



การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุพันธุ์กล้วยไม้สกุลก้านก่อ  
ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)  
สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ  
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์  
ปีการศึกษา 2559  
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุพันธุ์กล้วยไม้สกุลก้านก่อ  
ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)  
สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ  
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์  
ปีการศึกษา 2559  
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

GENETIC RELATIONSHIP ASSESSMENT AND IDENTIFICATION OF  
*ERIA* USING DNA MARKERS

BY

MISS JUTAMAS JIEMJUEJUN



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 2016

COPYRIGHT OF THAMMASAT UNIVERSITY

มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์  
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

วิทยานิพนธ์

ของ

นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์


เรื่อง

การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุพันธุ์กล้วยไม้สกุลก้านก้อด้วย  
เครื่องหมายดีเอ็นเอ


ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

เมื่อ วันที่ 30 มิถุนายน พ.ศ. 2560


ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชัชวาล จันทรานุรักษ์)


กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

  
(รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย ชนานันต์)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ชนานันต์)

กรรมการสอบวิทยานิพนธ์

  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สมจิต ดำริห์อนันต์)

คณบดี

  
(รองศาสตราจารย์ ปกรณ์ เสริมสุข)



หัวข้อวิทยานิพนธ์	การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุพันธุ์กล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ
ชื่อผู้เขียน	นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)
สาขาวิชา/คณะ/มหาวิทยาลัย	สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย ธานันต์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธานันต์
ปีการศึกษา	2559

### บทคัดย่อ

กล้วยไม้สกุลก้านก่อเป็นกล้วยไม้ที่กำลังได้รับความนิยมและมีราคาค่อนข้างสูงเนื่องจากกล้วยไม้ชนิดนี้จัดเป็นกล้วยไม้ป่าหายาก และมีจำนวนน้อยในธรรมชาติ อีกทั้งดอกของกล้วยไม้สกุลก้านก่อมีลักษณะโดดเด่นแตกต่างจากกล้วยไม้ชนิดอื่น ๆ จึงทำให้เป็นที่ต้องการของตลาดเพิ่มมากขึ้น แต่การจำแนกด้วยการดูจากลักษณะภายนอกมีความยากลำบากและอาจทำให้เกิดข้อผิดพลาดได้ง่าย ดังนั้นผู้วิจัยจึงเลือกศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 3 ชนิด ได้แก่ เครื่องหมายสก็อต เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ผลการวิจัยพบว่า เครื่องหมายสก็อตและเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิด โดยปรากฏแถบดีเอ็นเอที่ให้ความหลากหลาย 399 และ 334 แถบ ตามลำดับ และสามารถจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ได้เป็น 3 กลุ่ม และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เพื่อใช้ในการระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ 21, 10, 12 และ 15 ชนิด ตามลำดับ ดังนั้นผลการวิจัยครั้งนี้แสดงให้เห็นว่า เครื่องหมายสก็อต เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะสามารถระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อและสามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการอนุรักษ์และปรับปรุงพันธุ์กล้วยไม้ต่อไป

(2)

**คำสำคัญ:** กล้วยไม้สกุลก้านก่อ, กล้วยไม้, เครื่องหมายสก็อต, เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี, ลำดับ  
นิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ, ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม



Thesis Title	GENETIC RELATIONSHIP ASSESSMENT AND IDENTIFICATION OF <i>ERIA</i> USING DNA MARKERS
Author	Miss Jutamas Jiemjuejun
Degree	Master of Science (Biotechnology)
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	2016

## ABSTRACT

The *Eria* orchid has been increasingly popular and expensive as it is rare in nature. With its splendid and distinguished flowers, there is a high demand in flower market. Since morphological classification is quite difficult and may cause errors, this study aims to assess genetic relationship based on DNA markers which are SCoT markers, HAT-RAPD markers and nucleotide sequence of specific genes *matK*, *rbcl*, *rpoC1* and intergenic *trnH-psbA* spacer. Data from SCoT markers and HAT-RAPD markers can be used to identify all of 15 species, with 399 and 334 bands, respectively. The UPGMA analysis made it possible to cluster all of the species. The dendrogram showed a clear distinction into 3 major groups. The phylogenetic tree was constructed based on the nucleotide sequences of *matK*, *rbcl*, *rpoC1* and intergenic *trnH-psbA* spacer, that could distinguish 21, 10, 12 and 15 out of 30 species. Therefore, these results indicate that SCoT markers, HAT-RAPD markers and the specific nucleotide sequence can be employed to identify *Eria* species, which would be further applied for a plan of breeding program, to conserve and improve orchids' breeding.

**Keywords:** *Eria*, orchid, SCoT markers, HAT-RAPD markers, nucleotide sequence of specific genes, genetic relationship



## กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. ธีระชัย ธนानันต์ และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์ ที่ให้คำแนะนำในการดำเนินงานวิจัยตลอดจนแก้ปัญหาต่าง ๆ และยังช่วยเหลือและอนุเคราะห์อุปการณ์ในการวิจัย รวมถึงตำราเอกสารทางวิชาการอันเป็นประโยชน์ต่อการทำวิทยานิพนธ์ ทำให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้เสร็จสมบูรณ์ลงได้ และขอขอบคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชัชวาล จันทราสุริยารัตน์ และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สมจิต ตำริห์อนันต์ ที่ให้คำแนะนำ และข้อเสนอแนะ เพื่อแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ตลอดจนร่วมเป็นกรรมการในการสอบป้องกันวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

ขอขอบคุณ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ที่ได้มอบทุนอุดหนุนการทำวิทยานิพนธ์เพื่อนำไปสู่การตีพิมพ์เผยแพร่ ประจำปี 2559 และทุนสนับสนุนงานวิจัยประเภททุนวิจัยทั่วไปสำหรับนักศึกษาบัณฑิตศึกษา ประจำปี 2560 เพื่อสนับสนุนด้านค่าใช้จ่ายในการเรียนของผู้วิจัย

ขอขอบคุณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ที่ได้มอบทุนนำเสนอผลงานวิทยานิพนธ์/สารนิพนธ์ภายในประเทศ ประจำปี 2560 เพื่อสนับสนุนด้านค่าใช้จ่ายในการนำเสนอผลงานของผู้วิจัย

ขอขอบคุณ สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ สำหรับสถานที่ทำการศึกษาเพื่อการวิจัยในครั้งนี้

ขอขอบคุณ พี่นักวิทยาศาสตร์และพี่เจ้าหน้าที่ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ทุกท่าน สำหรับการอำนวยความสะดวกเรื่องอุปกรณ์ สารเคมี รวมถึงการดำเนินงานด้านเอกสารทุกเรื่องสำหรับวิทยานิพนธ์

ขอขอบคุณ นางสาวทีปกา มีเสงี่ยม นางสาวพรประภา ศิริเทพทวี และเพื่อน ๆ ห้องปฏิบัติการ B407 ผู้ที่ให้คำปรึกษาแนะนำในการดำเนินงานวิจัยตลอดจนแก้ปัญหาต่าง ๆ คอยช่วยเหลือและให้กำลังใจมาโดยตลอด

ขอขอบคุณ นายจิตติ เจียมเจือจันทร์ นางเกสิณี เจียมเจือจันทร์ บิดาและมารดา ผู้ให้การสนับสนุนสำหรับการศึกษาต่อระดับวิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต รวมถึงนายไตรทศ เจียมเจือจันทร์ น้องชายผู้คอยให้กำลังใจมาโดยตลอด

นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์

## สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	(1)
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	(3)
กิตติกรรมประกาศ	(5)
สารบัญตาราง	(11)
สารบัญภาพ	(12)
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ที่มาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1.3 ปัญหาที่ต้องการทราบจากการศึกษา	2
1.4 ขอบเขตของงานวิจัย	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
1.6 สถานที่ทำการวิจัย	3
บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	4
2.1 กัญชง	4
2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของกัญชง	4
2.2.1 ราก	4
2.2.2 ลำต้น	5
2.2.3 ใบ	6
2.2.4 ช่อดอก	6
2.2.5 ดอก	6

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
2.2.6 ผล	7
2.3 การจำแนกกล้วยไม้	7
2.3.1 จำแนกตามลักษณะการดำรงชีพ	7
2.3.2 จำแนกกล้วยไม้ตามลักษณะการเจริญเติบโตและรูปร่าง	7
2.3.3 จำแนกกล้วยไม้ตามแหล่งที่อยู่อาศัยและลักษณะราก	8
2.3.4 จำแนกกล้วยไม้โดยอาศัยอุณหภูมิ	8
2.3.5 จำแนกตามหลักอนุกรมวิธาน	9
2.4 กล้วยไม้สกุลก้านก่อ	9
2.5 เครื่องหมายทางพันธุกรรม	24
2.6 เครื่องหมายดีเอ็นเอ	25
2.7 เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในงานวิจัย	26
2.7.1 เครื่องหมายสก็อต	26
2.7.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	28
2.7.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	31
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	34
3.1 เครื่องมือและอุปกรณ์	34
3.1.1 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการสกัดและตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอ	34
3.1.2 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส	34
3.1.3 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส	34
3.2 สารเคมี	34
3.2.1 สารเคมีสำหรับสกัดดีเอ็นเอ	34
3.2.2 สารเคมีสำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส	35
3.2.3 สารเคมีสำหรับการวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส	35
3.3 วิธีการดำเนินงาน	35
3.3.1 การเตรียมตัวอย่าง	35
3.3.1.1 การเก็บตัวอย่าง	35

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
3.3.1.2 การสกัดดีเอ็นเอ	37
3.3.1.3 การตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอ	39
3.3.2 การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ	39
3.3.2.1 เครื่องหมายสก็อต	39
3.3.2.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	42
3.3.2.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	45
3.3.3.3 การเปรียบเทียบผลที่ได้จากการประเมินความหลากหลาย ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด	47
บทที่ 4 ผลการวิจัยและอภิปรายผล	48
4.1 เครื่องหมายสก็อต	48
4.1.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จาก เครื่องหมายสก็อต	48
4.1.2 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ	61
4.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	63
4.2.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จาก เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	63
4.2.2 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ	76
4.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	78
4.3.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีนที่ใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่งจำเพาะ	78
4.3.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	79
4.3.3 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	84
4.3.3.1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	84
4.3.3.2 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>	99
4.3.3.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	113



## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
4.3.3.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง ยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	126
4.4 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน	164
4.4.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rbcl</i>	164
4.4.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rpoC1</i>	165
4.4.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	166
4.4.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ร่วมกับยีน <i>rpoC1</i>	167
4.4.5 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง ยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	168
4.4.6 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ร่วมกับซันดีเอ็นเอที่อยู่ ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	169
4.5 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน	170
4.5.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>matK</i> และ ซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	170
4.5.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> และยีน <i>matK</i>	171
4.5.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> และซันดีเอ็นเอ ที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	172
4.5.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> , ยีน <i>matK</i> และซันดีเอ็นเอ ที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	173
4.6 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน	174
4.6.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> , ยีน <i>matK</i> และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	174
4.7 อภิปรายผล	176
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	182
5.1 สรุปผลการวิจัย	182

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
5.1.1 เครื่องหมายสก๊อต	182
5.1.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	183
5.1.3 เครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	183
5.1.4 การเปรียบเทียบผลความสัมพันธ์ที่ได้จากเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด	184
5.2 ข้อเสนอแนะ	184
รายการอ้างอิง	186
ภาคผนวก	192
ภาคผนวก ก	193
ภาคผนวก ข	194
ประวัติผู้เขียน	236

## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 กล้วยไม้สกุลก้านก่อ	10
3.1 กล้วยไม้สกุลก้านก่อ	35
3.2 ไพรเมอร์สก็อตจำนวน 80 ชนิด	41
3.3 ไพรเมอร์แฮตอาร์เอพีดีจำนวน 72 ชนิด	44
3.4 ไพรเมอร์ที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณตำแหน่งจำเพาะของยีน	46
4.1 หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> และยีน <i>rpoC1</i> ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ฝากเก็บไว้ในฐานข้อมูล GenBank	80
4.2 หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i> และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i> ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ฝากเก็บไว้ในฐานข้อมูล GenBank	82
4.3 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	90
4.4 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ	93
4.5 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i>	106
4.6 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcL</i> ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ	108
4.7 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	119
4.8 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ	122
4.9 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	135



## สารบัญรูปร่างภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4.14 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT66	55
4.15 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT70	56
4.16 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT71	56
4.17 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT72	57
4.18 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT73	57
4.19 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT74	58
4.20 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT76	58
4.21 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ SCoT77	59
4.22 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิดที่ได้จาก เครื่องหมายสก็อต	62
4.23 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิดที่ได้จาก เครื่องหมายสก็อต	63
4.24 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ A22	64
4.25 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ A23	64
4.26 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ A24	65



## สารบัญรูปร่างภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4.40 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ C29	72
4.41 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ C31	72
4.42 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ D31	73
4.43 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ E23	73
4.44 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยใช้ไพรเมอร์ E31	74
4.45 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิดที่ได้จาก เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	77
4.46 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิดที่ได้จาก เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี	78
4.47 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ด้วยโปรแกรม ClustalW	84
4.48 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อเมื่อวิเคราะห์ลำดับ นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	97
4.49 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการ วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	98
4.50 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ด้วยโปรแกรม ClustalW	99
4.51 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อเมื่อวิเคราะห์ลำดับ นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>	111
4.52 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการ วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>	112
4.53 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ด้วยโปรแกรม ClustalW	113
4.54 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อเมื่อวิเคราะห์ลำดับ นิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	124

## สารบัญรูปร่างภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	125
4.56 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีนดีเอ็นเอระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i> ด้วยโปรแกรม ClustalW	126
4.57 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	162
4.58 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	163
4.59 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rbcl</i>	164
4.60 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rpoC1</i>	165
4.61 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	166
4.62 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ร่วมกับยีน <i>rpoC1</i>	167
4.63 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ร่วมกับจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	168
4.64 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ร่วมกับจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	169
4.65 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>matK</i> และจีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	170



### สารบัญรูปร่างภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4.66 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> และยีน <i>matK</i>	171
4.67 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	172
4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> , ยีน <i>matK</i> และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	173
4.69 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> , ยีน <i>rpoC1</i> , ยีน <i>matK</i> และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน <i>trnH</i> กับ <i>psbA</i>	174

## บทที่ 1

### บทนำ

#### 1.1 ที่มาและความสำคัญ

กล้วยไม้เป็นไม้ตัดดอกที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลายและเป็นพืชดอกเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย เนื่องจากดอกกล้วยไม้มีสีสันสวยงาม มีความหลากหลายของสี สัน รูปร่างของดอกและชนิดพันธุ์ และดอกของกล้วยไม้ยังสามารถนำมาใช้ประโยชน์ในงานต่าง ๆ ได้ เช่น จัดเป็นช่อดอกไม้ปักแจกัน จัดกระเช้าดอกไม้ จึงทำให้ผู้ซื้อมีโอกาสเลือกใช้ได้มาก และที่สำคัญดอกกล้วยไม้มีอายุการใช้งานได้นานกว่าดอกไม้ชนิดอื่น ปัจจุบันกล้วยไม้ถือเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญชนิดหนึ่งของไทย อุตสาหกรรมกล้วยไม้ของประเทศไทยได้เจริญก้าวหน้ามาก จึงทำให้ประเทศไทยสามารถส่งทั้งดอกและต้นกล้วยไม้ไปจำหน่ายยังต่างประเทศ นำรายได้เข้าประเทศในแต่ละปีมูลค่าหลายล้านบาท นอกจากนี้ประเทศไทยยังได้รับการยกย่องให้เป็นแหล่งผลิตกล้วยไม้เมืองร้อนที่สำคัญที่สุดในโลกอีกด้วย ทำให้การผลิตกล้วยไม้ในประเทศไทยในปัจจุบันเป็นการผลิตเพื่อการค้ามากขึ้น โดยมีการศึกษาวาริธิตต้นทุนการผลิต เพิ่มผลผลิตและคุณภาพ และมีการผสมพันธุ์เพื่อให้ได้พันธุ์ใหม่ ๆ รวมทั้งคัดเลือกต้นที่กลายพันธุ์อีกด้วย

เนื่องจากความต้องการกล้วยไม้ที่หลากหลายในตลาดมีเพิ่มมากขึ้น ทำให้ต้องมีการปรับปรุงพันธุ์กล้วยไม้ซึ่งการปรับปรุงพันธุ์นั้นจำเป็นต้องใช้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ในการวิเคราะห์วางแผนปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งการใช้ลักษณะทางสัณฐานสามารถทำได้ยากด้วยเหตุนี้จึงมีการศึกษาการจำแนกชนิดและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยเทคนิคทางชีวโมเลกุล เช่น เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, high annealing temperature-random amplified polymorphic DNA) เครื่องหมายสก๊อต (SCoT, start codon targeted) และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ (nucleotide sequences) โดยสองเครื่องหมายแรกเป็นเครื่องหมายที่สามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) ได้โดยอาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันหรือเทคนิคพีซีอาร์ (PCR, polymerase chain reaction) ซึ่งเครื่องหมายทั้งสองต่างกันที่ความจำเพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นแบบสุ่ม ในขณะที่เครื่องหมายสก๊อตเป็นเครื่องหมายที่ใช้ไพรเมอร์ขนาด 18 นิวคลีโอไทด์เพียงชนิดเดียวที่มีลำดับเบส ATG เริ่มต้นในสายนิวคลีโอไทด์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ โดยทั้งสองเครื่องหมายมีข้อดี คือ รวดเร็ว สะดวก ใช้ดีเอ็นเอปริมาณน้อยและไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตที่ต้องการจะศึกษา ในขณะที่ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะจะเป็นการจำแนกสิ่งมีชีวิตด้วยการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ซึ่งเป็นเทคนิคที่ทำได้ง่ายและมีความถูกต้องสูง

การศึกษาวิจัยครั้งนี้ใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี เครื่องหมายสก็อต และลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่งจำเพาะ ในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ ซึ่งเป็นกล้วยไม้ที่กำลังได้รับความสนใจ และเป็นที่ต้องการของตลาดเพิ่มมากขึ้นในปัจจุบัน เนื่องจากลักษณะดอกของกล้วยไม้สกุลนี้ที่โดดเด่น เป็นเอกลักษณ์และแตกต่างจากกล้วยไม้สกุลอื่น ๆ อีกทั้งมีจำนวนค่อนข้างน้อยในธรรมชาติจึงทำให้ เป็นที่ต้องการของกลุ่มผู้สนใจกล้วยไม้และกล้วยไม้สกุลนี้ยังจัดเป็นกล้วยไม้ป่าหายาก ทำให้ต้องศึกษา ในระดับโมเลกุลเพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจัดจำแนกพันธุ์ เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์และอนุรักษ์พันธุ์กล้วยไม้สกุลก้านก่อต่อไป

## 1.2 วัตถุประสงค์

1.2.1 วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยเครื่องหมาย แฮตอาร์เอพีดี เครื่องหมายสก็อต และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

1.2.2 เปรียบเทียบประสิทธิภาพของแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากเครื่องหมาย แฮตอาร์เอพีดี เครื่องหมายสก็อต และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

## 1.3 ปัญหาที่ต้องการทราบจากการศึกษา

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ โดยเปรียบเทียบประสิทธิภาพที่ได้จาก เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี เครื่องหมายสก็อต และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

## 1.4 ขอบเขตของงานวิจัย

ศึกษากลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ จำนวน 30 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องอินจัน เอื้องน้มนภูหลวง เอื้องน้มนานรดี เอื้องทำทานใต้ เอื้องน้มนดอยสุเทพ เอื้องน้มนปากแดง เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องประคำร้อย เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ เอื้องสายฝน เอื้องตาลหิน เอื้องน้มนภู เอื้องน้มนปากตัด ยูนิฟอเลีย โกลปิเฟรา เอื้องน้มนาง และ เนกลีคตา ศึกษากลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยการใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี เพื่อตรวจหา เครื่องหมายดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ จำนวน 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้มนดอยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้มนปากตัด และศึกษากลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยการใช้ เครื่องหมายสก็อตเพื่อตรวจหาเครื่องหมายดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ จำนวน 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนาง

เอื้องหนวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้มดอยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มมาเลย์ โรบัสตา  
เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้มปากตัด

### 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

สามารถนำความรู้ทางพันธุศาสตร์โมเลกุลมาใช้จำแนกและหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม  
ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ โดยความแตกต่างระหว่างชนิดที่ได้จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอหรือลำดับ  
นิวคลีโอไทด์สามารถจำแนกชนิดกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้

### 1.6 สถานที่ทำการวิจัย

ห้องปฏิบัติการ B403 และห้องปฏิบัติการ B407 อาคารเรียนและปฏิบัติการ  
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี  
มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี

## บทที่ 2

### วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 กล้ายไม้

กล้ายไม้เป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว อยู่ในวงศ์ Orchidaceae เป็นไม้ตัดดอกยอดนิยม เนื่องจากมีลักษณะดอกและสีอันลวดลายสวยงาม เป็นไม้ตัดดอกที่มีอายุการใช้งานได้นาน ถือเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีความสำคัญของไทยเพราะเป็นไม้ส่งออกขายต่างประเทศที่ทำรายได้เข้าประเทศปีละหลายร้อยล้านบาท แหล่งกำเนิดกล้ายไม้ที่สำคัญของโลกมี 2 แหล่งใหญ่ คือ ลาตินอเมริกาและเอเชียแปซิฟิก ในส่วนของภูมิภาคเอเชีย ประเทศไทยถือเป็นศูนย์กลางของกล้ายไม้ เนื่องจากมีพันธุ์กล้ายไม้เป็นจำนวนมาก แสดงให้เห็นว่าประเทศไทยมีสภาพแวดล้อมที่เอื้ออำนวยต่อการเจริญงอกงามของกล้ายไม้ อีกทั้งกล้ายไม้ที่พบในประเทศไทยเป็นกล้ายไม้ที่มีลักษณะเด่นเป็นเอกลักษณ์แตกต่างจากกล้ายไม้ในภูมิภาคอื่น

กล้ายไม้เป็นพืชที่มีส่วนต่าง ๆ สมบูรณ์เช่นเดียวกับพืชชนิดอื่นที่พบเห็นอยู่ทั่วไปคือมีราก ลำต้น ใบ ดอก และผล รากของกล้ายไม้ไม่มีรากแก้ว ลำต้นไม่มีแก่นไม้ ไม่มีการแบ่งออกเป็นเปลือกและเนื้อไม้ ส่วนใบกล้ายไม้จัดเป็นใบเลี้ยงเดี่ยว สำหรับลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของกล้ายไม้ที่สำคัญมีดังนี้

#### 2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

##### 2.2.1 ราก

รากของกล้ายไม้ไม่มีระบบรากแก้ว รากมีหน้าที่ดูดความชื้นจากอากาศ ดูดอาหารจากวัสดุปลูก รากบางชนิดมีสีเขียวซึ่งมีคลอโรฟิลล์มีหน้าที่ปรุงอาหารได้ด้วย นอกจากนี้รากยังมีหน้าที่เกาะวัสดุปลูก เกาะต้นไม้ เพื่อให้ลำต้นทรงตัวอยู่ได้ รากของกล้ายไม้มีหลายประเภทคือ รากดิน รากกิ่งดิน รากกิ่งอากาศและรากอากาศ

กล้ายไม้ที่มีระบบรากดิน เป็นกล้ายไม้ที่มีระบบรากเกิดจากหัวที่อวบน้ำอยู่ใต้ดิน หัวรากจะมีน้ำมาก กล้ายไม้ประเภทนี้มักจะพบอยู่ตามธรรมชาติในพื้นที่ที่มีสภาพของฤดูกาลที่มีการเปลี่ยนแปลงอย่างชัดเจน เช่น ในเขตที่มีฤดูฝนซึ่งมีฝนตกชุกและมีฤดูแล้งซึ่งแล้งสลับกัน เมื่อถึงฤดูฝนก็จะแตกหน่อและใบอ่อนจะชูขึ้นขึ้นมาบนผิวดิน ส่วนหัวนั้นก็เจริญเป็นหัวใหม่เพิ่มขึ้นมาอีก และอาจจะออกดอกในตอนปลายฤดู เมื่อพ้นฤดูฝนไปแล้วก็จะทรุดโทรมและแห้งไป คงเหลือแต่หัวซึ่งอวบน้ำและมีอาหารสะสมฝังอยู่ในดิน

กล้วยไม้ที่มีระบบรากกึ่งดิน กล้วยไม้ประเภทนี้ไม่มีหัวอวบน้ำเหมือนประเภทที่มีระบบรากดิน มักพบตามธรรมชาติในสภาพที่ขึ้นอยู่บนพื้นดิน แต่รากไม่มีลักษณะอวบน้ำ รากสามารถเก็บสะสมน้ำได้ดี รากขนอ่อนแทบจะไม่มีเลย บางครั้งจะพบว่าใบอาจจะหลุดร่วงไปในฤดูแล้งจนเหลือแต่ต่อ แต่ตาซึ่งอยู่ที่ตอกก็ยังคงอยู่ เมื่อได้รับความชื้นและสภาพแวดล้อมเหมาะสมก็อาจแตกหน่อใหม่ได้ได้อีก หากมีลำลูกกล้วยก็อาจจะอยู่ใต้ผิวดินหรือเหนือผิวดินก็ได้ กล้วยไม้ประเภทนี้มีระบบรากค่อนข้างละเอียด ส่วนใหญ่มักอาศัยอยู่ตามพื้นที่ซึ่งมีหินผุและใบไม้ผุทับถมอยู่ที่พื้นดินและจะอาศัยสิ่งเหล่านี้เป็นอาหารด้วย

กล้วยไม้ที่มีระบบรากกึ่งอากาศ หมายถึงกล้วยไม้ซึ่งโดยธรรมชาติจะขึ้นอยู่บนพื้นดิน บนหิน และบนต้นไม้ หากพบขึ้นอยู่บนพื้นดินก็จะอยู่บนพื้นซึ่งมีใบไม้ผุตกทับถมกันค่อนข้างหนา เนื่องจากเป็นสภาพที่โปร่งช่วยให้อากาศถ่ายเทได้สะดวก หรือเป็นพื้นที่สูงที่ไม่ทำให้น้ำขังอยู่นาน กล้วยไม้ที่มีระบบรากแบบนี้มีลักษณะและคุณสมบัติเอนเอียงไปทางรากอากาศมากยิ่งขึ้น กล่าวคือเซลล์ผิวของรากมีชั้นเซลล์ที่หนาและมีลักษณะคล้ายฟองน้ำ ผิวนอกเกลี้ยงไม่มีขน มีคุณสมบัติคล้ายฟองน้ำคือเก็บและดูดน้ำได้มาก นอกจากนั้นยังนำน้ำไปใช้ตามเซลล์ผิวได้ตลอดความยาวของราก กล้วยไม้ที่มีระบบรากแบบรากกึ่งอากาศนี้มักมีรากแขนงใหญ่หยาบอยู่กันอย่างหนาแน่น ไม่มีรากขนอ่อน รากมีขนาดเล็กกว่ารากอากาศและมีแขนงรากเล็กกว่าและหนาแน่นกว่า กล้วยไม้ที่มีระบบรากอากาศ กล้วยไม้ที่มีระบบรากเป็นรากอากาศแบบแท้จริงนั้น มักพบขึ้นอยู่ตามต้นไม้ รากมีขนาดใหญ่และหยาบ แต่ถ้าใช้มือหักรากสดออกดูจะพบว่าตัวรากจริง ๆ เป็นแกนเล็กและแข็ง ส่วนผิวรากหนา รากจะทำหน้าที่ดูดน้ำ เก็บน้ำ และนำน้ำไปตามรากได้เป็นอย่างดี ทำให้สามารถทนต่อความแห้งแล้งได้ดี แม้ว่าจะไม่ถูกน้ำหรือไม่รดน้ำเลยเป็นระยะเวลาานาน ๆ ก็ตาม กล้วยไม้ที่มีระบบรากแบบอากาศนี้จะไม่ชอบอยู่ในสภาพเปียกแฉะนานเกินไป แต่ชอบสภาพที่โปร่งทำให้รากสามารถแห้งได้รวดเร็ว หลังจากเปียกน้ำ นอกจากนั้นอาจพบว่าบางส่วนของราก เช่น ที่ปลายรากสด ๆ มีสีเขียวของคลอโรฟิลล์เห็นได้ชัดเจน ซึ่งแสดงให้เห็นว่ารากอากาศสามารถทำหน้าที่ปรุงอาหารได้เช่นเดียวกับใบ เมื่อมีแสงสว่าง เพราะฉะนั้นรากประเภทนี้จึงไม่หลบแสงสว่างเหมือนรากต้นไม้ดินทั่ว ๆ ไป (สลิล, 2549)

### 2.2.2 ลำต้น

ลำต้นหมายถึง ส่วนที่เป็นข้อ บริเวณเหนือข้อและติดอยู่กับข้อจะมีตา ตานี้อาจจะออกเป็นหน่ออ่อน กิ่งอ่อน หรือช่อดอกก็ได้ นอกจากนั้นส่วนที่เป็นข้อยังเป็นส่วนที่มีใบ กาบใบ หรือกาบของลำต้นที่ไม่มีส่วนของใบเจริญออกมาได้ ส่วนที่อยู่ระหว่างข้อนั้นเรียกว่าปล้อง สำหรับลำต้นของกล้วยไม้ที่โผล่พ้นจากวัสดุปลูกแบ่งได้ 2 ประเภท คือ ลำต้นแท้จริง และลำต้นเทียม

ลำต้นแท้จริง จะมีข้อปล้องเหมือนกับลำต้นของพืชใบเลี้ยงเดี่ยวทั่ว ๆ ไป ที่ส่วนเหนือข้อจะมีตา ซึ่งตาสามารถเจริญเป็นหน่อใหม่และช่อดอกได้ ลำต้นกล้วยไม้ประเภทนี้จะเห็นได้จากกล้วยไม้จะมีการเจริญเติบโตออกไปทางยอดเรื่อย ๆ

ลำต้นเทียม หรือที่เรียกว่า ลำลูกกล้วย ซึ่งทำหน้าที่สะสมอาหาร ตาที่อยู่ตามข้อบน ๆ ของลำลูกกล้วยสามารถแตกเป็นหน่อหรือช่อดอกได้ หากดูผิวเผินแล้วคิดว่าส่วนลำลูกกล้วยเป็นส่วนของลำต้น แต่ลำต้นที่แท้จริงของกล้วยไม้ประเภทนี้คือ เหง้า (rhizome) ซึ่งเจริญในแนวนอน ลักษณะของเหง้ามีข้อและปล้องถี่ (สลิล, 2549)

### 2.2.3 ใบ

กล้วยไม้เป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว คือเส้นใบจะอยู่ในลักษณะขนานกันไปตามความยาวของใบ ใบของกล้วยไม้ไม่มีลักษณะที่แตกต่างกันออกไปตามชนิดของกล้วยไม้ นับตั้งแต่รูปร่าง สี สัน ขนาด และการทรงตัวตามธรรมชาติ ลักษณะใบของกล้วยไม้มีหลายชนิด เช่น ใบแบน ใบกลม และใบร่องซึ่งเป็นลูกผสมระหว่างพวกใบกลมกับใบแบน แต่ใบกล้วยไม้ส่วนมากแล้วจะมีลักษณะแบน การเรียงตัวจะมีทั้งเรียงสลับกันและเรียงซ้อนทับกัน สีของใบส่วนมากมีสีเขียวอมเหลือง บางชนิดใบมีสีสันสวยงาม ใบมีลักษณะอวบน้ำ (สลิล, 2549)

### 2.2.4 ช่อดอก

ช่อดอกของกล้วยไม้มีลักษณะแตกต่างกันไปอย่างกว้างขวางแล้วแต่สกุลและชนิดของกล้วยไม้ กล้วยไม้บางชนิดมีก้านช่อสั้น บางชนิดมีก้านช่อยาว บางชนิดมีช่อดอกตั้งแข็ง บางชนิดมีช่อดอกลักษณะโค้งปลายลง บางชนิดมีช่อดอกห้อยซี่ปลายลงสู่ด้านล่าง กล้วยไม้บางชนิดมีช่อดอกซึ่งนอกจากจะยาวแล้วยังมีแขนงแยกออกไปอีก ก้านซึ่งเป็นแกนกลางของช่อดอกจะประกอบด้วยข้อและปล้อง ช่อดอกของกล้วยไม้บางชนิดมีตาซึ่งอยู่ตามข้อของก้านที่เป็นแกนช่อสามารถแตกและเจริญออกมาเป็นต้นกล้วยไม้เล็ก ๆ ได้ (สลิล, 2549)

### 2.2.5 ดอก

ดอกกล้วยไม้เป็นดอกสมบูรณ์เพศ คือ เกสรตัวผู้และเกสรตัวเมียอยู่ในดอกเดียวกัน ดอกกล้วยไม้ประกอบด้วยกลีบดอกวงนอก 3 กลีบ และกลีบดอกวงใน 3 กลีบ รวมเป็น 6 กลีบ ลักษณะของกลีบดอกกล้วยไม้จะแตกต่างกันตามชนิดของกล้วยไม้ กล้วยไม้บางชนิดอาจมีกลีบดอกขนาดใหญ่ สีสันสวยงาม แต่บางชนิดกลีบดอกขนาดเล็กสีสันไม่สวยงาม ส่วนของกลีบวงนอกหรือกลีบนอกนั้นจะเป็นส่วนที่หุ้มดอกในระยะดอกตูม กลีบนอกมักจะมีลักษณะคล้ายกันทั้ง 3 กลีบ ยกเว้นพวกรองเท้านารีที่กลีบนอกกลีบกลางจะมีลักษณะต่างจากกลีบบน สำหรับกลีบในนั้นจะมีลักษณะต่างกัน โดยกลีบในคู่หนึ่งมีลักษณะเหมือนกัน ส่วนกลีบในกลีบที่สามจะมีลักษณะแตกต่างไปเรียกว่าปากหรือกระเปาะ ซึ่งมีประโยชน์สำหรับล่อแมลงเพื่อช่วยผสมพันธุ์ โดยกลีบในทั้งสามกลีบจะเรียงสลับกันระหว่างกลีบนอกทั้งสามกลีบ (สลิล, 2549)



## 2.2.6 ผล

ผลหรือที่เรียกกันทั่วไปว่า ฝักกล้วยไม้ หลังจากผสมเกสรเสร็จแล้วส่วนก้านดอกซึ่งเป็นรังไข่ จะเปลี่ยนเป็นสีเขียวและเจริญเป็นฝักกล้วยไม้ ภายในฝักมีเมล็ด ฝักกล้วยไม้มีอายุตั้งแต่ผสมเกสรไป จนถึงฝักแก่จะแตกต่างกันไปตามชนิดของกล้วยไม้ร่วมกับสภาพสิ่งแวดล้อมและความสมบูรณ์ของ องค์ประกอบในการเจริญงอกงามด้วย กล้วยไม้บางชนิดอาจจะฝักแก่ได้ในระยะเวลาเพียง 1 เดือน เท่านั้น แต่กล้วยไม้บางชนิดซึ่งมีฝักอยู่กับต้นถึง  $1\frac{1}{2}$  ปี ถึงจะแก่ (สลิล, 2549)

## 2.3 การจำแนกกล้วยไม้

กล้วยไม้จำแนกได้หลายหลักเกณฑ์ ทั้งการจำแนกโดยอาศัยลักษณะการดำรงชีพ รูปแบบ ของการเจริญเติบโต ลักษณะของถิ่นที่อยู่อาศัย จนถึงการจำแนกตามหลักของอนุกรมวิธาน ซึ่งเป็ นการจำแนกด้วยลักษณะทางสัณฐาน (morphology) ของกล้วยไม้แต่ละสกุลหรือแต่ละชนิดที่มีความ แตกต่างกันไป และเป็นการจำแนกที่ได้รับการยอมรับในระดับสากล (สลิล, 2549)

### 2.3.1 จำแนกตามลักษณะการดำรงชีพ

#### 2.3.1.1 กล้วยไม้ที่สามารถสร้างอาหารเอง (autophytic orchid)

กล้วยไม้ที่สามารถสร้างอาหารเองโดยส่วนของพืชมีคลอโรฟิลล์ทำหน้าที่ในการ สังเคราะห์แสง เพื่อสร้างอาหารและช่วยในการเจริญเติบโต ซึ่งมักอยู่ที่ใบมีบ้างที่อยู่ในส่วนอื่นของพืช มีคลอโรฟิลล์ที่ส่วนรากที่มีขนาดใหญ่ หรือบางชนิดมีคลอโรฟิลล์ในส่วนลำลูกกล้วย (สลิล, 2549)

#### 2.3.1.2 กล้วยไม้ที่ไม่สามารถสร้างอาหารเอง (saprophytic orchid)

กล้วยไม้ที่ไม่สามารถสร้างอาหารเอง หรือเรียกว่า “กล้วยไม้กินซาก” เป็นกล้วยไม้ กลุ่มเล็ก ๆ ที่พบในประเทศไทย ไม่สามารถสังเคราะห์แสงได้ เพราะไม่มีคลอโรฟิลล์ ส่วนของลำต้นจึง เป็นสีขาว ขาวแกมน้ำตาล ขาวแกมม่วง น้ำตาลอ่อนจนถึงสีขาวอมเหลือง การดำรงชีพอาศัยอาหารที่ ได้จากจุลินทรีย์บางชนิด กล้วยไม้กลุ่มนี้มีการดำรงชีวิตที่ลึกลับ ปรากฏให้เห็นเพียงช่วงเวลาสั้น ๆ บางครั้งอาจใช้เวลาไม่กี่วันในแต่ละปี (สลิล, 2549)

### 2.3.2 จำแนกกล้วยไม้ตามลักษณะการเจริญเติบโตและรูปร่าง

#### 2.3.2.1 ประเภทไม่แตกกอ (monopodial)

เป็นกล้วยไม้ที่มีการเจริญเติบโตขึ้นไปทางส่วนยอด คือตาที่ยอดจะแตกใบใหม่เจริญ ขึ้นเรื่อย ๆ ส่วนโคนต้นจะออกรากไล่ตามขึ้นไป เมื่อกล้วยไม้มีอายุมากขึ้นส่วนของโคนจะแห้งตายไล่ ยอดขึ้นไปการเจริญเติบโตไปทางยอดนี้ไม่ใช่ว่าต้นหนึ่งจะมียอดเดียวเสมอ เมื่ออายุมากขึ้นตาที่ซู้ของ ลำต้นอาจแตกแขนงออกมาทำให้มีหลายดอกได้ หรือในกรณีที่ยอดเน่าหรือยอดหักตาข้าง ๆ ก็จะแตก ยอดใหม่ออกมาบางยอดที่ผลิใบใหม่ไปเรื่อยนั้น ไม่มีการเจริญเติบโตของตาดอก ฉะนั้นจึงไม่มีการออก



ดอกที่ส่วนยอดเลย แต่ช่อดอกจะผลิออกทางด้านข้างของลำต้นระหว่างใบต่อไป แต่ถ้ามีการออกดอกที่ยอดก็จะมีตาแตกใหม่อีกต่อไป (สลิล, 2549)

### 2.3.2.2 ประเภทแตกกอ (sympodial)

กล้วยไม้ประเภทนี้มีรูปทรงและการเจริญเติบโตคล้ายกับพืชที่แตกกอทั่วไปคือ ในต้นหนึ่งหรือกอหนึ่งนั้น จะประกอบไปด้วยต้นย่อย ๆ หลายต้น ต้นที่แท้จริงของกล้วยไม้ประเภทนี้จะอยู่ในวัสดุปลูกเรียกว่า เหง้า ซึ่งส่วนของเหง้าจะเจริญไปตามแนวนอนของวัสดุปลูก ดังนั้นเวลาปลูกจึงจำเป็นต้องเอาด้านหลังชิดขอบภาชนะไว้ ส่วนที่โผล่ยื่นออกมาจากเหง้าอาจเป็นใบเพียงอย่างเดียวหรืออาจมีลำต้นที่เปลี่ยนแปลงรูปร่างโผล่ยื่นออกมา ซึ่งมีลักษณะอวบอ้วน มีข้อและปล้องทำหน้าที่สะสมอาหารเรียกส่วนนี้ว่า ลำลูกกล้วย (สลิล, 2549)

### 2.3.3 จำแนกกล้วยไม้ตามแหล่งที่อยู่อาศัยและลักษณะราก (สลิล, 2549)

2.3.3.1 กล้วยไม้ดิน (terrestrial) กล้วยไม้ในกลุ่มนี้จะพบตามแหล่งที่อยู่ในธรรมชาติเจริญเติบโตอยู่บนดิน ในการปลูกเลี้ยงใช้ดินหรือดินผสมเป็นวัสดุปลูก กล้วยไม้ชนิดนี้มักมีหัวอยู่ใต้ดินด้วย

2.3.3.2 กล้วยไม้กึ่งดิน (semi-terrestrial) กล้วยไม้กลุ่มนี้จะมีการเจริญเติบโตอยู่บนผิวดิน บริเวณที่มีซากไม้หรือใบไม้ผุ ลำต้นค่อนข้างอวบน้ำ

2.3.3.3 กล้วยไม้กึ่งอากาศ (semi-epiphyte) กล้วยไม้ในกลุ่มนี้เป็นพวกที่เจริญได้ดีบนต้นไม้หรือโขดหิน รากมีขนาดค่อนข้างเล็ก

2.3.3.4 กล้วยไม้อากาศ (epiphyte) กล้วยไม้กลุ่มนี้สามารถเจริญเติบโตได้ดีบนต้นไม้หรือโขดหิน รากมีขนาดใหญ่ และอวบน้ำ บริเวณปลายรากมีสีเขียว สามารถสังเคราะห์แสงได้

### 2.3.4 จำแนกกล้วยไม้โดยอาศัยอุณหภูมิ (สลิล, 2549)

2.3.4.1 กล้วยไม้เมืองร้อน (tropical) กล้วยไม้กลุ่มนี้สามารถเจริญเติบโตได้ดีในที่ ๆ มีอุณหภูมิสูง อุณหภูมิในตอนกลางคืนไม่ต่ำกว่า 18 องศาเซลเซียส และอุณหภูมิในตอนกลางวันไม่ต่ำกว่า 21 องศาเซลเซียส มีถิ่นกำเนิดอยู่ในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้เป็นส่วนใหญ่

2.3.4.2 กล้วยไม้กึ่งเมืองร้อน (sub-tropical) กล้วยไม้กลุ่มนี้มีความต้องการอุณหภูมิในตอนกลางคืนอยู่ระหว่าง 16-18 องศาเซลเซียส และอุณหภูมิในตอนกลางวันอยู่ระหว่าง 18-21 องศาเซลเซียส มีถิ่นกำเนิดอยู่บนที่สูงของเขตร้อน

2.3.4.3 กล้วยไม้กึ่งเมืองหนาว (intermediate) กล้วยไม้กลุ่มนี้ต้องการอุณหภูมิในตอนกลางคืนอยู่ระหว่าง 13-14 องศาเซลเซียส และอุณหภูมิในตอนกลางวันอยู่ระหว่าง 14-16 องศาเซลเซียส กล้วยไม้กลุ่มนี้นำมาปลูกเลี้ยงในประเทศไทยค่อนข้างยากเพราะต้องการอุณหภูมิต่ำค่อนข้างเย็นตลอดเวลา

2.3.4.4 กล้วยไม้เมืองหนาว (temperate) กล้วยไม้กลุ่มนี้ต้องการอุณหภูมิในตอนกลางคืน อยู่ระหว่าง 10-13 องศาเซลเซียส และอุณหภูมิในตอนกลางวันอยู่ระหว่าง 13- 14 องศาเซลเซียส

### 2.3.5 จำแนกตามหลักอนุกรมวิธาน (สลิล, 2549)

เป็นการจำแนกที่อาศัยลักษณะทางพฤกษศาสตร์เป็นสำคัญ โดยจำแนกด้วยการนำลักษณะที่คล้ายคลึงกันรวมเข้าในกลุ่มเดียวกัน จากที่มีลักษณะคล้ายกันน้อยจนถึงเหมือนกันตามลำดับ ดังนี้ วงศ์ (family) กำหนดให้ลงท้ายด้วย – aceae วงศ์ย่อย (subfamily) ลำดับวงศ์ย่อยกำหนดให้ลงท้ายชื่อด้วย “oideae” เผ่า (tribe) ลำดับเผ่ากำหนดให้ลงท้ายชื่อด้วย “ieae” เผ่าย่อย (subtribe) ลำดับเผ่าย่อยกำหนดให้ลงท้ายชื่อด้วย “inae” สกุล (genus) ลำดับสกุลกำหนดให้มีคำลงท้ายตามกฎเกณฑ์การตั้งชื่อสกุล กลุ่ม (section) ลำดับกลุ่มเป็นลำดับที่พบในพืชสกุลใหญ่ ๆ เพื่อง่ายต่อการจำแนก เช่น section Formosae ในสกุล *Dendroobium*, section Pleiophyllum ในสกุล *Bulbophyllum* และ section Hymeneria ในสกุล *Eria* เป็นต้น ชนิด (species) ลำดับชนิดกำหนดให้ใช้ชื่อสกุลและชื่อระบุชนิดรวมกัน บางครั้งแยก ย่อยเป็นพันธุ์ (variety) คือเป็นชนิดที่แตกต่างกันไม่มากและไม่สามารถตั้ง เป็นชนิดใหม่ได้ โดยใช้ var. นำหน้าคำระบุชื่อพันธุ์

การจำแนกกล้วยไม้ยังมีการปรับเปลี่ยนตามความก้าวหน้าทางพฤกษศาสตร์ กระทั่งในปัจจุบันยังคงมีการพัฒนาการจัดหมวดหมู่อย่างต่อเนื่องเพื่อให้การจำแนกนั้นถูกต้องที่สุด โดยกล้วยไม้ทั้งหมดจัดอยู่ในวงศ์กล้วยไม้ (orchidaceae) กล้วยไม้ที่พบในประเทศไทย จำแนกเป็นวงศ์ย่อยได้ 6 วงศ์ย่อย ดังนี้ วงศ์ย่อย Apostasioideae, วงศ์ย่อย Cyripedioideae, วงศ์ย่อย Neottioideae, วงศ์ย่อย Orchidoideae, วงศ์ย่อย Epidendroideae และวงศ์ย่อย Vanilloideae

## 2.4 กล้วยไม้สกุลก้านก่อ (*Eria* Lindl.)

กล้วยไม้สกุลก้านก่อ หรือสกุลเอเรีย ถูกค้นพบครั้งแรกเมื่อปี ค.ศ. 1825 โดย Lindley สำหรับชื่อสกุลมีรากศัพท์มาจากภาษากรีกว่า Erion แปลว่า ขนแกะ หมายถึงขนอ่อนนุ่มที่ด้านกลีบเลี้ยง ส่วนชื่อไทยมีหลากหลายชื่อ ได้แก่ สกุลเอื้องบายศรี สกุลเอื้องนึม เป็นต้น

ลักษณะโดยทั่วไป เป็นกล้วยไม้อิงอาศัย เจริญทางด้านข้าง ลำลูกกล้วยมีขนาดเล็กจนถึงมีขนาดใหญ่ มีหลายข้อปล้องและมีหลายรูปทรง บางชนิดกลมและบางชนิดแบน บางชนิดลรูปปลงจนปรากฏรูปทรงไม่เด่นชัด มีทั้งชนิดขึ้นชิดกันเป็นกอและขึ้นห่าง ๆ กันบนเหง้า ใบมีหลายรูปทรง ออกที่ข้อหรือออกที่ใกล้ยอด มีหลายใบ เรียงสลับ โคนใบมักเป็นกาบ ใบอ่อนพับตามแนวยาว มีทั้งอายุฤดูเดียวถึงหลายฤดู ช่อดอกเป็น ช่อกระจะ ออกด้านข้างหรือที่ใกล้ยอด มีตั้งแต่ช่อเดียวจนถึงหลายช่อ ตั้งตรงหรือทอดเอียง ดอกมีจำนวนน้อยจนถึงมาก เรียงเวียน บานจากโคนสู่ปลายช่อ กลีบเลี้ยงและ

กลีบดอกแยกออกเป็นอิสระ กลีบปากอยู่ทางด้านล่าง ไม่มีเดือย เส้นเกสรสั้นหรือยาว มีคางยื่นยาว มีฝากรอบ กลุ่มเรณูมี 8 กลุ่ม ไม่มีก้านและแป้นก้านกลุ่มเรณู

กล้วยไม้สกุลนี้มีการกระจายพันธุ์ในเขตอบอุ่นและเขตร้อนของภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้พบประมาณ 500 ชนิด ประเทศไทยพบ 63 ชนิด ทั้งในป่าผลัดใบและไม่ผลัดใบทั่วทุกภาค (สลิล, 2549)

### ตารางที่ 2.1 กล้วยไม้สกุลก้านก่อ

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
Section: <i>Eria</i> เอื้องศรีประภา ( <i>Eria cristata</i> Rolfe)	-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอกพอมและยาว -ใบรูปแถบแกมรูปขอบขนาน ปลายใบแหลม -ช่อดอกออกที่ปลายลำ แต่ละช่อมีเพียง 2 ดอก กลีบเลี้ยงและกลีบดอกรูปรีทั้งห้ากลีบ สีขาว ปลายกลีบมน ด้านหลังของกลีบเลี้ยงมีขนปกคลุม ปลายกลีบมน สีเหลืองจนถึงเหลืองอมส้ม มีหูปากรูปทรงมน แผ่นกลีบมีกระจุกขน (อาภรณ์, 2552)	 <a href="http://www.orchidspecies.com/eriacristata.htm">http://www.orchidspecies.com/eriacristata.htm</a>
Section: <i>Eria</i> เอื้องช่อเงินยวง ( <i>Eria globulifera</i> Seidenf.)	-ลำลูกกล้วยรูปรีและสั้น มีหลายข้ออยู่ที่ส่วนปลายลำ -รูปใบหอกออกที่ข้อ ปลายใบแหลม -ช่อดอกแบบกระจะสั้น มีหลายดอกเรียงแน่น ดอกมีสีขาวหม่น กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบคู่ข้างกว้าง กลีบดอกรูปรีแกมรูปไข่ ทั้งห้ากลีบปลายแหลม กลีบปากขนาดเล็กสีเหลือง (สลิล, 2549)	 <a href="http://www.orchidspecies.com/eriaglobulifera.htm">http://www.orchidspecies.com/eriaglobulifera.htm</a>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section: Eria</b> เอื้องแจก๊นเงิน (<i>Eria obesa</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำต้นเป็นรูปทรงกระสวยหรือรูปรี ผิวสีเหลืองอมเขียวออกเทาเงิน มั่นเล็กน้อย ขึ้นเป็นกระจุกแน่น</p> <p>-ใบรูปรีแกมรูปใบหอก</p> <p>-ช่อดอกเกิดตามข้อใกล้ยอด ก้านช่อสั้น (จักรพันธ์, 2551)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eriaobesa.htm">http://www.orchidspecies.com/eriaobesa.htm</a></p>
<p><b>Section: Eria</b> เอื้องนึ่งปากตัด (<i>Eria truncata</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอกพอมและยาว</p> <p>-ใบรูปแถบแกมรูปใบหอก ปลายใบแหลม</p> <p>-ดอก กลีบเลี้ยงและกลีบดอกรูปขอบขนาน ทั้งห้ากลีบสีขาวปลายกลีบมน กลีบปากสีขาว ปลายกลีบตัด เป็นสีม่วงแดง กลางกลีบมีเนื้อเยื่อเนียนและกระจุกขน (อาภรณ์, 2552)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eriaatruncata.htm">http://www.orchidspecies.com/eriaatruncata.htm</a></p>
<p><b>Section: Aeridostachya</b> โรบัสตา (<i>Eria robusta</i> (Blume) Lindl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยตั้งตรงขึ้นเป็นกลุ่ม</p> <p>-ใบยาวเรียวยาว</p> <p>-ดอก เป็นช่อแยกแขนง แต่ละช่อมีดอกจำนวนมาก ดอกมีขนาดเล็ก ดอกมีสีเหลืองอ่อนจนถึงสีน้ำตาล กลีบปากมีจุดเล็ก ๆ สีแดง</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร. วีระชัย ธนानันต์</p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Aeridostachya</b> ยูนิโฟเลีย (<i>Eria unifolia</i> J.J.Sm.)</p>	<p>-ลำต้นปกคลุมด้วยกาบใบ -ใบรูปแถบ ปลายเรียวแหลม -ช่อดอกเป็นช่อกระจุกหรือช่อแยกแขนง ขึ้นเป็นกลุ่มแน่น กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างรูปรีแกมรูปไข่ กลีบดอกรูปรีแกมรูปขอบขนานแต้มด้วยสีม่วง ทั้งห้ากลีบสีเหลืองจาง ปลายกลีบมน กลีบปากรูปรีกว้าง</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eriaunifolia.htm">http://www.orchidspecies.com/eriaunifolia.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Cylindrolobus</b> เอื้องอินจัน (<i>Eria biflora</i> (Griff.) Lindl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอก -ใบรูปแถบห้าใบ ปลายใบแหลม -ช่อดอกสั้น มีดอกสองดอก ใบประดับดอกมีขนาดใหญ่สีส้ม ดอกมีสีเหลืองอ่อน กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างเชื่อมเป็นคางดอก กลีบดอกรูปขอบขนาน กลีบปากรูปรีสีเข้มกว่ากลีบอื่น แผ่นกลีบมีเนื้อเยื่อหนูนูน (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eribiflora.htm">http://www.orchidspecies.com/eribiflora.htm</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Cylindrolobus</b> เอื้องสายฝน (<i>Eria mucronata</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยทรงกระบอกขนาดใหญ่ -ใบรูปแถบหลายใบ ปลายใบเหลียวแหลม -ดอกเดี่ยวออกที่ข้อข้างลำ ก้านดอกสีม่วงแดง ดอกมีสีขาว กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างเชื่อมเป็นคางขนาดใหญ่ กลีบดอกรูปขอบขนาน กลีบปากรูปทรงเกือบกลม ปลายกลีบเว้า แผ่นกลีบมีสันสองสัน (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria-mucronata.htm">http://www.orchidspecies.com/eria-mucronata.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Cylindrolobus</b> เอื้องน้มีภู (<i>Eria marginata</i> Rolfe.)</p>	<p>-ต้นเป็นลำยาวรี ผิวแห้งเป็นตามร่อง ตามข้อมักจะมีเยื่อคาบใบติดอยู่ ชื้นเป็นกอตรง -ใบใกล้ยอด รูปใบรี แผ่นใบค่อนข้างหนา และเหนียว สีเขียวเข้ม -ดอกเกิดเป็นคู่ใกล้ยอด ก้านข้อสั้นมาก ก้านดอกและกลีบเลี้ยงด้านนอกมีขนสั้นละเอียด กลีบปากสีแดงม่วง ตรงแนวกลางมีขน (อาภรณ์, 2552)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria-marginata.htm">http://www.orchidspecies.com/eria-marginata.htm</a></p>



## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Cylindrolobus</b> เนกลีคตา (<i>Eria neglecta</i> Ridl.)</p>	<p>-ลำต้นตั้งตรงสูง -ใบรูปหอก ปลายใบแหลม แผ่นใบค่อนข้างหนาและเหนียว -ช่อดอกเกิดปลายยอด กลีบดอกและกลีบเลี้ยงสีเหลืองจางมีแต้มสีแดง</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria neglecta.htm">http://www.orchidspecies.com/eria neglecta.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Dendrolirium</b> เอื้องคำหิน (<i>Eria lasiopetala</i> (Willd.) Ormerod)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปรีปกคลุมด้วยกาบ -ใบรูปขอบขนาน ปลายใบมนจนถึงแหลม -ช่อดอกออกที่โคนลำ ตั้งตรง มีขนปกคลุมกลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้าง รูปสามเหลี่ยมเบี้ยว ด้านนอกของกลีบมีขนปกคลุม กลีบดอกรูปขอบขนานและเกลี้ยงทั้งห้ากลีบ สีน้ำตาลอมเหลือง กลีบปากรูปรี สีเขียวอมเหลืองจนถึงน้ำตาลเข้ม (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://www.qsb.org/database/botanic_book%20full%20option/search_page.asp">http://www.qsb.org/database/botanic_book%20full%20option/search_page.asp</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Dendrolirium</b> เอื้องเต่าทอง (<i>Eria ornata</i> (Blume) Lindl.)</p>	<p>-ลำต้นแบนเล็กน้อย -ใบรูปรีแกมขอบขนาน แผ่นใบค่อนข้างหนา -ช่อดอกเกิดจากแขนงที่จะเจริญเป็นหน่อใหม่ด้านข้างของหัวเดิม ก้านและแกนช่อตรงหรือปลายโค้งเล็กน้อย มีใบประดับรูปไข่ สีเหลืองอมส้มหรือสีแดง เรียงเป็นระยะตลอดแกนช่อ กลีบห่อปลายกางเล็กน้อย ผิวด้านนอกของกลีบเลี้ยงและก้านดอกมีขนสั้นละเอียด (วิชา, 2543)</p>	 <p><a href="http://brassia.blogspot.com/2008/11/blog-post_8695.html">http://brassia.blogspot.com/2008/11/blog-post_8695.html</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Goniorhabdos</b> เอื้องดาวเรียง (<i>Eria javanica</i> (SW.) Blume)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปไข่ ขึ้นเป็นกอชิดกัน -ใบรูปรีแกมรูปขอบขนาน มี 3-5 ใบ ปลายแหลม ใบหนามันมีแนวพับจีบตามยาว -ดอกออกเป็นช่อตั้งจากโคนกอ ก้านช่อมีขนสีน้ำตาลแดง ใบประดับสีเหลือง กลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีขาว กลีบปากมีแต้มสีม่วงแดงที่ข้างกลีบ ปลายกลีบสีเหลืองเข้ม มีกลิ่นหอม (จักรพันธ์, 2551)</p>	 <p><a href="http://lumphaya.stkc.go.th/index.html">http://lumphaya.stkc.go.th/index.html</a></p>



## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องน้มนดอกเหลือง (<i>Eria bractescens</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำต้นขึ้นเบียดกันแน่นเป็นกลุ่ม ลำอวรูปรี มักจะแบนเล็กน้อย ผิวมีร่องตื้นตามยาว</p> <p>-ใบรูปรี แผ่นใบค่อนข้างหนาเหนียวแต่ไม่แข็ง มี 1-2 ใบที่ยอดดอก ก้านดอกยาวเกือบถึงปลายใบ</p> <p>-ดอกมีลักษณะช่อดอกแบบช่อกระจະโปร่ง มี 6-8 ดอกย่อยสีเหลืองอ่อน (จักรพันธ์, 2551)</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธานีรัตน์</p>
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องน้มนดอกน้อย (<i>Eria eriopsidobulbon</i> C.S.P. Parish &amp; Rchb.f.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอกผอมและยาว</p> <p>-ใบรูปแถบ ปลายใบแหลม</p> <p>-ช่อดอกออกที่ข้อปลายลำ ช่อดอกแบบกระจະสั้น มีดอกหลายดอก ดอกมีสีส้มอ่อน (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria_eriopsidobulbon.htm">http://www.orchidspecies.com/eria_eriopsidobulbon.htm</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องนึมปากแดง (<i>Eria atrovinosa</i> Carr)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยทรงกระบอกเรียว -ใบเกิดที่ปลายลำลูกกล้วย ปลายใบแหลม ใบหนาเรียวยาว -ดอกเป็นช่อ แต่ละช่อมีประมาณ 2 ดอก กลีบดอกมีสีขาว ปลายกลีบปากมีสีม่วงอม แดง</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eriaatrovinosa.htm">http://www.orchidspecies.com/eriaatrovinosa.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องนึมมานรดี (<i>Eria amica</i> Rchb.f.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอก เรียวยาว -ใบรูปแถบแกม ปลายใบแหลม -ช่อดอกแบบกระจะออกที่ข้อส่วนปลาย ของ มีดอกหลายดอกเรียงห่างกัน กลีบเลี้ยง บนและกลีบเลี้ยงดอกรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้าง รูปสามเหลี่ยม ทั้งห้ากลีบปลายกลีบแหลม สีขาวอมชมพูและมีลายสีแดง กลีบปากรูป ไข่กลับ ปลายกลีบสีแดงสด กลางกลีบมีหู ปากรูปทรงมนและเป็นสีแดง (สลิล, 2549)</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนानันต์</p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องนึมตอยสุเทพ (<i>Eria sutepensis</i> Rolfe ex Downie)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอก -ใบรูปแถบหลายใบ ปลายใบแหลม -ช่อดอกแบบกระจจะออกที่ข้อด้านข้าง มีหลายดอกเรียงชิดกัน ใบประดับดอกรูปใบหอกมีขนาดใหญ่สีเหลือง ปลายเรียวแหลม ดอกมีสีขาว กลีบเลี้ยงและกลีบดอกรูปขอบขนานจนถึงรูปขอบขนานแกมรูปไข่ ปลายแหลม กลีบปากมีแฉกข้างรูปครึ่งวงกลมสีชมพู กลางกลีบมีสันสามสัน ปลายกลีบปากมีสีแกมเหลือง (สลิล, 2549)</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนานันต์</p>
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องกระเพาะปลา (<i>Eria acervata</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปไข่แกมขอบขนานแบน -ใบ รูปรีแกมขอบขนาน ปลายใบแหลม -ดอกออกเป็นช่อ 10-15 ดอกต่อช่อ กลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีขาว ปลายกลีบสีเขียวอมเหลือง กลีบปากสีเหลืองมีสันนูนตามยาว 3 สัน มีแต้ม สีน้ำตาลที่โคน ฝาครอบเกสร มีแต้มสีน้ำตาลเข้ม (จักรพันธ์, 2551)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria-acervata.htm">http://www.orchidspecies.com/eria-acervata.htm</a></p>



## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Hymenaria</b> เอื้องน้ิมมาเลย์ (<i>Eria xanthocheila</i> Ridl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยยอว รูปรี -ใบรูปขอบขนานแกมรูปใบหอก มี 1-2 ใบที่ ยอด แผ่นใบค่อนข้างหนาและเหนียว -ช่อดอกเกิดใกล้ยอด มีจำนวน 4-6 ดอกต่อ ช่อ กลีบดอกและกลีบเลี้ยงสีเหลืองจาง กลีบปากสีเหลืองมีแต้มสีม่วงแดงที่ข้างกลีบ (จักรพันธ์, 2551)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria-xanthocheila.htm">http://www.orchidspecies.com/eria-xanthocheila.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Mycaranthes</b> เอื้องทำทานใต้ (<i>Eria iridifolia</i> Hook.f.)</p>	<p>-ลำต้นปกคลุมด้วยกาบใบ -ใบรูปแถบ ปลายเรียวแหลม -ช่อดอกเป็นช่อกระจะ หรือช่อแยกแขนง ดอกมีขนาดเล็ก ช่อดอกมีขนอุยสีขาวปก คลุม กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างรูปรี แกมไข่ และเชื่อมเป็นคางดอก ด้านนอกมี ขนสีขาวปกคลุม กลีบดอกรูปรีแกมรูปขอบ ขนาน ทั้งห้ากลีบมีสีเหลืองอ่อนมีประสี น้ำตาลเข้ม (อาภรณ์, 2552)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria-iridifolia.htm">http://www.orchidspecies.com/eria-iridifolia.htm</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Mycaranthes</b> เอื้องดอกไม้เงิน (<i>Eria paniculata</i> Lindl.)</p>	<p>-ลำต้นปกคลุมด้วยกาบใบ -ใบรูปแถบ ปลายเรียวแหลม -ช่อดอกเป็นช่อกระจุกหรือช่อแยกแขนง ช่อดอกมีขนสีขาวปกคลุม กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างรูปรีแกมรูปไข่ ด้านนอกมีขนปกคลุม กลีบดอกรูปรีแกมรูปขอบขนาน ทั้งห้ากลีบสีครีม ปลายกลีบมนจนถึงค่อนข้างแหลม กลีบปากรูปรีกว้าง ปลายหยัก โคนกลีบมีเนื้อเยื่อรูปทรงกลมและมีจุดสีม่วงจำนวนมาก (สลิล, 2549)</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ชนานันต์</p>
<p><b>Section:</b> <b>Urostachya</b> เอื้องช่องวงช้าง (<i>Eria densa</i> Ridl.)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปรีและแบนมีหลายข้อและขึ้นชิดกันเป็นกอ รูปทรงกระบอก -ใบมีลักษณะเป็นรูปขอบแกมรูปหอก -ดอกมีลักษณะช่อดอกออกจากซอกใบ แต่ละช่อมี 60-75 ดอก ดอกเรียงตัวแน่นคล้ายพวงมาลัย กลีบเลี้ยงและกลีบดอกมีสีขาวใส ฝาปิดอับเรณูมีสีม่วงดำ (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://book.baanlaesuan.com/plan-t-guide/eria-densa/">http://book.baanlaesuan.com/plan-t-guide/eria-densa/</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Urostachya</b> เอื้องหนวดปลาหมึก (<i>Eria sarcophylla</i> Schltr.)</p>	<p>-ลำต้นเป็นแท่งกลมคล้ายดินสอ -ใบเป็นแท่งกลมคล้ายลำต้น -ดอกออกเป็นช่อ ดอกมีสีขาว ฐานกลีบปาก มีสีม่วงเข้ม ก้านดอกสั้น (วิชา, 2543)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria_sarcophylla.htm">http://www.orchidspecies.com/eria_sarcophylla.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Secundae</b> เอื้องแปรงสีฟันพระ อินทร์ (<i>Eria siamensis</i> Schltr.)</p>	<p>-ต้นเป็นลำกลม ทรงกระบอกปลายมน ขึ้น เป็นกลุ่มแน่น ผิวเกลี้ยงหรือมันเล็กน้อย -ใบเกิดที่ยอด มี 2 ใบ รูปรีแกมรูปขอบ ขนาน ขนาน ผิวใบมัน แผ่นใบค่อนข้างบาง แต่เหนียว -ช่อดอกเกิดที่ยอด มีขนสั้นละเอียดสีขาว คลุมตลอดช่อ ดอกเรียงตัวแน่นซีกเดียว ก้านดอกสั้น บานเกือบพร้อมกันตลอดช่อ ดอก (อาภรณ์, 2552)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eria_siamensis.htm">http://www.orchidspecies.com/eria_siamensis.htm</a></p>



## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Trichosma</b> เอื้องนันทหลวง (<i>Eria coronaria</i> (Lindl.) Rchb.f)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอก ขนาดเล็กและ ผอม -ใบรูปรีสองใบ -ช่อดอกแบบกระจุกที่ปลายลำ มีดอก 1-5 ดอก ดอกมีสีขาวสด กลีบเลี้ยงบนรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างรูปขอบขนาน กลีบดอกรูป แถบ กลีบปากรูปรีกว้าง ด้านบนสีแดงและ เหลือง แผ่นกลีบด้านบนขรุขระ (สลิล, 2549)</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com/eriacoronaria.htm">http://www.orchidspecies.com/eriacoronaria.htm</a></p>
<p><b>Section:</b> <b>Strongyleria</b> เอื้องประจำรอย (<i>Eria pellipes</i> Rchb.f. ex Hook.f.)</p>	<p>-ลำต้นตั้งตรงสูงมีขนละเอียดสีขาวปกคลุม -ใบเรียวยาวกลมมน -ช่อดอกเกิดปลายยอด กลีบดอกและกลีบ เลี้ยงเหลืองอ่อน กลีบปากมีแต้มสีแดง กลีบ ทั้งห้าปกคลุมด้วยขนละเอียดสีขาว</p>	 <p><a href="http://www.orchidspecies.com">http://www.orchidspecies.com</a></p>

## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<p><b>Section:</b> <b>Strongyleria</b> เอื้องนี้้วนาง (<i>Eria pannea</i> Lindl.)</p>	<p>-ใบมีขนนุ่มปกคลุม ขึ้นเป็นกระจุก -ช่อดอกแบบช่อกระจะ ตั้งตรง ช่อดอกมีขนปกคลุม กลีบเลี้ยงบนรูปรีแกมรูปขอบขนาน กลีบเลี้ยงคู่ข้างรูปรีกว้างและเบี้ยว โคนกลีบเชื่อมเป็นคางดอก ด้านหลังมีขนปุยปกคลุม กลีบดอกรูปขอบขนาน มีขนปกคลุมเล็กน้อย ทั้งห้ากลีบสีเหลืองหม่นปลายกลีบมน กลีบปากรูปขอบขนานแกมรูปไข่กลับ กลีบสีน้ำตาลไหม้ มีแต้มสีเหลืองหม่นที่โคนและปลายกลีบ (อาภรณ์, 2552)</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธานีรัตน์</p>
<p><b>Section:</b> <b>Strongyleria</b> โกลปีเฟรา (<i>Eria globifera</i> Rolfe)</p>	<p>-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระสวย กลางลำอ้วนกว่าโคนและปลาย -ใบรูปหอกจนถึงรูปแถบ มี 1-2 ใบ ปลายใบแหลม แผ่นใบค่อนข้างหนาและเหนียว สีเขียวเข้ม -ดอกขนาดประมาณ 1 ซม. ก้านดอกและกลีบเลี้ยงด้านนอกมีขนสั้นละเอียด กลีบเลี้ยงและกลีบดอกรูปขอบขนาน ทั้งห้ากลีบสีเหลืองอ่อนปลายกลีบมนและมีลายสีแดง</p>	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธานีรัตน์</p>



## ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/ วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
<b>Section:</b> <b>Tylostylis</b> เอื้องตาลหิน <i>(Eria discolor</i> Lindl.)	-ลำลูกกล้วยรูปทรงกระสวย -ใบรูปหอกจนถึงรูปแถบ ปลายใบเว้าบวม -ช่อดอกออกที่ข้อของลำ มี 1-5 ช่อ กลีบ เลี้ยงรูปรี กลีบเลี้ยงคู่ข้างเบี้ยว ด้านนอกมี ขนกำมะหยี่ปกคลุม กลีบดอกรูปรี ทั้งห้า กลีบสีน้ำตาลหม่น ปลายกลีบมน กลีบปาก รูปทรงห้าเหลี่ยมสีน้ำตาลไหม้ ด้านบนมี แต้มสีเขียวแกมน้ำตาล เส้าเกสรเรียวยาว (อาภรณ์, 2552)	 <p>ภาพถ่ายโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธานีรัตน์</p>

## 2.5 เครื่องหมายทางพันธุกรรม

เครื่องหมายทางพันธุกรรม (genetic markers) หมายถึง ลักษณะหรือตัวบ่งชี้ที่มีความจำเพาะเจาะจงสามารถนำมาใช้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรม และสามารถถ่ายทอดลักษณะนั้น ๆ ไปยังรุ่นลูกได้ (สุรินทร์, 2552) เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่มีการใช้กันมานานแล้วในการปรับปรุงพันธุ์พืช คือ เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา (morphological marker) ซึ่งจะใช้ลักษณะภายนอกเป็นตัวบ่งชี้หรือแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมแต่เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยานั้นยังมีข้อเสียอยู่หลายประการ เช่น ลักษณะภายนอกมักผันแปรไปตามสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปทำให้เกิดความผิดพลาดในการแยกความแตกต่างของพันธุ์ได้ ด้วยเหตุนี้จึงได้มีการพัฒนาเครื่องหมายทางพันธุกรรมประเภทอื่นขึ้นมาเพื่อช่วยขจัดข้อเสียดังกล่าว ได้แก่ เครื่องหมายโปรตีน (protein marker) และเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker)

## 2.6 เครื่องหมายดีเอ็นเอ

เครื่องหมายดีเอ็นเอ หมายถึง ลำดับนิวคลีโอไทด์ช่วงหนึ่งของดีเอ็นเอที่ใช้เป็นเครื่องหมายในการบ่งชี้ความเป็นเอกลักษณ์ของสิ่งมีชีวิต โดยอาจมีตำแหน่งบนโครโมโซมในนิวเคลียส (nuclear DNA) หรือในออร์แกเนลล์ (mitochondria DNA หรือ chloroplast DNA) และสามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ (สุรินทร์, 2552) สิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดจะมีการจัดเรียงของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลของดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ซึ่งความแตกต่างนี้ทำให้เกิดเอกลักษณ์ในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด และสามารถนำมาประยุกต์ใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมเพื่อจำแนกหรือระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดออกจากกันได้ โดยสามารถทำได้จากการเปรียบเทียบลักษณะของดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ ด้วยเครื่องหมายทางชีววิทยาโมเลกุล ซึ่งเป็นที่รู้จักกันโดยทั่วไปว่า ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint)

เครื่องหมายดีเอ็นเอนั้นสามารถแบ่งออกเป็นประเภทใหญ่ ๆ ได้ 2 ประเภท คือ hybridization-based marker และ PCR-based marker ซึ่งอาศัยหลักการที่แตกต่างกัน โดย hybridization-based marker อาศัยหลักการเข้าคู่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในดีเอ็นเอที่เป็นคู่สมกันระหว่างดีเอ็นเอตรวจสอบ (probe) กับดีเอ็นเอที่ต้องการจะตรวจสอบโดยใช้เทคนิคไฮบริไดเซชัน (hybridization) ในขณะที่ PCR-based marker อาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสหรือเทคนิคพีซีอาร์ (PCR, polymerase chain reaction) ซึ่งเป็นเครื่องหมายประเภทที่นิยมมากกว่าเนื่องจากมีขั้นตอนและวิธีการที่ซับซ้อนน้อยกว่า ตัวอย่างของเครื่องหมายประเภท hybridization-based marker เช่น เครื่องหมายอาร์เอฟแอลพี (RFLP, restriction fragment length polymorphism) ตัวอย่างเครื่องหมายประเภท PCR-based marker ได้แก่ เครื่องหมายอาร์เอฟพีดี (RAPD, random amplified polymorphic DNA) เครื่องหมายเอเอฟแอลพี (AFLP, amplified fragment length polymorphism) เครื่องหมายเอสเอสอาร์ (SSR, simple sequence repeat) เป็นต้น

เครื่องหมายดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมมีข้อดีหลายประการ เช่น มีความเที่ยงตรงสูง มีจำนวนเครื่องหมายในปริมาณมาก ผลการวิเคราะห์คงที่ และไม่ทำลายต้นพืช จากข้อดีดังกล่าวทำให้ปัจจุบันมีการนำเครื่องหมายดีเอ็นเอมาประยุกต์ใช้ในการวิจัยและพัฒนาสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ ซึ่งมีการใช้อย่างกว้างขวางในการเกษตรโดยเฉพาะในงานด้านการปรับปรุงพันธุ์พืช ซึ่งมีจุดมุ่งหมายสำคัญที่จะสร้างพันธุ์พืชใหม่ให้มีลักษณะดีเป็นที่ต้องการของตลาด ให้ผลผลิตสูง และต้านทานต่อโรค แมลง และสภาพแวดล้อมที่ไม่เหมาะสม

## 2.7 เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในงานวิจัย

เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในงานวิจัยนี้มี 3 ชนิด ได้แก่ เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, high annealing temperature-random amplified polymorphic DNA) ซึ่งมีลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์เป็นแบบสุ่ม เครื่องหมายสก๊อต (SCoT, start codon targeted) ซึ่งลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์มีขนาด 18 นิวคลีโอไทด์ที่มีลำดับเบส ATG เริ่มต้นในสายนิวคลีโอไทด์ และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ ซึ่งมีลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อบริเวณยีน โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิดนี้ เป็นเครื่องหมายประเภท PCR-based marker ซึ่งแต่ละชนิดจะมีความแตกต่างกันที่ความจำเพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอแม่แบบที่เข้าจับ นอกจากนี้ยังมีหลักการและข้อดีที่แตกต่างกันดังต่อไปนี้

### 2.7.1 เครื่องหมายสก๊อต

เครื่องหมายสก๊อต (SCoT, start codon targeted) เป็นเครื่องหมายทางโมเลกุลแบบหนึ่งพัฒนาขึ้นโดย Collard และ Mackill (2009) โดยใช้ไพรเมอร์ขนาด 18 นิวคลีโอไทด์เพียงชนิดเดียวที่มีลำดับเบส ATG เริ่มต้นในสายนิวคลีโอไทด์ด้วยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน ใช้อุณหภูมิสำหรับ annealing 50 องศาเซลเซียส แล้วแยกขนาดดีเอ็นเอโดยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส เครื่องหมายสก๊อตสามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมได้

หลักการของเครื่องหมายสก๊อตคือ ใช้ไพรเมอร์ขนาด 18 นิวคลีโอไทด์เพียงชนิดเดียวที่มีลำดับเบส ATG เริ่มต้นในสายนิวคลีโอไทด์ ไพรเมอร์สามารถเข้าจับกับดีเอ็นเอบริเวณที่มีเบสเป็นคู่สมกันตรวจสอบหลายตำแหน่งพร้อมกัน หากการเข้าคู่นั้นเกิดขึ้นในทิศทางที่เหมาะสมจะทำให้เกิดการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ดังนั้นถ้าตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบมีความแตกต่างของสารพันธุกรรมความสามารถในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจะได้จำนวนและชั้นของดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน

คุณสมบัติของเครื่องหมายสก๊อตเป็นเครื่องหมายที่ทำได้ง่าย ค่าใช้จ่ายไม่สูงมากนัก ผลการตรวจสอบมีความน่าเชื่อถือและมีประสิทธิภาพต่อการระบุความแตกต่างทางพันธุกรรมของพืชได้ นอกจากนี้แถบดีเอ็นเอที่เกิดแสดงการข่ม (dominance) ซึ่งความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอจะเป็นลักษณะการเกิดและไม่เกิดแถบดีเอ็นเอเท่านั้น ดังนั้นเครื่องหมายสก๊อตจึงจัดเป็น dominant marker ทำให้ไม่สามารถบอกความแตกต่างระหว่างลักษณะโฮโมไซโกตและเฮเทอโรไซโกตออกจากกันได้ (Collard and Mackill, 2009) ซึ่งมีงานวิจัยที่ได้ แสดงถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายสก๊อต ตัวอย่าง เช่น

Guo และคณะ (2011) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของงุ่นจำนวน 64 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายสก็อต พบไพรเมอร์ที่มีความเหมาะสมจำนวน 17 ไพรเมอร์จากไพรเมอร์ที่นำมาตรวจสอบทั้งหมด 36 ไพรเมอร์ สามารถให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 131 แถบ มีขนาดอยู่ในช่วง 1,000-2,000 คู่เบส โดย 122 แถบเป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้โพลิมอฟิก คิดเป็น 93.1 เปอร์เซ็นต์ของแถบดีเอ็นเอทั้งหมด พบว่าไพรเมอร์ SCoT35 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอมากที่สุดคือ 12 แถบ ไพรเมอร์ SCoT12, SCoT18 และ SCoT28 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอน้อยที่สุด คือ 5 แถบ ผลจากการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมที่คำนวณด้วยสูตรของ Jaccard อยู่ในช่วง 0.75-0.91 สามารถแบ่งตัวอย่างงุ่นที่นำมาศึกษาออกเป็น 4 กลุ่ม

Paliwal และคณะ (2013) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชกลุ่มบอระเพ็ดจำนวน 21 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายสก็อต พบไพรเมอร์ที่มีความเหมาะสมจำนวน 19 ไพรเมอร์จากไพรเมอร์ที่นำมาตรวจสอบทั้งหมด 35 ไพรเมอร์ สามารถให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 102 แถบ มีค่าเฉลี่ย 5.3 แถบต่อไพรเมอร์ พบว่าค่า polymorphic information content มีค่าเท่ากับ 87.2 และค่า coefficient of genetic differentiation มีค่าเฉลี่ยอยู่ในช่วง 0.19-0.49 ผลจากการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมที่คำนวณด้วยสูตรของ Jaccard อยู่ในช่วง 0.68-1.0 สามารถแบ่งตัวอย่างบอระเพ็ดที่นำมาศึกษาออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่

กรองทอง และคณะ (2557) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอจำนวน 96 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายสก็อต พบไพรเมอร์ที่มีความเหมาะสมจำนวน 5 ไพรเมอร์ คือ SCoT46, SCoT47, SCoT48, SCoT52 และ SCoT55 สามารถให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 36 แถบ มีขนาดอยู่ในช่วง 800-3,000 คู่เบส โดย 34 แถบเป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้โพลิมอฟิก คิดเป็น 94.44 เปอร์เซ็นต์ของแถบดีเอ็นเอทั้งหมด ค่าเฮเตอโรไซโกซิตีมีค่าอยู่ในช่วง 0.21-0.39 เฉลี่ยเท่ากับ 0.28 ค่า polymorphic information content มีค่าอยู่ในช่วง 0.299-0.375 และค่า coefficient of genetic differentiation มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.275 ผลจากการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมที่คำนวณด้วยสูตรของ Jaccard อยู่ในช่วง 0.130-0.923 สามารถแบ่งตัวอย่างต้นรักแกนมอที่ทำการศึกษาออกเป็น 10 กลุ่ม การศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างต้นรักแกนมอมีความผันแปรทางพันธุกรรมสูง สามารถใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์และอนุรักษ์แหล่งพันธุกรรมในประเทศไทยต่อไป

### 2.7.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, high annealing temperature-random amplified polymorphic DNA) เป็นเครื่องหมายที่พัฒนาขึ้นมาจากเครื่องหมายอาร์เอพีดีเพื่อใช้ในการตรวจสอบความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยอาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ โดยใช้ไพรเมอร์ที่ไม่จำเพาะและมีขนาดสั้น ๆ ประมาณ 8-12 นิวคลีโอไทด์ จึงเป็นการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแบบสุ่ม แล้วแยกขนาดดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสและตรวจสอบโดยการย้อมด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ในทางปฏิบัติต้องทดลองใช้ไพรเมอร์หลาย ๆ ชนิด เพื่อตรวจสอบดูว่าไพรเมอร์ชนิดใดสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีมีความแตกต่างจากเครื่องหมายอาร์เอพีดีเนื่องจากอุณหภูมิที่ใช้ในการเข้าจับของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอแม่แบบในขณะที่เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์สูงกว่า โดยจะใช้อุณหภูมิประมาณ 46-62 องศาเซลเซียส ซึ่งอุณหภูมิดังกล่าวมีผลต่อการเข้าจับระหว่างไพรเมอร์กับดีเอ็นเอแม่แบบทำให้สามารถเข้าจับกันได้จำเพาะมากยิ่งขึ้น หลังจากเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์แล้วจะนำดีเอ็นเอที่ได้แยกด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสและนำดีเอ็นเอดังกล่าวมาตรวจสอบความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอ เนื่องจากสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดจะมีความแตกต่างในการเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ ดังนั้นสิ่งมีชีวิตที่มีการเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างกันย่อมมีลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ในขณะที่สิ่งมีชีวิตที่มีความใกล้ชิดกันย่อมมีลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่คล้ายคลึงกัน

ข้อดีของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีคือ วิธีการตรวจสอบไม่ซับซ้อนยุ่งยาก สามารถทำได้ง่าย สะดวก และรวดเร็ว ค่าใช้จ่ายในการตรวจสอบค่อนข้างต่ำ ใช้อุปกรณ์และเครื่องมือในการตรวจสอบน้อยเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการอื่น ๆ เนื่องจากสามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้ด้วยการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์แล้วนำดีเอ็นเอดังกล่าวมาตรวจสอบด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสโดยใช้เจลอะกาโรสซึ่งเป็นวิธีที่มีค่าใช้จ่ายต่ำ และมีขั้นตอนการทำไม่ยุ่งยาก นอกจากนี้ไพรเมอร์ที่ใช้ในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ไม่จำเพาะเจาะจงกับดีเอ็นเอบริเวณใดบริเวณหนึ่ง ทำให้ไม่ต้องเสียเวลาในการหาข้อมูลเพื่อออกแบบไพรเมอร์

เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ไม่จำเพาะเจาะจงที่บริเวณใดบริเวณหนึ่งของตำแหน่งยีน และความหลากหลายของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีจะเกิดในลักษณะปรากฏแถบดีเอ็นเอและไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งหนึ่ง ๆ จากข้อดีดังกล่าวทำให้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีเป็นเครื่องหมายที่นิยมนำมาใช้ในการตรวจสอบเพื่อจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืช ซึ่งมีงานวิจัยที่ได้แสดงถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ตัวอย่างเช่น

จรัสศรี และคณะ (2548) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชกลุ่มกระเจียวทั้งหมด 27 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรมเมอร์แบบสุ่มจำนวน 9 ไพรมเมอร์ พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลายรูปทั้งหมด 230 แถบ จากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างกระเจียวแต่ละชนิดโดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติ SPSS ด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) ในการวิเคราะห์แบบ cluster analysis และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชกลุ่มกระเจียว พบว่าสามารถจัดกลุ่มกระเจียวที่นำมาศึกษาออกเป็น 6 กลุ่ม ซึ่งการจัดกลุ่มที่ได้สอดคล้องกับลักษณะสัณฐานวิทยา

สยาม และคณะ (2550) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสับปะรดพันธุ์ปลูกในประเทศไทยจำนวน 9 ตัวอย่าง ได้แก่ ภูแล สวี ตราดสีทอง ภูเก็ต ปัตตาเวีย อินทรชิตแดง อินทรชิตขาว เพชรบุรี1 และนางแล โดยใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรมเมอร์แบบสุ่ม พบว่าไพรมเมอร์จำนวน 7 ไพรมเมอร์จาก 40 ไพรมเมอร์ สามารถให้แถบดีเอ็นเอได้ โดยได้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 206 แถบ มีขนาด 510-4,700 คู่เบส มีเปอร์เซ็นต์ polymorphism เท่ากับ 70.4 เปอร์เซ็นต์ และเมื่อวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม NTSTS พบว่ามีค่าความคล้ายคลึง (similarity coefficient) อยู่ในช่วง 0.643-0.963 เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าสามารถแยกความแตกต่างของสับปะรดได้ 3 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย สับปะรดสายพันธุ์ ภูเก็ต ภูแล ตราดสีทอง สวี และเพชรบุรี1 กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย อินทรชิตแดง และอินทรชิตขาว กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย ภูแล และปัตตาเวีย ซึ่งการจัดกลุ่มที่ได้สอดคล้องกับลักษณะสัณฐานวิทยาของสับปะรด

Suttada และคณะ (2007) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยในประเทศไทยจำนวน 24 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรมเมอร์แบบสุ่มจำนวน 14 ไพรมเมอร์ มีค่า genetic similarity coefficient อยู่ในช่วง 19-98 เมื่อนำข้อมูลที่ได้มาวิเคราะห์และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) พบว่าสามารถแบ่งตัวอย่างกล้วยที่นำมาศึกษาออกเป็น 5 กลุ่ม และผลจากการจัดกลุ่มมีความสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานวิทยาของกล้วยที่นำมาศึกษา



วิศัย และสมบุรณ์ (2551) ศึกษาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชสกุลมะเดื่อทั้งหมด 25 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายแอสตอาร์เอพีดี โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพโรเมอร์แบบสุ่มจำนวน 4 ไพโรเมอร์ พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลายทั้งหมด 143 แถบ ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลาย จำนวน 140 แถบ เมื่อทำการทดลองซ้ำพบว่าผลที่ได้เหมือนเดิม จากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าสามารถจัดกลุ่มมะเดื่อออกเป็น 2 กลุ่ม ซึ่งการจัดกลุ่มที่ได้สอดคล้องกับลักษณะสัณฐานวิทยา

นฤมล และคณะ (2556) ศึกษาจำแนกพันธุ์และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้ช้างและลูกผสมด้วยเครื่องหมายแอสตอาร์เอพีดี เนื่องจากกล้วยไม้สกุลช้างเป็นกล้วยไม้ไทยที่มีความสำคัญและได้รับความนิยม แต่ปัจจุบันการจำแนกพันธุ์ตามสัณฐานวิทยามีความยุ่งยากและเกิดความสับสน เนื่องจากมีการปรับปรุงพันธุ์ด้วยการผสมพันธุ์และขยายพันธุ์ด้วยการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงนำเทคนิคแอสตอาร์เอพีดีมาตรวจสอบพันธุ์กล้วยไม้ช้างและลูกผสม 13 พันธุ์ โดยใช้ไพโรเมอร์แบบสุ่ม 72 ชนิด พบว่าไพโรเมอร์ 41 ชนิด สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ เมื่อคัดเลือกไพโรเมอร์ 29 ชนิด ที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมาตรวจสอบกับดีเอ็นเอของกล้วยไม้ช้างและลูกผสมแต่ละพันธุ์ พบว่าสามารถแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ได้ด้วยแถบดีเอ็นเอจำเพาะกับพันธุ์ นอกจากนั้นยังพบไพโรเมอร์ 5 ชนิด ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้ช้างและลูกผสมทั้ง 13 พันธุ์ ได้โดยใช้ไพโรเมอร์เพียงชนิดเดียวเมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.61 ถึง 0.84 โดยผลการวิจัยครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายแอสตอาร์เอพีดีใช้ระบุชนิดของกล้วยไม้ช้างและลูกผสมได้ ซึ่งสามารถนำไปวางแผนการผสมพันธุ์เพื่อพัฒนาพันธุ์ใหม่ ๆ ในอนาคต

นฤมล และคณะ (2559) ศึกษาจำแนกชนิดและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเทคนิคแอสตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพโรเมอร์แบบสุ่ม 72 ไพโรเมอร์ ผลการวิจัยพบว่า 37 ไพโรเมอร์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเอื้องเทียนทั้ง 14 ชนิด ได้ หลังจากนั้นได้คัดเลือกมา 31 ไพโรเมอร์ เพื่อใช้ในการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ซึ่งปรากฏว่าสามารถแยกความแตกต่างระหว่างชนิดได้ด้วยแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะ โดยพบแถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างทั้งหมด 257 แถบ นอกจากนี้ยังพบไพโรเมอร์ที่สามารถจำแนกเอื้องเทียนแต่ละชนิดออกจากกันได้ด้วยการใช้ไพโรเมอร์เพียงชนิดเดียว จำนวน 10 ไพโรเมอร์ เมื่อวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม NTSYS และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนระหว่าง 0.31 ถึง 0.64 และสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนออกเป็น 5 กลุ่ม ซึ่งผลการวิจัยนี้สามารถนำไปใช้ในการวางแผนเพื่อการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

### 2.7.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ (nucleotide sequences) หรือรหัสแท่งดีเอ็นเอ เป็นเครื่องหมายที่ได้แนวคิดมาจากรหัสแท่งสินค้าหรือบาร์โค้ด (barcode) ที่ติดอยู่ข้างกล่องสินค้ามาใช้ในการจำแนกสิ่งมีชีวิต ซึ่งสามารถจำแนกได้ทุกระยะการพัฒนาระยะการพัฒนามีชีวิต โดยอาศัยความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอมาจำแนกสิ่งมีชีวิตต่างชนิดออกจากกัน ซึ่งสมบัติของบริเวณที่จะนำมาใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะคือ ต้องมีความแตกต่างกันมากในสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันแต่มีความแตกต่างภายในชนิดเดียวกันต่ำมากหรือไม่มีเลย และต้องมีบริเวณอนุรักษ์ (conserved sequence region) ซึ่งบริเวณอนุรักษ์ดังกล่าวจะสามารถทำให้ใช้ไพรเมอร์ที่เป็นสากล (universal primer) ได้ และสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (วูมิงค์, 2554)

ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะนำมาใช้ครั้งแรกในการจำแนกสิ่งมีชีวิตจำพวกสัตว์ โดยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่นำมาใช้คือ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Cytochrome c oxidase I (COI)* ที่อยู่ในไมโทคอนเดรีย ซึ่งการจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตจำพวกสัตว์ค่อนข้างประสบความสำเร็จอย่างมาก หลังจากนั้นนักวิจัยจึงพยายามที่จะใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะมาจำแนกสิ่งมีชีวิตจำพวกพืช แต่จากการวิจัยพบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Cytochrome c oxidase I (COI)* จากไมโทคอนเดรียในพืชมีอัตราการเกิดวิวัฒนาการต่ำทำให้มีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ไม่เพียงพอที่จะใช้ในการจำแนกชนิดพืชได้ นักวิจัยจึงมุ่งความสนใจที่ลำดับนิวคลีโอไทด์ในคลอโรพลาสต์ ซึ่งกลุ่มนักวิจัยหลายกลุ่มได้เสนอคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอบริเวณต่าง ๆ รวม 7 บริเวณ ซึ่งประกอบด้วย 4 ยีน 3 spacer มีศักยภาพและเหมาะสมที่จะนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานได้ดี ได้แก่ *rbcl*, *rpoC1*, *matK*, *rpoB*, *trnH-psbA*, *atpF-atpH* และ *psbK-psbI* ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ใช้ยีนในคลอโรพลาสต์มาใช้ในการศึกษา ได้แก่ *matK*, *rbcl* *rpoC1* และ *trnH-psbA* (CBOL Plant Working Group, 2009)

ยีน *rpoC1* คือ ยีนที่แปลรหัสได้เป็นพอลิเพปไทด์ (polypeptide) ที่เป็นองค์ประกอบของเอนไซม์อาร์เอ็นเอพอลิเมอเรส (RNA polymerase) ซึ่งอยู่ในคลอโรพลาสต์ (นฤมล, 2557)

ยีน *rbcl* คือ ยีนในคลอโรพลาสต์จีโนมที่ทำหน้าที่ถอดรหัสเอนไซม์ ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) หน่วยย่อยขนาดใหญ่ (large subunit) เอนไซม์ RubisCO ที่สมบูรณ์ ความยาวของยีน *rbcl* มีความแปรผันเล็กน้อยในพืชแต่ละชนิด โดยทั่วไปมีความยาวเฉลี่ย 1,400 คู่เบส ในการนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานเพื่อสร้าง DNA barcode จะใช้เพียงบางส่วนของยีนที่มีความยาวตั้งแต่ 500-700 คู่เบส จุดเด่นของยีน *rbcl* ที่ CBOL Plant Working Group พิจารณาว่าเหมาะสมสำหรับเป็นดีเอ็นเอมาตรฐานคือมีความเป็นมาตรฐานสากล และให้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีคุณภาพดีแม้ว่าประสิทธิภาพในการนำไปใช้แยกและระบุชนิดพืชจะค่อนข้างต่ำแต่เมื่อใช้ร่วมกับบริเวณอื่น (นฤมล, 2557)



ยีน *trnH-psbA* คือ ชั้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* (tRNA-His) เป็นยีนในส่วนที่ไม่ได้แปลรหัสเป็นโปรตีนของคลอโรพลาสต์ ถูกถอดรหัสได้เป็น tRNA<sup>his</sup> (GUG) และจับกับกรดอะมิโน ฮีสทีดีน (H, histidine) เพื่อนำไปสู่การต่อสายพอลิเปปไทด์ (polypeptide) ส่วนยีน *psbA* (photosystem II protein D1) เป็นยีนที่สร้างโปรตีนที่เป็นองค์ประกอบของ photosystem II ในกระบวนการสังเคราะห์ด้วยแสงของพืช ดีเอ็นเอส่วนที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* และยีน *psbA* มีขนาดประมาณ 450-900 คู่เบส นักวิจัยหลายท่านได้เสนอให้ใช้ดีเอ็นเอบริเวณ *trnH-psbA* ซึ่งเป็น intergenic spacer (non-coding region) ในคลอโรพลาสต์จีโนมมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐาน เพราะมีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูงเพียงพอที่จะนำมาใช้แยกและระบุชนิดของพืชได้ดี นอกจากนี้บริเวณ *trnH-psbA* ยังมีส่วนปลายของสายนิวคลีโอไทด์ทั้งสองด้านที่เป็นบริเวณอนุรักษ์สูง จึงสามารถพัฒนาไพรเมอร์ที่เป็น universal primers ที่ใช้ศึกษากับพืชได้หลายกลุ่ม (นฤมล, 2559)

ยีน *matK* คือ ยีนที่ทำหน้าที่ถอดรหัสเอนไซม์ maturase ที่ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับ Group Ii introns splicing มีขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส แต่ในการนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานจะเลือกเพียงบางบริเวณของยีน ข้อดีของยีนนี้คือมีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์สูงเพียงพอที่จะนำมาใช้ระบุชนิดพืชได้ดี อีกทั้งยังให้คุณภาพของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ในเกณฑ์ที่ดี (นฤมล, 2558)

ข้อดีของลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะคือ เป็นเครื่องหมายที่ใช้ได้ทั่วไป ข้อมูลที่ได้เป็นที่ยอมรับ ผลที่ได้มีประสิทธิภาพ ทำซ้ำแล้วได้ผลเหมือนเดิม เนื่องจากมียีนมาตรฐานที่ใช้เป็นยีนเดียวกัน และไพรเมอร์ที่ใช้เป็นไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อบริเวณใดบริเวณหนึ่งทำให้ผลที่ได้คงที่ นอกจากนี้ขั้นตอนไม่ซับซ้อน รวดเร็วและสะดวก เนื่องจากสามารถเพิ่มปริมาณชั้นดีเอ็นเอที่ใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะได้ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส จากข้อดีดังกล่าว ทำให้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะได้รับความสนใจเป็นอย่างยิ่ง โดยเฉพาะใช้ในการวิจัยการจำแนกชนิดของพืช เนื่องจากยังไม่สามารถหาข้อสรุปได้ว่าบริเวณใดที่เหมาะสมจะใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของพืชอย่างชัดเจน ซึ่งในพืชแต่ละชนิดก็จะให้บริเวณที่เหมาะสมแตกต่างกันไป เช่น

ณัฐกร และคณะ (2554) ศึกษาและประเมินความสามารถของยีนในพลาสต์ *rpoB* และ *rpoC1* ในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โคดสำหรับพืชในสกุล *Alpinia* พืชที่ใช้ในการศึกษามี 17 ชนิด 19 ตัวอย่าง พบว่ายีน *rpoB* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 10 ชนิด จากทั้งหมด 16 ชนิด คิดเป็น 62.5 เปอร์เซ็นต์ ส่วนยีน *rpoC1* สามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ 8 ชนิด จากทั้งหมด 15 ชนิด คิดเป็น 53.3 เปอร์เซ็นต์ การจำแนกชนิดโดยใช้ *rpoB* หรือ *rpoC1* ตามลำดับสามารถจำแนกพืชได้ไม่ตัวอย่างไรก็ตามเมื่อใช้ข้อมูลจากยีนหลายตำแหน่งมาวิเคราะห์ร่วมกันเพื่อจำแนกชนิดพืช พบว่าสามารถจำแนกพืชได้ดีขึ้น โดยยีนคู่ที่มีประสิทธิภาพสูงที่สุดในการจำแนกพืชแต่ละชนิดออกจากกัน คือยีน *rpoB* และ *matK* ซึ่งสามารถจำแนกพืชออกจากกันได้ทุกชนิด ผลจากการวิจัยสนับสนุนแนวคิดการใช้ข้อมูลจากยีนหลายตำแหน่งในการประยุกต์เป็นดีเอ็นเอบาร์โคด

นฤมล และคณะ (2557) ศึกษาวิเคราะห์จีโนมของกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยาม 12 ชนิด โดยตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* พบว่าไม่มีลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณใดที่สามารถแยกกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามทั้ง 12 ชนิด ออกจากกันได้ทั้งหมด อย่างไรก็ตามการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rbcl* ร่วมกันสามารถแยกกล้วยไม้สิงโตสกุลกลอกตาหมู่สิงโตสยามออกจากกันได้ ยกเว้นสิงโตกำมพูใหญ่และสิงโตกำมพูแดงซึ่งสามารถแยกด้วยการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* หรือขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

จินต์ และคณะ (2558) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจำแนกกล้วยไม้สกุลแวนด้า หมู่เข้มด้วยลำดับดีเอ็นเอจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ด้วยวิธี neighbor-joining, maximum parsimony และ maximum likelihood พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถแยกชนิดกล้วยไม้ได้ดี แต่แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* มีประสิทธิภาพต่ำกว่า คือ สามารถแยกชนิดกล้วยไม้ได้น้อยกว่า ซึ่งเกิดจากมีอัตราการแทนที่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ต่ำ อย่างไรก็ตาม เมื่อใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 2 บริเวณร่วมกันสามารถแยกชนิดกล้วยไม้เป็น 3 กลุ่ม ที่มีความสัมพันธ์กันภายในกลุ่ม ซึ่งแสดงให้เห็นว่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสอดคล้องกับแหล่งแพร่กระจายพันธุ์ โดยข้อมูลที่ได้จากงานวิจัยนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในด้านอนุกรมวิธาน การอนุรักษ์พันธุกรรม และการปรับปรุงพันธุ์

นฤมล และคณะ (2559) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ทั้งนี้เพื่อการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต โดยรวบรวมพันธุ์มะม่วงพันธุ์ต่าง ๆ ที่พบในประเทศไทย จำนวน 18 พันธุ์ นำมาสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณขึ้นดีเอ็นเอตำแหน่งจำเพาะดังกล่าวด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันแล้วนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ไปวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม ClustalW และ MEGA 7.0 พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ไม่สามารถจำแนกมะม่วงทั้ง 18 พันธุ์ ออกจากกันได้ทั้งหมด ดังนั้นจึงควรใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณอื่นร่วมด้วย ทั้งนี้เพื่อให้ครอบคลุมลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีความผันแปรและเหมาะสมสำหรับการจำแนกพันธุ์มะม่วง

## บทที่ 3

### วิธีการวิจัย

#### 3.1 เครื่องมือและอุปกรณ์

##### 3.1.1 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการสกัดและตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอ

(1) เครื่องวัดการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ยี่ห้อ Hitachi รุ่น U-1900 ประเทศญี่ปุ่น (2) เครื่องชั่งไฟฟ้า (electric balance) รุ่น AE200 ประเทศสหรัฐอเมริกา (3) ตู้อบแห้ง (hot air oven) บริษัท WTB Binder ประเทศไทย (4) ตู้ดูดควัน (hood) บริษัท Wiwatsan Lab ประเทศไทย (5) เครื่องหมุนเหวี่ยงความเร็วสูง (high speed refrigerated centrifuge) (6) หม้อนึ่งความดัน (autoclave) (7) ชูตโกร่งบดตัวอย่าง (mortar และ pestle) (8) เครื่องทำความเย็น (freezer) ได้แก่ ตู้แช่  $-20^{\circ}\text{C}$  และตู้เย็น  $4^{\circ}\text{C}$  (9) เครื่องปรับอุณหภูมิด้วยน้ำ (water bath) (10) เครื่องวัดความเป็นกรดเป็นด่าง (pH meter) (11) ปิเปตอัตโนมัติ (automatic pipettes) และปิเปตขนาดต่างๆ (trip) (12) หลอดเซนตริฟิวจ์ (centrifuge tubes) ขนาด 1.5 มิลลิลิตร และ 50 มิลลิลิตร

##### 3.1.2 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน

(1) เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (Perkin Elmer; Gene Amp PCR system 2400) และ (2) เครื่องผสม (vortex mixer)

##### 3.1.3 เครื่องมือและอุปกรณ์สำหรับการวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส

(1) เตาไมโครเวฟ (microwave) (2) เครื่องจ่ายกระแสไฟฟ้า (power supply; BIO-RAD, U.S.A) และ (3) ชุดอุปกรณ์อิเล็กโทรโฟรีซิส (electrophoresis set)

#### 3.2 สารเคมี

##### 3.2.1 สารเคมีสำหรับสกัดดีเอ็นเอ

(1) ซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ (CTAB, cetyltrimethyl ammonium bromide) (2) เอทิลีนไดอามีนเตตราอะซิติก (EDTA, ethylene diamine tetra acetic acid) pH 8.0 ความเข้มข้น 20 มิลลิโมลาร์ (3) ทริสคลอไรด์ (Tris-HCl) pH 8.0 ความเข้มข้น 100 มิลลิโมลาร์ (4) โซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ความเข้มข้น 2.5 โมลาร์ (5) โซเดียมโดเดซิลซัลเฟต (SDS, sodium dodecyl sulfate) (6) โซเดียมเมตาไบซัลเฟต (sodium metabisulfate) (7) ฟีนอล (phenol) (8) คลอโรฟอร์ม (chloroform) (9) ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (isoamyl alcohol) (10) เอทานอลบริสุทธิ์

(absolute ethanol) (11) ไอโซโพรพานอล (isopropanol) (12) เบต้าเมอแคปโทเอทานอล ( $\beta$ -mercaptoethanol) (13) ลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) (14) โซเดียมอะซิเตต (sodium acetate) pH 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ (15) เอนไซม์ RNase A (16) พอลิไวนิลไพโรลิโดน (PVP, polyvinyl pyrrolidone) และ (17) สารละลายบัฟเฟอร์ TE (1M Tris-HCl pH 8.0 และ 0.5 mM EDTA pH 8.0) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร

### 3.2.2 สารเคมีสำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

(1) ชุดสารเคมีสำเร็จรูป *Taq* DNA polymerase (Recombinant; Vivantis) (2) เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase ความเข้มข้น 5 ยูนิตต่อไมโครลิตร (3) สารละลายบัฟเฟอร์ A ความเข้มข้น 10 เท่า (4) แมกนีเซียมคลอไรด์ ( $MgCl_2$ ) ความเข้มข้น 50 มิลลิโมลาร์ และ (5) dNTPs (deoxyribonucleotide triphosphate) ความเข้มข้น 2 มิลลิโมลาร์

### 3.2.3 สารเคมีสำหรับการวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส

(1) เจลอะกาโรส (agarose gel) (2) สารละลายบัฟเฟอร์ TE (0.5 M EDTA pH 8.0, glacial acetic acid และ Tris-HCl) ความเข้มข้น 1 เท่า (3) สารละลายบัฟเฟอร์ DNA loading ความเข้มข้น 6 เท่า และ (4) เอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร

## 3.3 วิธีการดำเนินงาน

### 3.3.1 การเตรียมตัวอย่าง

#### 3.3.1.1 การเก็บตัวอย่าง

กล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในงานวิจัยนี้ทั้ง 30 ชนิด แสดงดังตาราง 3.1

ตารางที่ 3.1 กล้วยไม้สกุลก้านก้อ

ชื่อสามัญ (Section: Eria)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องศรีประภา	<i>Eria cristata</i> Rolfe
เอื้องช่อเงินยวง	<i>Eria globulifera</i> Seidenf.
เอื้องแจก้นเงิน	<i>Eria obesa</i> Lindl.
เอื้องนึมปากตัด	<i>Eria truncata</i> Lindl.

ตารางที่ 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ (Section: Aeridostachya)	ชื่อวิทยาศาสตร์
โรบัสตา	<i>Eria robusta</i> (Blume) Lindl.
ยูนิฟอเลีย	<i>Eria unifolia</i> J.J.Sm.
ชื่อสามัญ (Section: Cyndrolobus)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องอินจัน	<i>Eria biflora</i> (Griff.) Lindl.
เอื้องสายฝน	<i>Eria mucronata</i> Lindl.
เอื้องนินมภู	<i>Eria marginata</i> Rolfe
เนกลีคตา	<i>Eria neglecta</i> Ridl.
ชื่อสามัญ (Section: Hymenaria)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องนินมดอกเหลือง	<i>Eria bractescens</i> Lindl.
เอื้องนินมดอกน้อย	<i>Eria eriopsidobulbon</i> C.S.P. Parish & Rchb.f.
เอื้องนินมปากแดง	<i>Eria atrovinosa</i> Carr
เอื้องนินมมานรดี	<i>Eria amica</i> Rchb.f.
เอื้องนินมดอยสุเทพ	<i>Eria sutepensis</i> Rolfe ex Downie
เอื้องกระเพาะปลา	<i>Eria acervata</i> Lindl.
เอื้องนินมมาเลย์	<i>Eria xanthocheila</i> Ridl.
ชื่อสามัญ (Section: Mycaranthes)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องทำทานใต้	<i>Eria iridifolia</i> Hook.f.
เอื้องดอกไม้เงิน	<i>Eria paniculata</i> Lindl.
ชื่อสามัญ (Section: Urostachya)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องช่องวงช้าง	<i>Eria densa</i> Ridl.
เอื้องหนวดปลาหมึก	<i>Eria sarcophylla</i> Schltr.
ชื่อสามัญ (Section: Secundae)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์	<i>Eria siamensis</i> Schltr.
ชื่อสามัญ (Section: Trichosma)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องนินมภูหลวง	<i>Eria coronaria</i> (Lindl.) Rchb.f.

## ตารางที่ 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ (Section: Strongyleria)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องประคำร้อย	<i>Eria pelliipes</i> Rchb.f. ex Hook.f.
เอื้องนีนาง	<i>Eria pannea</i> Lindl.
โกลปีเฟรา	<i>Eria globifera</i> Rolfe
ชื่อสามัญ (Section: Tylostylis)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องตาลหิน	<i>Eria discolor</i> Lindl.
ชื่อสามัญ (Section: Dendrolirium)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องคำหิน	<i>Eria lasiopetala</i> (Willd.) Ormerod
เอื้องเต่าทอง	<i>Eria ornata</i> (Blume) Lindl.
ชื่อสามัญ (Section: Goniorhabdos)	ชื่อวิทยาศาสตร์
เอื้องดาวเรียง	<i>Eria javanica</i> (SW.) Blume

## 3.3.1.2 การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน่มดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหนวดปลาหมึก เอื้องน่มดอกน้อย เอื้องอินจัน เอื้องน่มกุหลาบ เอื้องนิมมานรดี เอื้องทำทานใต้ เอื้องน่มดอยสุเทพ เอื้องน่มปากแดง เอื้องศรีประภา เอื้องน่มมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องประคำร้อย เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องแปรงสีพันพระอินทร์ เอื้องสายฝน เอื้องตาลหิน เอื้องน่มกุ เอื้องน่มปากตัด ยูนิฟอเลีย โกลปีเฟรา เอื้องนีนาง และเนกลีคตา ด้วยวิธีประยุกต์จากวิธีของ Doyle และ Doyle (1987) โดยชั่งน้ำหนักใบกล้วยไม้แต่ละตัวอย่าง ตัวอย่างละประมาณ 3-4 กรัม จากนั้นเติมบัฟเฟอร์สกัด (extraction buffer ที่ประกอบไปด้วย 4 % CTAB, 2.5 M NaCl, 0.6 % SDS, 20 mM EDTA pH 8.0, 100 mM Tris-HCl pH 8.0, 0.1 % Sodium metabisulfite) ซึ่งอุ่นไว้ในอ่างน้ำที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ปริมาตร 20 มิลลิลิตร และพอลิไวนิลไพโรลิโดน (PVP, polyvinyl pyrrolidone) 0.3 กรัม ใส่ลงในโกร่งบดให้ละเอียดจนเป็นเนื้อเดียวกัน เทส่วนผสมทั้งหมดลงในหลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 50 มิลลิลิตร เติมเบต้าเมอแคปโตเอทานอล ( $\beta$ -mercaptoethanol) ปริมาตร 20 ไมโครลิตร แล้วนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมง โดยผสมให้เป็นเนื้อเดียวกัน โดยการกลับหลอดไปมาเป็นระยะ ๆ จากนั้นวางไว้ให้เย็นลงเท่ากับอุณหภูมิห้อง จากนั้นเติม



คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (chloroform : isoamyl alcohol) ในอัตราส่วน 24 : 1 ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ นำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) ปริมาตร 100 ไมโครลิตร และไอโซโพรพานอล (isopropanol) ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที เมื่อครบเวลานำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที จากนั้นเทสารละลายส่วนใสทิ้งและล้างตะกอนด้วยเอทานอล (ethanol) 70 เปอร์เซ็นต์ ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทานอลที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที (เปิดฝาหลอด) ละลายตะกอนด้วย TE buffer ปริมาตร 100 ไมโครลิตร จากนั้นเติม RNase A ปริมาตร 2.5 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมง จากนั้นถ่ายลงสู่หลอดเซนตริฟิวจ์ 1.5 มิลลิลิตร (กรณีที่มีตะกอนของดีเอ็นเอในปริมาณมากให้ใส่ RNase A 1 มิลลิลิตร แล้วแบ่งใส่หลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ทั้งหมด 2 หลอด) เติมฟีนอล : คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (phenol : chloroform : isoamyl alcohol) ในอัตราส่วน 25 : 24 : 1 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เมื่อครบเวลาดูดสารละลายใสส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมคลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (chloroform : isoamyl alcohol) ในอัตราส่วน 24 : 1 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เมื่อครบเวลาดูดสารละลายใสส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) ปริมาตร 5 ไมโครลิตร จากนั้นเติมสารละลายโซเดียมอะซิเตต (sodium acetate) pH 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ 10 เปอร์เซ็นต์ของปริมาตรทั้งหมด ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ เติมไอโซโพรพานอล (isopropanol) ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที เมื่อครบเวลานำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที จากนั้นเทสารละลายส่วนใสทิ้งและล้างตะกอนด้วยเอทานอล (ethanol) 70 เปอร์เซ็นต์ ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทานอลที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที (เปิดฝาหลอด) ละลายตะกอนด้วย TE buffer ปริมาตร 100 ไมโครลิตร แล้วเก็บสารละลายดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

### 3.3.1.3 การตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอ

ตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสโดยใช้เจลอะกาโรส ความเข้มข้น 0.8 เปอร์เซ็นต์ ย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นตรวจสอบด้วยเครื่องถ่ายภาพและวิเคราะห์ภาพเจล (gel documentation) (สุรินทร์, 2552) และสามารถตรวจสอบปริมาณของดีเอ็นเอด้วยวิธีการวัดค่าการดูดกลืนแสงอัลตราไวโอเล็ต (ultraviolet) โดยใช้เครื่องวัดค่าการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร ในการหาปริมาณดีเอ็นเอ สารละลายดีเอ็นเอเข้มข้น 50 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร สามารถดูดกลืนแสงที่ OD<sub>260</sub> เท่ากับ 1 การตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอโดยการเปรียบเทียบค่า OD<sub>260</sub> และ OD<sub>280</sub> สารละลายดีเอ็นเอที่บริสุทธิ์มีค่าอัตราส่วนระหว่าง OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> ประมาณ 1.7-1.8 ถ้ามีค่าน้อยกว่า 1.7-1.8 แสดงว่ามีการปนเปื้อนของโปรตีนหรือฟีนอลและถ้ามีค่ามากกว่า 1.7-1.8 แสดงว่ามีการปนเปื้อนของอาร์เอ็นเอ (สุรินทร์, 2552)

### 3.3.2 การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

#### 3.3.2.1 เครื่องหมายสก็อต

เครื่องหมายสก็อต (SCoT, start codon targeted) มี 2 ขั้นตอน คือ (1) การตรวจหาไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยรวมดีเอ็นเอตัวอย่างกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนอกน้อย เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องนิ้วนาง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้มนอกยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้มนปากตัด โดยนำดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างมาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นดูดสารละลายดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างที่เจือจางแล้วตัวอย่างละ 10 ไมโครลิตร ลงสู่หลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ภายในหลอดเดียวกัน (mixed DNA) เพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอแม่แบบในการทำปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรส และ (2) วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอชัดเจนมาตรวจสอบกับดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิด โดยไพรเมอร์ที่ใช้ในการสร้างเครื่องหมาย SCoT เป็นไพรเมอร์ขนาด 18 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 80 ชนิด (sigma และ macrogen) (ตารางที่ 3.2) โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ 100 นาโนกรัม (ng) ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในบัฟเฟอร์ 1 เท่า (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 9.1), 0.1 % Triton™ X-100 และ 0.25 mM MgCl<sub>2</sub>) และมีนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิดคือ dATP, dCTP, dGTP และ dTTP ชนิดละ 200 ไมโครโมลาร์ (μM) ไพรเมอร์ 250 นาโนโมลาร์ (nM) และเอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (Vivantis technologies Sdn Bhd., Malaysia) 1 ยูนิต (Unit) ซึ่งปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสที่ใช้มี 3 ขั้นตอน คือ (1) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 นาที จำนวน 1 รอบ (2) บ่มที่อุณหภูมิ 94



องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที, อุณหภูมิ 50 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที และอุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 40 รอบ และ (3) บ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที จำนวน 1 รอบ แล้วตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์

### (1) การวิเคราะห์ผล

เปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนาง เอื้องหนวด-ปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้มนดอกสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้มนปากตัด ที่ได้จากเครื่องหมายสก็อตโดยบันทึกแบบแผนของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากไพรเมอร์แต่ละชนิดและผลรวมที่ได้จากไพรเมอร์ทั้งหมดเพื่อใช้ในการตัดแยกพันธุ์ จากนั้นเปรียบเทียบความเหมือนและความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นทั้งหมดแล้ววิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (similarity coefficient) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป NTSYSpc รุ่น 2.01e และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) (Rohlf, 2002)

ตารางที่ 3.2 ไพรเมอร์สล็อตจำนวน 80 ชนิด

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
SCoT1	CAACAATGGCTACCACCA	SCoT41	CAATGGCTACCACTGACA
SCoT2	CAACAATGGCTACCACCC	SCoT42	CAATGGCTACCATTAGCG
SCoT3	CAACAATGGCTACCACCG	SCoT43	CAATGGCTACCACCGCAG
SCoT4	CAACAATGGCTACCACCT	SCoT44	CAATGGCTACCATTAGCC
SCoT5	CAACAATGGCTACCACGA	SCoT45	ACAATGGCTACCACTGAC
SCoT6	CAACAATGGCTACCACGC	SCoT46	ACAATGGCTACCACTGAG
SCoT7	CAACAATGGCTACCACGG	SCoT47	ACAATGGCTACCACTGCC
SCoT8	CAACAATGGCTACCACGT	SCoT48	ACAATGGCTACCACTGGC
SCoT9	CAACAATGGCTACCAGCA	SCoT49	ACAATGGCTACCACTGCG
SCoT10	CAACAATGGCTACCAGCC	SCoT50	ACAATGGCTACCACTGGG
SCoT11	AAGCAATGGCTACCACCA	SCoT51	ACAATGGCTACCACTGTC
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	SCoT52	ACAATGGCTACCACTGCA
SCoT13	ACGACATGGCGACCATCG	SCoT53	ACAATGGCTACCACCGAC
SCoT14	ACGACATGGCGACCACGC	SCoT54	ACAATGGCTACCACCAGC
SCoT15	ACGACATGGCGACCGCGA	SCoT55	ACAATGGCTACCACTACC
SCoT16	ACCATGGCTACCACCGAC	SCoT56	ACAATGGCTACCACTAGC
SCoT17	ACCATGGCTACCACCGAG	SCoT57	ACAATGGCTACCACTACG
SCoT18	ACCATGGCTACCACCGCC	SCoT58	ACAATGGCTACCACTAGG
SCoT19	ACCATGGCTACCACCGGC	SCoT59	ACAATGGCTACCACCATC
SCoT20	ACCATGGCTACCACCGCG	SCoT60	ACAATGGCTACCACCACA
SCoT21	ACGACATGGCGACCCACA	SCoT61	CAACAATGGCTACCACCG
SCoT22	AACCATGGCTACCACCAC	SCoT62	ACCATGGCTACCACGGAG
SCoT23	CACCATGGCTACCACCAG	SCoT63	ACCATGGCTACCACGGGC
SCoT24	CACCATGGCTACCACCAT	SCoT64	ACCATGGCTACCACGGTC
SCoT25	ACCATGGCTACCACCGGG	SCoT65	ACCATGGCTACCACGGCA
SCoT26	ACCATGGCTACCACCGTC	SCoT66	ACCATGGCTACCAGCGAG
SCoT27	ACCATGGCTACCACCGTG	SCoT67	ACCATGGCTACCAGCGGC
SCoT28	CCATGGCTACCACCGCCA	SCoT68	ACCATGGCTACCAGCGTC

## ตารางที่ 3.2 (ต่อ)

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
SCoT29	CCATGGCTACCACCGGCC	SCoT69	ACCATGGCTACCAGCGCA
SCoT30	CCATGGCTACCACCGGCG	SCoT70	ACCATGGCTACCAGCGCG
SCoT31	CCATGGCTACCACCGCCT	SCoT71	CCATGGCTACCACCGCCG
SCoT32	CCATGGCTACCACCGCAC	SCoT72	CCATGGCTACCACCGCCC
SCoT33	CCATGGCTACCACCGCAG	SCoT73	CCATGGCTACCACCGGCT
SCoT34	ACCATGGCTACCACCGCA	SCoT74	CCATGGCTACCACCGGCA
SCoT35	CATGGCTACCACCGGCC	SCoT75	CCATGGCTACCACCGGAG
SCoT36	GCAACAATGGCTACCACC	SCoT76	CCATGGCTACCACTACCG
SCoT37	CAATGGCTACCACTAGCC	SCoT77	CCATGGCTACCACTACCC
SCoT38	CAATGGCTACCACTAACG	SCoT78	CCATGGCTACCACTAGCA
SCoT39	CAATGGCTACCACTAGCG	SCoT79	CCATGGCTACCACTAGCT
SCoT40	CAATGGCTACCACTACAG	SCoT80	CCATGGCTACCACTAGCG

## 3.3.2.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, high annealing temperature-random amplified polymorphic DNA) มี 2 ขั้นตอน คือ (1) การตรวจหาไพรเมอร์แบบสุ่มที่สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรส โดยรวมดีเอ็นเอตัวอย่างกล้วยไม้สกุล ก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหนวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้มนดอกสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้มนปากตัด โดยนำดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างมาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นดูดสารละลายดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างที่เจือจางแล้วตัวอย่างละ 10 ไมโครลิตร ลงสู่หลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ภายในหลอดเดียวกัน (mixed DNA) เพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอแม่แบบในการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรส และ (2) วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอชัดเจนมา ตรวจสอบกับดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิด โดยไพรเมอร์แบบสุ่มที่ใช้มีขนาด 12 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 6 ชุด แบ่งเป็นชุด A2-F2 รวมทั้งหมด 72 ชนิด (Wako Company, Japan) (ตารางที่

3.3) โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ 100 นาโนกรัม (ng) ด้วยปฏิกิริยาอุณหภูมิโพลิเมอเรสในบัฟเฟอร์ 1 เท่า (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 9.1), 0.1 % Triton™ X-100 และ 0.25 mM MgCl<sub>2</sub>) และมีนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิดคือ dATP, dCTP, dGTP และ dTTP ชนิดละ 200 ไมโครโมลาร์ (μM) ไพรเมอร์ 250 นาโนโมลาร์ (nM) และเอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (Vivantis technologies Sdn Bhd., Malaysia) 1 ยูนิต (Unit) ซึ่งปฏิกิริยาอุณหภูมิโพลิเมอเรสที่ใช้มี 3 ขั้นตอน คือ (1) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 นาที จำนวน 1 รอบ (2) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที, อุณหภูมิ 46 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที และอุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 40 รอบ และ (3) บ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที จำนวน 1 รอบ แล้วตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสในเจลอะกาโรส ความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์ (นฤมล และคณะ, 2555)

#### (1) การวิเคราะห์ผล

เปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้่มดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องน้่มดอยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้่มมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระพาะปลา เอื้องตาลหิน และเอื้องน้่มปากตัด ที่ได้จากเครื่องหมาย แอตอาร์เอพีดี โดยบันทึกแบบแผนของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากไพรเมอร์แต่ละชนิดและผลรวมที่ได้จากไพรเมอร์ทั้งหมดเพื่อใช้ในการคัดแยกพันธุ์ จากนั้นเปรียบเทียบความเหมือนและความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นทั้งหมดแล้ววิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (similarity coefficient) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป NTSYSpc รุ่น 2.01e และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) (Rohlf, 2002)

ตารางที่ 3.3 ไพรเมอร์แอสตาร์ทเอพีดีจำนวน 72 ชนิด

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→ 3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→ 3')
A21	AGAATTGGACGA	B21	AAGCCTATACCA
A22	GCCTGCCTCACG	B22	GGTGACTIONGGTGG
A23	ACTGACCTAGTT	B23	GGTGCCGGAGCA
A24	CTCCTGCTGTTG	B24	CACACTACTTAT
A25	CTCAGCGATACG	B25	AGCACTGAATCT
A26	ACTGAGAAAATA	B26	ATGAGAAAGGAA
A27	ATCGCGGAATAT	B27	GGCGGTTATGAA
A28	ATTTGGATAGGG	B28	GTCATTAAGCT
A29	GGTTCGGGAATG	B29	GCCATCGAAAAA
A30	GACCTGCGATCT	B30	CTTAGGTTACGT
A31	AAGGCGCGAACG	B31	CACAAGGAACAT
A32	TTGCCGGGACCA	B32	ATCGCGGCTTAT
C21	GGAGAGCGGACG	D21	GGCGATTCTGCA
C22	GGTCACCGATCC	D22	TGCCCACTACGG
C23	CCGTCTTTTCTG	D23	ACCATCAAACGG
C24	CCTTGGCATCGG	D24	GTGCAATTTGGC
C25	AGATTCTTACTG	D25	GTTTTGTCACCG
C26	GCGTTCGAACGA	D26	GATGAGCTAAAA
C27	GCATTGCAATCG	D27	AGAATGTCCGTA
C28	GTCGACGCATCA	D28	ACTGAGGGGGGA
C29	GTCGCCTTACCA	D29	ATCAAGTATCCA
C30	TATTGGGATTGG	D30	GAGACTACCGAA
C31	TCTGCTGACCGG	D31	GGAGGTCGACCA
C32	TCTACACGAAGT	D32	AAGCTGGGGGGA
E21	TGCTTCGTATTA	F21	AACCTTTAGGGC
E22	GGAATGGAACCG	F22	AAGAGGGTTGAC
E23	AGGTACGCCGCA	F23	CCATCCGCACGA
E24	CCGGAGTGGATG	F24	ACTGTTATAACG
E25	ATCGTTACAGTA	F25	CCAGATCCGAAT

## ตารางที่ 3.3 (ต่อ)

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→ 3')	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→ 3')
E26	CTGCCTGTACCA	F26	CTCAGCATTGAT
E27	CCATTGTCGGTA	F27	CAGGTGGGAGTA
E28	CGCCCTGCAGTA	F28	CCAAGATCCATT
E29	GTTATGCAAGGG	F29	GCCGCTAATATG
E30	TACCTGGTTGAT	F30	ACTTTCGCCGAA
E31	GAGGACAGCAA	F31	ATCGTGACGCCG
E32	CAGGAACAGCAA	F32	TTCAACATCGAC

## 3.3.2.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

นำดีเอ็นเอตัวอย่างกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหนวดปลาหมึก เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องอินจัน เอื้องน้มนกุหลาบ เอื้องน้มนมานรดี เอื้องท่าทานใต้ เอื้องน้มนคอดยสุเทพ เอื้องน้มนปากแดง เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องประคำร้อย เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องแปรงสีพันพระอินทร์ เอื้องสายฝน เอื้องตาลหิน เอื้องน้มนกุ เอื้องน้มนปากตัด ยูนิฟอเลีย โกลปีเฟรา เอื้องน้มนาง และเนกลีคตา เจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน โดยใช้ไพรเมอร์ชนิดที่มีลำดับสากล (universal primer) โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ 100 นาโนกรัม (ng) ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันใน บัฟเฟอร์ 1 เท่า (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl pH 8.4 และ 0.25 mM MgCl<sub>2</sub>) ซึ่งมีนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด (dATP, dCTP, dGTP และ dTTP) ชนิดละ 200 ไมโครโมลาร์ (μM) ไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* 500 นาโนโมลาร์ (nM) (ตารางที่ 3.4) และเอนไซม์ *Taq* DNA polymerase 1 ยูนิต ซึ่งปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันที่ใช้มี 3 ขั้นตอน คือ (1) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 1 รอบ (2) บ่มที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที, อุณหภูมิ 52-57 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 40 วินาที และ อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 35 รอบ และ (3) บ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที จำนวน 1 รอบ แล้วตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสใน เจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์ (นฤมล และคณะ, 2558)

### (1) วิเคราะห์ผล

นำผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยาถูกโซฟอลิเมอไรสไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยบริษัท Bioneer ประเทศเกาหลีใต้ จากนั้นวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแต่ละยีนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้แก่ เอื้องดาวเรียง เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องช่องวงช้าง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องอินจัน เอื้องน้มนภูหลวง เอื้องนิมมานรดี เอื้องทำทานใต้ เอื้องน้มนดอกสุเทพ เอื้องน้มนปากแดง เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องประคำร้อย เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ เอื้องสายฝน เอื้องตาลหิน เอื้องน้มนภู เอื้องน้มนปากตัด ยูนิฟอเลีย โกลปีเฟรา เอื้องนิ้วนาง และเนกลีคตา โดยนำมาเรียงเทียบ (alignment) กันทั้งหมดโดยใช้โปรแกรม ClustalW (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>) เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิด และฝากเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ไว้ใน GenBank ของฐานข้อมูล NCBI (national center for biotechnology information)

นำผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาคำนวณหาความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic distance) และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) จากนั้นสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุดด้วยโปรแกรม MEGA 7 (molecular evolutionary genetics analysis version 7)

ตารางที่ 3.4 ไพรเมอร์ที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณตำแหน่งจำเพาะของยีน

ยีน	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')	อ้างอิง
matK	matKf_2	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCG	CBOL, 2009
	matKr_2	GTTCTAGCACAAAGAAAGTCG	CBOL, 2009
rpoC1	rpoC1_f	GTGGATACACTTCTTGATAATGG	CBOL, 2009
	rpoC1_r	TGAGAAAACATAAGTAAACGGGC	CBOL, 2009
rbcL	rbcL_f	TCACCACAAACAGAACTAAAGC	CBOL, 2009
	rbcL_r	GGCACAAAATAAGAAACGATCTC	CBOL, 2009
trnH-psbA	psbA3_F	GTTATGCATGAACGTAATGCTC	Shaw <i>et al.</i> , 2005
	trnHf_05	CGCGCATGGTGGATTCACAATCC	Shaw <i>et al.</i> , 2005

### 3.3.3.3 การเปรียบเทียบผลที่ได้จากการประเมินความหลากหลายด้วย เครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด

นำผลจากการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 เครื่องหมาย มาเปรียบเทียบประสิทธิภาพของการแบ่งกลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยเปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา





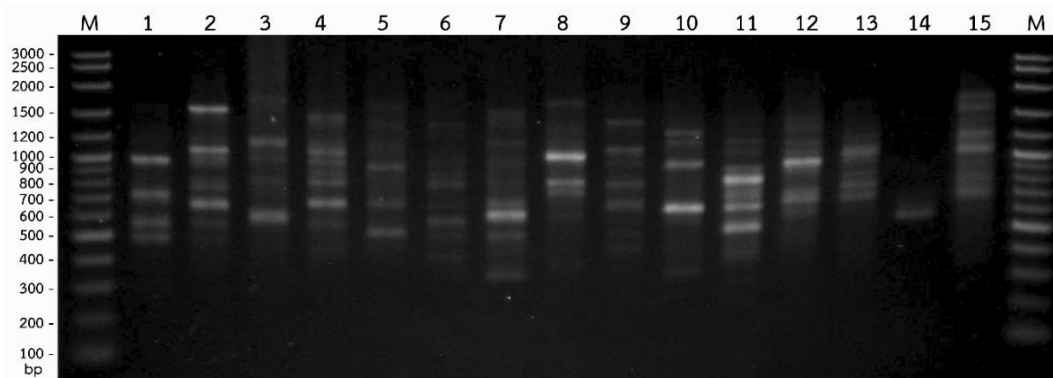
## บทที่ 4

### ผลการวิจัยและอภิปรายผล

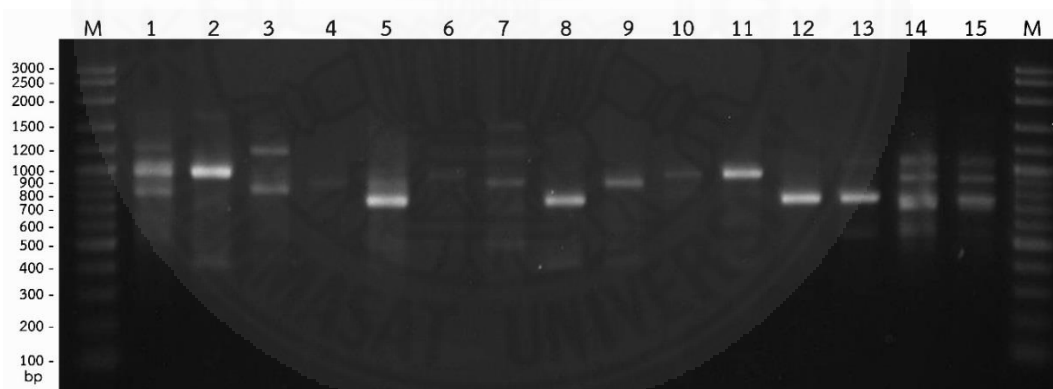
#### 4.1 เครื่องหมายสก็อต

##### 4.1.1 การวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากเครื่องหมายสก็อต

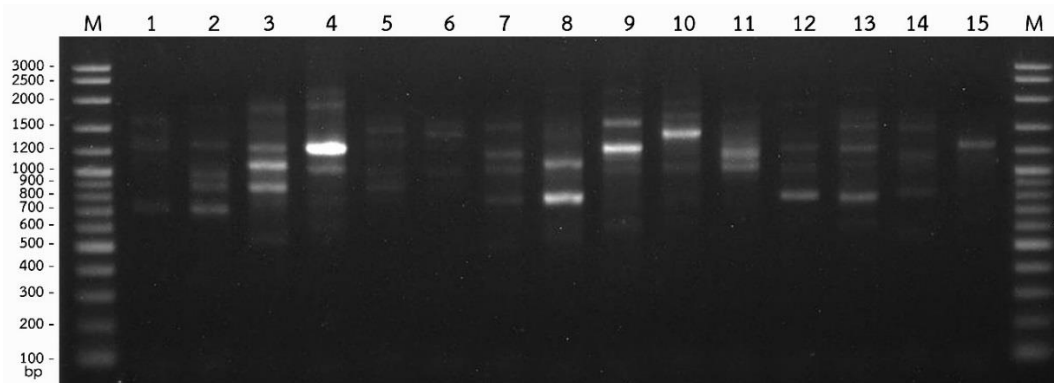
จากการตรวจสอบเบื้องต้นโดยใช้ไพรเมอร์สก็อตจำนวน 80 ชนิด คือ ไพรเมอร์ SCoT1 ถึง ไพรเมอร์ SCoT80 เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ด้วยเครื่องหมายสก็อต พบว่ามีไพรเมอร์ 35 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ หรือคิดเป็น 43.75 เปอร์เซ็นต์ หลังจากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจนและให้แถบดีเอ็นเอหลายแถบซึ่งคัดเลือกได้ทั้งหมด 21 ไพรเมอร์ นำมาใช้ตรวจสอบดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ทั้ง 21 ชนิด ได้แก่ SCoT30, SCoT35, SCoT47, SCoT50, SCoT52, SCoT53, SCoT54, SCoT55, SCoT59, SCoT60, SCoT61, SCoT63, SCoT65, SCoT66, SCoT70, SCoT71, SCoT72, SCoT73, SCoT74, SCoT76 และ SCoT77 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้อย่างชัดเจน ขนาดประมาณ 250-3,000 คู่เบส (base pairs, bp) ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบเหมือนกันทุกพันธุ์ (monomorphic band) 3 แถบ หรือคิดเป็น 0.75 เปอร์เซ็นต์ และเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบต่างกันในแต่ละพันธุ์ (polymorphic band) 396 แถบ หรือคิดเป็น 99.25 เปอร์เซ็นต์ ได้แถบดีเอ็นเอรวมทั้งสิ้น 399 แถบ



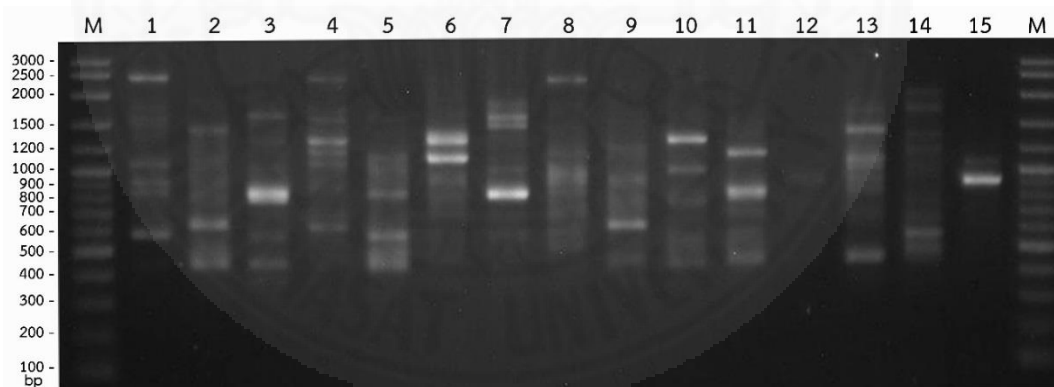
ภาพที่ 4.1 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้วนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มน้อยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



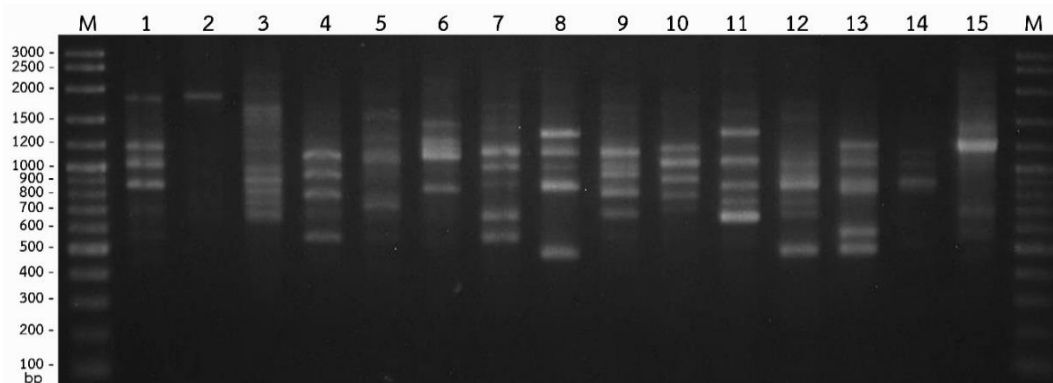
ภาพที่ 4.2 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT35 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้วนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มน้อยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



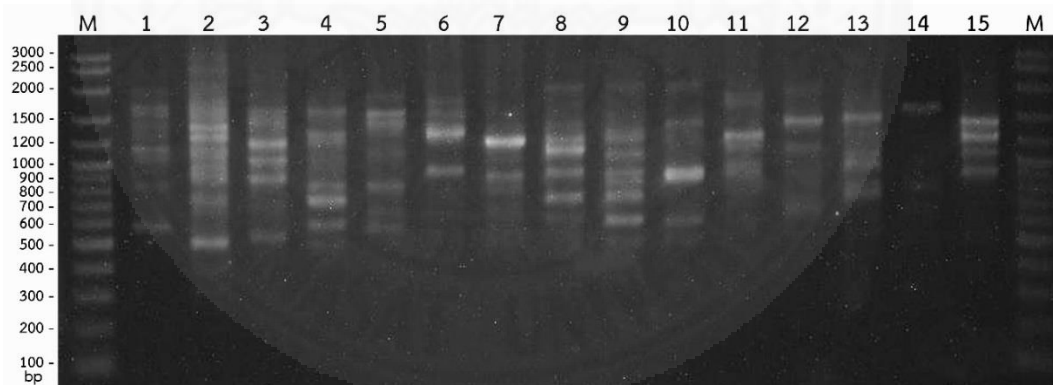
ภาพที่ 4.3 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT47 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



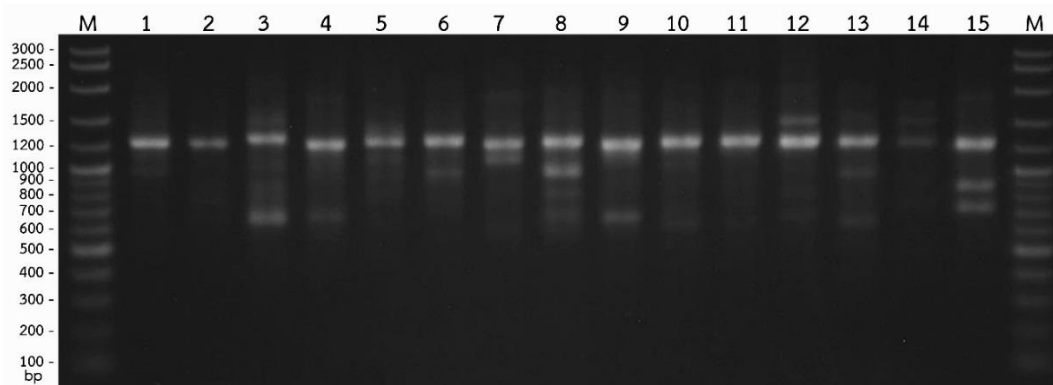
ภาพที่ 4.4 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT50 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



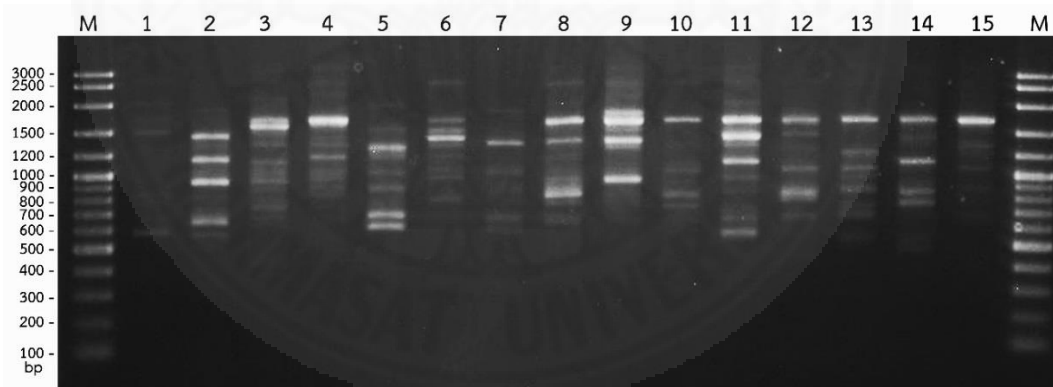
ภาพที่ 4.5 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT52 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มปากตัด]



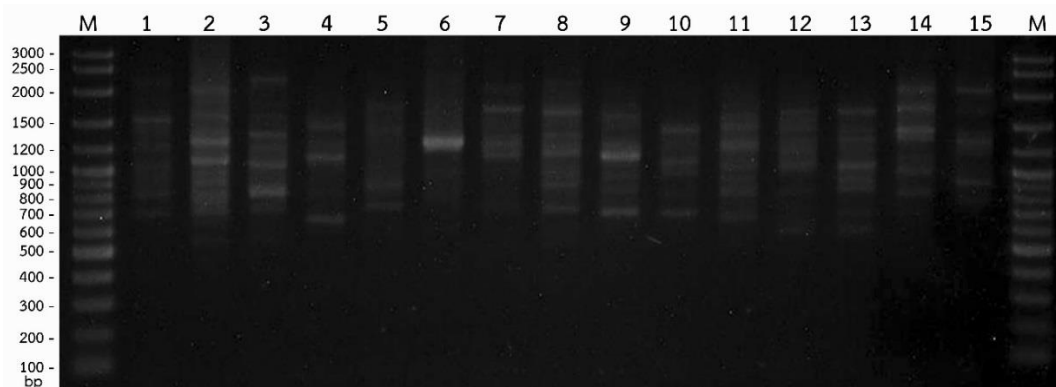
ภาพที่ 4.6 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT53 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มปากตัด]



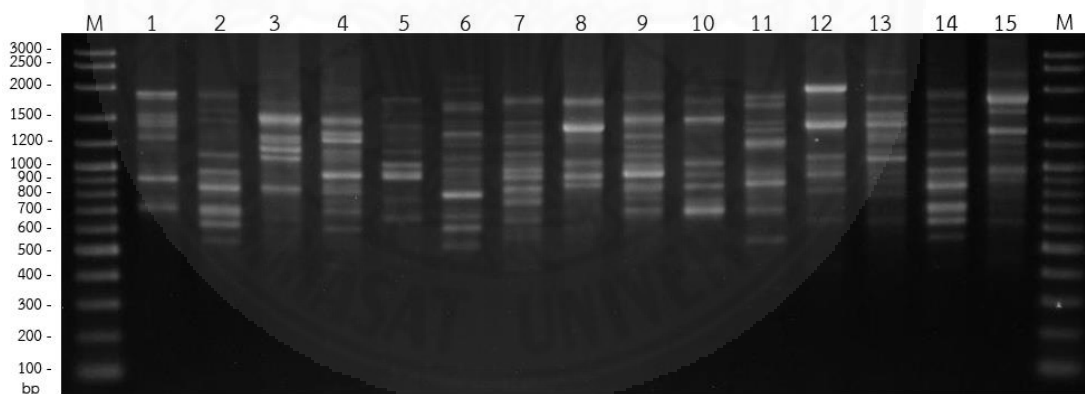
ภาพที่ 4.7 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT54 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



ภาพที่ 4.8 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT55 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]

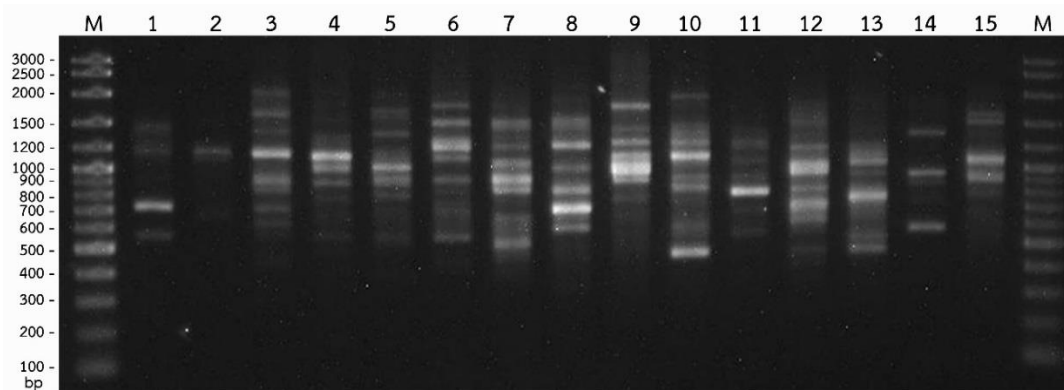


ภาพที่ 4.9 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCOT59 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]

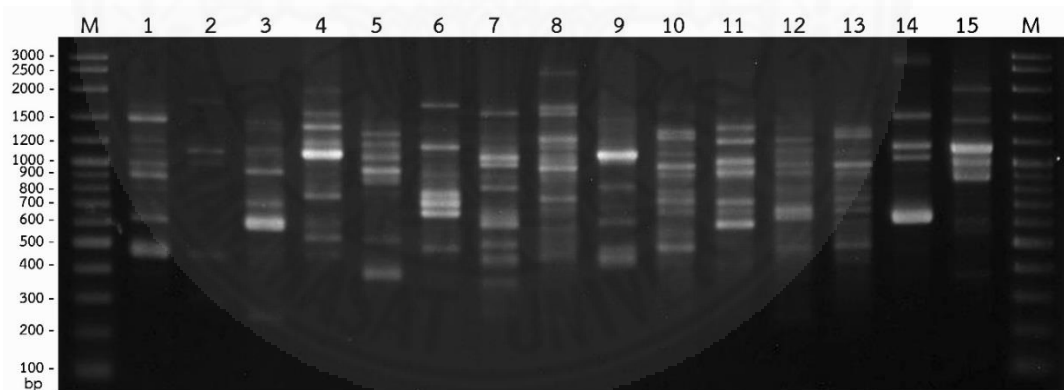


ภาพที่ 4.10 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCOT60 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



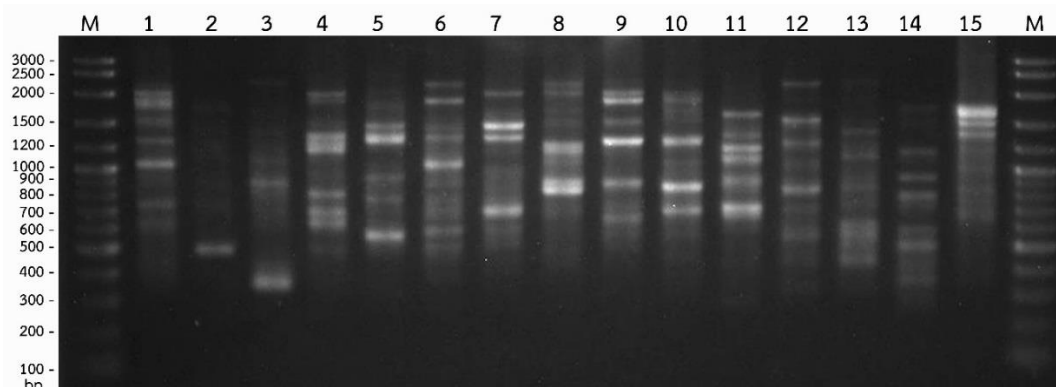


ภาพที่ 4.11 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT61 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้วนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มน้อยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]

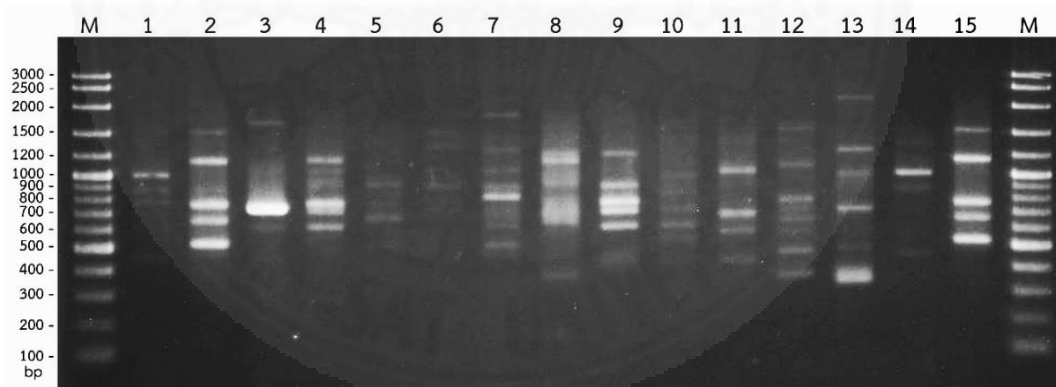


ภาพที่ 4.12 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT63 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้วนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มน้อยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]

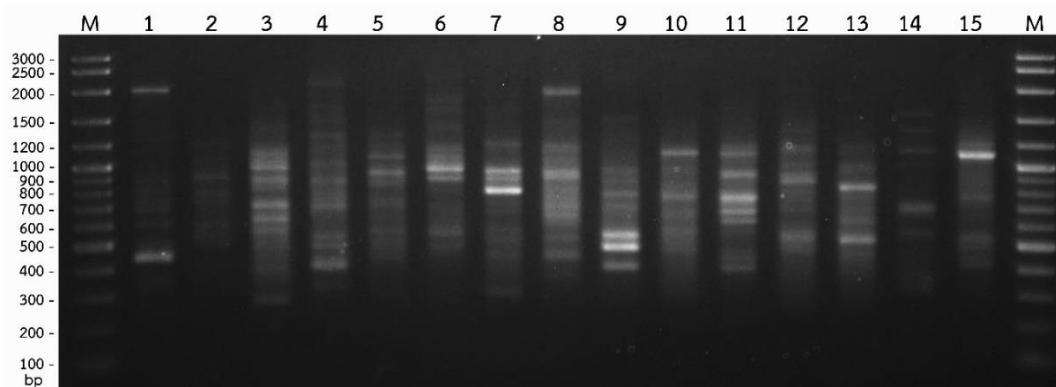




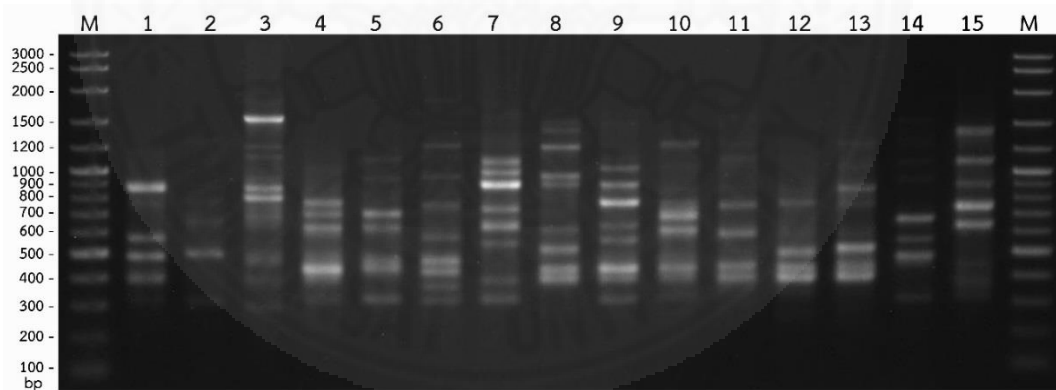
ภาพที่ 4.13 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT65 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



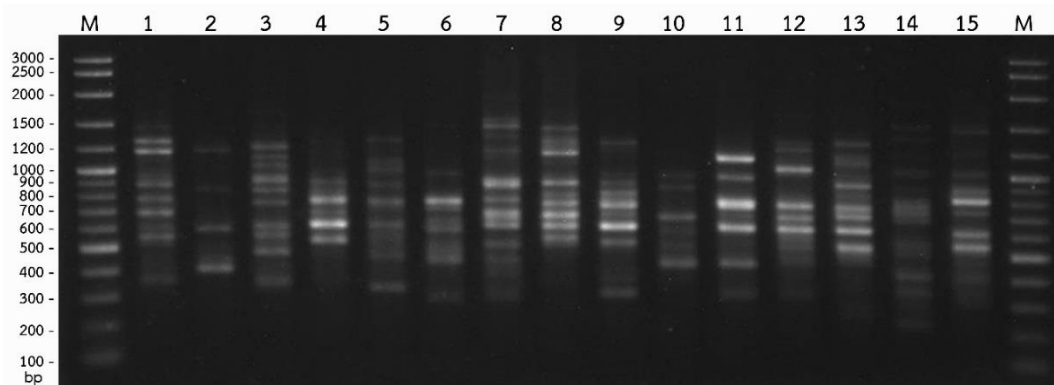
ภาพที่ 4.14 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT66 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



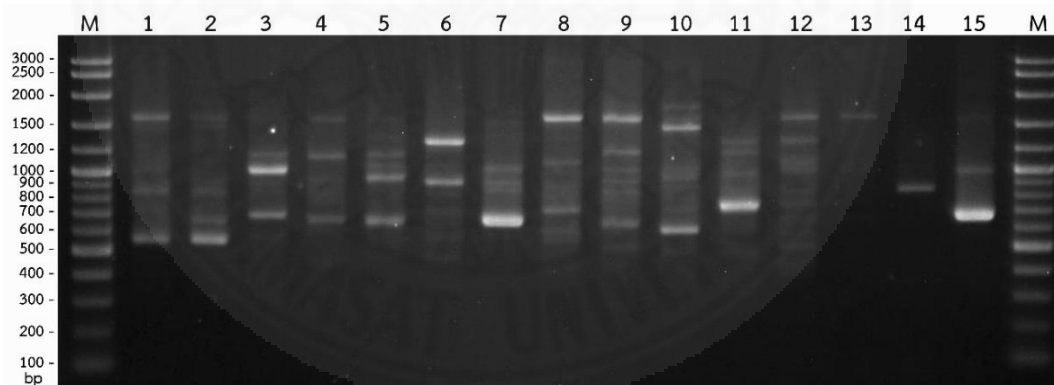
ภาพที่ 4.15 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT70 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



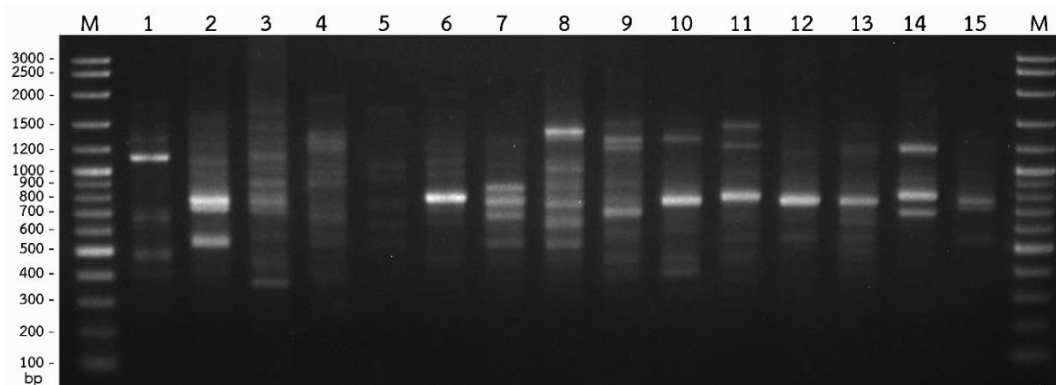
ภาพที่ 4.16 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT71 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



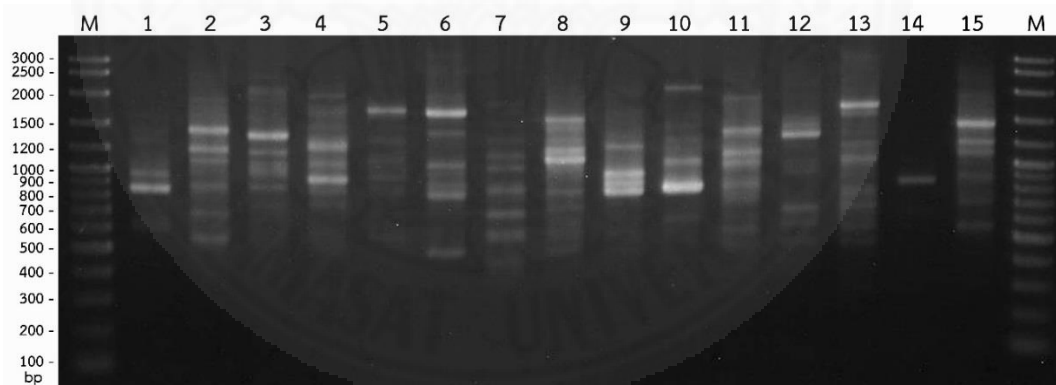
ภาพที่ 4.17 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT72 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



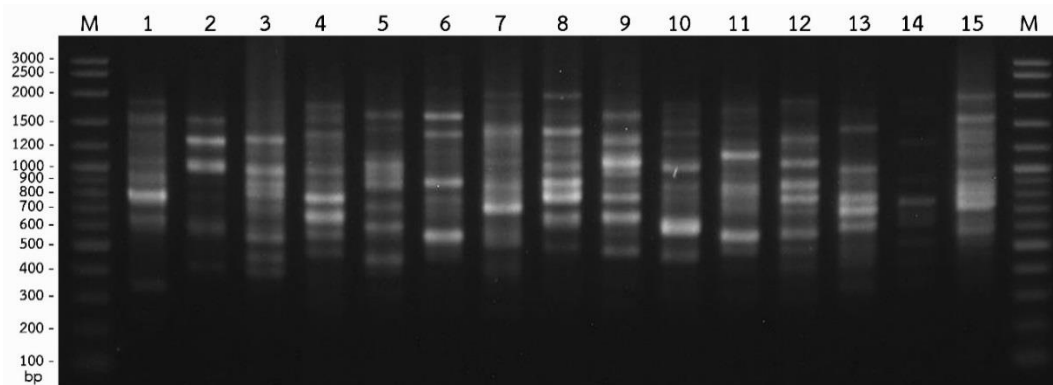
ภาพที่ 4.18 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT73 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



ภาพที่ 4.19 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCOT74 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



ภาพที่ 4.20 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCOT76 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]



ภาพที่ 4.21 สายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ SCoT77 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกน้อย (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องน้มนาง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้มนดอกยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้มนมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้มนปากตัด]

ผลจากการวิจัยพบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิด สามารถจำแนกได้ด้วยไพรเมอร์ ชนิดเดียว และสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อชนิดต่าง ๆ ออกเป็นกลุ่ม ๆ

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 13 ชนิด มีด้วยกัน 1 ไพรเมอร์ ได้แก่ SCoT35

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 15 ชนิด มีด้วยกัน 20 ไพรเมอร์ ได้แก่ SCoT30, SCoT47, SCoT50, SCoT52, SCoT53, SCoT54, SCoT55, SCoT59, SCoT60, SCoT61, SCoT63, SCoT65, SCoT66, SCoT70, SCoT71, SCoT72, SCoT73, SCoT74, SCoT76 และ SCoT77

นอกจากนี้ยังพบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิด ดังต่อไปนี้

ไพรเมอร์ SCoT30 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 1,900, 1,800, 1,700, 1,400, 350 และ 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้มนปากตัด เอื้องคำหิน เอื้องน้มนดอกยสุเทพ เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนมาเลย์ และ เอื้องอินจัน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.1)

ไพรมอร์ SCoT35 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 1,700 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งเต่าทอง และ แถบตีเอ็นเอขนาด 1,500, 500 และ 350 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งอินจัน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.2)

ไพรมอร์ SCoT47 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,100, 1,150 และ 350 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งเต่าทอง เอ็งน้่มตอยสุเทพ และเอ็งน้่มตอกน้อย ตามลำดับ (ภาพที่ 4.3)

ไพรมอร์ SCoT50 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,000 1,150, 700 และ 500 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งตาลหิน เอ็งหนวดปลาหมึก โรบัสตา และเอ็งตาลหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.4)

ไพรมอร์ SCoT53 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 1,900 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งน้่มนาง และ แถบตีเอ็นเอขนาด 3,000, 2,500 และ 400 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งน้่มตอกน้อย ตามลำดับ (ภาพที่ 4.6)

ไพรมอร์ SCoT54 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 750 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งน้่มปากตัด (ภาพที่ 4.7)

ไพรมอร์ SCoT55 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,300, 1,800, 950 และ 850 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งเต่าทอง เอ็งศรีประภา เอ็งน้่มมาเลย์ และเอ็งน้่มตอยสุเทพ ตามลำดับ (ภาพที่ 4.8)

ไพรมอร์ SCoT59 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 1,050 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งดาวเรียง (ภาพที่ 4.9)

ไพรมอร์ SCoT60 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 750 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งอินจัน (ภาพที่ 4.10)

ไพรมอร์ SCoT63 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 3,000 และ 2,200 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งตาลหิน และเอ็งช่อเงินยวง ตามลำดับ (ภาพที่ 4.12)

ไพรมอร์ SCoT66 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,200 และ 1,700 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งกระเพาะปลา และเอ็งอินจัน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.14)

ไพรมอร์ SCoT70 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งคำหิน (ภาพที่ 4.15)

ไพรมอร์ SCoT71 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งคำหิน (ภาพที่ 4.16)



ไพรเมอร์ SCoT72 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 1,550 และ 250 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องอินจัน และเอื้องตาลหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.17)

ไพรเมอร์ SCoT73 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 และ 1,700 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องเต่าทอง และเอื้องน้ิมมาเลย์ ตามลำดับ (ภาพที่ 4.18)

ไพรเมอร์ SCoT74 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องตาลหิน (ภาพที่ 4.19)

ไพรเมอร์ SCoT76 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 450 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องหนวดปลาหมึก (ภาพที่ 4.20)

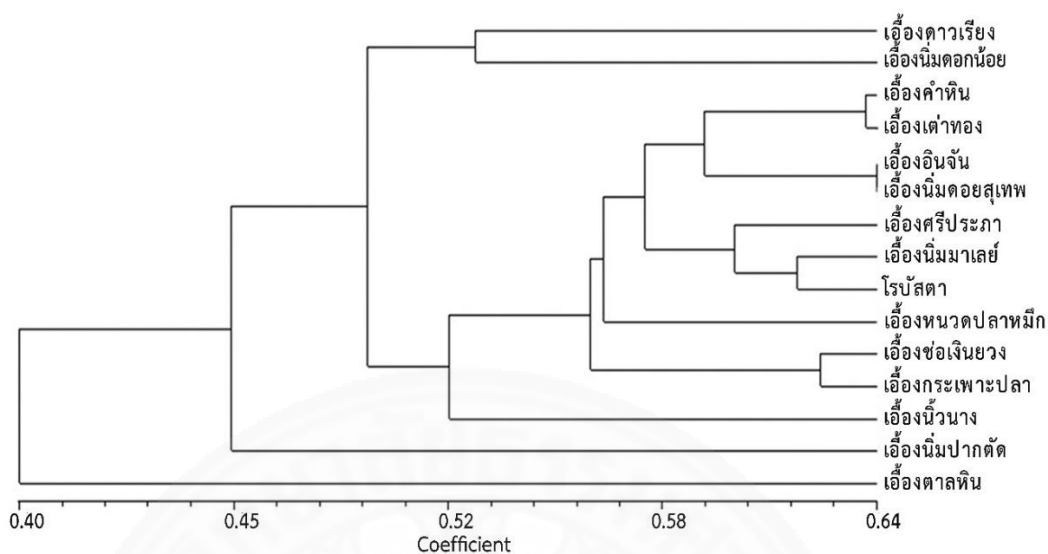
#### 4.1.2 การวิเคราะห์หลายพหุดีเอ็นเอ

เมื่อวิเคราะห์หลายพหุดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องหมายสก็อตด้วยโปรแกรม NTSYSpc รุ่น 2.01e และเลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (similarity coefficient) และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในงานวิจัยนี้ 15 ชนิด มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.37 ถึง 0.64 (ภาพที่ 4.22) โดยเอื้องอินจันและเอื้องน้ิมดอยสุเทพมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุด คือ 0.64 ในขณะที่เอื้องตาลหินมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุด คือ 0.37 ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องตาลหิน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องน้ิมปากตัด กลุ่มที่ 3 แบ่งเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มที่ 3.1 ได้แก่ เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้องอินจัน เอื้องน้ิมดอยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้ิมมาเลย์ โรบัสตา เอื้องหนวดปลาหมึก เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา และเอื้องน้ิมวาง และกลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่ เอื้องดาวเรียง และเอื้องน้ิมดอกน้อย (ภาพที่ 4.23)



เอื้องดาวเรียง	1.000																		
เอื้องน้มนดอกน้อย	0.526	1.000																	
เอื้องคำหิน	0.513	0.564	1.000																
เอื้องเต่าทอง	0.553	0.500	0.636	1.000															
เอื้องน้วนาง	0.492	0.440	0.522	0.574	1.000														
เอื้องหนวดปลาหมึก	0.472	0.429	0.547	0.592	0.556	1.000													
เอื้องอินจัน	0.506	0.459	0.583	0.606	0.562	0.541	1.000												
เอื้องน้มนดอกสุเทพ	0.532	0.462	0.585	0.587	0.513	0.577	0.639	1.000											
เอื้องศรีประภา	0.508	0.470	0.530	0.627	0.469	0.570	0.569	0.622	1.000										
เอื้องน้มนมาเลย์	0.562	0.460	0.533	0.562	0.484	0.519	0.527	0.569	0.591	1.000									
โรบัสตา	0.528	0.509	0.575	0.582	0.508	0.588	0.570	0.622	0.607	0.616	1.000								
เอื้องช่อเงินยวง	0.517	0.466	0.588	0.533	0.497	0.561	0.578	0.625	0.579	0.558	0.616	1.000							
เอื้องกระเพาะปลา	0.526	0.448	0.524	0.529	0.505	0.533	0.494	0.583	0.520	0.536	0.577	0.623	1.000						
เอื้องตาลหิน	0.402	0.377	0.405	0.419	0.387	0.404	0.413	0.384	0.378	0.366	0.367	0.425	0.433	1.000					
เอื้องน้มนปากตัด	0.433	0.417	0.474	0.471	0.446	0.440	0.434	0.488	0.444	0.392	0.466	0.515	0.531	0.420	1.000				
	เอื้องดาวเรียง	เอื้องน้มนดอกน้อย	เอื้องคำหิน	เอื้องเต่าทอง	เอื้องน้วนาง	เอื้องหนวดปลาหมึก	เอื้องอินจัน	เอื้องน้มนดอกสุเทพ	เอื้องศรีประภา	เอื้องน้มนมาเลย์	โรบัสตา	เอื้องช่อเงินยวง	เอื้องกระเพาะปลา	เอื้องตาลหิน	เอื้องน้มนปากตัด				

ภาพที่ 4.22 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ที่ได้จาก เครื่องหมายสก็อต

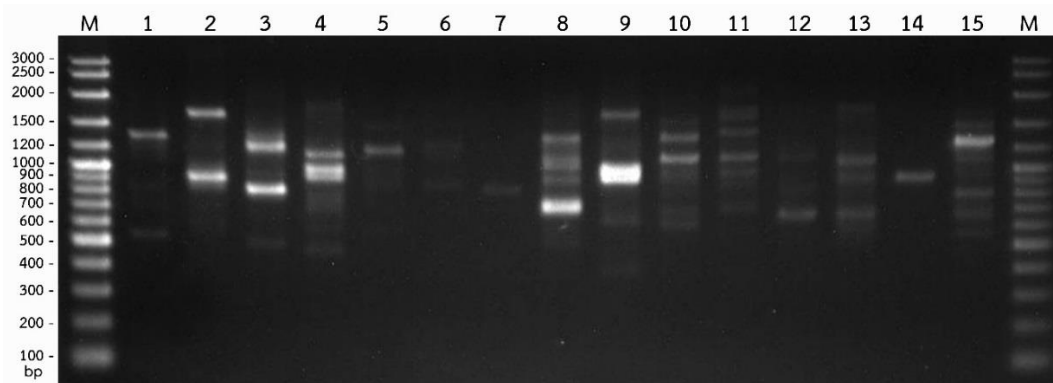


ภาพที่ 4.23 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ที่ได้จากเครื่องหมายสก็อต

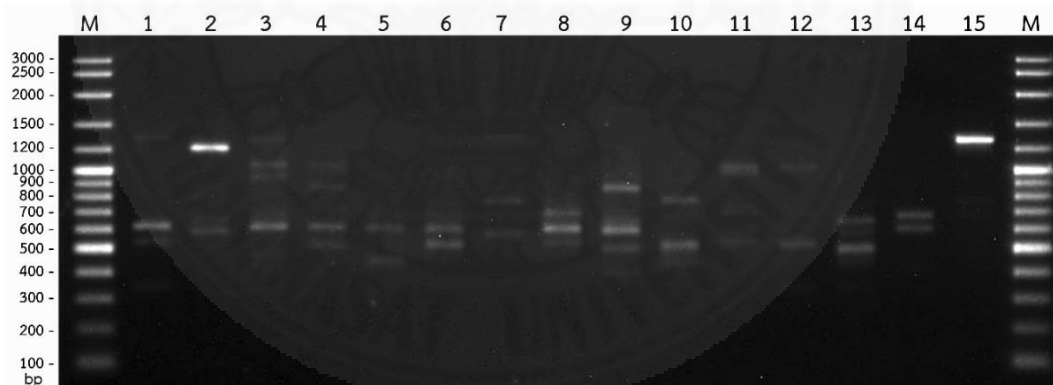
## 4.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

### 4.2.1 การวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

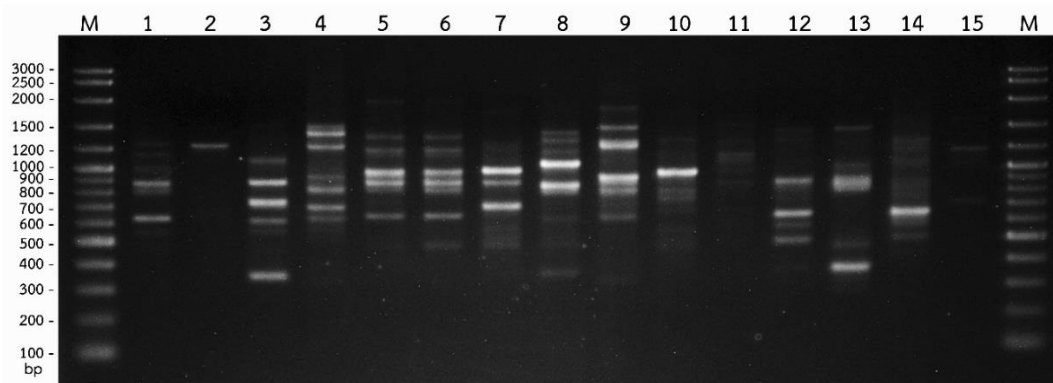
จากการตรวจสอบเบื้องต้นโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มจำนวน 72 ชนิด คือ ไพรเมอร์ชุด A2, B2, C2, D2, E2 และ F2 จากบริษัท Wako company (Japan) เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี พบว่ามีไพรเมอร์ 31 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ หรือคิดเป็น 43.05 เปอร์เซ็นต์ หลังจากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจนและให้แถบดีเอ็นเอหลายแถบซึ่งคัดเลือกได้ทั้งหมด 21 ไพรเมอร์ นำมาใช้ตรวจสอบดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ทั้ง 21 ชนิด ได้แก่ A22, A23, A24, A27, A29, A30, A31, A32, B21, B22, B23, B25, B27, B32, C22, C24, C29, C31, D31, E23 และ E31 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้อย่างชัดเจน มีขนาดตั้งแต่ 100-3,000 คู่เบส (base pairs, bp) ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบเหมือนกันทุกพันธุ์ (monomorphic band) 1 แถบ หรือคิดเป็น 0.30 เปอร์เซ็นต์ และเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบต่างกันในแต่ละพันธุ์ (polymorphic band) 333 แถบ หรือคิดเป็น 99.70 เปอร์เซ็นต์ ได้แถบดีเอ็นเอรวมทั้งสิ้น 334 แถบ



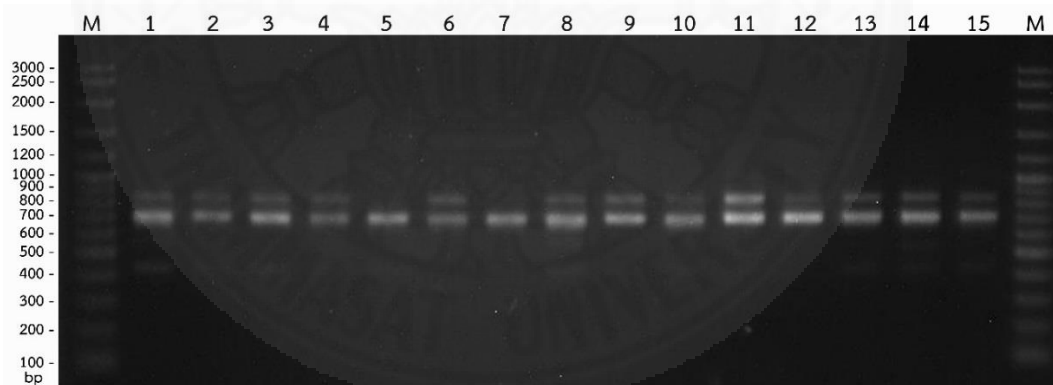
ภาพที่ 4.24 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



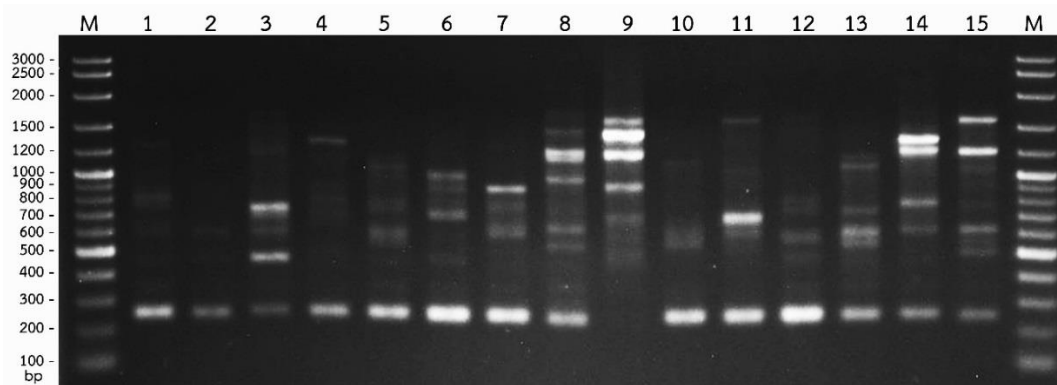
ภาพที่ 4.25 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



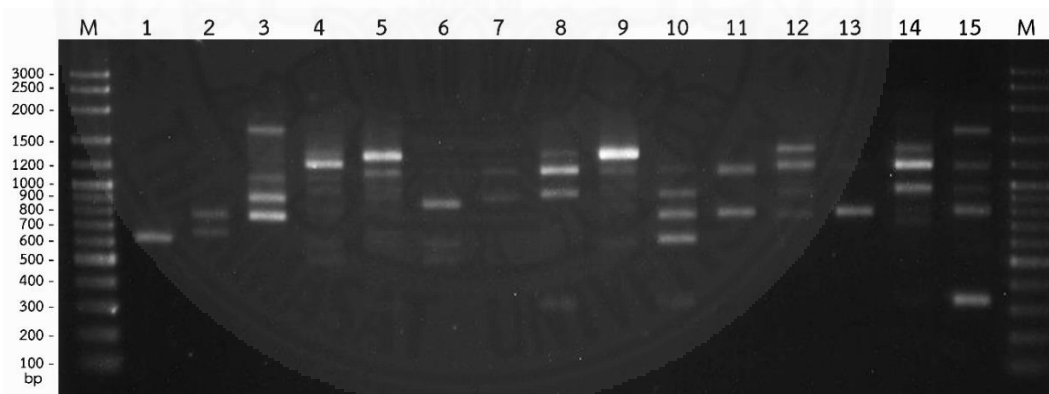
ภาพที่ 4.26 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



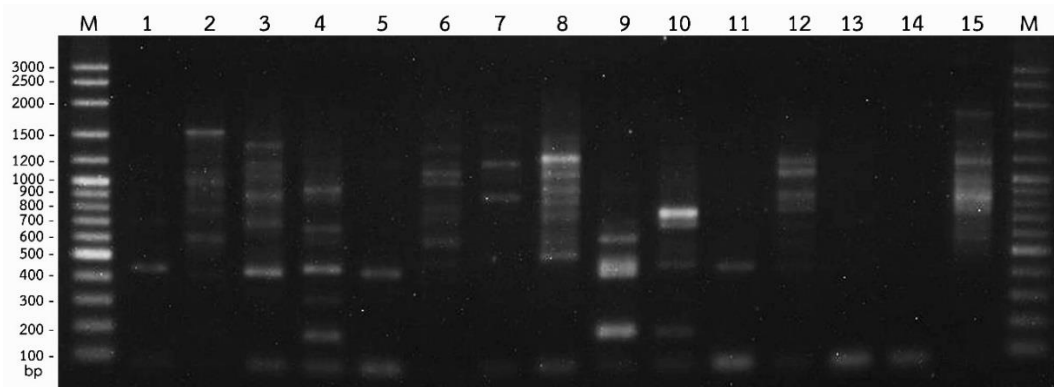
ภาพที่ 4.27 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



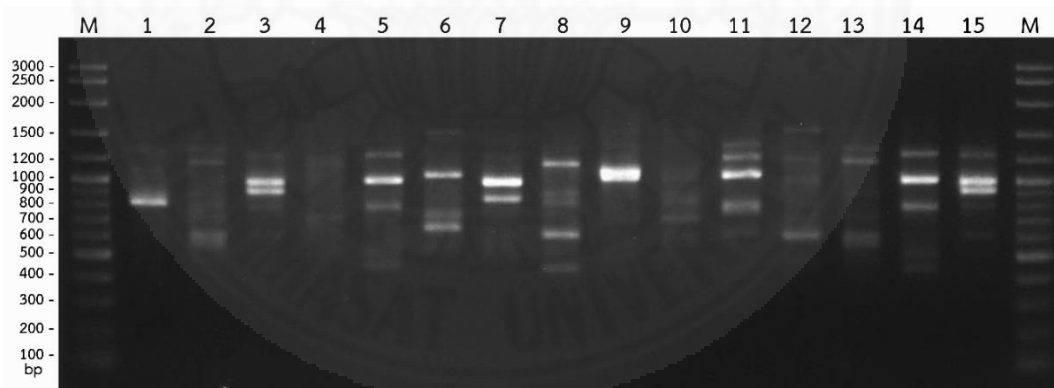
ภาพที่ 4.28 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



ภาพที่ 4.29 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]

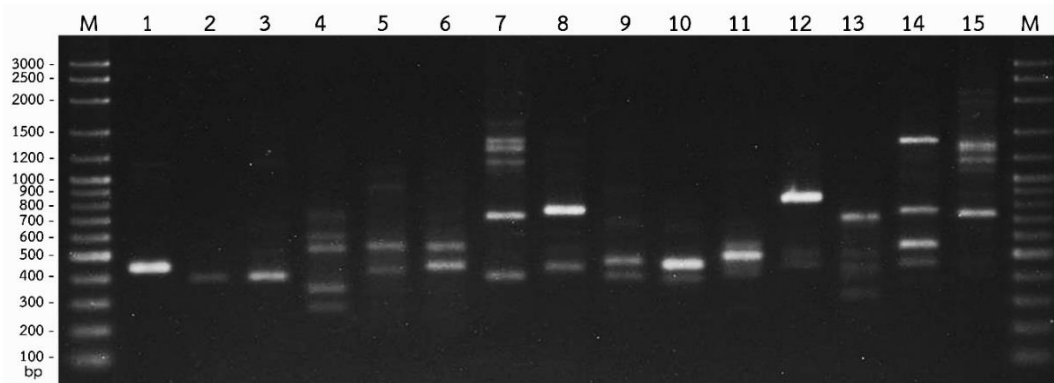


ภาพที่ 4.30 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]

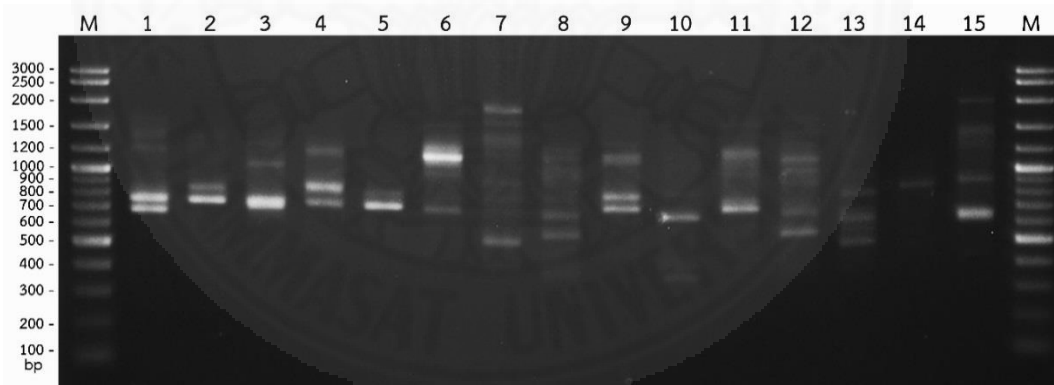


ภาพที่ 4.31 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ A32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



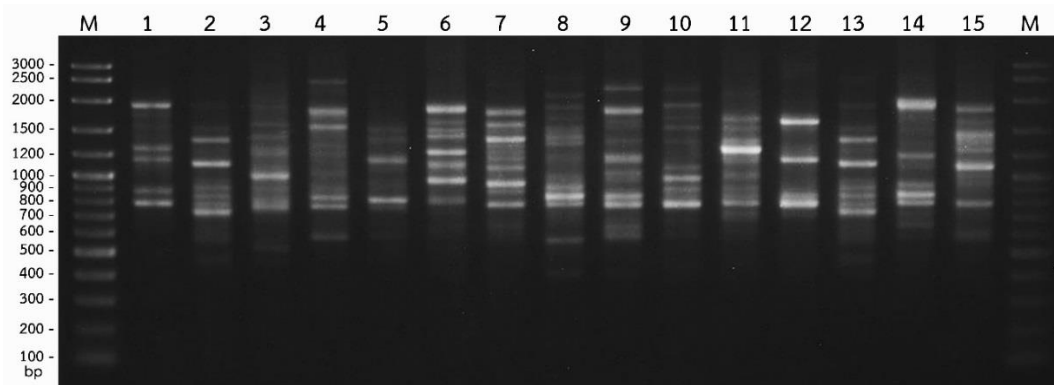


ภาพที่ 4.32 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]

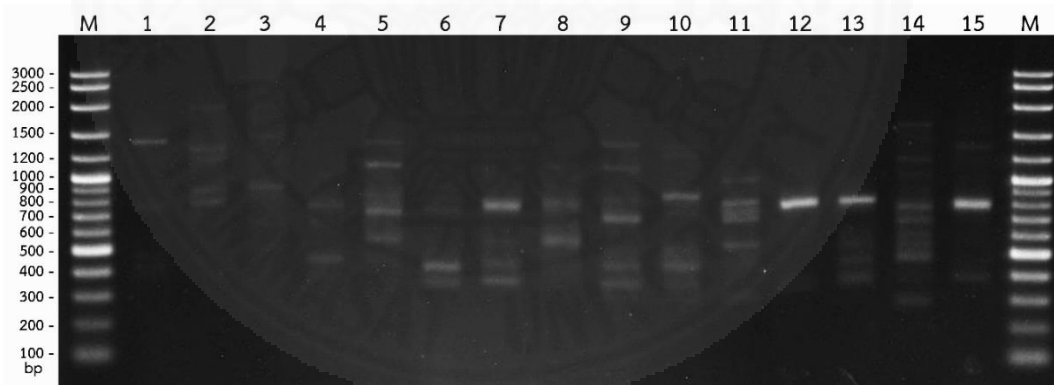


ภาพที่ 4.33 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]

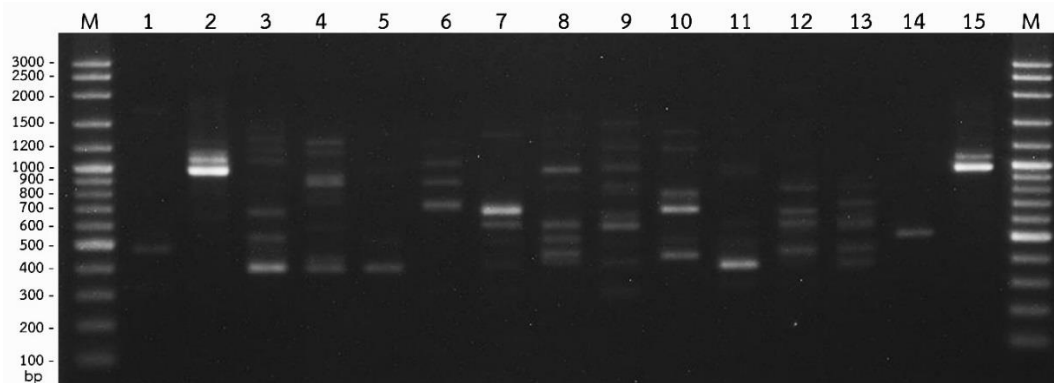




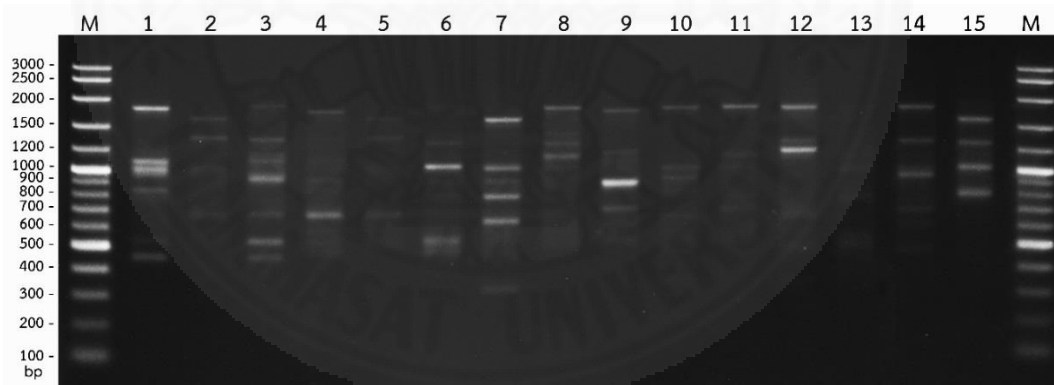
ภาพที่ 4.34 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



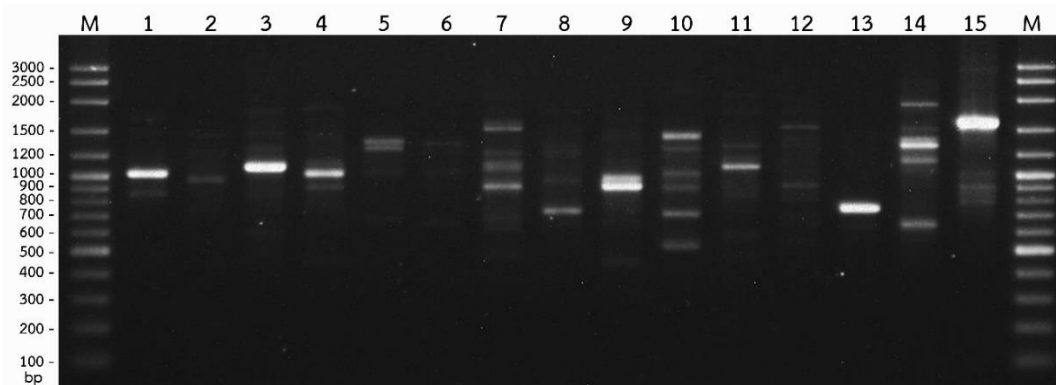
ภาพที่ 4.35 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B25 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



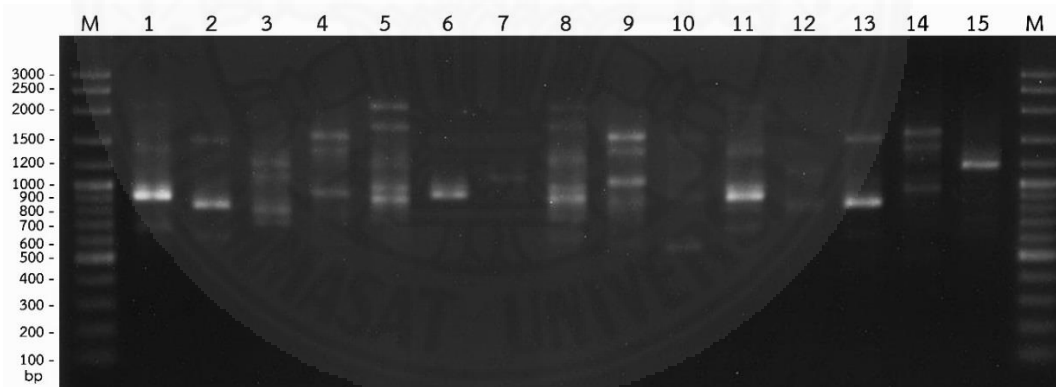
ภาพที่ 4.36 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



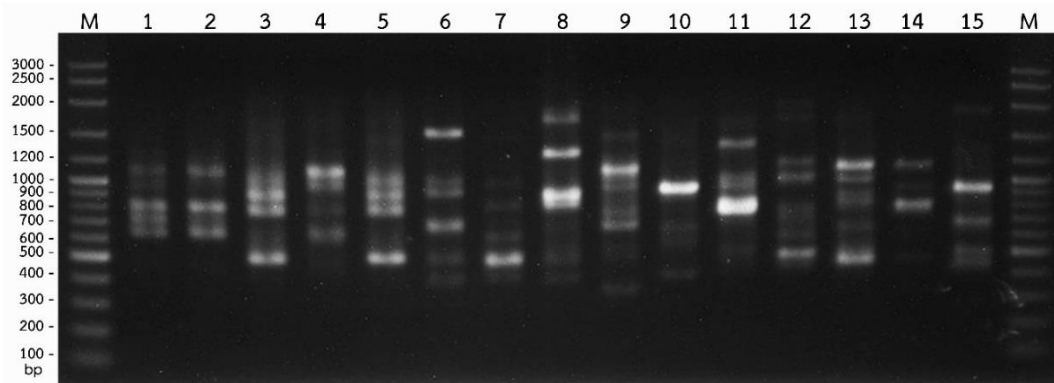
ภาพที่ 4.37 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ B32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



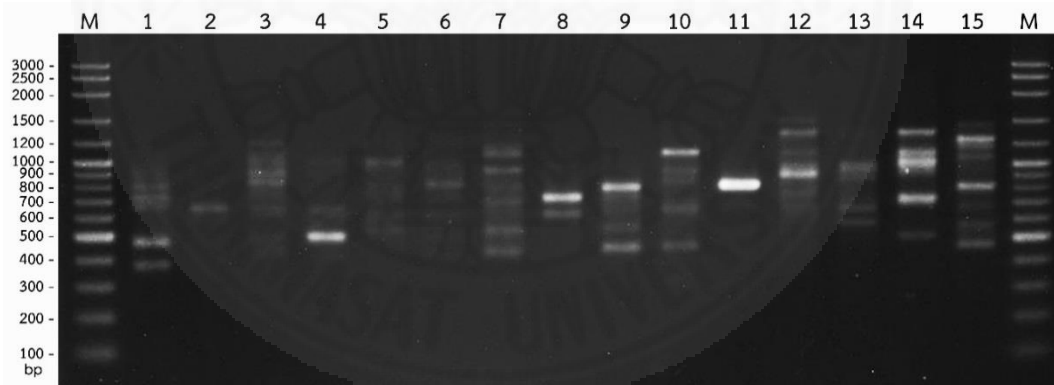
ภาพที่ 4.38 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ C22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



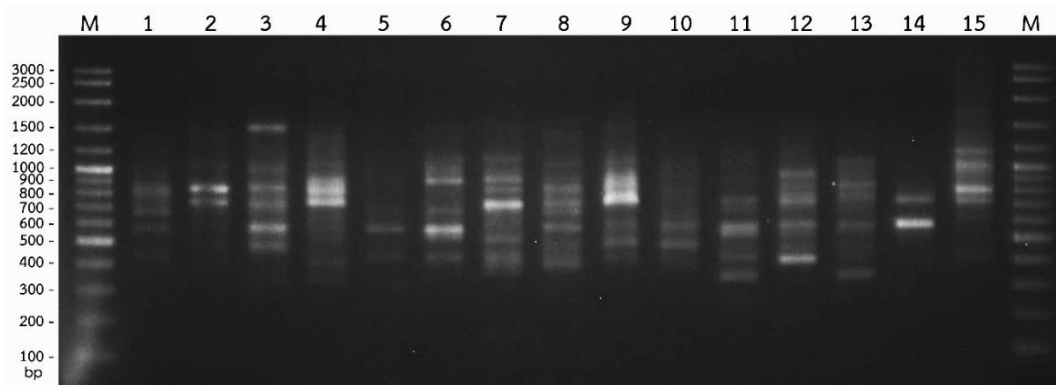
ภาพที่ 4.39 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ C24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



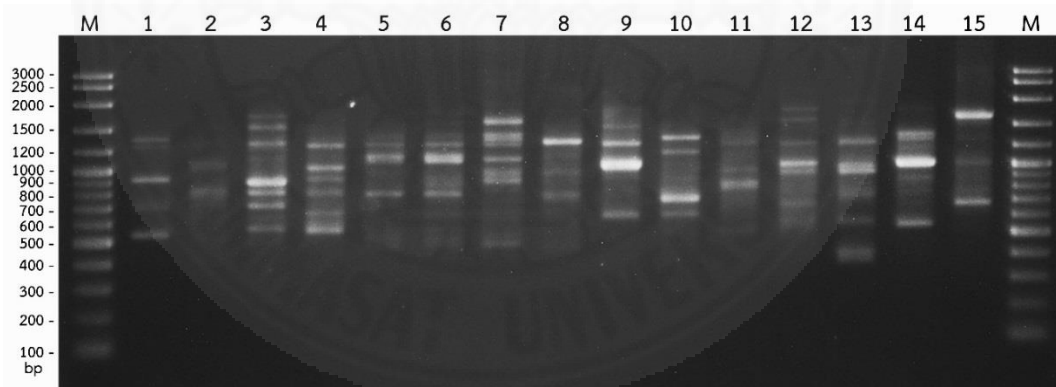
ภาพที่ 4.40 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ C29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



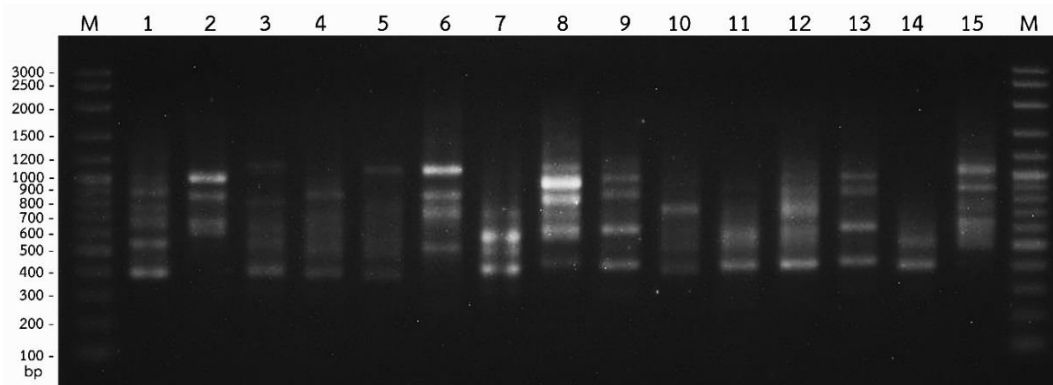
ภาพที่ 4.41 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ C31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



ภาพที่ 4.42 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ D31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



ภาพที่ 4.43 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ E23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]



ภาพที่ 4.44 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลก้านก่อโดยใช้ไพรเมอร์ E31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia) และ 1-15 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องอินจัน (8) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (9) เอื้องศรีประภา (10) เอื้องน้่มมาเลย์ (11) โรบัสตา (12) เอื้องช่อเงินยวง (13) เอื้องกระเพาะปลา (14) เอื้องตาลหิน และ (15) เอื้องน้่มปากตัด]

ผลจากการวิจัยพบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิด สามารถจำแนกได้ด้วยไพรเมอร์ชนิดเดียว และสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อชนิดต่าง ๆ ออกเป็นกลุ่ม ๆ

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 11 ชนิด มีด้วยกัน

1 ไพรเมอร์ ได้แก่ A27

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 13 ชนิด มีด้วยกัน

2 ไพรเมอร์ ได้แก่ A31 และ C29

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 14 ชนิด มีด้วยกัน

4 ไพรเมอร์ ได้แก่ A24, B25, C22 และ D31

ไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้ทั้ง 15 ชนิด มีด้วยกัน

14 ไพรเมอร์ ได้แก่ A22, A23, A29, A30, A32, B21, B22, B23, B27, B32, C24, C31, E23, และ E31



นอกจากนี้ยังพบแถบตีเอ็นเอที่จำเพาะต่อกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิด ดังนี้

ไพรเมอร์ A22 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 450 และ 350 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องเต่าทอง และ เอื้องศรีประภา ตามลำดับ (ภาพที่ 4.24)

ไพรเมอร์ A23 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 1,600 และ 950 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องศรีประภา และเอื้องคำหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.25)

ไพรเมอร์ A24 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,500 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องเต่าทอง (ภาพที่ 4.26)

ไพรเมอร์ A29 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 950 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มดอยสุเทพ (ภาพที่ 4.28)

ไพรเมอร์ A30 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 700 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มดอกเหลือง (ภาพที่ 4.29)

ไพรเมอร์ A31 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,000, 1,600, 1,500 และ 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มปากตัด เอื้องอินจัน เอื้องน้่มดอกเหลือง และเอื้องเต่าทอง ตามลำดับ (ภาพที่ 4.30)

ไพรเมอร์ B21 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,200 และ 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มปากตัด และแถบตีเอ็นเอขนาด 600, 350 และ 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องเต่าทอง ตามลำดับ (ภาพที่ 4.32)

ไพรเมอร์ B22 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,000, 1,700 และ 1,100 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มปากตัด เอื้องอินจัน และเอื้องคำหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.33)

ไพรเมอร์ B23 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 550 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องคำหิน (ภาพที่ 4.34)

ไพรเมอร์ B25 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,000, 1,700 และ 1,600 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องน้่มดอกเหลือง เอื้องกระเพาะปลา และเอื้องตาลหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.35)

ไพรเมอร์ B27 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 2,200 และ 650 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องช่อเงินยวง และเอื้องน้่มดอยสุเทพ ตามลำดับ (ภาพที่ 4.36)

ไพรเมอร์ B32 ให้แถบตีเอ็นเอขนาด 850 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องดาวเรียง และแถบตีเอ็นเอขนาด 650 และ 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอื้องอินจัน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.37)



ไพรเมอร์ C22 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 3,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งนั่มปากตัด และ แถบดีเอ็นเอขนาด 2,500 และ 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งงตาลหิน ตามลำดับ (ภาพที่ 4.38)

ไพรเมอร์ C29 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 2,000, 1,300 และ 350 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งงช่อเงินยวง เอ็งงนั่มดอยสุเทพ และเอ็งงศรีประภา ตามลำดับ (ภาพที่ 4.40)

ไพรเมอร์ C31 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 1,500, 1,200 และ 400 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งงช่อเงินยวงเอ็งงคำหิน และเอ็งงดาวเรียง ตามลำดับ (ภาพที่ 4.41)

ไพรเมอร์ D31 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 และ 1,700 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งงนั่มปากตัด (ภาพที่ 4.42)

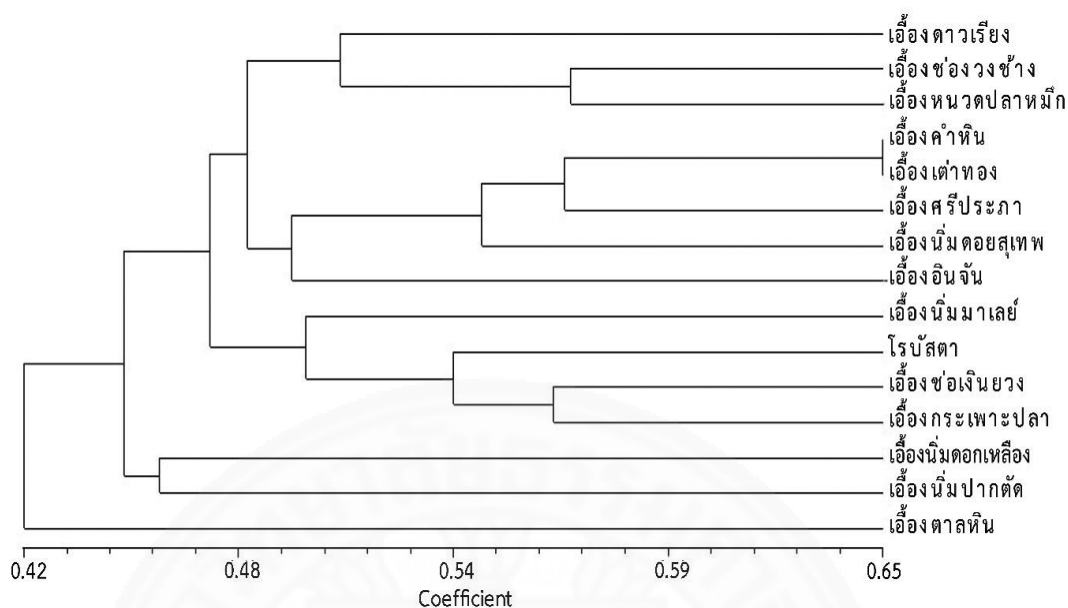
ไพรเมอร์ E23 ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 650, 550 และ 400 คู่เบส ที่จำเพาะกับ เอ็งงเต่าทอง เอ็งงดาวเรียง และเอ็งงกระเพาะปลา ตามลำดับ (ภาพที่ 4.43)

#### 4.2.2 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

เมื่อวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีด้วยโปรแกรม NTSYSpc รุ่น 2.01e และเลือกรหัสการจัดกลุ่มแบบ UPGMA โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (similarity coefficient) และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในงานวิจัยนี้ 15 ชนิด มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.36 ถึง 0.65 (ภาพที่ 4.45) โดยเอ็งงคำหินและเอ็งงเต่าทองมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุด คือ 0.65 ในขณะที่เอ็งงตาลหินมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุด คือ 0.36 ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอ็งงตาลหิน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอ็งงนั่มปากตัด และเอ็งงนั่มดอกเหลือง กลุ่มที่ 3 แบ่งเป็น 3 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มที่ 3.1 ได้แก่ เอ็งงกระเพาะปลา เอ็งงช่อเงินยวง โรบัสตา และเอ็งงนั่มมาเลย์ กลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่ เอ็งงอินจัน เอ็งงนั่มดอยสุเทพ เอ็งงศรีประภา เอ็งงเต่าทอง เอ็งงคำหิน และกลุ่มย่อยที่ 3.3 เอ็งงช่อวงช้าง เอ็งงดาวเรียง และเอ็งงหนดปลาหมึก (ภาพที่ 4.46)

เอื้องดาวเรียง	1.000																				
เอื้องน้อมดอกเหลือง	0.463	1.000																			
เอื้องคำหิน	0.487	0.540	1.000																		
เอื้องเต่าทอง	0.492	0.460	0.652	1.000																	
เอื้องขอเงินยวง	0.507	0.400	0.485	0.438	1.000																
เอื้องหวดปลาหมึก	0.502	0.400	0.506	0.510	0.567	1.000															
เอื้องอินจัน	0.451	0.427	0.531	0.442	0.448	0.532	1.000														
เอื้องน้อมดอยสุเทพ	0.465	0.451	0.528	0.559	0.494	0.513	0.486	1.000													
เอื้องศรีประภา	0.423	0.458	0.567	0.564	0.420	0.532	0.510	0.543	1.000												
เอื้องน้อมมาเลย์	0.474	0.438	0.465	0.502	0.433	0.431	0.412	0.506	0.508	1.000											
โรบัสตา	0.514	0.413	0.500	0.512	0.474	0.471	0.458	0.500	0.494	0.480	1.000										
เอื้องขอเงินยวง	0.464	0.439	0.465	0.461	0.407	0.494	0.496	0.518	0.498	0.485	0.556	1.000									
เอื้องกระพะพะปลา	0.408	0.429	0.384	0.444	0.462	0.450	0.438	0.506	0.484	0.523	0.516	0.563	1.000								
เอื้องตาลหิน	0.413	0.358	0.397	0.457	0.495	0.382	0.409	0.403	0.424	0.382	0.466	0.472	0.427	1.000							
เอื้องน้อมปากตัด	0.454	0.456	0.548	0.414	0.389	0.475	0.486	0.480	0.451	0.441	0.435	0.442	0.381	0.387	1.000						
	เอื้องดาวเรียง	เอื้องน้อมดอกเหลือง	เอื้องคำหิน	เอื้องเต่าทอง	เอื้องขอเงินยวง	เอื้องหวดปลาหมึก	เอื้องอินจัน	เอื้องน้อมดอยสุเทพ	เอื้องศรีประภา	เอื้องน้อมมาเลย์	โรบัสตา	เอื้องขอเงินยวง	เอื้องกระพะพะปลา	เอื้องตาลหิน	เอื้องน้อมปากตัด						

ภาพที่ 4.45 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลกันก่อทั้ง 15 ชนิด ที่ได้จาก เครื่องหมายแธตอาร์เอพีดี



ภาพที่ 4.46 แผนภูมิความสัมพันธ์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด ที่ได้จากเครื่องหมายแอสตาร์เอพีดี

#### 4.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

##### 4.3.1 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีนที่ใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยไพรเมอร์จำเพาะพบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 30 ชนิด โดยแถบดีเอ็นเอที่ได้มีความชัดเจนและมีความถูกต้องตามที่ต้องการโดยบริเวณของยีน *matK* เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขนาดประมาณ 605-611 คู่เบส บริเวณของยีน *rbcL* เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขนาดประมาณ 554 คู่เบส บริเวณของยีน *rpoC1* เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขนาดประมาณ 663 คู่เบส และบริเวณของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอขนาดประมาณ 591-913 คู่เบส

#### 4.3.2 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

จากการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าเมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุล ก้านก้อที่ได้แต่ละชนิดไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล NCBI (National Center for Biotechnology Information) พบว่าตรงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณยีน *matK* ของพืช โดยมีค่าความเหมือน (Identity) 99 เปอร์เซ็นต์ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณยีน *rpoC1* ของพืช โดยมีค่าความเหมือน (Identity) 99 เปอร์เซ็นต์ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณยีน *rbcL* ของพืช โดยมีค่าความเหมือน (Identity) 99 เปอร์เซ็นต์ และลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ของพืช โดยมีค่าความเหมือน (Identity) 99 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งเป็นการยืนยันว่าดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้นั้นเป็นบริเวณที่ถูกตัดซึ่งลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนทั้ง 4 บริเวณของกล้วยไม้สกุล ก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้ฝากเก็บไว้ที่ฐานข้อมูล GenBank ของ NCBI และมีหมายเลขจำเพาะ (accession number) ดังตารางที่ 4.1 และตารางที่ 4.2 จากนั้นนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุล ก้านก้อทั้ง 30 ชนิด มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม ClustalW ซึ่งจะพบความผันแปรทางพันธุกรรม (genetic variation) ที่เกิดความแตกต่างในกล้วยไม้แต่ละชนิด ซึ่งเกิดการกลายในระดับยีน (gene mutation) ทั้งหมด 4 รูปแบบ คือ การแทนที่ด้วยคู่เบสใหม่ (base-pair substitution) ทรานซิชัน (transition) ทรานสเวอร์ชัน (transversion) และอินเดิล (insertion/deletion) ซึ่งการกลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวอาจส่งผลต่อการเกิดวิวัฒนาการ (evolution process) (ธีระชัย, 2553)

ตารางที่ 4.1 หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ ยีน *rpoC1* ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ฝากเก็บไว้ในฐานข้อมูล GenBank

ลำดับ	ชนิดของกล้วยไม้	หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์	
		<i>matK</i>	<i>rpoC1</i>
1	เอื้องดาวเรียง	KX7210104 (605)	KX7210134 (663)
2	เอื้องน้ิมดอกเหลือง	KX7210105 (605)	KX7210135 (663)
3	เอื้องคำหิน	KX7210106 (605)	KX7210136 (663)
4	เอื้องเต่าทอง	KX7210107 (605)	KX7210137 (663)
5	เอื้องช่องวงช้าง	KX7210108 (605)	KX7210138 (663)
6	เอื้องหนวดปลาหมึก	KX7210109 (605)	KX7210139 (663)
7	เอื้องน้ิมดอกน้อย	KX7210110 (605)	KX7210140 (663)
8	เอื้องอินจัน	KX7210111 (605)	KX7210141 (663)
9	เอื้องน้ิมภูหลวง	KX7210112 (605)	KX7210142 (663)
10	เอื้องน้ิมมานรดี	KX7210113 (611)	KX7210143 (663)
11	เอื้องท่าทานใต้	KX7210114 (605)	KX7210144 (663)
12	เอื้องน้ิมดอยสุเทพ	KX7210115 (605)	KX7210145 (663)
13	เอื้องน้ิมปากแดง	KX7210116 (605)	KX7210146 (663)
14	เอื้องศรีประภา	KX7210117 (605)	KX7210147 (663)
15	เอื้องน้ิมมาเลย์	KX7210118 (605)	KX7210148 (663)
16	โรบัสตา	KX7210119 (605)	KX7210149 (663)
17	เอื้องช่อเงินยวง	KX7210120 (605)	KX7210150 (663)
18	เอื้องดอกไม้เงิน	KX7210121 (605)	KX7210151 (663)
19	เอื้องประคำร้อย	KX7210122 (605)	KX7210152 (663)
20	เอื้องกระเพาะปลา	KX7210123 (605)	KX7210153 (663)
21	เอื้องแจกันเงิน	KX7210124 (605)	KX7210154 (663)
22	เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์	KX7210125 (605)	KX7210155 (663)
23	เอื้องสายฝน	KX7210126 (605)	KX7210156 (663)

## ตารางที่ 4.1 (ต่อ)

ลำดับ	ชนิดของกล้วยไม้	หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์	
		<i>matK</i>	<i>rpoC1</i>
24	เอื้องตาลหิน	KX7210127 (605)	KX7210157 (663)
25	เอื้องนันทิมา	KX7210128 (605)	KX7210158 (663)
26	เอื้องนันทิมาปากตัด	KX7210129 (605)	KX7210159 (663)
27	ยูนิฟอเลีย	KX7210130 (605)	KX7210160 (663)
28	โกลปิเฟรา	KX7210131 (605)	KX7210161 (663)
29	เอื้องนันทิมา	KX7210132 (605)	KX7210162 (663)
30	เนกลีคิตา	KX7210133 (605)	KX7210163 (663)

\* ข้อมูลได้รับการพิจารณาจากฐานข้อมูล NCBI แล้วแต่อยู่ในกระบวนการรอการเผยแพร่

ตารางที่ 4.2 หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* และ  
 ซีนดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ฝากเก็บไว้ใน  
 ฐานข้อมูล GenBank

ลำดับ	ชนิดของกล้วยไม้	หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์	
		<i>rbcL</i>	<i>trnH-psbA</i>
1	เอื้องดาวเรียง	KX721074 (554)	KX840365 (879)
2	เอื้องน้ิมดอกเหลือง	KX721075 (554)	KX840366 (890)
3	เอื้องคำหิน	KX721076 (554)	KX840367 (591)
4	เอื้องเต่าทอง	KX721077 (554)	KX840368 (889)
5	เอื้องช่องวงช้าง	KX721078 (554)	KX840369 (875)
6	เอื้องหนวดปลาหมึก	KX721079 (554)	KX840370 (891)
7	เอื้องน้ิมดอกน้อย	KX721080 (554)	KX840371 (876)
8	เอื้องอินจัน	KX721081 (554)	KX840372 (901)
9	เอื้องน้ิมภูหลวง	KX721082 (554)	KX840373 (875)
10	เอื้องน้ิมมานรดี	KX721083 (554)	KX840374 (881)
11	เอื้องทำทานใต้	KX721084 (554)	KX840375 (876)
12	เอื้องน้ิมดอยสุเทพ	KX721085 (554)	KX840376 (896)
13	เอื้องน้ิมปากแดง	KX721086 (554)	KX840377 (879)
14	เอื้องศรีประภา	KX721087 (554)	KX840378 (913)
15	เอื้องน้ิมมาเลย์	KX721088 (554)	KY069284 (886)
16	โรบัสตา	KX721089 (554)	KX840379 (874)
17	เอื้องช่อเงินยวง	KX721090 (554)	KY069285 (893)
18	เอื้องดอกไม้เงิน	KX721091 (554)	KY069286 (817)
19	เอื้องประคำร้อย	KX721092 (554)	KX840380 (719)
20	เอื้องกระเพาะปลา	KX721093 (554)	KX840381 (888)
21	เอื้องแจกันเงิน	KX721094 (554)	KX840382 (879)
22	เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์	KX721095 (554)	KX840383 (874)



## ตารางที่ 4.2 (ต่อ)

ลำดับ	ชนิดของกล้วยไม้	หมายเลขจำเพาะและขนาด (คู่เบส) ของลำดับนิวคลีโอไทด์	
		<i>rbcL</i>	<i>trnH-psbA</i>
23	เอื้องสายฝน	KX721096 (554)	KX840384 (899)
24	เอื้องตาลหิน	KX721097 (554)	KX840385 (890)
25	เอื้องนันทิมา	KX721098 (554)	KY069287 (853)
26	เอื้องนันทิมาปากตัด	KX721099 (554)	KX840386 (898)
27	ยูนิฟอเลีย	KX7210100 (554)	KX840387 (877)
28	โกลปีเฟรา	KX7210101 (554)	KY069288 (859)
29	เอื้องนันทิมา	KX7210102 (554)	KY069289 (836)
30	เนกลีคตา	KX7210103 (554)	KX840388 (882)

\* ข้อมูลได้รับการพิจารณาจากฐานข้อมูล NCBI แล้วแต่อยู่ในกระบวนการรอการเผยแพร่

### 4.3.3 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

#### 4.3.3.1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน *matK* จำนวน 605-611 เบส (base) มีความแตกต่างกัน 70 ตำแหน่ง คิดเป็น 11.46 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.47) ซึ่งความแตกต่างในแต่ละตำแหน่งเป็นดังตารางที่ 4.3

1	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
13	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
15	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
10	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
25	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
2	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
14	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
4	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
12	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
17	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
21	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
16	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
27	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
3	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
9	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
23	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
5	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
6	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
7	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
24	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
8	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
26	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
22	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
11	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
18	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
28	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
19	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
29	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
30	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
20	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAACACATTTCTATG	GAAAAATAGAATATCTTA	TAGCCGTG	60
	*****	*****	***	














```
1 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTATATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
13 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTATATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
15 CATAGCGGATCCTCGAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
10 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
25 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
2 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
14 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
4 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
12 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
17 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
21 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
16 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
27 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
3 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
9 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
23 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
5 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
6 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
7 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
24 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
8 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
26 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
22 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
11 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
18 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
28 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
19 CACAGTGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
29 CACAGCGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
30 CACAGTGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
20 CACAGTGGATCCTCAAGAAACAGGTTTGTATCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCT 600
** ** * ***** * ***** ** * ***** * ***** **
```

```
1 TGTGCTAGAAC 611
13 TGTGCTAGAAC 611
15 TGTGCTAGAAC 611
10 TGTGCTAGAAC 611
25 TGTGCTAGAAC 611
2 TGTGCTAGAAC 611
14 TGTGCTAGAAC 611
4 TGTGCTAGAAC 611
12 TGTGCTAGAAC 611
17 TGTGCTAGAAC 611
21 TGTGCTAGAAC 611
16 TGTGCTAGAAC 611
27 TGTGCTAGAAC 611
3 TGTGCTAGAAC 611
9 TGTGCTAGAAC 611
23 TGTGCTAGAAC 611
5 TGTGCTAGAAC 611
6 TGTGCTAGAAC 611
7 TGTGCTAGAAC 611
24 TGTGCTAGAAC 611
8 TGTGCTAGAAC 611
26 TGTGCTAGAAC 611
22 TGTGCTAGAAC 611
11 TGTGCTAGAAC 611
18 TGTGCTAGAAC 611
28 TGTGCTAGAAC 611
19 TGTGCTAGAAC 611
29 TGTGCTAGAAC 611
30 TGTGCTAGAAC 611
20 TGTGCTAGAAC 611
*****
```



ภาพที่ 4.47 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ด้วยโปรแกรม ClustalW [ 1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มน้ดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องน้มน้ดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้มน้กุหลาบ (10) เอื้องน้มน้มานรดี (11) เอื้องทำทานใต้ (12) เอื้องน้มน้ดอยสุเทพ (13) เอื้องน้มน้ปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้มน้มาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้มน้กุ (26) เอื้องน้มน้ปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปิเฟรา (29) เอื้องน้วนาง และ (30) เนกลีคตา (เครื่องหมาย \* แสดงถึงตำแหน่งที่มีนิวคลีโอไทด์เหมือนกันทั้งหมดในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ อินเดล (indel) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ ทรานสเวอร์ชัน (transversion) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน (pyrimidine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ พิวรีนทรานสิชัน (purine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ การกลายหลายรูปแบบ)]

ตารางที่ 4.3 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกล้วยไม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
34	7, 24	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
51	5, 6	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
53	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
55	9	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	23	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
56	3, 9, 20, 27	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
60	19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
65	20	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
67	3, 9	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	21	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.3 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
83	3, 20	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	9	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
86	1, 2, 4, 10, 13, 14, 15, 25	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
90	4, 8, 11, 22, 24, 26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
94	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
109	1, 2, 4, 10, 13, 14, 15, 25	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
122	16, 27	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
134	30	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
137	2, 23	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
138	8, 20, 22, 25, 26	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
142	3, 23	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
160	30	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
195	1, 10, 13, 15	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
196	1, 10, 13, 15	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
226	20	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
236	19, 29	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
238	27	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
249-254	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30	Gap (deletion)	อินเดล
257	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
265	20	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน

ตารางที่ 4.3 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
267	17	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
270	24	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
296	10	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
308	10	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
315	21	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
316	1, 2, 4, 10, 12, 13, 14, 15, 17, 20, 21, 25	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
351	29	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
355	7	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
356	20	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
365	11, 18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
375	2, 3, 4, 5, 6, 9, 14, 23	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
383	30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
388	10	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
399	29	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
404	7	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
417	24	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
423	2, 4, 14	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
432	16	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
442	27	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
443	9	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
447	1, 10, 13, 15	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
450	17	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
459	16	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
468	20	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.3 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกล้วยไม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
475	27	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
478	16	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
486	9	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
493	16	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
501	27	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
506	20, 24	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
543	15	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
546	19, 20, 30	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
553	12	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
555	15	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
566	9	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
570	1, 13	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
577	3	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
579	8, 26	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน

ตารางที่ 4.4 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโน  
เมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

ตำแหน่ง	ชนิดกล้วยไม้*	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลง ของกรดอะมิโน
34	7, 24	G เป็น A	Gly/Arg
53	3	T เป็น G	Ile/Arg
55	9	G เป็น C	Ala/Leu
	23	G เป็น A	Ala/Thr
56	3, 20, 27	C เป็น T	Ala/Val
	9	C เป็น T	Ala/Val
65	20	G เป็น T	Cys/Phe

ตารางที่ 4.4 (ต่อ)

ตำแหน่ง	ชนิดกลายไ้ม้*	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลง ของกรดอะมิโน
67	9	A เป็น C	Asn/His
	21	A เป็น G	Asn/Asp
83	3, 20	C เป็น T	Thr/Ile
	9	C เป็น A	Thr/Asn
94	3	C เป็น T	Leu/Phe
109	1, 2, 4, 10, 13, 14, 15, 25	C เป็น A	Ile/Leu
122	7, 27	G เป็น A	Arg/Gln
134	30	A เป็น C	Lys/Thr
137	2, 23	C เป็น T	Ala/Val
160	30	C เป็น T	Leu/Phe
196	1, 10, 13, 15	A เป็น C	Asn/His
226	20	T เป็น G	Phe/Val
236	19, 29	A เป็น C	Tys/Ser
257	18	A เป็น G	Lys/Arg
265	20	C เป็น A	Pro/Thr
296	10	T เป็น A	Phe/Try
308	10	T เป็น G	Leu/Arg
315	21	T เป็น G	Asn/Lys
316	1, 2, 4, 10, 12, 13, 14, 15, 17, 20, 21, 25	C เป็น A	Pro/Thr
356	20	T เป็น A	Leu/Gln
365	11, 18	C เป็น T	Thr/Ile
375	2, 3, 4, 5, 6, 9, 14, 23	G เป็น T	Lys/Asn
383	30	A เป็น G	Asp/Gly

ตารางที่ 4.4 (ต่อ)

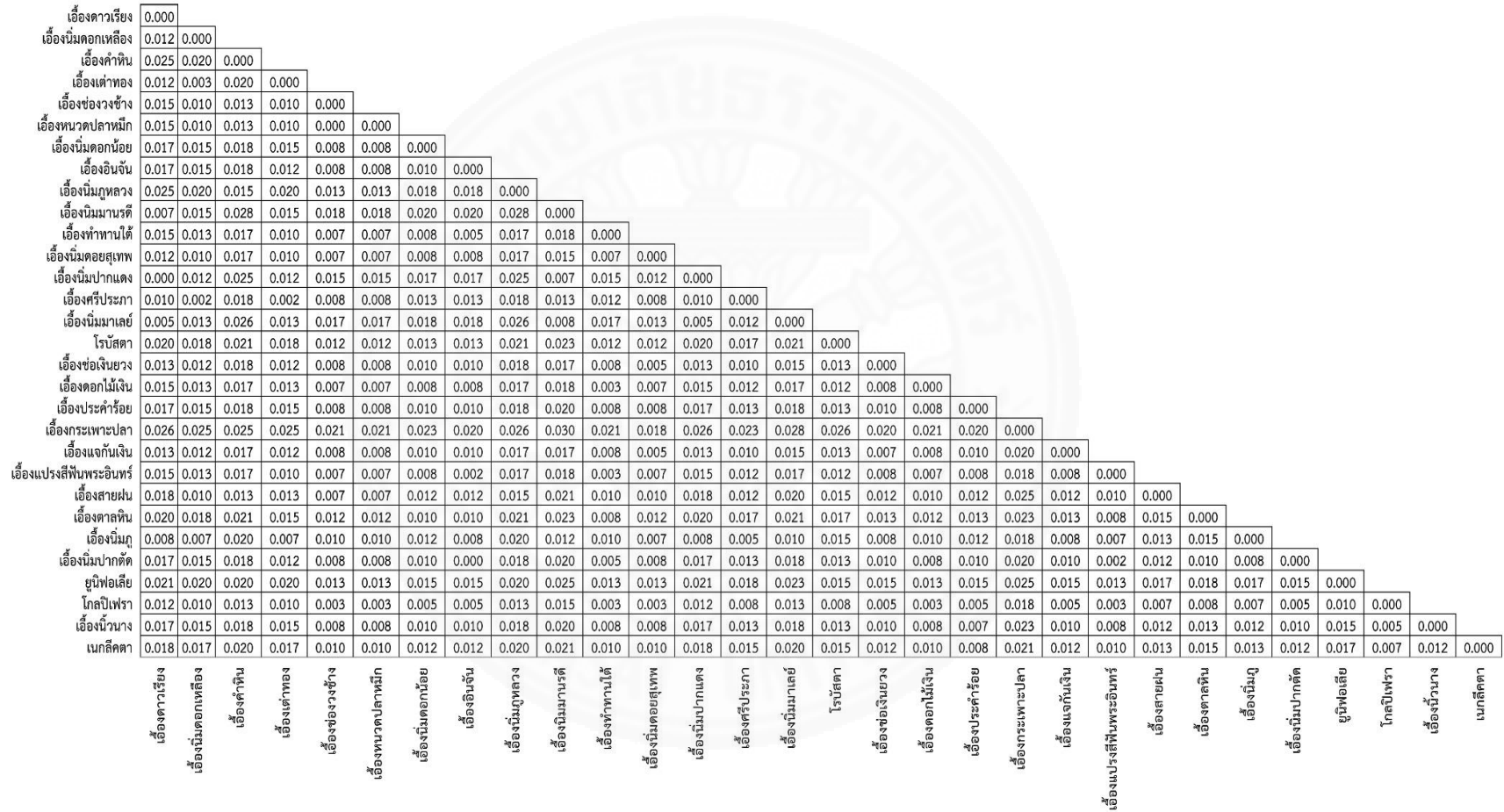
ตำแหน่ง	ชนิดกล้วยไม้*	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลง ของกรดอะมิโน
388	10	A เป็น C	Ile/Leu
404	7	C เป็น T	Ser/Phe
432	16	A เป็น C	Gln/His
443	9	T เป็น G	Val/Gly
475	27	A เป็น G	Thr/Ala
478	16	G เป็น A	Asp/Asn
493	16	G เป็น T	Asp/Tys
506	20, 24	G เป็น A	Arg/Gln
553	12	T เป็น C	Ser/Pro
566	9	T เป็น C	Val/Ala
577	3	A เป็น C	Ile/Leu

\*1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องน้่มดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้่มภูหลวง (10) เอื้องน้่มมานรดี (11) เอื้องท่าทานใต้ (12) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (13) เอื้องน้่มปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้่มมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้่มภู (26) เอื้องน้่มปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปีเฟรา (29) เอื้องน้่มนาง และ (30) เนกลีคตา

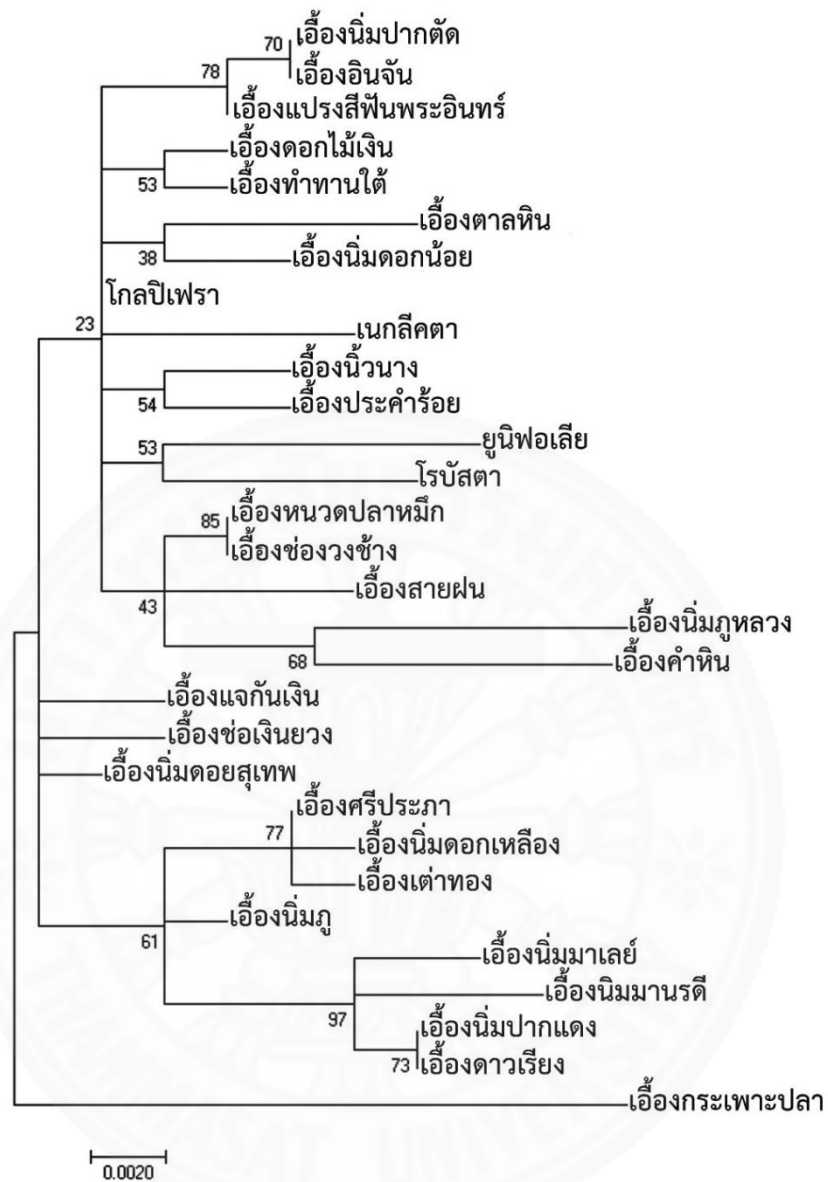
เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW และนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่วิเคราะห์ได้ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7.0 (molecular evolutionary genetics analysis version 7.0) จะได้ค่าค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.000-0.030 (ภาพที่ 4.48) จากนั้นสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4

วิธี โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) มีความเหมาะสมเนื่องจากให้ผลสอดคล้องกับการจำแนกตรงตามหมู่และสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างของกล้วยไม้สกุลก้านก่อมากที่สุด เมื่อพิจารณาจากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ทั้ง 30 ชนิด มีจำนวน 21 ชนิด หรือคิดเป็น 70 เปอร์เซ็นต์ ที่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องทำทานใต้ เอื้องตาลหิน เอื้องน้มนดอกน้อย เนกลีคตา เอื้องน้วนาง เอื้องประคำร้อย ยูนิฟอเลีย โรบัสตา เอื้องสายฝน เอื้องน้มนภูหลวง เอื้องคำหิน เอื้องแจกันเงิน เอื้องช่อเงินยวง เอื้องน้มนดอกสุเทพ เอื้องน้มนดอกเหลือง เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนภู เอื้องน้มนมาเลย์ เอื้องนิมมานรดี และเอื้องกระเพาะปลา และมีจำนวน 9 ชนิด หรือคิดเป็น 30 เปอร์เซ็นต์ ที่ไม่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องน้มนปาดตัด เอื้องอินจัน เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ โกลปิเฟรา เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องช่องวงช้าง เอื้องศรีประภา เอื้องน้มนปากแดง และเอื้องดาวเรียง (ภาพที่ 4.49) แต่อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาที่ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยตรงและวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.4) จะพบตำแหน่งที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.47) นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงตามหมู่จำนวน 5 หมู่ ได้แก่ (1.) หมู่ Mycaranthes ได้แก่ เอื้องดอกไม้เงินและเอื้องทำทานใต้ (2.) หมู่ Aeridostachya ได้แก่ ยูนิฟอเลียและโรบัสตา (3.) หมู่ Urostachya ได้แก่ เอื้องหวดปลาหมึกและเอื้องช่องวงช้าง (4.) หมู่ Strongyleria ได้แก่ เอื้องน้วนางและเอื้องประคำร้อย และ (5.) หมู่ Dendrolirium ได้แก่ เอื้องน้มนมาเลย์ เอื้องนิมมานรดี และเอื้องน้มนปากแดง แสดงเห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีประสิทธิภาพในการจำแนกและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้อย่างมีประสิทธิภาพ





ภาพที่ 4.48 ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*



ภาพที่ 4.49 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

#### 4.3.3.2 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน *rbcL* จำนวน 554 เบส (base) มีความแตกต่างกัน 52 ตำแหน่ง คิดเป็น 9.39 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.50) ซึ่งความแตกต่างในแต่ละตำแหน่งเป็นดังตารางที่ 4.5

```

3      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
9      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
4      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
14     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
2      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
7      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
26     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
25     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
30     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
24     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
19     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
16     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
15     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
13     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
11     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
8      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
6      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
5      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
1      TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
22     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
27     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
23     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
12     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
17     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
20     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
21     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
10     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
29     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
28     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGCGTTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTACAAA 60
18     TCACCACAAACAGAAACTAAAGCAAGTGTGGATTAAAGCTGGTGTTAAAGATTAA 60
*****

```















3	GCC 663
9	GCC 663
4	GCC 663
14	GCC 663
2	GCC 663
7	GCC 663
26	GCC 663
25	GCC 663
30	GCC 663
24	GCC 663
19	GCC 663
16	GCC 663
15	GCC 663
13	GCC 663
11	GCC 663
8	GCC 663
6	GCC 663
5	GCC 663
1	GCC 663
22	GCC 663
27	GCC 663
23	GCC 663
12	GCC 663
17	GCC 663
20	GCC 663
21	GCC 663
10	GCC 663
29	GCC 663
28	GCC 663
18	GCC 663
	***

ภาพที่ 4.50 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ด้วยโปรแกรม ClustalW [ 1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้ิมดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่อวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องน้ิมดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้ิมกุหลวง (10) เอื้องน้ิมมานรติ (11) เอื้องทำทานใต้ (12) เอื้องน้ิมดอยสุเทพ (13) เอื้องน้ิมปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้ิมมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้ิมกุ (26) เอื้องน้ิมปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปิเฟรา (29) เอื้องน้ิมนาง และ (30) เนกลีคตา (เครื่องหมาย \* แสดงถึงตำแหน่งที่มีนิวคลีโอไทด์เหมือนกันทั้งหมดในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ อินเดล (indel) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ ทรานสเวอร์ชัน (transversion) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน (pyrimidine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ พิวรีนทรานสิชัน (purine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ การกลายหลายรูปแบบ)]

ตารางที่ 4.5 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
27	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
42	18, 23	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
50	2	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
57	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
81	12, 17, 20, 21	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
85	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
93	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
105	18	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
135	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
144	18	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
150	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
156	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
171	2, 4, 14	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
174	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
183	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
222	9	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
243	22	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
261	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
262	3	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	28	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
263	3, 18, 28	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
268	18	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
269	18, 28	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน

## ตารางที่ 4.5 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
276	9, 18, 29	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
279	12, 17, 20, 21, 28	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	10, 18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
342	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
369	3, 9	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
400	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
409	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
420	9	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
424	12, 17, 20, 21	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
425	18	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
430	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
441	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
444	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
447	9	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
456	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
459	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
480	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
492	3, 22	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
501	18, 27	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
502	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
525	18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
540	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
552	3, 9	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
579	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
585	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
592	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.5 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
600	26	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
609	7	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
612	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
615	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
618	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.6 ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

ตำแหน่ง	ชนิดกลายไ้ม้	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
50	2	A เป็น G	Arg/Lys
81	12, 17, 20, 21	C เป็น A	Asp/Phe
85	18	G เป็น A	Glu/Lys
261	18	G เป็น T	Glu/Asp
262	3	G เป็น T	Val/Ser
	18	G เป็น C	Val/Pro
	28	G เป็น A	Val/Thr
263	3	T เป็น C	Val/Ser
	18	T เป็น C	Val/Pro
268	18	G เป็น C	Val/Pro
269	18	T เป็น C	Val/Pro
279	12, 17, 20, 21, 28	A เป็น C	Glu/Asp
	10, 18	A เป็น T	Glu/Asp
424	12, 17, 20, 21	T เป็น G	Ser/Ala
430	18	T เป็น A	Ser/Thr

\*1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้มนดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหวดปลาหมึก (7) เอื้องน้มนดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้มนกุหลวง (10) เอื้องนิมมานรดี (11) เอื้องทำทานใต้ (12) เอื้องน้มนดอยสุเทพ (13) เอื้องน้มนปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้มนมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้มนกุ (26) เอื้องน้มนปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปิเฟรา (29) เอื้องน้มนาง และ (30) เนกลีคตา

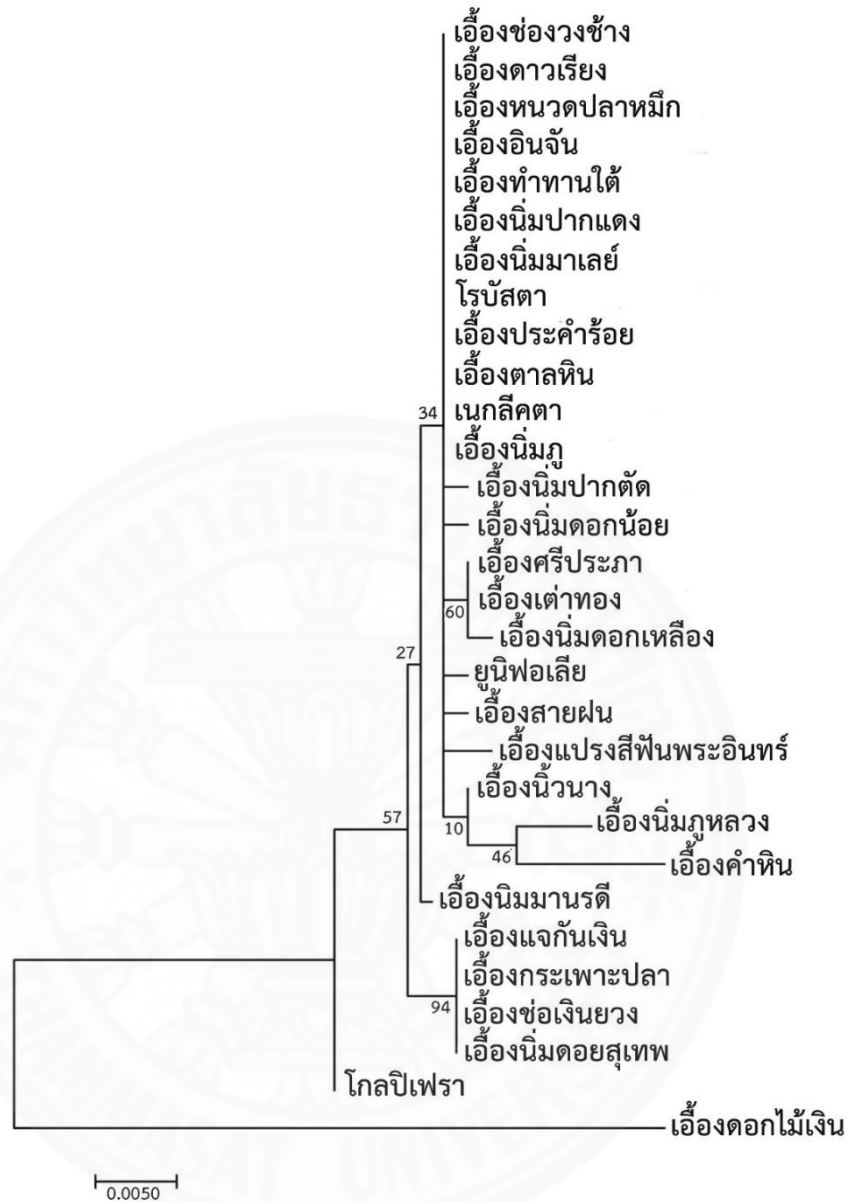
เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW และนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่วิเคราะห์ได้ไปสร้างแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7.0 (molecular evolutionary genetics analysis version 7.0) จะได้ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.000-0.066 (ภาพที่ 4.51) จากนั้นสร้างแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับวิธีการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีการจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับวิธีการจัดกลุ่มและลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) มีความเหมาะสมที่สุด เนื่องจาก เมื่อพิจารณาจากแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ทั้ง 30 ชนิด มีจำนวน 10 ชนิด หรือคิดเป็น 33.33 เปอร์เซ็นต์ ที่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องน้มนปากตัด เอื้องน้มนดอกน้อย เอื้องน้มนดอกเหลือง ยูนิฟอเลีย เอื้องสายฝน เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ เอื้องน้มนกุหลวง เอื้องคำหิน เอื้องนิมมานรดี และเอื้องดอกไม้เงิน และมีจำนวน 20 ชนิด หรือคิดเป็น 66.67 เปอร์เซ็นต์ ที่ไม่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องช่องวงช้าง เอื้องดาวเรียง เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องอินจัน เอื้องทำทานใต้ เอื้องน้มนปากแดง เอื้องน้มนมาเลย์ โรบัสตา เอื้องประคำร้อย เอื้องตาลหิน เนกลีคตา เอื้องน้มนกุ เอื้องศรีประภา เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนาง เอื้องแจกันเงิน เอื้องกระเพาะปลา เอื้องช่อเงินยวง เอื้องน้มนดอยสุเทพ และโกลปิเฟรา (ภาพที่ 4.52) แต่อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาที่ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยตรงและวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลกระทบต่อารเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตาราง

ที่ 4.6) จะพบตำแหน่งที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.50) ซึ่งจะเห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ยังจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิดออกจากกันได้น้อยและการจัดจำแนกยังไม่ตรงตามกลุ่มของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ ดังนั้นจึงควรวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ









ภาพที่ 4.52 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*

#### 4.3.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน *rpoC1* จำนวน 663 เบส (base) มีความแตกต่างกัน 63 ตำแหน่ง คิดเป็น 9.50 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.53) ซึ่งความแตกต่างในแต่ละตำแหน่งเป็นดังตารางที่ 4.7

```

1      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
15     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
10     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
13     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
25     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
2      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
14     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
4      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
12     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
17     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
20     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
21     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
16     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
27     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
3      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
9      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
22     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
28     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
5      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
6      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
29     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
24     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
11     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
8      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
23     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
26     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
30     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
7      GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
19     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
18     GTGGATACACTTCTTGATAATGGGATCCGCGGACAACCATGAGAGATGGTCATAATAAA 60
*****

```













```

1          CTTATGTTTTCTCA 554
15         CTTATGTTTTCTCA 554
10         CTTATGTTTTCTCA 554
13         CTTATGTTTTCTCA 554
25         CTTATGTTTTCTCA 554
2          CTTATGTTTTCTCA 554
14         CTTATGTTTTCTCA 554
4          CTTATGTTTTCTCA 554
12         CTTATGTTTTCTCA 554
17         CTTATGTTTTCTCA 554
20         CTTATGTTTTCTCA 554
21         CTTATGTTTTCTCA 554
16         CTTATGTTTTCTCA 554
27         CTTATGTTTTCTCA 554
3          CTTATGTTTTCTCA 554
9          CTTATGTTTTCTCA 554
22         CTTATGTTTTCTCA 554
28         CTTATGTTTTCTCA 554
5          CTTATGTTTTCTCA 554
6          CTTATGTTTTCTCA 554
29         CTTATGTTTTCTCA 554
24         CTTATGTTTTCTCA 554
11         CTTATGTTTTCTCA 554
8          CTTATGTTTTCTCA 554
23         CTTATGTTTTCTCA 554
26         CTTATGTTTTCTCA 554
30         CTTATGTTTTCTCA 554
7          CTTATGTTTTCTCA 554
19         CTTATGTTTTCTCA 554
18         CTTATGTTTTCTCA 554
*****

```

ภาพที่ 4.53 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ด้วยโปรแกรม ClustalW [ 1-30 คือ

(1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้ิมดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่อวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องน้ิมดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้ิมกุหลวง (10) เอื้องน้ิมมานรดี (11) เอื้องทำทานใต้ (12) เอื้องน้ิมดอยสุเทพ (13) เอื้องน้ิมปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้ิมมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้ิมกุ (26) เอื้องน้ิมปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปิเฟรา (29) เอื้องน้ิมนาง และ (30) เนกลีคตา (เครื่องหมาย \* แสดงถึงตำแหน่งที่มีนิวคลีโอไทด์เหมือนกันทั้งหมดในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด

รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ อินเดล (indel) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ ทรานสเวอร์ชัน (transversion) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน (pyrimidine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ พิวรีนทรานสิชัน (purine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ ■ คือ การกลายหลายรูปแบบ]]

ตารางที่ 4.7 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
30	5, 6	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
31	18, 19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
39	4, 18, 19	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
42	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
44	22	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
45	18, 19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
69	18, 19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
72	30	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
78	18, 19	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
93	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
99	18, 19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
111	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
120	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
132	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
135	15	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
144	3, 9	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
147	23	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
153	1, 2, 4, 10, 12, 13, 14, 15, 17, 20, 21, 25	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
160	9	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
162	18, 19	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
173	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
174	8, 23, 26, 30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
187	3	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
204	18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
219	21, 30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.7 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
222	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
243	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
244	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
252	12, 17, 20, 21	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
254	18, 19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
259	18	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
262	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
275	18, 19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
291	18, 19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
312	18	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
313	12, 17, 20, 21	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
315	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
318	18, 19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
327	18	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
336	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
339	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
344	18, 19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
357	2, 4, 14	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
360	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
372	18, 19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
375	12, 16, 17, 20, 21, 27	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
378	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
399	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
405	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
411	21	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.7 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
420	17	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
426	18, 19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
429	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
462	1, 2, 4, 10, 12, 13, 14, 15, 17, 20, 21, 25	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
468	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
471	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
480	7	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
495	28	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
501	7, 18, 19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
513	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
516	9	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
528	18, 19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
531	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน

**ตารางที่ 4.8** ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpcC1* ที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อลำดับกรดอะมิโน เมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

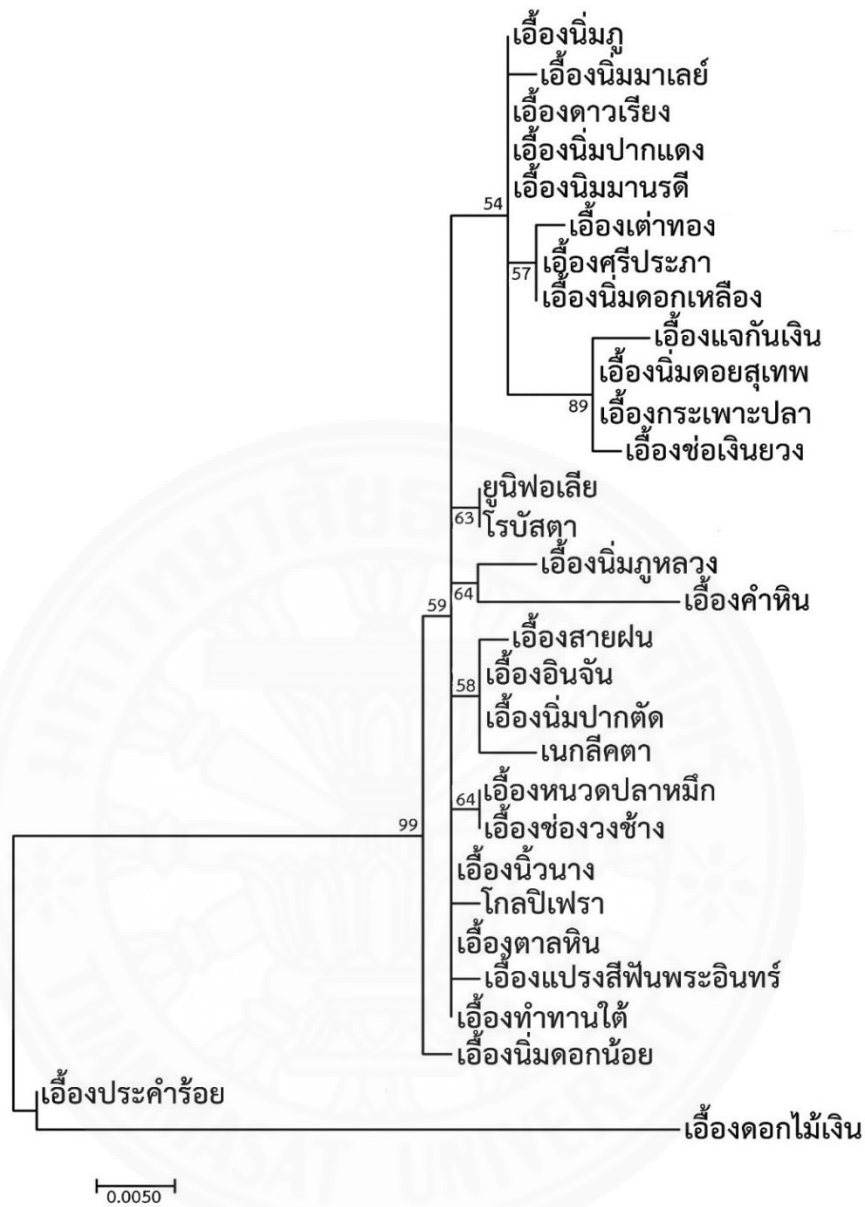
ตำแหน่ง	ชนิดกล้วยไม้	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
31	18, 19	G เป็น A	Gly/Arg
42	18	G เป็น A	Met/Ile
44	22	G เป็น T	Arg/Ile
160	9	G เป็น A	Val/Ile
173	18	T เป็น C	Leu/Ser
187	3	C เป็น G	Gln/Glu
244	18	G เป็น A	Gly/Ser
254	18, 19	G เป็น A	Arg/Lys
259	18	G เป็น C	Asp/His
262	18	G เป็น A	Val/Ile
275	18, 19	C เป็น T	Thr/Ile
313	12, 17, 20, 21	A เป็น G	Ile/Val
344	18, 19	A เป็น G	Gln/Arg

\*1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหวดปลาหมึก (7) เอื้องน้่มดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้่มภูหลวง (10) เอื้องน้่มมานรดี (11) เอื้องท่าทานใต้ (12) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (13) เอื้องน้่มปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้่มมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้่มภู (26) เอื้องน้่มปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปีเฟรา (29) เอื้องน้่มนาง และ (30) เนกลีคตา

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW และนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่วิเคราะห์ได้ไปสร้างแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7.0 (molecular evolutionary genetics analysis version 7.0) จะได้ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรม อยู่ระหว่าง 0.000-0.081 (ภาพที่ 4.54) จากนั้นสร้างแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีการจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) เนื่องจากให้ผลสอดคล้องกับการจำแนกตรงตามหมู่และสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างของกล้วยไม้สกุลก้านก่อมากที่สุด เมื่อพิจารณาจากแผนภูมิตวิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ ทั้ง 30 ชนิด มีจำนวน 12 ชนิด หรือคิดเป็น 40 เปอร์เซ็นต์ ที่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องนั้มาเลย์ เอื้องเต่าทอง เอื้องแจกันเงิน เอื้องช่อเงินยวง เอื้องนั้ภูหลวง เอื้องคำหิน เอื้องสายฝน เนกลีศดา โกลปิเฟรา เอื้องแปรงสีพันพระอินทร์ เอื้องนั้ดอกน้อย และเอื้องดอกไม้เงิน และมีจำนวน 18 ชนิด หรือคิดเป็น 60 เปอร์เซ็นต์ ที่ไม่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องนั้ภู เอื้องดาวเรียง เอื้องนั้ปากแดง เอื้องนั้มานรดี เอื้องศรีประภา เอื้องนั้ดอกเหลือง เอื้องนั้ดอยสุเทพ เอื้องกระเพาะปลา ยูนิฟอเลีย โรบัสตา เอื้องอินจัน เอื้องนั้ปากตัด เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องช่อวงช้าง เอื้องนั้นาง เอื้องตาลหิน เอื้องทำทานใต้ และเอื้องประคำร้อย (ภาพที่ 4.55) แต่อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาที่ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยตรงและวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* บริเวณตำแหน่งที่พบความหลากหลายและส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.8) จะพบตำแหน่งที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.53) นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงตามหมู่จำนวน 2 หมู่ ได้แก่ (1.) หมู่ *Aeridostachya* ได้แก่ ยูนิฟอเลียและโรบัสตา และ (2.) หมู่ *Urostachya* ได้แก่ เอื้องหวดปลาหมึกและเอื้องช่อวงช้าง แสดงให้เห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* มีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อน้อยจึงควรวิเคราะห์ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ







ภาพที่ 4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ ที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

#### 4.3.3.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยโปรแกรม ClustalW วิธี multiple alignment พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* จำนวน 591-913 เบส (base) มีความแตกต่างกัน 651 ตำแหน่ง คิดเป็น 71.30 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 4.56) ซึ่งความแตกต่างในแต่ละตำแหน่งเป็นดังตารางที่ 4.9

```

1      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
13     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
14     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
4      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
10     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
2      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
7      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
9      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
5      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCT--CC 60
6      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
12     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
21     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCC- 60
20     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
17     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
8      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
11     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
25     CGCGCATGGTGGATTACAATCCGC-----CCT--C 60
28     CGCGCATGGTGGATTACAATCCGC-----CCCTCCC 60
15     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
18     CGCGCATGGTGGATTACAATCCGC-----CCCTCCC 60
26     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGG-----CTACATCGGCC 60
16     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
29     CGCGCATGGTGGATTACAATCCGC-----CCCTCCC 60
24     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCC- 60
22     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
30     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
27     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTTCC 60
23     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
19     CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
3      CGCGCATGGTGGATTACAATCCAATGCCTTGATCCACTTGGCTACATCGCCCCCTCCC 60
*****

```







```

1      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
13     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
14     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
4      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
10     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
2      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
7      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
9      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
5      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
6      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
12     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
21     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
20     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
17     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
8      CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
11     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
25     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
28     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
15     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
18     CACTTTCGTGAAACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
26     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
16     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
29     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
24     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
22     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
30     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
27     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
23     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
19     CACTTTCGTGAGACACGGAGAAACGATAATAAACTCTCGTTCGTTAGTCGTTCTACTAAGT 480
3      CAAATCCA-----ACCAACAA--GATAGCAA--TCCCAATATCTTTGTTCTAGAAACA 480
      ** * * * * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
  
```

```

1      ATTTCATGTGAAAAGCCTTA-----AGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
13     ATTTCATGTGAAAAGCCTTA-----AGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
14     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
4      ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
10     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
2      ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
7      ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
9      ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
5      ATTTCATGTGAAAAGCCT-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
6      ATTTCATGTGAAAAGCCT-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
12     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
21     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
20     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
17     -----GAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
8      ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
11     A-----AAAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTATTTATCTT-ATAG 540
25     ATTTCATGTGAAA-----TATCTTAA-----TATCAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
28     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
15     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
18     ---TGAAAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTATTTATCTT-ATAG 540
26     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
16     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAAATATTATCTTAATAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
29     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
24     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
22     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
30     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
27     ATTTCATGTGAAAAGCCTTATCTTAA-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
23     ATTTCATGTGAAAAGCCT-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
19     ATTTCATGTGAAAAGCCT-----TAFTAAGAGTCTTTATCTT-ATAG 540
3      AGATATTGGGGATTGCTATCTTAA-----AAAATTCATATCTATCTA- 540
  
```

```

1 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
13 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
14 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATTAAAGAGTAAGAGTATAGGTATATTTCTTTT 600
4 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
10 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
2 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
7 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
9 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
5 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
6 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
12 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
21 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
20 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
17 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
8 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
11 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
25 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
28 TAAGAGTAAGAGTAAGAGTATAGGTATAATT-----CTTTT 600
15 TAAGAGTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
18 TAAGACTAAAAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
26 TAAGACTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
16 TAAGACTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
29 TAAGACTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
24 TAAGACTAAGAGTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
22 TAAGACTAAGAGTC-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
30 TAAGACTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
27 TAAGACTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
23 TAAGACTA-----TAGGTATAATT-----CTTTT 600
19 -----TTA-----CTTTT 600
3 TAAGAATAAAG-----AG-----TATTA-----TCC 600

```

\*\*

```

1 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
13 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
14 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
4 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
10 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
2 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
7 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
9 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
5 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
6 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
12 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
21 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
20 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
17 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
8 ATTTTTCTAGTATACTAATACTAATACTAATAAGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
11 CTTTTCTAGTATACT--TAGTA--TACTAATAAGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
25 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
28 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
15 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
18 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAAACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
26 CTTTTCTAGTATACT-----AATACTAATAAGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
16 ATTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
29 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
24 ATTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
22 ATTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
30 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
27 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
23 CTTTTCTAGTATACT-----AATA-----AGACTTAGACTTTTCTGACTTAFCCTTAT 660
19 -----TCTT-----AATA-----CTTA-----CTTTT 660
3 ATTTATAGATGGAAGCT--TCACCA-----GAAGCTAGATCTA---GAGGGAGTTGT 660

```

\* \*

\*



```

1      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
13     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
14     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
4      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
10     ACTATACTTCA-----TTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
2      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
7      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
9      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
5      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
6      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
12     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGTGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
21     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
20     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
17     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
8      ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
11     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
25     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
28     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
15     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
18     ACAATACCTCACCCAGGCCCTTAATCATTTTTGTGCGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
26     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
16     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
29     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
24     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
22     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
30     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
27     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
23     ACTATACTTCACCTAGGCCTTAATCATTCAATTGGCGGGGGAGAACTTTTATGATAAAGAA 720
19     ---ATACTTAATA-----TTAAGAGTCTT-----ATCTTTTTTTATCTTA 720
3      G-AGCATTACGTTTCATGCA--TAA----- 720
          *                **
    
```

```






1      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAATAC-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
13     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAATAC-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
14     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAT-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
4      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAT-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
10     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAATAC-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
2      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAT-----CCCTGAATCCAAGAAT----- 780
7      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAA----- 780
9      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAA----- 780
5      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTT-----AGCT----- 780
6      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGACCTCCAA--CAAGATAAAGAT----- 780
12     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTTAGCT--CAACATATACGTATGT----- 780
21     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTTAGCT--CAACATATACG----- 780
20     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTTAGCT--CAACATATAAT----- 780
17     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTTAGCT--CAACATATATCCAATGAA----- 780
8      CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTTTAGCTCAACATAATCCAT----- 780
11     CGAAAATTCGGATAGAGA-----CCCTGAATCCA----- 780
25     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAAG-----AAT 780
28     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAA----- 780
15     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAATGAATCCAAGAAT 780
18     CCAACACTCGGATAGAGAAGCAAAAGACA-----CCCTGATTCCTT----- 780
26     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTT-----TTAGCTCAACATAAAATCAAAAT 780
16     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAAT----- 780
29     CAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAAT----- 780
24     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCAAAATATACAA----- 780
22     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAA----- 780
30     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAATCC----- 780
27     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCCAAAAGAC-----CCCTGAATCCAA----- 780
23     CGAAAATTCGGATAGAGAAGCAAAAGTT-----TGAAACCCA----- 780
19     CAAGTATCTTACAAGATA----- 780
3      ----- 780
    
```

1 -CCAAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 13 -CCAAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 14 -CCAAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 4 -CCAAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 10 -CCAAATCCAATAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 2 -CCAAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 7 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 9 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 5 --CAACATATAAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 6 --CAACAAGATAAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 12 --CTGTTGAATCCAATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 21 --CCAATGAATCCAATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 20 ---CCAAGATCCAATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTTTCTAAGAAAAGATAAT--GG 840  
 17 ---TCCAAGATCCAATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 8 ----AATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 11 ----AATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 25 CCA-AATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 28 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 15 CCA-AATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 18 ----ATCTTACAAGATAGCGGCCCCCCCATCTTGTTGTTAATAAAAAAAAAATTGGG 840  
 26 CCATAATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATTTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 16 -----CCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTA-----AGATAAT--GG 840  
 29 -----CCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCT-----T--GG 840  
 24 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 22 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 30 --AATAAGATACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 27 ----ATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT-GGG 840  
 23 ----AATCCAACAAGATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 19 -----GCAATAGCAATCCCCCAAT-ATCTTGTTCTAAGAACAAGATAAT--GG 840  
 3 ----- 840

1 GGGATTGCTATCTTC-----CTCTAATTCATATAGATG-T 900  
 13 GG-ATTGCTATCTTC-----CTCTAATTCATATAGATG-T 900  
 14 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 4 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 10 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 2 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 7 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 9 GG-ATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 5 GGGATTGCTATCTTT-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 6 GGGATTGCTATCTTT-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 12 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 21 GGGATTGCTAT-----ATTCATATACATC-T 900  
 20 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 17 GGGATTGCTATCTTCCT-----TCATCTAATACATATAGATG-T 900  
 8 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 11 GGGATTGCTATCTTC-----ATTTAATTCATATACATC-T 900  
 25 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 28 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 15 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATG-T 900  
 18 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTCATTCTTATACAT--C 900  
 26 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 16 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 29 GGGATTGCTATCTTC-----ATTTAATTCATATACATC-T 900  
 24 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 22 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACGTGGG 900  
 30 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATAGATA-T 900  
 27 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCATATACATC-T 900  
 23 GGGATTGCTATATTCATCTAATTCATATACATCTATATTCATCTAATTCATATACATG-T 900  
 19 GGGATTGCTATCTTC-----ATCTAATTCAT----- 900  
 3 ----- 900

1 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 13 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 14 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 4 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 10 ATATGAGTTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 2 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 7 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 9 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 5 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 6 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTTATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 12 ATATATATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTTTATAGAGGG-AGCTTCAACAGA 960  
 21 ATATGTATTA-GATGAATACATAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 20 ATATGTATTA-GATGAATACATAA-GTATTATCCATTT-ATAGAGGG-AGCTTCAACAGA 960  
 17 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAAATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 8 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 11 ATATAAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AACTTCAACAGA 960  
 25 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTTTATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 28 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 15 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 18 GTATTAATTAAGATGAGACAAAAAGTAAATCCCTTCTATTAATGA-GCATTACGTTCA 960  
 26 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 16 ATATGAA-TTAGATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AACTTCAACAGA 960  
 29 ATATGAA-TTAAATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 24 ATATGAAGTTAGATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGGGAGCTTCAACAGA 960  
 22 ATATAAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 30 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 27 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGATGG-AACTTCAACAGA 960  
 23 ATATGAATTA-GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTTTATAGATGG-AGCTTCAACAGA 960  
 19 -----GATGAATACAAAA-GTATTATCCATTT-ATAGCTGG-AGCTTCAACAGA 960  
 3 ----- 960

1 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 13 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 14 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 4 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 10 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 2 AGCTAGATCTAGAGGGAACTTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 7 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 9 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 5 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 6 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 12 AGCTAGATCTAGAGGGAACTTTGTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 21 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 20 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 17 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 8 -GCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 11 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 25 AGCTAAAATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 28 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 15 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 18 TGCATAAC----- 1006  
 26 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 16 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 29 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 24 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 22 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 30 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 27 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 23 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 19 AGCTAGATCTAGAGGGAACTT-GTGAGCATTACGTTTCATGCATAAC 1006  
 3 ----- 1006

ภาพที่ 4.56 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ด้วยโปรแกรม ClustalW [ 1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหนวดปลาหมึก (7) เอื้องน้่มดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้่มภูหลวง (10) เอื้องน้่มมานรดี (11) เอื้องทำทานใต้ (12) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (13) เอื้องน้่มปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้่มมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้่มภู (26) เอื้องน้่มปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปีเฟรา (29) เอื้องน้่มนาง และ (30) เนกลีคตา (เครื่องหมาย \* แสดงถึงตำแหน่งที่มีนิวคลีโอไทด์เหมือนกันทั้งหมดในกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ อินเดล (indel) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ ทรานสเวอร์ชัน (transversion) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน (pyrimidine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ พิวรีนทรานสิชัน (purine transition) รูปแบบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์  คือ การกลายหลายรูปแบบ]

ตารางที่ 4.9 ตำแหน่งที่เกิดความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกล้วยไม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
24	18, 25, 28	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
25	3, 5, 6, 15, 22, 25, 28, 29	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
26	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
27	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
28	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
29	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
30	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
31	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
32	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
33	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
34	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
35	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
36	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
37-42	15, 18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
43-48	15, 18, 25, 26, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
49	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
50	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไม่*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
51	18, 25, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
	15	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	26	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
52	25, 28	Gap (deletion)	อินเดล
53	26	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
54	26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
55	4, 5, 25, 30	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
56	25	Gap (deletion)	อินเดล
	26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
57	5, 25	Gap (deletion)	อินเดล
	26	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
58	5, 25	Gap (deletion)	อินเดล
	27	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
59	25	Gap (deletion)	อินเดล
60	21, 24	Gap (deletion)	อินเดล
61	25, 26, 27	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
62	9	Gap (deletion)	อินเดล
63	10, 27	Gap (insertion)	อินเดล
66	28	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
72	25	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	18	Gap (deletion)	อินเดล
75	8, 13	Gap (insertion)	อินเดล
76	25, 28	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
77	12	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
78	7, 9, 28	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
79	28	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
82	6	Gap (deletion)	อินเดล
91	28	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
93	25, 28	Gap (deletion)	อินเดล
96	22, 25	Gap (deletion)	อินเดล
97-102	22	Gap (deletion)	อินเดล
103	22, 28	Gap (deletion)	อินเดล
104	5, 6	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
110	7, 9	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
130-136	3, 5, 6	Gap (insertion)	อินเดล
138	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
140	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
147	18	Gap (deletion)	อินเดล
153	25, 28	Gap (insertion)	อินเดล
156	28	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	30	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
165	3, 7, 9, 19, 29	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
173	8	Gap (insertion)	อินเดล
236	30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
239	9	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
345	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
386-395	3	Gap (deletion)	อินเดล
397	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
400-401	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน



ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
405	3	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
407	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
409	3	Gap (insertion)	อินเดล
411	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
412	18	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
413	18	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
416	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
417	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
418	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
419	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
420	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
423	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
424	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
426	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
428	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
429-434	3	Gap (deletion)	อินเดล
437	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
441	30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
444-445	3	Gap (deletion)	อินเดล
450	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
451	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
454	3	Gap (deletion)	อินเดล
457	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
459	3	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
460	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
461	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
462	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
464	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
465	3	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
466	3	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
468	3, 23	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
472	16	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
475	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
476	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
479	11	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	18	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
480	11	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	18	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
481	17, 18	Gap (deletion)	อินเดล
482	11, 17, 18	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
483	11, 17, 18	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
484	11, 17	Gap (deletion)	อินเดล
	3, 18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
485	11, 17	Gap (deletion)	อินเดล
	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
486	11, 17	Gap (deletion)	อินเดล
	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
487	17	Gap (deletion)	อินเดล
	11, 18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
488	11, 18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
490-492	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
493	25	Gap (deletion)	อินเดล
494	25	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
495	25	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
496	25	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
497	19, 25	Gap (deletion)	อินเดล
498-499	5, 6, 19	Gap (deletion)	อินเดล
500-503	1, 5, 6, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล
504	1, 5, 6, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	29	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
505	1, 5, 6, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล
506-516	16	Gap (deletion)	อินเดล
517-518	1, 3, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
519	1, 3, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	23	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
520-521	1, 3, 13, 19	Gap (deletion)	อินเดล
522	19	Gap (deletion)	อินเดล
523	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
524	19	Gap (deletion)	อินเดล
525	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
526	19	Gap (deletion)	อินเดล
527	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
528	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
529	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
530-535	19	Gap (deletion)	อินเดล
536	3, 6	Gap (insertion)	อินเดล
537	3, 22	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	19	Gap (deletion)	อินเดล
538-539	19	Gap (deletion)	อินเดล
540	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
541-542	19	Gap (deletion)	อินเดล
543	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
544-545	19	Gap (deletion)	อินเดล
546	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
547-548	19	Gap (deletion)	อินเดล
549	16, 19, 23, 27, 30	Gap (deletion)	อินเดล
550	3, 18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	16, 19, 23, 27, 30	Gap (deletion)	อินเดล
551-552	16, 19, 23, 27, 30	Gap (deletion)	อินเดล
553	3, 16, 19, 23, 27, 30	Gap (deletion)	อินเดล
554	3, 16, 19, 23, 27, 30	Gap (deletion)	อินเดล
	22	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
555-560	28	Gap (insertion)	อินเดล
561	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
562-563	19	Gap (deletion)	อินเดล
564-566	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
567-568	19	Gap (deletion)	อินเดล
571	3, 19	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
572-595	14	Gap (insertion)	อินเดล
596-597	3, 7, 9, 19	Gap (deletion)	อินเดล
598	7, 9, 19	Gap (deletion)	อินเดล
599-600	7, 9, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
601	3, 8, 16, 22, 24	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	19	Gap (deletion)	อินเดล
602-604	19	Gap (deletion)	อินเดล
605	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
606	19	Gap (deletion)	อินเดล
607	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
608	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
609	19	Gap (deletion)	อินเดล
610	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
611	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
612	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสชัน
613	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
614	19	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
615	19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสชัน
616	11	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสชัน
617-618	8	Gap (insertion)	อินเดล
619-620	8, 11	Gap (insertion)	อินเดล
621-622	3, 8, 11	Gap (insertion)	อินเดล
624	11	Gap (deletion)	อินเดล

## ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
625	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
627-632	8, 11, 26	Gap (insertion)	อินเดล
633-634	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
635	19	Gap (deletion)	อินเดล
636	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
637	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
638-641	19	Gap (deletion)	อินเดล
642	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
643	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
644	19	Gap (deletion)	อินเดล
645	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
646-648	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
649-650	19	Gap (deletion)	อินเดล
651	3	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
652-653	3	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
655	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน



ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
656	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
657-658	19	Gap (deletion)	อินเดล
659	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
660	19	Gap (deletion)	อินเดล
661	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
662	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
663	19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
664	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
665	3	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
667	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
668	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
669	3	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
670	19	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
671	3	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
672	10	Gap (deletion)	อินเดล
	3,19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
673	10	Gap (deletion)	อินเดล
	19	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
674	10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	3, 18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
675	10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
676	10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	3	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
677-678	10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
679	10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
680	3, 10, 19	Gap (deletion)	อินเดล
681	3	Gap (deletion)	อินเดล
684	3, 19	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
685	19	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
686	3	Gap (deletion)	อินเดล
687	19	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
688	3	Gap (deletion)	อินเดล
689	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
690	18, 19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
691-692	3	Gap (deletion)	อินเดล
693-702	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
703	3	Gap (deletion)	อินเดล
704	19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
705-709	3	Gap (deletion)	อินเดล
710	18, 19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
711	3	Gap (deletion)	อินเดล
712	19	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
713	19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
714	5, 6	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	11	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
715	3	Gap (deletion)	อินเดล
716	19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
717	19	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
718	19	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
719	19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
720	3	Gap (deletion)	อินเดล
721	3	Gap (deletion)	อินเดล
722	19	G เป็น A	พิวรีนทรานสชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
723	3	Gap (deletion)	อินเดล
724	19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
725	19	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
726	3	Gap (deletion)	อินเดล
727	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
728	19	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
729	19	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
730	19	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
731	19	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
732	19	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
733	19	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
734-736	3	Gap (deletion)	อินเดล
737	19	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
738	3	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
739-745	3, 11, 19	Gap (deletion)	อินเดล
746	1, 10, 13	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 11, 19	Gap (deletion)	อินเดล
747	3, 5, 8, 11, 12, 17, 19, 20, 21, 23, 26	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
748	2, 4, 5, 8, 12, 14, 17, 20, 21, 23, 26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3, 11, 19	Gap (deletion)	อินเดล
749	5, 6, 8, 12, 17, 18, 20, 21	Gap (insertion)	อินเดล
750	5, 6, 8, 12, 17, 20, 21	Gap (insertion)	อินเดล
751-754	6, 8, 12, 17, 20, 21	Gap (insertion)	อินเดล
755	6, 8, 11	Gap (insertion)	อินเดล
756	5, 18, 23, 26	Gap (deletion)	อินเดล
	8	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
757	3, 5, 19, 23, 26	Gap (deletion)	อินเดล
	6, 8, 12, 17, 20, 21	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
758	3, 5, 19, 23	Gap (deletion)	อินเดล
	6, 12, 17, 20, 21	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
759	3, 5, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	6	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	12, 17, 20, 21	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	8	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
760	3, 5, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	6, 12, 17, 20, 21,	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	26	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
761	3, 5, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	6, 12, 17, 20, 21	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	26	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
762	3, 5, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	26	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
763	3, 5, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	6, 29	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
764	5, 6, 12, 20, 21	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	17	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
765	5, 6	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	17, 20, 26	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
766	5, 23	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	12, 21	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	17, 18, 20	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
767	5, 6, 8, 12, 18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19, 20, 21	Gap (deletion)	อินเดล
	17, 26	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
768	3, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 27, 28	Gap (deletion)	อินเดล
769	3, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 16, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 25, 27, 28, 29	Gap (deletion)	อินเดล
770-771	1, 2, 4, 10, 12, 13, 14, 15, 17, 24, 26, 30	Gap (insertion)	อินเดล
772-774	15, 17, 24, 26	Gap (insertion)	อินเดล
775	15, 24, 26	Gap (insertion)	อินเดล
776-778	15, 26	Gap (insertion)	อินเดล
779-781	15, 25, 26	Gap (insertion)	อินเดล
782	1, 2, 4, 10, 13, 14, 15, 25, 26	Gap (insertion)	อินเดล
783	1, 2, 4, 5, 6, 10, 12, 13, 14, 21	Gap (insertion)	อินเดล
	17	C เป็น T	ไพรมิตินทรานสิชัน
	15, 25, 26, 30	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน



ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
784	7, 8, 9, 11, 15, 16, 18, 25, 28	Gap (deletion)	อินเดล
	12	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	17, 20, 21	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
785	3, 7, 8, 9, 11, 16, 18, 19, 22, 24, 27, 28	Gap (deletion)	อินเดล
	12	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	17, 20	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
786	5, 6	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	12	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 19, 29	Gap (deletion)	อินเดล
787	5, 6, 17, 20	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 19, 23	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
788	5	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	6	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	12, 17, 20, 21, 30	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
789	5, 12, 17, 20, 21, 30	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	6	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	5	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
790	5, 18, 30	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
791	6, 12, 17, 20, 21	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
792	5, 10	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	6	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
793	12, 17, 20, 21	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	19	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
794	19	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
795	12, 17, 19, 20, 21	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
796-800	3	Gap (deletion)	อินเดล
801-802	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
803	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
804-808	3	Gap (deletion)	อินเดล
809-810	18	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
811	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
812	18	Gap (insertion)	อินเดล
813-814	3	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
815	26	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
816	3	Gap (deletion)	อินเดล
817	16	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
818	20	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
819-820	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
821	18	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
822	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
823	1, 2, 8, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 19, 24, 25, 26, 30	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
824	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
825	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
826-827	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
828	18, 20	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
829	3, 16, 29	Gap (deletion)	อินเดล
830	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
831	8, 18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
832	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
833	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
834	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
835	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 29	Gap (deletion)	อินเดล
836	3	Gap (deletion)	อินเดล
837	18	Gap (insertion)	อินเดล
838	1, 2, 4, 7, 9, 10, 13, 14, 15, 18, 27	Gap (insertion)	อินเดล
839-840	3	Gap (deletion)	อินเดล
841-842	3	Gap (deletion)	อินเดล
843	2, 3, 4, 7, 9, 10, 13, 14	Gap (deletion)	อินเดล
844-851	3	Gap (deletion)	อินเดล
852	3, 21	Gap (deletion)	อินเดล
	23	C เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
853-854	3, 21	Gap (deletion)	อินเดล
855	5, 6	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3, 21	Gap (deletion)	อินเดล
856-857	17, 23	Gap (insertion)	อินเดล
858-878	23	Gap (insertion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
879	17, 23	Gap (insertion)	อินเดล
880	3, 21	Gap (deletion)	อินเดล
	1, 13	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
881-885	3, 21	Gap (deletion)	อินเดล
886-892	3	Gap (deletion)	อินเดล
893-894	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
895	1, 2, 4, 7, 8, 9, 10, 13, 14, 15, 17, 25, 28, 30	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
896	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	22	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
897	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
898	5, 6, 11, 12, 16, 20, 21, 24, 26, 27, 29	C เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 18, 19	Gap (deletion)	อินเดล
	30	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
899	22	Gap (insertion)	อินเดล
900	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	22	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
901-903	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
905	11, 12, 22	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	18	G เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
906	12, 20, 21	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
907	10	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
908	24	T เป็น G	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 16, 19, 26	Gap (deletion)	อินเดล
909	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
910	16, 24, 29	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
911	16, 18, 24, 29	Gap (insertion)	อินเดล
912-916	3	Gap (deletion)	อินเดล
917	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
918-921	3	Gap (deletion)	อินเดล
922	20, 21	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3, 19	Gap (deletion)	อินเดล
923	3	Gap (deletion)	อินเดล
924	3, 8	Gap (deletion)	อินเดล
925	18	Gap (insertion)	อินเดล
926-929	3	Gap (deletion)	อินเดล
930	18	T เป็น A	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
931-934	3	Gap (deletion)	อินเดล

ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
935	18	C เป็น T	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
936-937	3	Gap (deletion)	อินเดล
938	18	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
939	5, 6, 18, 23, 25	Gap (insertion)	อินเดล
940-941	3	Gap (deletion)	อินเดล
942	18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
943	17, 18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
944	19	A เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
945	12, 20	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
946	3	Gap (deletion)	อินเดล
947	18	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
948	24	Gap (insertion)	อินเดล
949	18	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
950	11, 16, 27	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	18	G เป็น C	ทรานสเวอร์ชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
951-960	3	Gap (deletion)	อินเดล



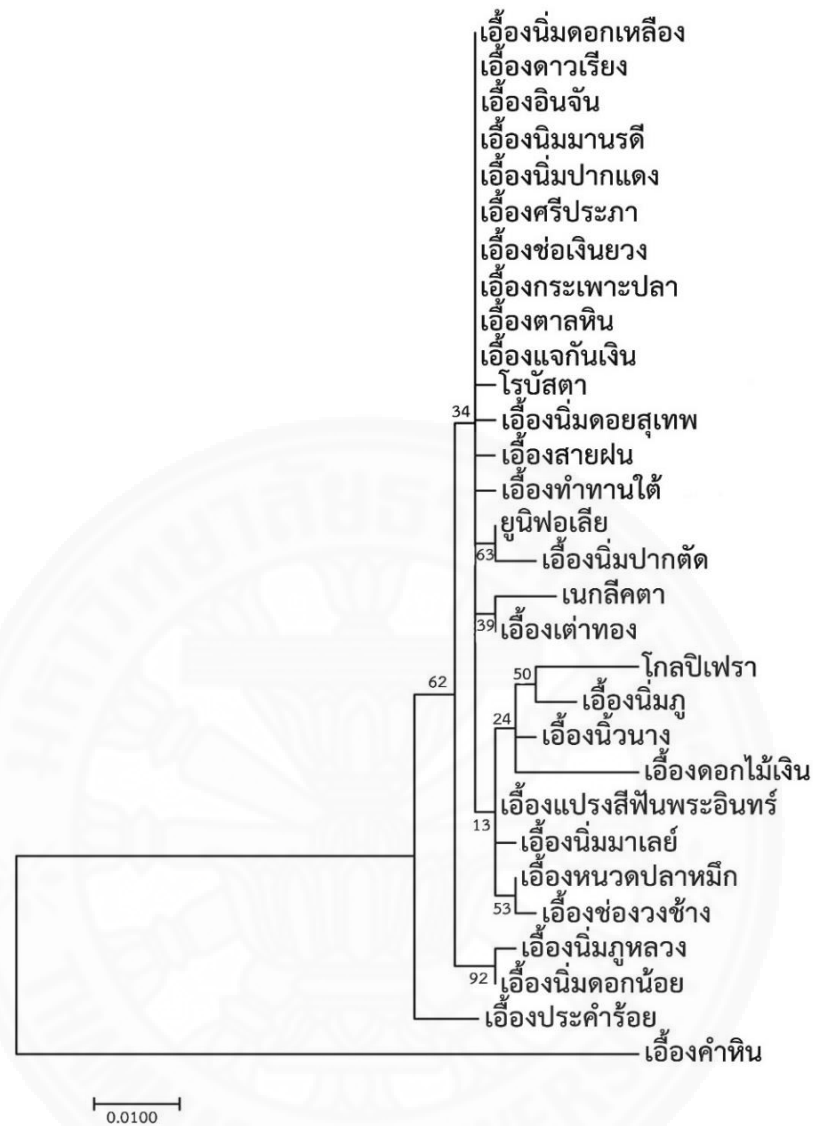
## ตารางที่ 4.9 (ต่อ)

ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์	ชนิดกลายไ้ม้*	รูปแบบการเปลี่ยนแปลง	รูปแบบการกลาย
961	3, 8	Gap (deletion)	อินเดล
	18	A เป็น T	ทรานสเวอร์ชัน
962-967	3	Gap (deletion)	อินเดล
968	18	T เป็น C	ไพริมิดีนทรานสิชัน
	3	Gap (deletion)	อินเดล
969-972	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล
973	8, 26	A เป็น G	พิวรีนทรานสิชัน
	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล
974-978	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล
979	16	G เป็น A	พิวรีนทรานสิชัน
	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล
980-981	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล
982	2, 12	Gap (insertion)	อินเดล
983-1006	3, 18	Gap (deletion)	อินเดล

\*1-30 คือ (1) เอื้องดาวเรียง (2) เอื้องน้่มดอกเหลือง (3) เอื้องคำหิน (4) เอื้องเต่าทอง (5) เอื้องช่องวงช้าง (6) เอื้องหวดปลาหมึก (7) เอื้องน้่มดอกน้อย (8) เอื้องอินจัน (9) เอื้องน้่มกุหลวง (10) เอื้องนิมมานรดี (11) เอื้องท่าทานใต้ (12) เอื้องน้่มดอยสุเทพ (13) เอื้องน้่มปากแดง (14) เอื้องศรีประภา (15) เอื้องน้่มมาเลย์ (16) โรบัสตา (17) เอื้องช่อเงินยวง (18) เอื้องดอกไม้เงิน (19) เอื้องประคำร้อย (20) เอื้องกระเพาะปลา (21) เอื้องแจกันเงิน (22) เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ (23) เอื้องสายฝน (24) เอื้องตาลหิน (25) เอื้องน้่มกุ (26) เอื้องน้่มปากตัด (27) ยูนิฟอเลีย (28) โกลปิเฟรา (29) เอื้องน้่มนาง และ (30) เนกีสิตตา

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW และนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่วิเคราะห์ได้ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7.0 (molecular evolutionary genetics analysis version 7.0) จะได้ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.000-0.132 (ภาพที่ 4.57) จากนั้นสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม 4 วิธี โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัญญาณของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและลักษณะสัญญาณของกล้วยไม้มากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) มีความเหมาะสมเนื่องจากให้ผลสอดคล้องกับการจำแนกตรงตามหมู่และสอดคล้องกับลักษณะสัญญาณโครงสร้างของกล้วยไม้สกุลก้านก่อมากที่สุด เมื่อพิจารณาจากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ทั้ง 30 ชนิด มีจำนวน 15 ชนิด หรือคิดเป็น 50 เปอร์เซ็นต์ ที่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ ไรบัสตา เอื้องนึมดอยสุเทพ เอื้องสายฝน เอื้องท่าทานใต้ เอื้องนึมปากตัด เนกลีศตา โกลปิเฟรา เอื้องนึมภู เอื้องนัวนาง เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องนึมมาเลย์ เอื้องช่องวงช้าง เอื้องนึมภูหลวง เอื้องประคำร้อย และ เอื้องคำหิน และมีจำนวน 15 ชนิด หรือคิดเป็น 50 เปอร์เซ็นต์ ที่ไม่สามารถจำแนกออกจากชนิดอื่นได้ ได้แก่ เอื้องนึมดอกเหลือง เอื้องดาวเรียง เอื้องอินจัน เอื้องนึมมานรติ เอื้องนึมปากแดง เอื้องศรีประภา เอื้องช่องเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา เอื้องตาลหิน เอื้องแจกันเงิน ยูนิฟอเลีย เอื้องเต่าทอง เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ เอื้องหนวดปลาหมึก และเอื้องนึมดอกน้อย (ภาพที่ 4.58) นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงตามหมู่จำนวน 1 หมู่ คือ หมู่ Urostachya ได้แก่ เอื้องหนวดปลาหมึกและเอื้องช่องวงช้าง แต่อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาที่ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยตรงจะพบตำแหน่งที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.56) ซึ่งจะเห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิดออกจากกันได้น้อย ดังนั้นจึงควรวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกับ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ



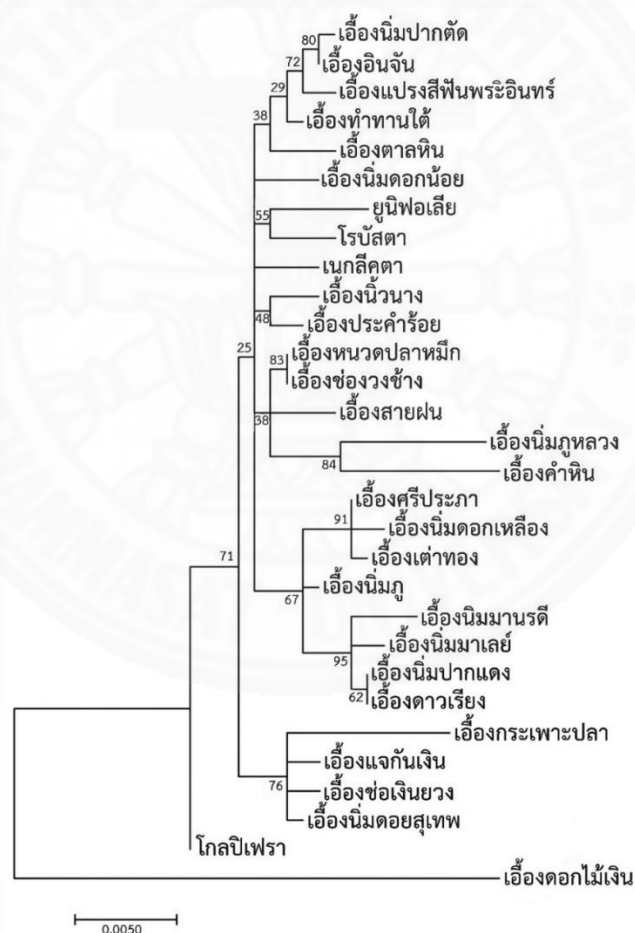


ภาพที่ 4.58 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.4 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน

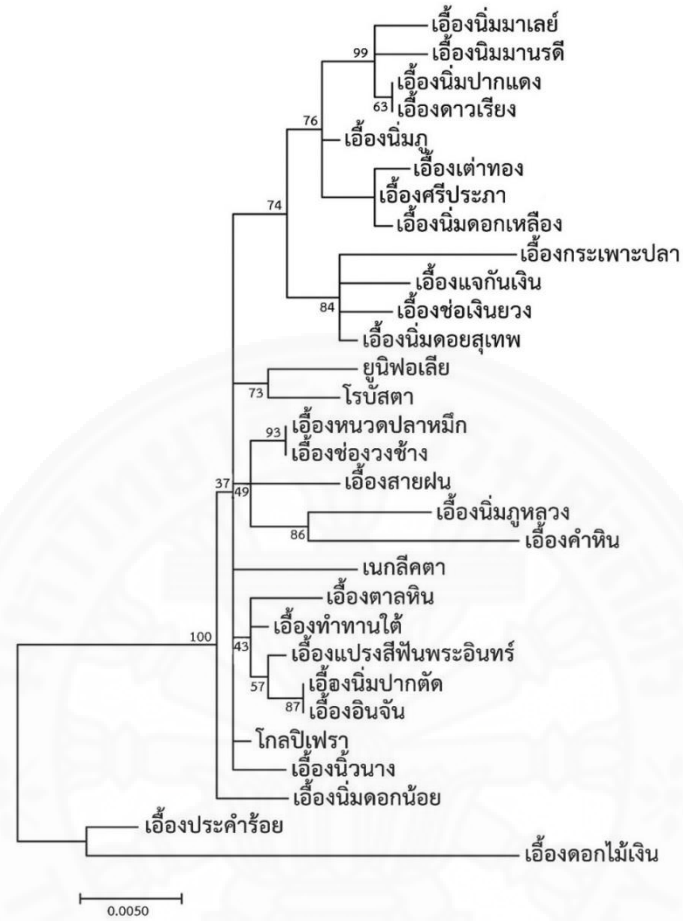
จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยวิธีสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 2 ยีน ได้แก่ (1.) ยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl* (2.) ยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* (3.) ยีน *matK* ร่วมกับยีน *trnH* ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* (4.) ยีน *rbcl* ร่วมกับยีน *rpoC1* (5.) ยีน *rbcl* ร่วมกับยีน *trnH* ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* และ (6.) ยีน *rpoC1* ร่วมกับยีน *trnH* ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

##### 4.4.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl*



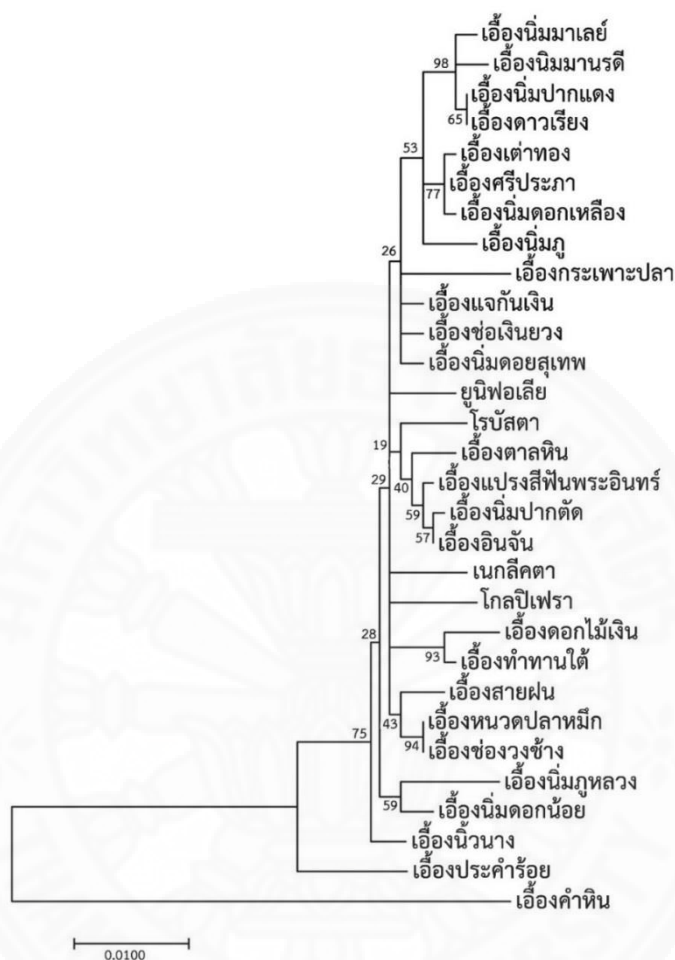
ภาพที่ 4.59 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl*

#### 4.4.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1*



ภาพที่ 4.60 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1*

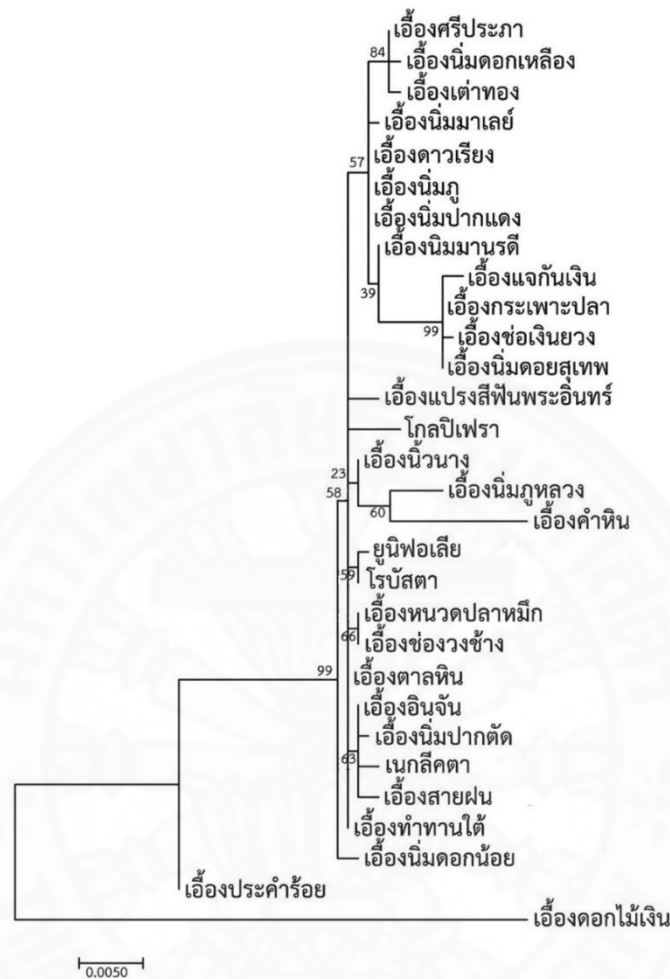
#### 4.4.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



ภาพที่ 4.61 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



#### 4.4.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับยีน *rpoC1*



ภาพที่ 4.62 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับยีน *rpoC1*

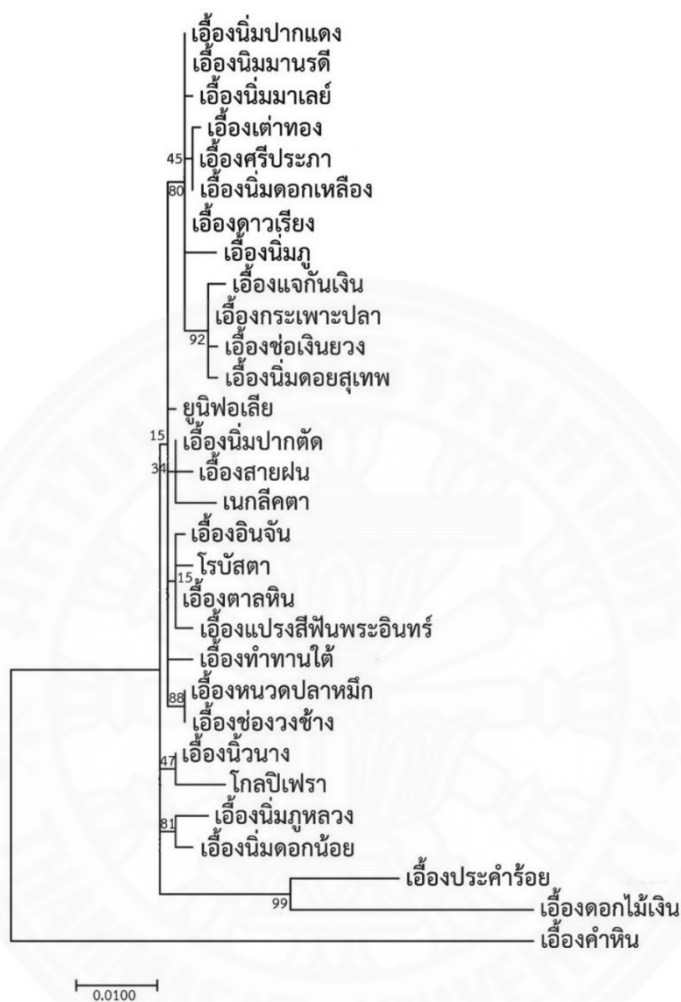


#### 4.4.5 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



ภาพที่ 4.63 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.4.6 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

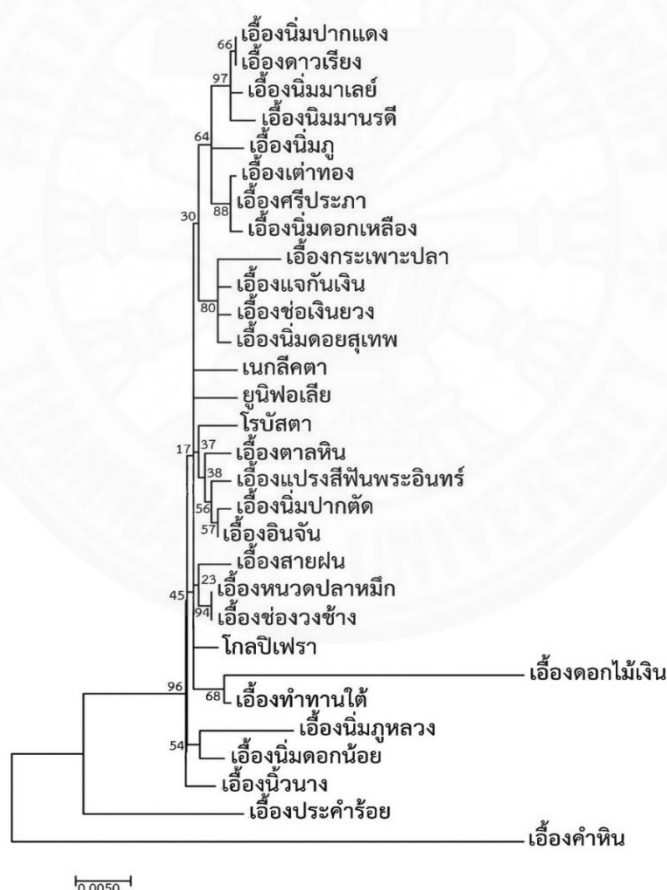


ภาพที่ 4.64 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.5 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน

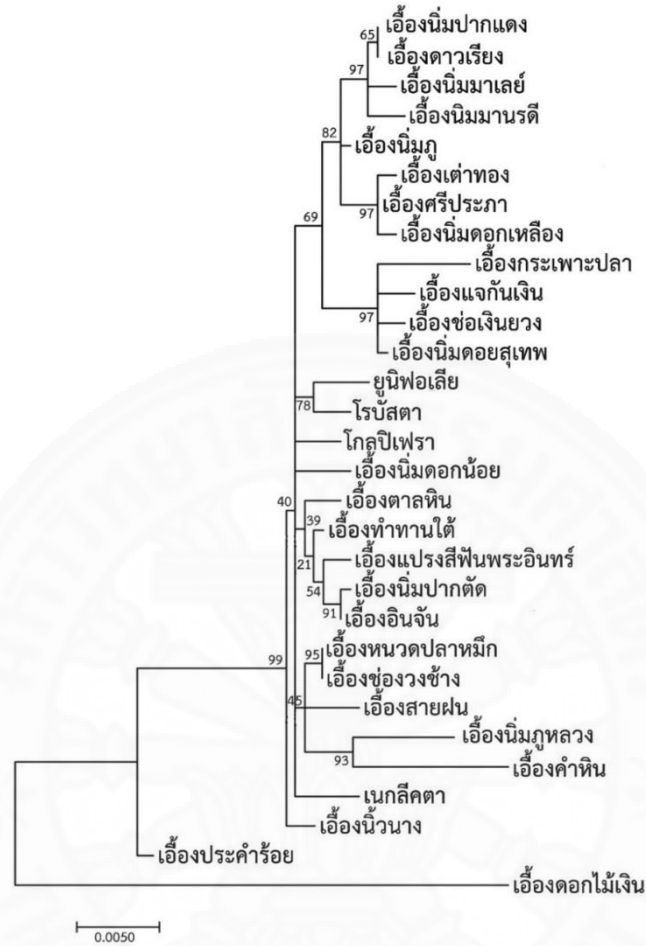
จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยวิธีสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 3 ยีน ได้แก่ (1.) ยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับ *rbcl* (2.) ยีน *matK*, *rbcl* ร่วมกับซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* (3.) ยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* และ (4.) ยีน *rbcl*, *rpoC1* ร่วมกับซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

##### 4.5.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *matK* และซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



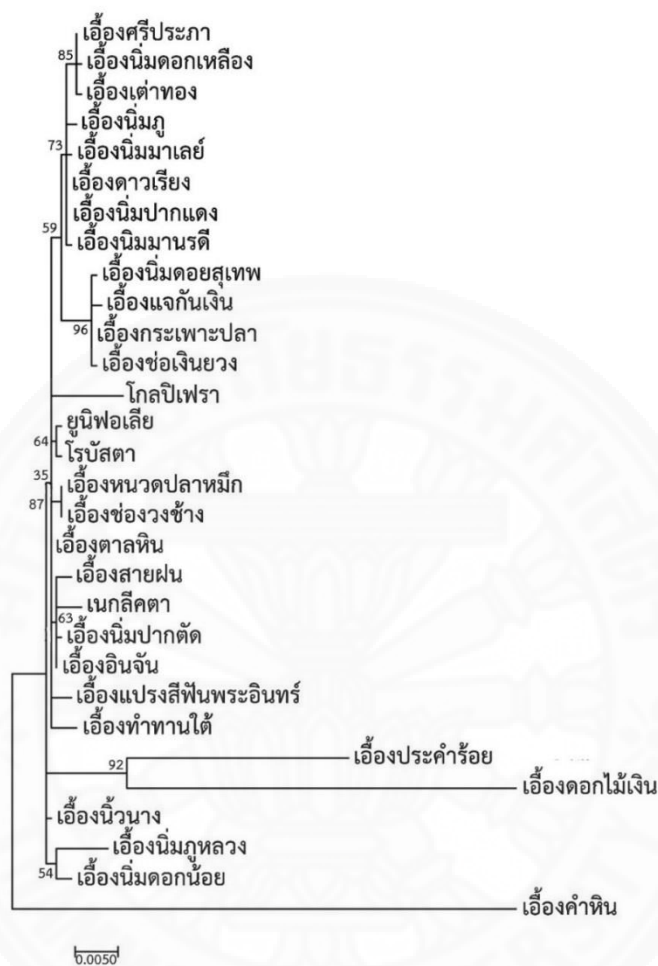
ภาพที่ 4.65 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *matK* และซินติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.5.2 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *rpoC1* และยีน *matK*



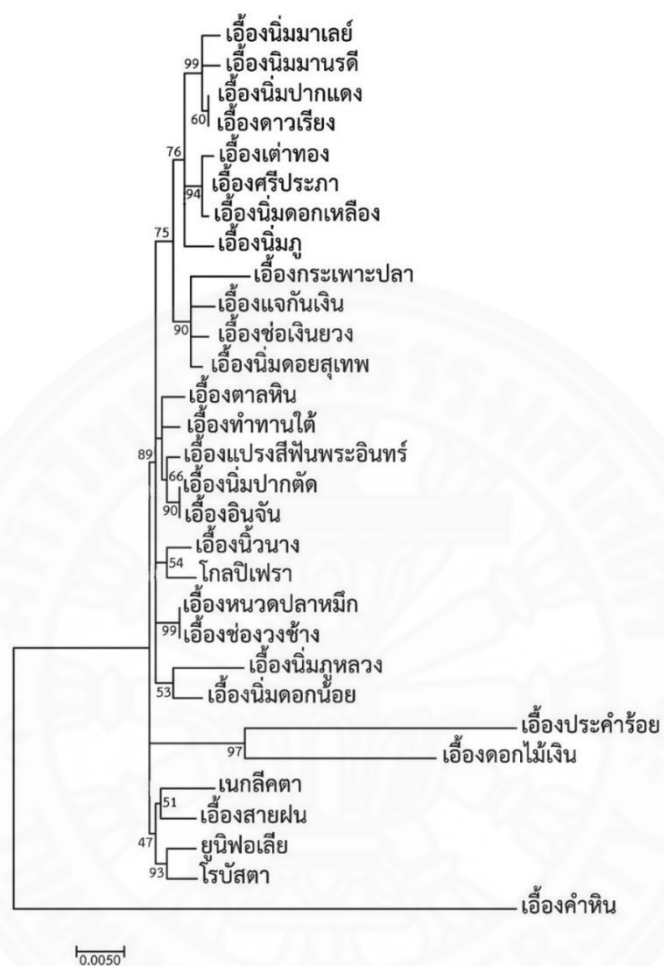
ภาพที่ 4.66 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *rpoC1* และยีน *matK*

#### 4.5.3 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



ภาพที่ 4.67 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

4.5.4 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*, ยีน *matK* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

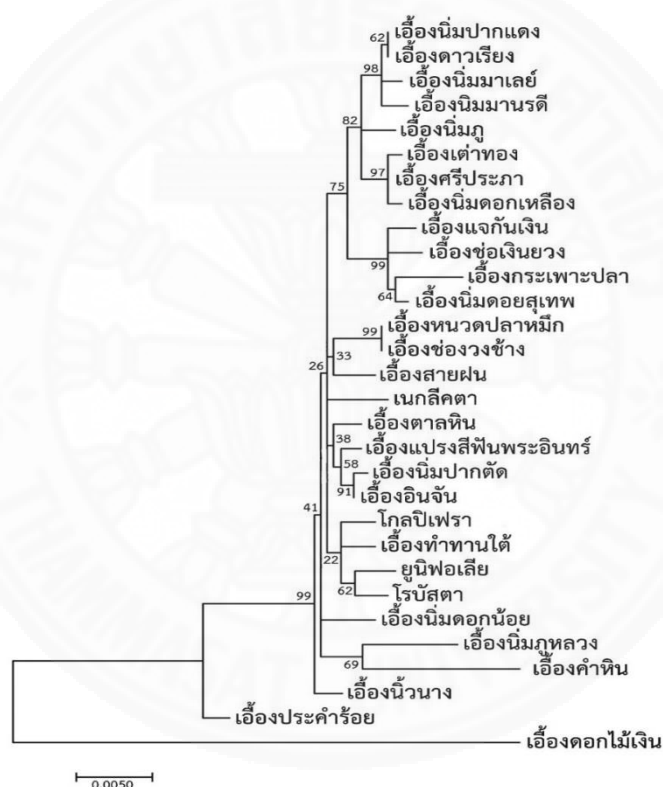


ภาพที่ 4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*, ยีน *matK* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.6 การศึกษาเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน

จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยวิธีสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน 4 ยีน คือ ยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* ร่วมกับซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ

##### 4.6.1 การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *rpoC1*, ยีน *matK* และซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*



ภาพที่ 4.69 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, ยีน *rpoC1*, ยีน *matK* และซินดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก่อด้วยวิธีสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันตั้งแต่ 2 ยีน, 3 ยีน และ 4 ยีน

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน ได้แก่ (1.) ยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl* (2.) ยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* (3.) ยีน *matK* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* (4.) ยีน *rbcl* ร่วมกับยีน *rpoC1* (5.) ยีน *rbcl* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* และ (6.) ยีน *rpoC1* ร่วมกับชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะที่จับคู่ร่วมกันไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและลักษณะสัณฐานโครงสร้างของกล้วยไม้สกุลก้านก่อมากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) เนื่องจากมีความเหมาะสมในการจัดจำแนกและให้ผลการจัดกลุ่มที่มีความน่าเชื่อถือมากที่สุดสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์พบว่าแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ดีที่สุด คือแผนภูมิที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน เนื่องจากสามารถแยกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากชนิดอื่นได้จำนวนทั้งสิ้น 24 ชนิด ได้แก่ เอื้องนิมมาเลย์ เอื้องนิมมานรติ เอื้องเต่าทอง เอื้องน้มนอกเหลือง เอื้องน้มนู เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องช่อเงินยวง เอื้องน้มนอยสุเทพ ยูนิฟอเลีย โรบัสตา เอื้องตาลหิน เอื้องแปรงสีพื้นพระอินทร์ เอื้องน้มนปากตัด เนกลีศดา โกลปิเฟรา เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องทำทานใต้ เอื้องสายฝน เอื้องน้มนูหลวง เอื้องน้มนอกน้อย เอื้องนิ้วนาง เอื้องประคำร้อย และเอื้องคำหิน นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่มากที่สุด โดยยีน *matK* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลก้านก่อจำนวน 2 หมู่ ได้แก่ (1.) หมู่ Mycaranthes ได้แก่ เอื้องดอกไม้เงินและเอื้องทำทานใต้ และ (2.) หมู่ Urostachya ได้แก่ เอื้องหวดปลาหมึกและเอื้องช่อวงช้าง จะเห็นได้ว่าเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน จะเพิ่มประสิทธิภาพในการแยกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ดีกว่าการวิเคราะห์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะเพียง 1 ยีน



จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน ได้แก่ (1.) ยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับ *rbcL* (2.) ยีน *matK*, *rbcL* ร่วมกับซันติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* (3.) ยีน *matK*, *rpoC1* ร่วมกับซันติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* และ (4.) ยีน *rbcL*, *rpoC1* ร่วมกับซันติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะที่จับคู่ร่วมกันไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี คือ maximum likelihood, maximum parsimony, neighbor joining และ UPGMA แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและตรงกับลักษณะสัญญาณของกล้วยไม้มากที่สุด โดยพบว่าวิธีการจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงกับการจัดกลุ่มและลักษณะสัญญาณของกล้วยไม้มากที่สุด คือ maximum likelihood (ML) เนื่องจากมีความเหมาะสมในการจัดจำแนกและให้ผลการจัดกลุ่มที่มีความน่าเชื่อถือมากที่สุดสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ดีที่สุดคือแผนภูมิที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *matK* และซันติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน และแผนภูมิที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *rpoC1* และ *matK* ร่วมกัน ซึ่งแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมทั้งสองให้ผลเป็นแนวทางเดียวกันคือไม่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อบางชนิดได้แต่แผนภูมิดังกล่าวมีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ 24 ชนิด ได้แก่ เอื้องนิ่มมาเลย์ เอื้องนิ่มมานรดี เอื้องเต่าทอง เอื้องนิ่มดอกเหลือง เอื้องนิ่มภู เอื้องกระเพาะปลา เอื้องแจกันเงิน เอื้องช่อเงินยวง เอื้องนิ่มดอยสุเทพ ยูนิฟอเลีย โรบัสตา เอื้องตาลหิน เอื้องแปรงสีฟันพระอินทร์ เอื้องนิ่มปากตัด เนกลีศิตา โกลปิเฟรา เอื้องดอกไม้เงิน เอื้องทำทานใต้ เอื้องสายฝน เอื้องนิ่มภูหลวง เอื้องนิ่มดอกน้อย เอื้องนิ่มนาง เอื้องประคำร้อย และเอื้องคำหิน นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่ *Urostachya* ได้แก่ เอื้องหวดปลาหมึกและเอื้องช่อวงช้างซึ่งให้ผลเป็นแนวทางเดียวกันกับการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน คือ ยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* ร่วมกับซันติเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*

#### 4.7 อภิปรายผล

จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องหมายสก็อตและเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีแสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายทั้งสองชนิดสามารถใช้จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิด ที่ใช้ในงานวิจัยนี้ออกจากกันได้โดยใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว ซึ่งแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายทั้งสองชนิดนี้ที่ใช้ในการจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อ นอกจากนี้ยังพบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะกับต่อกล้วยไม้

สกุลก้านก่อแต่ละชนิดอีกด้วย โดยแถบตีเอ็นเอดังกล่าวสามารถใช้เป็นข้อมูลเพื่อนำไปใช้พัฒนาเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อกล้วยไม้สกุลก้านก่อต่อไป เช่นเดียวกับงานวิจัยที่พัฒนาเครื่องหมาย SCAR เพื่อใช้ในการจำแนกกล้วยไม้สกุลผสมระหว่างพันธุ์ต่อ 27 กับสีชมพู (จันทร์เพ็ญ และคณะ, 2556) และจากการแบ่งกลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 15 ชนิด เป็น 3 กลุ่ม ตามแผนภูมิความสัมพันธ์ที่วิเคราะห์ได้ เมื่อพิจารณาแผนภูมิความสัมพันธ์ของทั้งสองเครื่องหมาย พบว่าให้ผลการจัดกลุ่มไปแนวทางเดียวกันคือสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงหมู่ *Dendrolirium* ได้แก่ เอื้องคำหิน และเอื้องเต่าทอง และสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ตรงหมู่ *Tylostylis* ได้แก่ เอื้องตาลหิน แต่ยังคงกล้วยไม้บางชนิดที่จัดกลุ่มได้ต่างออกไป เนื่องจากชนิดของกล้วยไม้ที่ใช้กับทั้งสองเครื่องหมายมีความแตกต่างกัน และปริมาณข้อมูลแถบตีเอ็นเอของเครื่องหมายทั้ง 2 มีความแตกต่างกัน นอกจากนี้จากการจัดกลุ่มพบว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อในแต่ละกลุ่มมีลักษณะสัณฐานใกล้เคียงกัน เช่น ลักษณะช่อดอก รูปร่างของดอก และผลการจัดจำแนกกล้วยไม้ยังสอดคล้องกับงานวิจัยก่อนหน้านี้ที่จำแนกชนิดและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมาย แอสตาร์ทเอพีดี (นฤมล และคณะ, 2559) และสอดคล้องกับงานวิจัยที่วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจำแนกชนิดด้วยเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดี (วรสิรา และคณะ, 2557) นอกจากนี้เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดียังสามารถใช้เป็นการศึกษาและเปรียบเทียบความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชตระกูลถั่วจำนวน 24 ชนิด จากประเทศอินเดีย พบว่าเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีสามารถจำแนกพืชตระกูลถั่วที่นำมาศึกษาออกเป็น 2 กลุ่ม และผลจากการจัดกลุ่มยังสอดคล้องกับแหล่งที่มาของตัวอย่างแต่ละชนิด (Subhojit *et al.*, 2012) ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยที่ใช้เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของแก่นตะวัน (Raktin *et al.*, 2010) และลินจี่ลูกผสม (Chundet *et al.*, 2007)

นอกจากประสิทธิภาพของเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีที่สามารถใช้ในการจำแนกพืชชนิดต่าง ๆ แล้ว เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดียังสามารถใช้ตรวจสอบลักษณะเฉพาะทางพันธุกรรมของ paramphistomes ในกระปือ (Puttalakshamma *et al.*, 2014) พยาธิทางเดินอาหารของไก่อบ้าน (Butboonchoo and Wongsawad, 2017) พยาธิใบไม้วงศ์ Heterophyidae (Wongsawad and Wongsawad, 2007) และพยาธิใบไม้ลำไส้ *Stellantchasmus falcatus* (Wongsawad, 2011) ซึ่งแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีที่สามารถใช้ตรวจสอบลักษณะเฉพาะทางพันธุกรรมและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ นอกเหนือจากพืชได้

นอกจากนี้จากงานวิจัยที่วิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมายสก็อต (กรรทอง และคณะ, 2557) พบว่าเครื่องหมายสก็อตสามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอ และสามารถแบ่งตัวอย่างต้นรักแกนมอที่นำการศึกษาออกจากกันทั้งหมด ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะม่วง (Cong *et al.*, 2010) อ๋อง (Guo *et al.*, 2012) ปาล์ม (Al-qurainy *et al.*, 2015) มะพลับ (Deng *et al.*, 2015) และมะพร้าว (Rajesh *et al.*, 2015) จากผลงานวิจัยแสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายสก็อตสามารถใช้ในการจำแนกและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้และพืชชนิดอื่น ๆ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเลือกใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 2 ร่วมกันเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อให้ดียิ่งขึ้น ซึ่งผลการวิจัยนี้สามารถนำไปใช้ในการวางแผนเพื่อการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์กล้วยไม้ต่อไป แต่อย่างไรก็ตาม ผลการจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกเป็น 3 กลุ่ม จากเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้งสองเครื่องหมายพิจารณาจากค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่แตกต่างกันเล็กน้อย โดยเครื่องหมายสก็อตพิจารณาที่ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน 0.49 ในขณะที่เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีพิจารณาที่ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน 0.45 ซึ่งความแตกต่างดังกล่าวเป็นผลมาจากปริมาณของข้อมูลที่วิเคราะห์ที่แตกต่างกัน ทำให้เครื่องหมายทั้งสองชนิดมีประสิทธิภาพในการจำแนกไม่เท่ากัน เช่นเดียวกับงานวิจัยก่อนหน้านี้ที่ศึกษาการจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ ซึ่งพบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากทั้งสองเครื่องหมายมีความแตกต่างกัน เนื่องจากปริมาณของข้อมูลที่น่ามาวิเคราะห์แตกต่างกัน (เกียรติชัย และคณะ, 2557)

จากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่วิเคราะห์ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์แสดงให้เห็นว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, ยีน *rbcL*, ยีน *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* จากวิธีการจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood (ML) พบว่ายีน *matK* สามารถแยกกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ออกจากชนิดอื่นได้ นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่มากที่สุด แสดงให้เห็นว่ายีน *matK* มีประสิทธิภาพสูงในการจัดจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ จากผลการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีคุณภาพอยู่ในเกณฑ์ดี มีอัตราวิวัฒนาการของลำดับเบสที่สูงกว่ายีนอื่น ๆ และมีอัตราการแทนที่เบสสูง จึงมีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกและใช้ในการหาวิวัฒนาการของพืช (Tamura *et al.*, 2013) ในขณะที่แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จาก

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* มีประสิทธิภาพต่ำกว่า คือ สามารถแยกชนิดกล้วยไม้ได้น้อยกว่า และสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ตรงตามหมู่ย่อยกว่า ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยที่ศึกษา จำแนกพันธุ์และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1* (นฤมล และคณะ, 2558) โดยลำดับนิวคลีโอไทด์ของ ยีน *matK* และ *rpoC1* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายทั้ง 13 ชนิด ที่ใช้ในการวิจัย ออกจากกันได้ ซึ่งผลที่ได้สอดคล้องกับงานวิจัยที่ประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจำแนกชนิด ของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1* (นฤมล และคณะ , 2559) ผลงานวิจัยพบว่าสามารถใช้ยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มได้อย่างมีประสิทธิภาพและสามารถแยกกล้วยไม้สกุลแวนด้า หมู่เข็มแต่ละชนิดออกจากกันได้ นอกจากนี้แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rbcl* และ ซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจัดจำแนกให้ผลเป็นแนวทางเดียวกัน คือ สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้เพียงบางชนิด ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการ จัดจำแนกจึงควรใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกันมากกว่า 2 ยีน

จากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่วิเคราะห์ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน จากวิธีการจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood (ML) พบว่าการใช้ ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน ที่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้มากที่สุด คือ การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน เนื่องจากสามารถแยกกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ออกจากชนิดอื่นได้ นอกจากนี้ยังสามารถ จำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่มากที่สุด โดยยีน *matK* และซีนตีเอ็นเอที่อยู่ ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลก้าน ก้อ จะเห็นได้ว่าเมื่อวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกันจะเพิ่มประสิทธิภาพในการแยกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ดี เนื่องจากยีน *matK* มีคุณภาพ อยู่ในเกณฑ์ดี มีอัตราการวิวัฒนาการของลำดับเบสที่สูงกว่ายีนอื่น ๆ และมีอัตราการแทนที่เบสสูง จึงมี ประสิทธิภาพในการจัดจำแนกและใช้ในการหาวิวัฒนาการของพืช (Tamura *et al.*, 2013) นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* มีความแปรผันของ ลำดับนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูงเพียงพอที่จะนำมาใช้แยกและระบุชนิดของพืชได้ดี (Kress *et al.*, 2005; Kress and Erickson, 2007) นอกจากนี้บริเวณซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ยัง

มีส่วนปลายของสายนิวคลีโอไทด์ทั้งสองด้านที่เป็นบริเวณอนุรักษ์สูงจึงสามารถพัฒนาไพรเมอร์ที่เป็น universal primers ที่ใช้ศึกษากับพืชได้หลายกลุ่ม (Taberlet *et al.*, 2007; Shaw *et al.*, 2005)

จากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่วิเคราะห์ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน จากวิธีการจัดกลุ่มด้วยวิธี maximum likelihood (ML) พบว่าการใช้ ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน ที่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้มากที่สุด คือ การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *matK* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *rpoC1* และ *matK* ร่วมกัน พบว่าให้ผลเป็น แนวทางเดียวกันคือ สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ 24 ชนิด แต่ไม่สามารถจัดจำแนก กล้วยไม้สกุลก้านก่อบางชนิดได้ นอกจากนี้พบว่าแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน คือ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*, *matK* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ให้ผลสอดคล้องกับแผนภูมิความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน คือแผนภูมิแสดง ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *matK* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* เนื่องจากสามารถแยกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ 24 ชนิด แต่ไม่สามารถแยกเอื้องน้่มปากแดง เอื้องดาวเรียง เอื้องศรีประภา เอื้องอินจัน เอื้องหวดปลาหมึก และเอื้องช่องวงช้าง ออกจากกันได้ ซึ่งให้ผลเป็นแนวทางเดียวกันกับลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน จะเห็นได้ว่าการใช้ ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* มีประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก่อ เนื่องจากลำดับ นิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะทั้ง 4 ยีน สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อออกจากกันได้และตรง ตามหมู่ เพราะการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะมีความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์สูง นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกกล้วยไม้ได้ทุกระยะการพัฒนารของสิ่งมีชีวิต (Hebert *et al.*, 2003) โดยอาศัยความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอที่มีขนาดสั้นของบางยีนมาจำแนกสิ่งมีชีวิต ต่างชนิดกันออกจากกัน ซึ่งสมบัติของบริเวณที่จะนำมาใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ ต้อง มีความแตกต่างกันมากในสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันแต่มีความแตกต่างภายในชนิดเดียวกันต่ำมากหรือไม่มี เลย มีบริเวณอนุรักษ์ (conserved sequences region) ซึ่งจะทำให้สามารถใช้ไพรเมอร์ที่เป็นสากล (universal primer) ได้ และสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส นอกจากนี้ การตรวจสอบด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะยังไม่มีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง และการจำแนกโดยพิจารณาจากลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้อาจมีข้อจำกัดที่ใช้ในการวิเคราะห์ เช่น

ลักษณะดอก ช่วงเวลาในการออกดอก และการตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอไม่ต้องรอให้พืชมีการเจริญเติบโตจนมีช่วงอายุที่เหมาะสมเพื่อที่จะใช้ตรวจสอบ ดังนั้นการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจึงมีความถูกต้องและมีความน่าเชื่อถือมากกว่าการดูเพียงลักษณะสัณฐานเพียงอย่างเดียว โดยการวิจัยครั้งนี้พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน หรือ 4 ยีน สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก่อได้ นอกจากนี้จากการวิเคราะห์ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่พบความหลากหลายและส่งผลกระทบต่อลำดับกรดอะมิโนเมื่อเปรียบเทียบในกล้วยไม้สกุลก้านก่อแต่ละชนิด พบว่าเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงของตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ ทำให้เกิดการแทนที่กรดอะมิโนตัวหนึ่งด้วยกรดอะมิโนอีกตัวหนึ่ง แต่ทำหน้าที่ไม่เหมือนกัน ซึ่งผลจากการแทนที่ดังกล่าวอาจมีผลต่อฟีโนไทป์หากโปรตีนนั้นทำหน้าที่ในส่วนที่สำคัญ ซึ่งกล้วยไม้สกุลก้านก่อทั้ง 30 ชนิด ที่นำมาใช้ในการวิจัยนี้มีการเจริญเติบโตตามปกติ แสดงว่ากล้วยไม้สกุลก้านก่อยังสามารถสร้างโปรตีนจากยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ได้



## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

#### 5.1 สรุปผลการวิจัย

##### 5.1.1 เครื่องหมายสก็อต

จากการตรวจสอบเบื้องต้นโดยใช้ไพรมอร์สก็อตจำนวน 80 ชนิด คือ ไพรมอร์ส SCoT1-SCoT80 เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่ามีไพรมอร์ส 35 ชนิดที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ หลังจากนั้นคัดเลือกไพรมอร์สที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจนและให้แถบดีเอ็นเอหลายแถบซึ่งคัดเลือกได้ทั้งหมด 21 ไพรมอร์ส นำมาใช้ตรวจสอบดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่าไพรมอร์สทั้ง 21 ชนิด ได้แก่ SCoT30, SCoT35, SCoT47, SCoT50, SCoT52, SCoT53, SCoT54, SCoT55, SCoT59, SCoT60, SCoT61, SCoT63, SCoT65, SCoT66, SCoT70, SCoT71, SCoT72, SCoT73, SCoT74, SCoT76 และ SCoT77 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้อย่างชัดเจน ขนาดประมาณ 250-3,000 คู่เบส ได้แถบดีเอ็นเอรวมทั้งสิ้น 399 แถบ และยังพบไพรมอร์สที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อออกจากกันได้ทั้ง 15 ชนิด มีด้วยกัน 20 ไพรมอร์ส ได้แก่ SCoT30, SCoT47, SCoT50, SCoT52, SCoT53, SCoT54, SCoT55, SCoT59, SCoT60, SCoT61, SCoT63, SCoT65, SCoT66, SCoT70, SCoT71, SCoT72, SCoT73, SCoT74, SCoT76 และ SCoT77 เมื่อวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องหมายสก็อตด้วยโปรแกรม NTSYSpc รุ่น 2.01e และเลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในงานวิจัยนี้ 15 ชนิด มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.37-0.64 โดยเอื้องอินจันและเอื้องน้มน้อยสุเทพมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุด คือ 0.64 ในขณะที่เอื้องตาลหินมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุด คือ 0.37 ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องตาลหิน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องน้มน้อยปากตัด กลุ่มที่ 3 แบ่งเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มที่ 3.1 ได้แก่ เอื้องคำหิน เอื้องเต่าทอง เอื้อง อินจัน เอื้องน้มน้อยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องน้มน้อยมาเลย์ โรบัสตา เอื้องหวดปลาหมึก เอื้องช่อเงินยวง เอื้องกระเพาะปลา และเอื้องน้มนาง และกลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่ เอื้องดาวเรียง และเอื้องน้มน้อย

### 5.1.2 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี

จากการตรวจสอบเบื้องต้นโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มจำนวน 72 ชนิด เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่ามีไพรเมอร์ 31 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ หลังจากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างชัดเจนและให้แถบดีเอ็นเอหลายแถบซึ่งคัดเลือกได้ทั้งหมด 21 ไพรเมอร์ นำมาใช้ตรวจสอบดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 15 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ทั้ง 21 ชนิด ได้แก่ A22, A23, A24, A27, A29, A30, A31, A32, B21, B22, B23, B25, B27, B32, C22, C24, C29, C31, D31, E23, และ E31 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้อย่างชัดเจน มีขนาดตั้งแต่ 100-3,000 คู่เบส ได้แถบดีเอ็นเอรวมทั้งสิ้น 334 แถบ และยังพบไพรเมอร์ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อออกจากกันได้ทั้ง 15 ชนิด มีด้วยกัน 14 ไพรเมอร์ ได้แก่ A22, A23, A29, A30, A32, B21, B22, B23, B27, B32, C24, C31, E23, และ E31 เมื่อวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีด้วยโปรแกรม NTSYSpc รุ่น 2.01e และเลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลก้านก้อที่ใช้ในงานวิจัยนี้ 15 ชนิด มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.36-0.65 โดยเอื้องคำหินและเอื้องเต่าทองมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุด คือ 0.65 ในขณะที่เอื้องตาลหินมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุด คือ 0.36 ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องตาลหิน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องน้มน้ปากตัด และเอื้องน้มน้ดอกเหลือง กลุ่มที่ 3 แบ่งเป็น 3 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มที่ 3.1 ได้แก่ เอื้องกระเพาะปลา เอื้องช่อเงินยวง โรบัสตา และเอื้องน้มน้มาเลย์ กลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่ เอื้องอินจัน เอื้องน้มน้ดอยสุเทพ เอื้องศรีประภา เอื้องเต่าทอง เอื้องคำหิน และเอื้องหนวดปลาหมึก และกลุ่มย่อยที่ 3.3 เอื้องช่อวงช้าง และเอื้องดาวเรียง

### 5.1.3 เครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ด้วยไพรเมอร์จำเพาะพบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 30 ชนิด จากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะแสดงให้เห็นว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และขึ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* มีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกกล้วยไม้ โดยยีน *matK* สามารถแยกและจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่มากที่สุด เนื่องจากยีน *matK* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลก้านก้อ



จำนวน 6 หมู่ ในขณะที่แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* มีประสิทธิภาพต่ำกว่าคือ สามารถจัดจำแนกชนิดกล้วยไม้ออกจากกันได้น้อยกว่า ในขณะที่ยีน *rbcl* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจัดจำแนกให้ผลเป็นแนวทางเดียวกัน คือ สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อทั้ง 30 ชนิด ได้เพียงบางชนิด และจากการวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 2 ยีน พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน ให้ผลการจัดจำแนกที่ดีที่สุด เนื่องจากสามารถแยกกล้วยไม้สกุลก้านก้อออกจากกันได้ 24 ชนิด มีเพียงบางชนิดที่ไม่สามารถจัดจำแนกได้ และจากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 3 ยีน พบว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, *matK* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ร่วมกัน และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl*, *rpoC1* และ *matK* ร่วมกัน ให้ผลเป็นแนวทางเดียวกันคือ ไม่สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อบางชนิดได้ และสามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ 24 ชนิด ซึ่งให้ผลเป็นแนวทางเดียวกันกับการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกัน 4 ยีน

#### 5.1.4 การเปรียบเทียบผลความสัมพันธ์ที่ได้จากเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด

จากการเปรียบเทียบผลการจัดจำแนกและประเมินความสัมพันธ์ที่ได้จากเครื่องหมายสก็อตและเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีตีพบว่าให้ผลไปในทางเดียวกัน ซึ่งเครื่องหมายทั้งสองสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้แต่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อให้ตรงตามหมู่ได้เพียงบางหมู่และสอดคล้องกับลักษณะสัณฐานโครงสร้างของกล้วยไม้ ในขณะที่ผลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ แสดงให้เห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อมากที่สุด ในขณะที่ยีน *rbcl*, ยีน *rpoC1* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถจัดจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้เพียงบางชนิด ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจัดจำแนกจึงควรใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะร่วมกันมากกว่า 2 ยีน

#### 5.2 ข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาวิจัยพบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด เป็นเครื่องหมายที่สามารถใช้ในการจัดจำแนกชนิดและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลก้านก้อได้ โดยเครื่องหมายทั้ง 3 ชนิด เป็นเครื่องหมายที่มีขั้นตอนการทำงานง่าย สะดวก และรวดเร็ว ซึ่งผลจากการวิจัยนี้สามารถนำไป

ประยุกต์ใช้ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ นอกจากนี้สามารถนำไปใช้ในการตรวจสอบพันธุ์หรือชนิดพืชได้อย่างรวดเร็ว และถูกต้อง ตั้งแต่ระยะเริ่มต้นของการเจริญเติบโต แต่อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ความสัมพันธ์จากเครื่องหมาย สก็อตและเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี สามารถจำแนกตัวอย่างระหว่างพันธุ์ (among species) และภายในพันธุ์เดียวกัน (within species) ได้สูง ซึ่งแตกต่างจากเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ สามารถจำแนกตัวอย่างระหว่างสกุล (genus) และระหว่างชนิด (among species) ได้สูง แต่ไม่สามารถจำแนกตัวอย่างระหว่างพันธุ์เดียวกันได้ ดังนั้นจึงควรเลือกใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่เหมาะสมกับตัวอย่างซึ่งสามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น



## รายการอ้างอิง

1. กรองทอง ใจแก้วแดง, วิชาญ เอียดทอง และสุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2557). การวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของต้นรักแกมมอในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมาย Start Codon Targeted (SCoT). *Thai J. For.* 33: 19-27.
2. จักรพันธ์ สุกุลมีฤทธิ์. (2551). คู่มือศึกษากกล้วยไม้ป่า. กรุงเทพมหานคร: กลุ่มงานวิจัยพันธุ์พืช ป่ามีค่า หายาก และใกล้สูญพันธุ์ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช.
3. จันทร์เพ็ญ สาระ, ฉันทนา วิชรรัตน์, ธีรบุษ เจริญกิจ และ แสงทอง พงษ์เจริญกิต. (2556). การพัฒนาเครื่องหมาย SCAR เพื่อใช้ในการจำแนกกล้วยกลุ่มผสมระหว่างพันธุ์ต่อ 27 กับสีชมพู. *Thai J. Genet.* 1: 244-247.
4. จินต์ ทองสม, ภัทรพร คุ่มภักย์, ธีระชัย ธนานันต์ และนฤมล ธนานันต์. (2558). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และ ซีนตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*. *Thai. J. Sci. Technol.* 23(6): 994-1005.
5. จรัสศรี แก่นเมือง, สมบูรณ์ อนันตลาโภชัย และพิมพ์ใจ อาภาวัชรุตม์. (2548). การวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในพืชกลุ่มกระเจียวโดยเทคนิค RAPD. *การประชุมวิชาการพยาบาลไทย: 396-399.*
6. ธีระชัย ธนานันต์. (2553). *พันธุศาสตร์โมเลกุล*. พิมพ์ครั้งที่ 1, บริษัท แดเน็กซ์ อินเทอร์เน็ตเซอร์เวอร์ จำกัด, กรุงเทพมหานคร.
7. เกียรติชัย แซ่ใต้, ธีระชัย ธนานันต์, และนฤมล ธนานันต์. (2557). การจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอฟดีและไอเอสเอสอาร์. *Thai. J. Sci. Technol.* 3(2): 524-530.
8. นฤมล ธนานันต์, วิภาวรรณ ประสิทธิ์ และธีระชัย ธนานันต์. (2555). การจำแนกข้าวพันธุ์ชาวดอกมะลิ 105 และพันธุ์ปรับปรุงจากพันธุ์ชาวดอกมะลิ 105 ด้วยเทคนิคแฮตอาร์เอฟดี. *Thai. J. Sci. Technol.* 1(3): 169-179.
9. นฤมล ธนานันต์, สุรีย์พร พุ่มเอี่ยม และธีระชัย ธนานันต์. (2556). การจำแนกพันธุ์และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้ช้างและลูกผสมด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอฟดี. *Thai. J. Sci. Technol.* 21(4): 361-370.

10. นฤมล ธนานันต์, จาตุรงค์ สัมฤทธิ์ และธีระชัย ธนานันต์. (2557). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสีโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* และ *rpoC1*. *Thai. J. Sci. Technol.* 22(5): 675-682.
11. นฤมล ธนานันต์, เกียรติชัย แซ่ใต้ และธีระชัย ธนานันต์. (2557). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนจำเพาะ. *Thai. J. Sci. Technol.* 22(4): 523-530.
12. นฤมล ธนานันต์, ฐิติพร โท้มโสภา และธีระชัย ธนานันต์. (2558). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1*. *Thai. J. Sci. Technol.* 23(1): 1-10.
13. นฤมล ธนานันต์, ปิยดา บุสดี และธีระชัย ธนานันต์. (2559). การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* และ *trnH* เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงในประเทศไทย. *Thai. J. Sci. Technol.* 24(1): 103-111.
14. นฤมล ธนานันต์, จินต์ ทองสม, ชนิดโชติ ปิยพิทยานันต์ และธีระชัย ธนานันต์. (2559). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1*. *Thai. J. Sci. Technol.* 24(4): 599-612.
15. นฤมล ธนานันต์, ภัทรา หงษ์ทองดี และธีระชัย ธนานันต์. (2559). การจำแนกชนิดและการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี. *Thai. J. Sci. Technol.* 5(1): 89-97.
16. วรสิรา แทนสง่า, ธีระชัย ธนานันต์, บุญหงษ์ จงคิด และนฤมล ธนานันต์. (2557). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกชนิดด้วยเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี. *Thai J. Sci. Technol.* 3(1): 29-35.
17. วิชา ธิติประเสริฐ. (2543). *คู่มือจำแนกกล้วยไม้ไทย Manual for identification of Thai orchids*. กรุงเทพมหานคร: สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ กรม วิชาการเกษตร.
18. วิศัย พรหมเทพ และสมบูรณ์ อนันตลาโภชัย. (2551). การวิเคราะห์พันธุกรรมพืชสกุล *Ficus* Spp. โดย เทคนิค HAT-Random Amplified Polymorphic DNA. *วารสารศูนย์วิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏสกลนคร*. 2(1): 39-52.
19. วุฒิพงศ์ มหาคำ. (2554). DNA barcodes ของพืช: หลักการพื้นฐาน การประยุกต์ใช้ และข้อจำกัด. *วารสารพฤกษศาสตร์ไทย*. 3(1): 1-30.

20. อนุรักษ์ เพชรชา, ดวงกมล แม้นศิริ และสุรพล แสนสุข. (2554). การประเมินดีเอ็นเอในพลาสมิดบริเวณ *rpoC1* และ *rpoB* ในการใช้เป็น DNA barcode และกรณีศึกษาในพืชสกุล *Alpinia* Roxb. (Zingiberaceae). The graduate research conference Khon Kaen University.
21. สยาม ภาพลือชัย, สมฤดี อันโต และประภัสสร ดำรงกุล อัจฉนิชพันธ์. (2550). ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสับประรดพันธุ์ปลูกในประเทศไทยโดยวิธีอาร์เอฟดี. *ว. สงขลานครินทร์* วทท. 29(6): 1491-1497.
22. สลิล สิทธิสังจธรรม. (2549). *กล้วยไม้ป่าเมืองไทย = Wild orchid of Thailand*. กรุงเทพมหานคร: สำนักพิมพ์บ้านและสวน.
23. สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552). *เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์*. กรุงเทพมหานคร: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
24. อารณ อุดมศิลป์ และคณะ. (2552). *กล้วยไม้ป่าเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าภูหลวง*. กรุงเทพมหานคร: กองคุ้มครองพันธุ์สัตว์ป่าและพืชป่าตามอนุสัญญา กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช.
25. Al-qurainy, F., Khan, S., Nadeem, M. and Tarroum, M. (2015). SCoT marker for the assessment of genetic diversity in Saudi Arabian date palm cultivars. *Pak. J. Bot.* 47(2): 637-643.
26. Butboonchoo, P. and Wongsawad, C. (2017). Occurrence and HAT-RAPD analysis of gastrointestinal helminths in domestic chickens (*Gallus gallus domesticus*) in Phayao province, northern Thailand. *Saudi J Biol Sci.* 24: 30-35.
27. 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.
28. Collard, B. C. Y. and Mackill, D. J. (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Mol. Biol. Rep.* 27: 86-93.
29. Cong, L., XinHua, H., Hu, C., ShiJin, O. and MeiPing, G. (2010). Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Biochem Syst Ecol.* 38(6): 1176-1184.

30. Chundet, R., Cutler, R. W., Tasanon, M. and Anuntalabhochai, S. (2007). Hybrid Detection in Lychee (*Litchee chinensis* Sonn.) Cultivars Using HAT-RAPD Markers. *ScienceAsia*. 33: 307-311.
31. Deng, L., Liang, Q., He, X., Luo, C., Chen, H. and Qin, Z. (2015). Investigation and Analysis of Genetic Diversity of Diospyros Germplasms Using SCoT Molecular Markers in Guangxi. *PLoS One*. 10(8): 1-13.
32. Doyle, J. J. and Doyle, J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull*. 19: 11-15.
33. Guo, D. L., Zhang, Q. and Zhang, G. H. (2011). Characterization of grape cultivars from China using microsatellite markers. *Czech J. Genet. Plant Breed*. 49: 164-170.
34. Guo, D. L., Zhang, J. Y. and Liu, C.H. (2012). Genetic diversity in some grape varieties revealed by SCoT analyses. *Mol Biol Rep*. 39(5): 5307-13.
35. Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L. and deWaard. J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B. Biological Sciences*. 270: 313-321.
36. Kress, W.J., Wurdack, K.J., Zimmer, E.A., Weigt, L.A. and Janzen, D.H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 102: 8369-8374.
37. Kress, W.J. and Erickson, D.L. (2007). A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcl* gene complements the non-coding region *trnH-psbA* spacer region, PLoS One 2: e508, DNA barcodes: genes, genomics, and bioinformatics. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 105: 2761-2762.
38. Paliwal, R., Singh, R., Singh, AK., Kumar, S., Kumar, A. and Majumdar, R. S. (2013). Molecular Characterization of Giloe (*Tinospora cordifolia* Willd. Miers ex Hook. F. and Thoms.) accessions using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Int J Med Arom Plants*. 3(4): 413-422.

39. Puttalakshamma, G., Ramani, U., Singh, K., Patel, A., Patel, A. and Joshi, C. (2014). Genetic characterization of paramphistomes of buffalo by HAT-RAPD analysis. *Turk J Vet Anim Sci.* 38: 7-13.
40. Raktin, U., Sudarat, K., Preeya P. W., Pinich, W. and Sanun, J. (2010). The molecular diversity of *Helianthus tuberosus* germplasm as assessed by HAT-RAPD and selected characterized DNA markers. *J. Mol. Biol. Biotechnol.* 18(1): 99-101.
41. Rajesh, M. K., Sabana, A. A., Rachana, K. E., Rahman, S, Jerard, B. A. and Karun, A. (2015). Genetic relationship and diversity among coconut (*Cocos nucifera* L.) accessions revealed through SCoT analysis. *Biotech.* 5: 999–1006.
42. Rohlf, F. J. (2000). NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. New York: Applied Biostatistic, Inc.
43. Suttada, R., Eimert, K., Schroder, M. B., Benchamas, S., Jessada, D. and Kamnoon, K. (2007). Molecular phylogeny of banana cultivars from Thailand based on HAT-RAPD markers. *Genet Resour Crop Evol.* 54: 1565-1572.
44. Shaw, J., Lickey, E. B., Beck, J. T., Farmer, S. B., Liu, W., Miller, J., Siripun, K. C., Winder, C. T., Schilling, E. E. and Small, R. L. (2005). The tortoise and the hare II: Relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis. *Am J Bot.* 92: 142-166.
45. Subhojit, D., Sarika, G., Shiv, K., Sanjeev, G., Rita, R., Mayank, K., Pallavi, S., Sushil, K. C., Brij, B. S. and Nagaswamy, N. (2012). Genetic Diversity in Selected Indian Mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] Cultivars Using RAPD Markers. *Am J Plant Sci.* 3: 1085-1091.
46. Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F., Gielly, L., Miquel, C., Valentini, A., Vermet, T., Corthier, G., Brochmann, C. and Willerslev, E. (2007). Power and limitations of the chloroplast *trnL* (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Res.* 35(3): 14.



47. Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. (2013). MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30: 2725-2729.
48. Wongsawad, P. and Wongsawad, C. (2007). DNA fingerprints of some heterophyid trematodes from adult and metacercarial stages in Thailand. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*. 38: 110-114.
49. Wongsawad, C. (2011). Development of HAT-RAPD marker for detection of *Stellantchasmus falcatus* infection. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*. 42(1): 46-52.



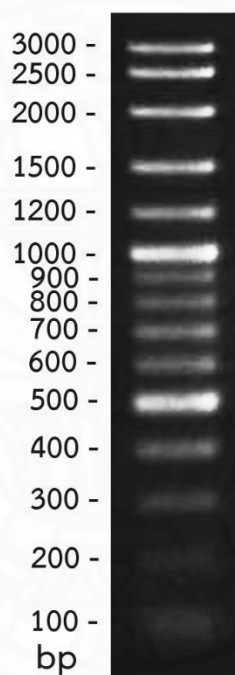


ภาคผนวก ก  
ดีเอ็นเอมาตรฐาน

ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn.  
Bhd., Malaysia)

แสดงขนาดดีเอ็นเอตั้งแต่ 100-3,000 คู่เบส

100 bp plus DNA Ladder



ภาคผนวกที่ 1 ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus DNA Ladder ที่มา: Vivantis technologies  
Sdn. Bhd., Malaysia

## ภาคผนวก ข

## ผลการให้ค่าคะแนนของลายพิมพ์ดีเอ็นเอแต่ละไพรเมอร์

ตารางภาคที่ 1 การให้ค่าคะแนนของไพรเมอร์ SCoT30

ขนาดของ แถบดีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบดีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT30	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1900	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1800	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1600	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1500	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1400	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1300	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1
1100	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
1050	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0
1000	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0
900	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
850	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0
700	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1
650	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0
600	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
500	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
400	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
300	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 2 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT35

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT35	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1600	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1500	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1200	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1000	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
900	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
850	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1
700	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
500	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
450	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 3 การให้ค่าคะแนนของไพรมเมอร์ SCoT47

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT47	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0
2100	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1800	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
1600	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0
1500	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
1400	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1300	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1
1200	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
1150	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
950	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
900	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
800	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0
700	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
500	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 4 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT50

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT50	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2500	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1700	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
1600	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0
1300	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1200	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1150	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
1000	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
950	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
900	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
850	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
800	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
650	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
600	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
450	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0



## ตารางภาคที่ 5 การให้ค่าคะแนนของไพรมเมอร์ SCoT52

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT52	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
2000	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1900	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1800	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
1600	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
1500	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
1200	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1
1100	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
1050	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0
950	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
900	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0
850	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
800	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
750	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
700	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1
600	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
500	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0

ตารางภาคที่ 6 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT53

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT53	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2500	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2000	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
1900	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1800	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
1700	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
1500	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0
1300	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1200	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0
1100	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1000	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
900	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
850	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0
800	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
700	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
600	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
550	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
400	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 7 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT54

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT54	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1800	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1500	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
1200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1100	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1000	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0
900	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
800	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
750	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
700	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0
600	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 8 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT55

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT55	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
2500	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0
2300	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2200	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
2000	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
1700	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1800	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1600	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1500	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0
1400	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1
1300	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0
1200	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0
1100	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1
1050	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0
950	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
900	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
850	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
800	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
750	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
700	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
650	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0
500	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

ตารางภาคที่ 9 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT59

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT59	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
2000	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1800	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1
1600	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1550	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0
1200	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
1400	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1
1300	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0
1150	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0
1100	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0
1050	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0
900	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1
800	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
700	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
600	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0

ตารางภาคที่ 10 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT60

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	SCoT60	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
2300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
2200	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0
2000	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1
1800	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
1700	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1
1600	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
1500	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0
1400	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1
1300	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0
1200	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1
1150	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0
1100	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0
1000	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
950	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
900	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1
850	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
800	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
750	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
700	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1
650	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1
600	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
550	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
450	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0

ตารางภาคที่ 11 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT61

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT61	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1800	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
1600	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
1500	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1
1300	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0
1200	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1
1100	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1
1000	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
1050	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
900	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1
850	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0
800	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1
750	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0
700	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
650	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0
600	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0
550	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0
400	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 12 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT63

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT63	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
2300	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
2200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
2000	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1700	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1600	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0
1500	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0
1400	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0
1300	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
1200	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0
1100	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
1050	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0
1000	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
950	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
900	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
850	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
800	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0
750	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
700	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
650	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0
600	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1
550	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1
500	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0
450	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
400	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
300	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
250	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0



ตารางภาคที่ 13 การให้ค่าคะแนนของไพรมเมอร์ SCoT65

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	SCoT65	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
2200	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
2000	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
1700	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1
1600	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1
1500	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1300	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
1200	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1
1100	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0
1000	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
900	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
800	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0
700	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
650	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
600	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
500	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
350	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

ตารางภาคที่ 14 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT66

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT66	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
2000	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1600	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
1500	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
1300	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0
1200	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
1100	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0
1000	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0
950	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0
900	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0
800	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1
700	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
650	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
600	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
500	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1
450	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
400	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0

ตารางภาคที่ 15 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT70

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT70	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2000	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1800	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0
1600	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
1500	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
1400	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1
1200	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1
1100	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1
1000	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
900	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
850	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0
800	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
650	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0
600	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0
500	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
450	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1
400	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
350	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0
300	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 16 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT71

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	SCoT71	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1700	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1
1500	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0
1300	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1
1200	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
1100	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1
1000	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
900	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
800	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
750	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1
700	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
650	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1
600	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
550	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1
500	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0
450	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
400	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
350	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
300	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
250	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 17 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT72

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	SCoT72	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1600	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1550	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1
1350	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0
1300	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1
1250	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0
1200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1
1100	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0
1050	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1
1000	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
900	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
800	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
750	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1
700	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
650	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
600	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
550	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1
500	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
450	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0
400	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
350	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
300	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0
250	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

ตารางภาคที่ 18 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT73

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT73	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1600	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	
1500	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1300	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
1200	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
1100	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0
1000	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
950	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
900	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
800	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1
700	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1
650	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
600	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
500	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0

ตารางภาคที่ 19 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT74

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT74	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1900	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1600	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
1400	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1300	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
1200	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0
1100	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
1000	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
900	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
800	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
750	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
700	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0
650	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
600	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
550	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
500	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0
450	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
400	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 20 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT76

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	SCoT76	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
2000	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
1900	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1800	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1500	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
1400	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0
1300	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
1200	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
1100	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0
1000	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0
900	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1
850	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
800	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0
700	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1
650	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
600	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1
500	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
450	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0



ตารางภาคที่ 21 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ SCoT77

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	SCoT77	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
2000	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1
1700	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
1600	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1
1500	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0
1400	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
1300	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1
1200	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0
1100	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0
1000	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
900	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1
700	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1
650	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1
600	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
550	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1
500	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1
450	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
400	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0
350	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0

ตารางภาคที่ 22 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A22

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	A22	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1600	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
1500	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
1300	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0
1200	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1
1100	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1
1000	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
900	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1
800	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1
700	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1
600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1
550	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
500	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
450	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 23 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A23

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A23	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1300	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1200	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1100	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
950	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
900	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
800	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1
700	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
650	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
600	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0
550	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
450	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
400	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
350	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0

## ตารางภาคที่ 24 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A24

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A24	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2500	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2200	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
2000	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1900	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
1800	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	
1500	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
1400	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
1200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
1100	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1
1000	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0
900	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0
800	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0
700	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
600	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0
550	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0
500	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0
350	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0

## ตารางภาคที่ 25 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A27

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A27	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
900	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
550	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
450	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1



ตารางภาคที่ 26 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A29

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A29	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
1600	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
1500	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1
1400	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0
1200	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1
1100	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0
1000	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1
900	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1
950	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
800	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0
750	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
700	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0
600	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1
350	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

## ตารางภาคที่ 27 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A30

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
A30	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
1500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
1400	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
1300	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1
1200	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1000	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
900	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
800	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
700	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
600	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
300	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 28 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A31

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A31	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1600	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1400	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
1200	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1
1100	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1
1000	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1
900	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
800	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
700	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1
600	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1
500	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
450	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
300	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
200	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
100	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0



ตารางภาคที่ 29 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ A32

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	A32	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
1500	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0
1400	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0
1300	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
1200	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1
1150	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1000	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1
900	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
850	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
800	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
700	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0
600	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1
500	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
450	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0

## ตารางภาคที่ 30 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ B21

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B21	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1600	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1400	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1200	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1
1100	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1
1000	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
900	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1
800	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1
700	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
600	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
550	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
450	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0
400	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0
350	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
300	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 31 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ B22

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B22	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1700	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1600	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
1500	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1
1300	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1200	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
1150	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0
1100	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
900	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1
850	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
800	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
750	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0
700	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1
600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
550	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
400	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 32 การให้ค่าคะแนนของไพรมเมอร์ B23

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B23	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2500	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	
2300	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	
2200	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	
1900	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	
1700	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	
1600	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	
1500	1	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	
1400	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
1300	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	
1200	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0
1150	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
1100	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	
1000	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
950	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	
900	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0
800	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
750	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
700	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
650	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0
600	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1
550	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
400	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 33 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ B25

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B25	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
1600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1500	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1400	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
1300	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1200	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1100	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
900	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
800	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1
700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0
600	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0
500	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0
450	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
400	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1
350	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0
300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0

ตารางภาคที่ 34 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ B27

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B27	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1600	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
1500	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1
1400	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
1300	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1200	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1
1100	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1000	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
900	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0
700	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0
650	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0
550	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
500	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
450	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
400	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
300	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 35 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ B32

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	B32	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1800	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1700	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
1600	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1
1500	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
1400	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
1300	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1
1200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
1100	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
1000	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
900	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
850	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
700	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
650	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0
550	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
450	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
300	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 36 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ C22

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	C22	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
2500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
2200	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1700	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
1600	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
1500	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0
1400	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0
1300	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
1200	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0
1000	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1
900	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1
800	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
700	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
600	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
500	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0



ตารางภาคที่ 37 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ C24

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	C24	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
1700	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1500	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
1400	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
1300	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1200	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1100	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
1000	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0
900	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
800	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0
700	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1
600	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1

## ตารางภาคที่ 38 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ C29

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	C29	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1900	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0
1600	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
1500	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1400	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1
1300	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
1100	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
1000	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0
900	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
800	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
700	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1
600	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0
500	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1
400	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

## ตารางภาคที่ 39 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ C31

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	C31	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1400	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1
1300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
1200	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1
1000	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
900	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0
800	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1
750	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
700	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1
650	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1
600	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1
500	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
450	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1
400	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ตารางภาคที่ 40 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ D31

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
D31	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1500	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
1200	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1
1100	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1
1000	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
900	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
800	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1
750	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1
700	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0
600	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
500	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
400	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
350	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0

## ตารางภาคที่ 41 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ E23

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	E23	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3000	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
2500	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1
1800	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0
1700	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1
1500	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
1400	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
1300	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0
1200	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1100	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0
1000	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
900	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
950	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
750	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
700	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1
650	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
550	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
400	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

## ตารางภาคที่ 42 การให้ค่าคะแนนของไพรมอร์ E31

ขนาดของ แถบตีเอ็นเอ โดยประมาณ (คู่เบส)	รูปแบบตีเอ็นเอที่พบ															
	E31	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1300	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
1200	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1100	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	
1000	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	
900	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	
800	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	
750	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	
600	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
500	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	
400	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
300	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	

## ประวัติผู้เขียน

ชื่อ	นางสาวจุฑามาศ เจียมเจือจันทร์
วันเดือนปีเกิด	7 พฤษภาคม พ.ศ.2535
วุฒิการศึกษา	ปีการศึกษา 2557; วิทยาศาสตร์บัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ) มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ทุนการศึกษา	พ.ศ. 2559 : ทุนอุดหนุนการทำวิทยานิพนธ์เพื่อนำไปสู่ การตีพิมพ์เผยแพร่ พ.ศ. 2560 : ทุนนำเสนอผลงานวิทยานิพนธ์/สารนิพนธ์ ภายในประเทศ พ.ศ. 2560 : ทุนสนับสนุนงานวิจัยประเภททุนวิจัยทั่วไป สำหรับนักศึกษาบัณฑิตศึกษา

## ผลงานทางวิชาการ

จุฑามาศ เจียมเจือจันทร์, นฤมล ธนानันต์ และธีระชัย ธนानันต์. (2560). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลก้านก้อด้วยเครื่องหมายสก็อต. *Thai Journal of Science and Technology*. 6(2): 152-160.

จุฑามาศ เจียมเจือจันทร์, ธีระชัย ธนานันต์ และนฤมล ธนานันต์. (2560). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกกล้วยไม้สกุลก้านก้อด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* และ *trnH* ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*. *Thai Journal of Science and Technology*. 6(4): 324-337.

ทัศนีย์ สิงห์ศิลารักษ์, จุฑามาศ เจียมเจือจันทร์, เปรมณัช ขุนปักซี่, ธีระชัย ธนานันต์ และนฤมล ธนานันต์. (2560). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกข้าวปลูกบางพันธุ์ด้วยเครื่องหมายสก็อต. *Thai Journal of Science and Technology*. 6(3): 252-261.