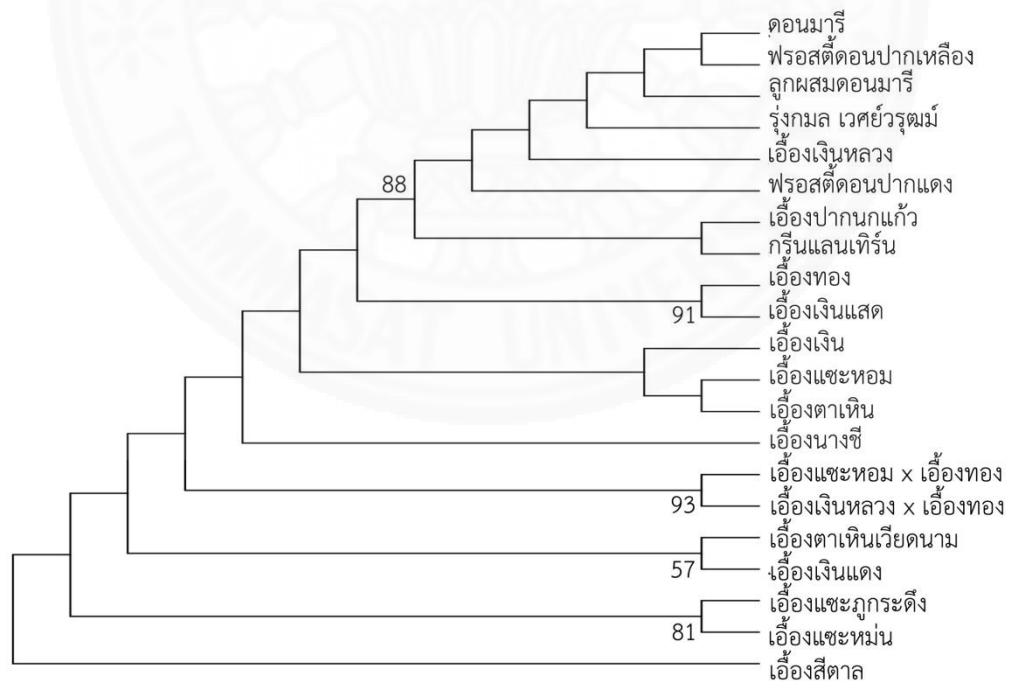
ตารางที่ 4.15 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมเมื่อวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *trnH-psbA* ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

1	0.000																						
2	0.001	0.000																					
3	0.000	0.001	0.000																				
4	0.000	0.001	0.000	0.000																			
5	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000																		
6	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000																	
7	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	0.006	0.000																
8	0.007	0.008	0.007	0.007	0.007	0.007	0.008	0.000															
9	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.002	0.008	0.000													
10	0.014	0.016	0.014	0.014	0.014	0.014	0.011	0.017	0.013	0.000													
11	0.007	0.008	0.007	0.007	0.007	0.007	0.008	0.000	0.008	0.017	0.000												
12	0.008	0.010	0.008	0.008	0.008	0.008	0.002	0.006	0.005	0.013	0.006	0.000											
13	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	0.006	0.007	0.006	0.005	0.016	0.006	0.010	0.000										
14	0.012	0.013	0.012	0.012	0.012	0.012	0.008	0.012	0.011	0.019	0.012	0.011	0.011	0.000									
15	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.008	0.010	0.008	0.017	0.010	0.011	0.008	0.014	0.000							
16	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.007	0.006	0.014	0.007	0.008	0.006	0.012	0.002	0.000							
17	0.013	0.014	0.013	0.013	0.013	0.013	0.014	0.016	0.017	0.011	0.016	0.014	0.017	0.020	0.016	0.013	0.000						
18	0.008	0.010	0.008	0.008	0.008	0.008	0.005	0.006	0.017	0.016	0.006	0.005	0.007	0.008	0.011	0.008	0.014	0.000					
19	0.007	0.008	0.007	0.007	0.007	0.007	0.006	0.007	0.008	0.014	0.007	0.008	0.006	0.010	0.010	0.007	0.016	0.006	0.000				
20	0.005	0.006	0.005	0.005	0.005	0.005	0.004	0.005	0.006	0.012	0.005	0.006	0.004	0.007	0.007	0.005	0.013	0.004	0.002	0.000			
21	0.007	0.008	0.007	0.007	0.007	0.007	0.004	0.007	0.006	0.014	0.007	0.006	0.006	0.005	0.010	0.007	0.016	0.004	0.005	0.002	0.000		
พันธุ์*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21		

* 1-21 คือ (1) เอื้องปากนกแก้ว (2) เอื้องเงินหลวง (3) ดอนมารี (4) รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์ (5) กรีนแลนเทิร์น (6) ลูกผสมดอนมารี (7) เอื้องแซะหอม (8) เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง (9) เอื้องเงิน (10) เอื้องทอง (11) เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง (12) เอื้องตาเหิน (13) เอื้องนางซี (14) เอื้องแซะภูกระดึง (15) พรอสต์ต้อนปากแดง (16) พรอสต์ต้อนปากเหลือง (17) เอื้องเงินแสง (18) เอื้องสีตาล (19) เอื้องตาเหินเวียดนาม (20) เอื้องเงินแดง และ (21) เอื้องแซะหม่น



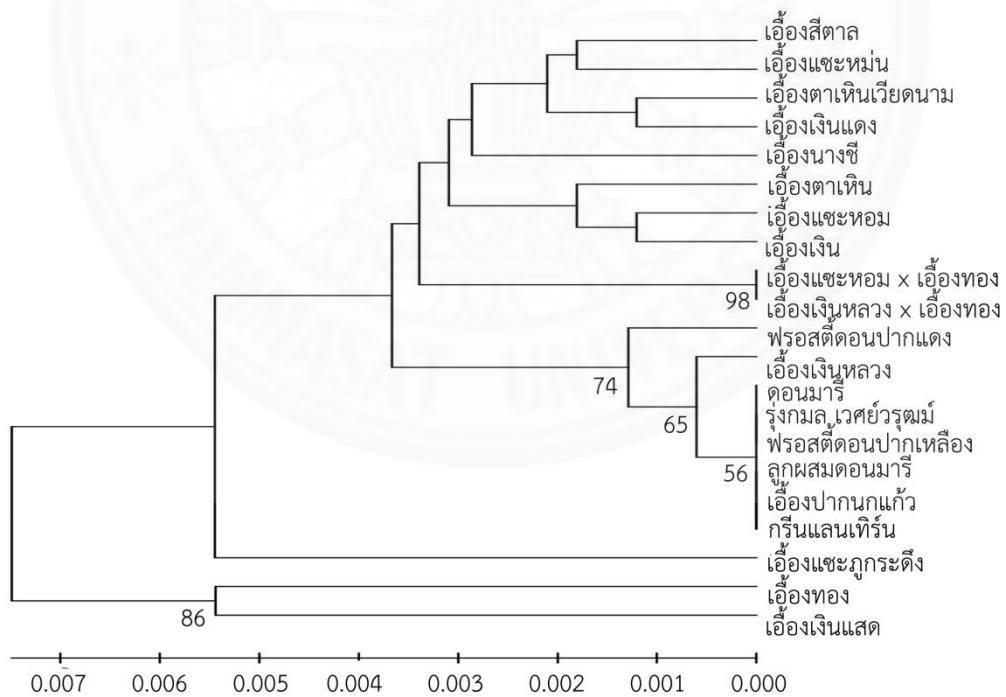
ภาพที่ 4.52 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไ้น้กรเซอร์ชูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากซีดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* จำนวนจากโมเดล tamura 3-parameter และสร้างด้วยวิธี maximum likelihood



ภาพที่ 4.53 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไ้น้กรเซอร์ชูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากซีดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* สร้างด้วยวิธี maximum parsimony



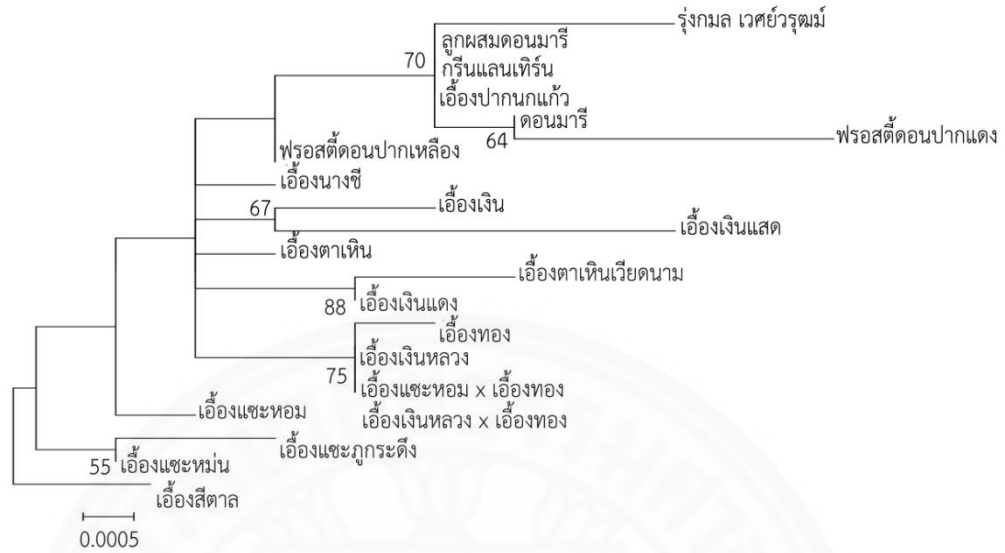
ภาพที่ 4.54 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และสร้างด้วยวิธี neighbor joining



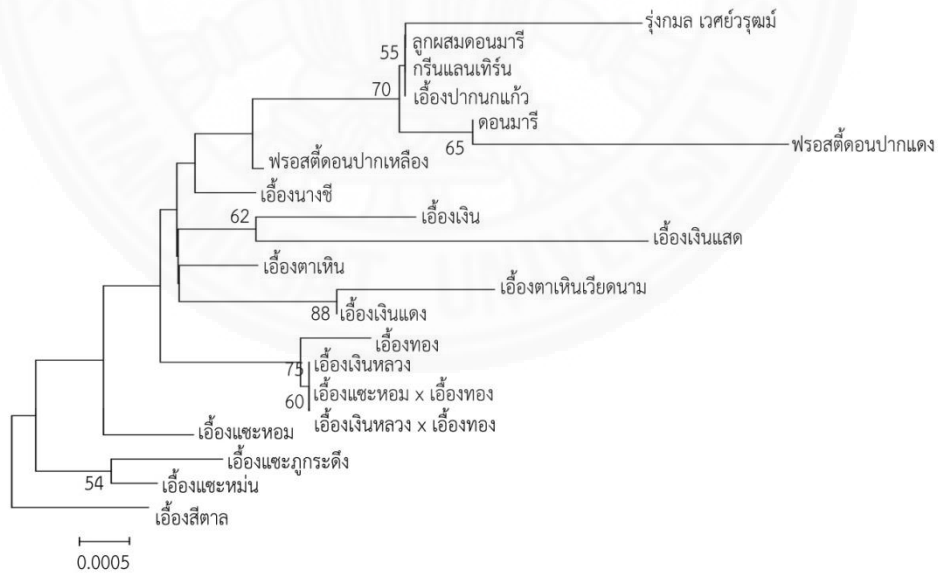
ภาพที่ 4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และสร้างด้วยวิธี UPGMA

4.5 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน

4.5.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcL*

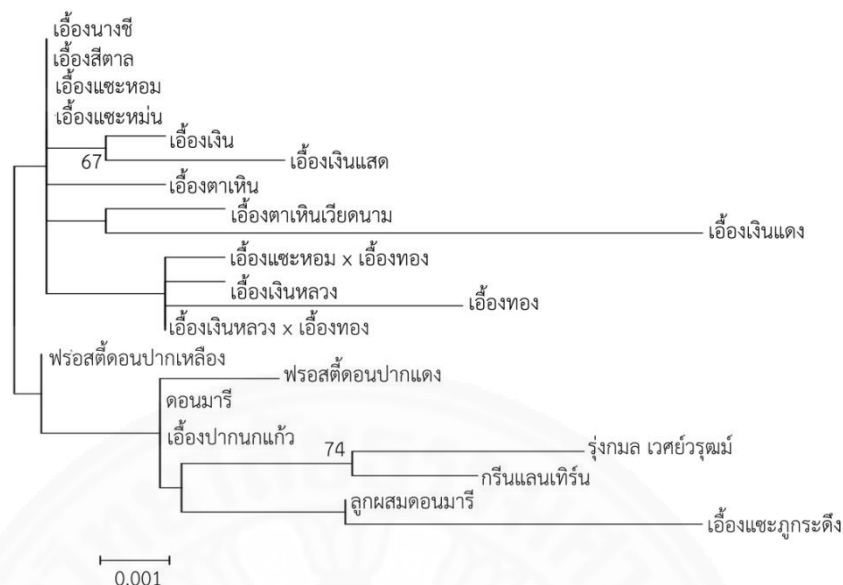


ภาพที่ 4.56 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหนู่โน้กรฮอร์ชู่เฮและกล้วยผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcL* คำนวนจากโมเดล *tamura 3-parameter* และจัดกลุ่มด้วยวิธี *maximum likelihood*

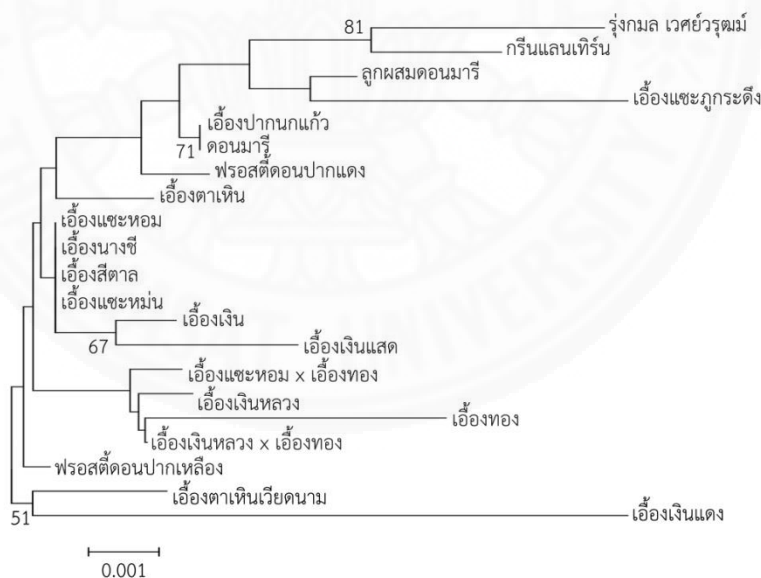


ภาพที่ 4.57 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหนู่โน้กรฮอร์ชู่เฮและกล้วยผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcL* คำนวนจากโมเดล *tamura 3-parameter* และจัดกลุ่มด้วยวิธี *neighbor joining*

4.5.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1*

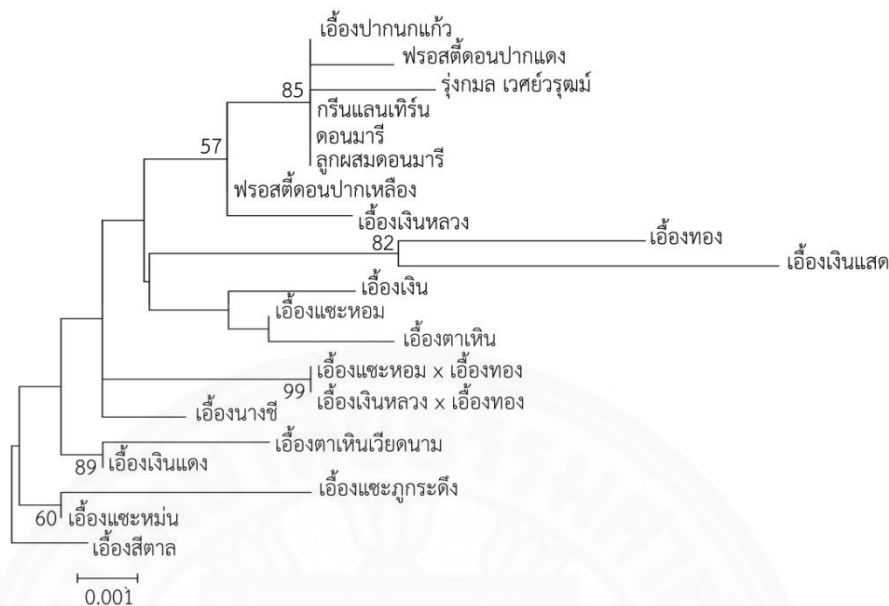


ภาพที่ 4.58 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

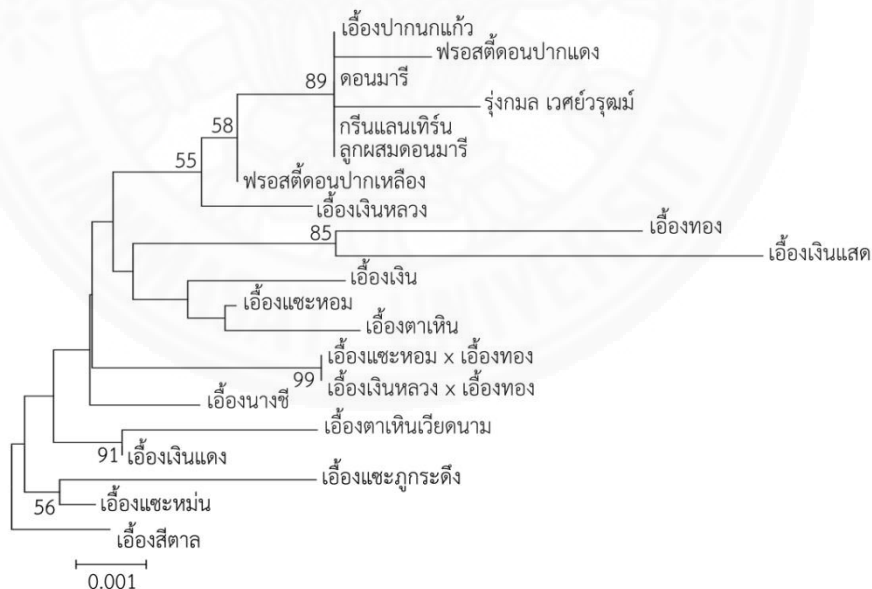


ภาพที่ 4.59 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.5.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



ภาพที่ 4.60 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากของยีน *matK* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณ จากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

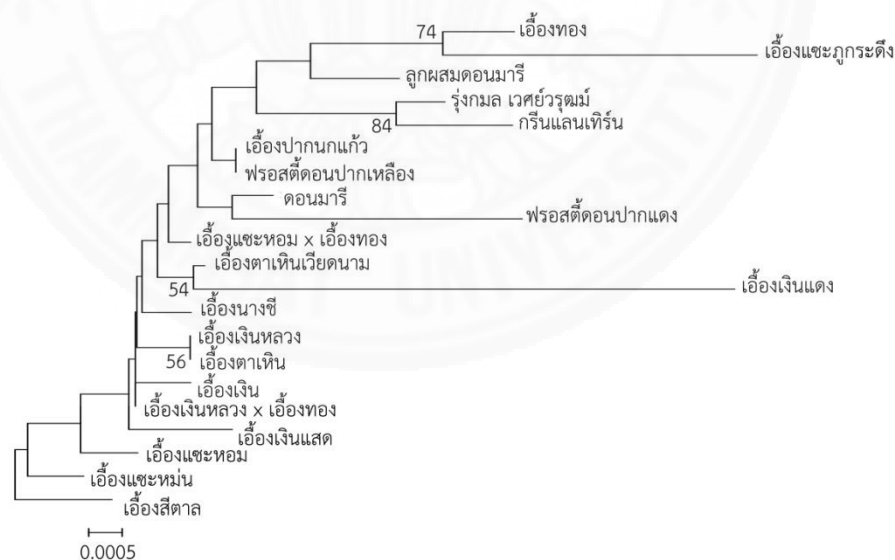


ภาพที่ 4.61 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากของยีน *matK* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณ จากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.5.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับยีน *rpoC1*

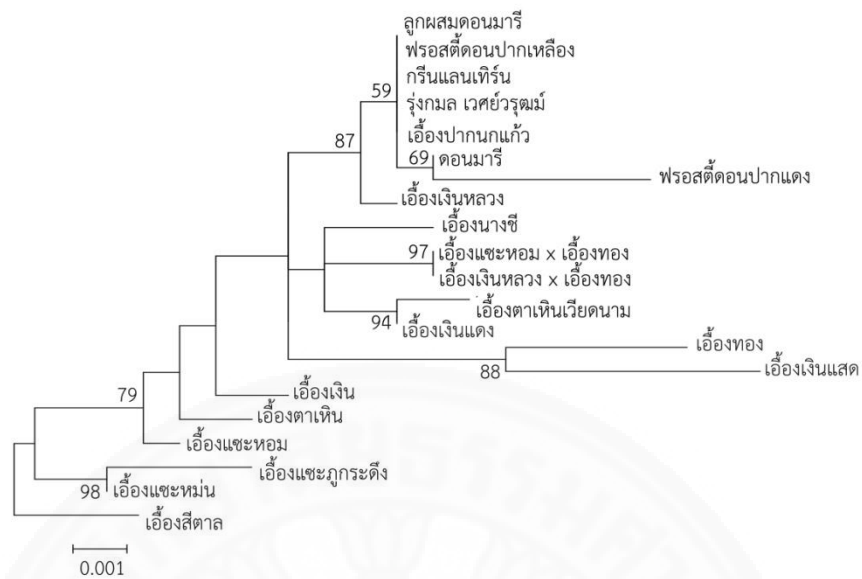


ภาพที่ 4.62 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcL* ร่วมกับยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และ จัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

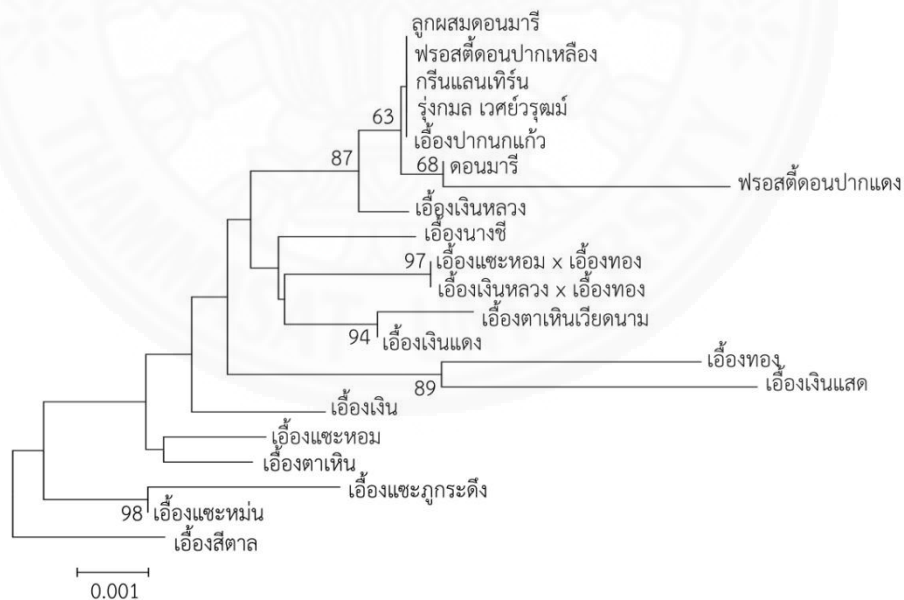


ภาพที่ 4.63 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcL* ร่วมกับยีน *rpoC1* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และ จัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.5.5 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



ภาพที่ 4.64 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจาก โมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

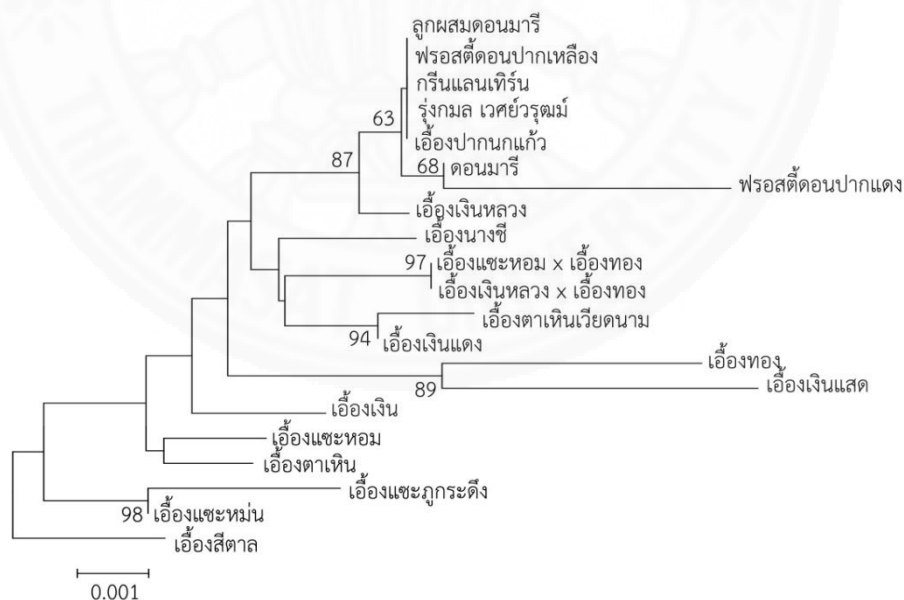


ภาพที่ 4.65 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโกรเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *rbcl* ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจาก โมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.5.6 การวิเคราะห์จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



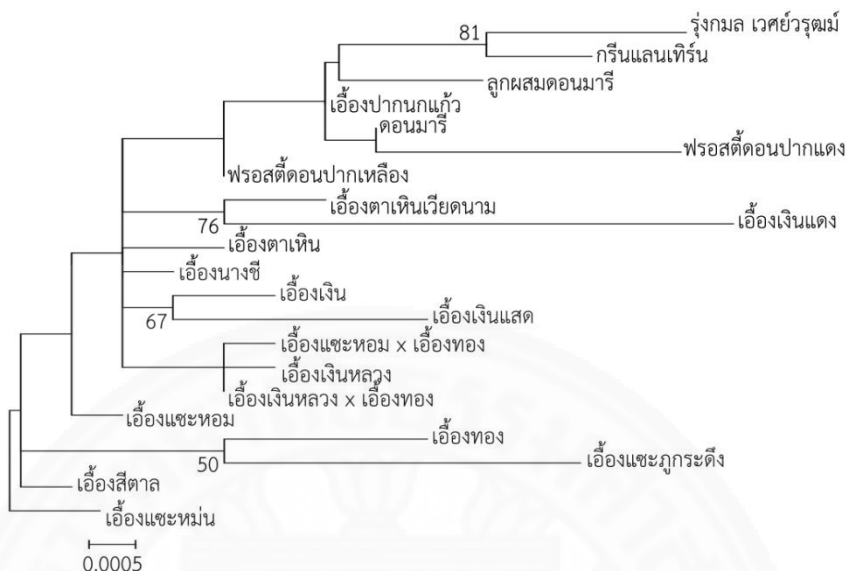
ภาพที่ 4.66 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในไทรโอเรอัสและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rpoC1* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood



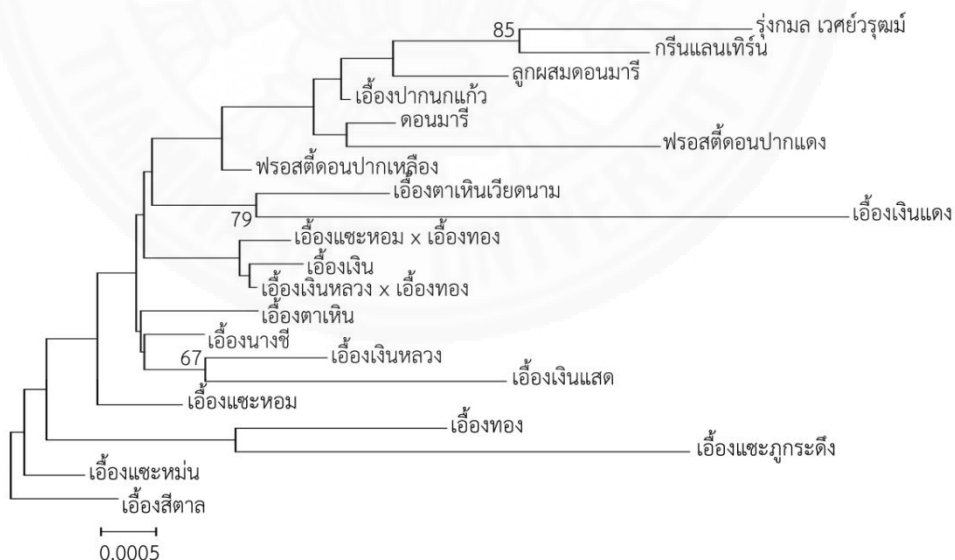
ภาพที่ 4.67 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในไทรโอเรอัสและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rpoC1* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณด้วยโมเดล tamura 3-parameter และเลือกจัดกลุ่มแบบ neighbor joining

4.6 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน

4.6.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับ *rbcl*

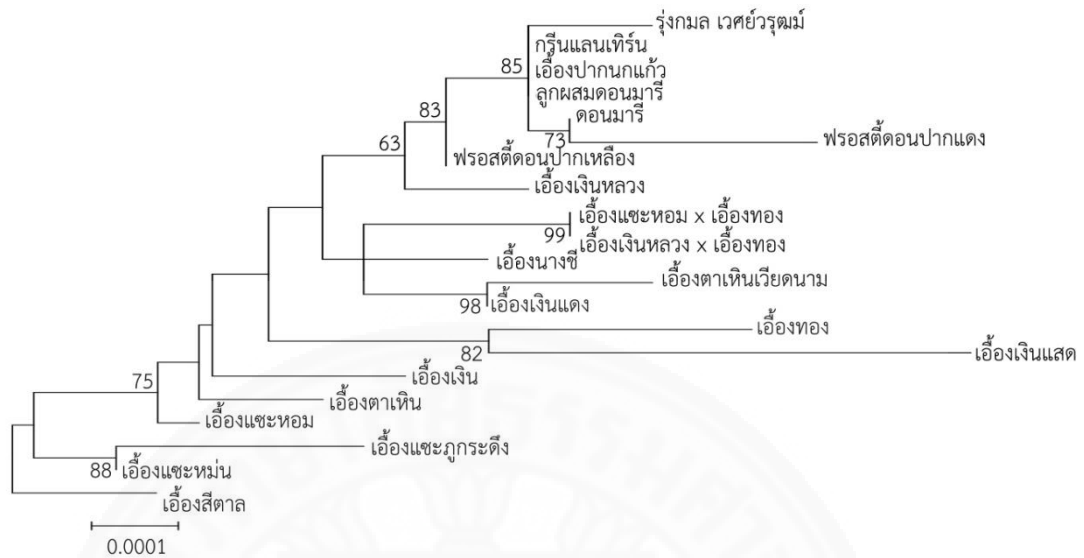


ภาพที่ 4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK*, *rpoC1* และ *rbcl* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

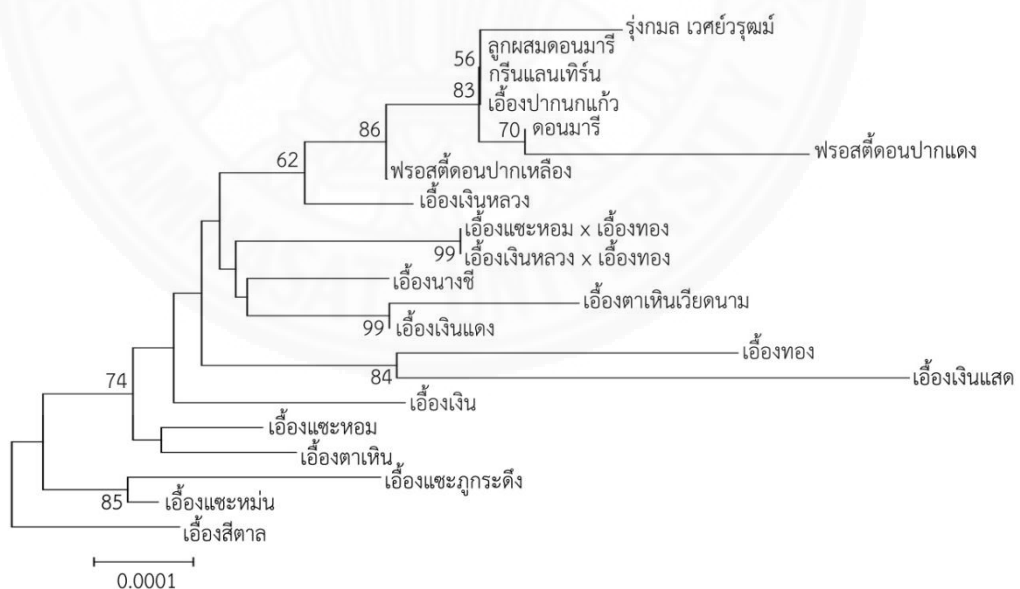


ภาพที่ 4.69 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสม วิเคราะห์จากยีน *matK*, *rpoC1* และ *rbcl* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.6.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl* ร่วมกับขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



ภาพที่ 4.70 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rbcl* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood

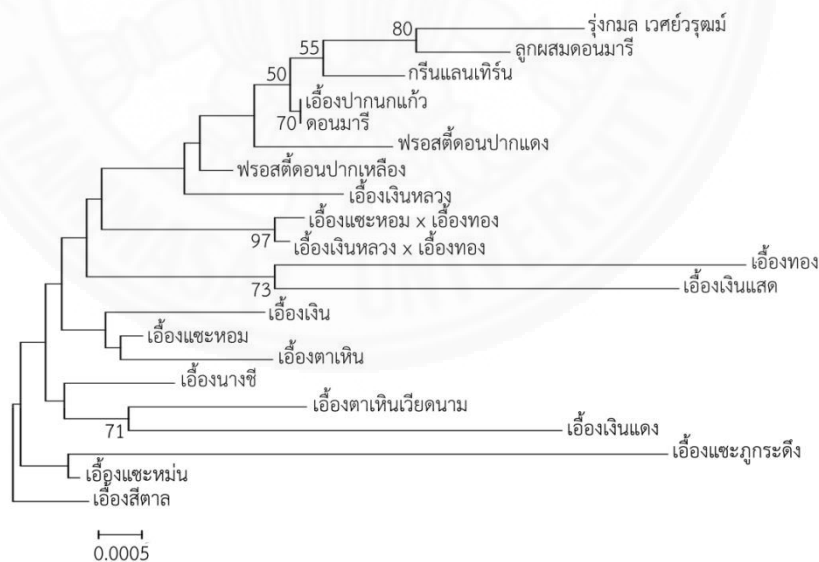


ภาพที่ 4.71 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rbcl* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.6.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

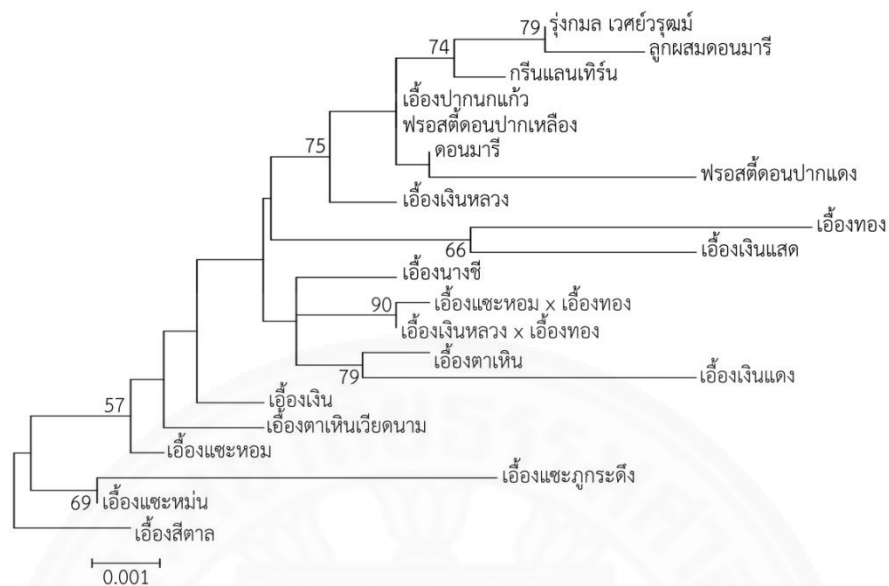


ภาพที่ 4.72 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโนกรเซอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rpoC1* และซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood



ภาพที่ 4.73 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโนกรเซอร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rpoC1* และซีเอ็นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

4.6.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *rpoC1* ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



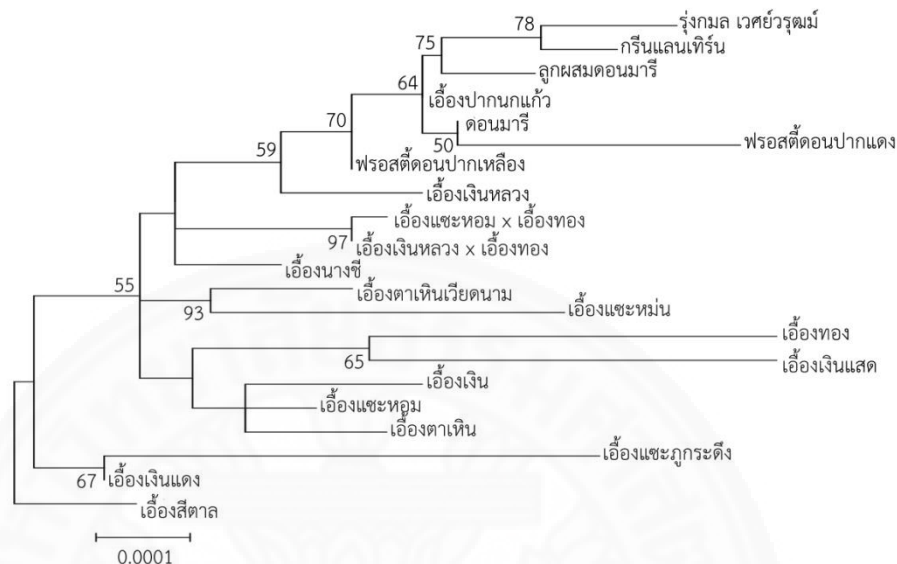
ภาพที่ 4.74 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอริชูเอและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rbcL*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล *tamura 3-parameter* และจัดกลุ่มด้วยวิธี *maximum likelihood*



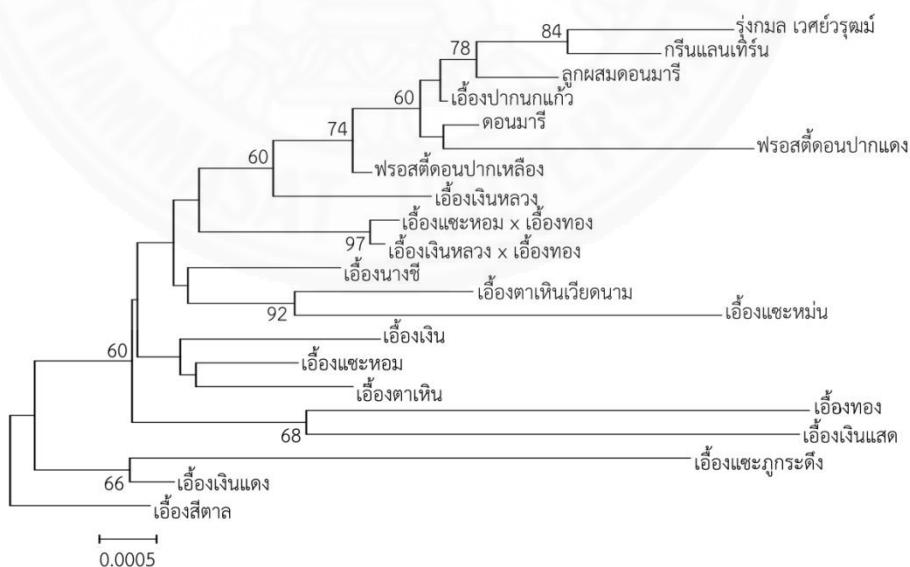
ภาพที่ 4.75 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอริชูเอและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *rbcL*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล *tamura 3-parameter* และจัดกลุ่มด้วยวิธี *neighbor joining*

4.7 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน

4.7.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* ร่วมกับซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*



ภาพที่ 4.76 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเออร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood



ภาพที่ 4.77 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเออร์ซูเซและลูกผสมวิเคราะห์จากยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* คำนวณจากโมเดล tamura 3-parameter และจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

ตารางที่ 4.16 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพการจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเชและ
 ลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ จากการเลือกใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน

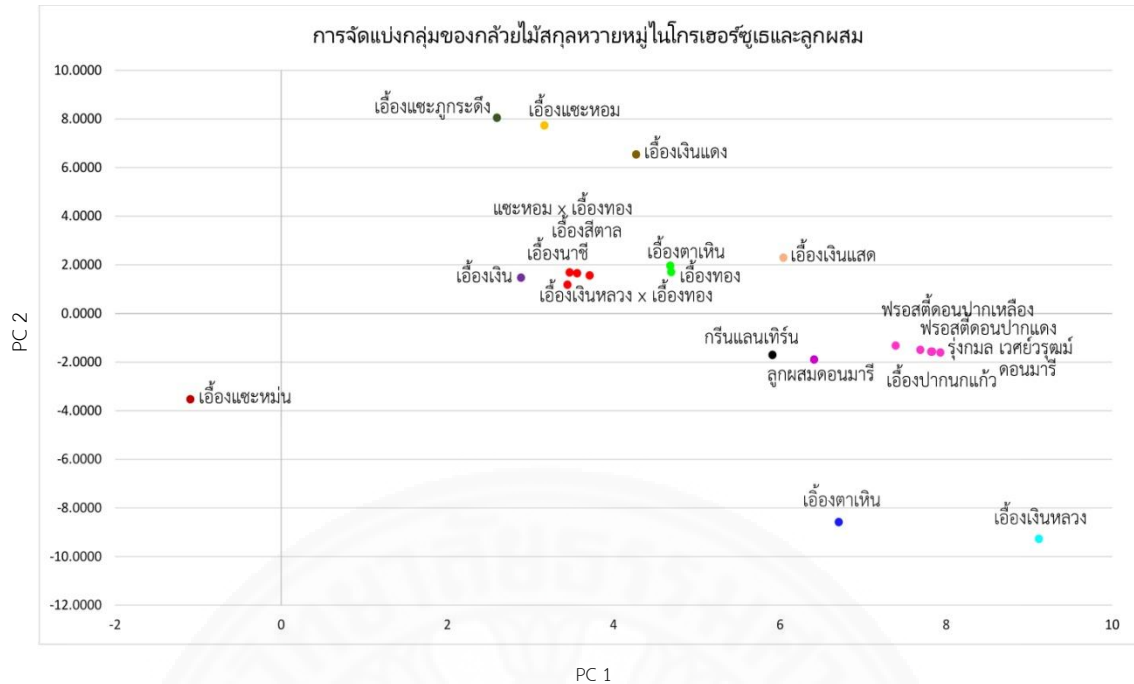
ความสามารถการจำแนกกล้วยไม้จาก ยีนในคลอโรพลาสต์	การจัดกลุ่มด้วยวิธี	
	ML	NJ
<i>matK</i>	23.8% (5/21)	23.8% (5/21)
<i>rbcl</i>	28.5% (6/21)	33.3% (7/21)
<i>rpoC1</i>	19.0 (4/21)	28.5% (6/21)
<i>trnH-psbA</i>	47.6% (10/21)	52.3% (11/21)
<i>matK + rbcl</i>	52.3% (11/21)	61.9% (13/21)
<i>matK + rpoC1</i>	57.1% (12/21)	61.9% (13/21)
<i>matK + trnH-psbA</i>	52.3% (11/21)	61.9% (13/21)
<i>rbcl + rpoC1</i>	52.3% (11/21)	67.1% (16/21)
<i>rbcl + trnH-psbA</i>	52.3% (11/21)	52.3% (11/21)
<i>rpoC1 + trnH-psbA</i>	66.6% (14/21)	85.7% (18/21)
<i>matK + rbcl + rpoC1</i>	80.9% (17/21)	100% (21/21)
<i>matK + rbcl + trnH-psbA</i>	57.1% (12/21)	61.9% (13/21)
<i>matK + rpoC1 + trnH-psbA</i>	71.4% (15/21)	80.9% (17/21)
<i>rbcl + rpoC1 + trnH-psbA</i>	71.4% (15/21)	90.4% (19/21)
<i>matK + rbcl + rpoC1 + trnH-psbA</i>	67.1% (16/21)	100% (21/21)

จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะจำนวน 4 ยีน และใช้วิธีการวิเคราะห์ 4 วิธี งานวิจัยนี้พบว่าโมเดลที่เหมาะสมคือ tamura 3-parameter และวิธีการจัดกลุ่มที่เหมาะสมคือ maximum-likelihood (ML) และ neighbor joining (NJ) เนื่องจากทั้ง 2 วิธี ให้ผลการจัดกลุ่มที่คล้ายคลึงกัน ซึ่งให้ความน่าเชื่อถือมากกว่าการจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum parsimony (MP) และ UPGMA ที่ให้ผลการจัดกลุ่มที่แตกต่างออกไป ดังนั้นจึงเลือกวิธี maximum likelihood และ neighbor-joining สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันมากกว่า 1 ยีน (ภาพที่ 4.56-4.77)

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน ได้แก่ *matK*, *rbcl* และ *rpoC1* และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน ได้แก่ *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ด้วยวิธีจัดกลุ่มแบบ neighbor joining สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุเชและ

ลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ ได้ออกจากกันได้ทั้งหมด (คิดเป็น 100 เปอร์เซ็นต์) (ตารางที่ 4.16) ถึงแม้ว่าผลของการวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl* และ *rpoC1* สามารถจำแนกกล้วยไม้ตัวอย่างได้ทั้งหมด แต่เมื่อเปรียบเทียบกับผลการวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 4 ยีน สามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้สอดคล้องกับลักษณะพื้นฐานมากกว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 3 ยีน

จากนั้นนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* วิเคราะห์ร่วมกันเพื่อศึกษาการจัดแบ่งกลุ่มด้วยวิธี principle component analysis (PCA) พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มได้ทั้งหมด 13 กลุ่ม (ภาพที่ 4.78) พบว่าพันธุ์ลูกผสมจะถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับต้นแม่พันธุ์หรืออยู่ต่างกลุ่มกับต้นแม่พันธุ์ แต่จะมีระยะห่างการกระจายที่ใกล้เคียงต้นแม่พันธุ์มากกว่าต้นพ่อพันธุ์ โดยการจัดกลุ่มดังกล่าวได้ให้ผลสอดคล้องกับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์จากตำแหน่งการกลายทั้งหมดของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ของต้นพ่อพันธุ์แม่พันธุ์และลูกผสม พบว่าพันธุ์ลูกผสมมีลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนมากเหมือนต้นแม่พันธุ์มากกว่าต้นพ่อพันธุ์ (ตารางที่ 4.17-4.20) เนื่องจากการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของจีโนมในไซโทพลาซึมประกอบด้วยจีโนมไมโทคอนเดรียและจีโนมคลอโรพลาสต์ ต้นลูกจะได้รับการถ่ายทอดจากต้นแม่พันธุ์ 75 เปอร์เซ็นต์ ต้นพ่อพันธุ์ 25 เปอร์เซ็นต์ (สุรินทร์, 2554) ถึงแม้ว่าจากตารางที่ 4.17-4.20 เปอร์เซ็นต์ความเหมือนลำดับนิวคลีโอไทด์ของลูกผสมจะมีค่าใกล้เคียงทั้งต้นพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ เนื่องจาเป็นการศึกษาด้วยวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์เพียงบางช่วงของตำแหน่ง (partial) ในแต่ละยีน แต่ลูกผสมทั้ง 6 พันธุ์ ยังคงมีเปอร์เซ็นต์ส่วนมากที่คล้ายกับต้นแม่พันธุ์มากกว่าต้นพ่อพันธุ์ ดังนั้นการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์แบบจำเพาะในครั้งนี้จึงสามารถสนับสนุนทฤษฎีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบ maternal inheritance ได้



ภาพที่ 4.78 การจัดแบ่งกลุ่มของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ในโครโซมจีโนมและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

ตารางที่ 4.17 เปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบ maternal inheritance ของ ยีน *matK* ระหว่างต้นพ่อพันธุ์แม่พันธุ์และลูกผสม

ลูกผสม	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนต่อ ตำแหน่งการกลายทั้งหมดของยีน <i>matK</i> *	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์
ดอนมารี	99.7% (338/339)	99.4% (337/339)
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	99.1% (336/339)	98.2% (333/339)
กรีนแลนเทิร์น	96.7% (328/339)	96.7% (328/339)
ลูกผสมดอนมารี	97.0% (329/339)	96.7% (328/339)
เอื้องชะง่อม x เอื้องทอง	97.0% (329/339)	97.3% (330/339)
เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	97.6% (331/339)	97.3% (330/339)

*พรอสต์ติดอนปากแดงและพรอสต์ติดอนปากเหลืองไม่มีข้อมูลต้นพ่อพันธุ์

ตารางที่ 4.18 เปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบ maternal inheritance ของ ยีน *rbcl* ระหว่างต้นพ่อพันธุ์แม่พันธุ์และลูกผสม

ลูกผสม	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนต่อ ตำแหน่งการกลายทั้งหมดของยีน <i>rbcl</i> *	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์
ดอนมารี	93.7% (15/16)	87.5% (14/16)
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	93.7% (15/16)	93.7% (15/16)
กรีนแลนเทิร์น	93.7% (15/16)	100% (16/16)
ลูกผสมดอนมารี	93.7% (15/16)	81.2% (13/16)
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	87.5% (14/16)	93.7% (15/16)
เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	100% (16/16)	93.7% (15/16)

ตารางที่ 4.19 เปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบ maternal inheritance ของ ยีน *rpoC1* ระหว่างต้นพ่อพันธุ์แม่พันธุ์และลูกผสม

ลูกผสม	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนต่อ ตำแหน่งการกลายทั้งหมดของยีน <i>rpoC1</i> *	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์
ดอนมารี	100% (24/24)	91.6% (22/24)
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	83.3% (20/24)	75.0% (18/24)
กรีนแลนเทิร์น	79.1% (19/24)	79.1% (19/24)
ลูกผสมดอนมารี	87.5% (21/24)	83.3% (20/24)
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	95.8% (23/24)	70.8% (17/24)
เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	95.8% (23/24)	95.8% (23/24)

*ฟอสดีคอนปากแดงและฟอสดีคอนปากเหลืองไม่มีข้อมูลต้นพ่อพันธุ์

ตารางที่ 4.20 เปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบ maternal inheritance ของ
 ซีนติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ระหว่างต้นพ่อพันธุ์แม่พันธุ์และลูกผสม

ลูกผสม	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนต่อ ตำแหน่งการกลายทั้งหมดของยีน <i>trnH-psbA</i> *	
	แม่พันธุ์	พ่อพันธุ์
ดอนมารี	100% (127/127)	64.5% (82/127)
รุ่งกมล เวศย์วรุฒม์	100% (127/127)	64.5% (82/127)
กรีนแลนเทิร์น	100% (127/127)	100% (127/127)
ลูกผสมดอนมารี	84.2% (107/127)	65.3% (83/127)
เอื้องแซะหอม x เอื้องทอง	81.8% (104/127)	65.3% (83/127)
เอื้องเงินหลวง x เอื้องทอง	75.6% (96/127)	47.2% (60/127)

*พรอสต์ติตอนปากแดงและพรอสต์ติตอนปากเหลืองไม่มีข้อมูลต้นพ่อพันธุ์

4.8 อภิปรายผล

สำหรับการวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ เป็นเครื่องหมายที่ใช้ไพรเมอร์สายเดี่ยวซึ่งมีลำดับนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มและแบบไมโครแซทเทลไลท์ ตามลำดับ พบว่าเครื่องทั้งสองชนิดมีประสิทธิภาพระดับปานกลางต่อการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุสและลูกผสมจำนวน 15 พันธุ์ อีกทั้งสอดคล้องกับงานวิจัยก่อนหน้านี้ที่ระบุว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีมีประสิทธิภาพสูงสำหรับการจำแนกพืชลูกผสม (Sheng *et al.*, 2000; Rungrach *et al.*, 2005; Shasany *et al.*, 2005; Sitthiphrom *et al.*, 2006; Chundet *et al.*, 2007) รวมถึงเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ที่ถูกเลือกใช้เพื่อการจัดจำแนกพืชลูกผสม (Liwang *et al.*, 2007; Ramya and Kabwe, 20012; Che *et al.*, 2013; Claudinea *et al.*, 2013) และงานวิจัยครั้งนี้พบว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถให้จำนวนแถบดีเอ็นเอที่แสดงความหลากหลายของตัวอย่างมากกว่าเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ เช่นเดียวกับงานวิจัยก่อนหน้านี้ที่ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ (ฐิติพร, 2556) เมื่อพิจารณาแผนภูมิความสัมพันธ์ของทั้งสองเครื่องหมาย พบว่าให้ผลการจัดกลุ่มที่สอดคล้องกัน แต่ยังพบกล้วยไม้บางตัวอย่างที่จัดกลุ่มได้ต่างออกไป เนื่องจากปริมาณข้อมูลแถบดีเอ็นเอของเครื่องหมายทั้ง 2 มีความแตกต่างกันอย่างมาก ดังนั้นการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 2 ร่วมกันจะสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ซุสและลูกผสมจำนวน 15 พันธุ์ ได้มากยิ่งขึ้น เช่นเดียวกับงานวิจัยการศึกษาความสัมพันธ์ของมะกอกออลิฟ (*Olea europaea* L.) จากการประยุกต์ใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดีร่วมกับเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ พบว่า

สามารถสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ที่ถูกต้องมากขึ้นเมื่อเทียบกับลักษณะสัณฐาน (Mohamad *et al.*, 2014) นอกจากนี้ยังพบว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถให้แถบดีเอ็นเอที่จำเพาะซึ่งสามารถนำไปศึกษาต่อโดยการเพิ่มตัวอย่างลูกผสมในกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเอจำนวนมากขึ้น เพื่อพัฒนาตำแหน่งดีเอ็นเอที่จำเพาะดังกล่าวให้เป็นเครื่องหมายจำเพาะต่อชนิดของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเอและลูกผสม ได้เช่นเดียวกับงานวิจัยการพัฒนาเครื่องหมายสการ์ (SCAR marker) สำหรับพืชสกุลลิ้นจี่ (*Litchi chinensis* Sonn.) (Jingliang *et al.*, 2015)

สำหรับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะเพื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม แสดงพบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะของยีนในคลอโรพลาสต์จำนวน 1 ยีน และ 2 ยีนร่วมกัน ให้ผลเป็นแนวทางเดียวกัน คือ สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเอและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ ได้เพียงบางพันธุ์ ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการจัดจำแนกจึงควรใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกันมากกว่า 2 ยีน โดยการวิจัยครั้งนี้พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน หรือ 4 ยีน สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเอและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ ได้ทั้งหมด ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยการพัฒนาเครื่องหมายรหัสแท่งดีเอ็นเอ (DNA barcode) ของกล้วยไม้สกุลหวายในประเทศจีน ที่แสดงถึงการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะยีนร่วมกันจำนวน 3-4 ยีน สามารถเพิ่มประสิทธิภาพการจัดจำแนกได้มากยิ่งขึ้น (Songzhi *et al.*, 2015) แต่จากผลการการวิจัยครั้งนี้พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะยีน *matK*, *rbcl* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ร่วมกันจะลดประสิทธิภาพการจัดจำแนกของตัวอย่าง ซึ่งขัดแย้งกับงานวิจัยก่อนหน้านี้ที่ศึกษาพืชสกุลหวายจากบริเวณจำเพาะยีน *matK*, *rbcl* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* (Han-Qi Yang *et al.*, 2012) เนื่องจากตัวอย่างกล้วยไม้ที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้เป็นลูกผสมจำนวน 8 พันธุ์ จากกล้วยไม้ตัวอย่างทั้งหมด 21 พันธุ์ ตัวอย่างมากใหญ่จะเกิดจากต้นแม่สายพันธุ์เดียวกัน (เอื้องปากนกแก้ว) ส่งผลให้จีโนมของคลอโรพลาสต์จึงมีความคล้ายกับต้นแม่พันธุ์มาก จึงควรใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะที่พบความผันแปรทางพันธุกรรมสูง แต่จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* พบความแตกต่างกันเพียง 16 ตำแหน่ง จึงอาจเป็นสาเหตุที่ส่งผลต่อประสิทธิภาพการจัดจำแนกที่ลดลง

อย่างไรก็ตามการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน คือ *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และระหว่างซันยีน *trnH* กับ *psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining มีประสิทธิภาพมากที่สุดสำหรับการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเอและลูกผสมทั้ง 21 พันธุ์ เนื่องจากการคำนวณค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมดังกล่าว ใช้หลักการเกิดวิวัฒนาการในธรรมชาติที่ไม่พร้อมกัน จึงมีการปรับค่า distance ใหม่ ส่งผลให้ข้อมูลที่ได้จึงมีความถูกต้องและน่าเชื่อถือ (สุรินทร์, 2552)

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการวิจัย

จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอรวมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมจำนวน 15 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ สามารถเพิ่มลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจนและให้แถบความหลากหลายจำนวนมากเท่ากับ 229 และ 142 ตามลำดับ และมีค่า PIC เฉลี่ยเท่ากับ 0.28 และ 0.23 ตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นถึงการมีประสิทธิภาพของเครื่องหมายทั้ง 2 อยู่ในระดับปานกลาง ดังนั้นเพื่อเพิ่มความถูกต้องสำหรับการวิเคราะห์จึงควรใช้เครื่องหมายทั้ง 2 ร่วมกัน จากการวิจัยพบว่าการใช้เครื่องหมายทั้ง 2 วิเคราะห์ร่วมกันสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมทั้ง 15 พันธุ์ ได้และจากการวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งกลุ่มได้ 5 กลุ่ม

จากการศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะพบว่าการใช้ยีนวิเคราะห์ร่วมกัน 4 ยีน ได้แก่ *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* ร่วมกัน สามารถจัดจำแนกและระบุชนิดพันธุ์กล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ ได้ทั้งหมด และเมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์มาวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่า *tamura* 3-parameter เป็นโมเดลที่เหมาะสมที่สุดโดยควรเลือกจัดกลุ่มด้วยวิธี neighbor joining

โดยลำดับนิวคลีโอไทด์จากการวิเคราะห์ร่วมกันทั้ง 4 ยีน จะให้ความยาวลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งสิ้น 3,096 ตำแหน่ง โดยเป็นตำแหน่งการกลายทั้งหมด 506 ตำแหน่ง (*matK*=339, *rbcL*=16, *rpoC1*=24, *trnH-psbA*=127) ซึ่งตำแหน่งการกลายที่ส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนพบทั้งสิ้น 44 ตำแหน่ง (*matK*=19, *rbcL*=10, *rpoC1*=11, *trnH-psbA*=4) แต่มีเพียง 30 ตำแหน่ง (*matK*=15, *rbcL*=4, *rpoC1*=8, *trnH-psbA*=3) ที่เกิดการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนข้ามกลุ่ม ซึ่งการเปลี่ยนแปลงดังกล่าวอาจส่งผลต่อการเข้าจับของโปรตีนและเกิดการแสดงออกในลักษณะฟีโนไทป์ (phenotype) ที่แตกต่างกันของกล้วยไม้แต่ละพันธุ์

เครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 เป็นเครื่องหมายที่มีประสิทธิภาพโดยสามารถใช้จัดจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโกรเฮอร์ชูเชและลูกผสมจำนวน 21 พันธุ์ ที่พบในประเทศไทยได้ พบว่าการจัดกลุ่มของทั้ง 3 เครื่องหมายไม่ได้มีจำนวนกลุ่มและสมาชิกในกลุ่มที่เหมือนกันทั้งหมด เนื่องจากการใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ คือการศึกษาดีเอ็นเอทั้งจีโนม ขณะที่เครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะคือการศึกษาดีเอ็นเอของคลอโรพลาสต์เท่านั้น แต่เมื่อพิจารณาค่าดัชนีความเหมือนของการวิเคราะห์ร่วมระหว่างเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีกับไอเอสเอสอาร์ และค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะทั้ง 4 ยีน พบว่าให้ผลการศึกษาความสัมพันธ์ที่สอดคล้องกัน

5.2 ข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาวิจัยพบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 มีขั้นตอนที่ไม่ยุ่งยาก รวดเร็ว ค่าใช้จ่ายต่ำ อีกทั้งสามารถใช้ศึกษาได้กับสารละลายดีเอ็นเอตัวอย่างที่มีปริมาณน้อย จึงสามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น

ถึงแม้ว่าจะมีข้อดีหลายประการแต่ก็ยังมีข้อจำกัด คือ เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ สามารถจำแนกตัวอย่างระหว่างพันธุ์ (among species) และภายในพันธุ์เดียวกัน (within species) ได้สูง ซึ่งต่างจากเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะ สามารถจำแนกตัวอย่างระหว่างสกุล (genus) และระหว่างชนิด (among species) ได้สูง แต่ไม่สามารถจำแนกระหว่างพันธุ์เดียวกันได้ ดังนั้นจึงควรเลือกใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่เหมาะสมกับตัวอย่างซึ่งสามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น

รายการอ้างอิง

1. กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ. (2549). พันธุศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 1. มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, กรุงเทพมหานคร.
2. ครรชิต ธรรมศิริ. (2550). เทคโนโลยีการผลิตกล้วยไม้. พิมพ์ครั้งที่ 1. อัมรินทร์พรินต์ติ้ง แอนด์พับลิชชิ่ง, กรุงเทพมหานคร.
3. ชีระชัย ชนานันต์. (2553). พันธุศาสตร์โมเลกุล. พิมพ์ครั้งที่ 1, บริษัท แดเน็กซ์ อินเทอร์เน็ต คอร์ปอเรชั่น จำกัด, กรุงเทพมหานคร.
4. วริสรา แทนสง่า. (2554). ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลกุหลาบด้วยแฮตอาร์เอฟดี. (ปัญหาพิเศษวิทยาศาสตร์บัณฑิต). มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์.
5. สลิล สิทธิสัจธรรม. (2549). กล้วยไม้ป่าเมืองไทย. บ้านและสวน, กรุงเทพมหานคร.
6. สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552). เครื่องหมายดีเอ็นเอจากพื้นฐานสู่การประยุกต์. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพมหานคร.
7. สุรีพร เกตุงาม. (2546). เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช. วารสารวิชาการ มหาวิทยาลัยอุบล. มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 5(2), 37-59.
8. อบฉันท ไทยทอง. (2542). กล้วยไม้เมืองไทย. บ้านและสวน, กรุงเทพมหานคร.
9. Adams, P.B., Burke, J.M., and Lawson, S.D. (2006). Systematic analysis of *Dendrobium Swartz* section *Dendrocoryne* in the Australian region. *Journal of Systematics and Evolution*. 260: 65-80.
10. Bolaric, S., Barth, S., Melchinger, A.E., Posselt, U.K. (2005). Genetic diversity in European perennial ryegrass cultivars investigated with RAPD markers. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*. 124: 161-166.
11. 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.
12. Che, D.D., Su, C.Y., Zhang, J.Z., Chen, X., Ma, X., Wang, N., and Li, W.T. (2013). ISSR analysis of hybrid descendants of roses, *Journal of Northeast Agricultural University*. 20(1): 1-4.
13. Choi, S.H., Kim, J.S., and Lee, K.H., Ryu. (2006). Genetic diversity and phylogenetic relationships among and within species of oriental cymbidiums based on RAPD analysis. *Scientia Horticulturae*. 108: 79-85.

14. Chundet, R., Cutler, R.W., Tasanon, M., and Anuntalabhochai, S., (2007). Hybrid detection in Lychee (*Litchee chinensis* Sonn.) cultivars using HAT-RAPD markers. *Science Asia*. 33: 307-311.
15. Claudineia, F.N., Juliano, L.F., Andressa, L.G., Mario, S.C., Moacir, P. and Geraldo, M. (2013). The genetic diversity of strawberry hybrids based on ISSR markers. *Acta Scientiarum Agronomy*. 35(4): 443-452.
16. Doyle, J.J., and J., L., Doyle. (1978). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 19: 11–15.
17. Downie, S.R., Katz, D.S., Cho, K.J., (1996). Phylogenetic analysis of *Apiaceae* subfamily *Apioideae* using nucleotide sequences from the chloroplast *rpoC1* intron. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 6: 1–18.
18. Dressler, R.L., (1993). *Phylogeny and classification of the orchid family*. Oregon. Dioscorides Press.
19. Dressler, R.L., and Calaway, H., Dodson. (1960). Classification and phylogeny in the *Orchidaceae*. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 47(1): 25-68.
20. Gianfranceschi, L., Seglias, N., Tarchini, R., Komjanc, M., and Gessler, C. (1998). Simple sequence repeat for the genetic analysis of apple. *Theoretical and Applied Genetics*. 8: 1069-1076.
21. Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., (2003). Biological identification through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society*. 270: 313-321.
22. Liwang, L., Guang, L., and Yiqin, G., (2007). Evolution of genetic purity of F₁ hybrid seeds in cabbage with RAPD, ISSR, SRAP, and SSR markers. *Scientia Horticulturae*. 42(3): 724-727.
23. Lucas, R., Rouse, C., Rabbani, A., Veruska, and Leandro, E., (2012). Genetic diversity and population structure in the Brazilian *Cattleya labiata* (Orchidaceae) using RAPD and ISSR markers. *Plant Systematics and Evolution*. 298: 1815–1825.
24. Kochert, G. (1994). RFLP technology. In *DNA-based markers in plants*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. The Netherlands. P. 8-38.
25. Kornorn S., Sunisa S., Tanarat K.J., Pradit P., and Surin P., (2015) Phylogenetic relationship of *Dendrobium* Species in Thailand inferred from

- chloroplast *matK* gene and nuclear rDNA ITS region. *Scientia Horticulturae*. 84(3): 243-252.
26. Mohammad, B., Hussein, M., Moath, A., Salam, A., Nizar, H., and Ahmad, E.O., (2014). Characterization of Jordanian olive cultivars (*Olea europaea* L.) using RAPD and ISSR molecular marker. *Scientia Horticulturae*. 176: 282-289.
 27. Tate, J.A., and Simpson B.B., (2003). Paraphly of *Tarasa* (Malvaceae) and Diverse Origins of the Polyploid Species. *Systematic Botany*, 28(4), 723-737.
 28. Ramya. N., Kabwe, K.N., (2012) Genetic variation in *Picea mariana* x *P. rubens* hybrid populations assessed with ISSR and RAPD markers, *Amer. Journal Plant Sciences*. 3: 731-737.
 29. Reimo, Z., Oren, O., Thomas, B., Christian, Schmitz, L., (2006). Analysis of the regulation of *matK* gene expression *Endocytobiosis*. *Cell Research*. 19: 127-135.
 30. Rohlf, F.J., (2002). NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Applied Biostatistics. Inc. New York.
 31. Rungrach, W., Robert, W., Supranee, S., Ruttaporn, C., Nadtaya, D., and Somboon, A. (2005). DNA fingerprint database of some economically *Dimocarpus longan* Lourand *Peuraria* spp. *Science Asia*. 31: 145-149.
 32. Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Maniatis, T. (1989). *Molecular cloning A Laboratory Manual*. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York.
 33. 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.
 33. Schuettpelz, E., Korall, P., Pryer, K.M., (2006). Plastid at data provide improved support for deep relationships among ferns. *Taxon* 55: 897-906.
 34. Schuiteman, A., (2014). In Pridgeon, M.A., Cribb, P.J., Chase, M.W., Rasmussen, F.N., *Genera Orchidacearum*. Oxford University Press. Oxford. p. 51–100.
 35. Shasany, A.K., Darokar, M.P., Dhawan, P., Gupta, A.K., Gupta, S., Shukla, A.K., Patra, N.K., and Khanuja, S.P.S., (2005). Use of RAPD and AFLP makers to identify inter and intraspecific hybrids of *Mentha*. *Journal of Heredity*. 96(5): 542-549.

36. Sheng, C.H., Chi, C.T., and Chian, S.S. (2000). Genetic analysis of Chrysanthemum hybrids base on RAPD molecular markers, Journal of bot bull acad sinica. 41: 257-262.
37. Sitthiphrom, S., Marha, J., and Anuntalabhochai, S., (2006). Development of sequence characterized DNA marker linked to temperature insensitivity for fruit production in Longan (*Dimocarpus longan* Lour.) cultivars. Science Asia. 33: 307-311.
38. Sudarshini, K., (2007) The genetic linkage maps of Anthurium species based on RAPD ISSR and SRAP markers. Scientia Horticulturae. 178: 132-137.
39. Suttada, R., Klaus, E., Max B.S., Benchamas, S., Jessada, D., and Kamoon, K. (2007). Molecular phylogeny of banana cultivars from Thailand base on HAT-RAPD marker. Genet Resour Crop Evol. 54: 1565-1572.
40. Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, T., and Van, T. (1995). A new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research. 23: 4407-4414.
41. Williams, J., Kubelik A., Livak K., Rafalski J. & Tingey S.V., (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research. 18: 653.
42. Xiang, N., Hong, Y. and Lam, L.T., (2003). Genetic analysis of tropical orchid hybrids (*Dendrobium*) with fluorescence amplified fragment length polymorphism (AFLP). Horticultural Science. 128: 731-735.
43. Zhang, F.L.Y., Dong, H. and Guo, S. (2010). Analysis of genetic stability through inter simple sequence repeats molecular markers in micro propagated plantlets of *Anoectochilus form osanus* Hayata, a medicinal plant. Biological and Pharmaceutical Bulletin. 33(3): 384-388.
44. Zhou, L.H., Zhang, J.Z., and Li.Z., (2009). Genetic diversity of different roses revealed by ISSR. Genomics and Applied Biology. 28(2): 311-315.
45. Zietkiewicz, E., Rafalski, A., and Labuda, D. (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics. 20: 176-183.
46. สำนักพัฒนาการค้าและธุรกิจการเกษตรและอุตสาหกรรมกรรมการส่งเสริมการค้าระหว่างประเทศ, http://www.ditp.go.th/contents_attach/92375/92375.pdf, สืบค้น 21 ธันวาคม 2558.



ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณจำเพาะของกล้วยไม้สกุลหวาย
หมู่ไนโกรเฮอร์ซูเชและลูกผสมที่ฝากจัดเก็บในฐานข้อมูล Genbank

```

LOCUS       KP762108                945 bp    DNA        linear   PLN 05-APR-2016
DEFINITION  Dendrobium cruentum maturase K gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762108
VERSION     KP762108.2  GI:1015494654
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Dendrobium cruentum
ORGANISM    Dendrobium cruentum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 945)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 945)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REFERENCE   3 (bases 1 to 945)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REMARK      Sequence update by submitter
COMMENT     On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885631.
            ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES    Location/Qualifiers
            source          1..945
                        /organism="Dendrobium cruentum"
                        /organelle="plastid:chloroplast"
                        /mol_type="genomic DNA"
                        /db_xref="taxon:906701"
                        /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
                        taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
                        cgactttcttgctagaac"
            CDS             1..945
                        /codon_start=2
                        /transl_table=11
                        /product="maturase K"
                        /protein_id="AMV59750.1"
                        /db_xref="GI:1015494655"
                        /translation="NLRSIHSIFPFLEDKLSHLNYSVDDLIPPHIHLEILVQILQCWI
                        KDVPSLHLLRFFHEVHNLNLSLFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSYVVECEYLFLFL
                        RKQSSYLRSISSGVFLERTLFYKIEYLIIVCCNSSQRILNWLKDTFIHYVRYQKAI
                        LASKGTLILMKKWKFLVNFQSYFHFQPIRIHKQLPNYSFSLGFFSFLVKNPL
                        VVRNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDD
                        ILDRFCRINLCRYHSGSSKKQVLYRIKYLRLSCART"
ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt caatattccc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
61 ttatgtgtca gatctactaa taccoccatcc catccatctg gaaatcttgg tcaaatcct
121 tcaatgttgg atcaaaagatg ttccctcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
181 tcaataatttg aatagttctt ttaactcaaa gaaatccatt tacgtatatt caaaaagaaa
241 gaaaagattc ttttggtccc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
301 gtttctctgt aaacagtcctt cttatttacg atcaatatct tctggagctt ttcttgagcg
361 aacacttttc tatggaaaaa tagaataatc tatagtcgtg tgttgaattt cttctcagag
421 gatcctatgg ttccccaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
481 tctgcttcca aaaggaaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac tttgtaattt
541 ctggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atccatataa agcaattacc
601 caactattcc ttctcttttc tgggggtcct ttcaagtgtg ctgaaaaatc ctttggtagt
661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatac
721 catagcccca gttattttct ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtaactgtatt
781 gggctcatcct attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
841 attttctcgg atagtagaaa atctttgtcg ttatcacagc ggaatcctca agaaacaggt
901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttctgct agaac
//

```

ภาพผนวกที่ 1 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762108

```

LOCUS       KP762109                945 bp    DNA        linear   PLN 05-APR-2016
DEFINITION  UNVERIFIED: Dendrobium formosum; chloroplast.
ACCESSION   KP762109

```

```

VERSION      KP762109.1  GI:873885632
KEYWORDS     UNVERIFIED.
SOURCE       chloroplast Dendrobium formosum
ORGANISM     Dendrobium formosum
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE    1 (bases 1 to 945)
AUTHORS      Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE        Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL      Unpublished
REFERENCE    2 (bases 1 to 945)
AUTHORS      Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE        Direct Submission
JOURNAL      Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT      GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
              provided by the submitter.
              ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES     Location/Qualifiers
             source          1..945
                           /organism="Dendrobium formosum"
                           /organelle="plastid:chloroplast"
                           /mol_type="genomic DNA"
                           /db_xref="taxon:234011"
                           /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
                           taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
                           cgactttctgtgctagaac"
                           /note="authority: Dendrobium formosum Roxb. ex Lindl."
             misc_feature    <1..>945
                           /note="similar to maturase K"
ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
61 ttatgtgtca gatctactaa taccccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaattcct
121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
301 gtttcttcgt aaacagtcct cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgaacg
361 aacacatttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt ctttcagag
421 gatcctatgg ttcctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcatc ttgtgaattt
541 ctggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atccttataa agcaattacc
601 caactattcc ttctcttttc tggggttcct ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatagc
721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
781 gggtcaccc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
841 atttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttgtgct agaac
//

```

ภาพผนวกที่ 2 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762109

```

LOCUS      KP762110                945 bp    DNA     linear PLN 05-APR-2016
DEFINITION Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum cultivar Dawn Maree
            maturase K gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION  KP762110
VERSION    KP762110.2  GI:1015494656
KEYWORDS   .
SOURCE     chloroplast Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum
ORGANISM   Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE  1 (bases 1 to 945)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL    Unpublished
REFERENCE  2 (bases 1 to 945)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REFERENCE  3 (bases 1 to 945)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REMARK     Sequence update by submitter
COMMENT    On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885633.
            ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
            source                1..945
                                     /organism="Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum"
                                     /organelle="plastid:chloroplast"
                                     /mol_type="genomic DNA"
                                     /cultivar="Dawn Maree"
                                     /db_xref="taxon:1682104"
                                     /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
                                     taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
                                     cgactttctgtgctagaac"
            CDS                    <1..>945
                                     /codon_start=2
                                     /transl_table=11
                                     /product="maturase K"
                                     /protein_id="AMV59751.1"
                                     /db_xref="GI:1015494657"
                                     /translation="NLRSIHSIFPFLEDKLSHLNYSVDDLIPHPHLEILVQILQCWI
                                     KDVPSSLHLLRFFHEYHNLSLFTSKKSIYVFSKRKKRFFWFLHNSYVYECEYLFLL
                                     RKQSSYLRSISSGVFLERTLFYKIEYLIVVCCNSSQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAI
                                     LASKGTLILMKKWKFHVNFVQSYFHFVFPYRIHIKQLPNYSFSFLGFFSSVLKNPL
                                     VVRNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSD
                                     ILDRFCRIRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"
ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
61 ttatgtgtca gatctactaa taccocatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
121 tcaatgttgg atcaaagatg ttcttctctt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
301 gtttcttcgt aacagtcctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
361 aacacttttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttctcagag
421 gatcctatgg ttcctcaagg atacttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac tttgtgaattt
541 ctggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atccatataa agcaattacc
601 caactattcc ttctcttttc tgggggttctt ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatac ctatctaaga aattagatac
721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
781 gggatcatct attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
841 attttgcgga atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttgtgct agaac
//

```

ภาพผนวกที่ 3 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762110

```

LOCUS       KP762111                945 bp    DNA     linear   PLN 05-APR-2016
DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
            Dendrobium formosum cultivar Roongkamol Vejvarut; chloroplast.
ACCESSION  KP762111
VERSION    KP762111.1  GI:873885634
KEYWORDS   UNVERIFIED.
SOURCE     chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
            Dendrobium formosum
            ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE  1 (bases 1 to 945)
            AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
            TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
            JOURNAL Unpublished
REFERENCE  2 (bases 1 to 945)
            AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
            TITLE Direct Submission
            JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT    GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
            provided by the submitter.
            ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
            source          1..945
                        /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                        Dendrobium formosum"
                        /organelle="plastid:chloroplast"
                        /mol_type="genomic DNA"
                        /cultivar="Roongkamol Vejvarut"
                        /db_xref="taxon:1682105"
                        /PCR_primers="fwd name: matK, fwd seq:
                        taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
                        cgactttcttgtagtagaac"
            misc_feature    <1..>945
                        /note="similar to maturase K"
ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt caatatctcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
61 ttatgtgtca gatctactaa taccccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatattt caaaaagaaa
241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
361 aacacttttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttctcagag
421 gatcctatgg ttcctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac tttgtgaattt
541 ctggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atccatataa agcaattacc
601 caactattcc ttctcttttc tggggttcct ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatag
721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtagtgatt
781 gggtcaccc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
841 attttgcggg ataagtagaa atcttagtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
901 tttgtatcgg ataaagtata tacttcgact ttcttgtagc agaac
//

```

ภาพผนวกที่ 4 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762111

LOCUS KP762112 936 bp DNA linear PLN 05-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
 Dendrobium cruentum cultivar Green Lantern; chloroplast.
 ACCESSION KP762112
 VERSION KP762112.1 GI:873885635
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
 Dendrobium cruentum
 ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 936)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 936)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..936
 /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
 Dendrobium cruentum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /cultivar="Green Lantern"
 /db_xref="taxon:1675667"
 /PCR_primers="fwd name: matK, fwd seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttgtagtagaac"
 misc feature <1..>936
 /note="similar to maturase K"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt cccttttaga ggataaatta tgcatttaa attatgtgtc
 61 agatctacta ataccccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc ttcaatggtg
 121 gatcaaagat gttccttctt tgcatttatt gcgattgttt ttccacgaat atcataattt
 181 gaatagtctc tttacttcaa agaaatccat ttacgtatth tcaaaaagaa agaaaagatt
 241 cttttggttc ctacataatt cttatgtata tgaatgcaa tatctattcc tgttcttcg
 301 taaacagtct tcttatttac gatcaatatt ttctggagtc tttcttgagc gaacactttt
 361 ctatggaaaa atagaatatt ttatagtcgt gtggtgtaat tcttctcaga ggatcctatg
 421 gttcctcaag gatactttca tacattatgt tcgatataca ggaaaagcaa ttctggcttc
 481 aaaaggaact cttattctga tgaaaaaatg gaaatttcat cttgtgaatt tctggcaatc
 541 ttattttcac ttttggtttc aaccttatag gatccatata aagcaattac ccaactattc
 601 ctctctttt ctggggttct tttcaagtgt actgaaaaat ctttggttag taagaatca
 661 aatgctagag aattcatttc taataaatac tctatctaag aaattagata ccatagcccc
 721 agttatttct cttattggat cattgtcga agctcaattt tgtactgtat tgggtcatcc
 781 tattagtaaa ccgatctgga ccgatttatt ggattctgat attcttgatc gattttgtcg
 841 gatatgtaga aatctttgtc gttatcacag cggatcctca aagaacaggg ttttgtagcg
 901 tataaagtat atacttcgac tttcttgtag tagaac
 //

ภาพผนวกที่ 5 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762112

LOCUS KP762113 936 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue; chloroplast.

ACCESSION KP762113

VERSION KP762113.1 GI:873885636

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 936)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 936)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..936
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675666"
/PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq: taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq: cgactttctgtgctagaac"
misc_feature <1..>936
/note="similar to maturase K"

ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt cccttttaga ggataaatta tcgcatttaa attatgtgtc
61 agatctacta ataccccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc ttcaatggtg
121 gatcaaagat gttccttctt tgcatttatt gcgattgttt ttccacgaat atcataattt
181 gaatagtctc ttacttcaa agaaatccat ttacgtattt tcaaaaagaa agaaagatt
241 cttttggttc ctacataatt cttatgtata tgaatgcgaa tatctattcc tgtttcttcg
301 taacagctct tcttatttac gatcaatc tctctggagtc tttcttgagc gaacactttt
361 ctatggaaaa atagaatc tttatagtcgt gtggttgaat tcttctcaga ggatcctatg
421 gttcctcaag gatacttca tacattatgt tcgatataca ggaaaagcaa ttctggcctc
481 aaaaggaact cttattctga tgaaaaaatg gaaatttcat cttgtgaatt tctggcaatc
541 ttattttcac ttttggtttc aaccttatag gatccatata aagcaattac ccaactattc
601 cttctctttt ctgggggttc tttcaagtgt actgaaaaat cctttggtag taagaaatca
661 aatgctagag aattcatttc taataaatac tctatctaag aaattagata ccatagcccc
721 agttatttct cttattggat cattgtcgaa agctcaattt tgtactgtag tgggtcatcc
781 tattagtaaa ccgatctgga ccgatttatt ggattctgat attcttgatc gattttgtcg
841 gatattgtag aatctttgtc gttatcacag cggatcctca aagaaacagg ttttggatcg
901 tataaagtat atacttcgac tttcttggtc tagaac

//

ภาพผนวกที่ 6 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP76211

LOCUS KP762114 945 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium scabrilingue*; chloroplast.
 ACCESSION KP762114
 VERSION KP762114.1 GI:873885637
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue*
 ORGANISM *Dendrobium scabrilingue*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..945
 /organism="Dendrobium scabrilingue"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:38179"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttctgtctagaac"
 /note="authority: *Dendrobium scabrilingue* Lindl."
 misc_feature <1..>945
 /note="similar to maturase K"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
 121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatfff caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttctg aaacagctct cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt ctttcagag
 421 gatcctatgg ttcctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcattc ttgtgaattt
 541 ctggcaatct tattttcact tttggttca accttatagg atccatataa agcaattacc
 601 caactattcc ttctcttttc tgggggttct ttcaagtgtc ctgaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatc
 721 catagcccca gtattttctc ttattggatc attgtcgaag gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggtcacctc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
 841 attttgcgg atagtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 ttgtatcgt ataaagtata tacttctgact ttcttctgct agaac

//

ภาพผนวกที่ 7 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762114

LOCUS KP762115 939 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum* maturase K gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762115

VERSION KP762115.2 GI:1015494658

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 939)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 939)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 939)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter

COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885638.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..939
/organism="Dendrobium scabrilingue x Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675670"
/PCR_primers="fwd name: matK, fwd seq: taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq: cgactttcttgtagaac"

CDS
<1..>939
/codon_start=2
/translation_table=11
/product="maturase K"
/protein_id="AMV59752.1"
/db_xref="GI:1015494659"
/translation="NLRSIHSPFLEDKLSHLNYVSDLLIPHPHLEILVQILQCWKD
VPSLHLLRLEFFHEYHNLNSLFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSYVYECEYLFLFRK
QSSYLRSISSGVFLERTHFYFKIEYLIVVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAILA
SKGTLILMKKWFHLLVNFQSYFHFWFQPYRILIKQLPNYSFSLGFFSVLKNPLVV
RNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSDIL
DRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN

1 taatttacga tcaattcatt cccctttttt agaggataaa ttatcgatt taaattatgt
61 gtcagatcta ctaatacccc atcccatcca tctggaaatc ttggttcaaa tccttcaatg
121 ttggatcaaa gatgttcctt ctttgcattt attgcgattg tttttccacg aatatcataa
181 tttgaaatag ctctttactt caaagaaatc catttacgta ttttcaaaaa gaaagaaaa
241 attcttttgg ttcctacata attccttatgt atatgaatgc gaatatctat tcctgtttct
301 tcgtaaacag tcttcttatt tacgatcaat atcttctgga gtctttcttg aacgaacaca
361 tttctatgga aaaatagaat atcttatagc cgtgtgttgt aattcttttc agaggatcct
421 atgggttcctc aaggatactt tcatacatta tgttcgatat caaggaaaag caattctggc
481 tcaaaaagga actcttattc tgatgaaaaa atggaaatct catctgtgga atttctggca
541 atcttatttt cacttttggg ttcaacctta taggatcctt ataaagcaat taccacaacta
601 ttccttctct tttctggggg tcttttcaag tgtactgaaa aatcctttgg tagtaagaaa
661 tcaaatgcta gagaattcat ttctaataaa tactctatct aagaaattag ataccatagc
721 cccagttatt tctcttattg gatcattgtc gaaagctcaa ttttgtactg tattgggtca
781 tcctattatg aaaccgatct ggaccgattt atcggattct gatattcttg atcgattttg
841 tcggatatgt agaaatcttt gtcggtatca cagcggatcc tcaaaagaaac aggttttgtg
901 tcgtataaag tatatacttc gactttcttg tgctagAAC

//

ภาพผนวกที่ 8 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762115

LOCUS KP762116 942 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium draconis*; chloroplast.
 ACCESSION KP762116
 VERSION KP762116.1 GI:873885639
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Dendrobium draconis*
 ORGANISM *Dendrobium draconis*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 942)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 942)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..942
 /organism="Dendrobium draconis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257356"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttgctagaac"
 /note="authority: *Dendrobium draconis* Rchb.f."
 misc feature <1..>942
 /note="similar to maturase K"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt cccttttaga ggataaatta tcgcatttaa attatgtgct
 61 agatctacta ataccccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc ttcaatggtg
 121 gatcaaatgat gttccttctt tgcatttatt gcgattggtt ttccacgaat atcataat
 181 gaatagtcta tttacttcaa agaaaaagga atccatttac gtattttcaa aaagaaagaa
 241 aagattcttt tggttcctac ataattctta tgtatatgaa tgcgaatatt tattcctggt
 301 tcttcgtaaa cagtcttctt atttacgatc aatatcttct ggagcttttc ttgagcgaac
 361 acatttctat ggaaaaatag aatatcttat agtcgtgtgt tgtaattcct ttcagaggat
 421 cctatggttc ctcaaggata ctttcataca ttatgttcga tatcaaggaa aagcaattct
 481 ggcttcaaaa ggaactctta ttctgatgaa aaaatggaaa tttcatcttg tgaatttttg
 541 gcaatcttat tttcactttt ggtttcaacc ttataggatc catataaagc aattacccea
 601 ctattccttc tcttttctgg ggttcttttc aagtgtactg aaaaatcctt tggtagtaag
 661 aatcaaatg ctagagaatt catttctaataa aaataactta tctaataaat tagataccat
 721 agccccagtt atttctctta ttggatcatt gtcgaaagct caattttgta ctgtattggg
 781 tcaatcctatt agtaaacga tctggaccga tttatcggat tctgatattc ttgatcgatt
 841 ttgtcggata tgtagaatc tttgtcgtta tcacagcgga tcctcaaaga aacaggtttt
 901 gtatcgtata aagtatatac ttcgactttc ttgtgctaga ac

//

ภาพผนวกที่ 9 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762116

```

LOCUS          KP762117                944 bp    DNA     linear   PLN 05-APR-2016
DEFINITION    UNVERIFIED: Dendrobium ellipsophyllum; chloroplast.
ACCESSION     KP762117
VERSION       KP762117.1  GI:873885640
KEYWORDS      UNVERIFIED.
SOURCE        chloroplast Dendrobium ellipsophyllum
ORGANISM      Dendrobium ellipsophyllum
               Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
               Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
               Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE     1 (bases 1 to 944)
AUTHORS       Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE         Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
               group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL       Unpublished
REFERENCE     2 (bases 1 to 944)
AUTHORS       Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE         Direct Submission
JOURNAL       Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
               Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT       GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
               provided by the submitter.
               ##Assembly-Data-START##
               Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
               ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
   source             1..944
                       /organism="Dendrobium ellipsophyllum"
                       /organelle="plastid:chloroplast"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /db_xref="taxon:179353"
                       /PCR_primers="fwd name: matK, fwd seq:
                       taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
                       cgactttcttgctagaac"
                       /note="authority: Dendrobium ellipsophyllum Tang & Wang"
   misc_feature       <1..>944
                       /note="similar to maturase K"
ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
61 ttatgtgtca gatctactaa taccocatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
121 tcaatggttg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgaacg
361 aacacatttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttttcagag
421 gatcctatgg ttcctcaagg atacttctat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac tttgtgaattt
541 ctggcaatct tattttcact tttggttcca accttatagg atccttataa agcaattacc
601 caactattcc ttctcttttc tggggttctt ttcaagtgtg ctgaaaaatc ctttggtagt
661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatac
721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
781 gggcatcctc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
841 attttgcggt atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
901 tttgtatcgt ataagtatat acttcgactt ttttgtgcta gaac
//

```

ภาพผนวกที่ 10 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762117

LOCUS KP762118 939 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum maturase K gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762118

VERSION KP762118.2 GI:1015494660

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 939)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 939)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 939)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter

COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885641.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..939
/organism="Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675669"
/PCR primers="fwd name: matK, fwd seq: taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq: cgactttcttgctagaac"
CDS
<1..>939
/codon_start=2
/transl_table=11
/product="maturase K"
/protein_id="AMV59753.1"
/db_xref="GI:1015494661"
/translation="NLRSIHSPFLEDKLSHLNYVSDLLIPHPHLEILVQILQCWIKD VPSLHLLRLEFFHEYHNLNSLFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSYVECEYLFLRKLQSSYLRSISSGVFLERTHFYFKIEYLIVVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQKAILA SKGTLILMKKWKFHLVNFQSYFHFWFQPYRILIKQLPNYSFSLGFFSVLKNPLVV RNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPIISKPIWTDLSDSDIL DRFCRIRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN
1 taatttacga tcaattcatt cccctttttt agaggataaa ttatcgcat taaattatgt
61 gtcagatcta ctaatacccc atcccatcca tctggaaatc ttggttcaaa tccttcaatg
121 ttggatcaaa gatgttcctt ctttgcattt attgcgattg tttttccacg aatatcataa
181 tttgaaatag ctctttactt caaagaaatc catttacgta ttttcaaaaa gaaagaaaa
241 attcttttgg ttctacata attcttatgt atatgaatgc gaatatctat tcctgtttct
301 tcgtaaacag tcttcttatt tacgatcaat atcttctgga gtctttcttg aacgaacaca
361 tttctatgga aaaatagaat atcttatagt cgtgtgttgt aattcttttc agaggatcct
421 atggttcctc aaggatactt tcatacatta tgttcgatat caaggaaaag caattctggc
481 tcaaaaagga actcttattc tgatgaaaaa atggaaattt catcttgatg atttctggca
541 atcttatatt cacttttggg ttcaacctta taggactcct ataaagcaat tacccaacta
601 ttccttctct tttctggggg tcttttcaag tgtactgaaa aatcctttgg tagtaagaaa
661 tcaaatgcta gagaattcat ttctaataaa tactctatct aagaaattag ataccatagc
721 cccagttatt tctcttattg gatcattgtc gaaagctcaa ttttgtactg tattgggtca
781 tcctattagt aaaccgatct ggaccgattt atcggattct gatattcttg atcgattttg
841 tcggatatgt agaaatcttt gtcggtatca cagcggatcc tcaaaagaaac aggttttgtg
901 tctgataaag tatatacttc gactttcttg tgctagaac

//

ภาพผนวกที่ 11 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762118

LOCUS KP762119 948 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium infundibulum maturase K gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP762119
 VERSION KP762119.2 GI:1015494662
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Dendrobium infundibulum
 ORGANISM Dendrobium infundibulum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885642.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Dendrobium infundibulum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:859511"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttgtagaac"
 /note="authority: Dendrobium infundibulum Lindl."
 <1..>948

CDS
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="AMV59754.1"
 /db_xref="GI:1015494663"
 /translation="NLRSIHSSIFPFLEDKLSHLNYSVDLLIPHPHLEILVQILQCV
 IKDVP SLHLRLFFHEYHNLNLSFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSVYVECEYLFLF
 LRKQSSYLRSSISGVFLERTHFYGKIEYLIVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKA
 ILASKGTLILMKKWFHLVNFQSYFHFWFQPYRIHIKQLPNYSFSFLGFFSSVLKNP
 LVVRNQMLENSFLINTLYKKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDS
 DILDRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt catcaatatt tcccttttta gaggataaat tatcgcat
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tccatccat ctggaatct tggttcaaat
 121 cttcaatgt tggatcaaag atgttccttc tttgcattta ttgcatgt tttccacga
 181 atatacataa ttgaatagtc tctttacttc aaagaatcc atttacgat tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga tcttttggt tctacataa tctttatgta tatgaatgag aatatctatt
 301 cctgtttctt cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacacat ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttga attctttca
 421 gaggatccta tggttcctca aggatacttt catacattat gttcgatata aaggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaaggaa ctcttattct gatgaaaaaa tggaaatttc atctgtgaa
 541 tttctggcaa tcttattttc acttttggtt tcaaccttat aggatccata taaagcaatt
 601 acccaactat tctttctctt ttctggggtt cttttcaagt gtactgaaaa atcctttggt
 661 agtaagaat caaatgctag agaattcatt tctaataat actctatata agaaattaga
 721 taccatagcc ccagttattt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat tttgtactgt
 781 attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattta tggattctg atattcttga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttgtat cgtataaagt atatacttcg actttcttgt gctagaac

//

ภาพผนวกที่ 12 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762119

LOCUS KP762120 939 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium kontumense maturase K gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP762120
 VERSION KP762120.2 GI:1015494664
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Dendrobium kontumense
 ORGANISM Dendrobium kontumense
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 939)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 939)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 939)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885643.

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

FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..939
 /organism="Dendrobium kontumense"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:906785"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev name: matK, rev seq:
 cgactttcttgctagaac"
 /note="authority: Dendrobium kontumense Gagnep."
 CDS
 <1..>939
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="AMV59755.1"
 /db_xref="GI:1015494665"
 /translation="NLRSIHSPFLEDKLSHLNYSVDLLIPHPHLEILVQILQCWKD
 VPSLHLRLFFHEYHNLNSLFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSYVYECEYLFLELRK
 QSSYLRSISSGVFLERTHFYGKIEYLIVVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAILA
 SKGTLILMKKWKFHLVNFWQSYFHFWFQPYRIHIKQLPNYSFSLGFFSVLKNPLVV
 RNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSDIL
 DRFCRIRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYLRLSCART"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt cccctttttt agaggataaa ttatcgcat taaattatgt
 61 gtcagatcta ctaatacccc atcccatcca tctggaaatc ttggttcaaa tccttcaatg
 121 ttggatcaaa gatgttcctt ctttgcattt attgcgattg tttttccacg aatatcataa
 181 tttgaatagt ctctttactt caaagaaatc catttacgta ttttcaaaaa gaaagaaaa
 241 attcttttgg ttcctacata attccttatgt atatgaatgc gaatatctat tcctgtttct
 301 tcgtaaacag tcttcttatt tacgatcaat atcttctgga gtctttcttg agcgaacaca
 361 tttctatgga aaaatagaat atcttatagt cgtgtgttgt aattcttttc agaggatcct
 421 atggttcctc aaggatactt tcatacatta tgttcgatat caaggaaaag caattctggc
 481 tcaaaaagga actcttattc tgatgaaaaa atggaaatth catcttgtga atttctggca
 541 atcttattht cacttttggg ttcaacctta taggatccat ataaagcaat taccacaacta
 601 ttccttctct tttctggggg tcttttcaag tgtactgaaa aatcctttgg tagtaagaaa
 661 tcaaatgcta gagaattcat ttctaataa tactctatct aagaaattag ataccatagc
 721 cccagttatt tctcttattg gatcattgtc gaaagctcaa ttttgtactg tattgggtca
 781 tcctattagt aaaccgatct ggaccgattt atcggattct gatattcttg atcgattttg
 841 tcggatatgt agaaatcttt gtcggtatca cagcggatcc tcaaaagaaac aggttttga
 901 tcgtataaag tatatacttc gactttcttg tgctagaac

//

ภาพผนวกที่ 13 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762120

```

LOCUS       KP762122                945 bp    DNA    linear    PLN 05-APR-2016

DEFINITION  UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
              (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue) cultivar Frosty
              Dawn; chloroplast.
ACCESSION   KP762122
VERSION     KP762122.1  GI:873885645
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
              (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
  ORGANISM  (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
              x Dendrobium scabrilingue)
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 945)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 945)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
              provided by the submitter.
              ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source           1..945
                     /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                     (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /cultivar="Frosty Dawn"
                     /db_xref="taxon:1675673"
                     /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
                     taatttacgatcaattcattc, rev name: matK, rev seq:
                     cgactttcttctgtgctagaac"
                     /note="yellow labellum"
     misc feature  <1..>945
                     /note="similar to maturase K"
ORIGIN
  1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
  61 ttatgtgtca gatctactaa taccatccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
 121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcattttattg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttctg aaacggtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacttttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgaatt cttctcagag
 421 gatcctatgg ttctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac ttgtgaattt
 541 ctggcaatct tattttcact tttggttca accttatagg atccatataa agcaattacc
 601 caactattcc ttctcttttc tggggttctt ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatac
 721 catagcccca gtattttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggctatcct attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
 841 attttgcg atagtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 ttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttgctc agaac
//

```

//
ภาพผนวกที่ 14 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762122

LOCUS KP762123 948 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium christyanum maturase K gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP762123
 VERSION KP762123.3 GI:1015519659
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Dendrobium christyanum
 ORGANISM Dendrobium christyanum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:[1015494666](#).
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Dendrobium christyanum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:426115"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttgtagaac"
 /note="authority: Dendrobium christyanum Rchb.f."
 <1..>948

CDS
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="AMV73976.1"
 /db_xref="GI:1015519660"
 /translation="NLRSIHSSIFPFLEDNLSHLNLYVSDLLIPHPHLEILVQILQCV
 IKDVP SLHLRLFFHEYHNLNLSFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSVYVECEYLFLF
 LRKQSSYLRSISGVLERTLFYGKIEYLIVCCNSSQRILWFLKDTFIHYVRYQGKA
 ILASKGTLILMKKWFHLVNFWQSYFHFWFQPYRIHIKQLPNYSFSFLGFFSSVLKNP
 LVVRNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDS
 DILDRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt catcaatatt tcctttttta gaggataatt tatcgcattt
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tccatccat ctggaatct tggttcaaat
 121 ccttcaatgt tggatcaaag atgttccttc tttgcattta ttgcgattgt tttccacga
 181 atatacataa ttgaatagtc tctttacttc aaagaatcc atttacgtat tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga tcttttgggt tcctacataa tctttatgta tatgaatgcg aatatctatt
 301 cctgtttctt cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacactt ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttgta attccttca
 421 gaggatccta tggttcctca aggatacttt catacattat gttcgatatac aaggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaaggaa ctcttattct gatgaaaaaa tggaaatttc atcttgtgaa
 541 tttctggcaa tcttattttc acttttgggt tcaaccttat aggatccata taaagcaatt
 601 acccaactat tccttctctt ttctgggggt cttttcaagt gtactgaaaa atcctttggt
 661 agtaagaat caaatgctag agaattcatt tctaataat actctatcta agaaattaga
 721 taccatagcc ccagttattt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat tttgtctgt
 781 attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattta tcggattctg atattcttga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttgtat cgtataaagt atatacttcg acttttctgt gctagaac

//

ภาพผนวกที่ 15 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762123

LOCUS KP762124 945 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium williamsonii*; chloroplast.
 ACCESSION KP762124
 VERSION KP762124.1 GI:873885647
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Dendrobium williamsonii*
 ORGANISM *Dendrobium williamsonii*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..945
 /organism="Dendrobium williamsonii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:161871"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttctgtgctagaac"
 /note="authority: *Dendrobium williamsonii* Day & Rchb.f."
 misc feature <1..>945
 /note="similar to maturase K"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
 121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc tttttgttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttctg aaacagctct cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt ctttcagag
 421 gatcctatgg ttcctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg gaatttcac tttgtgaattt
 541 ttggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atccatataa agcaattacc
 601 caactattcc ttctcttttc tggggttctt ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatc
 721 catagcccca gtattttctc ttattggatc attgtcgaaa gatcgatttt gtactgtatt
 781 gggtcacctc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
 841 attttgcgg atagtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tacttgcgact ttcttgtgct agaac

//

ภาพผนวกที่ 16 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762124

LOCUS KP762125 945 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium heterocarpum; chloroplast.
 ACCESSION KP762125
 VERSION KP762125.1 GI:873885648
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Dendrobium heterocarpum
 ORGANISM Dendrobium heterocarpum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..945
 /organism="Dendrobium heterocarpum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257361"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttctgtgctagaac"
 /note="authority: Dendrobium heterocarpum Lindl."
 misc_feature <1..>945
 /note="similar to maturase K"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cgcatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccccatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaatcct
 121 tcaatgttgg atcaaagatg ttccttcttt gcatttattg cgattttttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctct ttacttcaaa gaaatccatt tacgtatttt caaaaagaaa
 241 taaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttctg aaacagtcct cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt ctttcagag
 421 gatcctatgg ttctcaagg atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaaaaaatgg aaatttcac tttgtgaatt
 541 ctggcaatct tattttcact tttggttca accttatagg atccatataa agcaattacc
 601 caactattc ttctctttc tggggttctt ttcaagtgta ctgaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctatctaaga aattagatac
 721 catagcccca gtattttctc ttattggatc attgtcgaag gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggtcacctc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatng
 841 attttgcgg atagttagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttgtgct agaac

//

ภาพผนวกที่ 17 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762125

LOCUS KP762126 948 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium longicornu maturase K gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP762126
 VERSION KP762126.2 GI:1015494667
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Dendrobium longicornu
 ORGANISM Dendrobium longicornu
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
 group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:[873885649](#).
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Dendrobium longicornu"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257357"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq:
 cgactttcttgtagaac"
 /note="authority: Dendrobium longicornu Lindl."
 <1..>948

CDS
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="AMV59756.1"
 /db_xref="GI:1015494668"
 /translation="NLRSIHSSIFPFLEDKLSHLNYSVDLLIPHPHLEILVQILQCV
 IKDVP SLHLRLFFHEYHNLNLSFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSVYVECEYLFLF
 LRKQSSYLRSISGVLERTHFYGKIEYLIVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKA
 ILASKGTLILMKKWFHLVNFWQSYFHFWFQPYRIHIKQLPNYSFSFGLFFSSVLKNP
 LVVRNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVMSLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDS
 DILDRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt catcaatatt tcccttttta gaggataaat tatcgcat
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tccatccat ctggaatct tggttcaaat
 121 cttcaatgt tggatcaaag atgttctctc tttgcattta ttgcatgt tttccacga
 181 atatacataa ttgaatagtc tctttacttc aaagaatcc atttacgat tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga ttcttttggg tctacataaa ttcttatgta tatgaatgag aatatctatt
 301 cctgtttctt cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacacat ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttgta attcttttca
 421 gaggatccta tggttcctca aggatacttt catacattat gttcgatatac aaggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaaggaa ctcttattct gatgaaaaaa tggaaatttc atctgtgaa
 541 tttctggcaa tcttattttc acttttgggt tcaaccttat aggatccata taaagcaatt
 601 acccaactat tctttctctt ttctgggggt cttttcaagt gtactgaaaa atcctttggt
 661 agtaagaat caaatgctag agaattcatt tctaataat actctatcta agaaattaga
 721 taccatagcc ccagttatgt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat tttgtactgt
 781 attgggtcat cctattagta aacctatctg gaccgattta tggattctg atattcttga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttgtat cgtataaagt atatacttcg actttcttgt gctagaac

//

ภาพผนวกที่ 181 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762126

LOCUS KP762127 948 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium cariniferum* maturase K gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP762127
 VERSION KP762127.2 GI:1015494669
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast *Dendrobium cariniferum*
 ORGANISM *Dendrobium cariniferum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885650.

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

FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..948
 /organism="Dendrobium cariniferum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:179352"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq:
 taatttacgatcaattcattc, rev name: matK, rev seq:
 cgactttcttgtgctagaac"
 /note="authority: *Dendrobium cariniferum* Rchb.f."
 CDS
 <1..>948
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="AMV59757.1"
 /db_xref="GI:1015494670"
 /translation="NLRSIHSSIFPFLEDKLSHLNYSVSDLLIPHPHLEILVQILQWC
 IKDVPSLHLRLFFHEYHNLNSLFTSKKSIYVFSKRKRFFWFLHNSVYVECEYLFLF
 LRKQSSYLRSISSGVFLERTHFYKIEYLIVVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKA
 ILASKGTLILMKKWKHVLVNFQSYFHFQPYRIHIKQLPNYSFSFLGFFSSVLKNP
 LVVRNQMLENSFLINTLSKKLDTIAPVMSLIGSLSKAQFCTVLGHPIKSPIWTDLSDS
 DILDRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCART"

ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt catcaatatt tcccttttta gaggataaat tatcgcat
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tcccatccat ctggaaatct tggttcaaat
 121 ctttcaatgt tggatcaaag atgttccttc tttgcattta ttgcgattgt ttttccacga
 181 atatcataat ttgaatagtc tctttacttc aaagaaatcc atttacggtat tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga ttcttttggc tctacataaa ttcttatgta tatgaatgag aatatctatt
 301 cctgtttctt cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacacat ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttga attcttttca
 421 gaggatccta tggttcctca aggatacttt catacattat gttcgatata aaggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaaaaaa tggaaatttc atcttctgaa
 541 tttctggcaa tcttattttc acttttgggt tcaaccttat aggatccata taaagcaatt
 601 acccaactat tccttctctt ttctgggggt cttttcaagt gtactgaaa atcttttggg
 661 agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctatata agaaattaga
 721 taccatagcc ccagttatgt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat tttgtactgt
 781 attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattha tcggattctg atattcttga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttggat cgtataaagt atatacttcg actttcttgt gctagaac

//

ภาพผนวกที่ 19 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762127

LOCUS KP762094 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium cruentum* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762094

VERSION KP762094.1 GI:873885604

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium cruentum*

ORGANISM *Dendrobium cruentum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..663
 /organism="Dendrobium cruentum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:906701"
 /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
 /note="authority: *Dendrobium cruentum* Rchb.f."
 CDS
 <1..>663
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
 /protein_id="AKP63268.1"
 /db_xref="GI:873885605"
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY PLDLFEEGVSVTNMFITSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL FCA"

ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agcccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
 661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 202 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762094

LOCUS KP762095 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium formosum ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762095

VERSION KP762095.1 GI:873885606

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium formosum

ORGANISM Dendrobium formosum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium formosum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:234011"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: Dendrobium formosum Roxb. ex Lindl."
CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
/protein_id="AKP63269.1"
/db_xref="GI:873885607"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 21 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762095

```

LOCUS       KP762128                663 bp    DNA     linear   PLN 05-APR-2016

DEFINITION  Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum ribulose-1,5-bisphosphate
              carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762128
VERSION     KP762128.1   GI:873885651
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum
  ORGANISM  Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..663
                       /organism="Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum"
                       /organelle="plastid:chloroplast"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /cultivar="Dawn Maree"
                       /db_xref="taxon:1682104"
                       /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
            tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
            ggcacaaaataagaaacgatctc"
     CDS               1..663
                       /codon_start=1
                       /transl_table=11
                       /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
            large subunit"
                       /protein_id="AKP63281.1"
                       /db_xref="GI:873885652"
                       /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ
            PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
            PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
            LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
            FCA"
ORIGIN         1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggggtaa agattacaaa
              61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
              121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
              181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
              241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcctatgta
              301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
              361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
              421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
              481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
              541 gcaaaaaact acggtagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
              601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttggg gagatcgttt cttattttgt
              661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 22 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762128


```

LOCUS       KP762096                663 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
            ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene,
            partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762096
VERSION     KP762096.1  GI:873885608
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
            Dendrobium formosum
  ORGANISM  (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 663)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 663)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..663
                     /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                     Dendrobium formosum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /cultivar="Roongkamol Vejvarut"
                     /db_xref="taxon:1682105"
                     /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
                     tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
                     ggcaaaaataagaaacgatctc"
     CDS               1..663
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /protein_id="AKP63270.1"
                     /db_xref="GI:873885609"
                     /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDTDILAAFRVTPQ
                     PGVPPPEEAGAAVAEESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAY
                     PLDLFEEGVSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPIQVERDK
                     LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
                     FCA"
ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcca gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaaa
481 ttgaacaagt atggctgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccatth atgctgttga gagatcgtht cttattttgt
661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 23 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762096

LOCUS KP762097 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762097

VERSION KP762097.1 GI:873885610

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..663
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Green Lantern"
/db_xref="taxon:1675667"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcaaaaataagaaacgatctc"

CDS
<1..>663
/codon start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
/protein id="AKP63271.1"
/db_xref="GI:873885611"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEEAGAAVAEESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAY PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPfMRWRDRFL FCA"

ORIGIN

1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgacgtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggc ggggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcca gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaaa
481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaattt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgctgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 24 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762097

LOCUS KP762129 663 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762129

VERSION KP762129.1 GI:873885653

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..663
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675666"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcaaaaataagaaacgatctc"

CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
/protein_id="AKP63282.1"
/db_xref="GI:873885654"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDTDILAAFRVTPQ
PGVPPPEEAGAAVAEESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAY
PLDLFEEGVSVTNMFSTIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggc ggggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
301 gcttattcct tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaaa
481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgvcgttga gagatcgttt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 25 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762129

LOCUS KP762098 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium scabrilingue* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762098

VERSION KP762098.1 GI:873885612

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:38179"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: *Dendrobium scabrilingue* Lindl."
CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
/protein_id="AKP63272.1"
/db_xref="GI:873885613"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEDNQYIAYVAY PLDLFEEGVSVTNMFSTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggata atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tccgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 26 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762098

LOCUS KP762133 663 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene,
partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762133

VERSION KP762133.1 GI:873885659

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
ORGANISM *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium scabrilingue x Dendrobium
ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675670"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
tcaccacaaacagaaactaaagc, rev name: rbcL, rev seq:
ggcacaataaagaacgatctc"
CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="AKP63284.1"
/db_xref="GI:873885660"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQ
PGVPPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAY
PLDLFEEGVSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPIHQVERDK
LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFRWRDRFL
FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttggga gagatcgttt cttatttgtg
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 27 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762133

LOCUS KP762099 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium draconis* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762099

VERSION KP762099.1 GI:873885614

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium draconis*

ORGANISM *Dendrobium draconis*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..663
 /organism="Dendrobium draconis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257356"
 /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
 /note="authority: *Dendrobium draconis* Rchb.f."
 CDS
 <1..>663
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
 /protein_id="AKP63273.1"
 /db_xref="GI:873885615"
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL FCA"

ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agcccctgca gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
 661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 28 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762099

LOCUS KP762100 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium ellipsophyllum ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762100

VERSION KP762100.1 GI:873885616

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:179353"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: Dendrobium ellipsophyllum Tang & Wang"
CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
/protein_id="AKP63274.1"
/db_xref="GI:873885617"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEENQYIAYVAY PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggctgcgc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 29 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762100

LOCUS KP762130 663 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium formosum* x *Dendrobium ellipsophyllum*
ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene,
partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762130

VERSION KP762130.1 GI:873885655

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium formosum* x *Dendrobium ellipsophyllum*
ORGANISM *Dendrobium formosum* x *Dendrobium ellipsophyllum*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="*Dendrobium formosum* x *Dendrobium*
ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675669"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq:
gtggatacacttcttgataatgg, rev name: rpocl, rev seq:
gcccgtttacttatggtttctca"
CDS
<1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="AKP63283.1"
/db_xref="GI:873885656"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQ
PGVPPPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPIHQVERDK
LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtgagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttgga gagatcgttt cttatttgtg
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 30 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762130


```

LOCUS       KP762101                663 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium infundibulum ribulose-1,5-bisphosphate
            carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION  KP762101
VERSION    KP762101.1  GI:873885618
KEYWORDS   .
SOURCE     chloroplast Dendrobium infundibulum
  ORGANISM Dendrobium infundibulum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE  1 (bases 1 to 663)
  AUTHORS  Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE    Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL  Unpublished
REFERENCE  2 (bases 1 to 663)
  AUTHORS  Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE    Direct Submission
  JOURNAL  Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT    ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
     source          1..663
                     /organism="Dendrobium infundibulum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:859511"
                     /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
                     tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
                     ggcacaaaataagaaacgatctc"
                     /note="authority: Dendrobium infundibulum Lindl."
     CDS             <1..>663
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /protein_id="AKP63275.1"
                     /db_xref="GI:873885619"
                     /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ
                     PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
                     PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
                     LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
                     FCA"
ORIGIN      1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
            61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
            121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
            181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
            241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
            301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
            361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
            421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
            481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
            541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
            601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
            661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 31 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762101

LOCUS KP762102 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium kontumense ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762102

VERSION KP762102.1 GI:873885620

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium kontumense

ORGANISM Dendrobium kontumense
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium kontumense"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:906785"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: Dendrobium kontumense Gagnep."
CDS <1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="AKP63276.1"
/db_xref="GI:873885621"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQ
PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPHGIQVERDK
LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggggtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 32 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762102

LOCUS KP762103 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium christyanum* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762103

VERSION KP762103.1 GI:873885622

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium christyanum*

ORGANISM *Dendrobium christyanum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..663
 /organism="Dendrobium christyanum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:426115"
 /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
 /note="authority: *Dendrobium christyanum* Rchb.f."
 CDS
 <1..>663
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
 /protein_id="AKP63277.1"
 /db_xref="GI:873885623"
 /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ
 PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEDNQYIAYVAY
 PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
 LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
 FCA"

ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgccgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggata atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
 661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 33 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762103

```

LOCUS       KP762131                663 bp    DNA     linear   PLN 05-APR-2016

DEFINITION  (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
              x Dendrobium scabrilingue) cultivar Frosty Dawn
              ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene,
              partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762131
VERSION     KP762131.2  GI:1015494671
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
              (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
ORGANISM    (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
              x Dendrobium scabrilingue)
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 663)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 663)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REFERENCE   3 (bases 1 to 663)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REMARK      Sequence update by submitter
COMMENT     On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885657.
              ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES    Location/Qualifiers
     source          1..663
                     /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                     (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /cultivar="Frosty Dawn"
                     /db_xref="taxon:1675673"
                     /PCR_primers="fwd name: rbcL, fwd_seq:
                     tcaccacaaaacagaaactaaagc, rev name: rbcL, rev seq:
                     ggacaaaataagaacgatctc"
                     /note="red labellum"
     CDS             <1..>663
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /protein_id="AMV59758.1"
                     /db_xref="GI:1015494672"
                     /translation="SPQTETKASGWSLSGGKDYKLYTYPDYETKDTDILAAFRVTPQ
                     PGVPEEAGAAVAEESSTGTWTTVNTDGLTSLDRYKRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
                     PLDLFEESVNTMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTYSKTFQGGPPHGIQVERDK
                     LNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
                     FCA"
ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggg tggagtttaa gcgggggtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactgcta catggacaac tgtgtggact gatggacta ccagtcctga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggctgtcc cctattggga tgtactatta aacaaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaatc acaaccattt atgcgttggg gagatcgttt cttatttgtg
661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 34 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762131

```

LOCUS       KP762132                663 bp    DNA     linear   PLN 05-APR-2016
DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
x Dendrobium scabrilingue) cultivar Frosty Dawn
ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene,
partial cds; chloroplast.
ACCESSION  KP762132
VERSION    KP762132.2   GI:1015494673
KEYWORDS   .
SOURCE     chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
(Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
  ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
x Dendrobium scabrilingue)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieinae; Dendrobium.
REFERENCE  1 (bases 1 to 663)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL    Unpublished
REFERENCE  2 (bases 1 to 663)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REFERENCE  3 (bases 1 to 663)
AUTHORS    Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
REMARK     Sequence update by submitter
COMMENT    On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885658.

##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
  source   1..663
           /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
(Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
           /organelle="plastid:chloroplast"
           /mol_type="genomic DNA"
           /cultivar="Frosty Dawn"
           /db_xref="taxon:1675673"
           /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
tcaccacaaacagaaactaaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
ggcacaaaataagaaacgatctc"
           /note="yellow labellum"
  CDS      <1..>663
           /codon_start=1
           /transl_table=11
           /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit"
           /protein_id="AMV59759.1"
           /db_xref="GI:1015494674"
           /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKDTDILAAFRVTPQ
PGVPPPEEAGAAVAEESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
PLDLFEEGSVTNMFSTIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGGPPHGIQVERDK
LNKYGRPLLGCITIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
FCA"
ORIGIN     1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttagagc agtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaatcc acaaccatth atgcgttggg gagatcgttt cttattttgt
661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 35 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762132

```

LOCUS       KP762104                663 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  Dendrobium williamsonii ribulose-1,5-bisphosphate
              carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762104
VERSION     KP762104.1   GI:873885624
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Dendrobium williamsonii
  ORGANISM  Dendrobium williamsonii
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..663
                       /organism="Dendrobium williamsonii"
                       /organelle="plastid:chloroplast"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /db_xref="taxon:161871"
                       /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
                       tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
                       ggcacaaaataagaaacgatctc"
                       /note="authority: Dendrobium williamsonii Day & Rchb.f."
     CDS               1..663
                       /codon_start=1
                       /transl_table=11
                       /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                       large subunit"
                       /protein_id="AKP63278.1"
                       /db_xref="GI:873885625"
                       /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDTDILAAFRVTPQ
                       PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
                       PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
                       LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
                       FCA"
ORIGIN         1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
                61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
                121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
                181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
                241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
                301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
                361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattcct
                421 acttcttatt caaaactttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
                481 ttgaacaagt atggctgctc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
                541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
                601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
                661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 36 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762104

LOCUS KP762105 663 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium heterocarpum ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762105

VERSION KP762105.1 GI:873885626

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium heterocarpum

ORGANISM Dendrobium heterocarpum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..663
/organism="Dendrobium heterocarpum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:257361"
/PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: Dendrobium heterocarpum Lindl."
CDS <1..>663
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="AKP63279.1"
/db_xref="GI:873885627"
/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPEYETKDDTDILAAFRVTPQ
PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEDNQYIAYVAY
PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
FCA"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctga atacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcggtacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggata atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattcca
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcggtt cttattttgt
661 gcc

//

ภาพผนวกที่ 37 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762105

LOCUS KP762106 660 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium longicornu ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit-like gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762106

VERSION KP762106.1 GI:873885628

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium longicornu

ORGANISM Dendrobium longicornu
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 660)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 660)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..660
/organism="Dendrobium longicornu"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:257357"
/PCR primers="fwd name: rbcL, fwd seq: tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq: ggcacaaaataagaaacgatctc"
/note="authority: Dendrobium longicornu Lindl."

misc feature <1..>660
/note="similar to ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"

ORIGIN

1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atacgcctca ctacgaaacc aaagatactg atatcctggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggt ggggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact actgtatagc ggtttatgaa tgtctatagg gtggacttga ttttactagg
601 atgatgaaat cttaatttcc aaaccgtttt tgcgttgag atcgttttct atttgtgccc

//

ภาพผนวกที่ 38 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762106


```

LOCUS       KP762107                663 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  Dendrobium cariniferum ribulose-1,5-bisphosphate
              carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION   KP762107
VERSION     KP762107.1   GI:873885629
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Dendrobium cariniferum
  ORGANISM  Dendrobium cariniferum
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 663)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source           1..663
                      /organism="Dendrobium cariniferum"
                      /organelle="plastid:chloroplast"
                      /mol_type="genomic DNA"
                      /db_xref="taxon:179352"
                      /PCR_primers="fwd_name: rbcL, fwd_seq:
                      tcaccacaaacagaaactaaagc, rev_name: rbcL, rev_seq:
                      ggcacaaaataagaaacgatctc"
                      /note="authority: Dendrobium cariniferum Rchb.f."
     CDS              <1..>663
                      /codon_start=1
                      /transl_table=11
                      /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                      large subunit"
                      /protein_id="AKP63280.1"
                      /db_xref="GI:873885630"
                      /translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPHYETKDDTDILAAFRVTPQ
                      PGVPPPEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAY
                      PLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPhGIQVERDK
                      LNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFL
                      FCA"
ORIGIN          1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcggt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
                61 ttgacttatt atacgcctca ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
                121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
                181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagcttga tcgttacaaa
                241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
                301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
                361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct gcgaattccc
                421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
                481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
                541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga tttactaag
                601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttga gagatcgttt cttattttgt
                661 gcc
//

```

ภาพผนวกที่ 39 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762107

LOCUS KP762080 554 bp DNA linear PLN 14-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium cruentum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762080

VERSION KP762080.1 GI:873885578

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium cruentum

ORGANISM Dendrobium cruentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="Dendrobium cruentum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:906701"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgtttacttatggtttctca"
/note="authority: Dendrobium cruentum Rchb.f."
CDS <1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63256.1"
/db_xref="GI:873885579"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNVTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 40 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762080

LOCUS KP762113 936 bp DNA linear PLN 05-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue; chloroplast.
 ACCESSION KP762113
 VERSION KP762113.1 GI:873885636
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
 ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 936)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 936)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..936
 /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1675666"
 /PCR_primers="fwd_name: matK, fwd_seq: taatttacgatcaattcattc, rev_name: matK, rev_seq: cgactttcttgctagaac"
 misc_feature <1..>936
 /note="similar to maturase K"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt cccttttaga ggataaatta tgcatttaa attatgtgtc
 61 agatctacta ataccccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc ttcaatggtg
 121 gatcaaagat gttccttctt tgcatttatt gcgattggtt ttccacgaat atcataattt
 181 gaatagtctc tttacttcaa agaaatccat ttacgtattt tcaaaaagaa agaaaagatt
 241 cttttgggtc ctacataatt cttatgtata tgaatgcaa tatctattcc tgtttcttcg
 301 taaacagtct tcttatttac gatcaatata ttctggagtc tttcttgagc gaacactttt
 361 ctatggaaaa atagaatatc ttatagtogt gtgttgtaat tcttctcaga ggatcctatg
 421 gttcctcaag gatactttca tacattatgt tcgatatcaa ggaaaagcaa ttctggcttc
 481 aaaaggaact cttattctga tgaaaaaat gaaattcoat cttgtgaatt tctggcaatc
 541 ttattttcac ttttggtttc aaccttatag gatccatata aagcaattac ccaactattc
 601 cttctctttt ctggggttct tttcaagtgt actgaaaaat ctttggttag taagaaatca
 661 aatgctagag aattcatttc taataaatac tctatctaag aaattagata ccatagcccc
 721 agttatttct cttattggat cattgtcgaa agtcaattt tgtactgat tgggtcatcc
 781 tattagtaaa ccgatctgga ccgatttatc ggattctgat attcttgatc gattttgtcg
 841 gatagttaga aatctttgtc gttatcacag cggatcctca aagaaacagg tttgtatcgg
 901 tataaagtat atacttcgac tttcttggtc tagaac
 //

ภาพผนวกที่ 41 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762113

LOCUS KP762081 554 bp DNA linear PLN 14-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium formosum* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762081

VERSION KP762081.1 GI:873885580

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium formosum*

ORGANISM *Dendrobium formosum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Dendrobium formosum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:234011"
 /PCR_primers="fwd_name: rpoc1, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
 /note="authority: *Dendrobium formosum* Roxb. ex Lindl."
 <1..>554

CDS
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63257.1"
 /db_xref="GI:873885581"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKIKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaat aaaaattcgg
 301 gaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 42 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762081

LOCUS KP762134 554 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762134

VERSION KP762134.1 GI:873885661

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum

ORGANISM Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..554
/organism="Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Dawn Maree"
/db_xref="taxon:1682104"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtaggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
CDS <1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63285.1"
/db_xref="GI:873885662"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNVTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN

1 gtaggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccacctt gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttca tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 43 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762134

LOCUS KP762082 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762082

VERSION KP762082.1 GI:873885582

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium formosum

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium formosum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Roongkamol Vejvarut"
/db_xref="taxon:1682105"
/PCR_primers="fwd name: rpocl, fwd seq:
gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq:
gccccgttacttctatgttttctca"
CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63258.1"
/db_xref="GI:873885583"
/translation="VDTLLDNGIRGQPTRGGHNKVKFSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNTGIARKKIREK
EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD
GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca cgaggggagg gcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagga ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac coattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 44 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762082

LOCUS KP762083 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum
RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762083

VERSION KP762083.1 GI:873885584

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium cruentum

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..554
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium cruentum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Green Lantern"
/db_xref="taxon:1675667"
/PCR primers="fwd name: rpoc1, fwd seq:
gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq:
gccccgttacttctatgttttctca"
<1..>554

CDS
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63259.1"
/db_xref="GI:873885585"
/translation="VDTLLDNGIPGQPMRGGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNTGIAKRKIREK
EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD
GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN

1 gtggatacac ttcttgataa tgggatcccg ggacaaccca tgaggggagg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagga ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac coattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gagggcgctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 45 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762083

LOCUS KP762135 554 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762135

VERSION KP762135.1 GI:873885663

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..554
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675666"
/PCR_primers="fwd_name: rpoc1, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq: gcccgtttacttatgttttctca"

CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63286.1"
/db_xref="GI:873885664"
/translation="VDTLLDNGIRGQPTREGHNKVKYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIVVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN

1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca cgagagaggg gcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgccaccctt gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 46 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762135

LOCUS KP762084 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium scabrilingue* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762084

VERSION KP762084.1 GI:873885586

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:38179"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatggtttctca"
/note="authority: *Dendrobium scabrilingue* Lindl."
CDS <1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63260.1"
/db_xref="GI:873885587"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gttgatac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
61 gttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 47 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762084

LOCUS KP762139 554 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762139

VERSION KP762139.1 GI:873885671

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Dendrobium scabrilingue x Dendrobium ellipsophyllum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1675670"
 /PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gttgatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
 CDS
 <1..>554
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63290.1"
 /db_xref="GI:873885672"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNVTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
 1 gttgatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaac atttgaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 48 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762139

LOCUS KP762085 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium draconis* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762085

VERSION KP762085.1 GI:873885588

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium draconis*

ORGANISM *Dendrobium draconis*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Dendrobium draconis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257356"
 /PCR_primers="fwd_name: rpoc1, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
 /note="authority: *Dendrobium draconis* Rchb.f."
 CDS
 <1..>554
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63261.1"
 /db_xref="GI:873885589"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
 1 gttgatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
 301 gaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 49 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762085

LOCUS KP762086 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium ellipsophyllum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762086

VERSION KP762086.2 GI:1015494650

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter

COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:873885590.

##Assembly-Data-START##

Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing

##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..554
/organism="Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:179353"
/PCR primers="fwd name: rpoc1, fwd seq:
gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq:
gcccgttacttatggtttctca"
/note="authority: Dendrobium ellipsophyllum Tang & Wang"

CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AMV59748.1"
/db_xref="GI:1015494651"
/translation="VDTLLDNGIRGQPTREGQNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIARKKIREK
EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRALCLHPLVCKGFNADF
GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN

1 gttgatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca cgagagaggg gcagaataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg tggctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gagggcgctg ctctttgttt acaccatta gtttgaagg gtttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 50 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762086

LOCUS KP762136 554 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762136

VERSION KP762136.1 GI:873885665

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675669"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63287.1"
/db_xref="GI:873885666"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKIKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaat aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 51 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762136

LOCUS KP762087 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium infundibulum* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762087

VERSION KP762087.1 GI:873885591

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium infundibulum*

ORGANISM *Dendrobium infundibulum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..554
 /organism="Dendrobium infundibulum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:859511"
 /PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
 /note="authority: *Dendrobium infundibulum* Lindl."
 <1..>554

CDS
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63262.1"
 /db_xref="GI:873885592"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKIKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaat aaaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccacctt gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatgtgtt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttca tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 52 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762087

LOCUS KP762088 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium kontumense RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762088

VERSION KP762088.1 GI:873885593

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium kontumense

ORGANISM Dendrobium kontumense
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="Dendrobium kontumense"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:906785"
/PCR_primers="fwd_name: rpoc1, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq: gcccgtttacttatggtttctca"
/note="authority: Dendrobium kontumense Gagnep."
CDS <1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63263.1"
/db_xref="GI:873885594"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccacctt gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 53 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762088

LOCUS KP762089 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium christyanum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762089

VERSION KP762089.2 GI:1015494652

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium christyanum

ORGANISM Dendrobium christyanum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (05-APR-2016) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter

COMMENT On Apr 5, 2016 this sequence version replaced gi:[873885595](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucl/873885595).
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..554
/organism="Dendrobium christyanum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:426115"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev name: rpocl, rev_seq: gcccgtttacttatgttttctca"
/note="authority: Dendrobium christyanum Rchb.f."

CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AMV59749.1"
/db_xref="GI:1015494653"
/translation="VDTLLDNGIRGQPPRGGQNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc gggcaacccc ccagaggggg gcagaataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 54 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762089


```

LOCUS       KP762137                554 bp    DNA     linear   PLN 16-JUL-2015

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
            x Dendrobium scabrilingue) note red labellum RNA polymerase beta
            subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION  KP762137
VERSION    KP762137.1  GI:873885667
KEYWORDS   .
SOURCE     chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
            (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
   ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum
            x Dendrobium scabrilingue)
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
            Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE  1 (bases 1 to 554)
AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
            group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL   Unpublished
REFERENCE  2 (bases 1 to 554)
AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE     Direct Submission
JOURNAL   Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
            Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES   Location/Qualifiers
            source                1..554
                                     /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                                     (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
                                     /organelle="plastid:chloroplast"
                                     /mol_type="genomic DNA"
                                     /cultivar="Frosty Dawn"
                                     /db_xref="taxon:1675673"
                                     /PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq:
                                     gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq:
                                     gcccgtttacttatgttttctca"
                                     /note="red labellum"
   CDS     <1..>554
                                     /codon_start=1
                                     /transl_table=11
                                     /product="RNA polymerase beta subunit"
                                     /protein_id="AKP63288.1"
                                     /db_xref="GI:873885668"
                                     /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
                                     VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKIKIREK
                                     EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD
                                     GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1  gtggatacac  ttcttgataa  tgggatccgc  ggacaacca  tgagagatgg  tcataataaa
61  gtttacaagt  cattttccga  tgtaattgaa  ggcaaagaag  gaagatttgc  tgagactctg
121  cttggtaaac  gggtcgatta  ttccgggctg  tccgtcattg  tcgtgggtcc  tttgctttca
181  ttacatcaat  gtggattacc  tcgagaaata  gcaatagagc  tcttccaaac  atttgtaatt
241  cgtgggtctaa  tcagacaaga  tgttgcttct  aacacagggg  ttgctaaaat  aaaaattcgg
301  gaaaaagaac  ccattgtatg  ggaaatcctt  caagaagtta  tgcaggggca  tcctgtattg
361  ttgaatagag  cgcccaccct  gcatagatta  ggtatacagg  cgttccaacc  cattttagtg
421  gaggggctg  ctatttgttt  acaccatta  gtttgtaagg  gcttcaacgc  agactttgat
481  ggggatcaaa  tggctgttca  cgtaccttta  tctttggaag  ctcaagcaga  agcccgttta
541  cttatgtttt  ctca
//

```

ภาพผนวกที่ 55 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762137

LOCUS KP762138 554 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue) note yellow labellum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762138

VERSION KP762138.1 GI:873885669

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES

source Location/Qualifiers
1..554
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Frosty Dawn"
/db_xref="taxon:1675673"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgttacttatgttttctca"
/note="yellow labellum"

CDS
<1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63289.1"
/db_xref="GI:873885670"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttctg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttccggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgaatt
241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagga ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 56 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762138

LOCUS KP762090 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium williamsonii RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762090

VERSION KP762090.1 GI:873885596

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium williamsonii

ORGANISM Dendrobium williamsonii
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..554
/organism="Dendrobium williamsonii"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:161871"
/PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq: gcccgtttacttatgttttctca"
/note="authority: Dendrobium williamsonii Day & Rchb.f."
CDS <1..>554
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63264.1"
/db_xref="GI:873885597"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatgtgtt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 57 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762090

LOCUS KP762091 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION Dendrobium heterocarpum RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762091

VERSION KP762091.1 GI:873885598

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast Dendrobium heterocarpum

ORGANISM Dendrobium heterocarpum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..554
/organism="Dendrobium heterocarpum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:257361"
/PCR_primers="fwd_name: rpoc1, fwd_seq: gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpoc1, rev_seq: gcccgttacttatggtttctca"
/note="authority: Dendrobium heterocarpum Lindl."
<1..>554

CDS
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta subunit"
/protein_id="AKP63265.1"
/db_xref="GI:873885599"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
1 gttgatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
301 gaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
361 ttgaatagag cgcccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421 gaggggctg ctatgtgtt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 58 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762091

LOCUS KP762092 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium longicornu* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762092

VERSION KP762092.1 GI:873885600

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium longicornu*

ORGANISM *Dendrobium longicornu*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Dendrobium longicornu"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257357"
 /PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq:
 gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq:
 gcccgtttacttatggttttctca"
 /note="authority: *Dendrobium longicornu* Lindl."
 <1..>554

CDS
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63266.1"
 /db_xref="GI:873885601"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
 VDYSGRSVIVVGPLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKRKIREK
 EPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD
 GDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cccccacct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtacctta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 59 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762092

LOCUS KP762093 554 bp DNA linear PLN 05-APR-2016

DEFINITION *Dendrobium cariniferum* RNA polymerase beta subunit gene, partial cds; chloroplast.

ACCESSION KP762093

VERSION KP762093.1 GI:873885602

KEYWORDS .

SOURCE chloroplast *Dendrobium cariniferum*

ORGANISM *Dendrobium cariniferum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 554)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..554
 /organism="Dendrobium cariniferum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:179352"
 /PCR_primers="fwd_name: rpocl, fwd_seq:
 gtggatacacttcttgataatgg, rev_name: rpocl, rev_seq:
 gcccgttacttatgttttctca"
 /note="authority: *Dendrobium cariniferum* Rchb.f."
 <1..>554

CDS
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta subunit"
 /protein_id="AKP63267.1"
 /db_xref="GI:873885603"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKR
 VDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVVSNTGIKRKIREK
 EPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCKGFNADFD
 GDQMAVHVPYLESAQAEARLLMFS"

ORIGIN

1 gttgatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgtttct aacacagggg ttgctaaaag aaaaattcgg
 301 gaaaagaac ccattgtatg gaaatcctt caagaagtta tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgtccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatgtgtt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttat cttgagtcag cacaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

//

ภาพผนวกที่ 60 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762093

```

LOCUS       KP762140                891 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  UNVERIFIED: Dendrobium cruentum trnH-psbA intergenic spacer region,
              partial sequence; chloroplast.
ACCESSION   KP762140
VERSION     KP762140.1  GI:873885673
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      chloroplast Dendrobium cruentum
  ORGANISM  Dendrobium cruentum
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 891)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 891)
  AUTHORS   Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
              provided by the submitter.
              ##Assembly-Data-START##
              Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
              ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..891
                       /organism="Dendrobium cruentum"
                       /organelle="plastid:chloroplast"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /db_xref="taxon:906701"
                       /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
                       cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq:
                       gagcattacgttcatgcataac"
     misc feature      <1..>891
                       /note="trnH-psbA intergenic spacer region"
ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctcacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa agaagattca tatacataca aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

```

//

ภาพผนวกที่ 61 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762140

LOCUS KP762141 877 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium formosum* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762141

VERSION KP762141.1 GI:873885674

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium formosum*

ORGANISM *Dendrobium formosum*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 877)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 877)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..877
/organism="Dendrobium formosum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:234011"
/PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq:
gagcattacgttcatgcataac"
misc feature /note="authority: *Dendrobium formosum* Roxb. ex Lindl."
<1..>877
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcacaa tccgcccttc cttatctag ctaaaggatt ttctcttttt
61 tccattcatc attatacttc agattaagat cgagatattg gacatagaat gccaatttaa
121 aaaatggaaa aaaaggagta atcagccgtg acacgttcac taaaaaaaaa tccttttgta
181 gctaatcatt tagcgggaa gattgaaaaa ctcaacagga gggaggagaa agaaatcata
241 gtgacttggt ctcgggcatc taccattata cccacaatga ttggccatac aatcgctatt
301 cataatggaa agaacattt acctatttat atcacagatc gtagggtcgg tcacaaattg
361 ggagaattcg cacctactct aactttcgtg agacacgca gaaacgataa taaatctcgt
421 cgttagtcgt tctactaagt attcatgtga aaagccttat ctttaataat agtctttata
481 atatthtttaa gggatattag acttaagatt atagtaagag tataggtata tctctttttc
541 tagtatacta atatactcac ttttctgact tatcttatac tatacttcac ctagggcact
601 tatcattcat tggcggggga gaacttttat gataaagaac gaaaattcgg atagagaagc
661 aaaagtgtta gctcaacata tccccttccc tgaatccaag aatgcaaatc caacaagata
721 gcaatccccc aatatcttgt tcttagaaca agatattggg ggattgctat cttaaaagaa
781 gattcatata catacaaaag tattatccat ttatagatgg agcttccaca gaagctagat
841 ctagagggaa gttgtgagca ttacgttcat gcataac

//

ภาพผนวกที่ 62 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762141

LOCUS KP762142 891 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium cruentum* x *Dendrobium formosum* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762142

VERSION KP762142.1 GI:873885675

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium cruentum* x *Dendrobium formosum*

ORGANISM *Dendrobium cruentum* x *Dendrobium formosum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 891)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 891)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..891
 /organism="Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /cultivar="Dawn Maree"
 /db_xref="taxon:1682104"
 /PCR_primers="fwd name: trnH, fwd seq:
 cgcgcatgggtgattcacatcc, rev_name: psbA, rev_seq:
 gagcattacgttcatgcataac"

misc feature
 <1..>891
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcaca tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaa gaacatttac ctatttata
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
 541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
 601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
 661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
 721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
 781 ctatcttaaa agaagattca tatacataca aaagtattat ccatttatag atggagcttc
 841 cacagaagct agatctagag ggaagtgtg agcattacgt tcatgcataa c

//

ภาพผนวกที่ 63 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762142

```

LOCUS       KP762143                891 bp    DNA     linear   PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
             Dendrobium formosum trnH-psbA intergenic spacer region, partial
             sequence; chloroplast.
ACCESSION   KP762143
VERSION     KP762143.1  GI:873885676
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
             Dendrobium formosum
ORGANISM    (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium formosum
             Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
             Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
             Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 891)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
             group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 891)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
             Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
             provided by the submitter.

             ##Assembly-Data-START##
             Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
             ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source            1..891
                       /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                       Dendrobium formosum"
                       /organelle="plastid:chloroplast"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /cultivar="Roongkamol Vejvarut"
                       /db_xref="taxon:1682105"
                       /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
                       cgcgcatgggtgattcacaatcc, rev name: psbA, rev seq:
                       gagcattacgttcatgcataac"
     misc_feature      <1..>891
                       /note="trnH-psbA intergenic spacer region"
ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcaca tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaa gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctcacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa agaagattca tatacataca aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagtgtg agcattacgt tcatgcataa c
//

```

ภาพผนวกที่ 64 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762143

```

LOCUS       KP762144                891 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium cruentum trnH-psbA intergenic spacer region, partial
sequence; chloroplast.
ACCESSION   KP762144
VERSION     KP762144.1  GI:873885677
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
Dendrobium cruentum
  ORGANISM  (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium cruentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.
REFERENCE   1  (bases 1 to 891)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 891)
AUTHORS     Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
provided by the submitter.

##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
  source              1..891
                     /organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x
                     Dendrobium cruentum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /cultivar="Green Lantern"
                     /db_xref="taxon:1675667"
                     /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
                     cgcgcatgggtgattcacaatcc, rev name: psbA, rev seq:
                     gagcattacgttcatgcataac"
  misc_feature        <1..>891
                     /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1  cgcgcatggt ggattcaca tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61  ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttacta aaaaaaaaa cttttgtagc taatcattta gcggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaa gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa agaagattca tatacataca aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagtgtg agcattactg tcatgcataa c
//

```

ภาพผนวกที่ 65 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762144

LOCUS KP762145 878 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762145

VERSION KP762145.1 GI:873885678

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobieae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 878)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 878)

AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..878
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x Dendrobium scabrilingue"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675666"
/PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtgattcacaatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacgttcatgcataac"
misc feature <1..>878
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcaca tccactggc tacatctgcc cttccctta tctagctaaa
61 ggattttctc ttttttccat tcatcattat acttcagatt aagatcgaga tattggacat
121 agaatgccaa tttaaaaaat ggaaaaaaag gagtaatcag cgtgacacg ttcactaaaa
181 aaaaatcctt ttgtagctaa tcatttagcg ggaaggattg aaaaactcaa caggagggag
241 gagaaagaaa tcatagtac ttggctctcg gcatctacca ttataccac aatgattggc
301 catacaatcg ctattcataa tggaaaggaa catttaccta tttatatcac agatcgatg
361 gtcggtcaca aattgggaga attcgacact actctaactt tcgtgagaca cgcgagaaac
421 gataataaat ctgctgttta gtcgttctac taagtattca tgtgaaaagc cttatcttaa
481 tagtctttat aatagtattt agacttaaga ttatagtaag agtataggta tatctctttt
541 tctagtatac taatatactc acttttctga cttatcttat actatacttc acctaggcac
601 ttatcattca ttggcggggg agaactttta tgataagaa cgaaaattcg gatagagaag
661 caaaagtgtt agctcaacat atccccttcc ctgaatccaa gaatgcaaat ccaacaagat
721 agcaatcccc caatatcttg ttcttagaac aagatattgg gggattgcta tcttaaaaga
781 agattcatat acatacaaaa gtattatcca tttatagatg gagcttccac agaagctaga
841 tctagaggga agttgtgagc attacgttca tgcataac

//

ภาพผนวกที่ 66 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762145

LOCUS KP762146 873 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium scabrilingue* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762146

VERSION KP762146.1 GI:873885679

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..873
 /organism="Dendrobium scabrilingue"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:38179"
 /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcacaaatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacgttcatgcataac"
 /note="authority: *Dendrobium scabrilingue* Lindl."

misc feature <1..>873
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcaact aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctattatat
 361 cacagatcgt atggctcgtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tataagagta ttttagactta agattatagt aagagtatag
 541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
 601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
 661 tcggatagag aagcaaaagt gttagcccct gaatccaaga atgcaaatcc aacaagatag
 721 caatccccc atatcttgtt ctaataacaa gatattgggg gattgctatc ttaaaaaatt
 781 catatacata caaaagtatt atccatttat agatggagct tccacagaag ctatagctag
 841 agggaagtgg tgagcattac gttcatgcat aac

//

ภาพผนวกที่ 67 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762146

LOCUS KP762147 887 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762147

VERSION KP762147.1 GI:873885680

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*

ORGANISM *Dendrobium scabrilingue* x *Dendrobium ellipsophyllum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 887)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium*
 group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 887)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
 Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.

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

FEATURES

source Location/Qualifiers
 1..887
 /organism="Dendrobium scabrilingue x Dendrobium
 ellipsophyllum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1675670"
 /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
 cgcgcatggtggattcacaatcc, rev_name: psbA, rev_seq:
 gagcattacggttcataaac"

misc feature <1..>887
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctctttttta cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaa gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaatggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tctaaatagt atttctaaga gtatttagac ttaagattat
 541 agtaagagta taggtatatt tctttttcta gtataactaa atactcactt tctgactta
 601 tcttatacta tacttcacct agggcactta tcattcattg gcgggggaga actcttatga
 661 taaagaacga aaattcggat agagaagcaa aagtgttagc ccctgaatcc aagaatgcaa
 721 atccaacaag atagcaatcc cccaatatct tgttattaga acaagatatt gggggattgc
 781 tatcttaaaa gattcatata catacaaaaag tattatccat ttatagatgg agcttcaca
 841 gaagctagat ctagagggaa gttgtgagca ttacgttcac gcataac

//

ภาพผนวกที่ 68 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762147

LOCUS KP762148 882 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium draconis trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762148

VERSION KP762148.1 GI:873885681

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium draconis

ORGANISM Dendrobium draconis
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 882)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 882)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..882
 /organism="Dendrobium draconis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257356"
 /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacgttcatgcataac"
 /note="authority: Dendrobium draconis Rchb.f."
 misc feature <1..>882
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctattatat
 361 cacagatcgt atggctcgtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tataatagta ttttagactta agattatagt aagagtatag
 541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
 601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
 661 tcggatagag aagcaaaagt gttagcccct gaatccaagg aatccaagaa tgcaaatcca
 721 acaagatagc aatcccccaa tatcttgctc taataacaag atattggggg attgctatct
 781 taaaagattc atatacatc aaaagtatta tccatttata gatggagctt ccacagaagc
 841 tagatctaga ggggaagttgt gagcattacg ttcattgcata ac

//

ภาพผนวกที่ 69 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762148

LOCUS KP762149 877 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium ellipsophyllum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762149

VERSION KP762149.1 GI:873885682

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 877)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 877)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..877
/organism="Dendrobium ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:179353"
/PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacgttcatgcataac"
misc feature <1..>877
/note="authority: Dendrobium ellipsophyllum Tang & Wang"
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcggaagaa ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtatt tataagagta tttagactta agagtcttta tcttatagta
541 agagtatagg tatatttctt tttctagtagt actaatatac tcacttttct gacttatctt
601 atactatgct tcacctagc acttatcatt cattggcggg ggagaacttt tatgataaag
661 aacgaaaatt cggatagaga agcaaaagac ccctgaatcc aagaatgcaa atccaacaag
721 atagcaatcc cccaatatct tgttctaaga acaagatatt gggggattgc tatcttaaaa
781 aattcatata catacaaaa gattatctat ttatagatgg agcttccaca gaagctagat
841 ctagagggaa gttgtgagca ttacgttcat gcataac

//

ภาพผนวกที่ 70 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762149

LOCUS KP762150 886 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum
trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762150

VERSION KP762150.1 GI:873885683

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum

ORGANISM Dendrobium formosum x Dendrobium ellipsophyllum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 886)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
group Nigrohirsutae using DNA markers

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 886)

AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..886
/organism="Dendrobium formosum x Dendrobium
ellipsophyllum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1675669"
/PCR primers="fwd name: trnH, fwd seq:
cgcgcatgggtgattcacaatcc, rev_name: psbA, rev_seq:
gagcattacgttcatgcataac"

misc feature <1..>886
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcaca tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatddd ctctttttda cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt gccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggctcgtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtatt tctaaatagt atttctaaga gtatttagac ttaagattat
541 agtaagagta taggtatatt tctttttcta gtataactat atactcactt ttctgactta
601 tcttatacta tacttcacct agggcactta tcattcattg gcgggggaga actcttatga
661 taaagaacga aaattcggat agagaagcaa aagtgttagc ccctgaatcc aagaatgcaa
721 atccaacaag atagcaatcc cccaatatct tgttattaga acaagatatt gggggattgc
781 tatcttaag attcatatac atacaaaagt attatccatt tatagatgga gcttccacag
841 aagctagatc tagaggggaa gtgtgagcat tacgttcatg cataac

//

ภาพผนวกที่ 71 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762150

LOCUS KP762151 886 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium infundibulum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762151

VERSION KP762151.1 GI:873885684

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium infundibulum

ORGANISM Dendrobium infundibulum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 886)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 886)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..886
/organism="Dendrobium infundibulum"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:859511"
/PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcaccaatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacgttcatgcataac"
misc feature <1..>886
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctctttttta cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctatttatat
361 cacagatcgt atggctcgtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtatt tctaaatagt atttctaaga gtatttagac ttaagattat
541 agtaagagta taggtatatt tctttttcta gtataactaat atactcactt ttctgactta
601 tcttatacta tacttcacct aggcaattat cattcattgg cgggggagaa cttttatgat
661 aaagaacgaa aattcggata gagaagcaaa agtgtagacc cctgaatcca agaatgcaaa
721 tccaacaaga tagcaatccc ccaatatctt gttctaataa caagatattg ggggattgct
781 atcttaaaaa attcatatac atacaaaagt attatccatt tatagatgga gcttccacag
841 aagctagatc tagagggaag ttgtgagcat tacgttcatg cataac

//

ภาพผนวกที่ 72 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762151

```

LOCUS       KP762152                882 bp    DNA    linear    PLN 16-JUL-2015

DEFINITION  UNVERIFIED: Dendrobium kontumense trnH-psbA intergenic spacer
              region, partial sequence; chloroplast.
ACCESSION   KP762152
VERSION     KP762152.1  GI:873885685
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      chloroplast Dendrobium kontumense
            ORGANISM  Dendrobium kontumense
              Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
              Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
              Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.
REFERENCE   1  (bases 1 to 882)
            AUTHORS  Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
            TITLE    Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium
              group Nigrohirsutae using DNA markers
            JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 882)
            AUTHORS  Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
            TITLE    Direct Submission
            JOURNAL   Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University,
              Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
              provided by the submitter.
            ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology  :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source           1..882
                     /organism="Dendrobium kontumense"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:906785"
                     /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq:
                     cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq:
                     gagcattacggtcatgcataac"
     misc feature     <1..>882
                     /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1  cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccccttccc
61  ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctatttatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtatt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcggatagag aagcaaaagt gttagcccct gaatccaagg aatccaagaa tgcaaatcca
721 acaagatagc aatcccccaa tatcttgtaa ttagaacaag atattggggg attgctatct
781 taaaagattc atatacatc aaaagtatta tccattata gatggagctt ccacagaagc
841 taaatctaga gggaagttgt gagcattacg ttcatgcata ac

```

//

ภาพผนวกที่ 73 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762152

LOCUS KP762153 873 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium christyanum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762153

VERSION KP762153.1 GI:873885686

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium christyanum

ORGANISM Dendrobium christyanum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..873
 /organism="Dendrobium christyanum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:426115"
 /PCR primers="fwd name: trnH, fwd seq: cgcgcatggtggattcacatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacgttcatgcataac"
 /note="authority: Dendrobium christyanum Rchb.f."
 misc_feature <1..>873
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaagggtttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaatggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
 541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
 601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
 661 tcggatagag aagcaaaagt gttagcccct gaatccaaga atgcaaatcc aacaagatag
 721 caatccccca atatcttgtt attataacaa gatattggg gattgctatc ttaaaaaatt
 781 catatacata caaaagtatt atccatttat agatggagcc tccccagagg ctagatctag
 841 aggggagttg tgagcattac gttcatgcat aac

//

ภาพผนวกที่ 74 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762153

LOCUS KP762154 891 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue) note red labellum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762154

VERSION KP762154.1 GI:873885687

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 891)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 891)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..891
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Frosty Dawn"
/db_xref="taxon:1675673"
/PCR primers="fwd name: trnH, fwd seq: cgcgcatggtggattcacatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacggttcataaac"
/note="red labellum"
misc feature <1..>891
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatacactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggattct ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatctaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcaact aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctatttatat
361 cacagatcgt atggctcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtctggtc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcgगतagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa agaagattca tatacatata aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

//

ภาพผนวกที่ 75 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762154

LOCUS KP762155 891 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue) note yellow labellum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762155

VERSION KP762155.1 GI:873885688

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)

ORGANISM (Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 891)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 891)
AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..891
/organism="(Dendrobium cruentum x Dendrobium formosum) x (Dendrobium cruentum x Dendrobium scabrilingue)"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Frosty Dawn"
/db_xref="taxon:1675673"
/PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcaaatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacgttcatgcataac"
/note="yellow labellum"
misc feature <1..>891
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaatgatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttacta aaaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaag aatcatagtg gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctatttatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattogca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgagaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcggtc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tataatagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatctct ttttctagta tactaatata ctcacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaaca gatagcaatc cccaatatac ttgttcttag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa agaagattca tatacatata aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

//

ภาพผนวกที่ 76 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762155

LOCUS KP762156 905 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium williamsonii* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762156

VERSION KP762156.1 GI:873885689

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium williamsonii*

ORGANISM *Dendrobium williamsonii*
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 905)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 905)
AUTHORS Phanroopthaw, J., Thanananta, T. and Thanananta, N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..905
/organism="Dendrobium williamsonii"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:161871"
/PCR primers="fwd name: trnH, fwd seq: cgcgcatgggtgattcacaatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacgttcatgcataac"
/note="authority: *Dendrobium williamsonii* Day & Rchb.f."

misc feature <1..>905
/note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN
1 cgcgcatgggt ggattcacia tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagaa ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tgcgtattca taatggaaa gaacatttac ctatttata
361 cacagatcgt atggctcggc acaaatggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtctt tctaatagtc tttctaatag tatttagact taagagtctt
541 tatcttatag atcttatagt aagagtatag gtatatctt ttttctagta tactaatata
601 ctacttttc tgacttatct tatactatac ttcaactagg cacttatcat tcattggcgg
661 gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat tcggatagag aagcaaaaaga cccaggaatc
721 caatgaatcc aagaatgcaa atccaacaag gtagcaatcc cccaatatct tgttcttaga
781 acaagatatt gggggattgc taccttcaaa aattcatata catacaaaa tattatccat
841 ttatagatgg agctccacag aagctgatct agagggaagt tgtgagcatt acgttcatgc
901 ataac

//

ภาพผนวกที่ 77 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762156

LOCUS KP762157 886 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium heterocarpum trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762157

VERSION KP762157.1 GI:873885690

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium heterocarpum

ORGANISM Dendrobium heterocarpum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 886)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 886)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..886
 /organism="Dendrobium heterocarpum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257361"
 /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcaccaatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacggttcataaac"
 /note="authority: Dendrobium heterocarpum Lindl."
 misc feature <1..>886
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggctcggc acaaattggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtctgac tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tctaaatagt atttctaata gtatttagac ttaagattat
 541 agtaagagta taggtatatt tctttttcta gtataactaat atactcactt ttctgactta
 601 tcttatacta tacttcacct aggcaattat cattcattgg cgggggagaa cttttatgat
 661 aaagaacgaa aattcagata gagaagcaaa agtgtagacc cctgaatcca agaatgcaaa
 721 tccaacaaga tagcaatccc ccaatatcct gttattataa caagatattg ggggattgct
 781 atcttaaaaa attcatatac atacaaaagt attatccatt tatagatgga gcttccacag
 841 aagctagatc tagagggaag ttgtgagcat tacgttcatg cataac

//

ภาพผนวกที่ 78 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762157

LOCUS KP762158 891 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: Dendrobium longicornu trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762158

VERSION KP762158.1 GI:873885691

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast Dendrobium longicornu

ORGANISM Dendrobium longicornu
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; Dendrobium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 891)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of Dendrobium group Nigrohirsutae using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 891)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..891
 /organism="Dendrobium longicornu"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:257357"
 /PCR_primers="fwd_name: trnH, fwd_seq: cgcgcatggtggattcacatcc, rev name: psbA, rev seq: gagcattacggttcataaac"
 /note="authority: Dendrobium longicornu Lindl."
 misc feature <1..>891
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

```

1 cgcgcatggt ggattcaca tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaagatcg
121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
241 caacaggagg gaggagaaa aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaa gaacatttac ctattatat
361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
481 agccttatct taatagtatt tataagagta tttagactta agattatagt aagagtatag
541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcacttttc tgacttatct tatactatac
601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaaat
661 ttggatagag aagcaaaagt gttagctcaa catatcccct tccctgaatc caagaatgca
721 aatccaacaa gatagcaatc cccaatatac ttgttattag aacaagatat tgggggattg
781 ctatcttaaa aaaagattca tatacataca aaagtattat ccatttatag atggagcttc
841 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

```

//

ภาพผนวกที่ 79 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762158

LOCUS KP762159 873 bp DNA linear PLN 16-JUL-2015

DEFINITION UNVERIFIED: *Dendrobium cariniferum* trnH-psbA intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP762159

VERSION KP762159.1 GI:873885692

KEYWORDS UNVERIFIED.

SOURCE chloroplast *Dendrobium cariniferum*

ORGANISM *Dendrobium cariniferum*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Malaxideae; Dendrobiinae; *Dendrobium*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Identification and Genetic Relationship Analysis of *Dendrobium* group *Nigrohirsutae* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 873)
 AUTHORS Phanroopthaw,J., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-JAN-2015) Biotechnology, Thammasat University, Rangsit, Khlong Luang, Pathum Thani 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES

source Location/Qualifiers
 1..873
 /organism="Dendrobium cariniferum"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:179352"
 /PCR primers="fwd_name: trnH, fwd seq: cgcgcatgggtgattcacaatcc, rev_name: psbA, rev_seq: gagcattacgttcatgcataac"
 /note="authority: *Dendrobium cariniferum* Rchb.f."

misc feature <1..>873
 /note="trnH-psbA intergenic spacer region"

ORIGIN

1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tatacttcag attaatgatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta gcgggaagga ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tgcgtattca taatggaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggctcgtc acaaatggg agaattcgca cctactctaa ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tataagagta tttagactta agattatagt aagagtatag
 541 gtatatttct ttttctagta tactaatata ctcaactttc tgacttatct tatactatac
 601 ttcacctagg cacttatcat tcattggcgg gggagaactt ttatgataaa gaacgaaat
 661 tcggatagag aagcaaaagt gttagctcct gaatccaaga atgcaaatcc aacaagatag
 721 caatccccca atatcttgtt attagaacaa gatattggg gattgctatc ttaaaaaatt
 781 catatacata caaaagtatt atccatttat agatggagct tccacagaag ctagatctag
 841 agggaagttg tgagcattac gttcatgcat aac

//

ภาพผนวกที่ 80 ลำดับนิวคลีโอไทด์หมายเลข KP762159

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ นางสาวจุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว
วันเดือนปีเกิด 21 ธันวาคม พ.ศ.2534
วุฒิการศึกษา ปีการศึกษา 2556; วิทยาศาสตร์บัณฑิต
(เทคโนโลยีชีวภาพ) มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ผลงานทางวิชาการ

จุฑาทิพย์ พันธุ์รูปท้าว, ธีระชัย ธนानันต์และนฤมล ธนानันต์. (2559). การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายหมู่ไนโครเซอร์ซูเซและลูกผสมด้วยแฮตอาร์เอพีดี. วารสาร Thai Journal of Science and Technology, 5(1), 77-87