



การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้
สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)
สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้
สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

โดย

นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)
สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์



IDENTIFICATION AND ASSESSMENT OF GENETIC RELATIONSHIP AMONG
COELOGYNE USING DNA MARKERS

BY

MISS PATTRA HONGTONGDEE



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

DEPARTMENT OF BIOTECHNOLOGY
FACULTY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY
THAMMASAT UNIVERSITY

ACADEMIC YEAR 2015

COPYRIGHT OF THAMMASAT UNIVERSITY

มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

วิทยานิพนธ์

ของ

นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี


เรื่อง

การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน
ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

เมื่อ วันที่ 15 มิถุนายน พ.ศ. 2559

ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(อาจารย์ ดร. อัจราพร ศรีบุญเลิศ)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์



(รองศาสตราจารย์ ดร. ธีระชัย ชนานันต์)

กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม



(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ชนานันต์)

กรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(อาจารย์ ดร. ภัทรพร คุ่มภักย์)

คณบดี



(รองศาสตราจารย์ ปกรณ์ เสริมสุข)

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การจำแนกพันธุ์และการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ
ชื่อผู้เขียน	นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชา/คณะ/มหาวิทยาลัย	สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย ธนานันต์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล ธนานันต์
ปีการศึกษา	2558

บทคัดย่อ

กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนพบได้ตามป่าลุ่มต่ำเขตร้อน เป็นกล้วยไม้ที่มีดอกสีนวลสวยงาม และมีกลิ่นหอมอ่อน ๆ จึงได้รับความนิยมในการปลูกเป็นไม้ดอกไม้ประดับ ปัจจุบันการจำแนกพันธุ์โดยดูเพียงลักษณะสัญญาณทำได้ยากและมีความผิดพลาดสูง ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเอื้องเทียนจำนวน 14 ชนิด ด้วยแอสตาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม 72 ชนิด ไอเอสเอสอาร์ใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ 35 ชนิด ผลการศึกษาพบว่าไพรเมอร์ของแอสตาร์เอพีดีจำนวน 10 ชนิด และไพรเมอร์ไอเอสเอสอาร์จำนวน 5 ชนิด สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ด้วยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว เมื่อเปรียบเทียบผลการวิเคราะห์ระหว่างแอสตาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ พบว่าเทคนิคแอสตาร์เอพีดีให้แถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลายและมีประสิทธิภาพในการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมสูงกว่าเทคนิคไอเอสเอสอาร์ และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และซันดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* เพื่อใช้ในการระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 24 ชนิด เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ 17, 7, 6 และ 15 ชนิด ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่าเมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอย่างน้อย 2 บริเวณขึ้นไป จะเพิ่มความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์และมีประสิทธิภาพในการระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนมากขึ้น ดังนั้นผลการวิจัยครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายแอสตาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์ และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะสามารถระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนและใช้วางแผนการผสมพันธุ์ เพื่อพัฒนาพันธุ์ใหม่ได้

คำสำคัญ: กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน, แอสตาร์เอพีดี, ไอเอสเอสอาร์, รหัสนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

Thesis Title	IDENTIFICATION AND ASSESSMENT OF GENETIC RELATIONSHIP AMONG <i>COELOGYNE</i> USING DNA MARKERS
Author	Miss Pattra Hongtongdee
Degree	Master of science in biotechnology
Major Field/Faculty/University	Department of Biotechnology Faculty of Science and Technology Thammasat University
Thesis Advisor	Associate Professor Theerachai Thanananta
Thesis Co-Advisor	Assistant Professor Narumol Thanananta
Academic Years	2015

ABSTRACT

The *Coelogyne* can be found from tropical lowland forests. It has beautiful and fragrant flowers. So, *Coelogyne* are popular orchids of growers by dwellings. Nowadays identification based on morphology is difficult and high error. In this research, the DNA fingerprints were generated to evaluate the genetic relationships among 14 *Coelogyne* species by using 72 random primers of HAT-RAPD and 35 microsatellite primers of ISSR. The results showed that 10 primers of HAT-RAPD and 5 primers of ISSR can identify each sample using only one primer. Comparative analysis between HAT-RAPD and ISSR found that HAT-RAPD give highly polymorphism and effective more than ISSR. The nucleotide sequences of *matK*, *rbcl*, *rpoC1* and intergenic *trnH-psbA* spacer were investigate in 24 *Coelogyne* species. The phylogenetic tree was constructed base on the nucleotide sequences of *matK*, *rpoC1*, *rbcl*, and intergenic *trnH-psbA* spacer could distinguish 17, 7, 6, 15 out of 24 species. In addition, when used nucleotide sequences at least two regions will increase variable and efficiency for identify the *Coelogyne* species. Therefore, these results indicate that HAT-RAPD, ISSR and specific nucleotide sequence can identify *coelogyne* species, which used to planning in the breeding program.

Keywords: *Coelogyne* orchid, HAT-RAPD, ISSR, Specific nucleotide sequence

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. ชีระชัย รัตนันต์ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นฤมล รัตนันต์ ที่ให้คำแนะนำในการดำเนินงานวิจัยตลอดจนแก้ปัญหาต่าง ๆ และยังช่วยเหลือและอนุเคราะห์อุปการณ์ในการวิจัย รวมถึงตำราเอกสารทางวิชาการอันเป็นประโยชน์ต่อการทำวิทยานิพนธ์ ทำให้วิทยานิพนธ์นี้ฉบับนี้เสร็จสมบูรณ์ลงได้ และขอขอบคุณ อาจารย์ ดร. ภัทรพร คุ่มภักย์ และ อาจารย์ ดร. อัจราพร ศรีบุญเลิศ ที่ให้คำแนะนำ และข้อเสนอแนะเพื่อแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ตลอดจนร่วมเป็นกรรมการในการสอบป้องกันวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

ขอขอบคุณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ที่ได้มอบทุนการศึกษา เพื่อสนับสนุนด้านค่าใช้จ่ายในการเรียนของผู้วิจัย

ขอขอบคุณ อาจารย์ เจ้าหน้าที่ รุ่งพี และรุ่งน้องในสาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ โดยเฉพาะ นายศิริโชติ กระจ่างสด ที่ช่วยเหลือและให้คำแนะนำมาโดยตลอด

ขอขอบคุณ บิดาและมารดา โดยเฉพาะ นางน้ำผึ้ง หงษ์ทองดี รวมทั้งทุก ๆ คนในครอบครัว ที่อุปการะให้โอกาสทางการศึกษา คอยสนับสนุน และคอยให้กำลังใจเรื่อยมา เป็นแรงผลักดันให้ผู้วิจัยทำงานสำเร็จลุล่วงได้ด้วยดี ผู้วิจัยรู้สึกซาบซึ้ง จึงใคร่ขอขอบพระคุณทุกท่านเป็นอย่างสูงไว้ ณ ที่นี้

นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	(1)
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	(2)
กิตติกรรมประกาศ	(3)
สารบัญตาราง	(8)
สารบัญภาพ	(9)
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ที่มาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1.3 ปัญหาที่ต้องการทราบจากการศึกษา	2
1.4 ขอบเขตของงานวิจัย	2
1.5 สถานที่ทำการวิจัย	2
บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	3
2.1 กล้วยไม้	3
2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	3
2.2.1 ราก	3
2.2.1.1 ระบบรากดิน	3
2.2.1.2 ระบบรากกึ่งดิน	3
2.2.1.3 ระบบรากกึ่งอากาศ	4
2.2.1.4 ระบบรากอากาศ	4

2.2.2 ลำต้น	4
2.2.2.1 ลำต้นแท้	4
2.2.2.2 ลำต้นเทียม	4
2.2.3 ใบ	5
2.2.4 ช่อดอก	5
2.2.5 ดอก	5
2.2.6 เกสร	6
2.2.7 ผลหรือฝัก	6
2.3 กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน	7
2.4 การจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนตามหลักพฤกษศาสตร์	8
2.4.1 การจัดกลุ่มของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน	9
2.5 การจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	10
2.5.1 เครื่องหมายดีเอ็นเอ	10
2.5.1.1 แอสอาร์เอพีดี	12
2.5.1.2 ไอเอสเอสอาร์	15
2.5.1.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ	17
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	23
3.1 อุปกรณ์	23
3.2 สารเคมี	23
3.2.1 การสกัดดีเอ็นเอ	23
3.2.2 ปฏิกริยาลูกโซ่พอลิเมอไรส	24
3.2.3 การวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส	24
3.3 วิธีการวิจัย	24
3.3.1 กล้วยไม้ที่ใช้ในงานวิจัย	24
3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอ	33
3.3.3 การตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอ	34
3.3.4 การสร้างเครื่องหมายดีเอ็นเอ	34

3.3.4.1 การสร้างเครื่องหมายแฮตอาร์เอฟดี	34
3.3.4.2 การสร้างเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	37
3.3.4.3 การสร้างเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ	39
3.3.5 การวิเคราะห์ผล	41
3.3.5.1 เครื่องหมายแฮตอาร์เอฟดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์	41
3.3.5.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ	41
บทที่ 4 ผลการวิจัยและอภิปรายผล	42
4.1 เทคนิคแฮตอาร์เอฟดี	42
4.1.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากไพรเมอร์แบบสุ่ม	42
4.1.2 การวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอฟดี	59
4.1.3 การคำนวณค่า polymorphic information content (PIC)	60
4.2 เทคนิคไอเอสเอสอาร์	61
4.2.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์	61
4.2.2 การวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์	67
4.2.3 การคำนวณค่า polymorphic information content (PIC)	68
4.3 การวิเคราะห์เทคนิคแฮตอาร์เอฟดีร่วมกับเทคนิคไอเอสเอสอาร์	69
4.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	71
4.4.1 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่งจำเพาะ	71
4.4.2 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	75
4.4.2.1 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>	75
4.4.2.2 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	87
4.4.2.3 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	98
4.4.2.4 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	116
4.4.3 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน	130
4.4.3.1 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rbcl</i>	130

4.4.3.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	132
4.4.3.3 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	134
4.4.3.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ร่วมกับยีน <i>rpoC1</i> และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	136
4.4.3.5 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> , <i>rpoC1</i> , <i>rbcl</i> และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	138
4.5 การนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เข้าในฐานข้อมูล GenBank	140
4.6 อภิปรายผล	141
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	145
5.1 เทคนิคแอสตอร์เอพีดี	145
5.2 เทคนิคไอเอสเอสอาร์	145
5.3 การวิเคราะห์เทคนิคแอสตอร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ร่วมกัน	146
5.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ	146
5.4.1 ยีน <i>rbcl</i>	146
5.4.2 ยีน <i>rpoC1</i>	147
5.4.3 ยีน <i>matK</i>	147
5.4.4 บริเวณ <i>trnH-psbA</i>	149
5.5 ข้อเสนอแนะ	149
รายการอ้างอิง	150
ภาคผนวก	
ภาคผนวก ก	158
ประวัติผู้เขียน	255

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 เปรียบเทียบสมบัติของเครื่องหมายดีเอ็นเอแต่ละประเภท	11
2.2 บริเวณดีเอ็นเอที่ถูกเสนอให้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานสำหรับ DNA barcode	20
3.1 กล้ามไม้สกุลเอื้องเทียน	25
3.2 ไพรเมอร์ชุด A2-F2	35
3.3 องค์ประกอบของสารที่ใช้ในแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์	36
3.4 ปฏิกริยาในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์	37
3.5 ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์	38
3.6 ไพรเมอร์ที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณตำแหน่งจำเพาะของยีน	40
3.7 องค์ประกอบของสารที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ	40
3.8 ปฏิกริยาในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่งจำเพาะของยีน	41
4.1 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี	61
4.2 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์	69
4.3 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์	70
4.4 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i> ที่ตำแหน่งต่าง ๆ	84
4.5 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน <i>rbcl</i>	84
4.6 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rbcl</i>	86
4.7 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i> ที่ตำแหน่งต่าง ๆ	95
4.8 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน <i>rpoC1</i>	95
4.9 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rpoC1</i>	97
4.10 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> ที่ตำแหน่งต่าง ๆ	112
4.11 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน <i>matK</i>	113
4.12 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>matK</i>	115
4.13 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i> ที่ตำแหน่งต่าง ๆ	127
4.14 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้นิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	129
4.15 เลขรหัสจำเพาะของแต่ละลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i> , <i>rbcl</i> , <i>rpoC1</i> และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	140

4.25	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ E26	54
4.26	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ E32	55
4.27	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ F23	55
4.28	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ F25	56
4.29	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ F27	56
4.30	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ F29	57
4.31	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีที่ได้จากไพรเมอร์ F30	57
4.32	แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี	60
4.33	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M05	62
4.34	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M10	62
4.35	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M14	63
4.36	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M15	63
4.37	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M21	64
4.38	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M24	64
4.39	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M26	65
4.40	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M27	65
4.41	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ M34	66
4.42	แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์	68
4.43	แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์	70
4.44	ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน <i>matK</i>	71
4.45	ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน <i>rbcl</i>	72
4.46	ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน <i>rpoC1</i>	73
4.47	ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	74
4.48	ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rbcl</i>	76
4.49	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rbcl</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	85
4.50	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rbcl</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood	85
4.51	ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>rpoC1</i>	87

4.52 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rpoC1</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	96
4.53 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>rpoC1</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood	96
4.54 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>matK</i>	98
4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>matK</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood	114
4.56 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน <i>matK</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony	114
4.57 ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน <i>trnH-psbA</i>	116
4.58 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้บริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	128
4.59 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้บริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum Likelihood	128
4.60 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> และ <i>rbcL</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	131
4.61 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> และ <i>rbcL</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony	131
4.62 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> และบริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	133
4.63 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> และบริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood	133
4.64 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>rbcL</i> และบริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	135
4.65 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>rbcL</i> และบริเวณ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood	135
4.66 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> ยีน <i>rpoC1</i> และ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining	137
4.67 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน <i>matK</i> ยีน <i>rpoC1</i> และ <i>trnH-psbA</i> ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony	137

- 4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK*,
rpoC1, *rbcL* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood 139
- 4.69 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK*,
rpoC1, *rbcL* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony 139



บทที่ 1

บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญ

ประเทศไทยเป็นถิ่นกำเนิดของกล้วยไม้เมืองร้อนที่สำคัญแห่งหนึ่งของโลก มีกล้วยไม้พื้นเมืองมากถึง 167 สกุล 1,140 ชนิด จากจำนวนกล้วยไม้ที่พบกันแล้วทั่วโลกมากกว่า 796 สกุล ประมาณ 19,000 ชนิด จึงถือได้ว่ากล้วยไม้เป็นพืชวงศ์ใหญ่ที่สุดในบรรดาพืชพรรณทั่วโลก และเป็นพืชที่มีความสวยงามทั้งสัดส่วนของต้น ใบ ร่วมกับองค์ประกอบของดอกที่มีลวดลาย และสีอันสวยงาม จึงทำให้กล้วยไม้ได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก นำมาปลูกเป็นไม้ประดับ มีการผสมพันธุ์ และปรับปรุงพันธุ์กันอย่างแพร่หลาย สำหรับประเทศไทยนั้นได้ชื่อว่าเป็นดินแดนแห่งกล้วยไม้ เนื่องจากสภาพภูมิประเทศที่อุดมสมบูรณ์ มีป่าไม้อันเป็นถิ่นอาศัยของกล้วยไม้้อยู่ในทุกภูมิภาค จึงนับว่ากล้วยไม้เป็นพืชที่มีความหลากหลายทางสายพันธุ์ ในปัจจุบันได้มีการปรับปรุงสายพันธุ์โดยการผสมข้ามชนิดข้ามสกุล ทำให้ได้กล้วยไม้ลูกผสมที่มีสวยงามมากยิ่งขึ้น

กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน เป็นกล้วยไม้อิงอาศัย เจริญทางด้านข้าง ลำลูกกล้วยรูปไข่ มีตั้งแต่ขนาดเล็กจนถึงขนาดใหญ่ ใบรูปรีจนถึงรูปแถบ ช่อดอกเป็นช่อกระจุก ดอกเล็กจนถึงดอกใหญ่เรียงเวียน มักบานพร้อมกันทั้งช่อ มีดอกสีขาว สีเขียว สีเหลือง จนถึงสีส้ม สกุลนี้มีการกระจายพันธุ์ในเขตร้อนของทวีปเอเชีย พบประมาณ 250 ชนิด ประเทศไทยพบเพียง 27 ชนิด ในธรรมชาติมีประชากรค่อนข้างน้อย การจำแนกลักษณะสัณฐานทำได้ยาก เนื่องจากกล้วยไม้แต่ละชนิดมีลักษณะที่คล้ายกันทั้งรูปร่างกลีบดอก ลวดลาย และสีอัน ทำให้การจำแนกจากลักษณะภายนอกทำได้ยาก ดังนั้นจึงต้องมีการศึกษาในระดับโมเลกุล เพื่อจัดจำแนกพันธุ์ และประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน เพื่อเป็นแนวทางในการอนุรักษ์และปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

ด้วยความสำคัญดังกล่าว ผู้วิจัยจึงศึกษาในระดับโมเลกุลเพื่อจำแนกพันธุ์และประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 24 ชนิด ด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, high annealing temperature - random amplified polymorphic DNA) ไอเอสเอสอาร์ (ISSR, inter simple sequence repeat) และลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ (Specific nucleotide sequences) แล้ววิเคราะห์ความน่าเชื่อถือของเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด ด้วยการเปรียบเทียบผลของแผนภูมิความสัมพันธ์ (dendrogram) และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree)

1.2 วัตถุประสงค์

1.2.1 วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเทคนิค แสตอาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์และลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

1.2.2 เปรียบเทียบประสิทธิภาพของแผนภูมิความสัมพันธ์ และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากเครื่องหมายโมเลกุลทั้ง 3 ชนิด

1.3 ปัญหาที่ต้องการทราบจากการศึกษา

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน โดยเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้ง 3 ชนิด

1.4 ขอบเขตของงานวิจัย

เทคนิคไอเอสเอสอาร์และสตาร์เอพีดีใช้ศึกษากล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 14 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนลำเขียว เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนน้อย เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนบาร์บตา เอื้องมัน เอื้องหมาก เอื้องสายเสริต เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนขาว เอื้องผาหมอก เอื้องเทียนใหญ่ลาว และเอื้องเทียนใบรี และการใช้นิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ ใช้ศึกษาเอื้องเทียน 24 ชนิด โดยเพิ่มเอื้องเทียนพังงา เอื้องเทียนใบบาง เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนลอเรนเซีย เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องสายเสริตอินโดและเอื้องเทียนหนู

1.5 สถานที่ทำการวิจัย

ห้องปฏิบัติการ B403 และ B407 อาคารเรียนและปฏิบัติการคณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี

บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 กล้ายไม้

กล้ายไม้เป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว (monocotyledonae) อยู่ในวงศ์ Orchidaceae เป็นพืชที่มีวิวัฒนาการและการปรับตัวอย่างสูงในหลายรูปแบบ จึงสามารถกระจายพันธุ์ได้ทั่วทุกภูมิภาคของโลก บางชนิดพบเฉพาะถิ่น บางชนิดพบได้ทั่วไปในระดับประเทศ หรือทั่วโลก (Dressler, 1993) ชนิดกล้ายไม้ที่พบมี 15,000-30,000 ชนิด ซึ่งนับว่าเป็นวงศ์ที่ใหญ่วงศ์หนึ่งของพืช เป็นพืชที่นิยมปลูกเลี้ยงอย่างแพร่หลาย เพราะมีลำต้น ใบ ร่วมกับองค์ประกอบของดอกที่มีรูปร่าง ลวดลาย และมีสีสันทที่สวยงาม (ครรรชิต, 2547; สลิล, 2549)

2.2 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

2.2.1 ราก

กล้ายไม้มีระบบรากแบ่งเป็นหลายชนิด เช่น รากดิน รากกึ่งดิน รากกึ่งอากาศ และรากอากาศ

2.2.1.1 ระบบรากดิน

จัดเป็นกล้ายไม้ที่มีระบบรากเกิดจากหัวที่อวบน้ำอยู่ใต้ดิน ตัวรากจะมีน้ำมาก เช่น กล้ายไม้สกุลนางอ้ว กล้ายไม้ประเภทนี้พบมากบริเวณพื้นที่ที่มีสภาพอากาศในฤดูกลางที่ชัดเจน เช่น ฤดูฝนมีฝนตกชุก หรือฤดูแล้ง เมื่อถึงฤดูฝนหัวจะแตกหน่อใบอ่อนจะชูขึ้นขึ้นมาบนผิวดิน และออกดอกในตอนปลายฤดูฝน เมื่อพ้นฤดูฝนไปแล้วใบก็จะทรุดโทรมและแห้งไป คงเหลือแต่หัวที่อวบน้ำและมีอาหารสะสมฝังอยู่ใต้ดินสามารถทนความแห้งแล้งได้

2.2.1.2 ระบบรากกึ่งดิน

มีรากซึ่งมีลักษณะอวบน้ำ ใหญ่หยาบและแตกแขนงแผ่กระจายอย่างหนาแน่น สามารถเก็บสะสมน้ำได้ดีพอสมควร กล้ายไม้ประเภทนี้พบอยู่ตามอินทรียวตฤที่เนาเป็อยผุพัง ร่วนโปร่ง กล้ายไม้ที่มีระบบรากกึ่งดิน ได้แก่ กล้ายไม้สกุลรองเท้านารี สกุลสแปทโทกลอดติส สกุลเอื้องพร้าว

2.2.1.3 ระบบรากกิ่งอากาศ

เป็นระบบรากที่มีเซลล์ผิวของรากมีชั้นเซลล์ที่หนาและมีลักษณะคล้ายฟองน้ำ ผิววนอกเกลี้ยงไม่มีขน มีลักษณะคล้ายฟองน้ำ เกือบและดูค้ำได้มาก สามารถนำน้ำไปใช้ตามเซลล์ผิวได้ ตลอดความยาวของราก ระบบรากกิ่งอากาศมักมีรากแขนงใหญ่หยาบอยู่กันอย่างหนาแน่นไม่มีรากขนอ่อน รากมีขนาดเล็กกว่ารากอากาศ กล้วยไม้ระบบรากกิ่งอากาศได้แก่ กล้วยไม้สกุลแคทลียา สกุลออนซิเดียม เป็นต้น

2.2.1.4 ระบบรากอากาศ

กล้วยไม้ที่มีระบบรากแบบรากอากาศจะมีรากขนาดใหญ่ แขนงรากหยาบ เซลล์ที่ผิวรากจะทำหน้าที่ดูดน้ำ เกือบน้ำและนำน้ำไปตามรากได้เป็นอย่างดี ทำให้สามารถทนทานต่อความแห้งแล้งได้ดี รากอากาศไม่ชอบอยู่ในสภาพเปียกแฉะนานเกินไป นอกจากนั้นปลายรากสดมีสีเขียวของคลอโรฟิลล์สามารถทำหน้าที่ปรุงอาหารได้เช่นเดียวกับใบเมื่อมีแสงสว่าง กล้วยไม้ที่มีระบบรากอากาศได้แก่ กล้วยไม้สกุลแวนด้า สกุลช้าง สกุลกุหลาบ สกุลแมลงปอ สกุลเข็ม เป็นต้น

2.2.2 ลำต้น

หมายถึงส่วนที่เป็นข้อ บริเวณส่วนเหนือข้อและติดอยู่กับข้อจะมีตา ตาอาจจะแตกเป็นหน่ออ่อน กิ่งอ่อนหรือช่อดอกก็ได้ ส่วนที่เป็นข้อเป็นส่วนที่มีใบ กาบใบ หรือกาบของลำต้นที่ไม่มีส่วนของใบเจริญออกมาได้ ส่วนที่อยู่ระหว่างข้อเรียกว่า ปล้อง สำหรับลำต้นของกล้วยไม้ที่โผล่พ้นจากเครื่องปลูกแบ่งได้ 2 ประเภท คือ ลำต้นแท้ และลำต้นเทียม

2.2.2.1 ลำต้นแท้

คือลำต้นที่มี ข้อ ปล้อง เหมือนกับลำต้นของพืชใบเลี้ยงเดี่ยวทั่วไป ที่ส่วนเหนือข้อจะมีตา ซึ่งสามารถเจริญเป็นหน่อใหม่ และช่อดอกได้ ลำต้นประเภทนี้จะเจริญเติบโตออกไปทางยอดได้แก่ กล้วยไม้สกุลแวนด้า แมลงปอ และรองเท้านารี

2.2.2.2 ลำต้นเทียม

ลำต้นเทียม หรือที่เรียกว่า ลำลูกกล้วย ทำหน้าที่สะสมอาหาร ตาที่อยู่ตามข้อบน ๆ ของลำลูกกล้วยสามารถแตกเป็นหน่อหรือช่อดอกได้ แต่ลำต้นที่แท้จริงของกล้วยไม้ประเภทนี้คือ เหง้า ซึ่งเจริญในแนวนอนไปตามผิวของเครื่องปลูก ลักษณะของเหง้ามีข้อและปล้องถี่ กล้วยไม้ที่มีลำต้นลักษณะนี้ ได้แก่ กล้วยไม้สกุลหวาย แคทลียา อพิเดนมดรัมและสกุลออนซิเดียมสีของใบส่วนมากมีสีเขียวอมเหลือง บางชนิดใบมีสีสันลวดลายสวยงาม หน้าที่ของใบ คือ การสังเคราะห์ด้วยแสง โดยสารสีเขียวเรียกว่าคลอโรฟิลล์ที่อยู่ภายในใบร่วมกับแสงสว่าง ช่วยให้ก๊าซคาร์บอนไดออกไซด์จาก

อากาศทำปฏิกิริยากับน้ำเกิดเป็นน้ำตาล นอกจากนี้ไบบยังทำหน้าที่คายน้ำออกจากต้น ช่วยให้รากสามารถดูดน้ำและอาหารเข้าสู่ต้น เป็นการแทนที่น้ำที่ระเหยออกจากใบ ทำให้ต้นได้อาหารหรือปุ๋ยผ่านเข้าทางรากได้

2.2.3 ใบ

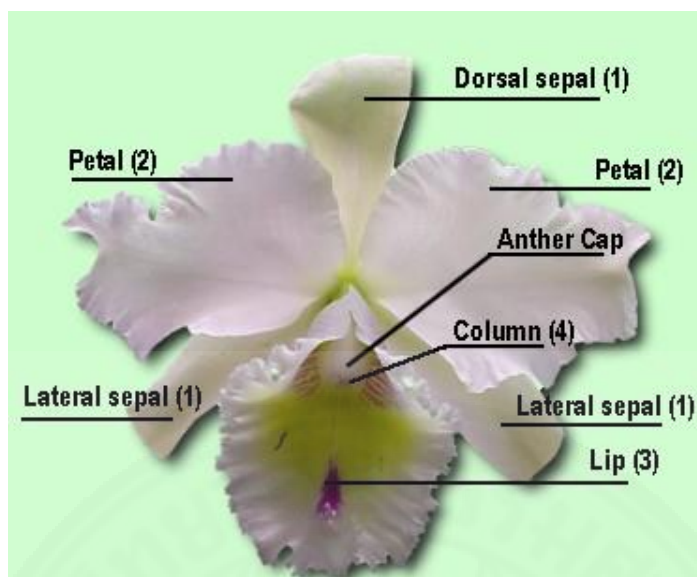
กล้วยไม้เป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว คือเส้นใบจะอยู่ในลักษณะขนานกันไปตามความยาวของใบ ใบของกล้วยไม้มีลักษณะที่แตกต่างกันออกไปตามชนิดของกล้วยไม้ นับตั้งแต่รูปร่าง สี สัน ขนาด และการทรงตัวตามธรรมชาติ ลักษณะใบของกล้วยไม้มีหลายชนิด เช่น ใบแบน ใบกลม และใบร่อง ซึ่งเป็นลูกผสมระหว่างพวกใบกลมกับใบแบน แต่ใบกล้วยไม้ส่วนมากแล้วจะมีลักษณะแบน การเรียงตัวจะมีทั้งเรียงสลับกันและเรียงซ้อนทับกัน ใบของกล้วยไม้มีลักษณะแตกต่างกันตามสายพันธุ์

2.2.4 ช่อดอก

มีลักษณะแตกต่างกันไปอย่างกว้างขวางแล้วแต่สกุลและชนิดของกล้วยไม้ บางชนิดมีก้านช่อสั้นมาก บางชนิดมีก้านช่อยาว บางชนิดมีช่อดอกตั้งแข็ง (erect) บางชนิดมีช่อดอกลักษณะโค้งหรือห้อยหัวลง เช่น ช่อดอกกล้วยไม้ไอเอยเรศ กล้วยไม้บางชนิดมีช่อดอกยาวและมีแขนงแยกออกไปอีก เช่น ช่อดอกกล้วยไม้ในสกุลรีแนนเธอร่า ก้านซึ่งเป็นแกนกลางของช่อดอกจะประกอบด้วยข้อและปล้อง ช่อดอกของกล้วยไม้บางชนิดมีตาซึ่งอยู่ตามข้อของก้านที่เป็นแกนช่อสามารถแตกและเจริญออกมาเป็นต้นกล้วยไม้เล็ก ๆ ได้ เช่น ก้านช่อของกล้วยไม้สกุลฟาแลนนอพซิส เป็นต้น

2.2.5 ดอก

ดอกกล้วยไม้เป็นดอกสมบูรณ์เพศ คือ เกสรตัวผู้และเกสรตัวเมียอยู่ในดอกเดียวกัน มีหน้าที่ในการสืบพันธุ์ ส่วนประกอบของดอก ได้แก่ กลีบรองดอก คือกลีบชั้นนอก เป็นส่วนที่ห่อหุ้มป้องกันส่วนต่าง ๆ ในขณะที่มีสภาพเป็นตาดอกอยู่ มักมีลักษณะและสีสันคล้ายใบ กล้วยไม้มีกลีบดอก 6 กลีบ แบ่งออกเป็น 2 ชั้น ชั้นนอก 3 กลีบและชั้นใน 3 กลีบ กลีบชั้นนอกอยู่ข้างบนหนึ่งกลีบ ข้าง ๆ หรือข้างล่าง 2 กลีบ กลีบคู่ล่างนี้จะมีขนาดรูปร่างและสีสันเหมือนกัน แต่กลีบบนอาจแตกต่างออกไปสำหรับกลีบชั้นใน 3 กลีบ กลีบหนึ่งอยู่ข้างล่าง อีก 2 กลีบอยู่ข้างบน กลีบคู่นี้จะมีความยาว รูปร่าง สีสันเหมือนกัน ส่วนกลีบล่างจะเปลี่ยนไปโดยมีขนาดเล็กกลางหรือโตขึ้น และมีสีสันผิดไปจากกลีบคู่บน กลีบคู่ล่างมีชื่อเรียกเฉพาะว่า ปาก หรือ กระเป่า



ภาพที่ 2.1 ส่วนประกอบของดอก (Fortner, 2002)

2.2.6 เกสร

คืออวัยวะที่แท้จริงของพืชมีดอก หรือเป็นส่วนประกอบเพื่อช่วยในการผสมพันธุ์ กล้วยไม้เป็นพืชที่มีดอกสมบูรณ์เพศ คือ มีเกสรตัวผู้ และเกสรตัวเมียอยู่ในดอกเดียวกัน เกสรกล้วยไม้มีลักษณะเฉพาะ คือ ส่วนของก้านชูยอดเกสรเมื่อกับก้านชูอับเรณูของเกสรผู้รวมเป็นอวัยวะอันเดียวกัน และยอดเกสรเมื่อกับเรณูติดอยู่ส่วนนี้ รวมเรียกส่วนนี้ทั้งหมดว่า “เส้าเกสร” ซึ่งจะยื่นออกมาจากจุดเดียวกันกับที่โคนกลีบดอก ติดอยู่ที่ปลายสุดของเส้าเกสรเป็นที่อยู่ของเรณู

2.2.7 ผลหรือฝัก

ฝักกล้วยไม้มีอายุตั้งแต่ผสมเกสรไปจนถึงฝักแก่จะแตกต่างกันไปตามชนิดของกล้วยไม้ร่วมกับสภาพแวดล้อมและความสมบูรณ์ขององค์ประกอบในการเจริญเติบโต กล้วยไม้บางชนิดฝักอาจจะแก่ได้ในระยะเวลาเพียงเดือนกว่าเท่านั้น บางชนิดฝักจะอยู่กับต้นถึงปีครึ่ง ฝักแก่มักจะห้อยปลายลงเป็นจำนวนมาก ได้แก่ ฝักของกล้วยไม้สกุลหวาย เป็นต้น แต่ละฝักมีเมล็ดเป็นจำนวนมาก เมล็ดมีลักษณะเรียวยาวหรือป่องกลางคล้ายลูกรีบี้ เมล็ดมีขนาดเล็กมาก มีแต่คัพภะ แต่ไม่มีอาหารสะสม (พรรณไม้ไทย, 2015)

2.3 กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน (*Coelogyne* Lindl.)

สกุลซีโลกินี ตั้งขึ้นเมื่อปี ค.ศ. 1822 โดย Sir John Lindley สำหรับชื่อสกุลมีรากศัพท์มาจากภาษากรีก 2 คำ คือ คำว่า koilos แปลว่า โพรง และ gyne แปลว่า เพศเมีย ลักษณะทั่วไป ลำลูกกล้วยมีผิวมัน ใบมัน และดอกผิวมันเช่นกัน จึงถูกเรียกว่าเอื้องเทียนหรือเอื้องมัน ดอกค่อนข้างมีขนาดใหญ่ ช่อดอกออกจากโคนต้น มีสามถึงห้าดอก ใบประดับเป็นกาบมีขนาดยาวพอ ๆ กับความยาวของกลีบดอก มักมีกลิ่นหอมอ่อน ๆ ที่ปากมักมีแต้มสีสดไล่ลดตายต่าง ๆ กันตามชนิด สกุลนี้มักเป็นกล้วยไม้อิงอาศัย ขึ้นตามโขดหินหรือต้นไม้ ชอบแสงแดดจัดถึงแสงปานกลาง แต่แสงรำไรก็อยู่ได้ ส่วนสกุล *Neogyne* มีลักษณะคล้ายสกุลเอื้องเทียน (*Coelogyne*) มาก แต่กลีบปากมีขอบพับโค้งรอบเส้าเกสรและโคนกลีบเลี้ยงทั้งสามกลีบเป็นถุงตั้ง ๆ ในประเทศไทยพบเพียงชนิดเดียวคือ *Neogyne gardneriana* (Lindl.) Rchb.f. สกุลเอื้องเทียนมีการกระจายพันธุ์ในเขตร้อนของทวีปเอเชีย พบประมาณ 250 ชนิด ประเทศไทยพบ 27 ชนิด ตามป่าผลัดใบและป่าไม่ผลัดใบทุกภูมิภาค (สลิล, 2006) กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนที่พบในประเทศไทย ได้แก่ เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนลำเขียว เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนน้อย เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องมัน เอื้องหมาก เอื้องสายเสริต เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนขาว เอื้องผาหมอก เอื้องเทียนใหญ่ลาว เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนพังงา เอื้องเทียนใบบาง เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนลอเรนเซีย เอื้องเทียนใหญ่ และเอื้องเทียนบอร์เนียว

การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนในสมัยที่เครื่องหมายโมเลกุลยังไม่ได้ถูกนำมาใช้อย่างแพร่หลาย จะศึกษาโดยใช้ลักษณะภายนอกที่ปรากฏออกมาหรือ สัณฐาน เช่น ดอก ใบและลำต้น ในปี 2000 คณะของ Pelsner ได้ศึกษาการจำแนกเอื้องเทียนในกลุ่ม *Fuliginosae* โดยใช้ลักษณะเกสรตัวผู้ (pollen) และรูปร่างของดอกทั้งหมด 29 ลักษณะ เพื่อจำแนก *C. fimbriata*, *C. fuliginosa*, *C. ovalis*, *C. padangensis*, *C. pallens* และ *C. triplicatula* แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม STATGRAPHICS Plus 2.1 พบว่า *C. triplicatula* ช่วงโคนกลีบปากจะมีสันค่อนข้างน้อย ซึ่งบางลักษณะยังไม่สามารถแยกออกจาก *C. fimbriata* ได้ นอกจากนี้ยังพบว่า *C. triplicatula* มีลักษณะเด่นที่สามารถแยกออกจากเอื้องเทียนชนิดอื่นได้ ๆ คือ ช่วงขอบของปลายกลีบปากจะสั้นกว่าเอื้องเทียนชนิดอื่นที่ศึกษา ต่อมาได้มีการนำเครื่องหมายโมเลกุลมาวิเคราะห์ร่วมกับลักษณะสัณฐานมากขึ้น เช่น รายงานการศึกษาของ Sierra และคณะ ได้ศึกษาจำแนกเอื้องเทียนในหมู่ *verrucosae* โดยใช้ลักษณะสัณฐาน 27 แบบ เช่น เกล็ดที่เหง้า (rhizome scales) รูปร่างของใบ (leaves) ลักษณะลำลูกกล้วย (pseudobulbs) จำนวนดอกต่อหนึ่งช่อ (flowers per inflorescence) รังไข่ (ovary) กลีบดอก (petals) ช่วงโคนกลีบปาก (hypochile) สันกลีบปาก (keels) หูกกลีบปากด้านข้าง (Lateral lobes) เป็นต้น นอกจากนี้ยังศึกษาจากลำดับ

นิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และบริเวณ ITS แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากลักษณะสัณฐานและสร้างจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และบริเวณ ITS ด้วยโปรแกรม MEGA 4.03 ผลการศึกษาพบว่ายีน *matK* สามารถจัดกลุ่มเอียงเทียบได้ตรงกับลักษณะที่สำคัญของ หมู่ *verrucosae* คิดเป็น 98 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งได้ผลดีกว่าการใช้ลักษณะสัณฐานที่มีประสิทธิภาพในการ จำแนกหมู่มากเพียง 76 เปอร์เซ็นต์ จึงทำให้ในปัจจุบันมีการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกพืชมากขึ้น เช่น HAT-RAPD, ISSR, RFLP, SSR และการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ เช่น ยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1*, บริเวณ ITS, และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และยีน *psbA* เนื่องจากเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพมากกว่าการจำแนกด้วยการใช้ลักษณะสัณฐานเพียงอย่างเดียว

2.4 การจำแนกกล้วยไม้สกุลเอียงเทียบตามหลักพฤกษศาสตร์

การจัดแบ่งตามลักษณะทางพฤกษศาสตร์ ได้อาศัยหลักการจัดแบ่งตามอนุกรมวิธาน (taxonomy) ซึ่งเป็นหลักการที่ใช้ในการจัดหมวดหมู่ของสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ บนโลกนี้ กล้วยไม้จัดอยู่ในวงศ์ Orchidaceae และได้มีการแบ่งออกเป็น 6 วงศ์ย่อย (Dressler, 1993) ได้แก่

1. Apostasioideae เป็นกลุ่มไม้ที่เติบโตบนพื้นดินในป่า มี 2 สกุล คือ *Apostasia* และ *Neuwiedia*
2. Cyripedioideae เป็นกลุ่มไม้ที่เกิดบนพื้นดิน โขดหิน และบนซากอินทรีย์วัตถุ มี 4 สกุล คือ *Cyripedium*, *Paphiopedilum*, *Phragmipedium* และ *Selenipedium*
3. Neottioideae ส่วนใหญ่เป็นกล้วยไม้ดินเช่นกัน มีเหง้าทอดไปตามผิวดินหรือใต้ดิน หรือมีรากสะสมอาหารอยู่ใต้ดิน ในบาง ได้แก่ *Epipogium* และ *Ludisia* เป็นต้น
4. Orchidoideae ไม่พบในไทย ได้แก่ *Brachycorythis*, *Hemipilia* และ *Sirindhornia*
5. Epidendroideae วงศ์ย่อยนี้มีความหลากหลายด้านที่อยู่อาศัย และรูปร่างลักษณะ มีหลายสกุลในวงศ์นี้ที่พบ และนิยมปลูกในประเทศไทย ได้แก่ สกุลต่าง ๆ ในกลุ่มแคทลียา สกุลหวาย สกุลสิงโตกลอกตา รวมทั้งสกุลเอียงเทียบ
6. Vandoideae ได้แก่ กลุ่มแวนด้า

2.4.1 การจัดกลุ่มของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน (Dressler, 1990; Butzin, 1992; De Vogel, 1994)

โดยสกุลเอื้องเทียน (*Coelogyneae*) มีเผ่าย่อยหลายสกุล ได้แก่ เอื้องเทียน (*Coelogyne*) เอื้องใบสน (*Dendrochilum*) สกุลสร้อยระย้า (*Otochilus*) สกุลเอื้องรงรอง (*Panisea*) สกุลกระดิ่ง ภูหรือเอื้องพลาย (*Pleione*) สกุลนีโอจีนิ (*Neogyne*) และสกุลเอื้องลำต้อ (*Pholidota*)

Section: Brachypterae ได้แก่ เอื้องลำเทียนปากดำ หรือเอื้องลำเทียน (*Coelogyne brachyptera* Rchb.f.)

Section: Coelogyne ได้แก่ เอื้องมัน (*Coelogyne cumingii* Lindl.)

Section: Elatae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนหิน (*Coelogyne calcicola* Kerr.) 2. เอื้องเทียน บาร์บาตา (*Coelogyne barbata* Lindl. ex Griff.)

Section: Flaccidae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนใบแคบ (*Coelogyne viscosa* Rchb.f.) 2. เอื้องเทียนน้อย (*Coelogyne lactea* Rchb.f.) 3. เอื้องหมาก (*Coelogyne trinervis* Lindl.)

Section: Fuliginosae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนใบรี (fim.) (*Coelogyne fimbriata* Lindl.)

Section: Fuscescentes ได้แก่ 1. เอื้องเทียนส้ม, เอื้องเทียนสีส้ม [*Coelogyne fuscescens* var. *brunnea* (Lindl.) Lindl.] 2. เอื้องเทียนใหญ่ (*Coelogyne assamica* Linden & Rchb. f.)

Section: Lawrenceanae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนใหญ่ลาว (*Coelogyne eberhardtii* Gagnep.) 2. เอื้องเทียนลอเรนเซีย (*Coelogyne lawrenceana* Rolfe)

Section: Lentiginosae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนลำเขียว (*Coelogyne lentiginosa* Lindl.) 2. เอื้องเทียนใบบาง (*Coelogyne schilleriana* Rchb.f.)

Section: Ocellatae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนขาว, สกาวจันทร์ [*Coelogyne nitida* (Wall.) Lindl.]

Section: Proliferae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนหนู (*Coelogyne schultesii* S.K.Gen & S.Das)

Section: Tomentosae ได้แก่ 1. เอื้องสายเสริต [*Coelogyne rochussenii* (de Vriese) Kuntze] 2. เอื้องสายเสริตชมพู (*Coelogyne velutina* de Vogel) 3. สายเสริตอินโด (*Coelogyne pulverula* Teijsm. & Binn.) 4. เอื้องเทียนพังงา (*Coelogyne pachystachya* Elis.George & J.-C.George)

Section: Speciosae ได้แก่ 1. เอื้องผาหมอก (*Coelogyne xyrekes* Ridl.)

2. เอื้องผาหมอกชิว (*Coelogyne speciosa* Lindley)

Section: Verrucosae ได้แก่ 1. เอื้องเทียนบอร์เนียว (*Coelogyne asperata* Lindl.)

2. เอื้องเทียนอินโด (*Coelogyne pandurata* Lindl.)

2.5 การจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

ในการจำแนกพันธุ์และศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืช สามารถทำได้หลายวิธี ได้แก่ การสังเกตจากลักษณะภายนอกหรือสัณฐานวิทยา รวมทั้งการใช้เทคนิคทางอณูพันธุศาสตร์ (molecular genetics) โดยเริ่มศึกษาจากการดูลักษณะภายนอกหรือลักษณะสัณฐาน (morphology) ซึ่งลักษณะที่ปรากฏเป็นผลจากการแสดงออกของจีโนไทป์ (genotype) และมีผลกระทบของสภาพแวดล้อมที่สิ่งมีชีวิตเจริญเติบโตในช่วงเวลานั้น (จรัสศรี, 2548) ทำให้การจำแนกและจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมทำได้ยาก ทำให้เกิดความผิดพลาดในการแยกความแตกต่างของสายพันธุ์ได้ โดยเฉพาะอย่างยิ่งสายพันธุ์พืชบางชนิดที่มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรม การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA Marker) ช่วยในการบ่งชี้ความแตกต่างของสายพันธุ์พืช (varietal identification) รวมทั้งการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้เข้ามาช่วยให้การจำแนกความแตกต่างของสายพันธุ์มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น (สุริพร, 2546) และยังเป็นข้อมูลสำคัญในการจดสิทธิบัตรพันธุ์พืช (plant patent) (Paterson *et al.*, 1991) นอกจากนี้เครื่องหมายดีเอ็นเอยังได้รับความนิยมอย่างมากในการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (genetic diversity) อีกด้วย (Mondini *et al.*, 2009) ดังนั้นการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืช จึงมีประสิทธิภาพมากกว่าการคัดเลือกจากฟีโนไทป์ เนื่องจากเป็นการคัดเลือกจากจีโนไทป์โดยตรง (สุริพร, 2546) และสามารถตรวจสอบได้ในทุกระยะการเจริญเติบโตของสิ่งมีชีวิต

2.5.1 เครื่องหมายดีเอ็นเอ

เครื่องหมายดีเอ็นเอ หมายถึง ชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่ใช้เป็นเครื่องหมายติดตามหน่วยพันธุกรรมหรือยีนของสิ่งมีชีวิตและสามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกหลานได้ พืชแต่ละชนิดแต่ละสายพันธุ์มีการจัดเรียงตัวของนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลดีเอ็นเอที่เป็นเอกลักษณ์และมีความแตกต่าง (polymorphisms) ของลำดับเบสในโมเลกุลดีเอ็นเอ จึงทำให้สิ่งมีชีวิตมีความแตกต่างกัน และสามารถนำมาประยุกต์ใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอ การเลือกใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์และคุณสมบัติของเครื่องหมายดีเอ็นเอแต่ละประเภท (ตารางที่ 2.1)

ตารางที่ 2.1 เปรียบเทียบสมบัติของเครื่องหมายดีเอ็นเอแต่ละประเภท

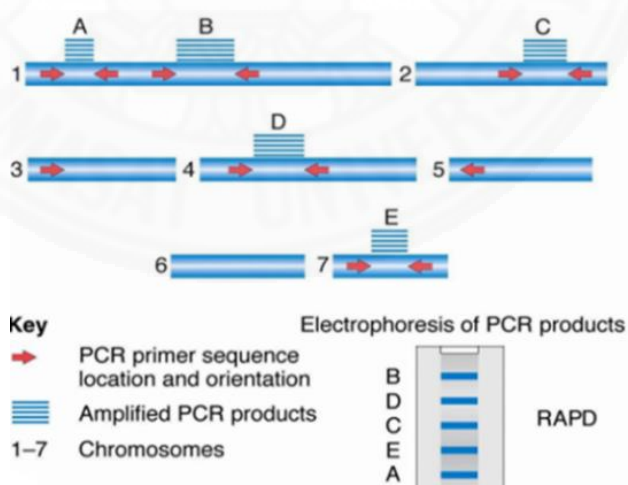
Feature	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
DNA required (mg)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
DNA quality	High	high	moderate	moderate	high
PCR-based	No	yes	Yes	Yes	Yes
Number of polymorphic loci analyzed	1.0-3.0	1.5-50	20-100	1.0-3.0	1.0
polymorphism					
Ease of use	not easy	easy	easy	easy	easy
Amenable to automation	Low	moderate	moderate	high	high
Reproducibility	High	unreliable	high	high	high
Development cost	Low	low	moderate	high	high

(ที่มา : Korzun, 2002)

การประยุกต์ใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์ส่วนใหญ่มีจุดประสงค์เพื่อการคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีลักษณะดีตามที่ต้องการ เรียกว่า การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอช่วยในการคัดเลือก (marker-assisted selection, MAS) ซึ่งเป็นวิธีการคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพมากกว่าการคัดเลือกจากฟีโนไทป์ เนื่องจากการคัดเลือกจากจีโนไทป์โดยตรง (สุริพร, 2546) เครื่องหมายดีเอ็นเอสามารถตรวจสอบได้ในทุกระยะการเจริญเติบโตของสิ่งมีชีวิต จึงมีส่วนช่วยประหยัดเวลา ลดแรงงาน ลดต้นทุน และพื้นที่ในการเพาะปลูกได้ ดังนั้น งานปรับปรุงพันธุ์พืชซึ่งถือเป็นหัวใจสำคัญในการสร้างพืชสายพันธุ์ใหม่ให้ได้ผลผลิตสูง และเป็นที่ต้องการของเกษตรกร จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องใช้เครื่องมือที่มีความแม่นยำในการคัดเลือกและแยกความแตกต่างของลักษณะเหล่านั้น จึงทำให้เครื่องหมายดีเอ็นเอหรือเครื่องหมายโมเลกุลเข้ามามีบทบาทและเพิ่มความสำคัญมากขึ้น (สรพงศ์, 2554)

2.5.1.1 แสตอาร์เอพีดี

แสตอาร์เอพีดี (HAT-RAPD, random amplified polymorphic DNA) เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาขึ้น เพื่อใช้ตรวจสอบความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยอาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรสึแบบสุ่ม หรือเป็นที่รู้จักกันโดยทั่วไปว่าพีซีอาร์ (PCR, polymerase chain reaction) (Welsh and McClean, 1990, William *et al.*, 1990) พืชแต่ละชนิดจะมีการจัดเรียงตัวของลำดับเบสของดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ดังนั้นเมื่อนำมาตรวจสอบโดยการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในหลอดทดลองด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรสึโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสโดยสุ่ม หรือ arbitrary primer (ซึ่งหมายถึงส่วนรหัสเริ่มต้นของดีเอ็นเอสายเดี่ยวขนาดสั้นประมาณ 10 เบส) หากไพรเมอร์นั้นมีเบสคู่สมกับดีเอ็นเอของพืชที่นำมาตรวจสอบจะเกิดการจำลองตัวของดีเอ็นเอต้นแบบขึ้น เนื่องจากปฏิกิริยาปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรสึนั้นใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม ดังนั้นไพรเมอร์เหล่านี้จึงสามารถเข้าคู่กับดีเอ็นเอของพืชโดยสุ่มได้หลายตำแหน่ง หากการเข้าคู่นั้นเกิดขึ้นในทิศทางที่เหมาะสม จะทำให้เกิดการจำลองตัวของดีเอ็นเอของพืชนั้น ๆ ดังนั้นถ้าสายพันธุ์พืชตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบมีความแตกต่างของสารพันธุกรรมหรือเป็นคนละชนิดกัน ความสามารถในการจำลองตัวของดีเอ็นเอจะแตกต่างกัน ทำให้ได้จำนวนและชั้นของดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน และสามารถนำมาใช้ประโยชน์เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอในการบ่งบอกชนิดของสายพันธุ์ (cultivar identification) ได้



ภาพที่ 2.2 หลักการของเครื่องหมายแสตอาร์เอพีดี (Griffiths *et al.*, 1996)

เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดีถูกนำมาใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์พืชกันอย่างกว้างขวางเนื่องจากวิธีการไม่ยุ่งยาก ไม่ซับซ้อน สามารถทำได้ง่าย สะดวก และรวดเร็ว ค่าใช้จ่ายในการตรวจสอบค่อนข้างต่ำ เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้มีไม่มากนักเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีอื่น ๆ เนื่องจากไพรเมอร์ที่ใช้ในปฏิกิริยาพีซีอาร์นั้น ไม่เฉพาะเจาะจงกับดีเอ็นเอบริเวณใดบริเวณหนึ่งบนโครโมโซมของพืชที่ต้องการตรวจสอบ ดังนั้นแอสตาร์ทเอพีดีจึงเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ไม่เฉพาะเจาะจงที่ตำแหน่งยีนเหมือนอาร์เอฟแอลพีและความแตกต่างหรือโพลิมอร์ฟิซึมของอาร์เอพีดี มักเกิดในลักษณะมีและไม่มีแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่ง หนึ่ง ๆ โดยแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจึงแสดงการข่มต่อการไม่เกิดแถบดีเอ็นเอ ดังนั้น เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดี จึงจัดเป็น dominant marker จึงไม่สามารถบอกความแตกต่างระหว่างพวกที่เป็นโฮโมไซโกตและเฮเทอโรไซโกตได้ (Waugh and Powell, 1992; Stueb et al., 1996) เครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดี เป็นวิธีที่ปรับปรุงมาจากเทคนิคอาร์เอพีดี (RAPD, random amplified polymorphic DNA) คือ มีการเพิ่มอุณหภูมิ (annealing temperature) ในขั้นตอนการเข้าจับกับดีเอ็นเอแม่แบบ (DNA template) ของไพรเมอร์ (primer) จาก 35-42 เป็น 46-62 องศาเซลเซียส ซึ่งจะให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) มีความชัดเจนมากขึ้นและให้แถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลาย (polymorphism) เพิ่มขึ้น (Anuntalabhojai et al., 2000)

Luciana และคณะ (2010) ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุล *Catasetum* (Orchidaceae) จำนวน 37 ชนิด โดยใช้จำนวนตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมด 56 ต้น ด้วยเทคนิค RAPD โดยใช้ไพรเมอร์ 15 ชนิด พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้จำนวน 221 แถบ ซึ่งมี polymorphisms เท่ากับ 209 แถบ เมื่อหาค่าความสัมพันธ์ของความคล้ายทางพันธุกรรมระหว่าง interspecific พบว่า *Catasetum complanatum* กับ *Catasetum laminatum* มีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายกันเท่ากับ 37 % และระหว่าง *Catasetum triodon* กับ *Catasetum uncatum* มีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายเท่ากับ 83 % ในขณะที่เมื่อวิเคราะห์ระหว่างชนิด พบว่า *Catasetum triodon*, *Catasetum atratum* และ *Catasetum macrocarpum* มีช่วงของสัมประสิทธิ์ความคล้ายตั้งแต่ 88 - 93 % ซึ่งจากผลการทดลองที่ได้สามารถนำไปใช้ในการรวบรวมพันธุ์พืช เพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

Nagananda และคณะ (2012) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยไม้ *Aerides* จำนวน 3 ชนิด ได้แก่ *A. crispa*, *A. maculosa* และ *A. ringens* ด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 10 ชนิด พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ 159 แถบ โดยมี polymorphism เท่ากับ 40 แถบ เมื่อหาค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายมีช่วงตั้งแต่ 0.5 ได้แก่ *A. crispa* และ *A. ringens* ถึง 0.66 ได้แก่ *A. crispa* และ *A. maculosa* จากผลการทดลองสามารถนำมาใช้ในการวางแผนเพื่ออนุรักษ์สายพันธุ์ต่อไป

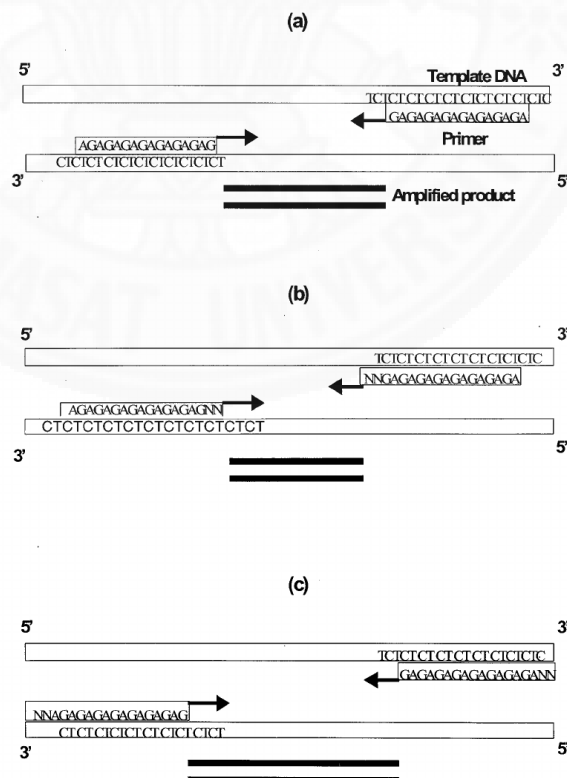
นฤมล และคณะ (2014) ตรวจสอบการจำแนกพันธุ์กล้วยไม้สกุลกุหลาบด้วยเทคนิค แอตอาร์เอพีดีมาตรวจสอบพันธุ์กล้วยไม้สกุลกุหลาบ 15 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม 72 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ 57 ชนิด สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ เมื่อคัดเลือกไพรเมอร์ 24 ชนิด ซึ่งให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมาตรวจสอบกับดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลกุหลาบแต่ละพันธุ์ พบว่าสามารถแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ออกจากกันได้ด้วยแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะกับพันธุ์ ผลการวิจัยพบว่ามีไพรเมอร์ 20 ชนิด ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลกุหลาบทั้งหมดได้ด้วยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว สร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.32 ถึง 0.75 นอกจากนี้ผลการวิจัยครั้งนี้ยังแสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายแอตอาร์เอพีดีสามารถระบุพันธุ์ของกล้วยไม้สกุลกุหลาบและสามารถใช้วางแผนการผสมพันธุ์เพื่อพัฒนาพันธุ์ใหม่ได้

เบญจวรรณ และคณะ (2014) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลฟาแลนนอปซิส ได้แก่ *Phalaenopsis schilleriana*, เขากวางอ่อน (*Phalaenopsis cornu-cervi*) และลูกผสมระหว่าง *P. schilleriana* x *P. cornu-cervi* ด้วยเทคนิคอาร์เอพีดีโดยใช้ไพรเมอร์อาร์เอพีดี 80 ชนิด พบว่ามี 6 ชนิด ได้แก่ OPA06, OPC02, OPC05, OPC06, OPG14 และ OPN07 ให้แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันจำนวน 76 แถบ เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่า ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.19 ถึง 0.71 สามารถแบ่งได้เป็น 4 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 คือ ลูกผสมที่มีใบแบบที่ 1 ใบอ่อนมีสีเขียว และแบบที่ 4 ใบอ่อนมีปื้นสีม่วงกระจายทั่วทั้งแผ่นใบ, กลุ่มที่ 2 คือ ลูกผสมที่มีใบแบบที่ 2 ใบอ่อนมีจุดสีม่วง กระจาย และแบบที่ 3 ใบอ่อนมีจุดสีม่วง กระจุกตัวเป็นแถบตามขวางของแผ่นใบ, กลุ่มที่ 3 คือ *P. cornucervi* และกลุ่มที่ 4 คือ *P. schilleriana* และการจัดกลุ่มความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างพ่อแม่และลูกผสมด้วยวิธี PCA ในกลุ่มลูกผสมแสดงถึงความใกล้ชิดกันในทุกกลุ่ม โดยลักษณะมีการกระจายตัวอยู่ระหว่างพ่อแม่

นฤมล และคณะ (2014) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายด้วยเครื่องหมายแอตอาร์เอพีดีมาตรวจสอบพันธุ์กล้วยไม้สกุลหวาย 15 พันธุ์ โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม 72 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ 51 ชนิด สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ เมื่อคัดเลือกไพรเมอร์ 24 ชนิดที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมาตรวจสอบกับดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลหวายแต่ละพันธุ์ พบว่าสามารถแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ได้ด้วยแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะกับพันธุ์ นอกจากนี้ยังพบไพรเมอร์ 20 ชนิด ที่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายทั้ง 15 พันธุ์ ได้โดยใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนอยู่ระหว่าง 0.27 ถึง 0.71 โดยผลการวิจัยครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายแอตอาร์เอพีดีสามารถระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสาย ซึ่งใช้วางแผนการผสมพันธุ์เพื่อพัฒนาพันธุ์ใหม่ ๆ ได้

2.5.1.2 ไอเอสเอสอาร์

เทคนิคไอเอสเอสอาร์ (ISSR, inter-simple sequence repeat) เป็นการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างตำแหน่งไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellite) 2 ตำแหน่ง โดยไมโครแซทเทลไลท์คือ ชิ้นดีเอ็นเอบริเวณที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ซ้ำ (repetitive DNA) เรียงต่อเนื่องกันในจีโนม แต่ละชุดซ้ำประกอบด้วย 1-6 นิวคลีโอไทด์ พบได้ในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด ไมโครแซทเทลไลท์พบกระจายแบบไม่สม่ำเสมอทั่วทั้งจีโนม พบมากในจีโนมของสิ่งมีชีวิตชั้นสูง และส่วนใหญ่พบในบริเวณที่ไม่ใช่ยีน (non-coding region) ซึ่งความผันแปรจำนวนซ้ำของไมโครแซทเทลไลท์ในจีโนมสามารถประยุกต์ใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อจำแนกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตได้ (สุรินทร์, 2552) เทคนิคไอเอสเอสอาร์ไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับเบสเช่นเดียวกับเทคนิคฮอโลไทป์ มีหลักการคือใช้ไพรเมอร์ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นไมโครแซทเทลไลท์และเติมนิวคลีโอไทด์คัดเลือก โดยไพรเมอร์จะเข้าจับกับไมโครแซทเทลไลท์ 2 ตำแหน่ง ใกล้เคียง ๆ กัน แล้วเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอระหว่างไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 2 ตำแหน่งนั้น ซึ่งเรียกชิ้นดีเอ็นเอนี้ว่า ไอเอสเอสอาร์ โดยมีข้อดี คือ ทำได้ง่าย รวดเร็ว และต้นทุนไม่สูงมากนัก ส่วนข้อด้อยคือเป็นเครื่องหมายที่แสดงการข่มแบบสมบูรณ์ (complete dominant) (Powell *et al.*, 1996; สุรินทร์, 2552)



ภาพที่ 2.3 หลักการของไอเอสเอสอาร์ (Reddy, 2002)

Zhen-Xing และคณะ (2008) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้ *Cymbidium* จำนวน 16 ชนิด ด้วยเทคนิคไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ 15 ชนิด พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 836 แถบ โดยมี polymorphisms 227 แถบ คิดเป็น 27.2 % เมื่อจัดกลุ่มด้วย UPGMA พบว่า *C.goeringii* (Rchb.f.) Rchb.f. และ *C. goeringii* var. *longibracteatum* มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันมากที่สุด ในขณะที่ *C. lancifolium* มีความเหมือนเหมือนทางพันธุกรรมกับ *Cymbidium* อีก 15 พันธุ์น้อยที่สุด

Zhong Wang และคณะ (2009) ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวาย 31 ชนิด ด้วยเทคนิคไอเอสเอสอาร์ ไพรเมอร์ที่ใช้มี 17 ชนิด พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ 2,368 แถบ และมี polymorphism เท่ากับ 278 แถบ จากนั้นจัดกลุ่มดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวาย 31 ชนิด ด้วยวิธี UPGMA สามารถจัดกลุ่มได้ 6 กลุ่ม

Xie และคณะ (2010) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลฟาแลนนอปซิส 24 ชนิด ด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 12 ชนิด ผลการทดลองพบว่าไพรเมอร์ที่คัดเลือกมี 12 ชนิด สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 301 แถบ และมี polymorphisms เท่ากับ 268 แถบ (89.1%) เมื่อหาค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายมีค่าตั้งแต่ช่วง 0.37-0.93 แสดงว่ากล้วยไม้ฟาแลนนอปซิสแต่ละชนิดมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง จากนั้นสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วย UPGMA พบว่าสามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้ฟาแลนนอปซิสได้ 3 กลุ่ม

วริศรา และคณะ (2014) ศึกษาการจำแนกพันธุ์กล้วยไม้สกุลกุหลาบ โดยใช้เทคนิคแฮตอาร์เอฟพีดีและไอเอสเอสอาร์มาตรวจสอบและจำแนกพันธุ์กล้วยไม้สกุลกุหลาบ 13 พันธุ์ ผลการวิจัยพบว่าการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มที่คัดเลือกแล้ว 20 ไพรเมอร์ โดยเทคนิคแฮตอาร์เอฟพีดีปรากฏแถบดีเอ็นเอ 323 แถบ ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างกันในกล้วยไม้สกุลกุหลาบแต่ละพันธุ์ 321 แถบ ส่วนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ที่คัดเลือกแล้ว 10 ไพรเมอร์ ด้วยเทคนิคไอเอสเอสอาร์ ปรากฏแถบดีเอ็นเอ 160 แถบ ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างกันในกล้วยไม้สกุลกุหลาบแต่ละพันธุ์ 157 แถบ เมื่อนำข้อมูลที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอฟพีดีและไอเอสเอสอาร์มาจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 พบว่าสามารถแบ่งกล้วยไม้สกุลกุหลาบได้เป็น 5 และ 6 กลุ่ม ตามลำดับ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน 0.26-0.70 และ 0.33-0.73 ตามลำดับ เมื่อนำข้อมูลที่ได้จากเทคนิคทั้งสองมาวิเคราะห์ร่วมกันพบว่าสามารถแบ่งกลุ่มกล้วยไม้สกุลกุหลาบได้เป็น 5 กลุ่ม เช่นเดียวกับเทคนิคแฮตอาร์เอฟพีดี

Moraes และคณะ (2014) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้แคทลียา 3 ชนิด ได้แก่ *Cattleya guttata*, *C. tigrina* และ *C. leopoldii* ด้วยเทคนิคไอเอสเอสอาร์โดยใช้ไพรเมอร์ 13 ชนิด พบว่ามี polymorphism 97 แถบ คิดเป็น 96.9 % แสดงว่ากล้วยไม้แคทลียาทั้ง 3 ชนิด มีความเหมือนทางพันธุกรรมสูง โดย *C. guttata* และ *C. leopoldii* มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุด

2.5.1.3 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ เป็นวิธีการจำแนกชนิดสิ่งมีชีวิตซึ่งอาศัยหลักการเพิ่มขยายดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน (polymerase chain reaction, PCR) ผสมผสานกับชีวสารสนเทศศาสตร์ (bioinformatics) โดยเลือกทำการเพิ่มขยายชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่มีความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์ในสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกัน (interspecific variation) สูงกว่าความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์ (nucleotides) ภายในสิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกัน (intraspecific variation) ซึ่งผ่านการประเมินศักยภาพมาแล้วว่าสามารถใช้ในการจำแนกสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดได้ อาจใช้เพียงบริเวณเดียวหรือหลายบริเวณในจีโนมแต่มักเป็นดีเอ็นเอช่วงสั้น ๆ (150-800 คู่เบส) เพื่อให้ง่ายต่อการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชัน ไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ จากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์เปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอมาตรฐานในบริเวณเดียวกันซึ่งถูกบันทึกเก็บไว้ในฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ (DNA barcoding database) ซึ่งเป็นข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตที่ทราบชื่อวิทยาศาสตร์แล้ววิธีการนี้จะทำให้ระบุตัวอย่างสิ่งมีชีวิตได้อย่างรวดเร็ว (Shneyer, 2009; Casiraghi *et al.*, 2010) ดังนั้นการใช้รหัสนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะช่วยในการจำแนกสิ่งมีชีวิตที่มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ลดความผิดพลาด มีความรวดเร็วในการจำแนกสิ่งมีชีวิตชนิดต่าง ๆ โดยอาศัยหลักการว่าสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดมีสารพันธุกรรมที่แสดงลักษณะเฉพาะของสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งๆ แตกต่างไปจากสิ่งมีชีวิตชนิดอื่นและสามารถจำแนกได้ทุกระยะของพัฒนาการชีวิต (วิชัย, 2552) ซึ่งคุณสมบัติของยีนที่นำมาใช้เป็นรหัสนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะต้องมีชิ้นดีเอ็นเอขนาดสั้นที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ต่างกันมากพอที่จะทำให้สามารถแยกสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันออกจากกัน แต่ต้องมีความแตกต่างภายในชนิดเดียวกันต่ำมากหรือไม่มีเลย และต้องมีบริเวณอนุรักษ์ (conserved region) ที่สามารถใช้ไพรเมอร์สากล (universal primer) เพื่อเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอนั้นด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันหรือพีซีอาร์สำหรับนำมาใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ (Hebert *et al.*, 2003) ทำให้ในปัจจุบันเทคนิคนี้ได้รับความนิยมในการจำแนกพืชเป็นอย่างมาก เนื่องจากการจำแนกโดยดูเพียงลักษณะทางสัณฐานอาจมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม อีกทั้งการจำแนกกลุ่มของสิ่งมีชีวิตด้วยลักษณะรูปร่างจำเป็นต้องใช้ตัวอย่างปริมาณมากเพื่อใช้ยืนยันชนิด ด้วยเหตุนี้การจำแนกชนิดด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาจึงไม่เหมาะสมกับตัวอย่างที่มี

จำนวนน้อยและมีความสำคัญในเชิงอนุรักษ์ นอกจากนี้การจัดจำแนกชนิดด้วยลักษณะรูปร่างต้องใช้เวลานานมากในการจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตให้เป็นหมวดหมู่ รวมทั้งต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญเฉพาะด้านที่มีความชำนาญโดยเฉพาะในการจัดจำแนกโดยใช้ลักษณะสัณฐาน โดยเทคนิคนี้เริ่มมาจากมีนักวิทยาศาสตร์กลุ่มหนึ่งนำทีมโดย Prof. Paul D.N. Hebert จากมหาวิทยาลัย Guelph ประเทศแคนาดาเป็นบุคคลแรกที่มีการนำหลักการลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ มาใช้ในการจำแนกชนิดของสิ่งมีชีวิตจากชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่มีความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์ซึ่งใช้ในการจำแนกสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันได้ และเป็นผู้ริเริ่มทำให้เกิดโครงการรหัสบาร์โค้ดของสิ่งมีชีวิต (Barcode of Life) ภายใต้การทำงานขององค์การระหว่างประเทศที่ชื่อว่า Consortium of the Barcode of Life จัดตั้งขึ้นในปี ค.ศ. 2005 องค์การนี้เกิดจากความร่วมมือของนักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกที่มีความคิดรวบรวมข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดของสิ่งมีชีวิตทั้งหมดประมาณ 10 ล้านชนิด ไม่ว่าจะเป็นโปรติสต์ รา พืชและสัตว์ชนิดต่าง ๆ ให้มีการจัดจำแนกเพื่อให้ได้ข้อมูลของชนิด จัดทำให้เป็นระบบสามารถสืบค้น อ้างอิง และตรวจสอบชนิดของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ ได้จึงเกิดเป็นฐานข้อมูลที่ใช้อ้างอิงสำหรับดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่เรียกว่า BOLD (BOLD, The Barcode of Life Data System) (<http://phe.rockefeller.edu/barcode/>)

ตั้งแต่ ค.ศ. 2005 กลุ่มนักวิจัยหลายกลุ่มได้เสนอคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอบริเวณต่างๆ รวม 7 บริเวณ ซึ่งประกอบด้วย 4 ยีน 3 spacer มีศักยภาพและเหมาะสมที่จะนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานได้ดี ได้แก่ *rbcl*, *rpoC1*, *matK*, *rpoB*, *trnH-psbA*, *atpF-atpH* และ *psbK-psbI* ส่วนบริเวณอื่นๆ เช่น *trnL* (UAA) (Taberlet *et al.*, 2007) *accD* (Sass *et al.*, 2007) *ndhJ* และ *ycf5* (Lahaye *et al.*, 2008) ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ใช้ยีนในคลอโรพลาสต์มาใช้ในการศึกษา ได้แก่ *matK*, *rbcl* *rpoC1* และ *trnH-psbA*

ยีน *matK* มีขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส ทำหน้าที่ถอดรหัสเอนไซม์ maturase K ที่ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับ Group II introns splicing (Hilu & Liang, 1997) ในการนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานจะเลือกเพียงบางบริเวณของยีนให้มีความยาว 700-800 คู่เบส (Ford *et al.*, 2009) ข้อดีของยีนนี้คือมีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์สูงเพียงพอที่จะนำมาใช้ระบุชนิดพืชได้ดี อีกทั้งยังให้คุณภาพของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ในเกณฑ์ที่ดีเช่นเดียวกับยีน *rbcl*

ยีน *rbcl* เป็นยีนในคลอโรพลาสต์จีโนมที่ทำหน้าที่ถอดรหัสเอนไซม์ ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) หน่วยย่อยขนาดใหญ่ (large subunit) เอนไซม์ RubisCO ที่สมบูรณ์ ความยาวของยีน *rbcl* มีความแปรผันเล็กน้อยในพืชแต่ละชนิด โดยทั่วไปมีความยาวเฉลี่ย 1,400 คู่เบส (Ford *et al.*, 2009) ในการนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอ

มาตรฐานเพื่อสร้าง DNA barcode จะใช้เพียงบางส่วนของยีนที่มีความยาวตั้งแต่ 500-700 คู่เบส (Kress & Erickson, 2007; Gonzalez *et al.*, 2009; Ebihara *et al.*, 2010) จุดเด่นของยีน *rbcl* ที่ CBOL Plant Working Group พิจารณาว่าเหมาะสำหรับเป็นดีเอ็นเอมาตรฐานคือมีความเป็นมาตรฐานสากล และให้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีคุณภาพดีมาก แม้ว่าประสิทธิภาพในการนำไปใช้แยกและระบุชนิดพืชจะค่อนข้างต่ำแต่เมื่อใช้ร่วมกับบริเวณอื่น เช่น *matK* จะให้ผลการแยกและระบุชนิดพืชได้ดีขึ้น (วุฒิพงษ์, 2554)

ยีน *rpoC1* คือยีนที่แปลรหัสได้เป็นพอลิเปปไทด์ (polypeptide) ที่เป็นองค์ประกอบของเอนไซม์อาร์เอ็นเอพอลิเมอเรส (RNA polymerase) ซึ่งอยู่ในคลอโรพลาสต์ รายงานวิจัยสรุปว่า อินทรอนที่พบในยีน *rpoC1* เป็นลักษณะปกติที่สามารถพบได้ในพืชดอกที่มีบรรพบุรุษร่วมกัน โดยเป็นบริเวณที่เกิดการเปลี่ยนแปลงแทนที่มาก อินทรอนที่แทรกอยู่ภายในยีนมีความสัมพันธ์กับผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและระบุชนิด มีประสิทธิภาพจำแนกพันธุ์พืชบางชนิด พบว่ามีพืชหลายชนิดสามารถใช้บริเวณยีน *rpoC1* วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพืชได้ มีอัตราการเปลี่ยนแปลงแทนที่ในเอกซอนและอินทรอนที่ให้ข้อมูลเพียงพอในพืชหลายชนิด ผลจากบริเวณที่มีการเปลี่ยนแปลงแทนที่มากจะถูกวิเคราะห์เป็นข้อมูลความสัมพันธ์ได้ดี (Liston, 1992; Downie *et al.*, 1996)

ลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* คือชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* (tRNA-His) เป็นยีนในส่วนที่ไม่ได้แปลรหัสเป็นโปรตีนของคลอโรพลาสต์ ถูกถอดรหัสได้เป็น tRNA^{His} (GUG) และจับกับกรดอะมิโนฮิสทีดีน (histidine: H) 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 (Kress *et al.*, 2005) เพราะมีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูงเพียงพอที่จะนำมาใช้แยกและระบุชนิดของพืชได้ดี (Kress *et al.*, 2005; Kress & Erickson, 2007) นอกจากนี้บริเวณ *trnH-psbA* ยังมีส่วนปลายของสายนิวคลีโอไทด์ทั้งสองด้านที่เป็นบริเวณอนุรักษ์สูง (ความยาวประมาณ 75 คู่เบส) จึงสามารถพัฒนาไพรเมอร์ที่เป็น universal primers ที่ใช้ศึกษาเกี่ยวกับพืชได้หลายกลุ่ม (Taberlet *et al.*, 1991; Shaw *et al.*, 2005)

อย่างไรก็ดีกลุ่มนักวิจัยต่าง ๆ ได้พบว่าการใช้ดีเอ็นเอมาตรฐานมากกว่า 1 บริเวณ มีความเหมาะสมต่อการนำไปใช้ระบุพืชกลุ่มต่าง ๆ ได้ดีกว่าการใช้เพียงบริเวณเดียว จึงได้มีการเสนอให้ใช้

ร่วมกันเป็น 2-3 บริเวณ (Kress & Erickson, 2007; Newmaster *et al.*, 2008; CBOL Plant Working Group, 2009) หรือการใช้ 3 บริเวณร่วมกัน (Chase *et al.*, 2007) และการเลือกใช้ผสมผสานกัน 3-4 บริเวณ (Fazekas *et al.*, 2008) (ตาราง 2.2)

ตารางที่ 2.2 บริเวณดีเอ็นเอที่ถูกเสนอให้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานสำหรับสร้าง DNA barcode ในพืช

คณะนักวิจัย	บริเวณดีเอ็นเอที่นำมาประเมิน	บริเวณที่เสนอให้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐาน
Kress & Erickson (2007)	ITS, <i>rbcL</i> , <i>trnH-psbA</i> , ITS1, <i>accD</i> , <i>ndhJ</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> , <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> , <i>ycf5</i>	<i>rbcL</i> + <i>trnH-psbA</i>
Newmaster <i>et al.</i> (2008)	<i>accD</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> , <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> , UPA	<i>matK</i> + <i>trnH-psbA</i>
Lahaye <i>et al.</i> (2008)	<i>accD</i> , <i>ndhJ</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> , <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> , <i>ycF5</i>	<i>matK</i> หรือ <i>matK</i> + <i>trnH-psbA</i>
Fazekas <i>et al.</i> (2008)	COI, 23S rDNA, <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> , <i>rbcL</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> , <i>atpF-atpH</i> , <i>psbK-psbI</i>	แนะนำให้ใช้ 3-4 บริเวณร่วมกัน โดยเลือกระหว่าง <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> และ <i>atpF-atpH</i>
Hollingsworth <i>et al.</i> (2009)	<i>rpoC1</i> , <i>rpoB</i> , <i>rbcL</i> , <i>matK</i> , <i>trnH-psbA</i> , <i>atpF-atpH</i> , <i>psbK-psbI</i>	แนะนำให้ใช้ 3 บริเวณร่วมกัน โดยเลือกระหว่าง <i>rpoC1</i> , <i>rbcL</i> , <i>matK</i> และ <i>trnH-psbA</i>
CBOL Plant Working Group (2009)	<i>atpF-atpH</i> , <i>matK</i> , <i>rbcL</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC</i> , <i>psbK-psbI</i> , <i>trnH-psbA</i>	<i>rbcL</i> + <i>matK</i>
Chen <i>et al.</i> (2010)	<i>trnH-psbA</i> , <i>matK</i> , <i>rbcL</i> , <i>rpoC1</i> , <i>ycf5</i> , ITS2, ITS	ITS2

(ที่มา: วุฒิพงษ์, 2554)

Xiang และคณะ (2011) ศึกษาการจำแนกเอื้องหวอดพราหมณ์โดยใช้ลำดับเบสจำเพาะของยีน *rbcl*, *matK*, *atpF-atpH*, *psbK-psbI*, *trnH-psbA* และบริเวณที่แทรกอยู่ภายในชุดยีน ribosomal DNA (18S-5.8S-26S rDNA) คือ internal transcribed spacer (ITS) ผลการศึกษาพบว่า *matK* และ ITS มีความผันแปรของลำดับเบสสูงที่สุด จึงสามารถจำแนกสายพันธุ์เอื้องหวอดพราหมณ์ได้ อย่างไรก็ตามเมื่อศึกษา *matK* ร่วมกับ ITS จะสามารถจำแนกเอื้องหวอดพราหมณ์ได้ดีกว่าการใช้ *matK* เพียงยีนเดียว

Chemisquy และ Morrone (2012) ศึกษาความสัมพันธ์เอ็นเอใน *Gavilea* (Chloraeinae: Orchidaceae) โดยใช้เครื่องหมายของพลาสติด คือ *rpoC1*, *matK-trnK*, *atpB-rbcL* และบริเวณ ITS นำมาวิเคราะห์โดยใช้ maximum Parsimony และ bayesian Inference ผลการจำแนกพันธุ์พืชดังกล่าวพบว่า *Chloraea chica* และ *Gavilea supralabellata* ไม่สามารถแยกออกจากกันได้ เนื่องจากเป็นลูกผสมกัน ส่วน *Chloraea* และ *Bipinnula* สามารถแยกออกจากกันอย่างชัดเจน

Sharma และคณะ (2012) ใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่ง ITS เพื่อศึกษาวิวัฒนาการของกล้วยไม้สกุลเข็มปีเดียว 10 ชนิด จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลเข็มปีเดียวที่ตำแหน่ง ITS 1, 5.8S และ ITS2 ได้ทั้งหมด 684 เบส ซึ่งพบว่าตำแหน่ง ITS 1 และ ITS 2 มีความหลากหลายของลำดับเบส และมีเบส cytosine และ guanine สูง โดยตำแหน่ง 5.8S เป็นบริเวณที่มีลำดับเบสอนุรักษ์สูงถึง 98.71 % รองลงมาคือ ITS 1 เท่ากับ 86.12 % และน้อยสุด คือ ITS 2 เท่ากับ 69.40 % ตำแหน่ง ITS 2 พบว่าลำดับเบสบริเวณนี้มีการเกิด indel เท่ากับ 24.63 % และมีการเกิดการกลายแบบ transition และ transversion สูง ดังนั้นลำดับเบสตำแหน่ง ITS 2 จึงมีความเหมาะสมนำมาใช้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะเพื่อจำแนกกล้วยไม้สกุลเข็มปีเดียวเนื่องจากเป็นบริเวณที่มีการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์มากพอที่จะแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์พืชได้

นฤมล และคณะ (2014) วิเคราะห์จีโนมของกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยาม 12 ชนิด โดยตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoB*, *rpoC1* และชิ้นดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* พบว่าไม่มีลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณใดที่สามารถแยกกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามทั้ง 12 ชนิด ออกจากกันได้ทั้งหมด อย่างไรก็ตามการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rbcl* ร่วมกันสามารถแยกกล้วยไม้สกุลสิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามออกจากกันได้ ยกเว้นสิงโตกำปูใหญ่และสิงโตกำปูแดงซึ่งสามารถแยกด้วยการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* หรือชิ้นดีเอ็นเอ *trnH-psbA*

นฤมล และคณะ (2015) ใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะเพื่อตรวจสอบกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายจำนวน 13 ตัวอย่าง โดยเพิ่มซันตีเอ็นเอของยีน *matK* และ *rpoC1* ในพลาสติก แล้ววิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม ClustalW2 และ MEGA 4.0 จากนั้นจึงสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *matK* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ 7 ชนิด ส่วนแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoC1* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ทั้ง 13 ชนิด ซึ่งให้ค่าสัมประสิทธิ์ความต่างเป็น 0.000-0.027 และ 0.002-0.014 ตามลำดับ อย่างไรก็ตาม เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยตรง พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนทั้งสองในกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายแต่ละชนิดนั้นมีความแตกต่างกัน ซึ่งสามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายออกจากกันได้ทั้ง 13 ชนิด

จินต์ และคณะ (2015) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจำแนกกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มด้วยลำดับดีเอ็นเอจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* ด้วยวิธี neighbor-joining, maximum parsimony และ maximum likelihood พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของซันตีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA* สามารถแยกชนิดกล้วยไม้ได้ดี แต่แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* มีประสิทธิภาพต่ำกว่า คือ สามารถแยกชนิดกล้วยไม้ได้น้อยกว่า ซึ่งเกิดจากมีอัตราการแทนที่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ต่ำ อย่างไรก็ตาม เมื่อใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 2 บริเวณร่วมกันสามารถแยกชนิดกล้วยไม้เป็น 3 กลุ่ม ที่มีความสัมพันธ์กันภายในกลุ่ม ซึ่งแสดงให้เห็นว่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสอดคล้องกับแหล่งแพร่กระจายพันธุ์ โดยข้อมูลที่ได้จากงานวิจัยนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในด้านอนุกรมวิธาน การอนุรักษ์พันธุกรรม และการปรับปรุงพันธุ์

บทที่ 3 วิธีการวิจัย

3.1 อุปกรณ์

ตู้อบแห้ง (hot air oven) เครื่องหมุนเหวี่ยงความเร็วสูง (high speed refrigerated centrifuge) เครื่องวัดพีเอช (pH meter) เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (Perkin Elmer; Gene Amp PCR system 2400) เครื่องจ่ายกระแสไฟฟ้า (power supply; BIO-RAD, U.S.A.) เครื่องทำความเย็น (freezer) ชุดอุปกรณ์อิเล็กโตรโฟรีซิส (electrophoresis set) หม้อนึ่งความดัน (autoclave) เครื่องชั่งไฟฟ้า (analytical balance) เครื่องปรับอุณหภูมิด้วยน้ำ (water bath) เครื่องวัดการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) ตู้ดูดควัน (FUME HOOD) ชุดโม่บดตัวอย่าง (mortar and pestle) เครื่องผสมสารละลาย (vortex mixer) เตาไมโครเวฟ (microwave) หลอดเซนตริฟิวจ์ (centrifuge tubes) ปิเปตอัตโนมัติ (automatic pipettes) และปิเปตต์ทิป (pipette Tips) ขนาดต่าง ๆ

3.2 สารเคมี

3.2.1 การสกัดดีเอ็นเอ

ซีทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ (cetyltrimethyl ammonium bromide, CTAB) โซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ความเข้มข้น 2.5 โมลาร์ โซเดียมเมตาไบซัลไฟต์ (sodium metabisulfite) โซเดียมโดเดซิลซัลเฟต (sodium dodecyl sulfate, SDS) ไอโซโพรพานอล (isopropanol) โซเดียมอะซิเตต (sodium acetate) pH 5.2 ความเข้มข้น 3 โมลาร์ พอลิไวนิลไพโรลิโดน (Polyvinyl pyrrolidone, PVP) คลอโรฟอร์ม (chloroform) ฟีนอล (phenol) เอทิลีนไดอะมีนเตตราอะซิติก (ethylene diamine tetra acetic acid, EDTA) pH 8.0 ความเข้มข้น 20 มิลลิโมลาร์ ทริสคลอไรด์ (Tris-HCl) pH 8.0 ความเข้มข้น 100 มิลลิโมลาร์ ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (isoamyl alcohol) เอทานอลบริสุทธิ์ (absolute ethanol) เบต้าเมอแคปโทเอทานอล (β -mercaptoethanol) ลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ (linear polyacrylamide) เอนไซม์ไรโบนิวคลีเอส (RNase A) และสารละลายบัฟเฟอร์ TE ความเข้มข้น 10 ยูนิต์ต่อมิลลิลิตร

3.2.2 ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (RBC) ความเข้มข้น 5 ยูนิตต่อไมโครลิตร สารละลายบัฟเฟอร์ A ความเข้มข้น 10 เท่า แมกนีเซียมคลอไรด์ ($MgCl_2$) ความเข้มข้น 50 มิลลิโมลาร์ ดีออกซีนิวคลีโอไทด์ไตรฟอสเฟต (deoxynucleotide triphosphate, dNTPs) ความเข้มข้น 2 มิลลิโมลาร์

3.2.3 การวิเคราะห์เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส




เจลอะกาโรส (agarose gel) สารละลายบัฟเฟอร์ TAE ความเข้มข้น 0.5 เท่า สารละลายบัฟเฟอร์ (Tris acetate, TAE) สีย้อม (6X Loading dye) ความเข้มข้น 6 เท่า เอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) ความเข้มข้น 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร

3.3 วิธีกรวิจัย



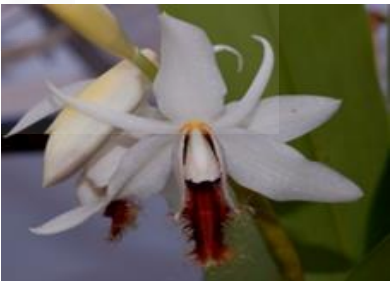
3.3.1 กล้ามเนื้อที่ใช้ในงานวิจัย

กล้ามเนื้อสกุลเอื้องเทียนที่ใช้ในงานวิจัยนี้ จำนวน 24 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนใบแคบ (*Coelogyne Viscosa* Rchb. f.) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (*Coelogyne lentiginosa* Lindl.) เอื้องเทียนหิน (*Coelogyne calcicola* Kerr.) เอื้องเทียนน้อย (*Coelogyne lactea* Rchb. f.) เอื้องเทียนส้ม (*Coelogyne fuscescens* var. *brunnea*) เอื้องเทียนบาร์บาตา (*Coelogyne barbata* Lindl. ex Griff.) เอื้องมัน (*Coelogyne cumingii* Lindl.) เอื้องหมาก (*Coelogyne trinervis* Lindl.) เอื้องเทียนขาว [*Coelogyne nitida* (Wall. Mss.) Lindl.] เอื้องสายเสริต [*Coelogyne rochussenii* (de Vriese) Kuntze] เอื้องลำเทียนปากดำ (*Coelogyne brachyptera* Rchb. f.) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (*Coelogyne eberhardtii* Gagnep.) เอื้องผาหมอก (*Coelogyne xyrekes* Ridl.) เอื้องเทียนใบรี (*Coelogyne fimbriata* Lindl.) เอื้องเทียนพังกา (*Coelogyne pachystachya* Elis.George & J.-C.George) เอื้องเทียนใบบาง (*Coelogyne schilleriana* Rchb.f.) เอื้องสายเสริตชมพู (*Coelogyne velutina* de Vogel) เอื้องเทียนอินโด (*Coelogyne pandurata* Lindl.) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (*Coelogyne lawrenceana* Rolfe) เอื้องเทียนใหญ่ (*Coelogyne assamica* Linden & Rchb. f.) เอื้องเทียนบอร์เนียว (*Coelogyne asperata* Lindl.) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (*Coelogyne speciosa* Lindley) สายเสริตอินโด (*Coelogyne pulverula* Teijsm. & Binn.) และเอื้องเทียนหนู (*Coelogyne schultesii* S.K.Gen & S.Das) แสดงในตารางที่ 3.1




ตาราง 3.1 กล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
1. เอื้องเทียนใบแคบ <i>C. viscosa</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ผิวเป็นมัน ขึ้นชิดกันเป็นกอบนเหง้าทอดเลื้อย - ใบรูปแถบ ปลายแหลม - ช่อดอกออกปลายหน่อใหม่ มีช่อเดียว ช่อดอกสั้นกว่าใบ - ดอกมีสีขาวสด กลีบสีขาว กลางกลีบสีเหลือง มีลายสีน้ำตาล 	 <p>http://www.orquidariovirtua.com/orchids/coelogyne/</p>
2. เอื้องเทียนลำเขียว <i>C. lentiginosa</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอก - ใบรูปใบหอก มี 2 ใบ - ดอกมีกลีบสีเขียวอ่อนแกมเหลือง กลางกลีบปาก มีปื้นสีน้ำตาลจนถึงสีส้มทั่วกลีบ 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธานีรัตน์</p>
3. เอื้องเทียนหิน <i>C. calcicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปทรงกระบอกแกมรูปไข่ - ใบรูปใบหอกแคบ แผ่นใบหนา - ดอกมีสีขาวหรือขาวครีม มีแต้มสีเหลือง กลีบปากตั้งขึ้น มีสันเป็นเส้นฝอย 2 สัน 	 <p>https://www.orchidsforum.com/threads/coelogyne-calcicola.13534/</p>

ตารางที่ 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
4. เอื้องเทียนน้อย <i>C. lactea</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ขึ้นชิดกันบนเหง้าทอดเลื้อย - ใบรูปรีแกมรูปหอกกลับ ปลายใบแหลม แผ่นใบหนาและแข็ง - ดอกมีสีขาวนวล ปลายแหลม กลีบปากรูปไข่ขอบกลีบส่วนปลายบิดเป็นคลื่น 	 <p>https://www.orchidsforum.com/threads/coelogyne-lactea.2025/</p>
5. เอื้องเทียนส้ม <i>C. fuscescens</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรี ขึ้นชิดกันบนเหง้าทอดเลื้อย - ใบพับจีบรูปรี ปลายใบแหลม - ดอกมีกลีบดอกรูปแถบ ปลายกลีบมน ทั้งห้ากลีบสีน้ำตาลแกมส้ม มีจุดหรือปื้นสีเข้ม 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนานันต์</p>
6. เอื้องเทียนบาร์บาตา <i>C. barbata</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปทรงรี มีร่องพาดตามแนวยาว - ใบรูปหอก ปลายเรียวแหลม ขอบใบเป็นคลื่น เนื้อใบหนา - ดอกมีกลีบดอก 5 กลีบ มีสีขาวและกลิ่นหอม 	 <p>http://www.orchidspecies.com/coelbarbata.htm</p>

ตารางที่ 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
7. เอื้องมัน <i>C. cumingii</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ผิวเป็นมัน - ใบรูปหอก ปลายใบแหลม โคนใบเป็นก้านแข็ง แผ่นใบมัน - กลีบดอกรูปหอก สีขาว หูปากรูปทรงมน กลางกลีบสีเหลืองสด และมีสัน 3 สัน 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนานันต์</p>
8. เอื้องหมาก <i>C. trinervis</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรี เรียงตัวชิดกัน เป็นกลุ่มแน่น ผิวแห้ง สีเขียวอมเหลือง มีสันมนตามยาว - ใบรูปรี แผ่นใบค่อนข้างหนา และเหนียว มีรอยพับจีบตามยาว - ดอกมีกลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีขาวนวล กลีบปากสีขาว มีแต้มสีน้ำตาลแดง และเหลือง 	 <p>http://www.pbase.com/image/106004366</p>
9. เอื้องเทียนขาว <i>C. nitida</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปทรงกลม รูปไข่ ผิวมันวาว - ใบรูปรีจนถึงรูปหอก - ดอกมีสีขาว ปลายแหลม กลีบปากรูปไข่ และมีแต้มสีเหลืองขอบเป็นสีน้ำตาล 	 <p>http://www.flickrriver.com/photos/54255865@N00/tags/coelogyne/</p>

ตาราง 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
10. เอื้องสายเสริต <i>C. rochussenii</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยมีรูปร่างเรียวยาว คล้ายกล้วย - ใบงอกจากปลายลำลูกกล้วย ใบงอกขึ้นใหม่ในฤดูใบไม้ผลิ - ดอกจะอยู่รวมกันเป็นพวง ห้อยยาวมาจากลำต้นมีรูปร่างคล้าย หอกจำนวน 5 กลีบ หูปากมีสีขาว มีเส้นสีเหลืองตรงกลาง 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนานันต์</p>
11. เอื้องลำเทียนปากดำ <i>C. brachyptera</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยเรียวยาว - ใบรูปขอบขนานแกมรูปรี โคนใบสอบ ขอบใบเรียบ - ดอกสีเขียวย่อมน ด้านในกลีบปากมีเส้นสีดำจำนวนมาก และมีแถบสีดำ 	 <p>http://flickrhivemind.net/Tags/brachyptera,coelogyne/Interesting</p>
12. เอื้องเทียนใหญ่ลาว <i>C. eberhardtii</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่แกมรูปรี - ใบรูปขอบขนาน แกมรูปใบหอก - ดอกมีสีขาวอมเหลือง กลีบปากมีผิวด้านบนขอบสีน้ำตาลเข้ม กลีบปากปลายแผ่สีขาว 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย ธนานันต์</p>

ตาราง 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
13. เอื้องผาหมอก <i>C. xyrekes</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปทรงรี เป็นเหลี่ยม - ใบรูปรีหรือรูปขอบขนานแกมรูปไข่ - ดอกสีชมพูอ่อนอมน้ำตาล กลีบปากสีดำนน้ำตาลเข้ม ขอบกลีบเป็นคลื่นและเป็นสัน 	 <p>http://www.flickrriver.com/photos/54255865@N00/tags/xyrekes/</p>
14. เอื้องเทียนใบรี <i>C. fimbriata</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ขึ้นชิดกันบนเหง้าสั้น ๆ - ใบรูปรีจนถึงรูปหอก ปลายใบแหลม ผิวมัน - ดอกมีกลีบสีเหลืองหม่น กลีบปากรูปรีกว้าง หูปากรูปครึ่งวงกลมตั้งชัน แผ่นกลีบมีสันสีเข้ม 4 สัน เรียงขนานกัน 	 <p>http://orchids.wikia.com/wiki/Coelogyne_fimbriata</p>
15. เอื้องเทียนพังงา <i>C. pachystachya</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ สีเขียวมะกอกเข้ม มีร่องพาดตามแนวยาว - ใบรูปใบหอกกลับ ขอบใบเป็นคลื่น มีเนื้อเหนียวคล้ายหนัง - ดอกมีสีขาวครีม หูปากสีขาว ด้านในรอยแฉก สีส้มทองแดง และมีเส้นเล็กๆเป็นลายสีขาวอยู่ด้านข้างและด้านใน 	 <p>http://www.flickrriver.com/photos/jvinoz/10921962964/</p>


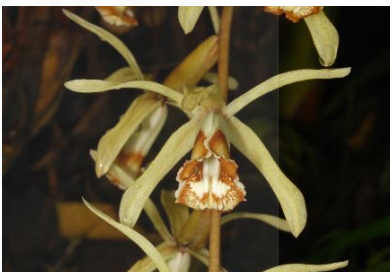

ตาราง (3.1) ต่อ

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
16. เอื้องเทียนใบบาง <i>C. schilleriana</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรีหรือรูปไข่ - ใบรูปรี แผ่นใบบาง - ดอกออกเดี่ยว ๆ กลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีเขียวอ่อน หรือสีเหลืองอ่อน กลีบปากสีขาว มีลายและแต้มสีน้ำตาลเหลือง หูกลีบปากตั้งขึ้น 	 https://www.orchidsforum.com/threads/coelogyne-schilleriana.3377/
17. เอื้องสายเสริตชมพู่ <i>C. velutina</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ - ใบรูปรี หรือรูปไข่กลับ ปลายใบเรียวแหลม - ดอกมีสีชมพูอ่อน ๆ หูปากสีขาว มีสีน้ำตาลสลับขาวรอบๆ กลีบปาก ออกเป็นช่อ 1 ช่อมีดอกประมาณ 12-26 ดอก 	 http://www.flickrriver.com/places/Morocco/Meknes-Tafilalet
18. เอื้องเทียนอินโด <i>C. pandurata</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ผิวเรียบ - ใบรูปรี หรือรูปใบหอก เนื้อใบค่อนข้างหนาและเหนียว - ดอกมีสีเขียวอ่อนอมเหลือง หูปากมีสีเขียวอ่อน ด้านหลังแซมสีดำ กลีบปากมีสีดำตรงกลาง ข้าง ๆ สีเขียวอ่อน ปลายกลีบปากหยัก 	 http://orchids.wikia.com/wiki/Coelogyne_pandurata

ตาราง 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
19. เอื้องเทียนลอเรนเซีย <i>C. lawrenceana</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ เรียวยาว - ใบรูปหอก ปลายใบเรียวแหลม ผิวใบมัน - ดอกมีสีเหลืองอมส้ม หูปากสีขาว กลีบปากด้านล่างมีสีขาว ตรงกลางมีสีครีม ด้านบนมีสีแดง มีริ้วสีเหลืองเล็กน้อย 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย รัตนันต์</p>
20. เอื้องเทียนใหญ่ <i>C. assamica</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรี - ใบรูปรี พับเป็นจีบตามยาว - ดอกออกเป็นช่อ ดอกย่อยขนาด 3.5 ซม. กลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีครีมแกมเขียวอ่อนถึงสีเหลืองส้ม กลีบปากสีขาว บริเวณขอบและกลางกลีบเป็นสีน้ำตาล มีประสีน้ำตาล 	 <p>ภาพโดย : รศ.ดร.ธีระชัย รัตนันต์</p>
21. เอื้องเทียนบอร์เนียว <i>C. asperata</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ เรียวยาว สีเขียวเข้ม - ใบรูปใบหอก ปลายใบแหลม - ดอกมีสีเขียวอ่อนอมเหลือง หูปากสีเขียว กลีบปากด้านล่างขอบหยัก ด้านบนมีสีขาวสลับสีดำ 	 <p>http://www.orchideenforum.info/index.php?threads/coelogyne.342/</p>

ตารางที่ 3.1 (ต่อ)

ชื่อสามัญ/วิทยาศาสตร์	ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	รูปร่างลักษณะดอก
22. เอื้องพามอกเขียว <i>C. speciosa</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปไข่ ผิวเรียบและมันเงาเล็กน้อย - ใบรูปรี หรือใบหอก - ดอกมีกลีบเลี้ยงและกลีบดอกสีเขียวอมเหลือง กลีบปากด้านในสีน้ำตาล ปลายแผ่เป็นคลื่นสีขาว 	 http://orchids.wikia.com/wiki/Coelogyne_speciosa
23. เอื้องสายเสริตอินโด <i>C. pulverula</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรี เรียวยาว - กลีบดอกและกลีบเลี้ยงสีเหลืองอมส้ม กลีบปากตรงกลางมีสีขาว ด้านข้างสีส้ม น้ำตาล ปลายแผ่เป็นคลื่นสีขาว สลับส้ม 	 http://www.orchidspecies.com/coelpulverula.htm
24. เอื้องเทียนหนู <i>C. schultesii</i>	<ul style="list-style-type: none"> - ลำลูกกล้วยรูปรี - ใบรูปรี แผ่นใบเหนียว มีสีเขียวเข้มมันวาว - ช่อดอกแบบกระจ่าง กลีบเลี้ยงและกลีบดอกมีสีน้ำตาล กลีบดอกเรียวบาง กลีบปากสีขาว มีแถบสีน้ำตาลกลางกลีบ ปลายกลีบเว้าลึก 	 http://www.orchidspecies.com/coelshultsii.htm

3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอ

นำตัวอย่างใบมาชั่งให้ได้ 2-3 กรัม สกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีประยุกต์จาก Doyle และ Doyle (1987) เติมบัฟเฟอร์สกัด (extraction buffer ที่ประกอบด้วย 4 % CTAB 2.5M NaCl 0.6 % SDS 20 mM EDTA pH 8.0 100 mM Tris-HCl pH 8.0 และ 0.1 % Sodium metabisulfite) ซึ่งอุ่นไว้ในอ่างน้ำอุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ปริมาตร 20 มิลลิลิตร และพอลิไวนิลไพโรลิโดน 0.3 กรัม ลงในโกร่ง บดให้ละเอียดจนเป็นเนื้อเดียวกัน เทส่วนผสมทั้งหมดลงในหลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 50 มิลลิลิตร เติมนิวคลีเอตเอซิดปริมาตร 20 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมง โดยผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันโดยการกลับหลอดไปมาเป็นระยะ ๆ จากนั้นวางไว้ให้เย็นลงเท่ากับอุณหภูมิห้อง จากนั้นเติมคลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ อัตราส่วน 24:1 ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกัน ด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ นำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ ปริมาตร 100 ไมโครลิตร และไอโซโพรพานอล ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที เมื่อครบเวลานำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เทสารละลายส่วนใสทิ้งและล้างตะกอนด้วยเอทานอล 70 เปอร์เซ็นต์ ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทานอลที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที (เปิดฝาหลอด) ละลายตะกอนด้วย TE buffer ปริมาตร 1 มิลลิลิตร จากนั้นเติมเอนไซม์ RNaseA ปริมาตร 2.5 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นที่ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 ชั่วโมง จากนั้นถ่ายลงสู่หลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร จำนวน 2 หลอด ๆ ละ 500 ไมโครลิตร เติมนิวคลีเอตเอซิด : คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ อัตราส่วน 25:24:1 ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เมื่อครบเวลาดูดสารละลายใสส่วนบนลงสู่หลอดใหม่ แล้วเติม คลอโรฟอร์ม : ไอโซเอมิล-แอลกอฮอล์ ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดสารละลายใสส่วนบนใส่หลอดใหม่ แล้วเติมลิเนียร์พอลิอะครีลาไมด์ ปริมาตร 5 ไมโครลิตร จากนั้นเติมสารละลายโซเดียมอะซิเตท ความเข้มข้น 3 โมลาร์ ที่ pH 5.2 จำนวน 10 เปอร์เซ็นต์ของปริมาตรทั้งหมด ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วเติมไอโซโพรพานอล ปริมาตร 1 เท่า ผสมให้เป็นเนื้อเดียวกันด้วยการกลับหลอดไปมาเบา ๆ แล้วนำไปปั่นที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที เมื่อครบเวลานำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบ 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เทสารละลายส่วนใสทิ้งแล้วล้างตะกอนด้วย 70 เปอร์เซ็นต์เอทานอล ทำให้ตะกอนแห้งด้วยการระเหยเอทานอลที่อุณหภูมิ 60 องศา

เซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที (เปิดฝาหลอด) ละลายตะกอนด้วย TE buffer ปริมาตร 100 ไมโครลิตร แล้วเก็บสารละลายดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

3.3.3 การตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอ

นำตัวอย่างดีเอ็นเอที่สกัดได้มาตรวจสอบ โดยใช้เจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 0.8 โดยมวลต่อปริมาตร ย้อมเจลอะกาโรสด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ความเข้มข้น 0.5 เปอร์เซ็นต์ เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นตรวจสอบด้วยเครื่องถ่ายภาพและวิเคราะห์ภาพเจล (gel documentation) แล้วตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอด้วยวิธีการวัดค่าการดูดกลืนแสงอัลตราไวโอเล็ตด้วยเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ เจือจางสารละลายดีเอ็นเอ 50 เท่า คู่อัตราส่วนของค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร (OD260/OD280)

3.3.4 การสร้างเครื่องหมายดีเอ็นเอ

3.3.4.1 การสร้างเครื่องหมายแฮตอาร์เอฟพีดี

คัดกรองไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตัวอย่างกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนทั้ง 14 ชนิดตามลำดับในตารางที่ 3.1 โดยนำดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างมาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นดูสารละลายดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างที่ทำการเจือจางแล้ว ตัวอย่างละ 10 ไมโครลิตร ลงสู่หลอดเซนตริฟิวจ์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดเดียวกัน เพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอแม่แบบในการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ให้แถบดีเอ็นเออย่างชัดเจน นำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเอื้องเทียนแต่ละชนิด เพื่อสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โดยใช้คู่ไพรเมอร์ขนาด 12 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 6 ชุด แบ่งเป็นชุด A2-F2 รวมทั้งหมด 72 ชนิด (Wako Company, Japan) (ตารางที่ 3.2) โดยมีองค์ประกอบของปฏิกิริยาดังตารางที่ 3.3 และปฏิกิริยาที่ใช้ตามตารางที่ 3.4 นำผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสมาวิเคราะห์ผล ด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5 เปอร์เซ็นต์ ในสารละลายบัฟเฟอร์ TAE ความเข้มข้น 0.5 เท่า นำผงเจลไปละลายด้วยความร้อน เมื่อเจลแข็งตัวดีแล้ว นำผลผลิตที่ต้องการวิเคราะห์ใส่ลงไป 5 ไมโครลิตร พร้อมทั้งใส่ชุดดีเอ็นเอมาตรฐานเพื่อเป็นตัวบอกขนาดของชิ้นดีเอ็นเอโดยใช้แรงไฟฟ้า 100 โวลต์ ย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องถ่ายภาพและวิเคราะห์ภาพเจล

ตารางที่ 3.2 ไพรมเมอร์ชุด A2-F2

	ชื่อไพรมเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')		ชื่อไพรมเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
A2	A21	AGAATTGGACGA	B2	B21	AAGCCTATACCA
	A22	GCCTGCCTCACG		B22	GGTGACTGGTGG
	A23	ACTGACCTAGTT		B23	GGTGCCGGAGCA
	A24	CTCCTGCTGTTG		B24	CACACTACTTAT
	A25	CTCAGCGATACG		B25	AGCACTGAATCT
	A26	ACTGAGAAAATA		B26	ATGAGAAAAGGAA
	A27	ATCGCGGAATAT		B27	GGCGGTTATGAA
	A28	ATTTGGATAGGG		B28	GTCATTAAAGCT
	A29	GGTTCGGGAATG		B29	GCCATCGAAAAA
	A30	GACCTGCGATCT		B30	CTTAGGTTACGT
	A31	AAGGCGGAACG		B31	CACAAGGAACAT
	A32	TTGCCGGGACCA		B32	ATCGCGGCTTAT
C2	C21	GGAGAGCGGACG	D2	D21	GGCGATTCTGCA
	C22	GGTCACCGATCC		D22	TGCCCACTACGG
	C23	CCGTCTTTTCTG		D23	ACCATCAAACGG
	C24	CCTTGGCATCGG		D24	GTGCAATTTGGC
	C25	AGATTCTTACTG		D25	GTTTTGTACCCG
	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

ตาราง 3.2 (ต่อ)

	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')		ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
E2	E21	TGCTTCGTATTA	F2	F21	AACCTTTAGGGC
	E22	GGAATGGAACCG		F22	AAGAGGGTTGAC
	E23	AGGTACGCCGCA		F23	CCATCCGCACGA
	E24	CCGGAGTGGATG		F24	ACTGTTATAACG
	E25	ATCGTTACAGTA		F25	CCAGATCCGAAT
	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

ตารางที่ 3.3 องค์ประกอบของสารที่ใช้ในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและเทคนิคไอเอสเอสอาร์

สาร	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
100 ng/μl ดีเอ็นเอ	1
10X บัฟเฟอร์	2
2 mM dNTP	2
5 μM ไพรเมอร์	1
5 unit/μl <i>Taq</i> DNA polymerase	0.125
ddH ₂ O	13.875
ปริมาตรรวม	20

ตารางที่ 3.4 ปฏิบัติการในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์

ขั้นตอน	อุณหภูมิ (องศาเซลเซียส)	ระยะเวลา (นาที)	จำนวนรอบ
Initiation denaturation	94	3.0	1
Denaturation	94	0.5	40
Annealing	46	0.5	
Extension	72	1.0	
Final extension	72	5.0	1

3.3.4.2 การสร้างเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

คัดกรองไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตัวอย่างกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนทั้ง 14 ชนิด ได้ โดยการนำดีเอ็นเอมาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นดูดสารละลายดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างที่ทำการเจือจางแล้ว ตัวอย่างละ 10 ไมโครลิตร ลงในหลอดเซนตริฟิวจขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดเดียวกันเพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอแม่แบบในการทำปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้คู่ไพรเมอร์ชนิดที่มีลำดับเป็นไมโครแซทเทลไลท์ (ตารางที่ 3.5) มาทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยมีองค์ประกอบของปฏิกิริยาดังตารางที่ 3.3 และปฏิกิริยาที่ใช้ตามตารางที่ 3.4 จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเออย่างชัดเจนมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเอื้องเทียนแต่ละชนิดเพื่อสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ นำผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรสมาวิเคราะห์ผลด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสในเจลอะกาโรส ความเข้มข้นร้อยละ 1.5 เปอร์เซ็นต์ ในสารละลายบัฟเฟอร์ TAE ความเข้มข้น 0.5 เท่า ย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้ด้วยเครื่องถ่ายและวิเคราะห์ภาพเจล

ตารางที่ 3.5 ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
M01	AGAGAGAGAGAGAGAGG
M02	ACACACACACACACACG
M03	ATATATATATATATATG
M04	AGAGAGAGAGAGAGAGC
M05	ACACACACACACACACC
M06	ATATATATATATATATC
M07	GAGAGAGAGAGAGAGAG
M08	GCGCGCGCGCGCGCGCG
M09	GTGTGTGTGTGTGTGTG
M10	GAGAGAGAGAGAGAGAC
M11	GCGCGCGCGCGCGCGGCC
M12	GTGTGTGTGTGTGTGTGC
M13	CGCGCGCGCGCGCGCGG
M14	CACACACACACACACAG
M15	CTCTCTCTCTCTCTCTG
M16	CGCGCGCGCGCGCGCGC
M17	CACACACACACACACAC
M18	CTCTCTCTCTCTCTCTC
M19	TATATATATATATATAG
M20	TGTGTGTGTGTGTGTGG
M21	TCTCTCTCTCTCTCTCG
M22	TATATATATATATATAC
M23	TGTGTGTGTGTGTGTGC
M24	TCTCTCTCTCTCTCTCC

ตารางที่ 3.5 (ต่อ)

ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')
M25	ATCATCATCATCATCATC
M26	CTCCTCCTCCTCCTCCTC
M27	GTCGTCGTCGTCGTCGTC
M28	TTCTTCTTCTTCTTCTTC
M29	CACCACCACCACCACCAC
M30	CGCCGCCGCCGCCGCCGC
M31	CTACTACTACTACTACTAC
M32	CTACTACTACTACTACTAG
M33	CTTCTTCTTCTTCTTCTTC
M34	CTTCTTCTTCTTCTTCTTG
M35	CTGCTGCTGCTGCTGCTG

3.3.4.3 การสร้างเครื่องหมายลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

นำตัวอย่างดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 24 ชนิด (ตาราง 3.1) มาเจือจางให้มีความเข้มข้น 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้ไพรเมอร์ชนิดที่มีลำดับสากล (universal primer) (ตารางที่ 3.6) โดยมีองค์ประกอบของปฏิกิริยาดังตารางที่ 3.7 และปฏิกิริยาที่ใช้ตามตารางที่ 3.8 จากนั้นนำผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส มาตรวจสอบขนาดดีเอ็นเอของแต่ละยีนที่เพิ่มปริมาณได้ด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสในเจลอะกาโรส 1.5 เปอร์เซ็นต์ ที่กำลังไฟฟ้า 100 โวลต์ 30-40 นาที แล้วนำแผ่นเจลที่ผ่านการทำปฏิกิริยาอิเล็กโทรโฟรีซิสแล้วไปย้อมด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5-10 นาที แล้วตรวจสอบการเรืองแสงของดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ตในเครื่องถ่ายภาพและวิเคราะห์สารพันธุกรรม

ตารางที่ 3.6 ไพรเมอร์ที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณตำแหน่งจำเพาะของยีน

ยีน	ชื่อไพรเมอร์	ลำดับเบส (5'→3')	อ้างอิง
<i>matK</i>	<i>matK_F_1</i>	TAATTTACGATCAATTCATTC	CBOL, 2005
	<i>matK_F_2</i>	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCG	CBOL, 2005
	<i>matK_R</i>	GTTCTAGCACAAAGAAAGTCG	CBOL, 2005
<i>rpoC 1</i>	<i>rpoC1_F</i>	GTGGATACACTTCTTGATAATGG	CBOL, 2009
	<i>rpoC1_R</i>	TGAGAAAACATAAGTAAACGGGC	CBOL, 2009
<i>rbcl</i>	<i>rbcl_F</i>	TCACCACAAACAGAACTAAAGC	CBOL, 2005
	<i>rbcl_R</i>	GGCACAAAATAAGAAACGATCTC	CBOL, 2005
<i>trnH-psbA</i>	<i>psbA3_F</i>	GTTATGCATGAACGTAATGCTC	Shaw <i>et al.</i> , 2005
	<i>trnHf_05</i>	CGCGCATGGTGGATTCACAATCC	Shaw <i>et al.</i> , 2005

ตารางที่ 3.7 องค์ประกอบของสารที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

สาร	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
100 ng/μl ดีเอ็นเอ	2
10X บัฟเฟอร์	4
2 mM dNTP	4
10 μM F Primer	2
10 μM R Primer	2
5 unit/μl <i>Taq</i> DNA polymerase	0.25
ddH ₂ O	25.75
ปริมาตรรวม	40

ตารางที่ 3.8 ปฏิบัติการในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่งจำเพาะของยีน

ขั้นตอน	อุณหภูมิ (องศาเซลเซียส)	ระยะเวลา (นาที)	จำนวนรอบ
Initiation Denaturation	94	4.00	1
Denaturation	94	0.50	35
Annealing	53	0.70	
Extension	72	0.70	
Final Extension	72	5.00	1

3.3.5 การวิเคราะห์ผล

3.3.5.1 เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีและเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์

เปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นบนลายพิมพ์ดีเอ็นเอของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 14 ชนิด บันทึกแบบแผนของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากไพรเมอร์แต่ละชนิดและผลรวมที่ได้จากไพรเมอร์ทั้งหมดเพื่อใช้ในการตัดแยกชนิด จากนั้นหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนแต่ละชนิดโดยการเปรียบเทียบความเหมือนหรือความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้น ชนิดที่พบแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งหนึ่ง จะให้สัญลักษณ์เป็น 1 ส่วนชนิดที่ไม่พบแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งเดียวกันนั้นจะให้สัญลักษณ์เป็น 0 แล้วเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นทั้งหมดจากทุกชนิดโดยใช้โปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 (Rohlf, 2002)

3.3.5.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของตำแหน่งจำเพาะ

นำผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสไปหาลำดับเบส แล้วนำลำดับเบสที่ได้จากแต่ละยีนของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนแต่ละชนิด มาเรียงเทียบกันทั้งหมด (multiple sequence alignment) โดยใช้โปรแกรม ClustalW เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนแต่ละชนิด นำผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ใช้รูปแบบของ Kimura's two parameter model แล้วคัดเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่แสดงผลการจัดกลุ่มได้ตรงลักษณะสัญญาณมากที่สุด นำมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ใช้วิธีการสุ่มข้อมูลซ้ำโดยการทำ bootstrap ทำซ้ำ 1000 ครั้ง โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 (Molecular evolutionary genetics analysis version 7)

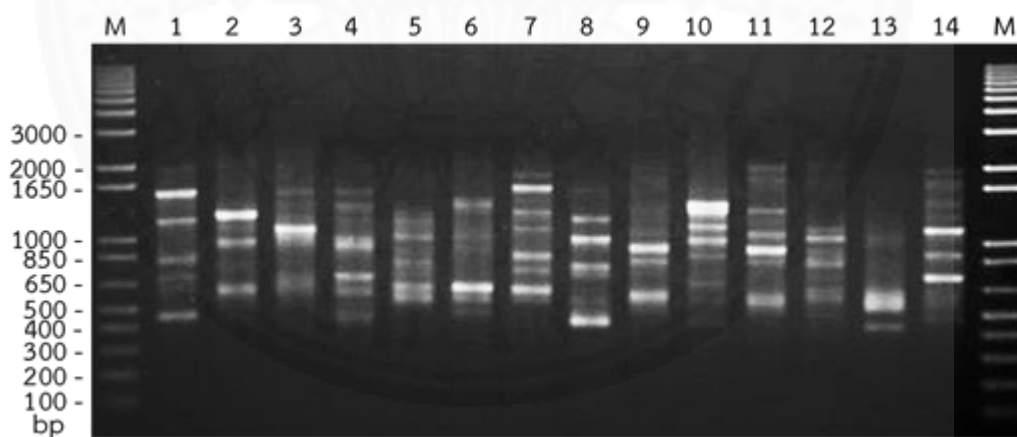
บทที่ 4

ผลการวิจัยและอภิปรายผล

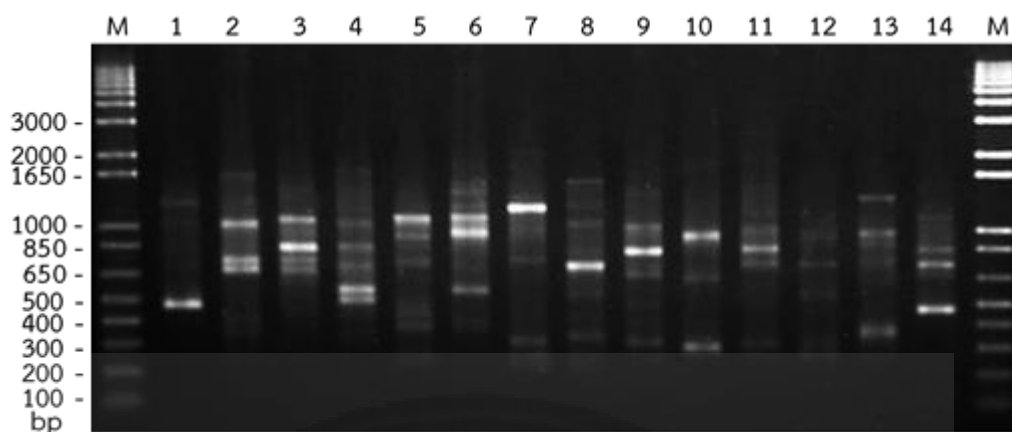
4.1 เทคนิคแอสตาร์ทเอพีดี

4.1.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากไพรเมอร์แบบสุ่ม

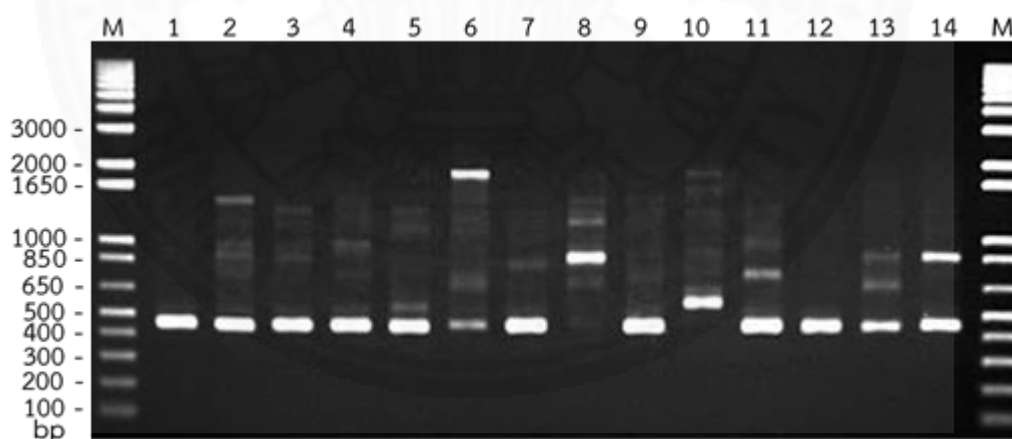
ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของเทคนิคแอสตาร์ทเอพีดีโดยใช้ดีเอ็นเอผสมเป็นดีเอ็นเอแม่แบบ (DNA template) โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม 72 ไพรเมอร์ พบว่าไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเอื้องเทียนทั้ง 14 ชนิด มีจำนวน 37 ไพรเมอร์คิดเป็น 51.39 % จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมา 31 ไพรเมอร์ ได้แก่ A22, A24, A25, A27, A29, A30, A31, A32, B21, B27, B32, C21, C22, C24, C28, C29, C31, D22, D24, E22, E24, E26, E28, E32, F23, F26, F27 และ F30 พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอทั้งหมดจำนวน 257 แถบซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบต่างกันในแต่ละชนิดของเอื้องเทียน (polymorphic band) ขนาดประมาณ 300-3,000 คู่เบส และพบแถบดีเอ็นเอที่เหมือนกันในทุกพันธุ์ (monomorphic band) แสดงในภาพที่ 4.1-4.31



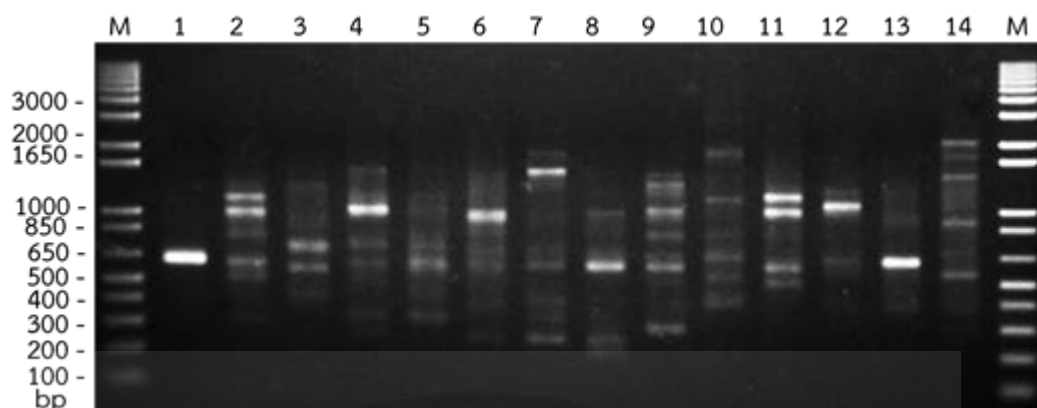
ภาพที่ 4.1 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแอสตาร์ทเอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเจี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



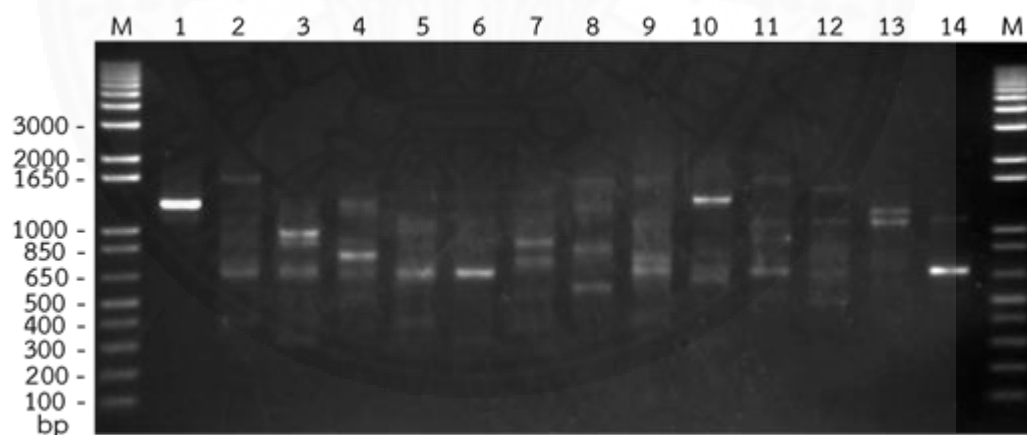
ภาพที่ 4.2 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



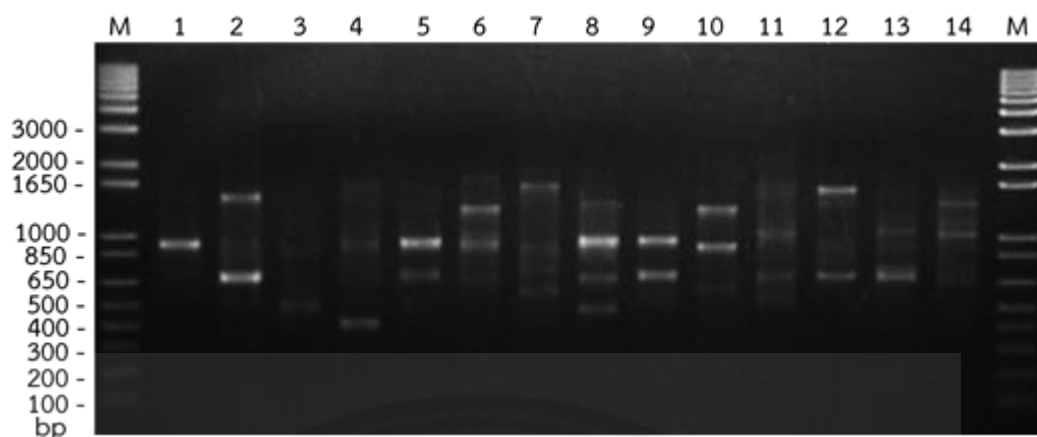
ภาพที่ 4.3 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A25 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



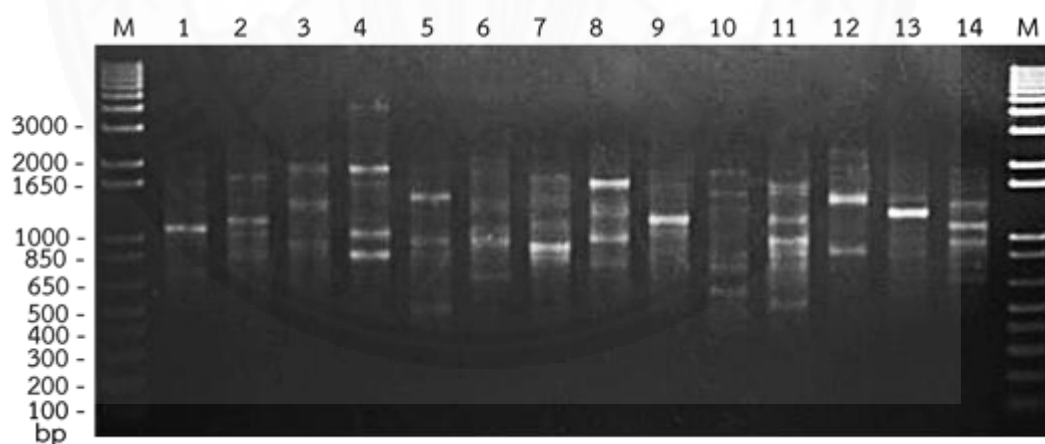
ภาพที่ 4.4 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



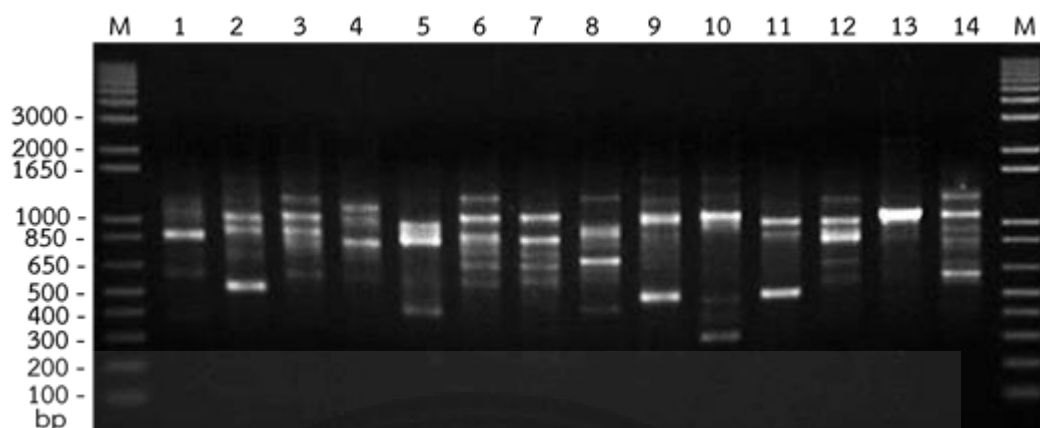
ภาพที่ 4.5 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



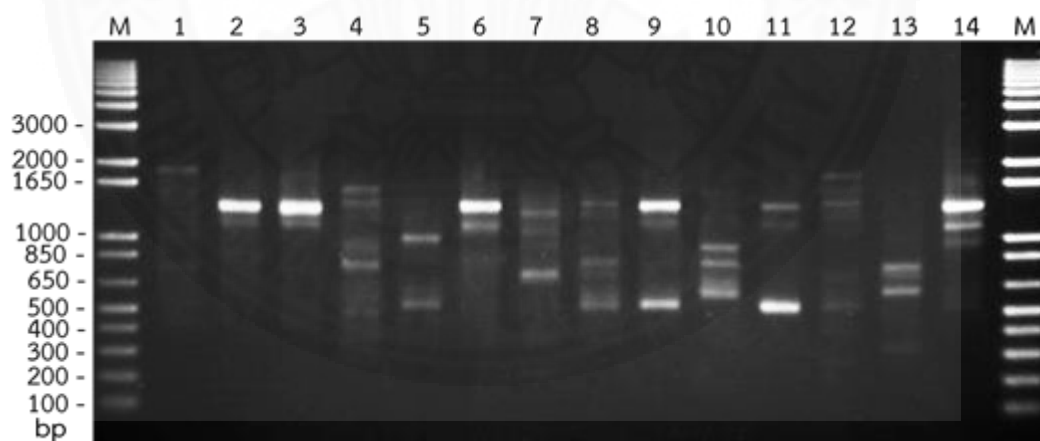
ภาพที่ 4.6 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



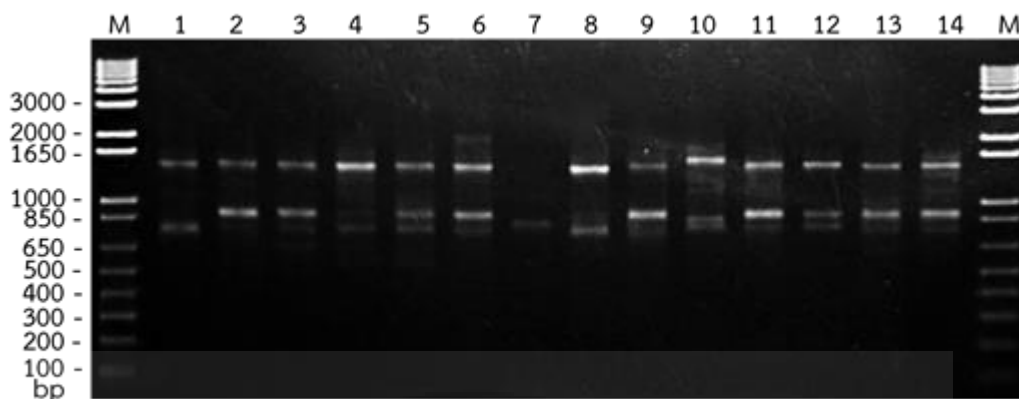
ภาพที่ 4.7 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



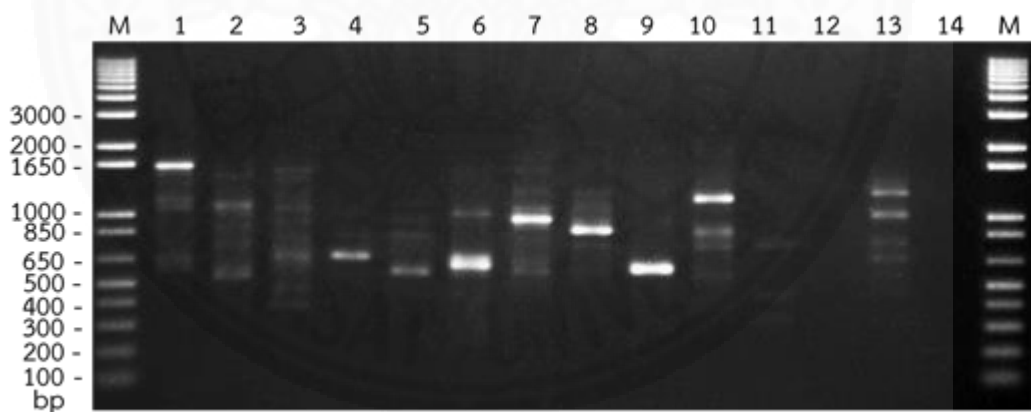
ภาพที่ 4.8 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ A32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องพาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



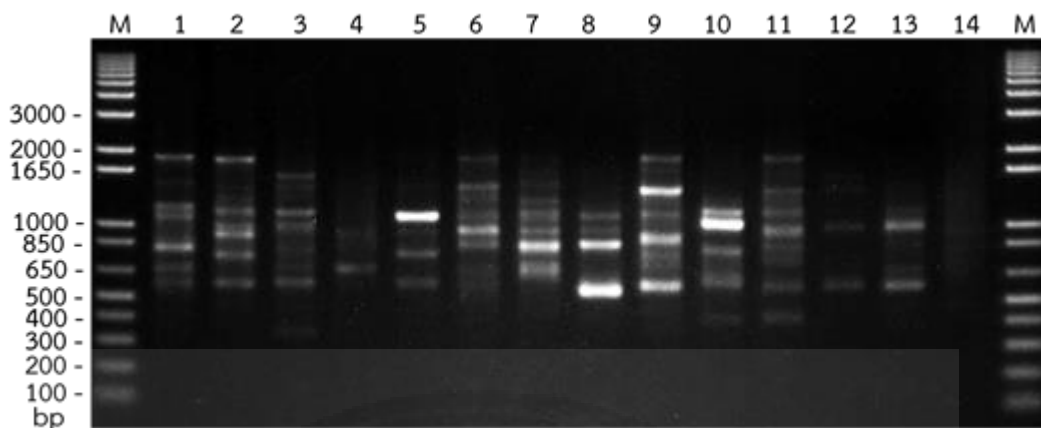
ภาพที่ 4.9 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ B21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องพาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



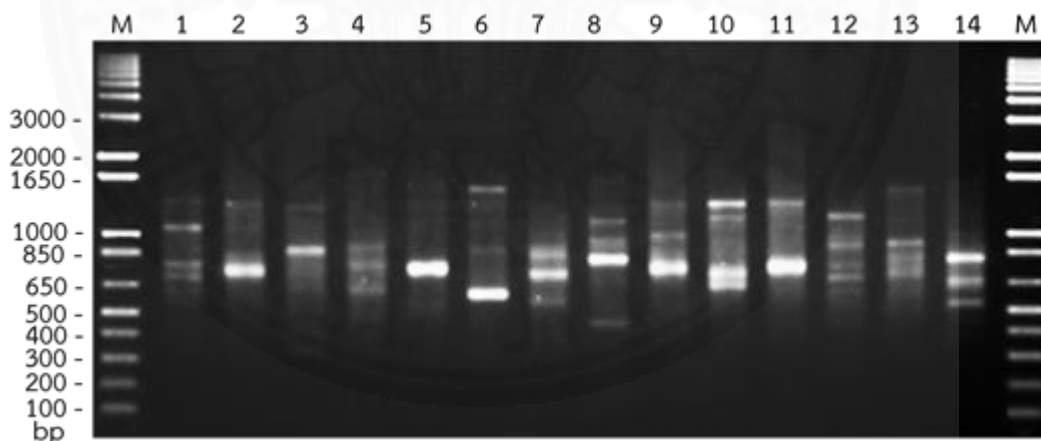
ภาพที่ 4.10 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ B23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



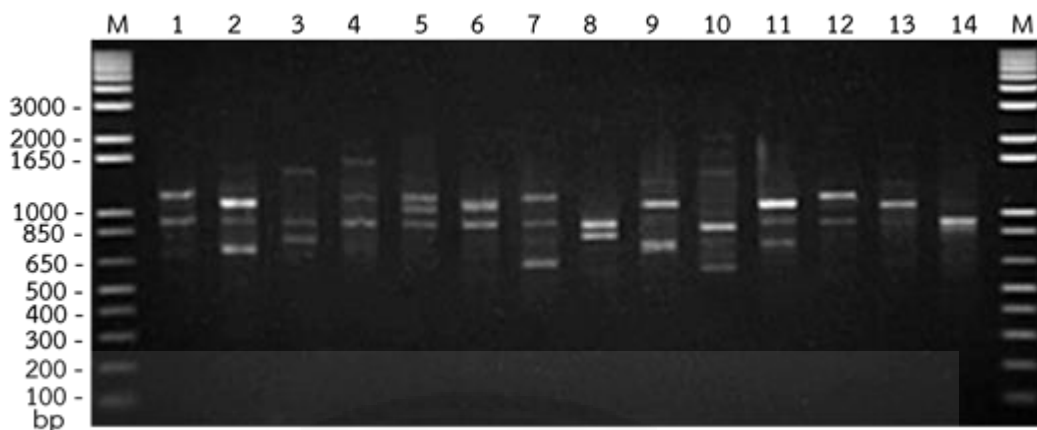
ภาพที่ 4.11 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ B27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



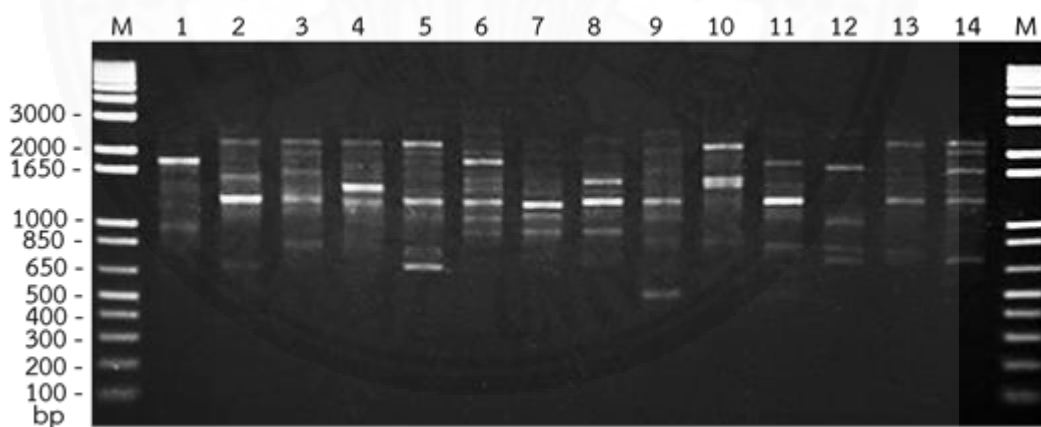
ภาพที่ 4.12 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ B32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



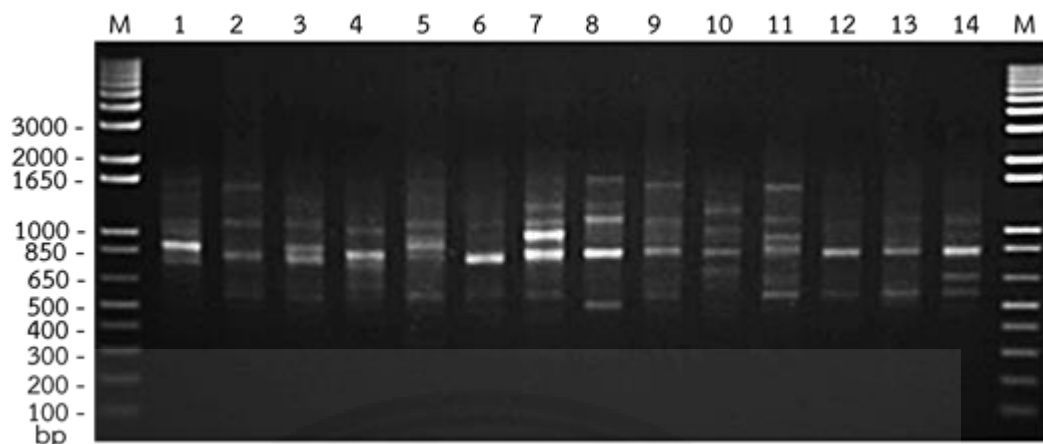
ภาพที่ 4.13 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



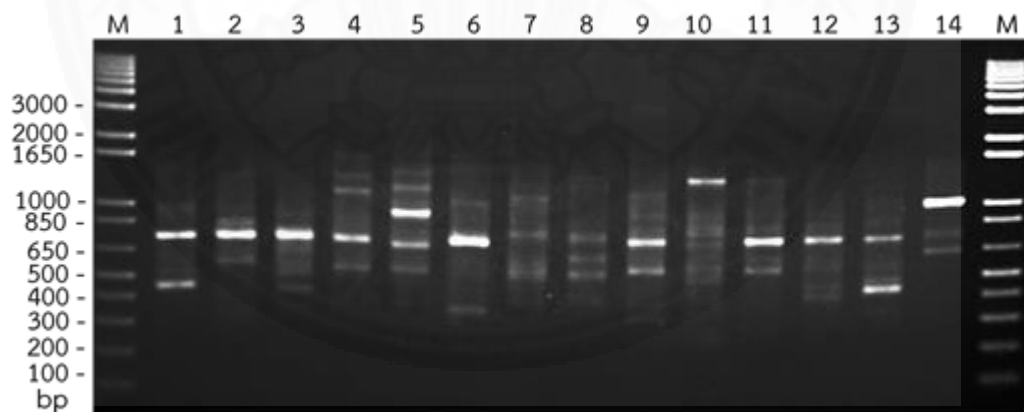
ภาพที่ 4.14 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



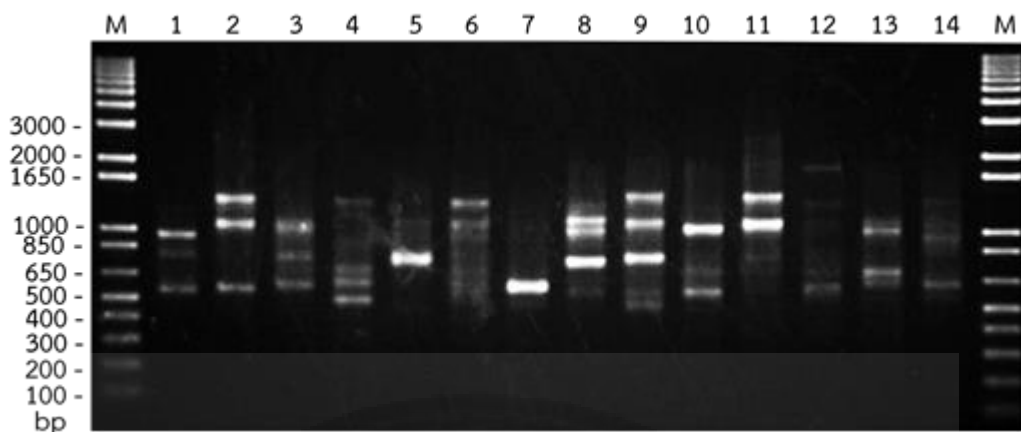
ภาพที่ 4.15 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



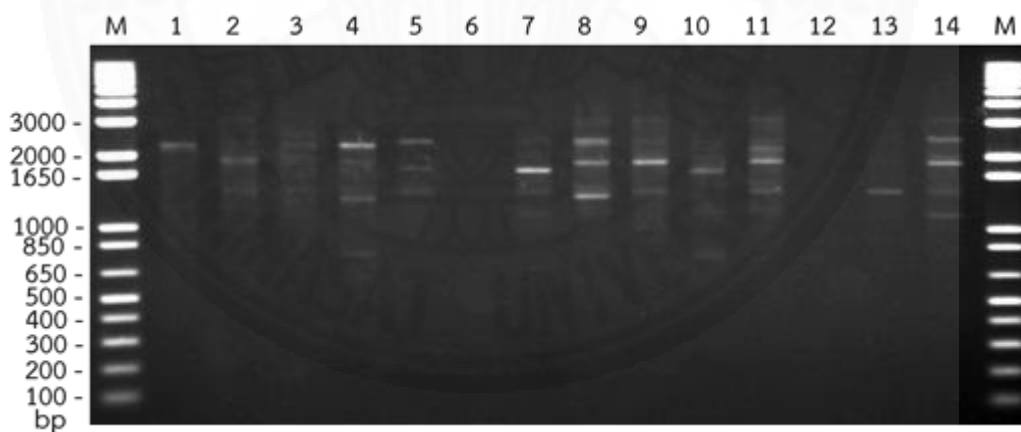
ภาพที่ 4.16 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C28 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



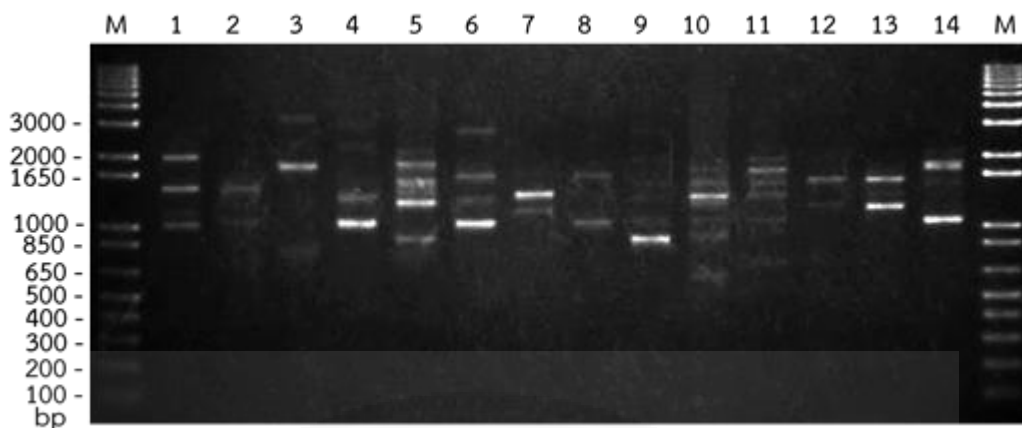
ภาพที่ 4.17 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



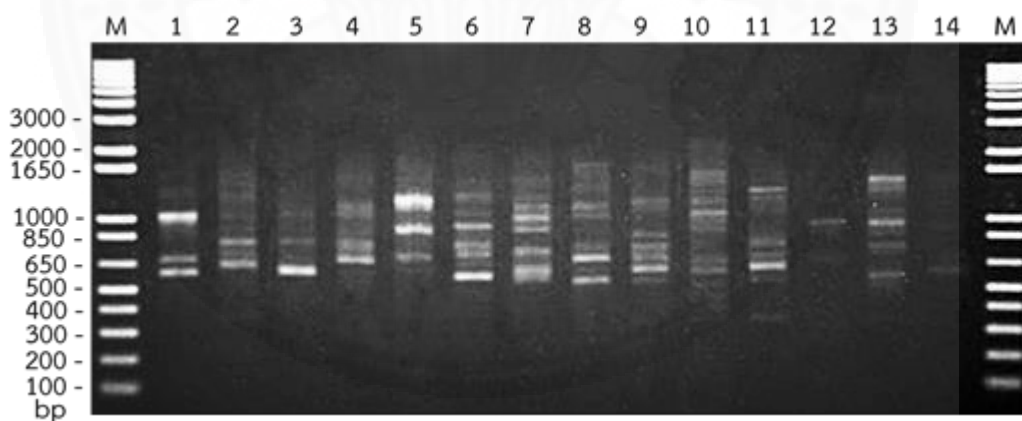
ภาพที่ 4.18 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ C31 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) ใบบแคบ (2) ลำเชียว (3) หิน (4) น้อย (5) ส้ม (6) บารบาดา (7) ม้น (8) หมาก (9) ขาว (10) สายเสริต (11) ลำเทียปากดำ (12) ใหญ่ลาว (13) ผาหมอก และ (14) ไบริ]



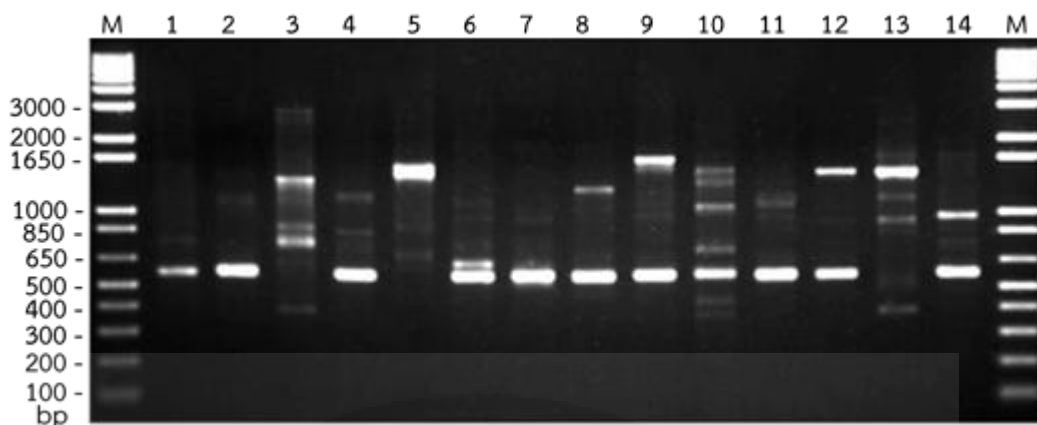
ภาพที่ 4.19 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ D21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) ใบบแคบ (2) ลำเชียว (3) หิน (4) น้อย (5) ส้ม (6) บารบาดา (7) ม้น (8) หมาก (9) ขาว (10) สายเสริต (11) ลำเทียปากดำ (12) ใหญ่ลาว (13) ผาหมอก และ (14) ไบริ]



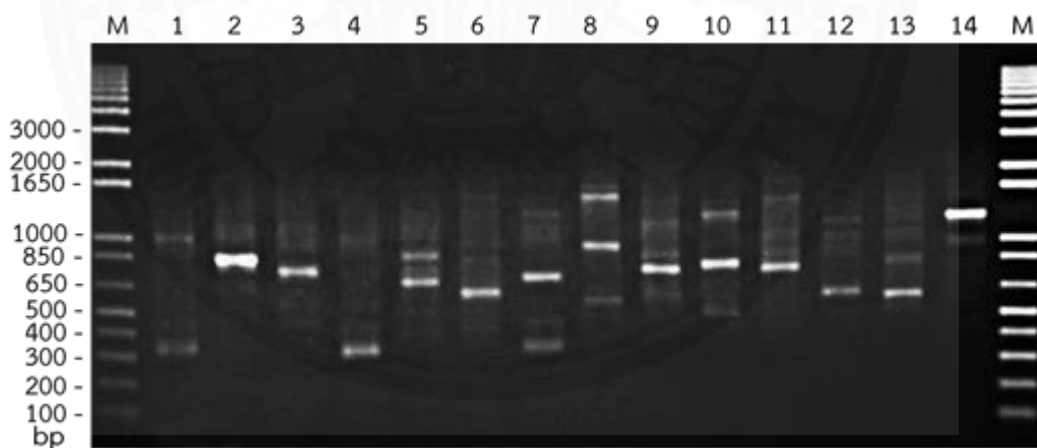
ภาพที่ 4.20 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ D22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) ใบบัวบก (2) ใบบัวบก (3) ใบบัวบก (4) ใบบัวบก (5) ใบบัวบก (6) ใบบัวบก (7) ใบบัวบก (8) ใบบัวบก (9) ใบบัวบก (10) ใบบัวบก (11) ใบบัวบก (12) ใบบัวบก (13) ใบบัวบก และ (14) ใบบัวบก]



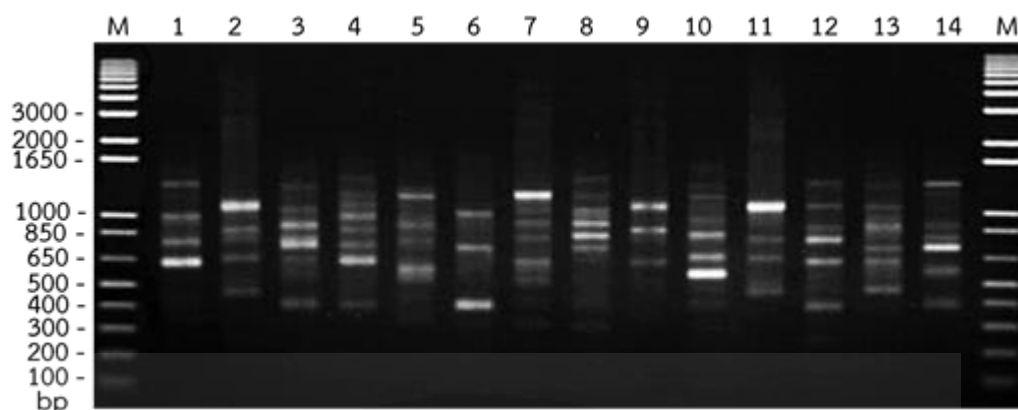
ภาพที่ 4.21 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ D24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) ใบบัวบก (2) ใบบัวบก (3) ใบบัวบก (4) ใบบัวบก (5) ใบบัวบก (6) ใบบัวบก (7) ใบบัวบก (8) ใบบัวบก (9) ใบบัวบก (10) ใบบัวบก (11) ใบบัวบก (12) ใบบัวบก (13) ใบบัวบก และ (14) ใบบัวบก]



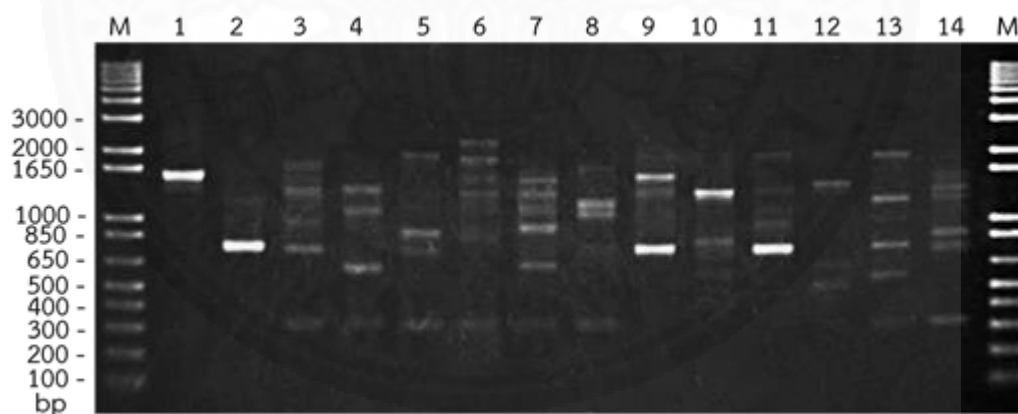
ภาพที่ 4.22 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ D30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



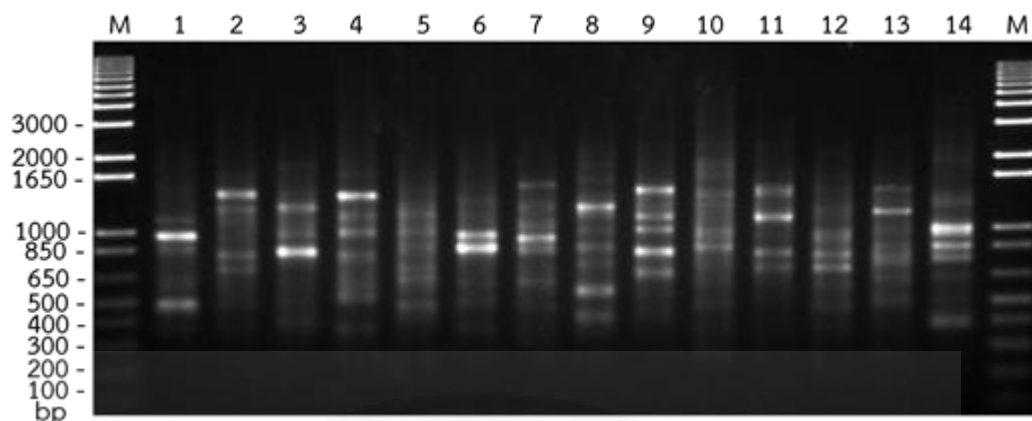
ภาพที่ 4.23 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ E22 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



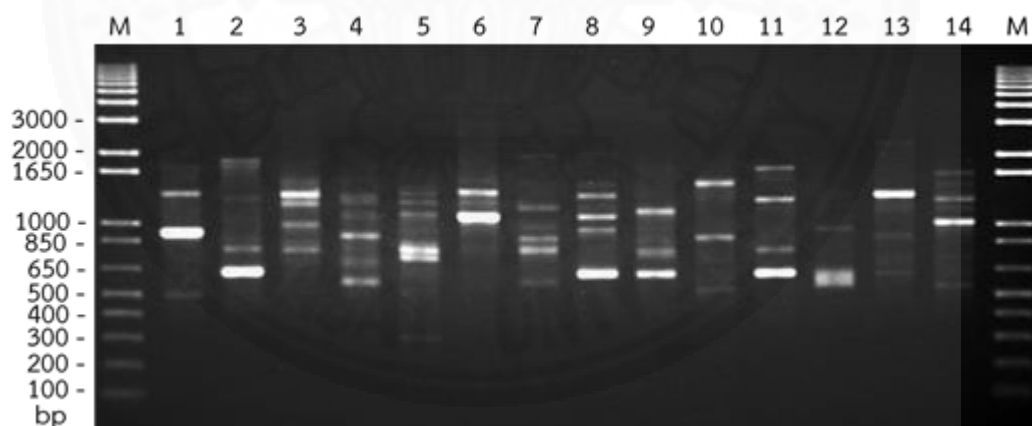
ภาพที่ 4.24 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ E24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



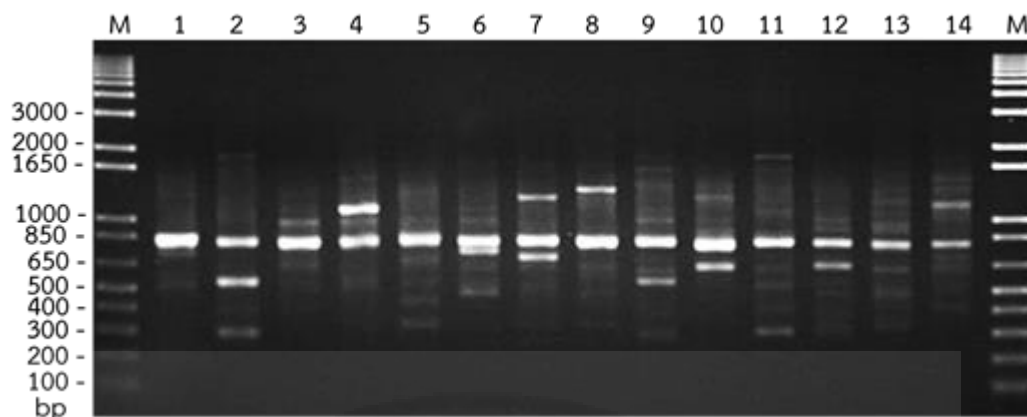
ภาพที่ 4.25 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ E26 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



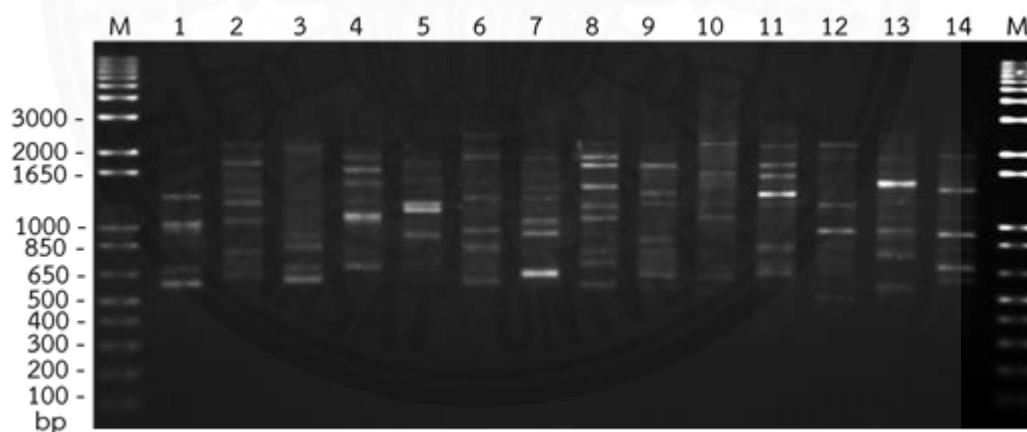
ภาพที่ 4.26 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ E32 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



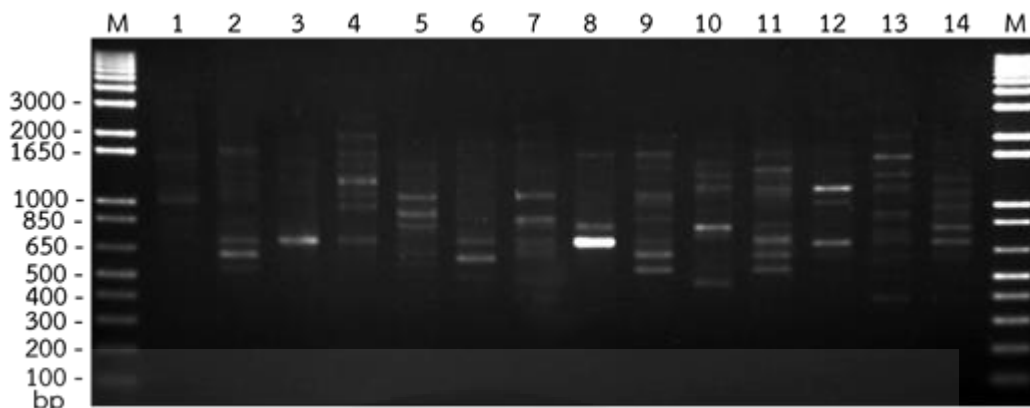
ภาพที่ 4.27 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ F23 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



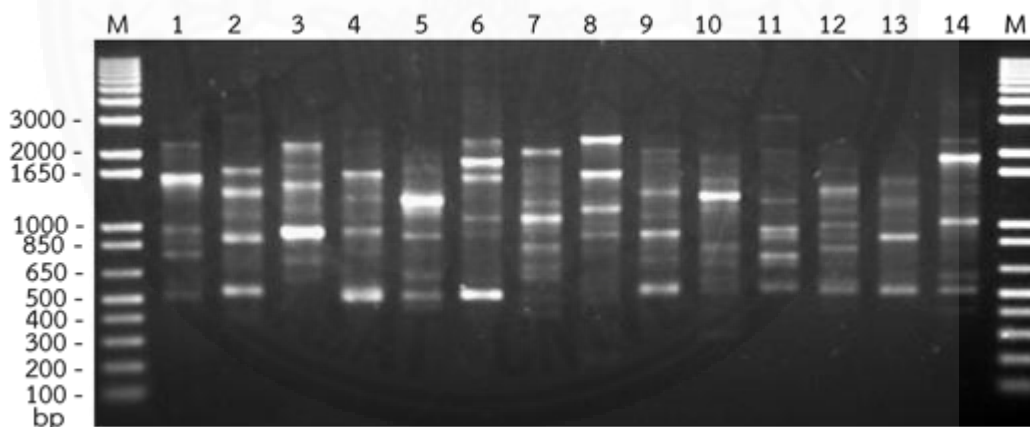
ภาพที่ 4.28 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ F25 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.29 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ F27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.30 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ F29 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.31 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี โดยใช้ไพรเมอร์ F30 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]

จากผลการวิจัยพบว่า มีไพรเมอร์จำนวน 31 ชนิด ที่ให้แถบดีเอ็นเออย่างชัดเจน ได้แก่ A22, A24, A25, A27, A29, A30, A31, A32, B21, B23, B27, B32, C21, C22, C24, C28, C29, C31, D21, D22, D24, D30, E22, E24, E26, E32, F23, F25, F27, F29 และ F30 โดยแถบดีเอ็นเอที่พบในแต่ละชนิดของเอ็งเทียมนมีความหลากหลาย (polymorphic band) ขนาดประมาณ 300–3,000 คู่เบส โดยมีไพรเมอร์ที่สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงกับกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนแต่ละชนิด จึงสามารถจำแนกเอ็งเทียนได้โดยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว ได้แก่

ไพรเมอร์ A27 สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนใบรี และพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 650 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนใบแคบและเอ็งเทียนผามอก ทำให้ไม่สามารถจำแนกเอ็งเทียนทั้ง 2 ชนิดนี้ ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.4)

ไพรเมอร์ A30 สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาด 400 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนน้อย นอกจากนี้ยังพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 1,500 และ 650 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนใหญ่ลาว โดยไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกออกจากกันได้ และแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 650 และ 850 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนส้มและเอ็งเทียนขาว โดยไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถแยกออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.6)

ไพรเมอร์ A32 สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาด 300 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนสายเสริด และพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 500, 850 และ 1,000 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำ โดยไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.8)

ไพรเมอร์ B21 สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาด 1,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนส้ม และพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 1,300 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขียว เอ็งเทียนหิน เอ็งเทียนบาร์บาดา เอ็งเทียนขาว และเอ็งเทียนใบรี โดยไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.9)

ไพรเมอร์ B27 สามารถสร้างแถบดีเอ็นเอขนาด 1,650 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนใบแคบ และพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 650 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขียว เอ็งเทียนหิน เอ็งเทียนน้อย เอ็งเทียนบาร์บาดา และเอ็งเทียนปากดำ (ภาพที่ 4.11)

ไพรมอร์ C21 สามารถสร้างแถบตีเอ็นเอขนาด 400 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งหามากและพบแถบตีเอ็นเอร่วมขนาด 750 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขี้ยวและเอ็งเทียนส้ม ซึ่งไม่มีแถบตีเอ็นเอที่แยกออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.13)

ไพรมอร์ C24 สามารถสร้างแถบตีเอ็นเอขนาด 500 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนขาว โดยไม่พบแถบตีเอ็นเอร่วม (ภาพที่ 4.15)

ไพรมอร์ C29 สามารถสร้างแถบตีเอ็นเอขนาด 850, 300 และ 1,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนส้ม เอ็งเทียนบาร์บาดา และเอ็งเทียนใบรี ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบแถบตีเอ็นเอร่วมขนาด 650 และ 450 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนใบแคบและเอ็งผาหมอก และแถบตีเอ็นเอร่วมขนาด 650 และ 500 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนขาวและเอ็งลำเทียนปากดำ โดยไม่มีแถบตีเอ็นเอที่สามารถจำแนกจากกันได้ (ภาพที่ 4.17)

ไพรมอร์ D22 สามารถสร้างแถบตีเอ็นเอขนาด 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนใบแคบ โดยไม่พบแถบตีเอ็นเอร่วม (ภาพที่ 4.20)

ไพรมอร์ F29 สามารถสร้างแถบตีเอ็นเอขนาด 400 และ 450 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งผาหมอกและเอ็งสายเสริต โดยไม่พบแถบตีเอ็นเอร่วม (ภาพที่ 4.30)

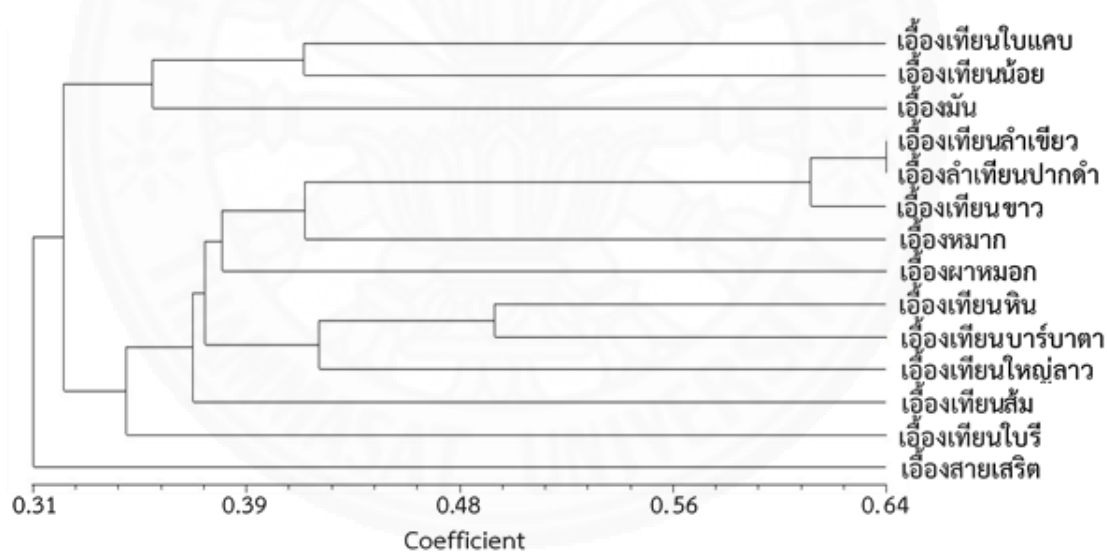
4.1.2 การวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี

หลังจากวิเคราะห์หลายพิมพ์ตีเอ็นเอโดยบันทึกการปรากฏของแถบตีเอ็นเอแล้วให้ค่าเท่ากับ 1 และไม่ปรากฏแถบให้ค่าเท่ากับ 0 จากนั้นนำไปหาค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA (ภาพที่ 4.32) พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนที่ใช้ในงานวิจัยนี้ 14 ชนิดมีค่าระหว่าง 0.31-0.64 โดยเอ็งเทียนลำเขี้ยวและเอ็งลำเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 ในขณะที่เอ็งสายเสริตมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.31 เมื่อพิจารณาที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.36 สามารถแบ่งกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนได้เป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 เอ็งเทียนใบแคบ เอ็งเทียนน้อย กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอ็งมัน กลุ่มที่ 3 แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย ดังนี้ กลุ่มย่อยที่ 1 ได้แก่ เอ็งเทียนลำเขี้ยว เอ็งลำเทียนปากดำ เอ็งเทียนขาว เอ็งหามาก เอ็งผาหมอก เอ็งเทียนหิน เอ็งเทียนบาร์บาดา เอ็งเทียนใหญ่ลาว และกลุ่มย่อยที่ 2 คือ เอ็งเทียนส้ม กลุ่มที่ 4 ได้แก่ เอ็งเทียนใบรี และกลุ่มที่ 5 คือ เอ็งสายเสริต

เมื่อจับคู่เอื้องเทียนระหว่างชนิดที่ละคู่ เพื่อดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าเอื้องเทียนลำเขี้ยวและเอื้องลำเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 แสดงว่ามีความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่เอื้องเทียนขาวกับเอื้องสายเสริตมีค่าสัมประสิทธิ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.22 (ตารางที่ 4.1)

4.1.3 การคำนวณค่า polymorphic information content (PIC)

จากการคำนวณค่า PIC ด้วยโปรแกรม power marker รุ่น 3.25 ค่ามาตรฐานของเครื่องหมายแบบข่มสมบูรณ์จะมีค่าระหว่าง 0-0.5 เมื่อคำนวณหาค่า PIC โดยมีแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีจำนวน 257 แถบ พบว่ามีค่าระหว่าง 0.12 ถึง 0.37 เฉลี่ย 0.27 เมื่อพิจารณา ค่าความถี่แอลลีล (major allele frequency) มีค่าเฉลี่ย 0.76 แสดงว่าเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดีมีประสิทธิภาพดีในการแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนที่ใช้ในการศึกษา



ภาพที่ 4.32 แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี

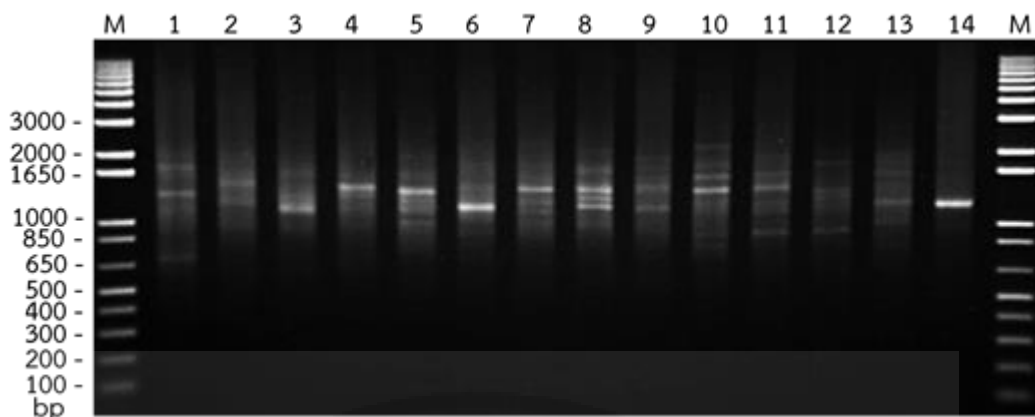
เอื้องเทียนใบแคบ	1.00																		
เอื้องเทียนลำเขียว	0.32	1.00																	
เอื้องเทียนหิน	0.32	0.47	1.00																
เอื้องเทียนน้อย	0.41	0.35	0.35	1.00															
เอื้องเทียนส้ม	0.26	0.38	0.38	0.26	1.00														
เอื้องเทียนบาร์บาตา	0.37	0.39	0.49	0.34	0.33	1.00													
เอื้องมัน	0.33	0.28	0.31	0.38	0.33	0.32	1.00												
เอื้องหมาก	0.39	0.45	0.39	0.38	0.35	0.37	0.31	1.00											
เอื้องเทียนขาว	0.26	0.61	0.33	0.25	0.37	0.38	0.25	0.39	1.00										
เอื้องสายเสริต	0.28	0.29	0.34	0.30	0.33	0.27	0.32	0.36	0.23	1.00									
เอื้องลำเทียนปากดำ	0.30	0.64	0.42	0.36	0.37	0.42	0.25	0.40	0.61	0.32	1.00								
เอื้องเทียนใหญ่ลาว	0.39	0.36	0.43	0.34	0.42	0.41	0.35	0.30	0.32	0.32	0.40	1.00							
เอื้องผาหมอก	0.37	0.39	0.39	0.38	0.38	0.35	0.33	0.39	0.36	0.36	0.39	0.35	1.00						
เอื้องเทียนใบรี	0.28	0.35	0.40	0.29	0.29	0.40	0.32	0.37	0.28	0.28	0.37	0.29	0.34	1.00					
	เอื้องเทียนใบแคบ	เอื้องเทียนลำเขียว	เอื้องเทียนหิน	เอื้องเทียนน้อย	เอื้องเทียนส้ม	เอื้องเทียนบาร์บาตา	เอื้องมัน	เอื้องหมาก	เอื้องเทียนขาว	เอื้องสายเสริต	เอื้องลำเทียนปากดำ	เอื้องเทียนใหญ่ลาว	เอื้องผาหมอก	เอื้องเทียนใบรี					

ตารางที่ 4.1 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคแฮตอาร์เอฟตี

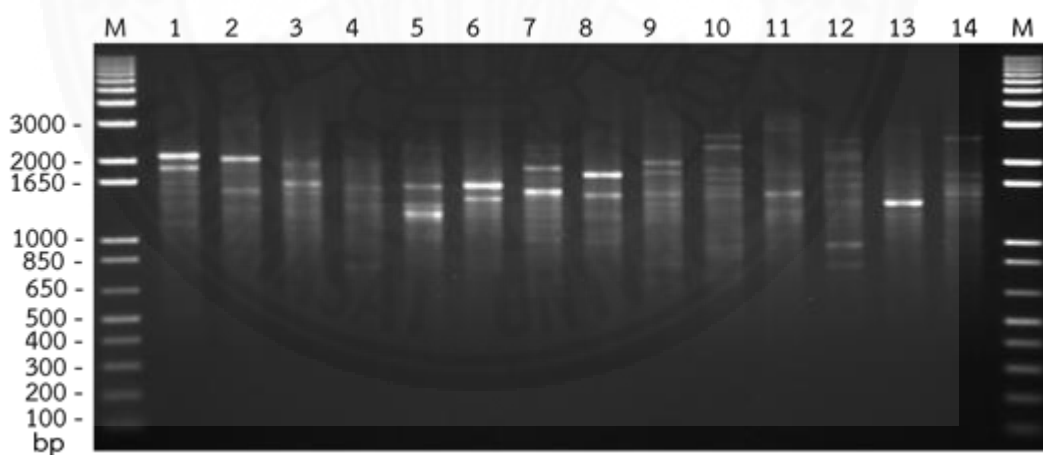
4.2 เทคนิคไอเอสเอสอาร์

4.2.1 การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์

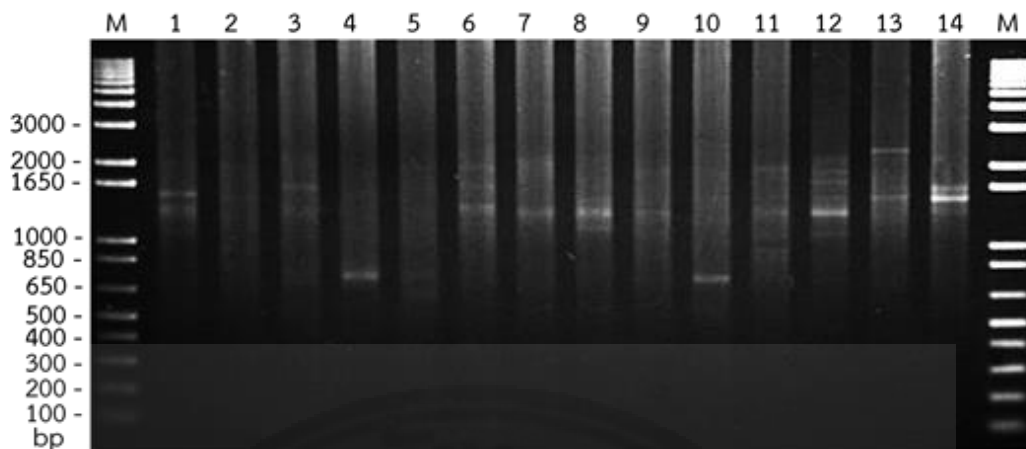
จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ 35 ชนิด มีไพรเมอร์ 14 ชนิดที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน คิดเป็น 40 เปอร์เซ็นต์ จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเออย่างชัดเจน 9 ชนิด ได้แก่ M5, M10, M14, M15, M21, M24, M26, M27, และ M34 นำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลาย 65 แถบ ขนาด 500-2,000 คู่เบส ทำให้ได้รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน สามารถนำมาใช้จำแนกแต่ละชนิดได้ แสดงในภาพที่ 4.33-4.41



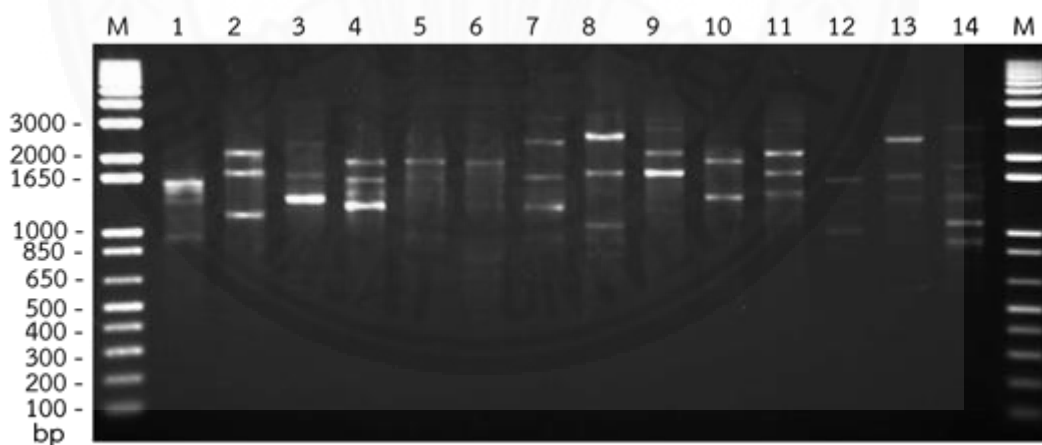
ภาพที่ 4.33 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M05 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



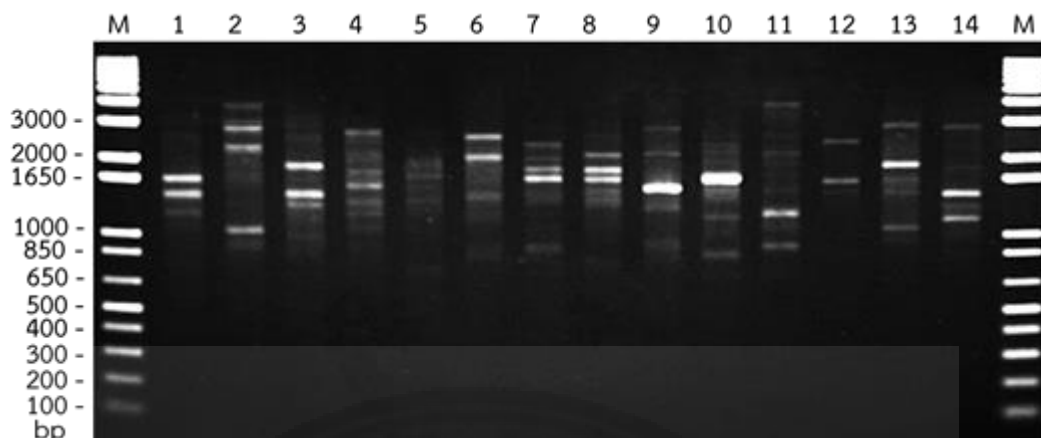
ภาพที่ 4.34 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M10 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



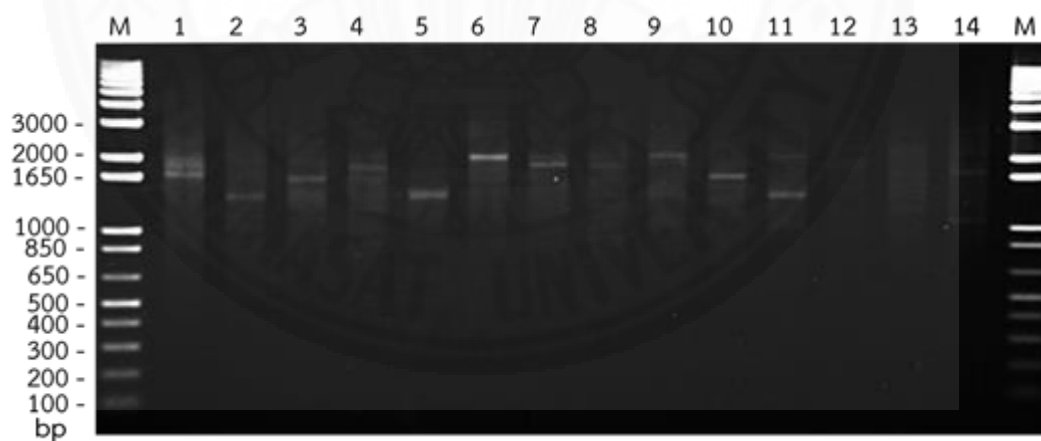
ภาพที่ 4.35 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M14 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



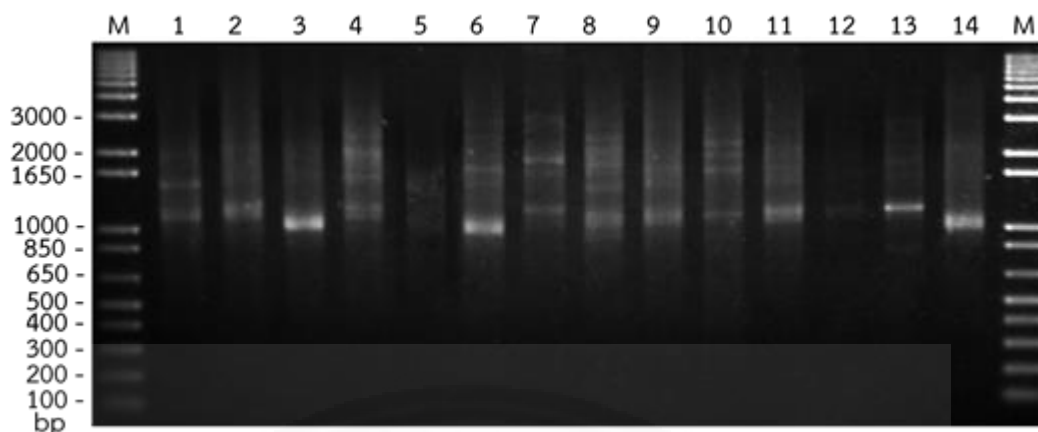
ภาพที่ 4.36 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M15 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



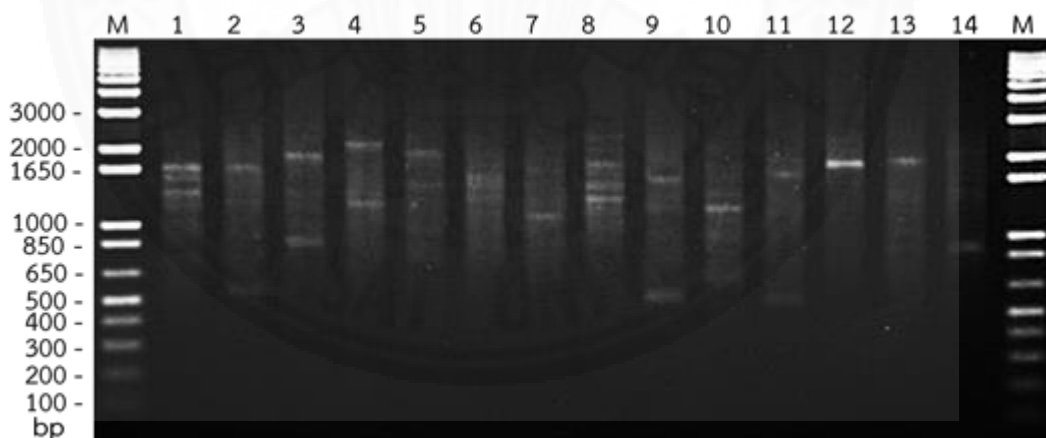
ภาพที่ 4.37 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M21 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



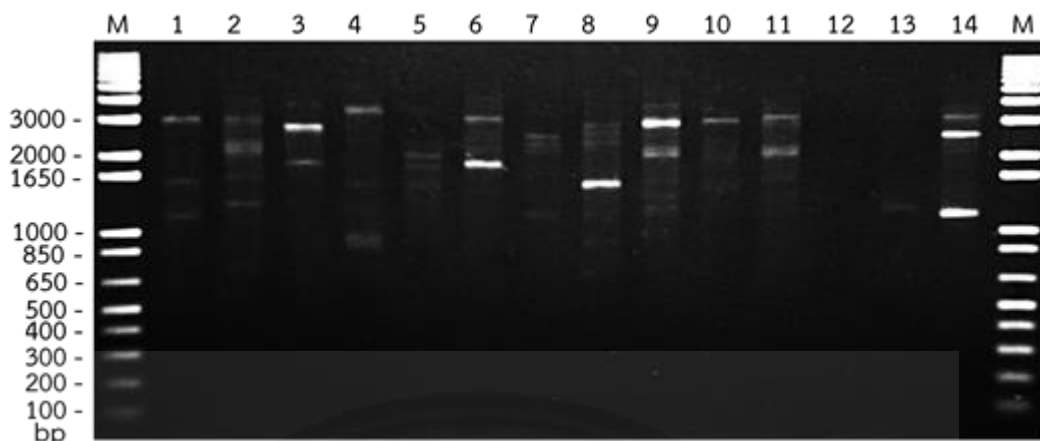
ภาพที่ 4.38 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M24 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.39 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M26 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.40 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M27 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.41 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่สร้างจากเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์ M34 [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]

จากผลการวิจัยยังพบไพรเมอร์ที่สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะกับเอื้องเทียนจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ M5, M10, M14, M27 และ M34 จึงสามารถจำแนกได้ด้วยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว นอกจากนี้ยังพบว่าไพรเมอร์ M05 และ M24 จำแนกเอื้องเทียนได้ 5 กลุ่ม ไพรเมอร์ M15 และ M21 แยกได้ 11 กลุ่ม และไพรเมอร์ M34 แยกได้ 6 กลุ่ม

ไพรเมอร์ M5 มีแถบดีเอ็นเอขนาด 650 และ 2,000 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอื้องเทียนใบแคบ และเอื้องสายเสริตตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 1,200 คู่เบส ระหว่างเอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนบาร์บาดา และเอื้องเทียนใบรี และแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 1,500 คู่เบส ระหว่างเอื้องเทียนน้อย เอื้องเทียนส้ม และเอื้องมัน โดยไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.33)

ไพรเมอร์ M10 มีแถบดีเอ็นเอขนาด 1,000 และ 1,200 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนส้มตามลำดับ (ภาพที่ 4.34)

ไพรเมอร์ M14 มีแถบดีเอ็นเอขนาด 2,200 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งฉาหมอก และมีแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 650 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนน้อยและเอ็งสายเสริด โดยที่ไม่มีแถบดีเอ็นเอที่สามารถจำแนกทั้ง 2 ชนิดนี้ออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.35)

ไพรเมอร์ M27 มีแถบดีเอ็นเอขนาด 650 ที่จำเพาะกับเอ็งสายเสริด และมีแถบดีเอ็นเอร่วมขนาด 500 และ 1,650 คู่เบส ระหว่างเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนขาว ทำให้ไม่สามารถแยกเอ็งเทียนลำเขียวกับเอ็งเทียนขาวออกจากกันได้ (ภาพที่ 4.40)

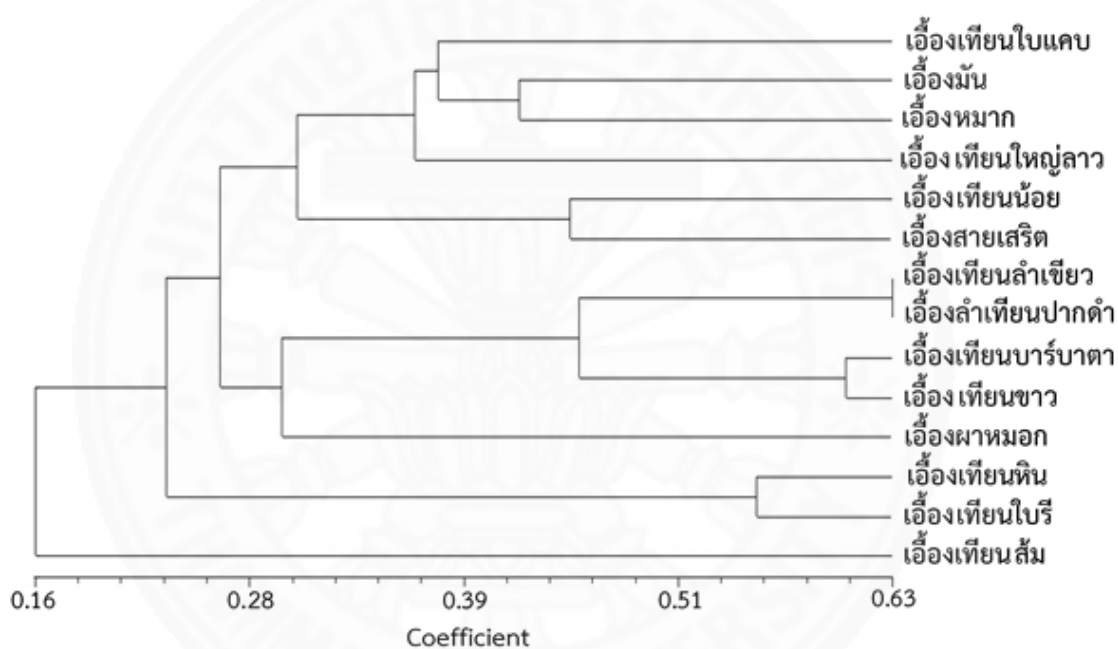
ไพรเมอร์ M34 มีแถบดีเอ็นเอขนาด 925, 1300 และ 1,650 คู่เบส ที่จำเพาะกับเอ็งเทียนน้อย เอ็งเทียนใบรี และเอ็งหมากตามลำดับ (ภาพที่ 4.41)

4.2.2 การวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์

จากการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ พบว่าในกลุ่มไม้กลุ่มเอ็งเทียนทั้ง 14 พันธุ์ มีค่าดัชนีความเหมือน 0.16-0.63 เมื่อจัดกลุ่มโดยพิจารณาจากลักษณะสัณฐานและหมู่ของเอ็งเทียน พบว่าค่าดัชนีความเหมือนที่ 0.30 มีความเหมาะสมมากที่สุด ซึ่งแผนภูมิความสัมพันธ์สามารถแบ่งกลุ่มไม้สกุลเอ็งเทียนออกเป็น 6 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอ็งเทียนใบแคบ เอ็งมัน เอ็งหมาก และเอ็งเทียนใหญ่ลาว กลุ่ม 2 ได้แก่ เอ็งเทียนน้อยและเอ็งสายเสริด กลุ่ม 3 ได้แก่ เอ็งเทียนลำเขียว เอ็งลำเทียนปากดำ เอ็งเทียนบาร์บาตา เอ็งเทียนขาว กลุ่ม 4 ได้แก่ เอ็งฉาหมอก กลุ่ม 5 ได้แก่ เอ็งเทียนหินและเอ็งเทียนใบรี และกลุ่ม 6 ได้แก่ เอ็งเทียนส้ม (ภาพที่ 4.42) โดยเอ็งเทียนลำเขียวกับเอ็งลำเทียนปากดำมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันมากที่สุด มีค่าดัชนีความเหมือนเท่ากับ 0.63 ในขณะที่เอ็งเทียนส้มมีค่าดัชนีความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.16 เมื่อจับคู่ของเอ็งเทียนทีละคู่ พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งลำเทียนปากดำมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมมากที่สุดเท่ากับ 0.63 ส่วนเอ็งเทียนส้มและเอ็งเทียนใบรีมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมน้อยที่สุดเท่ากับ 0.00 (ตารางที่ 4.2)

4.2.3 การคำนวณค่า polymorphic information content (PIC)

จากการคำนวณค่า PIC ด้วยโปรแกรม power marker รุ่น 3.25 ค่ามาตรฐานของเครื่องหมายแบบ ซ่อมสมบูรณ์จะมีค่าระหว่าง 0-0.5 เมื่อคำนวณหาค่า PIC โดยมีแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิค ไอเอสเอสอาร์จำนวน 65 แถบ พบว่ามีค่าระหว่าง 0.12 ถึง 0.37 เฉลี่ย 0.27 เมื่อพิจารณาค่าความถี่ แอลลีล (major allele frequency) มีค่าเฉลี่ย 0.76 แสดงว่าเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์มีประสิทธิภาพ ดีในการแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของตัวอย่างกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนที่ใช้ในการศึกษา



ภาพที่ 4.42 แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์

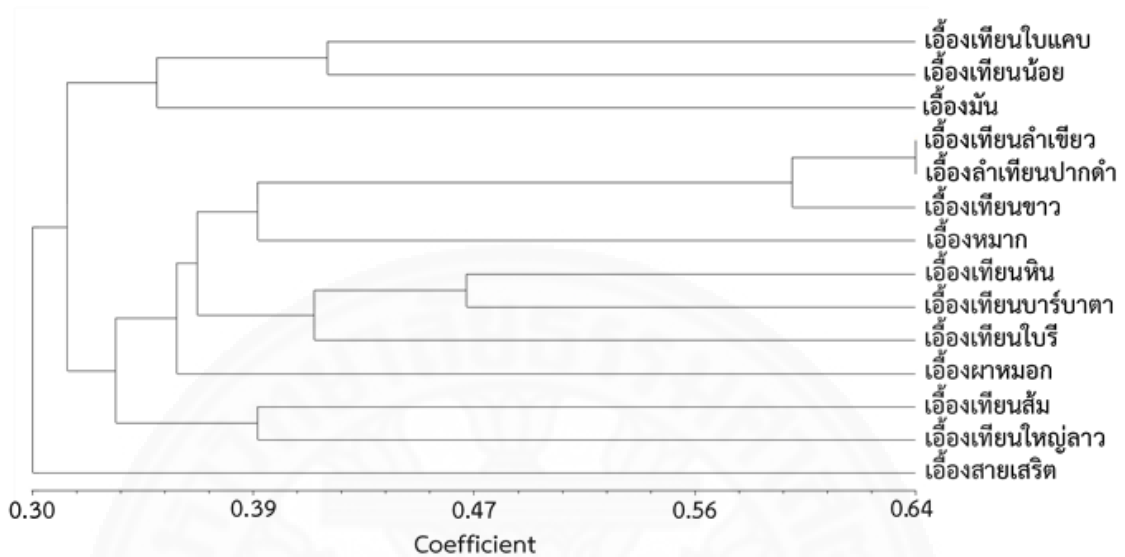
เอื้องเทียนใบแคบ	1.00																	
เอื้องเทียนลำเขียว	0.31	1.00																
เอื้องเทียนหิน	0.34	0.13	1.00															
เอื้องเทียนน้อย	0.29	0.33	0.30	1.00														
เอื้องเทียนส้ม	0.08	0.23	0.17	0.18	1.00													
เอื้องเทียนบาร์บาตา	0.23	0.36	0.32	0.25	0.40	1.00												
เอื้องมัน	0.38	0.24	0.19	0.33	0.08	0.21	1.00											
เอื้องหมาก	0.39	0.18	0.20	0.21	0.16	0.44	0.42	1.00										
เอื้องเทียนขาว	0.35	0.56	0.36	0.31	0.14	0.60	0.28	0.46	1.00									
เอื้องสายเสริต	0.42	0.23	0.25	0.45	0.15	0.21	0.29	0.35	0.32	1.00								
เอื้องลำเทียนปากดำ	0.33	0.63	0.21	0.36	0.25	0.38	0.38	0.26	0.53	0.30	1.00							
เอื้องเทียนใหญ่ลาว	0.36	0.13	0.22	0.23	0.09	0.08	0.33	0.41	0.19	0.32	0.29	1.00						
เอื้องผาหมอก	0.15	0.43	0.24	0.25	0.20	0.27	0.21	0.30	0.33	0.07	0.15	0.25	1.00					
เอื้องเทียนใบรี	0.27	0.13	0.55	0.21	0.00	0.31	0.13	0.26	0.35	0.24	0.13	0.21	0.15	1.00				

ตารางที่ 4.2 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคไอเอสเอสอาร์

4.3 การวิเคราะห์เทคนิคแฮตอาร์เอพีตีร่วมกับเทคนิคไอเอสเอสอาร์

ผลการนำเทคนิคแฮตอาร์เอพีตีมาวิเคราะห์ร่วมกับเทคนิคไอเอสเอสอาร์ แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 และเลือกการจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนระหว่าง 0.30-0.64 โดยที่เอื้องเทียนลำเขียวและเอื้องลำเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 สอดคล้องกับผลการทดลองของแฮตอาร์เอพีตีและไอเอสเอสอาร์ ในขณะที่เอื้องสายเสริตมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.30 สอดคล้องกับเทคนิคแฮตอาร์เอพีตีเช่นกัน เมื่อจัดกลุ่มโดยพิจารณาจากลักษณะสัณฐานและหมู่ของเอื้องเทียนพบว่าค่าดัชนีความเหมือนที่ 0.30 มีความเหมาะสมมากที่สุด สามารถแบ่งกลุ่มได้ 5 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ 1 คือ เอื้องเทียนใบแคบและเอื้องเทียนน้อย กลุ่มที่ 2 คือ เอื้องมัน กลุ่มที่ 3 แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย กลุ่มย่อยที่ 1 คือ เอื้องเทียนลำเขียว เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนขาว เอื้องหมาก เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องเทียนใบรี กลุ่มย่อยที่ 2 คือ เอื้องผาหมอก กลุ่มที่ 4 คือ เอื้องเทียนส้ม และเอื้องเทียนใหญ่ลาว และกลุ่มที่ 5 เอื้องสายเสริต (ภาพที่ 4.43) เมื่อดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเอื้องเทียนทีละคู่ พบว่าเอื้องเทียนลำเขียวและเอื้องลำเทียนปากดำมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุดเท่ากับ 0.64 ส่วนเอื้องเทียนบาร์บาตาและเอื้องสายเสริตมีความใกล้ชิดทาง

พินธุกรรมน้อยที่สุดเท่ากับ 0.24 (ตารางที่ 4.3) ซึ่งจะเห็นได้ว่าผลการทดลองสอดคล้องกับเทคนิคแอสตาร์เอพีดีมากที่สุด



ภาพที่ 4.43 แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากเทคนิคแอสตาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์

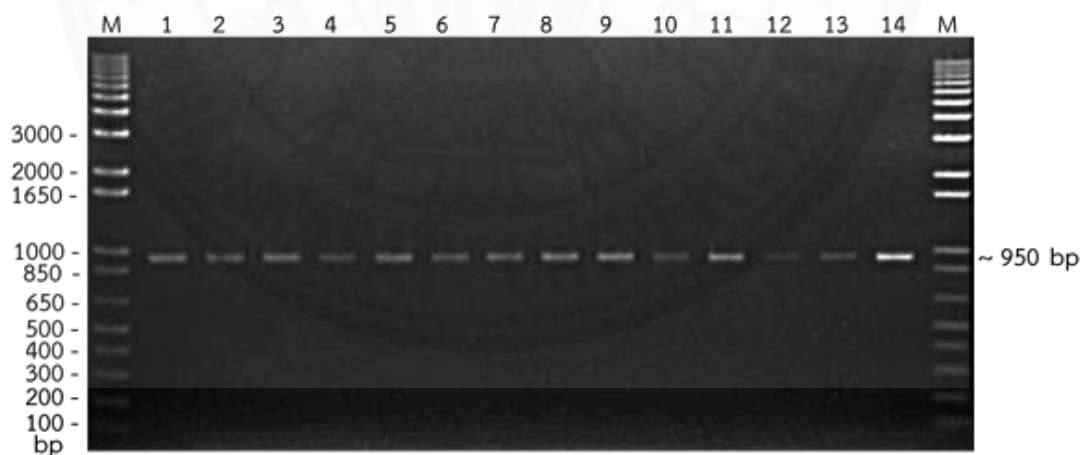
เื่องเทียนใบแคบ	1.00																
เื่องเทียนลำเขียว	0.32	1.00															
เื่องเทียนหิน	0.31	0.42	1.00														
เื่องเทียนน้อย	0.42	0.35	0.34	1.00													
เื่องเทียนส้ม	0.23	0.36	0.35	0.25	1.00												
เื่องเทียนบาร์บาดา	0.31	0.37	0.47	0.32	0.32	1.00											
เื่องมัน	0.34	0.28	0.30	0.37	0.30	0.30	1.00										
เื่องหมาก	0.38	0.40	0.36	0.37	0.32	0.37	0.33	1.00									
เื่องเทียนขาว	0.29	0.60	0.34	0.26	0.34	0.41	0.27	0.39	1.00								
เื่องสายเสริต	0.30	0.29	0.31	0.33	0.31	0.24	0.31	0.36	0.26	1.00							
เื่องลำเทียนปากดำ	0.31	0.64	0.40	0.37	0.35	0.40	0.28	0.37	0.59	0.31	1.00						
เื่องเทียนใหญ่ลาว	0.38	0.34	0.38	0.34	0.39	0.36	0.36	0.33	0.30	0.32	0.37	1.00					
เื่องผาหมอก	0.35	0.36	0.38	0.36	0.35	0.33	0.34	0.39	0.34	0.31	0.37	0.34	1.00				
เื่องเทียนใบรี	0.29	0.32	0.42	0.29	0.26	0.40	0.29	0.36	0.30	0.28	0.36	0.28	0.33	1.00			

ตารางที่ 4.3 ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนที่ได้จากเทคนิคแอสตาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์

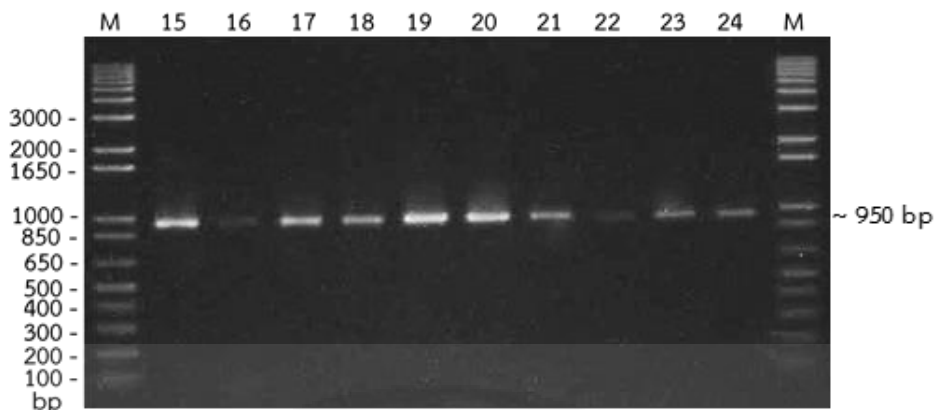
4.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

4.4.1 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่งจำเพาะ

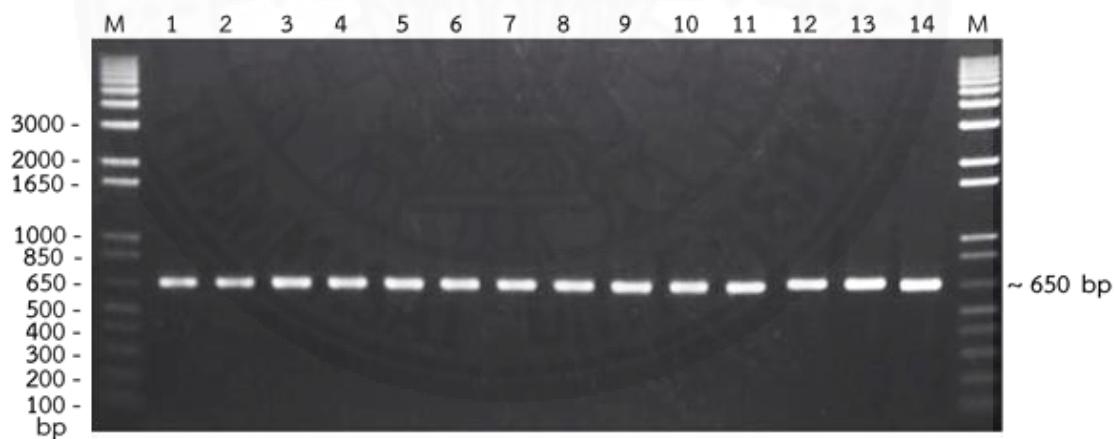
จากการหาบริเวณของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีความผันแปรมากพอที่จะแยกความแตกต่างระหว่างชนิดของเอื้องเทียน และมีลำดับเบสอนุรักษ์เพื่อใช้เป็นตำแหน่งเข้าจับของไพรเมอร์ พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และดีเอ็นเอระหว่างยีน *trnH-psbA* ซึ่งเป็นยีนที่อยู่ในคลอโรพลาสต์ (chloroplasts) เมื่อนำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณดังกล่าวได้ในทุก ๆ ตัวอย่าง ซึ่งแต่ละบริเวณเมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจะได้ขนาดที่แตกต่างกัน ดังนี้ บริเวณยีน *matK* มีขนาดประมาณ 950 คู่เบส (ภาพที่ 4.44) บริเวณยีน *rbcl* มีขนาด 650 คู่เบส (ภาพที่ 4.45) บริเวณยีน *rpoC1* มีขนาดประมาณ 575 คู่เบส (ภาพที่ 4.46) และดีเอ็นเอระหว่างยีน *trnH-psbA* มีขนาดประมาณ 800 คู่เบส (ภาพที่ 4.47) ซึ่งบางชนิดของเอื้องเทียนอาจมีขนาดที่แตกต่างกันบ้างเล็กน้อย นอกจากนี้เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *rpoB* พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ แต่มีขนาดสั้น 400 คู่เบส เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoB* พบว่าไม่สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ เพราะมีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกันมาก และบางบริเวณเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้หลายตำแหน่ง จึงไม่เหมาะที่จะนำมาใช้ในการวิเคราะห์



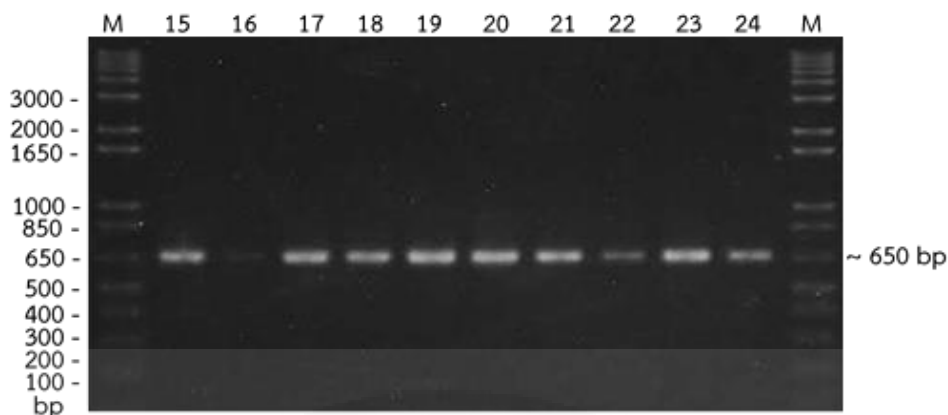
ภาพที่ 4.44 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *matK* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



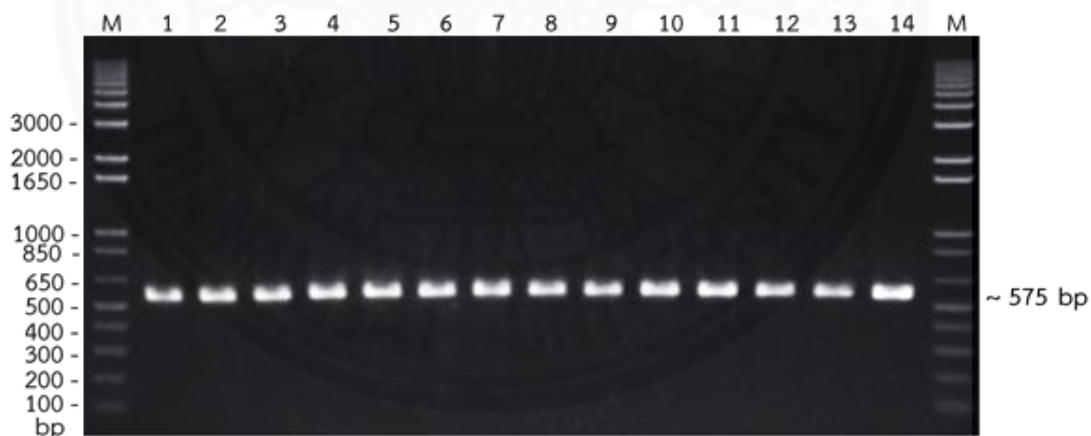
ภาพที่ 4.44 (ต่อ) ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *matK* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 15-24 คือ (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู



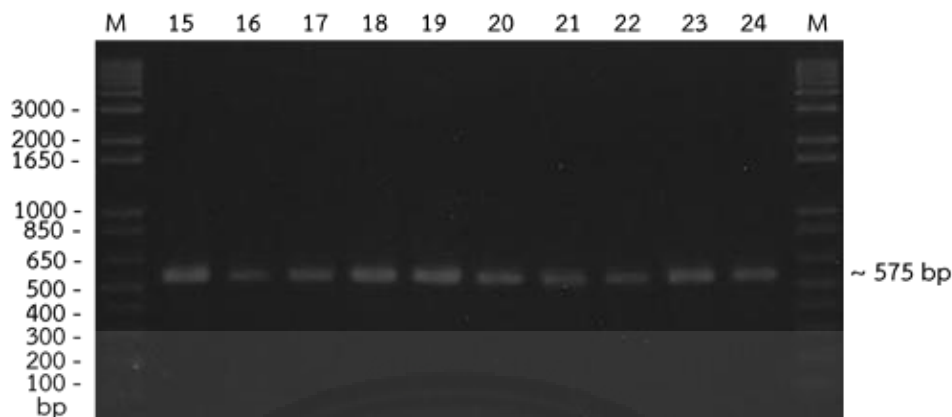
ภาพที่ 4.45 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *rbcL* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



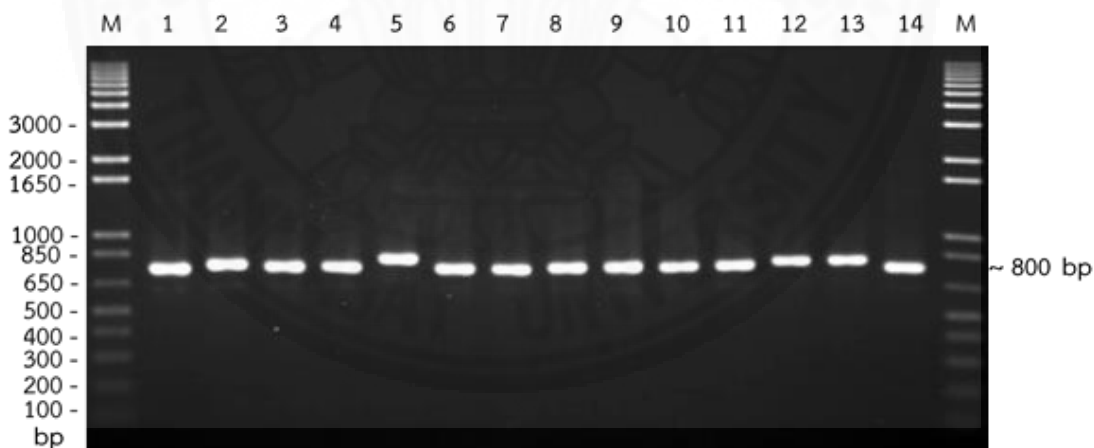
ภาพที่ 4.45 (ต่อ) ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *rbcL* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 15-24 คือ (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู



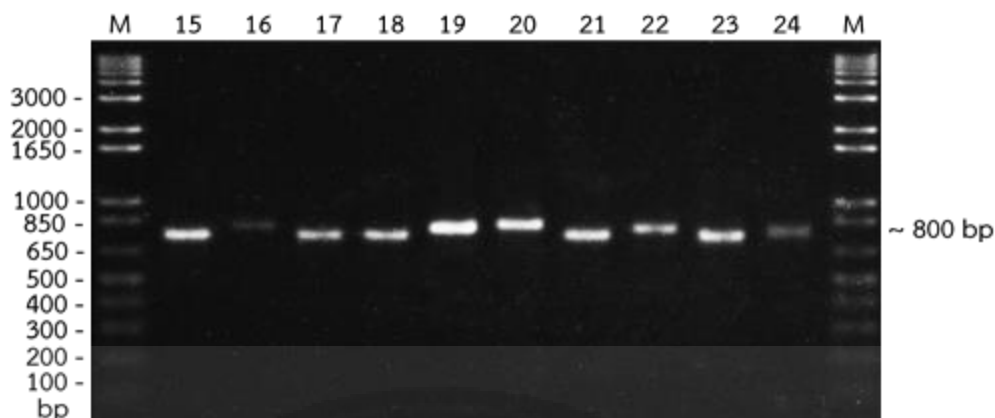
ภาพที่ 4.46 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *rpoC1* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.46 (ต่อ) ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *rpoC1* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 15-24 คือ (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู



ภาพที่ 4.47 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอระหว่างยีน *tmH-psbA* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 1-14 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก และ (14) เอื้องเทียนใบรี]



ภาพที่ 4.47 (ต่อ) ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอระหว่างยีน *trnH-psbA* [M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb Plus DNA Ladder (Invitrogen™ Life Technology, USA) และ 15-24 คือ (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู

4.4.2 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

หลังจากนำผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ส่งไปหาลำดับเบสที่บริษัท Bioneer หลังจากนั้นนำผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ไปทำการเปรียบเทียบกับลำดับเบสในฐานข้อมูล NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov) พบว่าเป็นบริเวณที่ต้องการใช้ศึกษา และคล้ายคลึงกับบริเวณยีนเดียวกันของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน รวมทั้งกล้วยไม้สกุลอื่น ๆ ที่อยู่ในฐานข้อมูล NCBI เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนทั้ง 24 ชนิดไปเปรียบเทียบกับโปรแกรม ClustalW ได้ผลดังนี้

4.4.2.1 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL*

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ไปเปรียบเทียบแบบ multiple alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW แสดงดังภาพที่ 4.48

	10	20	30	40	50
1	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
2	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
3	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
4	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
5	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
6	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
7	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
8	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
9	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
10	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
11	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
12	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
13	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
14	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
15	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
16	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
17	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
18	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
19	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
20	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
21	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
22	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
23	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA
24	TCACCACAAA	CAGAACTAA	AGCAAGCGTT	GGATTAAAG	CTGGTGTAA

	60	70	80	90	100
1	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
2	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
3	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
4	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
5	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
6	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
7	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
8	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
9	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
10	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
11	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
12	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
13	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
14	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
15	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
16	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
17	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
18	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
19	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
20	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
21	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
22	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
23	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG
24	AGATTACAAA	TTGACTTATT	ATACTCCTTA	CTACGAAACC	AAAGATACTG

ภาพที่ 4.48 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      110      120      130      140      150
1  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
2  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
3  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
4  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
5  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
6  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
7  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
8  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
9  ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
10 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
11 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
12 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
13 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
14 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
15 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
16 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
17 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
18 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
19 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
20 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
21 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
22 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
23 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA
24 ATATCTTGGC AGCATTCCGA GTAACCTCCTC AACCGGGAGT TCCGCCTGAA

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      160      170      180      190      200
1  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
2  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
3  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
4  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
5  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
6  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
7  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
8  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
9  GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
10 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
11 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
12 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
13 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
14 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
15 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
16 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
17 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
18 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
19 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
20 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
21 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
22 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
23 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC
24 GAAGCGGGGG CTGCGGTAGC TGCCGAATCT TCTACTGGTA CATGGACAAC

```

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	210 220 230 240 250
1	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
2	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
3	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
4	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
5	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
6	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
7	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
8	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
9	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
10	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
11	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
12	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
13	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
14	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
15	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
16	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
17	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
18	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
19	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
20	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
21	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
22	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
23	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTTGA TCGTTACAAA GGACGATGCT
24	TGTGTGGACT GATGGACTTA CCAGTCTCGA TCGTTACAAA GGACGATGCT

	260 270 280 290 300
1	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
2	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
3	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
4	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
5	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
6	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
7	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
8	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
9	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
10	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
11	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
12	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
13	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
14	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
15	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
16	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
17	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
18	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
19	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
20	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
21	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
22	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
23	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA
24	ACCACATCGA GGTTCGTTGTT GGGGAGGAAA ATCAATATAT TGCTTATGTA

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	310 320 330 340 350
1	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
2	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
3	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
4	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
5	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
6	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
7	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
8	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
9	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
10	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
11	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
12	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
13	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
14	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
15	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
16	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
17	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
18	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
19	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
20	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
21	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
22	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
23	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC
24	GCTTATCCTT TAGACCTTTT TGAAGAAGGT TCTGTACTA ACATGTTTAC

	360 370 380 390 400
1	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
2	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
3	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
4	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
5	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
6	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
7	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
8	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
9	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
10	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
11	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
12	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
13	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
14	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
15	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
16	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
17	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
18	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
19	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
20	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
21	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
22	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
23	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC
24	TTCCATTGTG GGTAAATGTAT TTGGTTTCAA AGCCCTGCGA GCTCTACGTC

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของ ลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          410          420          430          440          450
1  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
2  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
3  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
4  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
5  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
6  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
7  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
8  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
9  TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
10 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
11 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
12 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
13 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
14 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
15 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
16 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
17 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
18 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
19 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
20 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
21 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
22 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
23 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG
24 TGGAAGATCT ACGAATTCCC ACTTCTTATT CCAAAACTTT CCAAGGTCGG

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          460          470          480          490          500
1  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
2  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ATGGTCGTCC
3  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
4  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
5  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
6  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
7  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
8  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
9  CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ATGGTCGTCC
10 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ATGGTCGTCC
11 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ATGGTCGTCC
12 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
13 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
14 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
15 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
16 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
17 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
18 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
19 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
20 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
21 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
22 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
23 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC
24 CCTCATGGCA TCCAAGTTGA AAGAGATAAA TTGAACAAGT ACGGTCGTCC

```

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      510      520      530      540      550
1 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
2 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
3 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
4 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
5 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
6 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
7 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
8 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
9 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
10 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
11 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
12 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
13 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
14 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
15 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
16 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
17 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
18 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
19 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
20 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
21 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
22 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
23 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT
24 CCTATTGGGA TGTACTATTA AACCAAAAT GGGATTATCC GCAAAAAACT

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      560      570      580      590      600
1 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
2 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
3 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
4 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
5 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
6 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
7 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
8 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
9 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
10 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
11 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
12 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAA
13 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
14 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
15 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
16 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
17 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
18 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
19 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
20 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
21 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
22 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAA
23 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG
24 ACGGTAGAGC GGTTTATGAA TGTCTACGGG GTGGACTTGA TTTTACTAAG

```

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....
          610          620          630
1  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
2  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
3  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
4  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
5  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
6  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
7  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
8  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
9  GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
10 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
11 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
12 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
13 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
14 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
15 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
16 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
17 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
18 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
19 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
20 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
21 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
22 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
23 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG
24 GATGATGAAA ACGTAAATTC ACAACCATTT ATGCGTTGG

```

ภาพที่ 4.48 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของ ลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

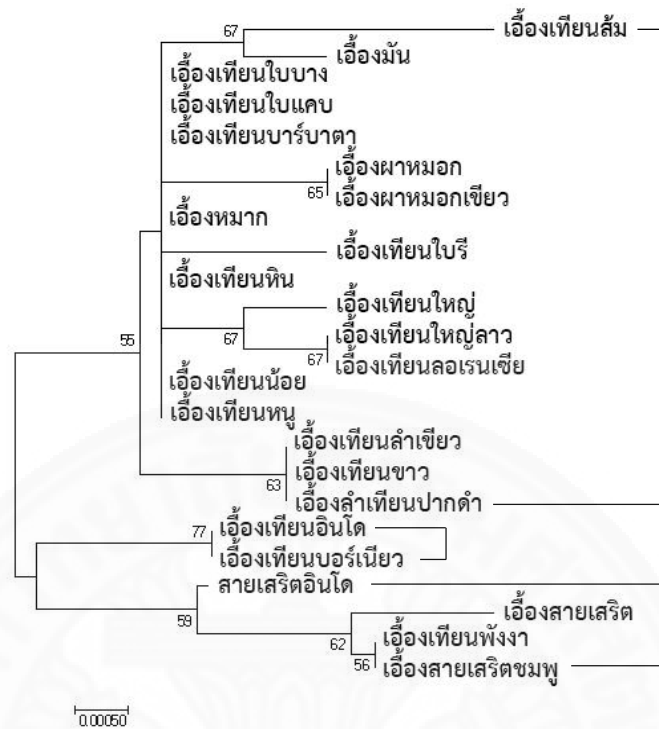
จากการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rbcL* โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 (Tamura *et al.*, 2013) เลือกวิธีการจัดกลุ่ม 2 แบบคือ neighbor joining และ maximum likelihood นำมาคำนวณหาระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) โดยใช้แบบจำลองวิวัฒนาการ Kimura 2-parameter (CBOL Plant Working Group, 2009) พบว่าเมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ในกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนจำนวน 24 ชนิดไปเปรียบเทียบแบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW (ภาพที่ 4.48) พบว่ามีการกลายเกิดขึ้น ได้แก่ ไพริมิตินทรานสิชัน พิวรีนทรานสิชัน และทรานสเวอร์ชัน (ตารางที่ 4.4) และพบว่าการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสมีผลต่อการสร้างกรดอะมิโนของยีน *rbcL* (ตารางที่ 4.5) เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood สามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ 3 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องเทียนส้ม เอื้องมัน เอื้องเทียนใบบาง เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องหมาก เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องเทียนใหญ่ลาว เอื้องเทียนลอเรนเซีย เอื้องเทียนน้อย เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนลำเขี้ยว เอื้องเทียนขาว และเอื้องลำเทียนปากดำ กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องเทียนอินโด และเอื้องเทียนบอร์เนียว และกลุ่มที่ 3 คือ สายเสริตอินโด เอื้องสายเสริต เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู (ภาพที่ 4.49-4.50) มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.002 (ตารางที่ 4.6) นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกได้ตรงตามหมู่ คือ 1. speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอก และเอื้องผาหมอกเขียว 2. หมู่ lawrenceanae ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย 3. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว และ 4. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องสายเสริตชมพู และเอื้องเทียนพังงา เมื่อพิจารณาการจำแนกชนิดของเอื้องเทียนโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* จากแผนภูมิความสัมพันธ์ พบว่ายีน *rbcL* สามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ 6 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนส้ม เอื้องมัน เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนใหญ่ สายเสริตอินโด และเอื้องสายเสริต มีประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนเท่ากับ 25 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งจะเห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ยังจำแนกเอื้องเทียนแต่ละชนิดออกจากกันได้น้อย แต่สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของเอื้องเทียนได้ ดังนั้นจึงควรวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของเอื้องเทียน

ตารางที่ 4.4 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* ที่ตำแหน่งต่าง ๆ

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์
พิวรีนทรานซิชัน	25 และ 600
ไพริมิดีนทรานซิชัน	42, 228, 258 และ 263
ทรานสเวอร์ชัน	42, 45, 79 และ 279

ตาราง 4.5 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน *rbcl*

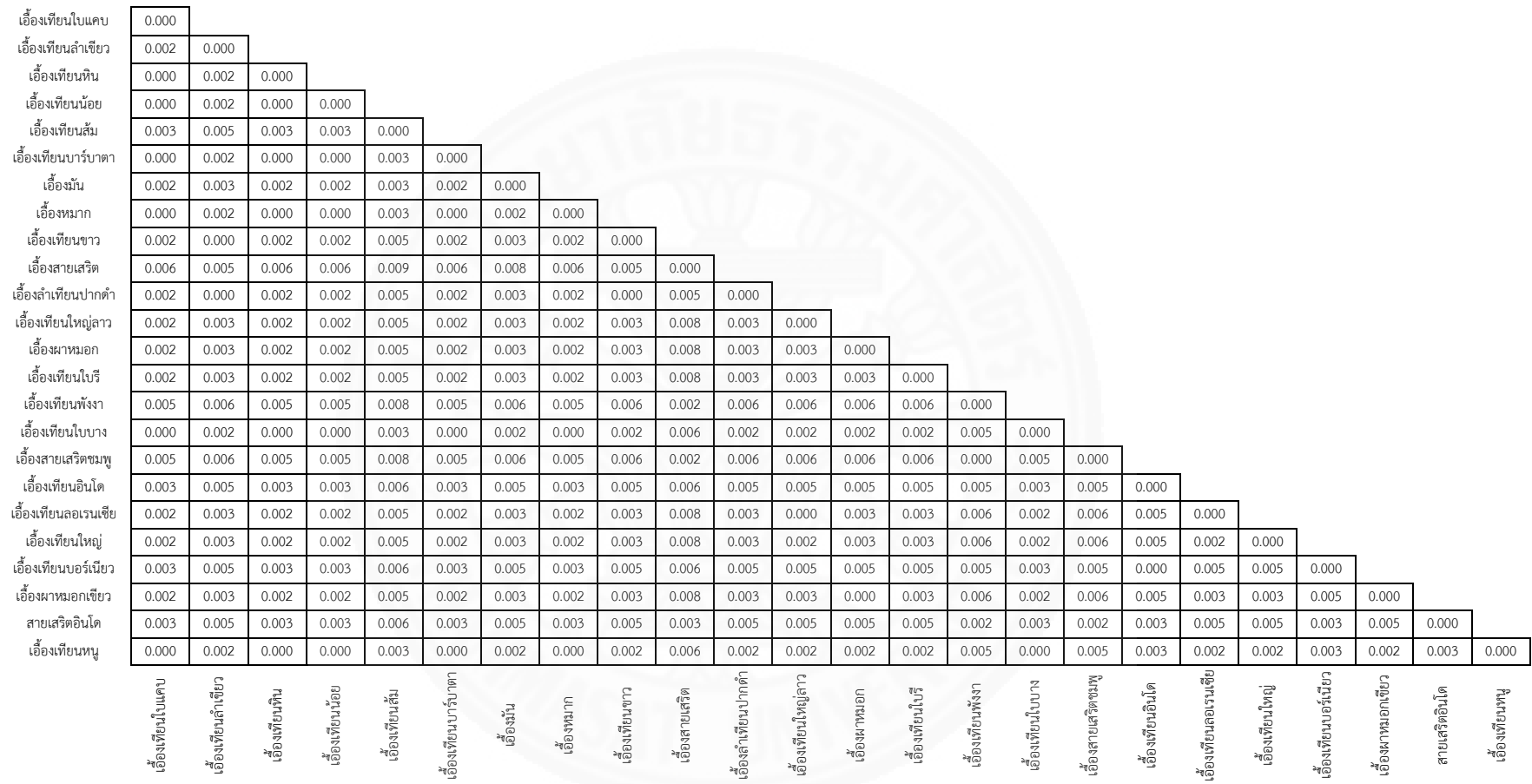
ตำแหน่ง	ชนิดกลายไ้ม้	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
25	14	A เป็น G	Ser / Gly
79	15, 17	G เป็น C	Asp / His
263	15, 17, 23	T เป็น C	Val / Ala
279	19	A เป็น C	Glu / Asp
	20	A เป็น T	



ภาพที่ 4.49 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rbcL* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



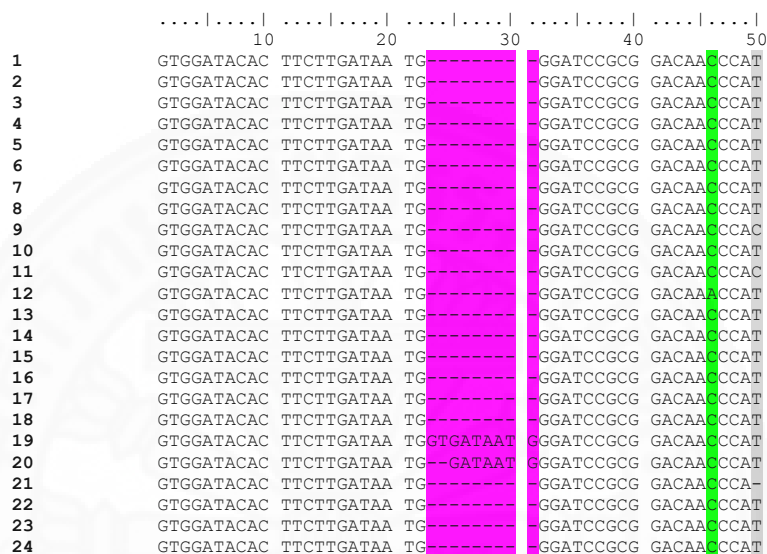
ภาพที่ 4.50 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rbcL* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood



ตารางที่ 4.6 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance) ที่ได้จากยีน *rbcl*

4.4.2.2 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1*

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ไปเปรียบเทียบแบบ multiple alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW แสดงในภาพที่ 4.51



ภาพที่ 4.51 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	60	70	80	90	100
1	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
2	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
3	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
4	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
5	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
6	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
7	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
8	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
9	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
10	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
11	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
12	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
13	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
14	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
15	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
16	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
17	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
18	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
19	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
20	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
21	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTTGACAAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
22	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
23	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA
24	GAGAGAGGGT	CATAATAAAG	TTT-ACAAGT	CATTTTCCGA	TGTAATTGAA

	110	120	130	140	150
1	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
2	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
3	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
4	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
5	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
6	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
7	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
8	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
9	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
10	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
11	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
12	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
13	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
14	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
15	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
16	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
17	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
18	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
19	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
20	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
21	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
22	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
23	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA
24	GGCAAAGAAG	GAAGATTTCG	TGAGACTCTG	CTTGGTAAAC	GGGTCGATTA

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	160	170	180	190	200
1	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
2	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
3	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
4	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
5	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
6	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
7	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
8	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
9	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
10	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
11	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
12	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
13	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
14	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
15	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
16	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
17	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
18	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
19	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
20	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
21	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
22	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
23	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT
24	TTCGGGGCGT	TCCGTCATTG	TCGTGGGTCC	TTTGCTTTCA	TTACATCAAT

	210	220	230	240	250
1	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
2	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
3	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
4	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
5	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
6	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
7	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
8	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
9	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
10	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
11	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
12	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
13	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
14	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
15	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
16	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
17	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
18	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
19	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
20	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
21	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
22	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
23	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT
24	GTGGATTACC	TCGAGAAATA	GCAATAGAGC	TCTTCCAAC	ATTTGTAATT

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	260	270	280	290	300
1	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
2	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
3	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
4	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
5	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
6	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
7	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
8	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
9	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
10	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
11	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
12	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
13	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
14	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
15	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
16	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
17	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
18	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
19	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
20	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
21	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
22	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
23	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG
24	CGTGGTCTAA	TCAGACAAGA	TGTTGCTTCT	AACACAGGGA	TTGCTAAAAAG

	310	320	330	340	350
1	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
2	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
3	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
4	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
5	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
6	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
7	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
8	TAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
9	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
10	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
11	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
12	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
13	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
14	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
15	CAAGATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
16	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
17	CAAGATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
18	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
19	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
20	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
21	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAAAAGTGA
22	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
23	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA
24	CAAAATTCGG	GAAAAAGAAC	CCATTGTATG	GGAAATCCTT	CAAGAAGTGA

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

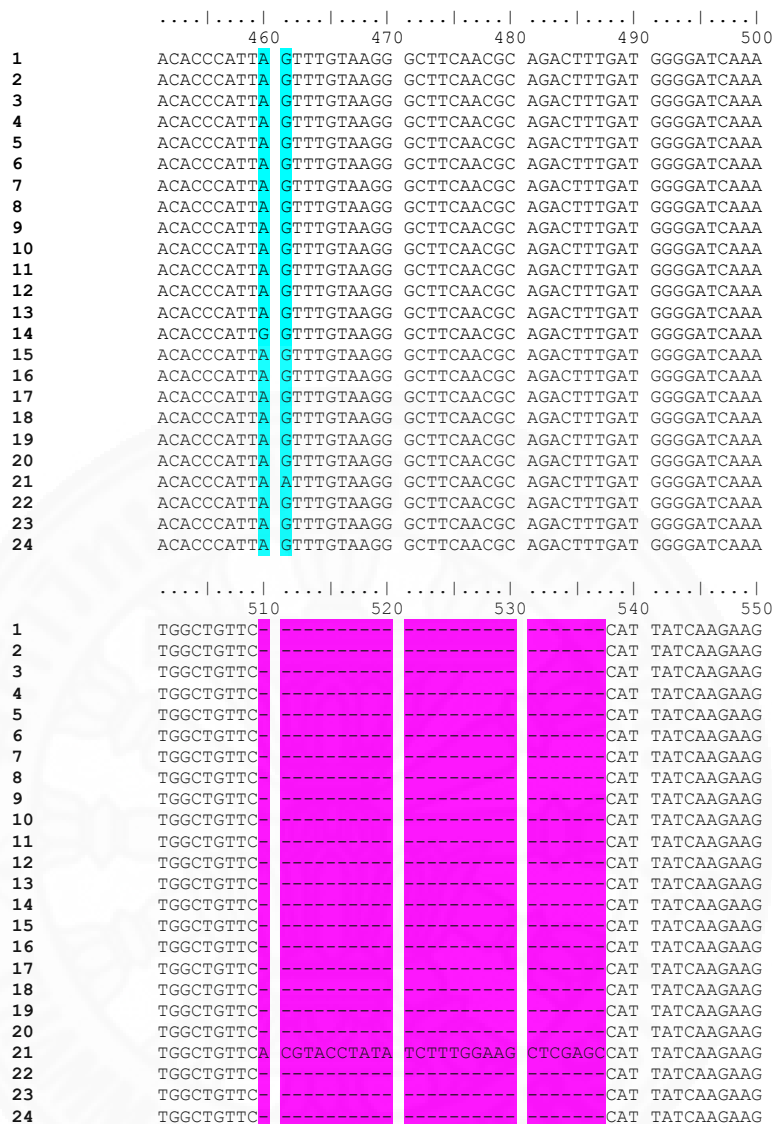
```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          360      370      380      390      400
1  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
2  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
3  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
4  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
5  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
6  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
7  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
8  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
9  TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
10 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
11 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
12 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
13 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
14 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
15 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
16 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
17 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
18 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
19 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
20 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
21 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
22 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
23 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA
24 TGCAGGGGCA TCCTGTATTG TTGAATAGAG CCCCCACCT GCATAGATTA

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          410      420      430      440      450
1  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
2  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
3  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
4  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
5  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
6  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
7  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
8  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
9  GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
10 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
11 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
12 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
13 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
14 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
15 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
16 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
17 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
18 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
19 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
20 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
21 GGTATACAGG CGTTCCACCC CATTTTGCTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
22 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
23 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT
24 GGTATACAGG CGTTCCAACC CATTTTAGTG GAGGGGCGTG CTATTTGTTT

```

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของ ลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

1	TGTATCCAC
2	TGTATCCAC
3	TGTATCCAC
4	TGTATCCAC
5	TGTATCCAC
6	TGTATCCAC
7	TGTATCCAC
8	TGTATCCAC
9	TGTATCCAC
10	TGTATCCAC
11	TGTATCCAC
12	TGTATCCAC
13	TGTATCCAC
14	TGTATCCAC
15	TGTATCCAC
16	TGTATCCAC
17	TGTATCCAC
18	TGTATCCAC
19	TGTATCCAC
20	TGTATCCAC
21	TGTATCCAC
22	TGTATCCAC
23	TGTATCCAC
24	TGTATCCAC

ภาพที่ 4.51 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

จากการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน *rpoC1* โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 เลือกวิธีการจัดกลุ่ม 2 แบบคือ neighbor joining และ maximum likelihood นำมาคำนวณหาระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) โดยใช้แบบจำลองวิวัฒนาการ Kimura 2-parameter แล้วนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ในกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนจำนวน 24 ชนิดไปเปรียบเทียบแบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW (ภาพที่ 4.51) พบว่ามีการกลายเกิดขึ้น ได้แก่ ไพริมิดีนทรานสิชัน พิวรีนทรานสิชัน ทรานสเวอร์ชัน และอินเดล (ตารางที่ 4.7) ทำให้มีการเปลี่ยนแปลงต่อการสร้างกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.8) เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 สามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ 2 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องเทียนน้อย เอื้องเทียนขาว เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนลำเขียว เอื้องหมาก เอื้องมัน เอื้องเทียนใหญ่ลาวา เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนใบบาง เอื้องสายเสริต เอื้องผาหมอก เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนใบรี เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนพังงา เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนลอเรนเซีย เอื้องเทียนใหญ่ และสายเสริตอินโด กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องเทียนบอร์เนียว (ภาพที่ 4.52-4.53) มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.028 (ตารางที่ 4.9) นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ 7 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนพังงา เอื้องสายเสริตชมพู และเอื้องเทียนบอร์เนียว เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* สามารถจำแนกได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน คือ หมู่ *tomentosae* ได้แก่ เอื้องสายเสริตชมพูและเอื้องเทียนพังงา จึงเห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* จำแนกเอื้องเทียนได้เพียง 29 เปอร์เซ็นต์ มีประสิทธิภาพในการจำแนกน้อย จึงควรวิเคราะห์ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ เพื่อเพิ่มความผันแปรในการจำแนกชนิดของเอื้องเทียน

ตาราง 4.7 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* ที่ตำแหน่งต่าง ๆ

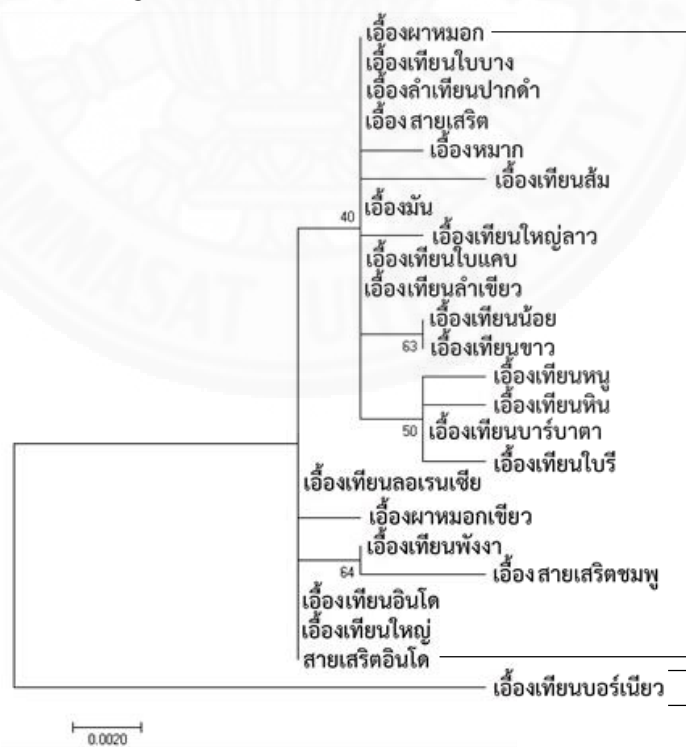
รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์
พิวรีนทรานซิชั่น	304, 311, 344, 461, 354, 408, 427 และ 460
ไพริมิดีนทรานซิชั่น	50, 235, 301 และ 439
ทรานสเวอร์ชัน	46, 57, 289, 382, 386, 396, 417-418, 428 และ 448
อินเดล	23-31, 25-31, 50, 51-52, 74 และ 510-537

ตารางที่ 4.8 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน *rpoC1*

ตำแหน่ง	ชนิดกลายไ้	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
301	5	G เป็น A	Glu / Lys
332	21	G เป็น A	Glu / Lys
342	21	A เป็น G	Gln / Arg
374	21	A เป็น C	Thr / Pro
544	17	A เป็น T	Met / Cys
545	15	T เป็น G	Met / Arg



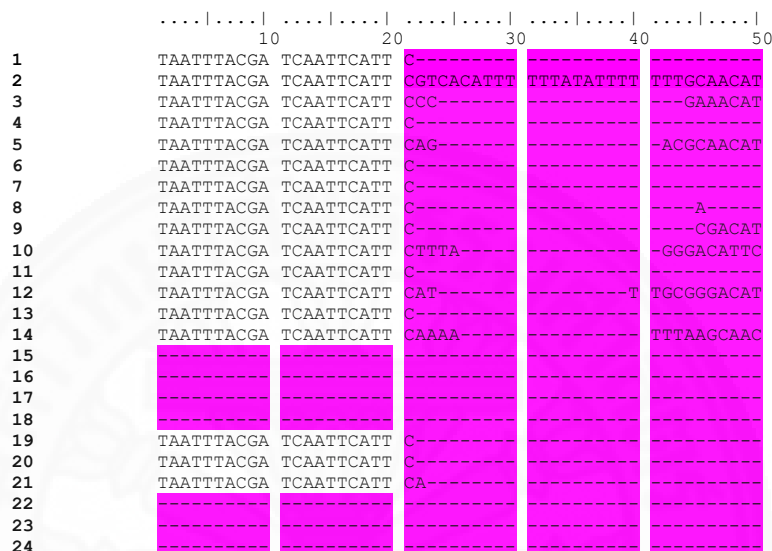
ภาพที่ 4.52 แผนภูมิตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rpoC1* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



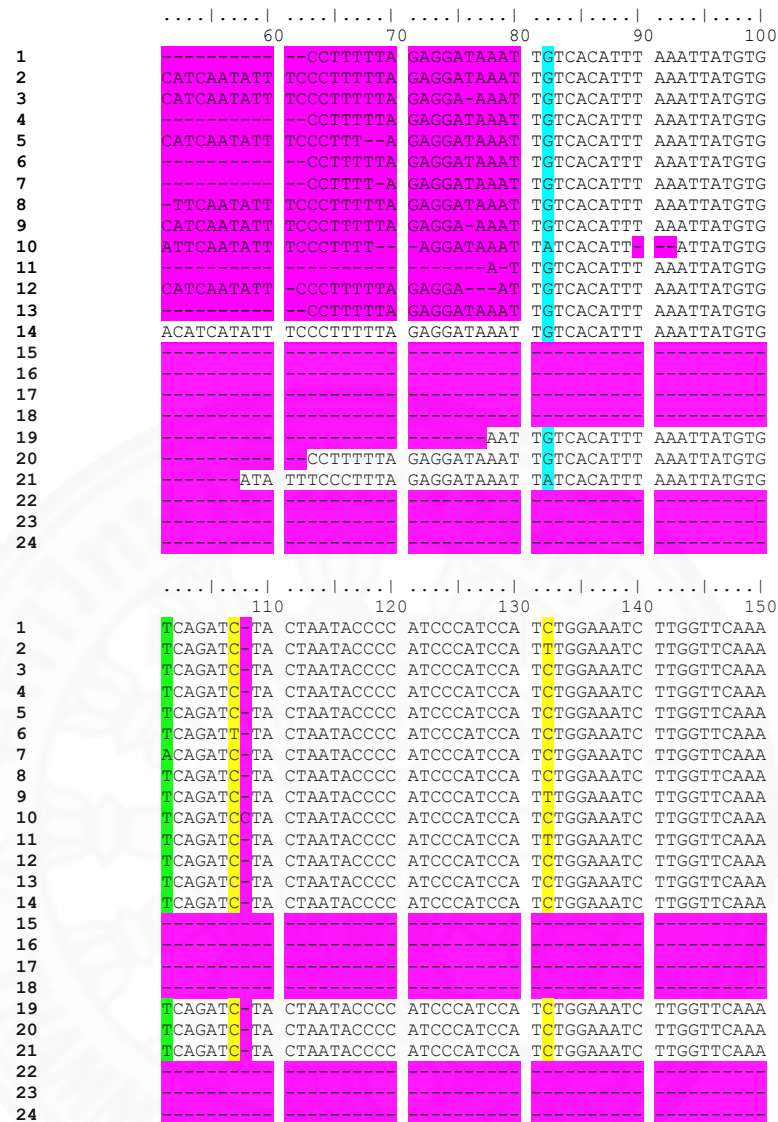
ภาพที่ 4.53 แผนภูมิตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *rpoC1* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood

4.4.2.3 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ไปเปรียบเทียบแบบ multiple alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW แสดงดังภาพ 4.54



ภาพที่ 4.54 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

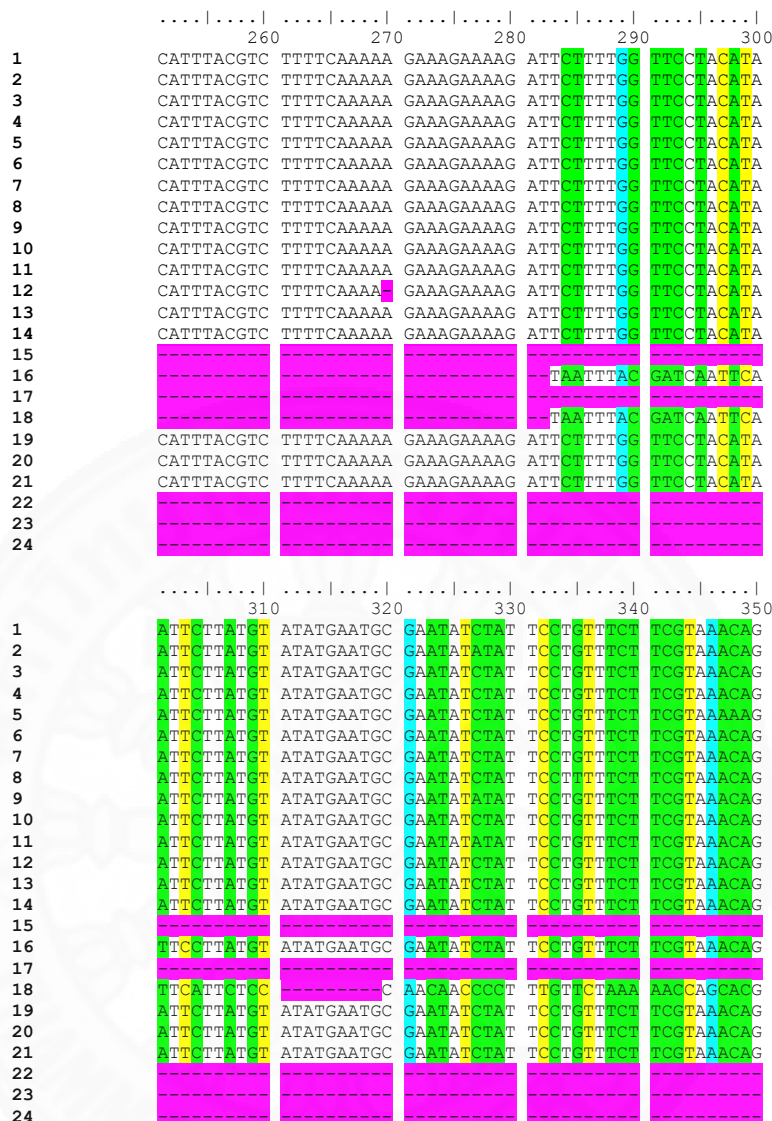


ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

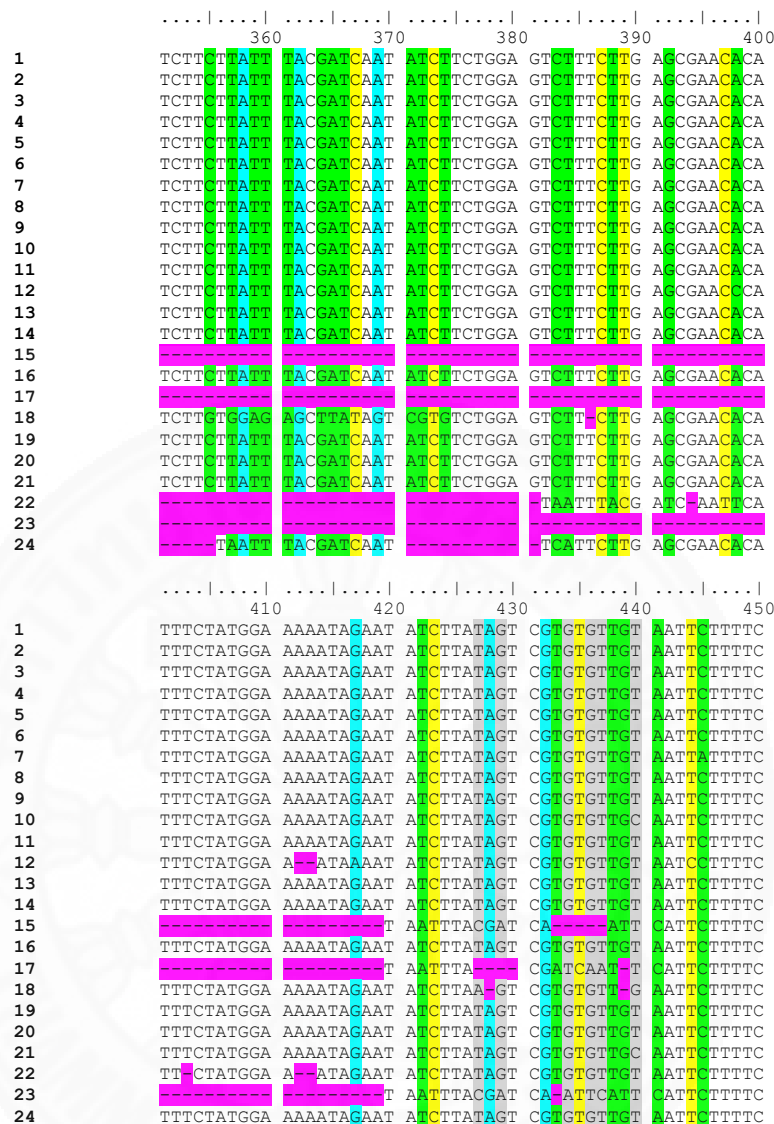
	160	170	180	190	200
1	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
2	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
3	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
4	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
5	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
6	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
7	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
8	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
9	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
10	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
11	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
12	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
13	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
14	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
15					
16					
17					
18					
19	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
20	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
21	TCCTTCAATG	CTGGATCAAA	GATGTTTCTT	CTTTGCATTT	CTTGCGATTG
22					
23					
24					

	210	220	230	240	250
1	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
2	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
3	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
4	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
5	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
6	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
7	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
8	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
9	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
10	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
11	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
12	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
13	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
14	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
15					
16					
17					
18					
19	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
20	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
21	TTTTTCCACG	AATATCATAA	TTTGAATAGT	CTCATTACTT	CAAAAGAAATC
22					
23					
24					

ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	460	470	480	490	500
1	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
2	ATAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
3	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
4	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
5	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
6	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
7	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
8	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
9	ATAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
10	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
11	ATAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
12	ATAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
13	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
14	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
15	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
16	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
17	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
18	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
19	ATAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
20	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
21	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
22	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
23	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT
24	AGAGGATCCT	ATGGTTCCTC	AAAGATACTT	TCATACATTA	TGTTTCGATAT

	510	520	530	540	550
1	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
2	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
3	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
4	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
5	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
6	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
7	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
8	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
9	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
10	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
11	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
12	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
13	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
14	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
15	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
16	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
17	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
18	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
19	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
20	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
21	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
22	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
23	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA
24	CAAGGAAAAG	CAATTCCTGGC	TTCAAAGGA	ACTCTTATTC	TGATGAAGAA

ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	560 570 580 590 600
1	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
2	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
3	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
4	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
5	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
6	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
7	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
8	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
9	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
10	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
11	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
12	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
13	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
14	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
15	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
16	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
17	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
18	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
19	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
20	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
21	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
22	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
23	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT
24	ATGGAAATTT CATCTTGTGA ATTTTGGCA ATCTTATTTT CACTTTTGGT

	610 620 630 640 650
1	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
2	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
3	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
4	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
5	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
6	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
7	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
8	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
9	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
10	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
11	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
12	TTCACCTTA TAGGATCCAC ATAAAGCAAT CACCGACTA TTCCTTCTCT
13	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
14	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
15	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
16	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
17	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
18	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
19	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
20	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
21	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
22	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
23	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT
24	TTCACCTTA TAGGATCTAT ATAAAGCAAT TACCGACTA TTCCTTCTCT

ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          660      670      680      690      700
1  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
2  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
3  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
4  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
5  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
6  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
7  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
8  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
9  TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
10 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
11 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
12 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
13 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
14 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATAATTGG TAGTAAGAAA
15 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
16 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
17 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
18 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
19 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
20 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
21 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
22 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
23 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA
24 TTTCTGGGAT ATTTTTC AAG TGTACTAAAA AATCCTTTGG TAGTAAGAAA

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          710      720      730      740      750
1  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
2  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
3  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
4  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
5  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
6  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
7  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
8  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
9  TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
10 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AATAAATTAG
11 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
12 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT ATGAATTAG
13 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
14 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
15 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
16 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
17 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
18 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AATAAATTAG
19 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
20 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
21 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AATAAATTAG
22 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG
23 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AATAAATTAG
24 TCAAATGCTA GAGAATTCAT TTCTAATAAAA TACTCTGACT AAGAAATTAG

```

ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

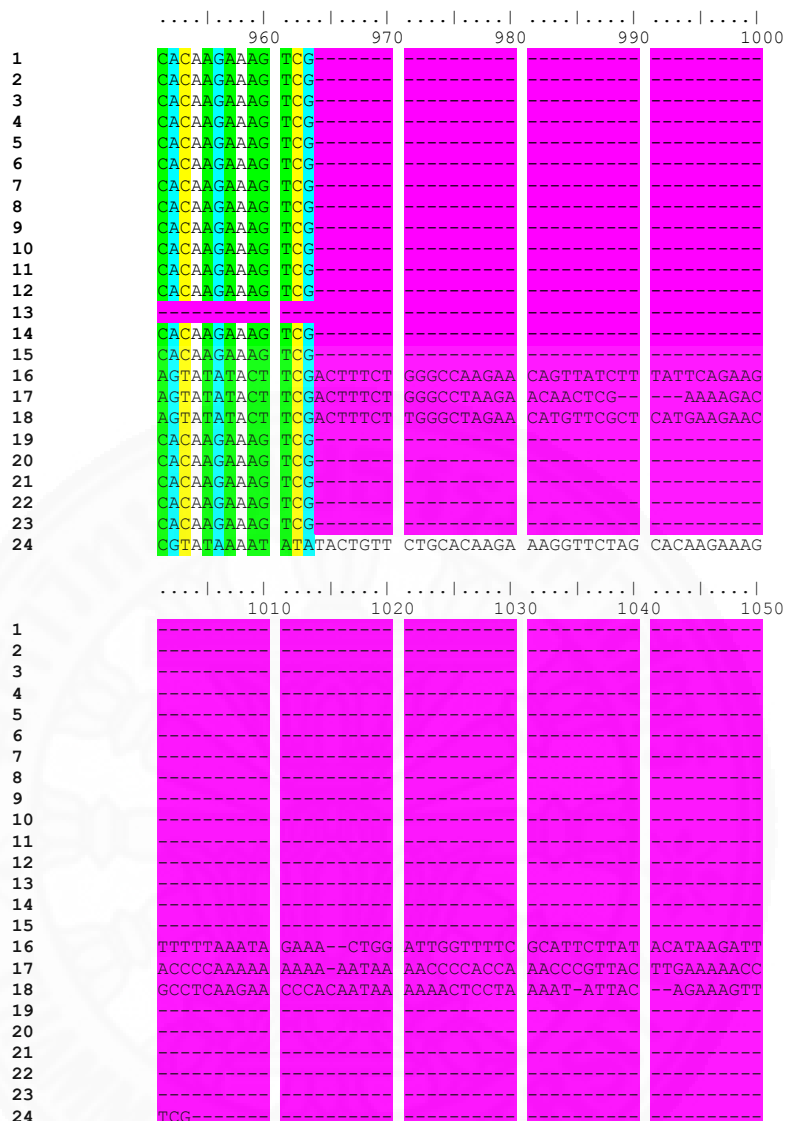
	
		760	770	780	790	800
1	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
2	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
3	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
4	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
5	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
6	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
7	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
8	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
9	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
10	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
11	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
12	ATACCATAAG	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
13	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTAA	
14	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
15	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
16	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
17	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
18	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTAT	CGAAAGCTCA	
19	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
20	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
21	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTAT	CGAAAGCTCA	
22	ATACCATA-G	CCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTAA	
23	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCG	
24	ATACCATA-G	TCCCAGTTAT	TTCTCTTATT	GGATCATTGT	CGAAAGCTCA	
	
		810	820	830	840	850
1	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
2	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
3	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
4	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
5	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
6	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
7	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
8	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
9	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
10	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
11	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
12	ATTTTGACT	GTATCGCGT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGATCGAT	
13	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
14	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
15	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
16	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
17	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
18	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCAAT	CTGACCAGAT	
19	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
20	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
21	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCAAT	CTGACCAGAT	
22	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
23	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	
24	ATTTTGACT	GTATTGG-GT	CATCCTATTA	GTAACCGAT	CTGACCAGAT	

ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

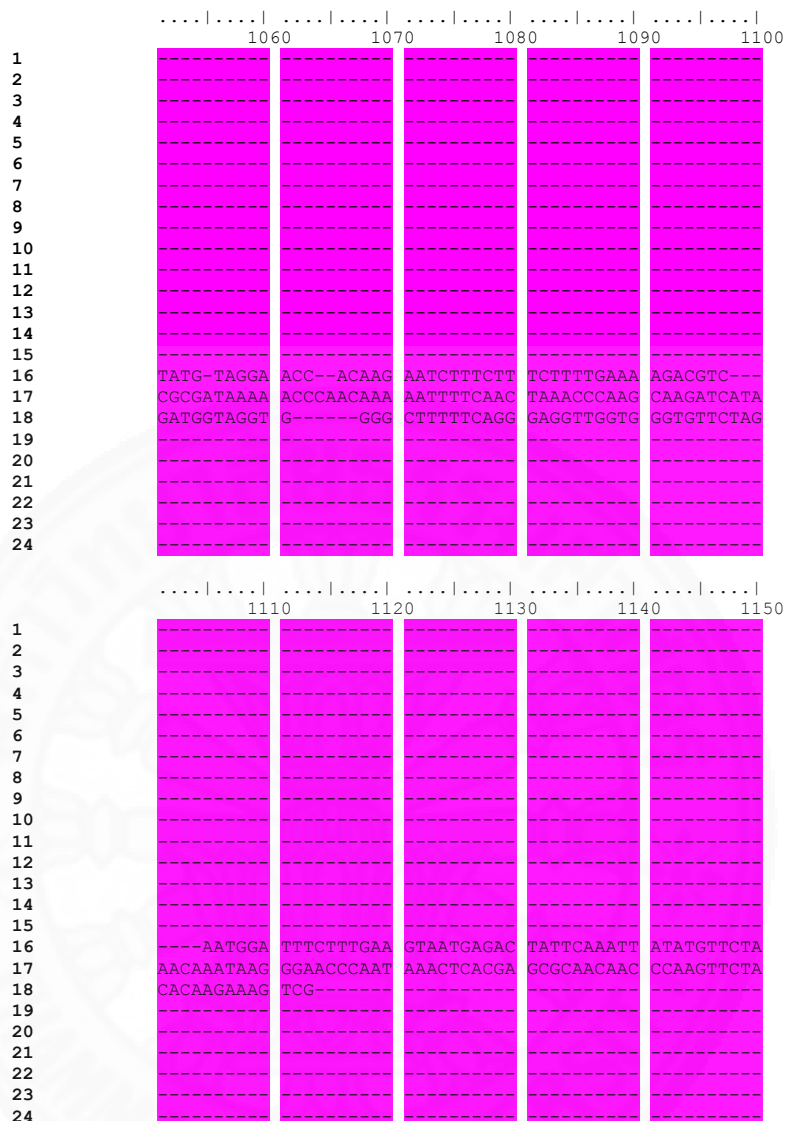
	860	870	880	890	900
1	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
2	TTATCGGATT	CTGATATTCT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
3	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
4	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
5	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
6	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
7	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
8	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
9	TTATCGGATT	CTGATATTCT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
10	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
11	TTATCGGATT	CTGATATTCT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
12	TTATCGGATG	CTGATATCAT	TGATCACTT	TGTCGGAT	GTAGAGTCA
13	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
14	TTATCAGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
15	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
16	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
17	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
18	TTATCGGAST	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
19	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
20	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
21	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
22	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
23	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT
24	TTATCGGATT	CTGATATTAT	TGATCGATT	TGTCGGAT	GTAGAAATCT

	910	920	930	940	950
1	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
2	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
3	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
4	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
5	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
6	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
7	TTGTCGTTAT	CATAGCGGAT	CCATCA-GAA	ACA-----	GGT-TCTAG
8	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
9	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCTAAAAA	ACAA-----	GGT-TCTAG
10	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ATCA-----	GGT-TCTAG
11	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
12	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTGAGAGAA	ACCAGGCTTG	GGT-TCTAG
13	TTGTCGTTCT	AGCACAAAGAA	AGTCG-----	-----	GGT-TCTAG
14	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
15	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
16	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACAGGTTTTFG	TATCGTATAA
17	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACAGGTTTTFG	TATCGTATAA
18	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACAGGTTTTFG	TATCGTATAA
19	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
20	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
21	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
22	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	GGT-TCTAG
23	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACA-----	AGT-TCTAG
24	TTGTCGTTAT	CACAGCGGAT	CCTCAAAGAA	ACAGG-----	TTT-TGTAT

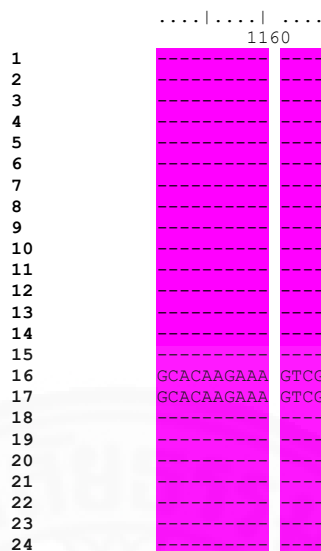
ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.54 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขี้ยว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขี้ยว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแดงแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ไปเปรียบเทียบแบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW (ภาพที่ 4.54) พบว่ามีการกลายเกิดขึ้น ได้แก่ ไพริมิตินทรานสิชัน พิวรีนทรานสิชัน ทรานสเวอร์ชัน และอินเดิล (ตารางที่ 4.10) ทำให้มีผลต่อการสร้างกรดอะมิโน (ตารางที่ 4.11) เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 พบว่าการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining จัดกลุ่มได้ 5 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนบาร์บาดา เอื้องเทียนหิน เอื้องสายเสริต เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนพังงา สายเสริตอินโด เอื้องมัน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนใบบาง เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องเทียนน้อย และเอื้องหมาก กลุ่มที่ 3 ได้แก่ เอื้องเทียนขาว เอื้องเทียนลำเขียว และเอื้องลำเทียนปากดำ กลุ่มที่ 4 ได้แก่ เอื้องเทียนลอเรนเซีย และกลุ่มที่ 5 ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาว (ภาพที่ 4.55) ส่วนการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony แบ่งได้ 4 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องเทียนลำเขียว เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนขาว เอื้องเทียนใหญ่ลาว เอื้องเทียนลอเรนเซีย เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนใบบาง เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องเทียนน้อย เอื้องหมาก เอื้องเทียนใบแคบ และเอื้องมัน กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องสายเสริต เอื้องเทียนบาร์บาดา เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนหิน และเอื้องเทียนหนู กลุ่มที่ 3 ได้แก่ เอื้องเทียนพังงาและสายเสริตอินโด และกลุ่มที่ 4 ได้แก่ เอื้องสายเสริตชมพู (ภาพที่ 4.56) มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.080 (ตารางที่ 4.12) เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มตามลักษณะ สัณฐาน พบว่าวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลตรงกับอนุกรมวิธานมากที่สุด คือ neighbor joining และ maximum parsimony โดยการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony สามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ตรงตามหมู่มากที่สุด ดังนี้ 1. หมู่ lawrenceanae ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย 2. speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 3. หมู่ fuscescentes ได้แก่ เอื้องเทียนส้มและเอื้องเทียนใหญ่ 4. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 5. หมู่ verrucosae ได้แก่เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว และ 6. หมู่ tomentosae ได้แก่ สายเสริตอินโดและเอื้องเทียนพังงา ในขณะที่การจัดกลุ่มแบบ neighbor joining สามารถจัดได้ตรงตามหมู่เพียง 4 หมู่ ดังนี้ 1. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว 2. speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 3. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก และ 4. หมู่ Tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนพังงา และสายเสริตอินโด นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ 17 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนใบรี เอื้องสายเสริต

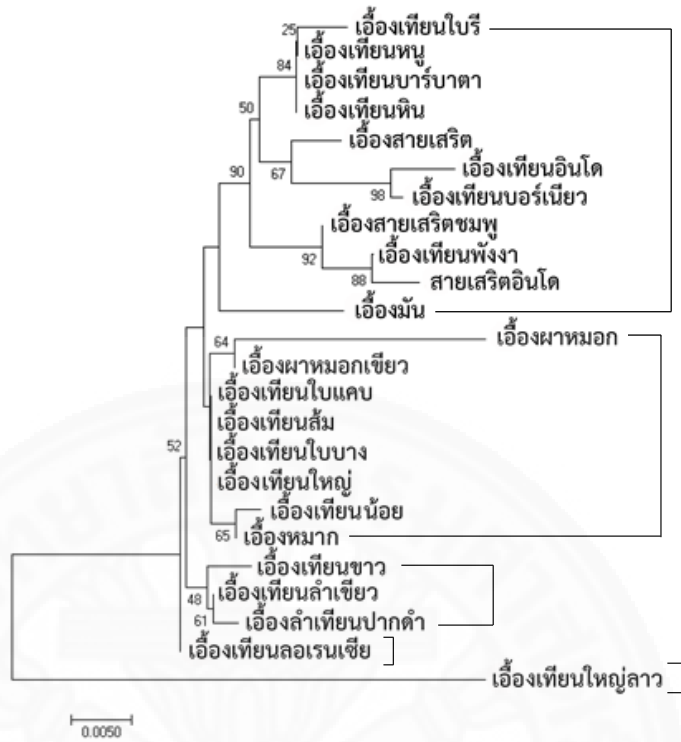
เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนพังกา สายเสริตอินโด เอื้องมัน
เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนน้อย เอื้องหมาก เอื้องเทียนขาว เอื้องเทียนลำเขียว
เอื้องลำเทียนปากดำ เอื้องเทียนลอเรนเซีย และเอื้องเทียนใหญ่ลาว มีประสิทธิภาพในการจำแนก
เท่ากับ 71 เปอร์เซ็นต์ จึงเห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีประสิทธิภาพในการจำแนก
และประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้อย่างมีประสิทธิภาพ

ตาราง 4.10 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ที่ตำแหน่งต่าง ๆ

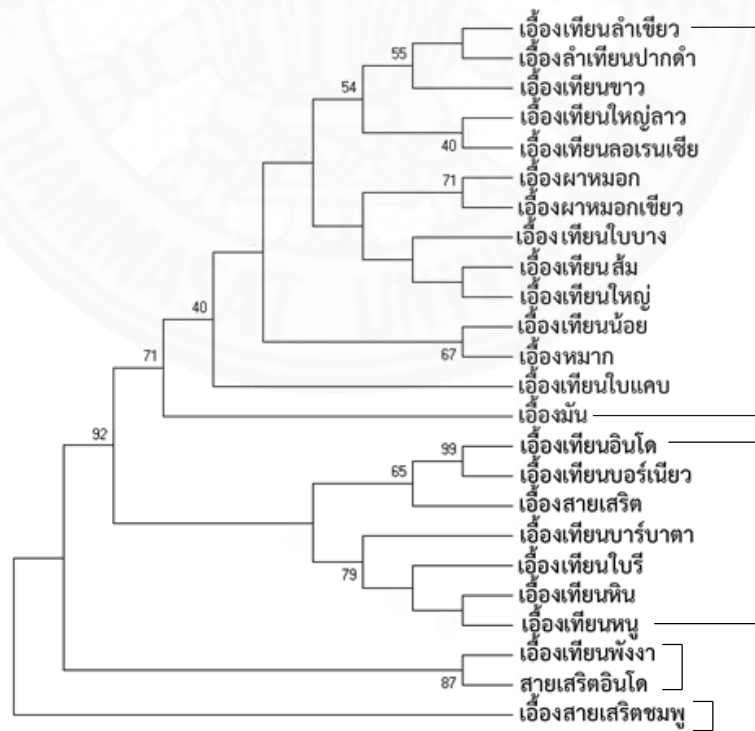
รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์
พิวรีนทรานซิชัน	82, 289, 321, 346, 358, 362, 369, 417, 428, 432, 434, 436, 636, 789, 800, 838, 856, 896, 912, 917, 925, 928, 942, 950, 952, 956 และ 963
ไพริมิดีนทรานซิชัน	107, 132, 297, 299, 303, 332, 344, 367, 373, 387, 389, 397, 422, 423, 427, 435, 437, 440, 444, 465, 593, 618, 620, 631, 708, 761, 846, 868, 913, 924, 932, 944, 953 และ 962
ทรานสเวอร์ชัน	101, 212, 234, 245, 250, 284, 285, 290, 291, 292, 295, 298, 301, 304, 307, 309, 310, 323, 324, 326, 327, 328, 329, 333, 335, 336, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 347, 348, 349, 355, 357, 359, 360, 361, 364, 365, 366, 371, 372, 374, 383, 384, 388, 392, 398, 427, 433, 434, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 445, 452, 458, 499, 569, 604, 629, 635, 684, 685, 694, 696, 723, 742, 743, 745, 799, 844, 859, 860, 879, 885, 888, 877, 900, 906, 909, 911, 915, 916, 918, 920, 921, 922, 923, 925, 933, 942, 943, 947, 950, 951, 955, 957, 959, 960 และ 961
อินเดล	21-39, 21-40, 21-41, 21-43, 21-44, 21-51, 21-62, 21-67, 21- 77, 21-80, 90-92, 108, 270, 311-319, 386, 394, 403, 412- 413, 427-430, 428, 433, 433-437, 439, 456, 750, 782, 801, 818, 881, 897, 926-963, 927, 934-941, 954, 964-1003, 964- 1113 และ 964-1164

ตารางที่ 4.11 การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน *matK*

ตำแหน่ง	ชนิดกลายไ้	ลักษณะการกลาย	การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน
30	18	G เป็น A	Lys / Gln
63	10	G เป็น A	Ser / Tyr
225	9	C เป็น A	Ser / Tyr
327	5	C เป็น A	Gln / Lys
379	23	A เป็น G	Gln / Arg
394	11	G เป็น T	Gln / His
399	18	T เป็น A	Val / Glu
402	7	C เป็น A	Ser / Tyr
420	12	T เป็น C	Ser / Pro
448	18	G เป็น T	Lys / Asn
475	12	A เป็น T	Tyr / Phe
580	12	A เป็น T	Gln / Leu
643	6	C เป็น A	Pro / His
663	3	C เป็น A	Pro / His
669	14	C เป็น A	Pro / Asn
687	11	A เป็น T	Lys / Ile
718	12	A เป็น T	Lys / Met
721	10	G เป็น T	Lys / Asn
756	13	C เป็น A	Gln / Lys



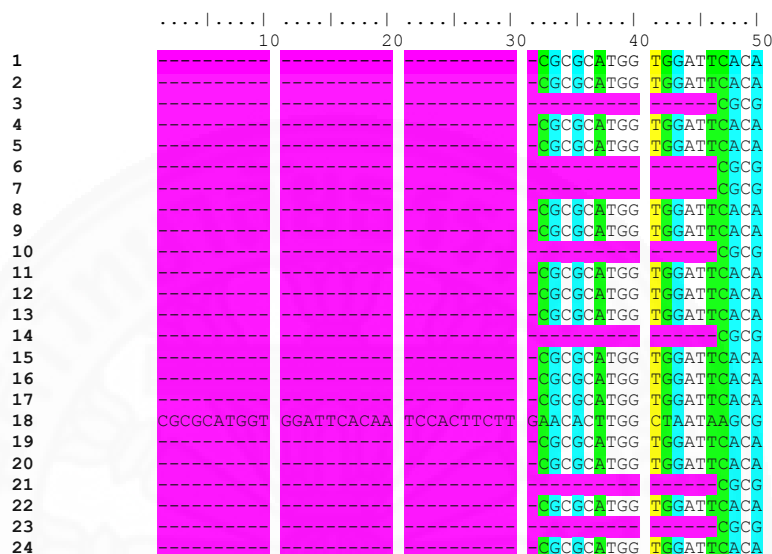
ภาพที่ 4.55 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *matK* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



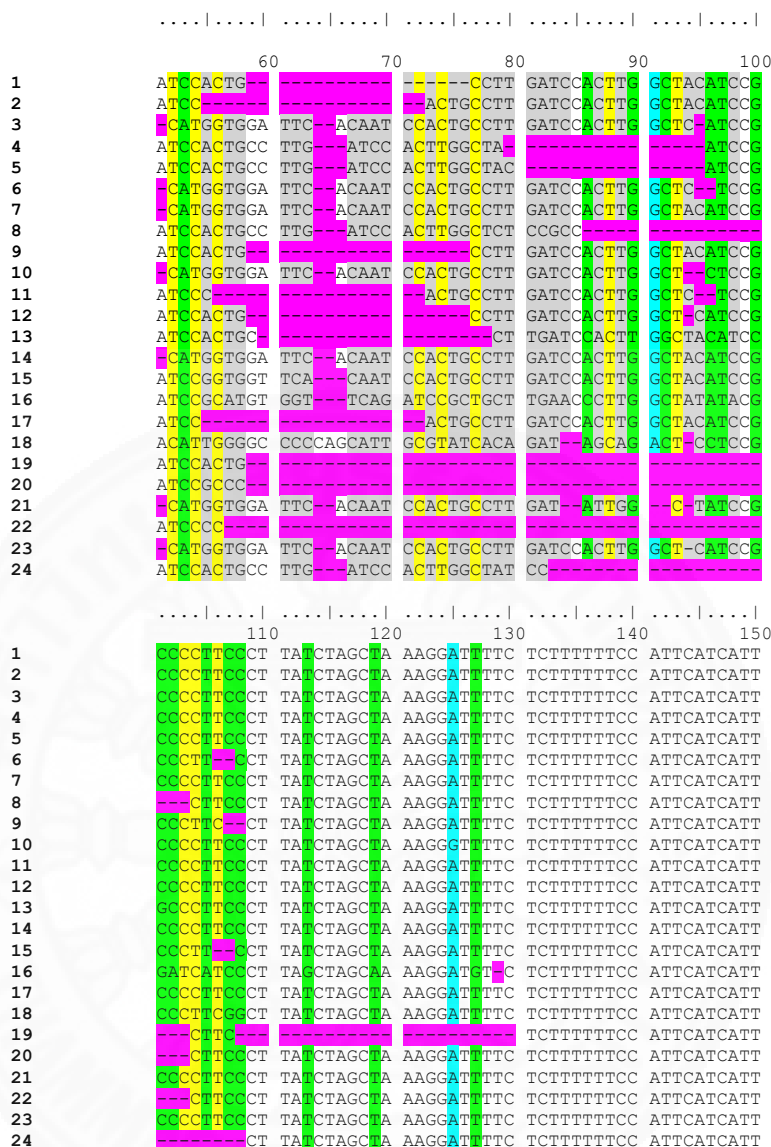
ภาพที่ 4.56 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *matK* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood

4.4.2.4 ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA*

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *trnH-psbA* ไปเปรียบเทียบแบบ multiple alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW ได้ผลดังภาพที่ 4.57



ภาพที่ 4.57 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]


```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
160      170      180      190      200
1  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
2  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
3  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
4  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
5  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
6  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
7  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
8  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
9  ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
10 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
11 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
12 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
13 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
14 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
15 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
16 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
17 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
18 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
19 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
20 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
21 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
22 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
23 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA
24 ATACTTCAGA TTAAGATCGA GATATTGGAC ATAGAATGCC AATTTCAAAA

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
210      220      230      240      250
1  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
2  ATGAAAAAA AAGGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
3  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
4  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
5  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
6  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
7  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
8  ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
9  ATGAAAAAA AAGGAGTAAAC CAGCCCGTGAC CCTTCCCCTA AAAAAAAATC
10 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
11 ATGAAAAAA AAGGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
12 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
13 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
14 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
15 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
16 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
17 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
18 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
19 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
20 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
21 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
22 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
23 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC
24 ATGAAAAAA A-GGAGTAAAT CAGCCCGTGAC ACGTTCACCTA AAAAAAAATC

```

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	260	270	280	290	300
1	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
2	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
3	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
4	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
5	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
6	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
7	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
8	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
9	TTTTGGTACT	TAACCTTT	TGGGAAAAA	TGAAAACT	CACCGGGAGG
10	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
11	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
12	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
13	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
14	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
15	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
16	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
17	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
18	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
19	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
20	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
21	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
22	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
23	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG
24	CTTTGTAGC	TAATCATT	TGGGAAGAA	TGAAAACT	CAACAGGAGG

	310	320	330	340	350
1	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
2	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
3	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
4	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
5	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
6	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
7	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
8	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
9	GAGGAGAAAA	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
10	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
11	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
12	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
13	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
14	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
15	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
16	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
17	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
18	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
19	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
20	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
21	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
22	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
23	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC
24	GAGGAGAAAG	AAATCAIAGT	GACTTGGTCT	CGGGCATCTA	CCATTATAACC

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	360	370	380	390	400
1	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
2	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
3	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
4	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
5	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
6	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
7	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
8	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
9	CCCAAGGATG	GGCCTTCCAT	CCGCTTTTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
10	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
11	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
12	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
13	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
14	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
15	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
16	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
17	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
18	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
19	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
20	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
21	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
22	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
23	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC
24	CACAATGATT	GGCCATACAA	TCGCTATTCA	TAAATGAAAG	GAACATTTAC

	410	420	430	440	450
1	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
2	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
3	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
4	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
5	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
6	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
7	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
8	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
9	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
10	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
11	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
12	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
13	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
14	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
15	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
16	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
17	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
18	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
19	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
20	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
21	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
22	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
23	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC
24	CTATTTTAT	CACAGATCGT	ATGGTCGGTC	ACAAATGGG	AGAATTC

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

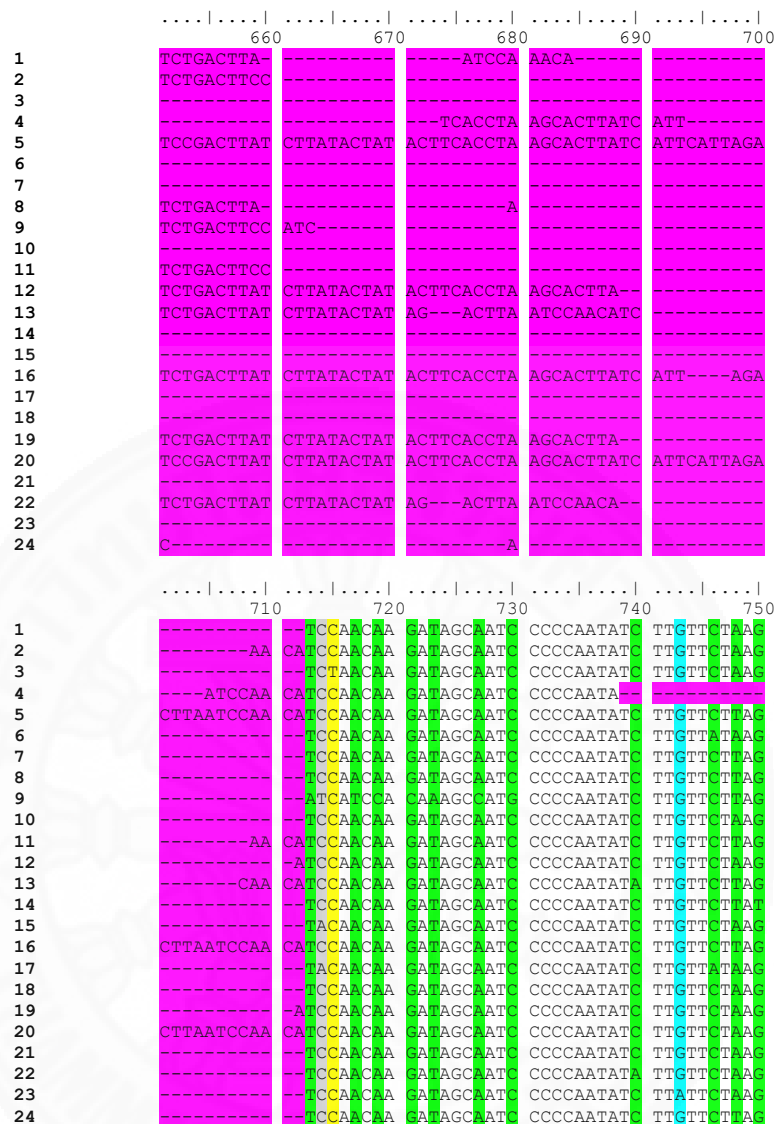
	460	470	480	490	500
1	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
2	CCTACTCTCA	CGAAAGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
3	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
4	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
5	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
6	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
7	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
8	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
9	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
10	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
11	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
12	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
13	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
14	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
15	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
16	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
17	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
18	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
19	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
20	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
21	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
22	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
23	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	
24	CCTACTCTCA	CTTTCGTGAG	ACACGCGAGA	AACGATAATA	AATCTCGTCC	

	510	520	530	540	550
1	TTA	-----	-----	AA	AGCCTTATCT	TAATAGATT
2	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TTATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
3	TTAGTCGTTT	TACTAAGTCT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
4	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
5	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
6	TTAGTCGTTT	TACTAAGTCT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
7	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
8	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
9	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
10	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
11	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
12	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
13	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
14	TTAGTCGTTT	TACTAAGTCT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
15	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
16	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
17	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
18	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
19	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
20	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
21	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
22	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
23	TTAGTCGTTT	TACTAAGTAT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	
24	TTAGTCGTTT	TACTAAGTCT	TCATGGGAAA	AGCCTTATCT	TAATAGATT	

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

		560	570	580	590	600
1	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
2	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
3	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTCTAGG--T
4	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
5	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
6	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTGTAGG--T
7	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
8	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
9	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
10	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTACT	TATAGTAAGA	GTATAGG--T	
11	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
12	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
13	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
14	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTGTAGG--T
15	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
16	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
17	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
18	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
19	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
20	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
21	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
22	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
23	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTATAGG--T
24	TAGACTT	AG	ACTCTTTATC	TTATAGTA	-----	AGA	GTGTAGG--T
		610	620	630	640	650
1	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	-----TTT
2	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACT	-----TTT
3	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	-----TTT
4	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACT	-----TTT
5	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
6	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
7	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
8	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
9	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
10	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
11	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACT	CTTAGACTTT
12	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
13	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
14	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
15	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
16	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
17	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
18	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
19	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
20	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
21	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
22	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT
23	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTA	CTTAGACTTT
24	ATATTTT	TTT	T	CTTTTTCT	AGTAGACTAA	TATACTAAGA	CTTAGACTTT

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บตา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]



ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดีนทธานลิซัน ■ พิวรีนทธานลิซัน ■ ทธานสเวอร์ซัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

	760 770 780 790 800
1	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
2	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
3	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
4	-----ACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
5	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
6	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
7	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
8	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
9	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
10	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
11	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
12	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
13	AACAATATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
14	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
15	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
16	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
17	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
18	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
19	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
20	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA TAATTCATAT ACATATATAT
21	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
22	AACAATATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT
23	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA AAATTAATAT ACATATATAT
24	AACAACATAT TGGGGGATTG C ATCTTCAA GAATTCATAT ACATATATAT

	810 820 830 840 850
1	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
2	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAACTTCCAC AGAAGCTAGA
3	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
4	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
5	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
6	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
7	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
8	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
9	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
10	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
11	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAACTTCCAC AGAAGCTAGA
12	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
13	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
14	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
15	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
16	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
17	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
18	GTATACAAAA GCCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
19	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
20	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
21	GTATACAAAA GCCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
22	GAATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
23	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA
24	GTATACAAAA GTCTTATCCA TTTATAGATG GAGCTTCCAC AGAAGCTAGA

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริต (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังงา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริตชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริตอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

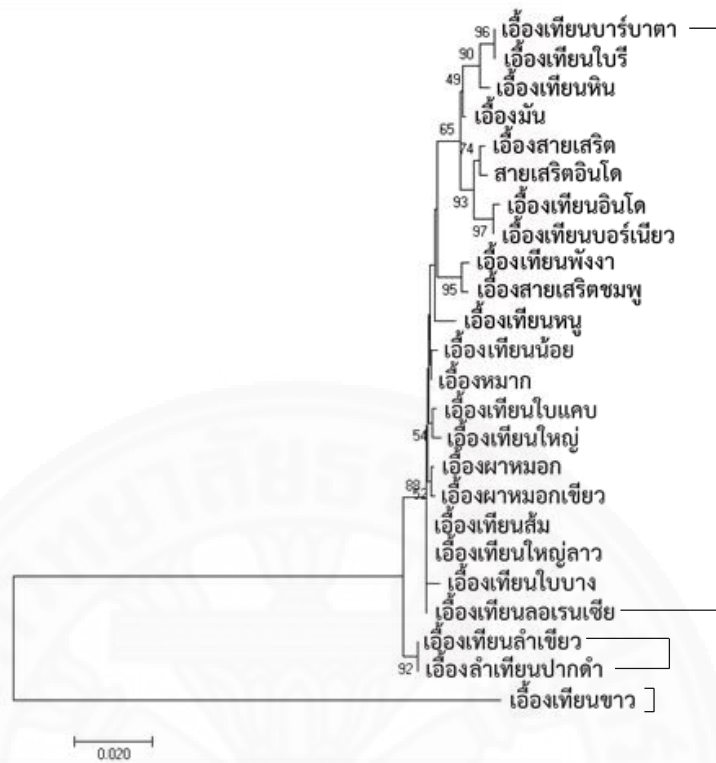
	860	870	880	890
1	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
2	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
3	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
4	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
5	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
6	TCTAGAGGGA	A-----	ATTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
7	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
8	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
9	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
10	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
11	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
12	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
13	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
14	TCTAGAGGGA	A-----	ATTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
15	TCTAGAGGGA	A-----	ATTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
16	TCTAGAGGGA	A-----	ATTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
17	TCTAGAGGGA	AGTTGTGAGC	ATTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
18	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
19	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
20	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
21	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
22	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
23	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC
24	TCTAGAGGGA	A-----	GTTGTGAGCA	TTACGTTTCAT GCATAAC

ภาพที่ 4.57 (ต่อ) การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ *trnH-psbA* [1-24 คือ (1) เอื้องเทียนใบแคบ (2) เอื้องเทียนลำเขียว (3) เอื้องเทียนหิน (4) เอื้องเทียนน้อย (5) เอื้องเทียนส้ม (6) เอื้องเทียนบาร์บาดา (7) เอื้องมัน (8) เอื้องหมาก (9) เอื้องเทียนขาว (10) เอื้องสายเสริด (11) เอื้องลำเทียนปากดำ (12) เอื้องเทียนใหญ่ลาว (13) เอื้องผาหมอก (14) เอื้องเทียนใบรี (15) เอื้องเทียนพังกา (16) เอื้องเทียนใบบาง (17) เอื้องสายเสริดชมพู (18) เอื้องเทียนอินโด (19) เอื้องเทียนลอเรนเซีย (20) เอื้องเทียนใหญ่ (21) เอื้องเทียนบอร์เนียว (22) เอื้องผาหมอกเขียว (23) สายเสริดอินโด และ (24) เอื้องเทียนหนู (แถบสีแสดงรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ■ คือ ไพริมิดินทรานสิชัน ■ พิวรีนทรานสิชัน ■ ทรานสเวอร์ชัน ■ การเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ■ แบบผสม)]

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* ไปเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ multiple sequences alignment ด้วยโปรแกรม ClustalW (ภาพที่ 4.57) พบว่ามีกรกลายเกิดขึ้น ได้แก่ ไพริมิดีนทรานสิชัน พิวรีนทรานสิชัน ทรานสเวอร์ชัน และอินเดล (ตารางที่ 4.13) เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* ไปสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้โปรแกรม MEGA 7.0 โดยทดสอบวิธีการจัดกลุ่มทุกวิธี แล้วเลือกวิธีการจัดกลุ่มที่ให้ผลการจำแนกได้ตรงกับลักษณะสัณฐานมากที่สุด โดยพบว่าวิธีจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกได้ตรงลักษณะสัณฐานมากที่สุด ได้แก่ neighbor joining และ maximum likelihood ซึ่งทั้ง 2 วิธี สามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน 24 ชนิด ได้ 3 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องเทียนใบรี เอื้องเทียนหิน เอื้องมัน เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องเทียนพังงา เอื้องสายเสริตชมพู เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนน้อย เอื้องหมาก เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนใหญ่ลาว เอื้องเทียนใบบาง และเอื้องเทียนลอเรนเซีย กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอื้องเทียนลำเขียวและเอื้องลำเทียนปากดำ และกลุ่มที่ 3 ได้แก่ เอื้องเทียนขาว (ภาพที่ 4.58-4.59) มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.000-0.251 (ตารางที่ 4.14) นอกจากนี้แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของเอื้องเทียนได้มากกว่า maximum likelihood ได้แก่ 1. หมู่ tomentosae คือ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู 2. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว 3. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 4. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว และ 5. หมู่ ocellatae ได้แก่ เอื้องเทียนขาว เมื่อพิจารณาการจำแนกเอื้องเทียนแต่ละชนิด โดยดูจากแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการจัดกลุ่มโดยวิธี neighbor joining สามารถจำแนกเอื้องเทียนได้มากกว่าการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood โดยสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนหิน เอื้องมัน เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนน้อย เอื้องหมาก เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องผาหมอก เอื้องผาหมอกเขียว เอื้องเทียนใบบาง และเอื้องเทียนขาว มีประสิทธิภาพในการจำแนกเท่ากับ 63 เปอร์เซ็นต์ จึงเห็นได้ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH* และ *psbA* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ดีเช่นเดียวกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*

ตาราง 4.13 การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* ที่ตำแหน่งต่าง ๆ

รูปแบบการกลาย	ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์
พิวรีนทรานซิชั่น	33, 35, 43, 48, 50, 278, 295, 306, 310, 386, 389, 414-415, 440, 442, 470, 477, 479, 484, 531, 554, 562, 624, 625, 793, 795, 833 และ 871
ไพริมิดีนทรานซิชั่น	41, 52, 54, 220, 235, 249, 251, 260, 264, 290, 314, 328, 330, 337, 371, 425, 429, 447, 458, 493, 495, 498, 539, 635, 715 และ 812
ทรานสเวอร์ชัน	32, 37, 42, 46, 47, 53, 151, 197, 204, 217, 223, 227, 231, 233, 231, 239, 255, 259, 266, 270, 272, 282, 288, 293, 313, 317, 320, 322, 325, 336, 340, 343, 348, 352, 356, 360, 365, 367, 370, 373, 376, 380, 384, 395, 399, 403, 407, 409, 412, 420, 422, 431, 435, 437, 448, 450, 454, 460, 462-464, 467, 473, 475, 492, 532, 547, 555, 558, 578, 607, 619, 623, 713, 717, 719, 721, 723, 727, 730, 756, 772, 786 และ 802
อินเดล	31-46, 51, 55-100, 101-103, 106-130, 212, 504-528, 543, 579-587, 598-599, 612, 636-712, 739-754, 815 และ 862-870



ภาพที่ 4.58 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



ภาพที่ 4.59 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากยีน *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum Likelihood

4.4.3 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกัน

4.4.3.1 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 เลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum parsimony พบว่าสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ทั้งหมด 17 ชนิด เมื่อเปรียบเทียบการจำแนกชนิดเอื้องเทียนระหว่างการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* กับการใช้ยีน *matK* เพียงยีนเดียว พบว่าการใช้ยีน *matK* เพียงยีนเดียวจะไม่สามารถจำแนกเอื้องเทียนส้มและเอื้องเทียนใหญ่ออกจากเอื้องเทียนใบแคบและเอื้องเทียนใบบางได้ ในขณะที่การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* จะสามารถจำแนกเอื้องเทียนส้มและเอื้องเทียนใหญ่ได้ แต่ยังไม่สามารถจำแนกเอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องเทียนหนู และเอื้องเทียนหินออกจากกัน เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน พบว่าการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony มีการจัดกลุ่มที่ต่างจาก neighbor joining คือ จัดกลุ่มเอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซียให้อยู่กลุ่มเดียวกันได้ ต่างจาก neighbor joining ซึ่งไม่จัดเอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซียให้อยู่กลุ่มเดียวกัน (ภาพที่ 4.60) ทำให้การจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้มากกว่าการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining ซึ่งสามารถจัดกลุ่มได้ดังนี้ 1. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริตชมพู และเอื้องเทียนพังงา 2. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนบอร์เนียวและเอื้องเทียนอินโด 3. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องพาหมอกและเอื้องพาหมอกเขียว 4. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก และ 5. หมู่ lawrenceanae ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย (ภาพที่ 4.61) จึงเห็นได้ว่าการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcl* สามารถจำแนกเอื้องเทียนบางชนิดที่ไม่สามารถจำแนกออกจากกันได้ หากใช้เพียงยีน *matK* หรือยีน *rbcl* เพียงยีนเดียว ซึ่งการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันทั้ง 2 ยีน จะช่วยให้มีประสิทธิภาพในการจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้มากขึ้น



ภาพที่ 4.60 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* และ *rbcL* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



ภาพที่ 4.61 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* และ *rbcL* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony

4.4.3.2 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 เลือกวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood พบว่าสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ทั้งหมด 24 ชนิด โดยสามารถแยกเอื้องเทียนใหญ่ เอื้องเทียนส้ม เอื้องเทียนใบบาง และเอื้องเทียนใบแคบ ออกจากกันได้ นอกจากนี้ยังสามารถแยกเอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนหนูได้ ซึ่งการใช้เพียงยีน *matK* เพียงยีนเดียวไม่สามารถจำแนกออกจากกันได้ เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มของ neighbor joining และ maximum likelihood พบว่ามีความแตกต่างกันเล็กน้อย คือ การจัดกลุ่มแบบ neighbor joining จะจัดเอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซียให้อยู่กลุ่มเดียวกันทำให้แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining (ภาพที่ 4.62) สามารถจัดกลุ่มเอื้องเทียนให้ตรงกับลักษณะสีฐานของเอื้องเทียนในแต่ละหมู่ได้มากกว่า maximum likelihood (ภาพที่ 4.63) ดังนี้ 1. หมู่ *tomentosae* ได้แก่ เอื้องสายเสริต เอื้องสายเสริตชมพู สายเสริตอินโด และเอื้องเทียนพังงา 2. หมู่ *verrucosae* ได้แก่ เอื้องเทียนบอร์เนียวและเอื้องเทียนอินโด 3. หมู่ *flaccidae* ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 4. หมู่ *speciosae* ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 5. หมู่ *lawrenceanae* ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย และ 6. หมู่ *ocellatae* ได้แก่ เอื้องเทียนขาว จึงเห็นได้ว่าการวิเคราะห์ยีน *matK* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* สามารถจำแนกและจัดกลุ่มเอื้องเทียนแต่ละชนิดออกจากกันได้ดีกว่าการวิเคราะห์ด้วยยีนเพียงยีนเดียว



ภาพที่ 4.62 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



ภาพที่ 4.63 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood

4.4.3.3 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA*

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้วิธีการจัดกลุ่มที่สามารถจำแนกและจัดกลุ่มได้ตรงกับลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้มากที่สุด พบว่าวิธีการจัดกลุ่มที่เหมาะสมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับบริเวณ *trnH-psbA* คือ การจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood ซึ่งการจัดกลุ่มทั้ง 2 แบบ มีความแตกต่างกันเล็กน้อยคือ การจัดกลุ่มแบบ neighbor joining จะจัดกลุ่มเอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมากอยู่กลุ่มเดียวกัน (ภาพที่ 4.64) ส่วนการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood จะแยกเอื้องเทียนใบแคบและเอื้องมันออกจากกัน (ภาพที่ 4.65) โดยสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ 16 ชนิด สามารถจำแนกเอื้องเทียนใบบาง เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนบาร์บาตา เอื้องหมาก เอื้องเทียนหิน เอื้องเทียนน้อย และเอื้องเทียนหนู เมื่อเทียบกับการใช้เพียงยีน *rbcL* เพียงยีนเดียวจะไม่สามารถจำแนกออกจากกันได้ นอกจากนี้การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* ร่วมกับบริเวณ *trnH-psbA* สามารถจัดกลุ่มเอื้องเทียนได้ตรงตามหมู่มากกว่าการใช้ยีน *rbcL* หรือบริเวณ *trnH-psbA* เพียงบริเวณเดียว โดยสามารถจำแนกได้ตรงตามหมู่ดังนี้ 1. หมู่ *lawrenceanae* ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย 2. หมู่ *speciosae* ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 3. หมู่ *flaccidae* ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 4. หมู่ *Verrucosae* ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว 5. หมู่ *Tomentosae* ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู และ 6. หมู่ *Ocellatae* ได้แก่ เอื้องเทียนขาว ซึ่งการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* และบริเวณ *trnH-psbA* สามารถจำแนกและจัดกลุ่มได้ตรงตามลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้มากกว่าการใช้ยีนเพียงยีนเดียว



ภาพที่ 4.64 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *rbcl* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



ภาพที่ 4.65 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *rbcl* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood

4.4.3.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rpoC1* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA*

แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* ยีน *rpoC1* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum parsimony สามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ทุกชนิด โดยการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum parsimony มีความแตกต่างกัน คือ neighbor joining จะไม่จัดเอื้องเทียนขาวให้อยู่ในกลุ่มเดียวกับเอื้องเทียนลำเขียวและเอื้องลำเทียนปากดำ ในขณะที่การจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony จะจัดกลุ่มให้อเอื้องเทียนขาวอยู่กลุ่มเดียวกับเอื้องเทียนลำเขียวและเอื้องลำเทียนปากดำ นอกจากนี้การจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony ยังจัดกลุ่มเอื้องเทียนส้มกับเอื้องเทียนใหญ่ให้อยู่กลุ่มเดียวกัน ซึ่งตรงกับลักษณะสัณฐานของเอื้องเทียนทั้ง 2 ชนิดนี้ ทำให้การจัดกลุ่มตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนมีความแตกต่างกัน โดยการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ ดังนี้ 1. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู 2. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว 3. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 4. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 5. หมู่ lawrenceanae คือ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย และ 6. หมู่ ocellatae ได้แก่ เอื้องเทียนขาว (ภาพที่ 4.66) ส่วนการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ทั้งหมด 6 กลุ่ม ดังนี้ 1. หมู่ lawrenceanae ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย 2. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 3. หมู่ fuscescentes ได้แก่ เอื้องเทียนส้มและเอื้องเทียนใหญ่ 4. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 5. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู และ 6. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว (ภาพที่ 4.67) จึงเห็นได้ว่าการจัดกลุ่มทั้ง 2 แบบ จัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนต่างกัน โดย neighbor joining สามารถจำแนกกลุ่ม ocellatae ได้ ส่วนการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony จำแนกกลุ่ม fuscescentes ได้ จากผลที่ได้จะเห็นว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์มากกว่า 2 ยีนขึ้นไป มีประสิทธิภาพในการจัดกลุ่มมากกว่าการใช้เพียงยีนเดียว



ภาพที่ 4.66 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* ยีน *rpoC1* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining



ภาพที่ 4.67 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK* ยีน *rpoC1* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony

4.4.3.5 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ร่วมกันของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA*

แผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และบริเวณ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood และ maximum parsimony สามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ทุกชนิด โดยสามารถแบ่งกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของเอื้องเทียนได้ต่างกัน โดยการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ ดังนี้ 1. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู 2. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว 3. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 4. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 5. หมู่ lawrenceanae คือ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย และ 6. หมู่ ocellatae ได้แก่ เอื้องเทียนขาว (ภาพที่ 4.68) ส่วนการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony สามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ทั้งหมด 6 กลุ่ม ดังนี้ 1. หมู่ lawrenceanae ได้แก่ เอื้องเทียนใหญ่ลาวและเอื้องเทียนลอเรนเซีย 2. หมู่ speciosae ได้แก่ เอื้องผาหมอกและเอื้องผาหมอกเขียว 3. หมู่ fuscescentes ได้แก่ เอื้องเทียนส้มและเอื้องเทียนใหญ่ 4. หมู่ flaccidae ได้แก่ เอื้องเทียนน้อยและเอื้องหมาก 5. หมู่ tomentosae ได้แก่ เอื้องสายเสริต สายเสริตอินโด เอื้องเทียนพังงา และเอื้องสายเสริตชมพู และ 6. หมู่ verrucosae ได้แก่ เอื้องเทียนอินโดและเอื้องเทียนบอร์เนียว (ภาพที่ 4.69) จากผลที่ได้จะเห็นว่า การวิเคราะห์ร่วมกัน 4 ยีน คือ ยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และบริเวณ *trnH-psbA* ให้ผลเหมือนกับการวิเคราะห์ร่วมกัน 3 ยีน คือ ยีน *matK*, *rpoC1* และบริเวณ *trnH-psbA*



ภาพที่ 4.68 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum likelihood



ภาพที่ 4.69 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมกันของยีน *matK*, *rpoC1*, *rbcL* และ *trnH-psbA* ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony

4.5 การนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เข้าในฐานข้อมูล GenBank

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* ที่ผ่านการตรวจสอบคุณภาพของลำดับเบส ไปเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์สากลในฐานข้อมูล GenBank พบว่าได้ผลการเปรียบเทียบตรงกับแต่ละยีนของพืช จึงนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน จำนวน 24 ชนิด ลงทะเบียนฝากไว้กับฐานข้อมูล GenBank ของ NCBI เมื่อได้รับการตอบรับจาก NCBI แต่ละลำดับนิวคลีโอไทด์จะมีเลขรหัสจำเพาะ (accession number) แสดงในตารางที่ 4.15

ตาราง 4.15 เลขรหัสจำเพาะของแต่ละลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน ยีน *trnH-psbA*

ชนิดกล้วยไม้	หมายเลขเฉพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล GenBank			
	<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	<i>rpoC1</i>	<i>trnH-psbA</i>
<i>C. viscosa</i>	KP675987.1	KU219955	KP662080.1	KP694310.1
<i>C. lentiginosa</i>	KP675988.1	KU219956	KP662081.1	KP694311.1
<i>C. calcicola</i>	KP675989.1	KU219957	KP662082.1	KP694312.1
<i>C. lactea</i>	KP675990.1	KU219958	KP662083.1	KP694313.1
<i>C. fuscescens</i>	KP675991.1	KU219959	KP662084.1	KP694314.1
<i>C. barbata</i>	KP675992.1	KU219960	KP662085.1	KP694315.1
<i>C. cumingii</i>	KP675993.1	KU219961	KP662086.1	KP694316.1
<i>C. trinervis</i>	KP675994.1	KU219962	KP662087.1	KP694317.1
<i>C. nitida</i>	KP675995.1	KU219965	KP662088.1	KP694318.1
<i>C. rochussenii</i>	KP675996.1	KU219963	KP662089.1	KP694319.1
<i>C. brachyptera</i>	KP675997.1	KU219964	KP662090.1	KP694320.1
<i>C. eberhardtii</i>	KP675998.1	KU219967	KP662091.1	KP694321.1
<i>C. xyrekes</i>	KP675999.1	KU219966	KP662092.1	KP694322.1
<i>C. fimbriata</i>	KP676000.1	KU219968	KP662093.1	KP694323.1
<i>C. pachystachya</i>	KU877838	KU219969	KU219951	KU877828

ตาราง 4.15 (ต่อ)

ชนิดกล้วยไม้	หมายเลขเฉพาะของลำดับนิวคลีโอไทด์ในฐานข้อมูล GenBank			
	<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	<i>rpoC1</i>	<i>trnH-psbA</i>
<i>C. velutina</i>	KU877840	KU219971	KU219953	KU877830
<i>C. pandurata</i>	KU877841	KU219972	KU219954	KU877831
<i>C. lawrenceana</i>	KU877842	KU877822	KX037356	KU877832
<i>C. assamica</i>	KU877843	KU877823	KX037360	KU877833
<i>C. asperata</i>	KU877844	KU877824	KX037361	KU877834
<i>C. speciosa</i>	KU877845	KU877825	KX037357	KU877835
<i>C. pulverula</i>	KU877846	KU877826	KX037358	KU877836
<i>C. schultesii</i>	KU877847	KU877827	KX037359	KU877837

4.6 อภิปรายผล

ปฏิบัติการลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันของเทคนิคแอสตอร์เอพีดีโดยใช้ดีเอ็นเอผสมเป็นดีเอ็นเอแม่แบบพบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอทั้งหมดจำนวน 257 แถบซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบต่างกันในแต่ละชนิดของเอ็งเทียน (polymorphic band) ซึ่งเทคนิคแอสตอร์เอพีดีจะใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มเข้าจับที่ดีเอ็นเอแม่แบบในตำแหน่งที่แตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับว่าตำแหน่งการเข้าจับของไพรเมอร์มีลำดับเบสที่เปลี่ยนแปลงไปหรือไม่ โดยอาจมีการเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไปของลำดับเบส ทำให้ไพรเมอร์ไม่สามารถเข้าจับได้ จึงได้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพืชแต่ละชนิดแตกต่างกัน (สุรินทร์, 2552) ทำให้สามารถจำแนกและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนได้ โดยเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเหมือนกันมาก โดยคาดว่าอาจเป็นเอ็งเทียนชนิดเดียวกัน แต่มีการแพร่กระจายพันธุ์ตามธรรมชาติในภูมิภาคต่าง ๆ ของประเทศไทย ทำให้มีการเปลี่ยนแปลงไปเนื่องจากการผสมพันธุ์ การคัดเลือกโดยธรรมชาติการมีวิวัฒนาการร่วมกัน และอาจมีอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อมในพื้นที่นั้น ๆ ในขณะที่เอ็งเทียนสายเสริตมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.31 มีความแตกต่างมากที่สุด ถูกจัดกลุ่มแยกออกจากอีก 4 กลุ่ม สอดคล้องกับลักษณะสัณฐานภายนอก เนื่องจากเอ็งเทียนสายเสริตจัดอยู่ในหมู่ Tomentosae ที่มีลักษณะการออกดอกแบบเป็นช่อหึ่งห้อยลงประมาณ 12-26 ดอกต่อช่อ แตกต่างกับเอ็งเทียนชนิดอื่นที่ออกดอกแบบช่อตั้งตรงหรือทอดเอียง จำนวน 4-6 ดอกต่อช่อ จึงมีแนวโน้มว่าอาจจะเป็นบรรพบุรุษของกล้วยไม้สกุล

เอื้องเทียน ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงแสดงประสิทธิภาพของเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีในการจำแนกและประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ เช่นเดียวกับพืชชนิดอื่นๆ เช่น กล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสาย (นฤมล, 2557) กล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็ม (จินต์, 2558) หม้อข้าวหม้อแกงลิง (เกียรติชัย, 2557) สกุล *Ficus* (วิศัย, 2548) และยางพารา (ยศินทร์ และปรียา, 2550)

เทคนิคไอเอสเอสอาร์ มีแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลาย 65 แถบ ซึ่งความหลากหลาย (polymorphism) เป็นผลเนื่องมาจากจำนวนครั้งของเบสซ้ำของไมโครแซทเทลไลท์ในโลกนี้หนึ่ง ๆ (Powell *et al.*, 1996) ทำให้ไพรเมอร์เข้าจับแต่ละตำแหน่งบนสายดีเอ็นเอไม่เท่ากัน ทำให้ได้จำนวนแถบดีเอ็นเอแตกต่างกัน นอกจากนี้ขั้นดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้อาจมีการสอดแทรกหรือมีการขาดหายไปของขั้นดีเอ็นเอ (indel) ทำให้ได้ขั้นดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกันปรากฏบนลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ทำให้ได้รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เป็นเอกลักษณ์ สามารถนำมาใช้จำแนกแต่ละชนิดได้ เมื่อนำข้อมูลของแฮตอาร์เอพีดีมาวิเคราะห์ร่วมกับไอเอสเอสอาร์ พบว่าผลการทดลองสอดคล้องกับเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีมากที่สุด เนื่องจากเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีมีความหลากหลายมากกว่าเทคนิคไอเอสเอสอาร์ เพราะแฮตอาร์เอพีดีใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม ทำให้สามารถจับได้หลายตำแหน่งบนดีเอ็นเอแม่แบบ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ง่าย ในขณะที่เทคนิคไอเอสเอสอาร์เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ยาก เนื่องจากลำดับเบสไมโครแซทเทลไลท์บางตำแหน่งมีความยาวมากแต่ไพรเมอร์มีขนาดยาวเพียง 10-20 คู่เบส ทำให้การเข้าจับของไพรเมอร์กับดีเอ็นเอแม่แบบที่เป็นลำดับเบสซ้ำอาจจับได้ตรงกลางสาย หรือค่อนข้างใดข้างหนึ่ง ผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้จึงมีความยาวไม่สม่ำเสมอ (สุรินทร์, 2552) ทำให้เทคนิคไอเอสเอสอาร์มีความหลากหลายน้อยกว่าเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี

การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* พบว่ายีน *matK* สามารถแยกและจำแนกเอื้องเทียนแต่ละชนิดได้ตรงตามหมู่มากที่สุด โดยยีน *matK* สามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนจำนวน 6 หมู่ ได้แก่ หมู่ *lawrenceanae*, *speciosae*, *fuscescentes*, *flaccidae*, *verrucosae* และ *tomentosae* จึงเห็นได้ว่ายีน *matK* มีประสิทธิภาพสูงในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน เนื่องจากยีน *matK* มีคุณภาพของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ในเกณฑ์ดี มีอัตราการวิวัฒนาการของลำดับเบสที่สูงกว่ายีนอื่น ๆ และมีอัตราการแทนที่เบสสูง จึงมีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกและหาวิวัฒนาการของพืช (Tamura *et al.*, 2013) และมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสในยีน *matK* จำนวนมาก ทั้งการแทนที่เบส การแทรกเข้ามาหรือขาดหายไป (Hilu and Liang, 1997) ส่วนบริเวณ *trnH-psbA* จำแนกเอื้องเทียนได้ 15 ชนิด และจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของเอื้องเทียนจำนวน 5 หมู่ ได้แก่ หมู่ *tomentosae*, *verrucosae*, *flaccidae*, *speciosae*

และ *ocellatae* ซึ่งมีประสิทธิภาพสูงในการจำแนกชนิดของเอ็งเทียนเช่นเดียวกับยีน *matK* เพราะเมื่อเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนอื่น ๆ บริเวณ *trnH-psbA* มีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูงเพียงพอที่จะนำมาใช้แยกและระบุชนิดของพืชได้ดี (Kress *et al.*, 2005; Kress and Erickson, 2007) นอกจากนี้บริเวณ *trnH-psbA* ยังมีส่วนปลายของสายนิวคลีโอไทด์ทั้งสองด้านที่เป็นบริเวณอนุรักษ์สูงจึงสามารถพัฒนาไพรเมอร์ที่เป็น universal primers ที่ใช้ศึกษาพืชได้หลายกลุ่ม (Taberlet *et al.*, 1991; Shaw *et al.*, 2005) ในขณะที่ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* และ *rpoC1* สามารถจำแนกชนิดของเอ็งเทียนได้ 6 และ 7 ชนิดซึ่งมีประสิทธิภาพในการจำแนกน้อย เนื่องจากเป็นยีนที่มีขนาดสั้น มีความผันแปรของลำดับเบสน้อย จึงมีประสิทธิภาพในการนำไปใช้แยกและระบุชนิดพืชจะค่อนข้างต่ำ แต่เมื่อใช้ร่วมกับบริเวณอื่น ๆ จะให้ผลการแยกและระบุชนิดพืชได้ดีขึ้น

การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มาวิเคราะห์ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* พบว่าสามารถจำแนกเอ็งเทียนได้ทุกชนิด ซึ่งสามารถจำแนกและจัดกลุ่มเอ็งเทียนแต่ละชนิดออกจากกันได้ดีกว่าการวิเคราะห์ด้วยยีนเพียงยีนเดียว ในขณะที่บริเวณ *trnH-psbA* เมื่อนำมาวิเคราะห์ร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* จะมีประสิทธิภาพในการจำแนกมากกว่าการใช้บริเวณ *trnH-psbA* เพียงบริเวณเดียว ดังนั้นจึงมักใช้บริเวณ *trnH-psbA* ร่วมกับบริเวณอื่น ๆ เสมอ เช่น การใช้ร่วมกับยีน *rbcL* (Kress & Erickson, 2007) หรือยีน *matK* (Newmaster *et al.*, 2008) เป็นต้น ซึ่งนักวิจัยนิยมเลือกใช้เอ็นเอบริเวณ *trnH-psbA* ค่อนข้างมากเมื่อเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐานบริเวณอื่นเพราะมีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ค่อนข้างสูง เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* มาวิเคราะห์ร่วมกับยีน *rbcL* พบว่าสามารถจำแนกเอ็งเทียนได้มากกว่าการใช้ยีนเพียงบริเวณเดียว แต่ยังไม่สามารถจำแนกเอ็งเทียนได้ทุกชนิดเช่นเดียวกับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* ร่วมกับยีน *rbcL* สามารถจำแนกเอ็งเทียนได้มากขึ้น แต่ยังไม่สามารถจำแนกเอ็งเทียนบาร์บาตา เอ็งเทียนหนู และเอ็งเทียนหินออกจากกัน

เมื่อวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ 3 บริเวณร่วมกัน คือ ยีน *matK*, *rpoC1* และบริเวณ *trnH-psbA* พบว่าสามารถจำแนกเอ็งเทียนได้ทุกชนิด และจำแนกได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนมากขึ้น สอดคล้องกับผลการทดลองของ Chase และคณะ (2007) ที่ระบุว่า การใช้ดีเอ็นเอมาตรฐานร่วมกัน 3 บริเวณ ได้แก่ ยีน *matK*, *rpoC1* และบริเวณ *trnH-psbA* จะช่วยให้จำแนกพืชในระดับชนิดได้ดียิ่งขึ้น เมื่อเทียบกับการใช้เครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี ไอเอสเอสอาร์ จะเห็นได้ว่าการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะของยีน *matK*, *rbcL*, *rpoC1* และบริเวณ *trnH-psbA* มีประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนได้ดีกว่า เนื่องจากสามารถจัดกลุ่มได้ตรง

ตามหมู่หรือลักษณะสัณฐานของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนมากกว่าการใช้เทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ เพราะการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะจะมีความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์สูง เมื่อนำนิวคลีโอไทด์ของแต่ละยีนมาวิเคราะห์ร่วมกันจะทำให้มีความแตกต่างของลำดับเบสมากพอที่จะจำแนกชนิดของเอื้องเทียนได้ นอกจากนี้ยังมีประสิทธิภาพในการจำแนกและจัดกลุ่มมากกว่าการดูเพียงลักษณะสัณฐาน เพราะใช้ตัวอย่างจากพืชเพียงเล็กน้อย เช่น ใบ สามารถนำมาสกัดดีเอ็นเอแล้วเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส ซึ่งโมเลกุลดีเอ็นเอมีความเสถียรสามารถเก็บไว้วิเคราะห์ได้นาน สามารถตรวจสอบได้ทุกระยะของการเจริญเติบโต ไม่มีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง แต่หากจำแนกโดยดูจากลักษณะสัณฐานจะมีข้อจำกัดของตัวอย่างที่ใช้ในการวิเคราะห์ เช่น ดอก ใบ ราก ต้องใช้ตัวอย่างพืชจำนวนมาก เพื่อให้มีข้อมูลมากเพียงพอที่จะใช้ในการจำแนก ใช้เวลานานในการตรวจสอบ เนื่องจากต้องรอให้พืชมีการเจริญเติบโตจนมีช่วงอายุที่เหมาะสมที่จะใช้ตรวจสอบ นอกจากนี้ยังมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมในแต่ละพื้นที่เข้ามาเกี่ยวข้อง ซึ่งอาจทำให้มีความผิดพลาดได้ง่าย ดังนั้นการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจึงมีความถูกต้องและมีความน่าเชื่อถือมากกว่าการดูเพียงลักษณะสัณฐานเพียงอย่างเดียว

การเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่งผลต่อการแปลรหัสเป็นกรดอะมิโน เกิดจากการแทนที่เบสทั้งแบบทรานสิชันและทรานสเวอร์ชันทำให้ดีเอ็นเอเปลี่ยนไป และเมื่อดีเอ็นเอบริเวณนั้นเกิดกระบวนการแปลรหัส (transcription) และแปลรหัส (translation) จะทำให้ได้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลง ซึ่งมีทั้งการกลายแบบเป็นกลาง (neutral mutation) มีการแทนที่ของกรดอะมิโนที่มีคุณสมบัติเดียวกัน ทำหน้าที่เหมือนกัน จะไม่มีผลต่อการทำหน้าที่ของโปรตีน ในขณะที่การกลายแบบไม่พ้อง (nonsynonymous mutation) เมื่อมีการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ทำให้มีการแทนที่กรดอะมิโนตัวหนึ่งด้วยอีกกรดอะมิโนหนึ่ง แต่ทำหน้าที่ไม่เหมือนกัน ซึ่งอาจมีผลต่อฟีโนไทป์หากโปรตีนนั้นทำหน้าที่ในส่วนที่สำคัญ ซึ่งการกลายที่เกิดขึ้นของเอื้องเทียนมีการกลายทั้งแบบเป็นกลางและการกลายแบบไม่พ้อง แต่ไม่มีการกลายเป็รรหัสที่อ่านไม่ได้ (nonsense codon) หรือรหัสหยุดการสร้างโปรตีน (stop codon) ซึ่งคือ UAG, UAA หรือ UGA จะทำให้พืชไม่สามารถสร้างโปรตีนจากยีน *matK*, *rbcl*, *rpoC1* และนิวคลีโอไทด์ระหว่างยีน *trnH-psbA* ได้ พืชจะไม่สามารถเจริญเติบโตได้ตามปกติ และตายในที่สุด เนื่องจากยีนทั้ง 4 ยีนเป็นยีนที่สำคัญต่อการเจริญเติบโตของพืช ซึ่งตัวอย่างกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนจำนวน 24 ชนิด ที่นำมาใช้ในการวิจัยมีการเจริญเติบโตตามปกติ แสดงว่าพืชยังสามารถสร้างโปรตีนเหล่านี้มาใช้ในการเจริญเติบโตได้ ทั้งนี้ควรมีการศึกษาในระดับโครงสร้างโปรตีนต่อไป เพื่อศึกษาผลของการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนที่ส่งผลต่อฟีโนไทป์ของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียน

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

5.1 เทคนิคแฮตอาร์เอพีดี

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม 72 ไพรเมอร์ พบว่าไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเอ็งเทียนทั้ง 14 ชนิด มีจำนวน 37 ไพรเมอร์ คิดเป็น 51.39 % จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเออย่างชัดเจนมา 31 ไพรเมอร์ พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอทั้งหมดจำนวน 257 แถบ ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่พบต่างกันในแต่ละชนิดของเอ็งเทียน ขนาดประมาณ 300-3000 คู่เบส นอกจากนี้ยังพบว่าลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเอ็งเทียนแต่ละชนิดมีความแตกต่างกัน ปรากฏแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะกับเอ็งเทียนชนิดนั้น ๆ จึงสามารถจำแนกเอ็งเทียนแต่ละชนิดออกจากกันได้ด้วยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียวมีจำนวน 10 ไพรเมอร์ ได้แก่ A27, A30, A32, B21, B27, C21, C24, C29, D22 และ F29 เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมีค่าระหว่าง 0.31 - 0.64 โดยเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 ในขณะที่เอ็งเทียนสายเสริดมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.31 และสามารถแบ่งกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนได้เป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 เอ็งเทียนใบแคบและเอ็งเทียนน้อย กลุ่มที่ 2 ได้แก่ เอ็งเทียนกลุ่มที่ 3 แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1 ได้แก่ เอ็งเทียนลำเขียว เอ็งเทียนปากดำ เอ็งเทียนขาว เอ็งเทียนหอม เอ็งเทียนหิน เอ็งเทียนบาร์บาตา เอ็งเทียนใหญ่สาว และกลุ่มย่อยที่ 2 คือ เอ็งเทียนส้ม กลุ่มที่ 4 ได้แก่ เอ็งเทียนใบรี และกลุ่มที่ 5 คือ เอ็งเทียนสายเสริด เมื่อจับคู่เอ็งเทียนระหว่างชนิดที่ละคู่ เพื่อดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 แสดงว่ามีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่เอ็งเทียนขาวกับเอ็งเทียนสายเสริดมีค่าสัมประสิทธิ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.22

5.2 เทคนิคไอเอสเอสอาร์

เทคนิคไอเอสเอสอาร์เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ 35 ชนิด มีไพรเมอร์ 14 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียน คิดเป็น 40 เปอร์เซ็นต์ จากนั้นคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเออย่างชัดเจน 9 ชนิด ได้แก่ M5, M10, M14, M15, M21, M24, M26, M27, และ M34 นำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ พบว่าปรากฏแถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลาย 65 แถบ ขนาด 500-2,000 คู่เบส ทำให้ได้รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่แตกต่างกันสามารถนำมาใช้จำแนกแต่ละชนิดได้ นอกจากนี้ยังพบไพรเมอร์ที่สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่มี

ความจำเพาะกับเอ็งเทียนจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ M5, M10, M14, M27 และ M34 จึงสามารถจำแนกได้ด้วยการใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียว เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ มีค่าดัชนีความเหมือน 0.16-0.63 สามารถแบ่งกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียนออกเป็น 6 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ได้แก่ เอ็งเทียนใบแคบ เอ็งเทียนม้วน เอ็งเทียนหาง และเอ็งเทียนใหญ่ลาว กลุ่ม 2 ได้แก่ เอ็งเทียนน้อย และเอ็งเทียนสายเสริด กลุ่ม 3 ได้แก่ เอ็งเทียนลำเขียว เอ็งเทียนปากดำ เอ็งเทียนบาร์บาตา เอ็งเทียนขาว กลุ่ม 4 ได้แก่ เอ็งเทียนผอมอก กลุ่ม 5 ได้แก่ เอ็งเทียนหิน และเอ็งเทียนใบรี และกลุ่ม 6 เอ็งเทียนส้ม พบว่าเอ็งเทียนลำเขียวกับเอ็งเทียนปากดำมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันมากที่สุด มีค่าดัชนีความเหมือนเท่ากับ 0.63 ในขณะที่เอ็งเทียนส้มมีค่าดัชนีความเหมือนน้อยที่สุดเท่ากับ 0.16 เมื่อจับคู่ของเอ็งเทียนทีละคู่ พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของเอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมมากที่สุด ในขณะที่เอ็งเทียนส้มและเอ็งเทียนใบรีมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมน้อยที่สุด

5.3 การวิเคราะห์เทคนิคแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์ร่วมกัน

ผลการนำเทคนิคแฮตอาร์เอพีดีมาวิเคราะห์ร่วมกับเทคนิคไอเอสเอสอาร์ แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ด้วยโปรแกรม NTSYY และเลือกการจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนระหว่าง 0.30-0.64 โดยที่เอ็งเทียนลำเขียวและเอ็งเทียนปากดำมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุดเท่ากับ 0.64 สามารถแบ่งกลุ่มได้ 5 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ 1 คือ เอ็งเทียนใบแคบ เอ็งเทียนน้อย กลุ่มที่ 2 คือ เอ็งเทียนม้วน กลุ่มที่ 3 แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย กลุ่มย่อยที่ 1 คือ เอ็งเทียนลำเขียว เอ็งเทียนปากดำ เอ็งเทียนขาว เอ็งเทียนหาง เอ็งเทียนหิน เอ็งเทียนบาร์บาตา เอ็งเทียนใบรี กลุ่มย่อยที่ 2 คือ เอ็งเทียนผอมอก กลุ่มที่ 4 คือ เอ็งเทียนส้ม เอ็งเทียนใหญ่ลาว และกลุ่มที่ 5 เอ็งเทียนสายเสริด

5.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะ

5.4.1 ยีน *rbcL*

การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcL* พบว่ามีการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสและส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน ได้แก่ 1. เอ็งเทียนใบรี ตำแหน่ง 25 มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากอะดีนีน (adenine) เป็นกวานีน (guanine) ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเซอรีน (serine) เป็นไกลซีน (glycine) 2. เอ็งเทียนพังกาและเอ็งเทียนสายเสริดชมพู ตำแหน่งที่ 79 มีการเปลี่ยนแปลงจากกวานีนเป็นไซโตซีน (cytosine) ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกรดแอสปาร์ติก (aspartic acid) เป็นฮิสทีดีน (histidine) 3. เอ็งเทียนพังกา เอ็งเทียนสายเสริดชมพู และสายเสริดอินโด ตำแหน่ง 263 มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากไทมีน (thymine) เป็นไซโตซีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากวาลีน (Valine) เป็น

อะลานีน (alanine) และตำแหน่ง 279 มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากอะดีนีนเป็นไซโตซีนและอะดีนีนเป็นไทมีน ในเอ็งเทียลลอเรนเซียและเอ็งเทียลใหญ่ตามลำดับ ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกรดกลูตามิก (glutamic acid) เป็นกรดแอสปาร์ติก เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood สามารถจำแนกได้ตรงตามหมู่ speciosae, lawrenceanae, verrucosae และ tomentosae เมื่อพิจารณาการจำแนกชนิดของเอ็งเทียลโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* จากแผนภูมิความสัมพันธ์ พบว่ายีน *rbcl* สามารถจำแนกเอ็งเทียลได้ 6 ชนิด ได้แก่ เอ็งเทียลส้ม เอ็งเทียลมัน เอ็งเทียลใบรี เอ็งเทียลใหญ่ สายเสริตอินโดและเอ็งเทียลสายเสริต มีประสิทธิภาพในการจำแนกเท่ากับ 25 เปอร์เซ็นต์

5.4.2 ยีน *rpoC1*

การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpoC1* พบว่ามีการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสและส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน ได้แก่ 1. ตำแหน่งที่ 301 และ 332 ในเอ็งเทียลส้มและเอ็งเทียลบอร์เนียวตามลำดับ มีการเปลี่ยนแปลงเบสกวานีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกรดกลูตามิกเป็นไลซีน (lysine) 2. ตำแหน่ง 342 มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากอะดีนีนเป็นกวานีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกรดกลูตามิกเป็นอาร์จินีน (arginine) 3. ตำแหน่ง 374 ในเอ็งเทียลบอร์เนียว มีการเปลี่ยนแปลงเบสอะดีนีนเป็นไซโตซีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากทรีโอนีน (threonine) เป็นโพรลีน (proline) 4. ตำแหน่ง 544 มีการเปลี่ยนแปลงเบสอะดีนีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเมไทโอนีน (methionine) เป็นซิสเทอีน (cysteine) และ 5. ตำแหน่ง 545 มีการเปลี่ยนแปลงเบสไทมีนเป็นกวานีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเมไทโอนีนเป็นอาร์จินีน เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood จัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของกล้วยไม้สกุลเอ็งเทียล ได้แก่ หมู่ tomentosae และสามารถจำแนกเอ็งเทียลได้ 7 ชนิด ได้แก่ เอ็งเทียลหมาก เอ็งเทียลใหญ่ลาว เอ็งเทียลส้ม เอ็งเทียลหนู เอ็งเทียลบาร์บาดา เอ็งเทียลหิน เอ็งเทียลใบรี เอ็งเทียลหมอกเขียว เอ็งเทียลพังกา เอ็งเทียลสายเสริตชมพู และเอ็งเทียลบอร์เนียว มีประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดเท่ากับ 46 เปอร์เซ็นต์

5.4.3 ยีน *matK*

การเปลี่ยนแปลงลำดับเบสของยีน *matK* ทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน ได้แก่ 1. ตำแหน่ง 30 ในเอ็งเทียลอินโด มีการเปลี่ยนแปลงเบสกวานีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากไลซีนเป็นกลูตามีน (glutamine) 2. ตำแหน่งที่ 63 และ 225 ในเอ็งเทียลสายเสริตและเอ็งเทียลขาว มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากกวานีนเป็นอะดีนีนและเบสไซโตซีนเป็นอะดีนีนตามลำดับ ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเซอรินเป็นไทโรซีน (tyrosine) 3. ตำแหน่ง 327 ในเอ็งเทียลส้ม มีการ

เปลี่ยนแปลงเบสไซโทซีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกลูตามีนเป็นไลซีน

4. ตำแหน่ง 379 ในสายเสริตอินโด มีการเปลี่ยนแปลงเบสอะดีนีนเป็นกวานีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกลูตามีนเป็นอาร์จินีน

5. ตำแหน่ง 394 ในเอื้องลำเทียนปากดำ มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากกวานีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกลูตามีนเป็นฮิสทีดีน

6. ตำแหน่ง 399 ในเอื้องเทียนอินโด มีการเปลี่ยนแปลงเบสไทมีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากวาลีนเป็นกรดกลูตามิก

7. ตำแหน่ง 402 ในเอื้องมันมีการเปลี่ยนแปลงเบสไซโทซีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเซอรินเป็นไทโรซีน

8. ตำแหน่ง 420 ในเอื้องเทียนใหญ่ลาว มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากไทมีนเป็นไซโตซีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากเซอรินเป็นโพรลีน

9. ตำแหน่ง 448 ในเอื้องเทียนอินโด มีการเปลี่ยนแปลงเบสกวานีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากไลซีนเป็นแอสพาราจिन (asparagine)

10. ตำแหน่ง 475 ในเอื้องเทียนใหญ่ลาว มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากอะดีนีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากไทโรซีนเป็นฟีนิลอะลานีน (phenylalanine)

11. ตำแหน่ง 580 ในเอื้องเทียนใหญ่ลาวมีการเปลี่ยนแปลงเบสอะดีนีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกลูตามีนเป็นลูซีน (leucine)

11. ตำแหน่ง 643 และ 663 ในเอื้องเทียนบาร์บาตาและเอื้องเทียนหิน มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากไซโทซีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากโพรลีนเป็นฮิสทีดีน

12. ตำแหน่ง 669 ในเอื้องเทียนใบรี มีการเปลี่ยนแปลงเบสไซโทซีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากโพรลีนเป็นแอสพาราจिन

13. ตำแหน่ง 687 และ 718 ในเอื้องลำเทียนปากดำและเอื้องเทียนใหญ่ลาว มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากอะดีนีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากไลซีนเป็นไอโซลูซีน (Isoleucine) และไลซีนเปลี่ยนเป็นเมไทโอนีนตามลำดับ

13. ตำแหน่ง 721 ในเอื้องสายเสริตมีการเปลี่ยนแปลงจากเบสกวานีนเป็นไทมีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากไลซีนเป็นแอสพาราจिन และ

14. ตำแหน่ง 756 ในเอื้องผาหมอก มีการเปลี่ยนแปลงเบสจากไซโทซีนเป็นอะดีนีน ทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนจากกลูตามีนเป็นไลซีน

เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum parsimony โดยการจัดกลุ่มแบบ maximum parsimony สามารถจัดกลุ่มกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ตรงตามหมู่มากที่สุด ได้แก่ หมู่ lawrenceanae, speciosae, fuscescentes, flaccidae, verrucosae และ tomentosae นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* สามารถจำแนกกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนได้ 17 ชนิด มีประสิทธิภาพในการจำแนกเท่ากับ 71 เปอร์เซ็นต์

5.4.4 บริเวณ *trnH-psbA*

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อยู่ระหว่างยีน *trnH-psbA* แล้วสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ neighbor joining และ maximum likelihood พบว่าสามารถจัดกลุ่มได้ตรงตามหมู่ของเอื้องเทียน ได้แก่ หมู่ tomentosae, verrucosae, flaccidae, speciosae และ ocellatae นอกจากนี้ยังสามารถจำแนกเอื้องเทียนได้ 15 ชนิด ได้แก่ เอื้องเทียนหิน เอื้องมัน เอื้องสายเสริด สายเสริดอินโด เอื้องเทียนอินโด เอื้องเทียนบอร์เนียว เอื้องเทียนหนู เอื้องเทียนน้อย เอื้องหมาก เอื้องเทียนใบแคบ เอื้องเทียนใหญ่ เอื้องพามอก เอื้องพามอกเขียว เอื้องเทียนใบบาง และเอื้องเทียนขาว มีประสิทธิภาพในการจำแนกเท่ากับ 63 เปอร์เซ็นต์

5.5 ข้อเสนอแนะ

เทคนิคแอสตาร์ทพีดีจัดเป็นเครื่องหมายแบบเด่นสมบูรณ์ (dominant marker) ไม่สามารถแยกโฮโมไซกัสและเฮเทอโรไซกัสได้ จึงควรที่จะใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอประเภทข่มร่วมมาวิเคราะห์ร่วมกัน เพื่อให้การจำแนกและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น

เทคนิคไอเอสเอสอาร์ควรออกแบบไพรเมอร์ให้มีการเติมเบสคัดเลือกว่าปลาย 5' และ 3' เพื่อให้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์เข้าจับกับสายดีเอ็นเอแม่แบบได้สม่ำเสมอมากยิ่งขึ้น เพราะอาจมีลำดับนิวคลีโอไทด์ซ้ำบนสายดีเอ็นเอเรียงซ้ำกันต่อเนื่องหลายชุด ทำให้ไพรเมอร์อาจเข้าจับกลางสายหรือปลายข้างใดข้างหนึ่ง ทำให้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ยาก มีความหลากหลายรูปน้อย ดังนั้นจึงควรออกแบบไพรเมอร์ให้มีการเติมเบสคัดเลือกว่าปลายทั้ง 2 ข้าง เพื่อให้ได้ผลผลิตพีซีอาร์ที่มีความยาวสม่ำเสมอ

การใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งจำเพาะควรใช้ยีนอื่นที่มีความยาว และมีความแปรผันของลำดับเบสมากพอมาวิเคราะห์ร่วมกับยีน *rbcL* และ *rpoC1* เนื่องจากทั้ง 2 ยีน นี้มีขนาดสั้น และมีความแปรผันของลำดับเบสต่ำ จึงทำให้ยังไม่สามารถจัดกลุ่มและระบุชนิดของพืชได้ นอกจากนี้ควรวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์อย่างน้อย 2 บริเวณ ขึ้นไป เพื่อให้มีประสิทธิภาพในการระบุชนิดมากขึ้น

รายการอ้างอิง

1. เกียรติชัย แซ่ไต่, เปรมณัช ขุนปักซี, ชีระชัย ธนานันต์ และนฤมล ธนานันต์. (2557). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกหม้อข้าวหม้อแกงลิงด้วยเทคนิคแฮตอาร์เอพีดี. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี* 22, 237-242.
2. ครรชิต ธรรมศิริ. (2547). *เทคโนโลยีการผลิตกล้วยไม้*. กรุงเทพมหานคร: สำนักพิมพ์อมรินทร์พรินติ้ง แอนด์พับลิชชิ่ง.
3. จรัสศรี นวลศรี. (2548). เอกสารคำสอนการปรับปรุงพันธุ์พืชสวน. ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์, สงขลา.
4. จินต์ ทองสม, นฤมล ธนานันต์ และชีระชัย ธนานันต์. (2557). ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มด้วยแฮตอาร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์, *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 23(3), 475-484.
5. จินต์ ทองสม, ภัทรพร คุ่มภัย และชีระชัย ธนานันต์. (2558). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลแวนด้าหมู่เข็มโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rbcl* และซีนีเอ็นเอที่อยู่ระหว่างยีน *trnH* กับ *psbA*. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 23(6), 994-1005.
6. นฤมล ธนานันต์, เกียรติชัย แซ่ไต่ และชีระชัย ธนานันต์. (2557). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สิงโตกลอกตาหมู่สิงโตสยามโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนจำเพาะ. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 22(4), 523-530.
7. นฤมล ธนานันต์, ฐิติพร โท้มโสภา และชีระชัย ธนานันต์. (2557). การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 22(1), 99-108.
8. นฤมล ธนานันต์, ฐิติพร โท้มโสภา และชีระชัย ธนานันต์. (2558). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* และ *rpoC1*. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 23(1), 1-10.
9. นฤมล ธนานันต์, วริศรา แทนสง่า และชีระชัย ธนานันต์. (2557). การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลกุหลาบด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอพีดี. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 22(3), 317-326.

10. เบญจวรรณ สิทธิเวช, วิวัฒน์ บัณฑิตย และณัฐา โพธาภรณ์. (2557). การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้ลูกผสมสกุลฟาแลนอปซิสด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี. *แก่นเกษตร*, 42(3), 512-517.
11. ยศินทร์ กิติจันทร์โรภาส และปรียา พวงสำลีหวังสมนึก. (2550). ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพารา (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) สิบสามสายพันธุ์ในประเทศไทย. *วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร* 38(6), 19-24.
12. วรสิรา แทนสง่า และธีระชัย ธนานันต์. (2557). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ กล้วยไม้สกุลกุหลาบ (*Aerides*) ด้วยเทคนิคแอสตอร์เอพีดีและไอเอสเอสอาร์. *Thai Journal of Science and Technology*, 3(2), 102-112.
13. วิชัย โฆสิตรัตน์. (2552). แท่งรหัสดีเอ็นเอ (DNA Barcode): รหัสจำแนกสิ่งมีชีวิต. *ข่าวสารเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร AG-BIO* 1(3), 14-15.
14. วิศัย พรหมเทพ และสมบูรณ์ อนันตลาโภชัย. (2548). การวิเคราะห์พันธุกรรมพืชสกุล *Ficus* spp. โดยเทคนิค HAT-Random Amplified Polymorphic DNA. *วารสารศูนย์วิทยาศาสตร์มหาวิทยาลัยราชภัฏสกลนคร*, 2(1), 39-50.
15. วุฒิพงศ์ มหาคำ. (2554). DNA barcodes ของพืช: หลักการพื้นฐาน การประยุกต์ใช้ และข้อจำกัด DNA barcodes of plants: basic concept, application and limitation. *THAI JOURNAL OF BOTANY*, 3(1), 1-30.
16. เว็บไซต์ ๑๐๘ พรรณไม้ไทย. (2558). *ลักษณะทั่วไปของกล้วยไม้* [อินเทอร์เน็ต]. [เข้าถึงเมื่อ 12 พย. 2558]. เข้าถึงได้จาก <http://panmai.com/Orchid/orchid2.shtml>.
17. สรพงศ์ เบญจศรี. (2554). เครื่องหมายโมเลกุลสำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืช. *วารสารวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น*, 39, 350-363.
18. สลิล สิทธิสังจธรรม. (2549). *กล้วยไม้ป่าเมืองไทย = Wild orchid of Thailand*. กรุงเทพมหานคร: สำนักพิมพ์บ้านและสวน.
19. สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552). *เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์*. กรุงเทพมหานคร: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
20. สุรีพร เกตุงาม. (2546). เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช. *วารสารวิชาการมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี*, 5(2), 37-59.

21. Anuntalabhochai, S., Chandet, R., Chiangda, J. and Apavatjirut, P. (2000). Genetic diversity within Lychee (*Litchi chinensis* Sonn.) based on RAPD analysis. *Acta Horticulturae* 575, 253-259.
22. Butzin, F. (1992). *Subtribus Coelogyninae*. In F. G. Brieger, R. Maatsch, and K. Senghas [eds.], Die Orchideen 1A, 914–958. Verlag Paul Parey, Berlin, Germany.
23. Casiraghi, M., Labra, M., Ferri, E., Galimberti, A. and De Mattia, F. (2010). DNA barcoding: a sixquestion tour to improve users' awareness about the method. *Briefings in Bioinformatics* 11, 440-453.
24. CBOL Plant Working Group. (2009). A DNA barcode for land plants. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America* 161, 12794-12797.
25. Chase, M.W., Cowan, R.S., Hollingsworth, P.M., van den Berg, C., Madriñan, S., Petersen, G., Seberg, O., Jørgensen, T., Cameron, K.M., Carine, M., Pedersen, N., Hedderson, T.A.J., Conrad, F., Salazar, G.A., Richardson, J.E., Hollingsworth, M.L., Barraclough, T.G., Kelly, L. & Wilkinson, M. (2007). A proposal for a standardized protocol to barcode all land plants. *Taxon* 56, 295-299.
26. Chemisquy and Morrone, O. (2007). *Molecular phylogeny of Gavilea* (Chloraeinae: Orchidaceae) using plastid and nuclear markers. *Mol Phylogenet Evol*, 62(3), 889-97.
27. De vogel, E. F. (1994). Character assessment for a subdivision of Coelogyne Lindley. In A. M. Pridgeon [ed.], Proceedings of the 14th World Orchid Conference, 203–205. HMSO Publications, Glasgow, UK.
28. Downie, Stephen R., Esmeralda L. and Deborah S. Katz-Downie. (1996). Multiple Independent Losses of the *rpoC1* Intron in Angiosperm Chloroplast DNA's. *Systematic Botany* Vol. 21 No. 2, pp. 135-151.
29. Dressler, R. L. (1993). Phylogeny and classification of the orchid family. *Dioscorides Press*, Portland, Oregon, USA.

30. Dressler, R.L. (1990). The major clades of the Orchidaceae-Epidendroideae. *Lindleyana* 5, 117–125.
31. Fazekas, A.J., Burgess, K.S., Kesanakurti, P.R., Graham, S.W., Newmaster, S.G., Husband, B.C., Percy, D.M., Hajibabaei, M. and Barrett, S.C.H. (2008). Multiple multilocus DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well. *PLoS ONE* 3: e2802.
32. Ford, C.S., Ayres, K.L., Toomey, N., Haider, N., Van Alphen Stahl, J., Kelly, L.J., Wikstrom, N., Hollingsworth, P.M., Duff, R.J., Hoot, S.B., Cowan, R.S., Chase, M.W. and Wilkinson, M.J. (2009). Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants. *Botanical Journal of the Linnean Society* 159: 1-11.
33. Griffiths A.J.F., Miller J.H., Suzuki D.T., Lewontin R.C. and Gelbart W.M. (1996). *An Introduction to Genetic Analysis*, 6edn. W.H. Freeman and Co., NY.
34. 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.
35. Hilu K.W. and Liang H. (1997). The *matK* gene: Sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany*, 84(6), 830–839.
36. Korzun V. (2002). Use of molecular markers in cereal breeding. *Cell Mol Biol Lett* 7, 811–820
37. Kress, W.J. & 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. Kress, W.J., Wurdack, K.J., Zimmer, E.A., Weigt, L.A. & 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.

39. Lahaye, R., van der Bank, M., Bogarin, D., Warner, J., Papulin, F., Gigot, G., Maurin, O., Duthoit, S., Barraclough, T.G. & Savolainen, V. 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105, 2923-2928.
40. Liston, Aaron. (1992). Variation in the chloroplast genes *rpoC1* and *rpoC2* of the genus *Astragalus* (Fabaceae): Evidence from restriction site mapping of a PCR-amplified fragment. *American journal of botany* 79(8), 953-961.
41. Luciana do Valle Rego O, Ricardo Tadeu de F, Claudete de Fátima R, Paulo Maurício R, Melissa de Oliveira S and Valdemar P. C. (2010). Genetic Analysis of Species in the Genus *Catasetum* (ORCHIDACEAE) using RAPD Markers. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 53, 375-387.
42. M. Pradeep Reddy M. Pradeep Reddy N. Sarla N. Sarla E.A. Siddiq E.A. Siddiq. (2002) . Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica* 128, 9–17.
43. Milena Cristina M, Mônica Rosa B, Priscila Ventura L, Anderson Felipe dos Santos C and Dário Abel P. (2014). Molecular Study on Endemic *Cattleya* Species from Brazilian Flora. *American international journal of biology*, 2, 77-84.
44. Mondini, L., A. Noorani, and M.A. (2014). Pagnotta. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*, 1(1), 19-35.
45. Nagananda. G. S, Chetana. G.R., Rajath.S, Sandeep Suryan and S. Sundara Rajan. RAJAN. (2012). Assessment of genetic variation among three species of *Aerides* an epiphytic orchid from Western Ghats, *India using RAPD markers Vol. 3, No. 3, 682-688.*
46. Newmaster, S.G., Fazekas, A.J., Steeves, R.A.D. &Janovec, J. (2008). Testing candidate plantbarcode regions in the Myristicaceae. *Molecular Ecology*. 8(3), 480-490.
47. Newmaster, S.G., Ibabaei, M.H. & Husband, B.C. (2008). Are plant species inherently harder to discriminate than animal species using DNA barcoding markers. *Molecular Ecology Resources* 1, 130-9.

48. Paterson, A.H., S.D. Tanksley, and M.E. Sorrells. (1991). DNA markers in plant improvement. *Advance in Agromy* 46, 39-90.
49. Pelsner, P., B. Gravendeel & E.F. de Vogel. (2000). A revision of *Coelogyne* section *Fuliginosae* (Orchidaceae). *Blumea* 45, 253–273.
50. Powell, W., Machray, C., and Provan, J. (1996). Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science* 1, 215-222.
51. Rohlf, F.J. (2002). NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Applied Biostatistics. Inc., NewYork.
52. Sass, C., Little, D.P., Stevenson, D.M. and Specht, C.D. (2007). DNA barcoding in the Cycadales: testing the potential of proposed barcoding makers for species identification of cycads. *PLoS ONE* 2: e1154.
53. Sharma SK, Dkhar J, Kumaria S, Tandon P, Rao SR. (2012). Assessment of phylogenetic inter-relationships in the genus *Cymbidium* (Orchidaceae) based on internal transcribed spacer region of rDNA. *Gene*, 495(1), 10-15.
54. Shaw, J., Lickey, E.B., Beck, J.T., Farmer, S.B., Liu, W., Miller, J., Siripun, K.C., Winder, C.T., Schilling, E.E. & Small, R.L. (2005). The tortoise and the hare II: relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis. *American Journal of Botany* 92, 142-166.
55. Shneyer, V.S. (2009). DNA barcoding is a new approach in comparative genomics of plants. *Russian Journal of Genetics* 45, 1267-1278.
56. Sierra S. E. C. B. Gravendeel E. F. De Vogel. (2000). Revision of *Coelogyne* section *Verrucosae* (Orchidaceae): a new sectional delimitation based on morphological and molecular evidence. *Blumea* 45, 275-318.
57. Soltis, D.E. and Soltis, P.S. (1998). *Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing*. Kluwer Academic Publishers, Boston, pp.1-42.
58. Staub, J.E., and Serquen, F.C. (1996). Genetic markers, map construction, and their applications in plant breeding. *HortSci.* 31(5): 729-741.
59. 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 Research*, 35(3): e14.
60. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, and Kumar S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30, 2725-2729.
61. Wang HZ, Feng SG, Lu JJ, Shi NN and Liu JJ. (2009). Phylogenetic study and molecular identification of 31 *Dendrobium* species using intersimple sequence repeat (ISSR) markers. *Sci. Hort.*, 122(3), 440-447.
62. Waugh, R., and Powell, W. (1992). Using RAPD markers for crop improvement. *BTECH* 10, 186-191.
63. Welsh, J., and McClelland, M. (1990). Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research* 18, 7213-7218.
64. Williams, J.G., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. and Tingey, S.V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18, 6531-6535.
65. WU Zhen-Xing, WANG Hui-Zhong, SHI Nong-Nong and ZHAO Yan. (2008). The genetic diversity of *Cymbidium* by ISSR. *Yi Chuan*, 30(5), 627-632.
66. Xiang XG, Hu H, Wang W, Jin XH. (2011). DNA barcoding of the recently evolved genus *Holcoglossum* (Orchidaceae: Aeridinae): a test of DNA barcode candidates. *Molecular Ecology Resources Volume* 11(6), 1012-1021.
67. Xie Q, Miao N, Song X, Huang D, Li B and Zhao P. (2011). Genetic diversity analysis of *Phalaenopsis* by ISSR markers. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 5, 486-492.



ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

ผลการนำลำดับนิวคลีโอไทด์เข้าสู่ฐานข้อมูล GenBank ของ NCBI

```

LOCUS      KP662080      554 bp      DNA      linear      PLN 03-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne viscosa RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
partial cds; chloroplast.
ACCESSION  KP662080
VERSION    KP662080.1  GI:854937833
KEYWORDS   .
SOURCE     chloroplast Coelogyne viscosa
ORGANISM   Coelogyne viscosa
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyneinae; Coelogyne.
REFERENCE  1  (bases 1 to 554)
AUTHORS    Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
TITLE      Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
using DNA markers
JOURNAL    Unpublished
REFERENCE  2  (bases 1 to 554)
AUTHORS    Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
COMMENT    ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES   Location/Qualifiers
source     1..554
/organism="Coelogyne viscosa"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1508132"
gene      <1..>554
/gene="rpoC1"
CDS       <1..>554
/gene="rpoC1"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="RNA polymerase beta' subunit"
/protein_id="AKN79542.1"
/db_xref="GI:854937834"
/translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLIMFS"
ORIGIN
1  gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
61  gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
121  cttggtaaac gggctcgatta ttcggggcgt tccgctcattg tcgtgggtcc ttgctttca
181  ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
241  cgtgggtctaa tcagacaaga tggtgcttct aacacagggg ttgctaaaag caaaattcgg
301  gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
361  ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
421  gaggggctg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
481  ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
541  cttatgtttt ctca

```

ภาพภาคผนวกที่ 1 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662080

LOCUS KP662081 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lentiginosa RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
 partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662081
 VERSION KP662081.1 GI:854937835
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lentiginosa
 ORGANISM Coelogyne lentiginosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne lentiginosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674455"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79543.1"
 /db_xref="GI:854937836"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttca tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 2 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662081

LOCUS KP662082 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne calcicola RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662082
 VERSION KP662082.1 GI:854937837
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne calcicola
 ORGANISM Coelogyne calcicola
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne calcicola"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674452"
 /note="authority: Coelogyne calcicola Kerr."
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79544.1"
 /db_xref="GI:854937838"

 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacaggta ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagt
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtcccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 3 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662082

LOCUS KP662083 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lactea RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662083
 VERSION KP662083.1 GI:854937839
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lactea
 ORGANISM Coelogyne lactea
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne lactea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674454"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79545.1"
 /db_xref="GI:854937840"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMREGHNKVKYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVSDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagaggg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagt
 421 gaggggctg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 4 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662083

LOCUS KP662084 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fuscescens var. brunnea RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662084
 VERSION KP662084.1 GI:854937841
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fuscescens var. brunnea
 ORGANISM Coelogyne fuscescens var. brunnea
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne fuscescens var. brunnea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /variety="brunnea"
 /db_xref="taxon:1674453"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79546.1"
 /db_xref="GI:854937842"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIRKKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgttctt aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 aaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgcg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaaccg agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 5 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662084

LOCUS KP662085 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne barbata RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
 partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662085
 VERSION KP662085.1 GI:854937843
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne barbata
 ORGANISM Coelogyne barbata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne barbata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141721"
 /note="authority: Coelogyne barbata Lindl.ex Griff."
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79547.1"
 /db_xref="GI:854937844"

 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc ttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacaggta ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc ctttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 6 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662085

LOCUS KP662086 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne cumingii RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662086
 VERSION KP662086.1 GI:854937845
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne cumingii
 ORGANISM Coelogyne cumingii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne cumingii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:907953"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79548.1"
 /db_xref="GI:854937846"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg tggtctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttca tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 7 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662086

LOCUS KP662087 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne trinervis RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
 partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662087
 VERSION KP662087.1 GI:854937847
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne trinervis
 ORGANISM Coelogyne trinervis
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne trinervis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141736"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79549.1"
 /db_xref="GI:854937848"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag taaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 8 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662087

LOCUS KP662088 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne nitida RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partialcds; chloroplast.
 ACCESSION KP662088
 VERSION KP662088.1 GI:854937849
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne nitida
 ORGANISM Coelogyne nitida
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne nitida"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:466244"
 /note="authority: Coelogyne nitida (Wall.Mss.)"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79550.1"
 /db_xref="GI:854937850"

 /translation="VDTLLDNGIRGQPTREGHNKVKYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELEFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca cgagagaggg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 9 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662088

LOCUS KP662089 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne rochusseni RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662089
 VERSION KP662089.1 GI:854937851
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne rochusseni
 ORGANISM Coelogyne rochusseni
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne rochusseni"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674457"
 /note="authority: Coelogyne rochusseni (de Vriese) Kuntze"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79551.1"
 /db_xref="GI:854937852"

 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQCLP
 REIATIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"

 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttccggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaac atttgaatt
 241 cgtggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg tggctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 10 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662089

LOCUS KP662090 501 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne brachyptera RNA polymerase beta' subunit-like (rpoC1) gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP662090
 VERSION KP662090.2 GI:1024955803
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne brachyptera
 ORGANISM Coelogyne brachyptera
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 REFERENCE 3 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-MAY-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 REMARK Sequence update by submitter
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
 On May 3, 2016 this sequence version replaced gi:[854937853](#).
 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..501
 /organism="Coelogyne brachyptera"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:[1674451](#)"
 gene <1..>501
 /gene="rpoC1"
 misc_feature <1..>501
 /gene="rpoC1"
 /note="similar to RNA polymerase beta' subunit"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca cgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggctcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc ttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagga ttgctaaaag caaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca c

ภาพภาคผนวกที่ 11 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662090

LOCUS KP662091 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne eberhardtii RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
 partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662091
 VERSION KP662091.1 GI:854937854
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne eberhardtii
 ORGANISM Coelogyne eberhardtii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne eberhardtii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141727"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79552.1"
 /db_xref="GI:854937855"
 /translation="VDTLLDNGIRGQTMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggctg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 12 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662091

LOCUS KP662092 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne xyrekes RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662092
 VERSION KP662092.1 GI:854937856
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne xyrekes
 ORGANISM Coelogyne xyrekes
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne xyrekes"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233028"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79553.1"
 /db_xref="GI:854937857"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagt
 421 gaggggctg ctatttgatt acaccatta gtttgtaagg gcttcaaccg agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttca tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 13 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662092

LOCUS KP662093 554 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fimbriata RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP662093
 VERSION KP662093.1 GI:854937858
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fimbriata
 ORGANISM Coelogyne fimbriata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne fimbriata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141728"
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="AKN79554.1"
 /db_xref="GI:854937859"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacaggta ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagt
 421 gaggggctg ctatttggtt acaccattg gtttgtaagg gcttcaaccg agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 14 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP662093

LOCUS KU219951 550 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pachystachya RNA polymerase beta' subunit (rpoC1)
 gene,partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219951
 VERSION KU219951
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pachystachya
 ORGANISM Coelogyne pachystachya
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 550)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 550)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (11-NOV-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..550
 /organism="Coelogyne pachystachya"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844059"
 /note="authority: Coelogyne pachystachya Elis.George &
 J.-C.George"
 gene <1..>550
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>550
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85058"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQCLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDMAVHVPLSLEAQAEARLLRF"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagga ttgctaaaag caagattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttaggtttt

ภาพภาคผนวกที่ 15 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219951

LOCUS KU219952 554 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schilleriana RNA polymerase beta' subunit (rpoC1)
 gene,partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219952
 VERSION KU219952
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schilleriana
 ORGANISM Coelogyne schilleriana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 554)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (11-NOV-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..554
 /organism="Coelogyne schilleriana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844061"
 /note="authority: Coelogyne schilleriana Rchb. f."
 gene <1..>554
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>554
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85059"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLMFS"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaaccg agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttatgtttt ctca

ภาพภาคผนวกที่ 16 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219952

LOCUS KU219953 555 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne velutina RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219953
 VERSION KU219953
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne velutina
 ORGANISM Coelogyne velutina
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 555)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 555)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (11-NOV-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..555
 /organism="Coelogyne velutina"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141738"
 gene <1..>555
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>555
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85060"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLCFSQ"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggga ttgctaaaag caagattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctgt ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 ctttggtttt ctcaa

ภาพภาคผนวกที่ 17 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219953

LOCUS KU219954 550 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pandurata RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene,
 partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219954
 VERSION KU219954
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pandurata
 ORGANISM Coelogyne pandurata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 550)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 550)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (11-NOV-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..550
 /organism="Coelogyne pandurata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131150"
 gene <1..>550
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>550
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85061"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPIILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDQMAVHVPLSLEAQAEARLLRF"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttcg tgagactctg
 121 cttggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tctgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacaggggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggga tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc cattttagtg
 421 gaggggctgt ctatttgttt acaccatta gtttgaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttca cgtaccttta tctttggaag ctcaagcaga agcccgttta
 541 cttaggtttt

ภาพภาคผนวกที่ 18 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219954

LOCUS KX037356 485 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lawrenceana RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037356
 VERSION KX037356
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lawrenceana
 ORGANISM Coelogyne lawrenceana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 485)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 485)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..485
 /organism="Coelogyne lawrenceana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844058"
 /note="authority: Coelogyne lawrenceana Rolfe"
gene <1..>485
 /gene="rpoC1"
CDS <1..>485
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85106"
 /translation="DNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQCLPREIAI
 ELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCK
 GFNAFDGDQMAV"
 ORIGIN
 1 tgataatggg atccgcggac aacctatgag agatgggtcat aataaagttt acaagtcatt
 61 ttccgatgta attgaaggca aagaaggaag atttcgtgag actctgcttg gtaaaccgggt
 121 cgattattcg gggcgttccg tcattgtcgt gggtcctttg ctttcattac atcaatgtgg
 181 attacctcga gaaatagcaa tagagctctt ccaaacattt gtaattcgtg gtctaatacag
 241 acaagatggt gcttctaaca cagggattgc taaaagcaaa attcgggaaa aagaacctat
 301 tgtatgggaa atccttcaag aagtgatgca gggcatcct gtattgttga atagagcgcc
 361 caccctgcat agattaggtg tacagcgctt ccaaccatt ttagtggagg ggcgtgctat
 421 ttgtttacac ccattagttt gtaagggcct caacgcagac tttgatgggg atcaaatggc
 481 tgttc

ภาพภาคผนวกที่ 19 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037356

LOCUS KX037360 484 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne assamica RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037360
 VERSION KX037360
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne assamica
 ORGANISM Coelogyne assamica
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 484)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 484)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..484
 /organism="Coelogyne assamica"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844057"
 /note="authority: Coelogyne assamica Linden & Rchb. f."
 gene <1..>484
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>484
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85110"
 /translation="DNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQCLPREIAI
 ELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLHPLVCK
 GFNAFDGDQMAV"
 ORIGIN
 1 gataatggga tccgcggaca acccatgaga gatggtcata ataaagtta caagtcatt
 61 tccgatgtaa ttgaaggcaa agaaggaaga tttcgtgaga ctctgcttg taaacgggtc
 121 gattattcgg ggcgttccgt cattgtcgtg ggtcctttgc tttcattaca tcaatgtgga
 181 ttacctcgag aaatagcaat agagctcttc caaacatttg taattcgtgg tctaatacaga
 241 caagatggtg cttctaacac agggattgct aaaagcaaaa ttcgggaaaa agaaccatt
 301 gtatgggaaa tccttcaaga agtgatecag gggcatcctg tattgtgaa tagagcgcc
 361 accctgcata gattaggtat acaggcgttc caaccattt tagtggagg gctgtgctatt
 421 tgtttacacc cattagtttg taaggccttc aacgcagact ttgatgggga tcaaatggct
 481 gtcc

ภาพภาคผนวกที่ 20 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037360

LOCUS KX037361 463 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne asperata RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037361
 VERSION KX037361
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne asperata
 ORGANISM Coelogyne asperata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 463)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 463)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..463
 /organism="Coelogyne asperata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131148"
 gene <1..>463
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>463
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85111"
 /translation="KSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDYSGRSVIVVGPLLSLHQGLPREIAIELFQTFVIRGLIRQDVA
 SNTGIAKSKIREKEPIVWEILQKVMRGPVLLNRAPPLHILGIRAFPPILLEGRAIWLHPLICKGFNADFDGDQMAVHVPI
 SLEARA"
 ORIGIN
 1 acaagtcatt ttccgatgta attgaaggca aagaaggaag atttcgtgag actctgcttg
 61 gtaaaccggg cgattattcg gggcgttccg tcattgtcgt gggtccttgg ctttcattac
 121 atcaatgtgg attacctcga gaaatagcaa tagagctctt ccaaacattt gtaattcgtg
 181 gtctaatacag acaagatggt gcttctaaca cagggattgc taaaagcaaa attcgggaaa
 241 aagaacccat tgtatgggaa atccttcaaa aagtgatgcg ggggcatcct gtattgttga
 301 atagagcccc cccctgcat atattaggtg tacgggctgt cccccccatt ttgctggagg
 361 ggcggtgctat ttggttacac cattaattt gtaagggtt caacgcagac tttgatgggg
 421 atcaaatggc tgttcacgta cctatatcct tgggaagctcg agc

ภาพภาคผนวกที่ 21 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037361

LOCUS KX037357 499 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne speciosa RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037357
 VERSION KX037357
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne speciosa
 ORGANISM Coelogyne speciosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..499
 /organism="Coelogyne speciosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233029"
 /note="authority: Coelogyne speciosa Lindley"
 gene <1..>499
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>499
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85107"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSIVVGGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDMQAV"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tctttcaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgcttct aacacagggg tggtctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttc

ภาพภาคผนวกที่ 22 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037357

LOCUS KX037358 499 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pulverula RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037358
 VERSION KX037358
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pulverula
 ORGANISM Coelogyne pulverula
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..499
 /organism="Coelogyne pulverula"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844060"
 /note="authority: Coelogyne pulverula Teijsm. & Binn."
 gene <1..>499
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>499
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85108"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVKYKSFSDVIEGKEGRFRETLLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQCGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHPVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFDGDMQAV"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaaccca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtcttct aacacagggga ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttgttt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttc

ภาพภาคผนวกที่ 23 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037358

LOCUS KX037359 499 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schultesii RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KX037359
 VERSION KX037359
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schultesii
 ORGANISM Coelogyne schultesii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 499)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (09-APR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..499
 /organism="Coelogyne schultesii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844062"
 /note="authority: Coelogyne schultesii S.K.Gen & S.Das"
 gene <1..>499
 /gene="rpoC1"
 CDS <1..>499
 /gene="rpoC1"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="RNA polymerase beta' subunit"
 /protein_id="ANC85109"
 /translation="VDTLLDNGIRGQPMRDGHNKVYKSFSDVIEGKEGRFRETLGKRVDSGRSVIVVGPLLSLHQGLP
 REIAIELFQTFVIRGLIRQDVASNTGIAKSKIREKEPIVWEILQEVMQGHVLLNRAPTLHRLGIQAFQPILVEGRAICLH
 PLVCKGFNADFQMAV"
 ORIGIN
 1 gtggatacac ttcttgataa tgggatccgc ggacaacca tgagagatgg tcataataaa
 61 gtttacaagt cattttccga tgtaattgaa ggcaaagaag gaagatttgc tgagactctg
 121 ctgggtaaac gggtcgatta ttcggggcgt tccgtcattg tcgtgggtcc tttgctttca
 181 ttacatcaat gtggattacc tcgagaaata gcaatagagc tcttccaaac atttgtaatt
 241 cgtgggtctaa tcagacaaga tgttgtcttct aacacaggta ttgctaaaag caaaattcgg
 301 gaaaaagaac ccattgtatg ggaaatcctt caagaagtga tgcaggggca tcctgtattg
 361 ttgaatagag cgcccaccct gcatagatta ggtatacagg cgttccaacc catttttagtg
 421 gaggggcgtg ctatttggtt acaccatta gtttgtaagg gcttcaacgc agactttgat
 481 ggggatcaaa tggctgttc

ภาพภาคผนวกที่ 24 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KX037359

LOCUS KU219955 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne viscosa ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219955
 VERSION KU219955
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne viscosa
 ORGANISM Coelogyne viscosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne viscosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1508132"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit"
 /protein_id="ANC85062"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcctggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttggt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacaaaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaatcc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 25 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219955

LOCUS KU219956 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne lentiginosa ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
chloroplast.

ACCESSION KU219956
VERSION KU219956
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne lentiginosa
ORGANISM Coelogyne lentiginosa
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne lentiginosa"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1674455"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85063"

/translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 26 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219956

LOCUS KU219957 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne calcicola ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219957
 VERSION KU219957
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne calcicola
 ORGANISM Coelogyne calcicola
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne calcicola"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674452"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85064"

 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 27 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219957

LOCUS KU219958 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lactea ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
 large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219958
 VERSION KU219958
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lactea
 ORGANISM Coelogyne lactea
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne lactea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674454"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85065"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAAESSTGTWTT
 VWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcctggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacaaaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaatcc acaaccattt atgcgttgg

ภาพภาคผนวกที่ 28 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219958

LOCUS KU219959 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fuscescens ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219959
 VERSION KU219959
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fuscescens
 ORGANISM Coelogyne fuscescens
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne fuscescens"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1097180"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85066"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag cgggggttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcctggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 29 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219959

LOCUS KU219960 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne barbata ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219960
 VERSION KU219960
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne barbata
 ORGANISM Coelogyne barbata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee, P., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta, T., Thanananta, N. and Hongtongdee, P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne barbata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141721"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85067"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 30 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219960

LOCUS KU219961 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne cumingii ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
chloroplast.

ACCESSION KU219961
VERSION KU219961
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne cumingii
ORGANISM Coelogyne cumingii
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne cumingii"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:907953"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85068"

/translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag cgggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttaggc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 31 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219961

LOCUS KU219961 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne cumingii ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219961
 VERSION KU219961
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne cumingii
 ORGANISM Coelogyne cumingii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne cumingii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:907953"
gene <1..>639
 /gene="rbcL"
CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85068"

 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag cgggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 31 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219961

LOCUS KU219962 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne trinervis ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219962
 VERSION KU219962
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne trinervis
 ORGANISM Coelogyne trinervis
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne trinervis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141736"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85069"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 32 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219962

LOCUS KU219963 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne rochusseni ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
chloroplast.

ACCESSION KU219963
VERSION KU219963
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne rochusseni
ORGANISM Coelogyne rochusseni
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne rochusseni"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1674457"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85070"

/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLYTTPHYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctca ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 33 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219963

LOCUS KU219964 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne brachyptera ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219964
 VERSION KU219964
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne brachyptera
 ORGANISM Coelogyne brachyptera
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne brachyptera"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674451"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85071"

 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVMNFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 34 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219964

LOCUS KU219965 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne nitida ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
 large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU219965
 VERSION KU219965
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne nitida
 ORGANISM Coelogyne nitida
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne nitida"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:466244"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85072"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAAESSTGTWTT
 VVTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcctggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagctctga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatacct tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt atggtcgtcc cctattggga tgtactatta aacaaaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaatcc acaaccattt atgcgttgg

ภาพภาคผนวกที่ 35 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219965

LOCUS KU219966 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne xyrekes ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219966
 VERSION KU219966
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne xyrekes
 ORGANISM Coelogyne xyrekes
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne xyrekes"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233028"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85073"

 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggttaggc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaaa
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 36 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219966

LOCUS KU219967 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne eberhardtii ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219967
 VERSION KU219967
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne eberhardtii
 ORGANISM Coelogyne eberhardtii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne eberhardtii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141727"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate .
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85074"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEDNQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggtagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaca atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 37 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219967

LOCUS KU219968 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fimbriata ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219968
 VERSION KU219968
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fimbriata
 ORGANISM Coelogyne fimbriata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee, P., Thanananta, T. and Thanananta, N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta, T., Thanananta, N. and Hongtongdee, P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne fimbriata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141728"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85075"
 /translation="SPQTEKAGVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVMNFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaggcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaagg tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 38 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219968

LOCUS KU219969 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne pachystachya ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial
cds;chloroplast.

ACCESSION KU219969
VERSION KU219969
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne pachystachya
ORGANISM Coelogyne pachystachya
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using
DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne pachystachya"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1844059"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85076"

/translation="SPQTETKASVGFKAGVKDYKLYTTPHYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRCHIEAVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctca ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggttaggc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 39 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219969

LOCUS KU219970 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schilleriana ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219970
 VERSION KU219970
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schilleriana
 ORGANISM Coelogyne schilleriana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne schilleriana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844061"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85077"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggttaggc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 40 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219970

LOCUS KU219971 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne velutina ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU219971
 VERSION KU219971
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne velutina
 ORGANISM Coelogyne velutina
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne velutina"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141738"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85078"

 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPHYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctca ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttgg

ภาพภาคผนวกที่ 41 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219971

LOCUS KU219972 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne pandurata ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
chloroplast.

ACCESSION KU219972
VERSION KU219972
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne pandurata
ORGANISM Coelogyne pandurata
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Thanananta,T., Thanananta,N. and Hongtongdee,P.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-DEC-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne pandurata"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:131150"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85079"

/translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRCHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgtaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacattga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
301 gcttatcctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 42 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU219972

LOCUS KU877822 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lawrenceana ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877822
 VERSION KU877822
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lawrenceana
 ORGANISM Coelogyne lawrenceana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne lawrenceana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844058"
 /note="authority: Coelogyne lawrenceana Rolfe"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85080"
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTPDYETKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAEESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEDNQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggaca atcaatatat tgcttatgta
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggctgctc cctattggga tgtactatta aacccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcggttgg

ภาพภาคผนวกที่ 43 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877822

LOCUS KU877823 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne assamica ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877823
 VERSION KU877823
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne assamica
 ORGANISM Coelogyne assamica
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne assamica"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844057"
 /note="authority: Coelogyne assamica Linden & Rchb. f."
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85081"
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTPDYETKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAEESSTGTWTT
 VWTDLGTLSDRYKGRGYHIEVVVGEDNQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt ggggaggata atcaatatat tgcttatgta
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaattt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttgg

ภาพภาคผนวกที่ 44 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877823

LOCUS KU877824 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION *Coelogyne asperata* ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877824
 VERSION KU877824
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast *Coelogyne asperata*
 ORGANISM *Coelogyne asperata*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; *Coelogyne*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among *Coelogyne* using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne asperata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131148"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85082"
 /translation="SPQTEKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgcggttagc tgccgaatct
 181 tctactgta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacattga ggtcgttgtt ggggaggaaa atcaatata tgcttatgta
 301 gcttatcctt tagaccttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtta aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggtcgtcc cctattggga tgtactatta aaccaaatt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggttaggc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttg

ภาพภาคผนวกที่ 45 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877824

LOCUS KU877825 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION *Coelogyne speciosa* ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877825
 VERSION KU877825
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast *Coelogyne speciosa*
 ORGANISM *Coelogyne speciosa*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; *Coelogyne*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among *Coelogyne* using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne speciosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233029"
 /note="authority: *Coelogyne speciosa* Lindley"
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85083"
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAESSTGTWTT
 VWTDLGTLSDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt gggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaattt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaaa
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcgttgg

ภาพภาคผนวกที่ 46 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877825

LOCUS KU877826 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pulverula ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877826
 VERSION KU877826
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pulverula
 ORGANISM Coelogyne pulverula
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..639
 /organism="Coelogyne pulverula"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844060"
 /note="authority: Coelogyne pulverula Teijsm. & Binn."
 gene <1..>639
 /gene="rbcL"
 CDS <1..>639
 /gene="rbcL"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="ribulose-1,5-bisphosphate
 carboxylase/oxygenase
 large subunit"
 /protein_id="ANC85084"
 /translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTTPDYETKDTDILAAFRVTPQPGVPEEAGAAVAESSTGTWTT
 VWTDLTSLDRYKGRCYHIEAVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
 GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRW"
 ORIGIN
 1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
 61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
 121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
 181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtcttga tcgttacaaa
 241 ggacgatgct accacatcga ggccgttgtt ggggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
 301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
 361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
 421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tocaagttga aagagataaa
 481 ttgaacaagt acggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaattt gggattatcc
 541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
 601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcggttgg

ภาพภาคผนวกที่ 47 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877826

LOCUS KU877827 639 bp DNA linear PLN 06-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne schultesii ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds;
chloroplast.

ACCESSION KU877827
VERSION KU877827
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne schultesii
ORGANISM Coelogyne schultesii
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 639)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

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

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..639
/organism="Coelogyne schultesii"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1844062"
/note="authority: Coelogyne schultesii S.K.Gen & S.Das"
gene <1..>639
/gene="rbcL"
CDS <1..>639
/gene="rbcL"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase
large subunit"
/protein_id="ANC85085"

/translation="SPQETKASVGFKAGVKDYKLYTPDYETKTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAESSTGTWTT
VWTDGLTSLDRYKGRCYHIEVVVGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQ
GPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRW"

ORIGIN
1 tcaccacaaa cagaaactaa agcaagcgtt ggatttaaag ctggtgttaa agattacaaa
61 ttgacttatt atactcctga ctacgaaacc aaagatactg atatcttggc agcattccga
121 gtaactcctc aaccgggagt tccgcctgaa gaagcggggg ctgvcgtagc tgccgaatct
181 tctactggta catggacaac tgtgtggact gatggactta ccagtctcga tcgttacaaa
241 ggacgatgct accacatcga ggtcgttgtt gggaggaaa atcaatatat tgcttatgta
301 gcttaccctt tagacctttt tgaagaaggt tctgttacta acatgtttac ttccattgtg
361 ggtaatgtat ttggtttcaa agccctgcga gctctacgtc tggaagatct acgaattccc
421 acttcttatt ccaaaacttt ccaaggtccg cctcatggca tccaagtga aagagataaa
481 ttgaacaagt acggctgctc cctattggga tgtactatta aaccaaattt gggattatcc
541 gcaaaaaact acggtagagc ggtttatgaa tgtctacggg gtggacttga ttttactaag
601 gatgatgaaa acgtaaattc acaaccattt atgcggttgg

ภาพภาคผนวกที่ 48 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877827

LOCUS KP675987 947 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: *Coelogyne viscosa* maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675987
 VERSION KP675987.1 GI:849995368
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Coelogyne viscosa*
 ORGANISM *Coelogyne viscosa*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 947)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 947)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..947
 /organism="Coelogyne viscosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1508132"
 misc_feature <1..>947
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 ttttatatt taggaacatc atcaatattt cccttttttag aggataaatt gtcacattta
 61 aattatgtgt cagatctact aataccatccat cccatccatc tggaaatcctt ggttcaaattc
 121 ctccaatgct ggatcaaaga tgtttcttct ttgcatttct tgcgattggt tttccacgaa
 181 tatcataatt tgaatagtct cattacttca aagaaatcca tttacgtctt ttcaaaaaga
 241 aagaaaagat tcttttggtt cctacataat tcttatgtat atgaatgcga atatctattc
 301 ctgtttcttc gtaaacagtc ttcttattta cgatcaatat cttctggagt cttcttgag
 361 cgaacacatt tctatggaaa aatagaatat cttatagtcg tgtgttgtaa ttcttttcag
 421 aggatcctat gggtcctcaa agatactttc atacattatg ttcgatatca aggaaaagca
 481 attctggctt caaaaaggaac tcttattctg atgaagaaat ggaaatttca tcttgtgaat
 541 ttttggaat cttattttca cttttgggtt caaccttata ggatctatat aaagcaatta
 601 cccgactatt ccttctcttt tctgggatat ttttcaagtg tactaaaaaa tccttttgta
 661 gtaagaaatc aatgctaga gaattcattt ctaataaata ctctgactaa gaaattagat
 721 accatagccc cagttatttc tcttattgga tcattgtcga aagctcaatt ttgtactgta
 781 ttgggtcatc ctattagtaa accgatctgg accgatttat cggattctga tattattgat
 841 cgattttgtc ggatatgtag aaatctttgt cgttatcaca ggggatcctc aaagaaacag
 901 gttttgtatc gtataaagta tatacttcga ctttcttggt ctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 49 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675987

LOCUS KP675988 948 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne lentiginosa maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675988
 VERSION KP675988.1 GI:849995369
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne lentiginosa
 ORGANISM Coelogyne lentiginosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Coelogyne lentiginosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674455"
 misc_feature <1..>948
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 tttatatttt tttgcaacat catcaatatt tcccttttta gaggataaat tgtcacattt
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tcccatccat ttggaaatct tggttcaaat
 121 ccttcaatgc tggatcaaag atgtttcttc tttgcatttc ttgcgattgt tttccacga
 181 atatcataat ttgaatagtc tcattacttc aaagaaatcc atttacgtct tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga ttcttttggg tcctacataa ttcttatgta tatgaatgcg aatatatatt
 301 cctgtttcct cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacacat ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttgta attcttttca
 421 taggatccta tggttcctca aagatacttt catacattat gttcgatc atcggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaagaaa tggaaatttc atcttctgaa
 541 tttttggcaa tcttattttc acttttgggt tcaaccttat aggatctata taaagcaatt
 601 acccgactat tccttctcct ttctgggata tttttcaagt gtactaaaaa atcctttggt
 661 agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctgacta agaaattaga
 721 taccatagcc ccagttattt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat tttgtactgt
 781 attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattta tgggattctg atattcttga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttgtat cgtataaagt atatactctg actttcttgt gctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 50 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675988

LOCUS KP675989 948 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: *Coelogyne calcicola* maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675989
 VERSION KP675989.1 GI:849995370
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Coelogyne calcicola*
 ORGANISM *Coelogyne calcicola*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Coelogyne calcicola"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674452"
 /note="authority: *Coelogyne calcicola* Kerr."
 misc_feature <1..>948
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 tttatattta accgaaacat catcaatatt tcccttttta gaggataaat tgtcacattt
 61 aaattatgtg tcagatctac taatacccca tcccatccat ctggaaatct tggttcaaat
 121 ccttcaatgc tggatcaaag atgtttcttc tttgcatctc ttgcgattgt ttttccacga
 181 atatcataat ttgaatagtc tccttacttc aaagaaatcc atttacgtct tttcaaaaag
 241 aaagaaaaga ttcttttggg tctacataaa ttcttatgta tatgaatgcg aatatctatt
 301 cctgtttctt cgtaaacagt cttcttattt acgatcaata tcttctggag tctttcttga
 361 gcgaacacat ttctatggaa aaatagaata tcttatagtc gtgtgttgta attcttttca
 421 gaggatccta tggttcctca aagatacttt catacattat gttcgatata aaggaaaagc
 481 aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaagaaa tggaaatttc atcttgtgaa
 541 tttttggcaa tcttattttc atttttgggt tcaaccttat aggatctata taaagcaatt
 601 acccaactat tccttctctt ttctgggata tttttcaagt gtactaaaaa atcatttggg
 661 agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctgacta agaaattaga
 721 taccatagtc ccagttattt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat ttgtactgt
 781 attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattha tgggattctg atattattga
 841 tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct caaagaaaca
 901 ggttttgtat cgtataaagt atatactctg actttcttgt gctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 51 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675989

LOCUS KP675990 945 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne lactea maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675990
 VERSION KP675990.1 GI:849995371
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne lactea
 ORGANISM Coelogyne lactea
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 945)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..945
 /organism="Coelogyne lactea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674454"
 /note="authority: Coelogyne lactea Rchb.f."
 misc_feature <1..>945
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 ttttatttag gaacatcatt caatatttcc ctttttagag gataaattgt cacatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccocatcc catccatctg gaaatcttgg ttcaaactct
 121 tcaatgctgg atcaaagatg tttcttcttt gcatttcttg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctca ttacttcaaa gaaatccatt tacgtctttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttttcagag
 421 gatactatgg ctctcaaaag ataccttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcatc ttgtgaattt
 541 ttggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atctatataa agcaattacc
 601 cgactattcc ttctcttttc tgggatattt ttcaagtgtg ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctgactaaga aattagatac
 721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggatcatct attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttattgatcg
 841 attttgcg atagttagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttcttgtgct agaac

ภาพภาคผนวกที่ 52 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675990

LOCUS KP675991 952 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: *Coelogyne fuscescens* var. *brunnea* maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675991
 VERSION KP675991.1 GI:849995372
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Coelogyne fuscescens* var. *brunnea*
 ORGANISM *Coelogyne fuscescens* var. *brunnea*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 952)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 952)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..952
 /organism="Coelogyne fuscescens var. brunnea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /variety="brunnea"
 /db_xref="taxon:1674453"
 misc_feature <1..>952
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 tttttatata taaagacgca acatcatcaa tatttccctt ttttagaggat aaattgtcac
 61 atttaaatta tgtgtcagat ctactaacat cccatcccat ccatctggaa atcttgggtc
 121 aaatccttca atgctggatc aaagatgttt cttctttgca tttcttgcca ttgtttttcc
 181 acgaatatca taatttgaat agtctcatta cttcaaagaa atccatttac gtcttttcaa
 241 aaagaaagaa aagattcttt tggttcctac ataattctta tgtatatgaa tgcgaatc
 301 tattcctggt tcttcgtaaa aagtcttctt atttacgatc aatatcttct ggagtctttc
 361 ttgagcgaac acatttctat ggaaaaatag aatatcttat agtcgtgtgt tgaattctt
 421 ttcagaggat cctatgggtc ctcaaagata ctttcataca ttatgttcga tatcaaggaa
 481 aagcaattct ggcttcaaaa ggaactctta ttctgatgaa gaaatggaaa tttcatcttg
 541 tgaatttttg gcaatcttat tttcactttt ggtttcaacc ttataggatc tatataaagc
 601 aattaccgca ctattccttc tcttttctgg gatatttttc aagtgtacta aaaaatcctt
 661 tggtagtaag aaatcaaagc ctagagaatt catttctaataaataactctg actaagaaat
 721 tagataccat agcccagtt atttctctta ttggatcatt gtcgaaagct caattttgta
 781 ctgtattggg tcatcctatt agtaaaccga tctggaccga tttatcggat tctgatatta
 841 ttgatcgatt ttgtcggata tgtagaaatc tttgtcgtta tcacagcgga tcctcaaaga
 901 aacagggttt gtatcgtata aagtatatac ttcgactttc ttgtgctaga ac

ภาพภาคผนวกที่ 53 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675991

LOCUS KP675992 950 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: *Coelogyne barbata* maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675992
 VERSION KP675992.1 GI:849995373
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Coelogyne barbata*
 ORGANISM *Coelogyne barbata*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 950)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 950)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..950
 /organism="Coelogyne barbata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141721"
 /note="authority: *Coelogyne barbata* Lindl. ex Griff."
 misc_feature <1..>950
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 tttatatatt tacagcgcac atcatcaata tttccctttt tagaggataa attgtcacat
 61 ttaaattatg tgtcagattt actaatacc catccatcc atctggaat ctgggttcaa
 121 atccttcaat gctggatcaa agatgtttct tctttgcatt tcttgcgatt gtttttccac
 181 gaatatcata atttgaatag tctccttact tcaaagaaat ccatttacgt cttttcaaaa
 241 agaaagaaaa gattcttttg gttcctacat aattcttatg tatatgaatg cgaatatcta
 301 ttcctgtttc ttcgtaaaca gtcttcttat ttacgatcaa tatcttctgg agtctttctt
 361 gagcgaacac atttctatgg aaaaatagaa tatcttatag tcgtgtgttg taattctttt
 421 cagaggatcc tatggttccct caaagatact ttcatacatt atggttcgata tcaaggaaaa
 481 gcaattctgg cttcaaaagg aactcttatt ctgatgaaga aatggaaatt tcatcttgtg
 541 aatttttggc aatcttattt tcatttttgg tttcaacctt ataggatcta tataaagcaa
 601 ttaccact acttcttctc ttttctggga ttttttcaa gtgtactaaa aaatcatttg
 661 gtagtaagaa atcaaatgct agagaattca tttctaataa atactctgac taagaaatta
 721 gataccatag tcccagttat ttctcttatt ggatcattgt cgaaagctca attttgact
 781 gtattgggtc atcctattag taaaccgatc tggaccgatt tatcggattc tgatattatt
 841 gatcgatttt gtcggatatg tagaaatctt tgcgttatc acagcggatc ctcaaagaaa
 901 cagggttttgt atcgtataaa gtatatacta cgactttctt gtgctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 54 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675992

LOCUS KP675993 947 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: *Coelogyne cumingii* maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675993
 VERSION KP675993.1 GI:849995374
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast *Coelogyne cumingii*
 ORGANISM *Coelogyne cumingii*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 947)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 947)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..947
 /organism="Coelogyne cumingii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:907953"
 misc_feature <1..>947
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 ttatattatc agcggagtat catcaatatt tcccttttag aggataaatt gtcacattta
 61 aattatgtga cagatctact aataccat cccatccatc tggaaatcctt ggttcaaatt
 121 ctcaatgct ggatcaaaga tgtttcttct ttgcatttct tgcgattggt tttccacgaa
 181 tatcataatt tgaatagtct cattacttca aagaaatcca tttacgtctt ttcaaaaaga
 241 aagaaaagat tcttttggtt cctacataat tcttatgtat atgaatgcga atatctattc
 301 ctgtttcttc gtaaacagtc ttcttattta cgatcaatat cttctggagt cttcttgag
 361 cgaacacatt tctatggaaa aatagaatat cttatagtcg tgtgttgtaa ttattttcag
 421 aggatcctat gggtcctcaa agatactttc atacattatg ttcgatatca aggaaaagca
 481 attctggctt caaaaaggaac tcttattctg atgaagaaat ggaaatttca tcttctggaat
 541 ttttggaat cttattttca cttttgggtt caaccttata ggatctatat aaagcaatta
 601 cccaactatt cttctctttt tctgggatat tttcaagtg tactaaaaaa tcttttggtta
 661 gtaagaaatc aatgctaga gaattcattt ctaataaata ctctgactaa gaaattagat
 721 accatagccc cagttatttc tcttattgga tcatgtcga aagctcaatt ttgtactgta
 781 ttgggtcatc ctattagtaa accgatctgg accgatttat cggattctga tattattgat
 841 cgattttgtc ggatattgtag aaatctttgt cgttatcata ggggatccat ctagaaacag
 901 gttttgtatc gtataaagta tatacttcga cttctttgtg ctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 55 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675993

LOCUS KP675994 948 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne trinervis maturase K-like gene, partial
 sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675994
 VERSION KP675994.1 GI:849995375
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne trinervis
 ORGANISM Coelogyne trinervis
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyninae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using
 DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 948)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..948
 /organism="Coelogyne trinervis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141736"
 misc_feature <1..>948
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 taatttacca gaacattcat tcaatatttc cctttttaga ggataaattg tcacatttaa
 61 attatgtgtc agatctacta atacccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc
 121 ttcaatgctg gatcaaagat gtttcttctt tgcatttctt gcgattgttt ttccacgact
 181 atcataattt gaatagtctc attacttcaa agaaatccat ttacgtcttt tcaaaaagaa
 241 agaaaagatt cttttggttc ctacataatt cttatgtata tgaatgcgaa tatctattcc
 301 tttttcttcg taaacagtct tcttatttac gatcaatc tcttgagtc ttcttgagc
 361 gaacacattt ctatggaaaa atagaatc ttatagtcgt gtggtgtaat tcttttcaga
 421 ggatactatg gttcctcaaa gatactttca tacattatgt tcgatatcaa ggaaaagcaa
 481 ttctggcttc aaaaggaact cttattctga tgaagaaatg gaaattcat cttgtgaatt
 541 tttggcaatc ttattttcac ttttggttc aaccttatag gatctatata aagcaattac
 601 ccgactatc cttctctttt ctgggatatt tttcaagtgt actaaaaaat ctttggtag
 661 taagaaatca aatgctagag aattcatttc taataaatac tctgactaag aaattagata
 721 coatagccc agttatttct cttattggat cattgtcgaa agctcaattt tgtactgat
 781 tgggtcatcc tattagtaaa ccgatctgga ccgatttctc ggattctgat attattgatc
 841 gattttgtcg gatattgtag aatcctttgtc gttatcacag cggatcctca aagaaacagg
 901 ttttgtatcg gataaagtat atacttcgac cttctgtggc tagacaaa

ภาพภาคผนวกที่ 56 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675994

LOCUS KP675995 946 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne nitida maturase K-like gene, partial
 sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675995
 VERSION KP675995.1 GI:849995376
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne nitida
 ORGANISM Coelogyne nitida
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 946)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using
 DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 946)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..946
 /organism="Coelogyne nitida"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:466244"
 /note="authority: Coelogyne nitida (Wall.Mss.)"
 misc_feature <1..>946
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 tttatatttt cgcacatcat caatatttcc ctttttagag gataaattgt cacatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccocatcc catccatttg gaaatcttgg ttcaaattcct
 121 tcaatgctgg atcaaagatg tttcttcttt gcatttcttg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctca ttacttcaaa gaaatacatt tacgtctttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atatattcct
 301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttttcatag
 421 gatcctatgg ttcctcaaa atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaagaaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcatc ttgtgaattt
 541 ttggcaatct tattttcact tttggttca accttatagg atctatataa agcaattacc
 601 caactattcc ttctcttttc tgggatattt ttcaagtgtg ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctgactaaga aattagatac
 721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggatcatct attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttcttgatcg
 841 attttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcta aaaaacaagg
 901 ttttgattcg tataaagata tacttccgac tttcttgtgc tagaac

ภาพภาคผนวกที่ 57 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675995

LOCUS KP675996 952 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne rochusseni maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675996
 VERSION KP675996.1 GI:849995377
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne rochusseni
 ORGANISM Coelogyne rochusseni
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 952)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 952)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..952
 /organism="Coelogyne rochusseni"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674457"
 misc_feature <1..>952
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 aggtttaatt tagggacatt cattcaatat ttcccttttt agaggataaa ttatcacatt
 61 taaattatgt gtcagatcct actaataccc catcccatcc atctggaaat cttggttcaa
 121 atccttcaat gctggatcaa agatgtttct tctttgcatt tcttgcgatt gttttccac
 181 gaatatcata atttgaatag tctcattact tcaaagaaat ccatttacct cttttcaaaa
 241 agaaagaaaa gattccttttg gttcctacat aattcctatg tatatgaatg cgaatatcta
 301 ttctgtttc ttcgtaaaca gtcttcttat ttacgatcaa tatcttctgg agtctttctt
 361 gagcgaacac atttctatgg aaaaatagaa tatcttatag tctgtgtgtg caattctttt
 421 cagaggatcc tatggttcct caaagatact ttcatacatt atgttcgata tcaaggaaaa
 481 gcaattctgg cttcaaaagg aactccttatt ctgatgaaga aatggaaatt tcatcttgtg
 541 aatttttggc aatccttatt tcatttttgg tttcaacctt ataggatcta tataaagcaa
 601 ttaccaact attccttctc ttttctggga tatttttcaa gtgtactaaa aaatccttgg
 661 gtagtaagaa atcaaatggt agagaattca tttctaataa atactctgac taataaatta
 721 gataccatag tcccagttat ttctcttatt ggatcattgt cgaaagctca atttgtact
 781 gtattgggtc atcctattag taaaccgatc tggaccgatt tatcggattc tgatattatt
 841 gatcgatttt gtcggatag tagaaatcct tgtcgttatac acagcggatc ctcaaagaaa
 901 tcaggttttg tatcgtataa agtatatact ttcgactttc ttgtgctaga ac

ภาพภาคผนวกที่ 58 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675996

LOCUS KP675997 949 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne brachyptera maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675997
 VERSION KP675997.1 GI:849995378
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne brachyptera
 ORGANISM Coelogyne brachyptera
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 949)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 949)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..949
 /organism="Coelogyne brachyptera"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674451"
 /note="authority: Coelogyne brachyptera Rchb.f."
 misc_feature <1..>949
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 ttttattatt tttcggaaaca tcatcaatat ttcccttttt agaggataaa ttgtcacatt
 61 taaattatgt gtcagatcta ctaatacccc atcccatcca ttgggaaatc ttggttcaaa
 121 tccttcaatg ctggatcaaa gatgtttctt ctttgcattt cttgcgattg tttttccacg
 181 aatatcataa tttgaatagt ctcattactt caaagaaatc catttacgtc ttttcaaaaa
 241 gaaagaaaag attccttttg ttoctacata attccttatgt atatgaatgc gaatatatat
 301 tcctgtttct tcgtaaacag tcttcttatt tacgatcaat atcttctgga gtctttcttg
 361 agcgaacaca tttctatgga aaaatagaat atcttatagt cgtgtgtgtg aattcttttc
 421 ataggatcct atggttctct aaagataact tcatacatta tgttcgatat caaggaaaag
 481 caattctggc ttcaaaagga actcttattc tgatgaagaa atggaaatc catcttgtga
 541 atttttgca atcttatttt cacttttggg ttcaacctta taggatctat ataaagcaat
 601 tacccgacta ttcttctct tttctgggat atttttcaag tgtactaaaa aatcctttgg
 661 tagtaagaaa tcaaatgcta gagaatcoat ttctaataaa tactctgact aagaaattag
 721 ataccatagc cccagttatt tctcttattg gatcattgtc gaaagctcaa ttttgactg
 781 tattgggtca tcctattagt aaaccgatct ggaccgattt atcggattct gatattcttg
 841 atcgattttg tcggatatgt agaaatcttt gtcgttatca cagcggatcc tcaagaaac
 901 aggttttgta tcgaataaag tatatacttc gactttcttg tgctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 59 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675997

LOCUS KP675998 944 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne eberhardtii maturase K-like gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675998
 VERSION KP675998.1 GI:849995379
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne eberhardtii
 ORGANISM Coelogyne eberhardtii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 944)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 944)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.

 ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..944
 /organism="Coelogyne eberhardtii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141727"
 misc_feature <1..>944
 /note="similar to maturase K; matK"
 ORIGIN
 1 ttaaatttgc gggacatcat caatatttcc ctttttagag gataaattgt cacatttaaa
 61 ttatcgtgtc agatctacta ataccccatc ccatccatct ggaaatcttg gttcaaatcc
 121 ttcaatgctg gatcaaagat gtttcttctt tgcatttctt gcgattgttt ttccacgaat
 181 atcataattt gaatagtctc attacttcaa agaaatccat ttacgtcttt tcttaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttctg aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct ttcttgagcg
 361 aaccatttcc tatggaaaaa taaaatatct tatagtcgtg tgttgtaatc cttttcatag
 421 gatcctatgg ttcctcaaag atacttcoat acattatggt cgatttcctt gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcac tcttggaattt
 541 ttggcaatct tattttcact tttggtttct accttatagg atccacataa agcactcacc
 601 agactattcc ttctcttttc tgggatattt ttcaagtgta ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 acgaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctgactatga aattagatac
 721 cataagcccc agttatttct cttattggtc attgtcgaaa gctcattttg tactgtatcg
 781 gcgtcatcct attagtaaac cgatctgcat cgatttatcg gatgctgata tcattgatca
 841 ctgttgtctg agatgtagag tcattgtcct tatcacagcg taccctgaga gaaaccaggc
 901 ttgtgtcggg taatgatgat acttcgactt tcttgtgcta gaac

ภาพภาคผนวกที่ 60 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675998

LOCUS KP675999 944 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne xyrekes maturase K-like gene, partial
 sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP675999
 VERSION KP675999.1 GI:849995380
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne xyrekes
 ORGANISM Coelogyne xyrekes
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 944)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using
 DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 944)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..944
 /organism="Coelogyne xyrekes"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233028"
 misc_feature <1..>944
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 tttaaattta ggacatcatc aatatttccc ttttagagga taaattgtca catttaaatt
 61 atgtgtcaga tctactaata ccccatccca tccatctgga aatcttggtt caaatccttc
 121 aatgctggat caaagatggt tcttctttgc atttcttgcg attgttttc cacgaatatc
 181 ataatttgaa tagtctcatt acttcaaata aatccattta cgtcttttca aaaagaaaga
 241 aaagattcct ttggttccta cataattcct atgtatatga atgcgaatat ctattcctgt
 301 ttcttcgtaa acagtcttct tatttacgat caatatcttc tggagtcttt ctgagcgaa
 361 cacatttcta tggaaaaata gaatatctta tagtcgtgtg ttgtaattct tttcagagga
 421 tcctatgggt cctcaaagat actttcatc attatgttcg atatcaagga aaagcaattc
 481 tggcttcaaa aggaactcct attctgatga agaaatggaa atttcatctt gtgaattttt
 541 ggcaatctta ttttactttt tggtttcaac cttataggat ctatataaag caattaccg
 601 actattcctt ctcttttctg ggatattttt caagtgtact aaaaaatcct ttggtagtaa
 661 gaaatcaaat gctagagaat tcatttctaa taaatactct gactaagaaa ttgatacca
 721 tagccccagt tatttctctt attggatcat tgctgaaagc taaattttgt actgtattgg
 781 gtcacatctat tagtaaaccg atctggaccg atttatcgga ttctgatatt attgatcgat
 841 tttgtcggat atgtagaat ctttgtcggt atcacagcgg atcctcaagg aacaggatg
 901 aaggccgatg taagtatgta cgtccgactt tcttgtgcta gaac

ภาพภาคผนวกที่ 61 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP675999

LOCUS KP676000 950 bp DNA linear PLN 11-APR-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne fimbriata maturase K-like gene, partial
 sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP676000
 VERSION KP676000.1 GI:849995381
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne fimbriata
 ORGANISM Coelogyne fimbriata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 950)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationship analysis of Coelogyne using
 DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 950)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand

COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
 provided by the submitter.

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

FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..950
 /organism="Coelogyne fimbriata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141728"
 misc_feature <1..>950
 /note="similar to maturase K; matK"

ORIGIN
 1 tttaaaaaat tttaaaagca acacatcata tttccctttt tagaggataa attgtcacat
 61 ttaaattatg tgtcagatct actaataccc catcccatcc atctggaaat cttggttcaa
 121 atccttcaat gctggatcaa agatgtttct tctttgcatt tcttgcgatt gttttccac
 181 gaatatcata atttgaatag tctccttact tcaaagaaat ccatttacct cttttcaaaa
 241 agaaagaaaa gattcctttg gttcctacat aattcctatg tatatgaatg cgaatatcta
 301 ttctgtttc ttcgtaaaca gtcttcttat ttacgatcaa tatcttctgg agtctttctt
 361 gagcgaacac atttctatgg aaaaatagaa tatcttatag tCGTGTGTTG taattctttt
 421 cagaggatcc tatggttcct caaagatact ttcatacatt atgttcgata tcaaggaaaa
 481 gcaattctgg cttcaaaagg aactcttatt ctgatgaaga aatggaaatt tcatcttgtg
 541 aatttttggc aatcttattt tcatttttgg tttcaacctt ataggatcta tataaagcaa
 601 ttaccaact attccttctc ttttctggga tatttttcaa gtgtactaaa aaataatttg
 661 gtagtaagaa atcaaatgct agagaattca tttctaataa atactctgac taagaaatta
 721 gataccatag tcccagttat ttctcttatt ggatcattgt cgaaagctca atttgttact
 781 gtattgggtc atcctattag taaaccgatc tggaccgatt tatcagattc tgatattatt
 841 gatcgatttt gtcggatag tagaaatcct tgtcgttatac acagcggatc ctcaaagaaa
 901 caggttttgt atcgtataaa gtatataactt cgactttctt gtgctagaac

ภาพภาคผนวกที่ 62 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP676000

LOCUS KU877838 610 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pachystachya maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877838
 VERSION KU877838.1 GI:1026260831
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pachystachya
 ORGANISM Coelogyne pachystachya
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 610)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 610)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..610
 /organism="Coelogyne pachystachya"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844059"
 /note="authority: Coelogyne pachystachya Elis.George & J.-C.George"
 gene <1..>610
 /gene="matK"
 CDS <1..>610
 /gene="matK"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85096.1"
 /db_xref="GI:1026260832"
 /translation="SFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAILASKGTLIIMKKWKFHLVNF
 WQSYFHFQPYRIYIKQLPNYSFSFLGYFSSVLKNPLVVRNQMLENSFLINTLTKKL
 DTIVPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSDI DRFCRICRNLCRYHSGSS
 KKQVLYRIKIYILRLSCARTLARKHKSTVVRTFMRRLGSGFLEE"
 ORIGIN
 1 attcttttca gaggatccta tggttcctca aagatacttt catacattat gttcgatc
 61 aaggaaaagc aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaagaaa tggaaatttc
 121 atcttgtaga tttttggcaa tcttattttc acttttggtt tcaaccttat aggatctata
 181 taaagcaatt acccaactat tccttctctt ttctgggata tttttcaagt gtactaaaaa
 241 atcctttggt agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctgacta
 301 agaaattaga taccatagtc ccagttatct ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat
 361 tttgtactgt attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattta tcggattctg
 421 atattattga tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcggtatcac agcggatcct
 481 caaagaaaca ggttttgtat cgtataaagt atatacttcg actttcgtgt gctagaactt
 541 tggctcgtaa acataaaaagt acagtacgca cttttatgcg aagattaggt tcgggattct
 601 tagaagaatt

ภาพภาคผนวกที่ 63 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877838

LOCUS KU877839 567 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schilleriana maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877839
 VERSION KU877839.1 GI:1026260833
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schilleriana
 ORGANISM Coelogyne schilleriana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 567)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 567)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..567
 /organism="Coelogyne schilleriana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844061"
 /note="authority: Coelogyne schilleriana Rchb.f."
 gene <1..>567
 /gene="matK"
 CDS <1..>567
 /gene="matK"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85097.1"
 /db_xref="GI:1026260834"
 /translation="KKWKFHLVNFWQSYFHFWFQPYRIYIKQLPDYSFSFSLGYFSSVL
 KNPLVVRNQMLENSFLINTLTKKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDL
 SDSDIIDRFRCICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLSCARTLARKHKSTVRTFMRR
 LGSGFLEEFFLEEEQSLSLIFLQKIPFL"
 ORIGIN
 1 gaagaaatgg aaatttcac tttggaattt ttggcaatct tattttcact tttggtttca
 61 accttatagg atctatataa agcaattacc cgactattcc ttctcttttc tgggatattt
 121 ttcaagtgta ctaaaaaatc ctttggtagt aagaaatcaa atgctagaga attcatttct
 181 aataaatact ctgactaaga aattagatag catagcccca gttatttctc ttattggatc
 241 attgtcgaaa gctcaatctt gtactgtatt gggatcactc attagtaaac cgatctggac
 301 cgattttatcg gattctgata ttattgatcg attttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg
 361 ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact
 421 ttcgtgtgct agaactttgg ctcgtaaaaca taaaagtaca gtacgcactt ttatgcaag
 481 attaggttcg ggattcttag aagaattttt tttggaagaa gaacaatctc tttctttaat
 541 ctctctccaa aaaatacctt ttctttt

ภาพภาคผนวกที่ 64 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877839

LOCUS KU877840 739 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne velutina maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877840
 VERSION KU877840.1 GI:1026260835
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne velutina
 ORGANISM Coelogyne velutina
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 739)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 739)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..739
 /organism="Coelogyne velutina"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141738"
 gene <1..>739
 /gene="matK"
 CDS <1..>739
 /gene="matK"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85098.1"
 /db_xref="GI:1026260836"
 /translation="SFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAILASKGTLILMKKWKFHLVNF
 WQSYFHFWFQPYRIYIKQLPNYSFSLGYPVSKNPLVVRNQMLENSFLINTLTKKL
 DTIVPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDDI IDRFRCICRNLCRYHSGSS
 KKQVLYRIKIYILRLSCARTLARKHKSTVVRTFMRRLGSGFLEEFFLEEEQSLSLIFLQK
 IPFLHLGHRERIWYLDIIRINDLVDHS"
 ORIGIN
 1 attcttttca gaggatccta tggttcctca aagatacttt catacattat gttcgatc
 61 aaggaaaagc aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaagaaa tggaaatttc
 121 atcttgtgaa tttttggcaa tcttatttct acttttgggt tcaaccttat aggatctata
 181 taaagcaatt acccaactat tccttctctt ttctgggata tttttcaagt gtactaaaaa
 241 atccttttgg agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctgacta
 301 agaaattaga taccatagtc ccagttattt ctcttattgg atcattgtcg aaagctcaat
 361 tttgtactgt attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattta tcggattctg
 421 atattattga tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcgttatcac agcggatcct
 481 caaagaaaca ggttttgtat cgtataaagt atatacttcg actttcgtgt gctagaactt
 541 tggctcgtaa acataaaaagt acagtacgca cttttatgcg aagattagggt tcgggattct
 601 tagaagaatt ttttttggaa gaagaacaat ctctttcttt aatcttcctc caaaaaatac
 661 cttttctttt acacggatta catagagaac gtatttgga tttggacatt atccgatca
 721 atgatctggt ggatcattc

ภาพภาคผนวกที่ 65 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877840

LOCUS KU877841 523 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pandurata maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877841
 VERSION KU877841.1 GI:1026260837
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pandurata
 ORGANISM Coelogyne pandurata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 523)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 523)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..523
 /organism="Coelogyne pandurata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131150"
 gene <1..>523
 /gene="matK"
 CDS <1..>523
 /gene="matK"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85099.1"
 /db_xref="GI:1026260838"
 /translation="LWFLKDTFIHYVRYQGKAILASKGTLILMKKWKFHLVNFWSYF
 HFWFQPYRIYIKQLPNYSFSLGYFSSVLKNPLVERNQMLENSFIINTLTNKLDTIVP
 VISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSESDIIDRFRCICRNLCRYHSGSSKKQVL
 YRIKYILRLSWART"
 ORIGIN
 1 tcctatggtt cctcaaagat acttttcatac attatgttcg atatcaagga aaagcaattc
 61 tggcttcaaa aggaactcct attctgatga agaaatggaa atttcatcct gttaattttt
 121 ggcaatctta ttttcacttt tggtttcaac cttataggat ctatataaag caattaccca
 181 actattcctt ctcttttctg ggatattttt caagtgtact aaaaaatcct ttggtagaaa
 241 gaaatcaaat gctagagaat tcatttataa taaatactct gactaataaa ttagatacca
 301 tagtcccagt tatttctcct attggatcat tatcgaaagc tcaattttgt actgtattgg
 361 gtcacacctat tagtaaacca atctggaccg atttatcgga gtctgatatt attgatcgat
 421 tttgtcggat atgtagaaat ctttgcggtt atcacagcg atcctcaaag aacagggttt
 481 tgtatcgtat aaagtatata cttcgacttt cttgggctag aac

ภาพภาคผนวกที่ 66 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877841

LOCUS KU877842 933 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lawrenceana maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877842
 VERSION KU877842.1 GI:1026260839
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lawrenceana
 ORGANISM Coelogyne lawrenceana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..933
 /organism="Coelogyne lawrenceana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844058"
 /note="authority: Coelogyne lawrenceana Rolfe"
 gene <1..>933
 /gene="matK"
 CDS <1..>933
 /gene="matK"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85100.1"
 /db_xref="GI:1026260840"
 /translation="NLRSIHSIFPFLEDKLSHLNYSVDLLIPHPHLEILVQILQCWI
 KDVSSLHFLRLFFHEYHNLNLSLITSKKSIIYVFSKRKRFRFWFLHNSYVYECEYLFLFL
 RKQSSYLRSSISGVFLERLTHFYGKIEYLIVCCNSFHRLWLKDTFIHVRYQGKAI
 LASKGTLILMKKWFHLVNFQSYFHFQPYRIYIKQLPDYSFSFLGYFSSVLKNPL
 VVRNQMLENLINTLTKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSD
 IIDRFRCICRNLCRYHSGSKKQVLYRIKIYILRLS"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattgt cacatttaaa
 61 ttatgtgtoa gatctactaa taccatccatcc catccatctg gaaatcttgg ttoaatcct
 121 tcaatgctgg atcaaagatg tttcttcttt gcatttcttg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctca ttacttcaaa gaaatccatt tacgtctttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataatc ttatgtatat gaatcgaat atctattcct
 301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct tcttgagcg
 361 aacacatttc tatgaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttttcatag
 421 gatcctatgg ttcctcaaag ataccttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcatc ttgtgaattt
 541 ttggcaatct tatttctact tttggtttca accttatagg atctatataa agcaattacc
 601 cgactattcc ttctcttttc tgggatattt ttcaagtgta ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctgactaaga aattagatac
 721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggatcattc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttattgatcg
 841 atttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tacttcgact ttc

ภาพภาคผนวกที่ 67 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877842

LOCUS KU877843 933 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne assamica maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877843
 VERSION KU877843.1 GI:1026260841
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne assamica
 ORGANISM Coelogyne assamica
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..933
 /organism="Coelogyne assamica"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844057"
 /note="authority: Coelogyne assamica Linden & Rchb. f."
 gene <1..>933
 /gene="matK"
 CDS <1..>933
 /gene="matK"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85101.1"
 /db_xref="GI:1026260842"
 /translation="NLRSIHSIFPFLEDKLSHLNYSVDDLIPHPHLEILVQILQCWI
 KDVSSLHFLRRLFHEHYHNLNLSLITSKKSIIYVFSKRKRFRFWFLHNSYVYECEYLFLFL
 RKQSSYLRSSISGVFLERTHFYGKIEYLIVCCNSFQRILWFLKDTFIHVRYQGKAI
 LASKGTLILMKKWFHLVNFQSYFHFQPYRIYIKQLPDYSFSFLGYFSSVLKNPL
 VVRNQMLENFLINTLTTKLDTIAPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSD
 IIDRFRCICRNLCRYHSGSKKQVLYRIKIYILRLS"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattgt cacatttaaa
 61 ttatgtgtoa gatctactaa taccatccatcc catccatctg gaaatcttgg ttoaatcct
 121 tcaatgctgg atcaaagatg tttcttcttt gcatttcttg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctca ttacttcaaa gaaatccatt tacgtctttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataatc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct tcttgagcg
 361 aacacatttc tatgaaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgtaatt cttttcagag
 421 gatcctatgg ttcctcaaag ataccttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaagaaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcatc ttgtgaattt
 541 ttggcaatct tatttctact tttggttca accttatagg atctatataa agcaattacc
 601 cgactattcc ttctcttttc tgggatattt ttcaagtgta ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttct aataaatact ctgactaaga aattagatac
 721 catagcccca gttatttctc ttattggatc attgtcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggatcattc attagtaaac cgatctggac cgatttatcg gattctgata ttattgatcg
 841 atttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tactgcgact ttc

ภาพภาคผนวกที่ 68 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877843

LOCUS KU877844 933 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne asperata maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877844
 VERSION KU877844.1 GI:1026260843
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne asperata
 ORGANISM Coelogyne asperata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 933)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..933
 /organism="Coelogyne asperata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131148"
 gene <1..>933
 /gene="matK"
 CDS <1..>933
 /gene="matK"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85102.1"
 /db_xref="GI:1026260844"
 /translation="NLRSIHSIFPFLEDKLSHLNYSDDLIPHPHILEILVQIILQCWI
 KDVSSLHFLRLFFHEYHNLNLSITSKKSIYVFSKRKKRFFWFLHNSYVYECEYLFLFL
 RKQSSYLRSISGVLERTHFYKIEYLIIVCCNSFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAI
 LASKGTLILMKKWKFHLVNFWQSYFHFQPYRIYIKQLPNYSFSLGYFSSVLKNPL
 VVRNQMLENSFIINTLTNKLDTIVPVISLIGSLSKAQFCTVLGHPISKPIWTDLSDSD
 IIDRFRICRNLRCRYHSGSSKKQVLYRIKYILRLS"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt caatatttcc ctttttagag gataaattat cacatttaaa
 61 ttatgtgtca gatctactaa taccocatcc catccatctg gaaatcttgg tcaaatcct
 121 tcaatgctgg atcaagatg tttcttcttt gcatttcttg cgattgtttt tccacgaata
 181 tcataatttg aatagtctca ttacttcaaa gaaatccatt tacgtctttt caaaaagaaa
 241 gaaaagattc ttttggttcc tacataattc ttatgtatat gaatgcgaat atctattcct
 301 gtttcttcgt aaacagtctt cttatttacg atcaatatct tctggagtct tctttgagcg
 361 aacacatttc tatggaaaa tagaatatct tatagtcgtg tgttgcaatt cttttcagag
 421 gatcctatgg ttcctcaaag atactttcat acattatggt cgatatcaag gaaaagcaat
 481 tctggcttca aaaggaactc ttattctgat gaagaaatgg aaatttcatc ttgttaattt
 541 ttggcaatct tattttcact tttggtttca accttatagg atctatataa agcaattacc
 601 caactattcc ttctcttttc tgggatattt tcaagtgtc ctaaaaaatc ctttggtagt
 661 aagaaatcaa atgctagaga attcatttat aataaatact ctgactaata aattagatac
 721 catagtccca gttatttctc ttattggatc attatcgaaa gctcaatttt gtactgtatt
 781 gggatcatcct attagtaaac caatctggac cgatttatcg gattctgata ttattgatcg
 841 attttgtcgg atatgtagaa atctttgtcg ttatcacagc ggatcctcaa agaaacaggt
 901 tttgtatcgt ataaagtata tactgcgact ttc

ภาพภาคผนวกที่ 69 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877844

LOCUS KU877845 355 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne speciosa maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877845
 VERSION KU877845.1 GI:1026260845
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne speciosa
 ORGANISM Coelogyne speciosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 355)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 355)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..355
 /organism="Coelogyne speciosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233029"
 /note="authority: Coelogyne speciosa Lindley"
 gene <1..>355
 /gene="matK"
 CDS <1..>355
 /gene="matK"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85103.1"
 /db_xref="GI:1026260846"
 /translation="IYIKQLPDYSFSFLGYFSSVLKNPLVVRNQMLENSFLINTLTKK
 LDTIAPVISLIGSLSKAKFCTVLGHPISKPIWTDLSDSDIIDRFRCICRNLCRYHSGS
 SKKQVLYRIKYILRLS"
 ORIGIN
 1 ggatctatat aaagcaatta cccgactatt ccttctcttt tctgggat ttttcaagt
 61 tactaaaaaa tcctttgga gtaagaaatc aaatgctaga gaattcattt ctaataaata
 121 ctctgactaa gaaattagat accatagccc cagttatttc tcttattgga tcattgtcga
 181 aagctaaatt ttgtactgta ttgggtcatc ctattagtaa accgatctgg accgatttat
 241 cggattctga tattattgat cgattttgtc ggatatgtag aaatccttgg cgttatcaca
 301 gcggatcctc aaagaaacag gttttgtatc gtataaagta tatactgcga ctttc

ภาพภาคผนวกที่ 70 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877845

LOCUS KU877846 526 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pulverula maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877846
 VERSION KU877846.1 GI:1026260847
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pulverula
 ORGANISM Coelogyne pulverula
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 526)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 526)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..526
 /organism="Coelogyne pulverula"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844060"
 /note="authority: Coelogyne pulverula Teijsm. & Binn."
 gene <1..>526
 /gene="matK"
 CDS <1..>526
 /gene="matK"
 /codon_start=3
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85104.1"
 /db_xref="GI:1026260848"
 /translation="SFQRILWFLKDTFIHYVRYQGKAILASKGTLIIMKKKWFHLVNF
 WQSYFHFQPYRIYIKQLPNYSFSLGYFSSVLKNPLVVRNQMLENSFLINTLTNKL
 DTIVPVISLIGSLSKARFCTVLGHPISKPIWTDLSDSDIIDRFCRICRNLCRYHSGSS
 KKQVLYRIKIILRLS"
 ORIGIN
 1 attcttttca gaggatccta tggttcctca aagatacttt catacattat gttcgatc
 61 aaggaaaagc aattctggct tcaaaaggaa ctcttattct gatgaagaaa tggaaatttc
 121 atcttgtgaa tttttggcaa tcttatttct acctttgggt tcaaccttat aggatctata
 181 taaagcaatt acccaactat tccttctctt ttctgggata tttttcaagt gtactaaaaa
 241 atccttttgt agtaagaaat caaatgctag agaattcatt tctaataaat actctgacta
 301 ataaattaga taccatagtc ccagttatct ctcttattgg atcattgtcg aaagctcgat
 361 tttgtactgt attgggtcat cctattagta aaccgatctg gaccgattha tcggattctg
 421 atattattga tcgattttgt cggatatgta gaaatctttg tcggtatcac agcggatcct
 481 caaagaaaca agttttgtat cgtataaagt atatactgcg actttc

ภาพภาคผนวกที่ 71 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877846

LOCUS KU877847 622 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schultesii maturase K (matK) gene, partial cds;
 chloroplast.
 ACCESSION KU877847
 VERSION KU877847.1 GI:1026260849
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schultesii
 ORGANISM Coelogyne schultesii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 622)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 622)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..622
 /organism="Coelogyne schultesii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844062"
 /note="authority: Coelogyne schultesii S.K.Gen & S.Das"
 gene <1..>622
 /gene="matK"
 CDS <1..>622
 /gene="matK"
 /codon_start=2
 /transl_table=11
 /product="maturase K"
 /protein_id="ANC85105.1"
 /db_xref="GI:1026260850"
 /translation="NLRSIHSGVFLERTHFYGKIEYLIVCCNSFQRILWFLKDTFIH
 YVRYQGKAILASKGTLILMKKWFHLVNFVQSYFHFWFQPYRIYIKQLPNYSFSLGY
 FSSVLKNHLVVRNQMLENSFLINTLTKKLDITVPVISLIGLSKAQFCTVLGHPISKP
 IWTDLSDSDIIDRFCRICRNLCRYHSGSSKKQVLYRIKIYILRLSCAR"
 ORIGIN
 1 taatttacga tcaattcatt ctggagtctt tcttgagcga acacatttct atggaaaaat
 61 agaatatcct atagtcgtgt gttgtaattc tttcagagg atcctatggt tcctcaaaga
 121 tactttcata cattatgttc gatatacagg aaaagcaatt ctggcttcaa aaggaactct
 181 tattctgatg aagaatgga aatttcattc tgtgaatttt tggcaatcct attttcattt
 241 ttggtttcaa cttatagga tctatataaa gcaattacc aactattcct tctcttttct
 301 gggatatttt tcaagtgtac taaaaaatca tttggtagta agaaatcaa tgctagagaa
 361 ttcatttcta ataaatactc tgactaagaa attagatacc atagtcocag ttatttctct
 421 tattggatca ttgtcgaaag ctcaattttg tactgtattg ggtcatccta ttagtaaacc
 481 gatctggacc gatttatcgg attctgatat tattgatcga ttttgcgga tatgtagaaa
 541 tctttgtcgt tatcacagcg gatcctcaaa gaaacagggt ttgtatcgta taaaatatat
 601 acttcgactt tcgtgtgcta ga

ภาพภาคผนวกที่ 72 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877847

LOCUS KP694310 747 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION *Coelogyne viscosa* tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694310
 VERSION KP694310.1 GI:854937877
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast *Coelogyne viscosa*
 ORGANISM *Coelogyne viscosa*
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; *Coelogyne*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 747)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of *Coelogyne* using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 747)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..747
 /organism="Coelogyne viscosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1508132"
 misc_feature <1..672
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement(673..>747)
 /gene="psbA"
 CDS complement(673..>747)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79555.1"
 /db_xref="GI:854937878"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgect tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttaaaa aatgtaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggctc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggctcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttaaagcct tatcttaata gtatttagac
 481 ttaagagtct ttatcttata gtaagagtat aggtatattt cttttctttt tctagtagac
 541 taatatacta ttttctgact taatccaaac atccaacaag atagcaatcc cccaatatct
 601 tgttctaaga acaagatatt gggggattgc tatcttcaag aattcatata catatatatg
 661 aatacaaaaag tcttatccat ttatagatgg agcttcaca gaagctagat ctgaggggaa
 721 gttgtgagca ttacgttcat gcataac

ภาพภาคผนวกที่ 73 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694310

LOCUS KP694311 773 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lentiginosa trnA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694311
 VERSION KP694311.1 GI:854937879
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lentiginosa
 ORGANISM Coelogyne lentiginosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 773)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 773)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..773
 /organism="Coelogyne lentiginosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674455"
 misc_feature <1..698
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(699..>773)
 /gene="psbA"
 CDS complement(699..>773)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79556.1"
 /db_xref="GI:854937880"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEVPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgctt tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatggaaaaa aaaggagtaa tcagccgtga
 181 cacgttcact aaaaaaaaaat cctttttagt ctaatcattt atcgggaaga attgaaaaac
 241 tcaacaggag ggaggagaaa gaaatcatag tgacttggtc tcgggcatct accattatac
 301 ccacaatgat tggccataca atcgctatc ataatggaaa ggaacattta cctatttata
 361 tcacagatcg tatggtcggg cacaattggg gagaattcgc acctactctc acgaaagtga
 421 gacacgcgag aaacgataat aaatctcgtc gttagtcggt ctactaagta tttatgtgaa
 481 aagccttatt ttaatagtat ttgacttaa gactctttat cttatagtaa gattataggt
 541 atatttcttt tctttttcta gtgactaat atacttagac ttttctgact tccaacatcc
 601 aacaagatag caatcccca atatcttggt ctaagaaca gatattgggg gattgctatc
 661 ttcaataatt catatacata tatatgaata caaaagtctt atccatttat agatggaact
 721 tccacagaag ctgatctag agggaagttg tgagcattac gttcatgcat aac

ภาพภาคผนวกที่ 74 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694311

LOCUS KP694312 758 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne calcicola tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA-like (psbA) gene, partial sequence; chloroplast.

ACCESSION KP694312
VERSION KP694312.2 GI:1024955821
KEYWORDS UNVERIFIED.
SOURCE chloroplast Coelogyne calcicola
ORGANISM Coelogyne calcicola
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
Coelogyne; Coelogyne.

REFERENCE 1 (bases 1 to 758)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 758)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

REFERENCE 3 (bases 1 to 758)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-MAY-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand

REMARK Sequence update by submitter
COMMENT GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation provided by the submitter.
On May 3, 2016 this sequence version replaced gi:854937881.
##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..758
/organism="Coelogyne calcicola"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1674452"
/note="authority: Coelogyne calcicola Kerr."
misc_feature <1..684
/note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
gene complement(685..>758) /gene="psbA"
misc_feature complement(685..>758) /gene="psbA"
/note="similar to PsbA"

Origin
1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctcatccg cccttccct
61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga
121 gatattggac atagaatgcc aatttcaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca
181 cgttcaactaa aaaaaaatcc tttttagtct aatcatttat cgggaagaat tgaaaaactc
241 aacaggaggg aggagaaaga aatcatagtg acttgggtctc gggcatctac cattatacc
301 acaatgattg gccatacaat cgctattcat aatggaaagg aacatttacc tatttatatc
361 acagatcgta tggtcggtca caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga
421 cagcgagaa acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtctt catgtgaaaa
481 gccttatctt aatagtattt agacttaaga gtctttatct tataagtaaga gtgtaggtat
541 atttctttta tttttctagt agactaatat attaaatcca acatctaaca agatagcaat
601 cccccaatat cttgttctaa gaacaagata ttgggggatt gctatcttca agaattcata
661 tacatatata tgaatacaaa agtctatcca tttatagatg gagcttccac agaagctaga
721 tctagagggg agttgtgagc attacgttca tgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 75 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694312

LOCUS KP694313 763 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lactea trRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694313
 VERSION KP694313.1 GI:854937882
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lactea
 ORGANISM Coelogyne lactea
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 763)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 763)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..763
 /organism="Coelogyne lactea"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674454"
 misc_feature <1..688
 /note="contains trRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement(689..>763)
 /gene="psbA"
 CDS complement(689..>763)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79557.1"
 /db_xref="GI:854937883"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctaataccg cccttccct
 61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga
 121 gatattggac atagaatgcc aatttcaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca
 181 cgttcactaa aaaaaaatcc tttttagct aatcatttat cgggaagaat tgaaaaactc
 241 aacaggaggg aggagaaaga aatcatagtg acttgggtctc gggcatctac cattataccc
 301 acaatgattg gccatacaat cgctattcat aatggaaagg aacatttacc tatttatatc
 361 acagatcgta tggctcggta caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga
 421 cacgcgagaa acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtatt catgtgaaaa
 481 gccttatctt aatagtattt agacttaaga gtctttatct tatagtaaga gtataggtgt
 541 atatttcttt tctttttata gtagactaat atacttcacc taagcactta tcattatcca
 601 acatccaaca agatagcaat cccccaataa gatattgggg gattgctatc ttcaagaatt
 661 catatacata tatatgaata caaaagtctt atccatttat agatggagct tccacagaag
 721 ctatgatctag agggaagttg tgagcattac gttcatgcat aac

ภาพภาคผนวกที่ 76 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694313

LOCUS KP694314 826 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fuscescens trnA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694314
 VERSION KP694314.1 GI:854937884
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fuscescens
 ORGANISM Coelogyne fuscescens
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 826)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 826)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..826
 /organism="Coelogyne fuscescens"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1097180"
 misc_feature <1..751
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(752..>826)
 /gene="psbA"
 CDS complement(752..>826)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79558.1"
 /db_xref="GI:854937885"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgctt tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatgtaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttgggtc cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcggtc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag agtataggtta
 541 tatttctttt ctttttctag tagactaata tactaagact tagacttttc cgacttatct
 601 tatactatac ttcacctaaag cacttatcat tcattagact taatccaaca tccaacaaga
 661 tagcaatccc ccaatatcct gttccttagaa caagatattg ggggattgct atcttcaata
 721 attcatatac atatatatga atacaaaagt cttatccatt tatagatgga gcttccacag
 781 aagctagatc tagagggaaag ttgtgagcat tacgttcatt cataac

ภาพภาคผนวกที่ 77 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694314

LOCUS KP694315 756 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne barbata tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694315
 VERSION KP694315.1 GI:854937886
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne barbata
 ORGANISM Coelogyne barbata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 756)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 756)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..756
 /organism="Coelogyne barbata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141721"
 misc_feature <1..681
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement(682..>756)
 /gene="psbA"
 CDS complement(682..>756)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79559.1"
 /db_xref="GI:854937887"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgctt tgatccactt ggctctccgc ccttccttat
 61 ctagctaaag gattttctct tttttccatt catcattata cttcagatta agatcgagat
 121 atggacata gaatgccaat ttcaaaaatg taaaaaagg agtaatcagc cgtgacacgt
 181 tcactaaaaa aaaatccttt tgtagctaatt catttatcgg gaagaattga aaaactcaac
 241 aggagggagg agaaagaaat catagtgact tggctctcggg catctaccat tatacccaca
 301 atgattggcc atacaatcgc tattcataat ggaaggaac atttacctat ttatatcaca
 361 gatcgtatgg tcggtcaciaa attgggagaa ttcgcaccta ctctcacttt cgtgagacac
 421 gcgagaaacg ataataaatc tcgctcgttag tcgctctact aagtcctcat gtgaaaagcc
 481 ttatcttaat agtatctaga cttaaagatc tttatcttat agtaagagtg taggtatatt
 541 tattttattt ttctagtaga ctaatatatt aaatccaaca tccaacaaga tagcaatccc
 601 ccaatatcct gttataagaa caagatattg ggggattgct atcttcaaga attcatatac
 661 atatatatgt atacaaaagt cttatccatt tatagatgga gcttccacag aagctagatc
 721 tagagggaaa ttgtgagcat tacgttcatg cataac

ภาพภาคผนวกที่ 78 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694315

LOCUS KP694316 760 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne cumingii tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694316
 VERSION KP694316.1 GI:854937888
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne cumingii
 ORGANISM Coelogyne cumingii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 760)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 760)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..760
 /organism="Coelogyne cumingii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:907953"
 misc_feature <1..685
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement (686..>760)
 /gene="psbA"
 CDS complement (686..>760)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79560.1"
 /db_xref="GI:854937889"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgect tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatgtaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttgggtct cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcgttc tactaagtat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag agtataggtta
 541 tattttcttt ctttttctag tagactaata tactaaatcc aacatccaac aagatagcaa
 601 tcccccaata tcttgttctt agaacaagat attgggggat tgctatcttc aagaattcat
 661 atacatata atgaatacaa aagtcttatc catttataga tggagcttcc acagaagcta
 721 gatctagagg gaagttgtga gcattacgtt catgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 79 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694316

LOCUS KP694317 771 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne trinervis tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694317
 VERSION KP694317.1 GI:854937890
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne trinervis
 ORGANISM Coelogyne trinervis
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..771
 /organism="Coelogyne trinervis"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141736"
 misc_feature <1..696
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 CDS complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79561.1"
 /db_xref="GI:854937891"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctctccgc ccttcctta
 61 tctagctaaa ggattttctc ttttttccat tcatcattat acttcagatt aagatcgaga
 121 tattggacat agaatgcaa tttcaaaaat gtaaaaaaag gagtaatcag ccgtgacacg
 181 ttactataaa aaaaatcctt ttgtagctaa tcatttatcg ggaagaattg aaaaactcaa
 241 caggagggag gagaaagaaa tcatagtgac ttggtctcgg gcatctacca ttataccac
 301 aatgattgyc catacaatcg ctattcataa tggaaggaa catttacctt ttatatcac
 361 agatcgtagt gtcggtcaca aattgggaga attcgcacct actctcactt tcgtgagaca
 421 cgcgagaaac gataataaat ctcgctgcta gtcgttctac taagtattca tgtgaaaagc
 481 cttatcttaa tagtatttag acttaagagt ctttatctta tagtaagagt ataggatat
 541 ttcttttctt tttctagtag actaatatac taagacttag acttttctga cttaatccaa
 601 caagatagca atcccccaat atcttgttct tagaacaaga tattggggga ttgctatctt
 661 caagaattca tatacatata tatgaataca aaagtcttat ccatttatag atggagcttc
 721 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

ภาพภาคผนวกที่ 80 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694317

LOCUS KP694318 771 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION UNVERIFIED: Coelogyne nitida tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA-like (psbA) gene, partial sequence; chloroplast.
 ACCESSION KP694318
 VERSION KP694318.2 GI:1024955822
 KEYWORDS UNVERIFIED.
 SOURCE chloroplast Coelogyne nitida
 ORGANISM Coelogyne nitida
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 REFERENCE 3 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (03-MAY-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 REMARK Sequence update by submitter
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..771
 /organism="Coelogyne nitida"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:466244"
 /note="authority: Coelogyne nitida (Wall.Mss.)"
 misc_feature <1..696
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 misc_feature complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 /note="similar to PsbA"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttcctt
 61 atctagctaa aggattttct cttttttcca ttcattcatta tacttcagat taagatcgag
 121 atattggaca tagaatgcca atttcaaaaa tggaaaaaaa aggagaaacc acccgggacc
 181 cttcccaaaa aaaaaaacct tttggtactt aacctttttt ggggaaaaat ggaaaacccc
 241 accgggaggg aggaaaaaaa atccaaaggg cctgggcccc gggctcctcc ctttatcccc
 301 ccaaggatgg gccttccatc cccttttctt aaggaaaggg aacttttccc ttttttttcc
 361 ccgaatcgaa gggccggccc caattgggaa aaattccccc ctctctcccc taaggggaaa
 421 cccccaaaaa acaataataa tccccgccgt tagccgtcca cctaagtttt taggggaaaag
 481 cccttatttt ataggattta ggatttagaa tctttatctt atagttagag tataagtata
 541 tttctttttc tttttctaga gaactaatat actatagaca tttctgactt ccatcatcat
 601 ccacaaagcc atgccccaat atcttgttct tagaacaaga tattggggga ttgctatctt
 661 caataattca tatacatata tatgtataca aaagtcttat ccatttatag atggagcttc
 721 cacagaagct agatctagag ggaagttgtg agcattacgt tcatgcataa c

ภาพภาคผนวกที่ 81 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694318

LOCUS KP694319 767 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne rochusseni tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694319
 VERSION KP694319.1 GI:854937893
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne rochusseni
 ORGANISM Coelogyne rochusseni
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 767)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 767)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..767
 /organism="Coelogyne rochusseni"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674457"
 /note="authority: Coelogyne rochusseni (de Vriese)
 Kuntze"
 misc_feature <1..692
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(693..>767)
 /gene="psbA"
 CDS complement(693..>767)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79562.1"
 /db_xref="GI:854937894"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tcactgcct tgatccactt ggctctccgc cccttcctt
 61 atctagctaa agggttttct cttttttcca ttcacatta tacttcagat taagatcgag
 121 atattggaca tagaatgcca atttaaaaaa tggaaaaaaa ggagtaatca gccgtgacac
 181 gttcactaaa aaaaaatcct tttgtagcta atcatttatac gggaagaatt gaaaaactca
 241 acaggaggga ggagaaagaa atcatagtga cttggtctcg ggcatctacc attataccca
 301 caatgattgg ccatacaatc gctattcata atggaaagga acatttacct atttatatca
 361 cagatcgat ggctcggcac aaattgggag aattcgcacc tactctcact ttcgtgagac
 421 acgagagaaa cgataataaa tctcgtcgtt agtcgttcta ctaagtattc atgtgaaaag
 481 ccttatctta atagtattta gacttaagag tctttatcct atagtactta tagtaagagt
 541 ataggtatat ttcttttctt tttctagtag actaatatac taaatcctaa atccaacaag
 601 atagcaatcc cccaatatct tgttctaaga acaagatatt gggggattgc tatcttcaaa
 661 aattaatata catatatatg tatacaaaag tcttatccat ttatagatgg agcttcaca
 721 gaagctagat ctagagggaa gttgtgagca ttacgttcat gcataac

ภาพภาคผนวกที่ 82 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694319

LOCUS KP694320 772 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne brachyptera trnA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694320
 VERSION KP694320.1 GI:854937895
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne brachyptera
 ORGANISM Coelogyne brachyptera
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 772)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 772)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..772
 /organism="Coelogyne brachyptera"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1674451"
 misc_feature <1..697
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(698..>772)
 /gene="psbA"
 CDS complement(698..>772)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79563.1"
 /db_xref="GI:854937896"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEVPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgcc ttgatccact tggctctccg cccttccct
 61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga
 121 gatattggac atagaatgcc aatttcaaaa atggaaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gagagaaaag aaatcatagt gacttgggtct cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca cgaaagtggag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctctgctg ttagtcggtc tactaagtat ttatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag agtataggta
 541 tattttcttt ctttttctag tagactaata tacttagact tttctgactt ccaacatcca
 601 acaagatagc aatcccccaa tatcttggtc ttagaacaag atattggggg attgctatct
 661 tcaataattc atatacatat atatgaatac aaaagtctta tccatttata gatgggaactt
 721 ccacagaagc tagatctaga gggaagttgt gagcattacg ttcattgcata ac

ภาพภาคผนวกที่ 83 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694320

LOCUS KP694321 802 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne eberhardtii tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694321
 VERSION KP694321.1 GI:854937897
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne eberhardtii
 ORGANISM Coelogyne eberhardtii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae;
 Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 802)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 802)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..802
 /organism="Coelogyne eberhardtii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141727"
 misc_feature <1..727
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(728..>802)
 /gene="psbA"
 CDS complement(728..>802)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79564.1"
 /db_xref="GI:854937898"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctcatccg cccttccct
 61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga
 121 gatattggac atagaatgcc aatttcaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca
 181 cgttcactaa aaaaaaatcc tttttagct aatcatttat cgggaagaat tgaaaaactc
 241 aacaggaggg aggagaaaga aatcatagtg acttgggtctc gggcatctac cattataccc
 301 acaatgattg gccatacaat cgctattcat aatggaaagg aacatttacc ttttatatc
 361 acagatcgta tggctcggta caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga
 421 cacgcgagaa acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtatt tatgtgaaaa
 481 gccttatctt aatagtattt agacttaaga gtctttatct tataagtaaga gtataggtat
 541 atttcttttc tttttctagt agactaatat actaagactt agacttttct gacttatctt
 601 atactatact tcacctaagc acttaatcca acaagatagc aatcccccaa tatcttggtc
 661 taagaacaag atattggggg attgctatct tcaataattc atatacatat atatgaatac
 721 aaaagtctta tccatttata gatggagctt ccacagaagc tagatctaga ggggaagtgtg
 781 gagcattacg ttcattgcata ac

ภาพภาคผนวกที่ 84 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694321

LOCUS KP694322 805 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne xyrekes trnA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694322
 VERSION KP694322.1 GI:854937899
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne xyrekes
 ORGANISM Coelogyne xyrekes
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 805)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 805)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..805
 /organism="Coelogyne xyrekes"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233028"
 misc_feature <1..730
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement(731..>805)
 /gene="psbA"
 CDS complement(731..>805)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79565.1"
 /db_xref="GI:854937900"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccttccct
 61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga
 121 gatattggac atagaatgcc aatttcaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca
 181 cgttcactaa aaaaaaatcc tttttagct aatcatttat cggaagaat tgaaaaactc
 241 aacaggaggg aggagaaaga aatcatagtg acttgggtctc gggcatctac cattataccc
 301 acaatgattg gccatacaat cgctattcat aatggaaagg aacatttacc ttttatatc
 361 acagatcgta tggctcggta caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga
 421 cacgcgagaa acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtatt catgtgaaaa
 481 gccttatctt aatagtattt agacttaaga gtctttatct tataagtaaga gtataggtat
 541 atttcttttc tttttctagt agactaataa actaagactt agacttttct gacttatctt
 601 atactataga cttaatccaa catccaacat ccaacaagat agcaatcccc caatatattg
 661 ttcttagaac aatatattgg gggattgcta tcttcaataa ttcatatata tatatatgaa
 721 tacaaaagtc ttatccattt atagatggag cttccacaga agctagatct agaggggaagt
 781 tgtgagcatt acgttcatgc ataac

ภาพภาคผนวกที่ 85 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694322

LOCUS KP694323 760 bp DNA linear PLN 03-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne fimbriata tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PsbA (psbA)
 gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KP694323
 VERSION KP694323.1 GI:854937901
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne fimbriata
 ORGANISM Coelogyne fimbriata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
 Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida;
 Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 760)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Identification and genetic relationships analysis of Coelogyne
 using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 760)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thananunta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (23-JAN-2015) Biotech, Thammasat, Paholyothin,
 Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..760
 /organism="Coelogyne fimbriata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141728"
 misc_feature <1..685
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA
 intergenic spacer"
 gene complement(686..>760)
 /gene="psbA"
 CDS complement(686..>760)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="PsbA"
 /protein_id="AKN79566.1"
 /db_xref="GI:854937902"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgect tgatccactt ggctacatcc gcccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatgtaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttgggtct cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaaag gaacatttac ctatttatat
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcggtc tactaagtct tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag agtgtaggtta
 541 tattttatctt atttttctag tagactaata tattaaatcc aacatccaac aagatagcaa
 601 tcccccaata tcttgttctt ataacaagat attgggggat tgctatcttc aagaattcat
 661 atacatata atgtatacaa aagtcttata catttataga tggagcttcc acagaagcta
 721 gatctagagg gaaattgtga gcattacgtt catgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 86 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KP694323

LOCUS KU877828 771 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pachystachya tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877828
 VERSION KU877828.1 GI:1026260811
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pachystachya
 ORGANISM Coelogyne pachystachya
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 771)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..771
 /organism="Coelogyne pachystachya"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844059"
 /note="authority: Coelogyne pachystachya Elis.George &
 J.-C.George"
 misc_feature <1..696
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 CDS complement(697..>771)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85086.1"
 /db_xref="GI:1026260812"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccggtggtt cacaatccac tgccttgatc cacttggcta
 61 catccgcctt tccttatcta gctaaaggat tttctctttt ttccattcat cattatactt
 121 cagattaaga tgcgatatatt ggacatagaa tgccaatttc aaaaatgtaa aaaaggagt
 181 aatcagccgt gacacgttca ctaaaaaaaaa atccttttgt agctaatacat ttatcgggaa
 241 gaattgaaaa actcaacagg agggaggaga aagaaatcat agtgacttgg tctcgggcat
 301 ctaccattat acccacaatg attggccata caatcgctat tcataatgga aaggaacatt
 361 tacctattta tatcacagat cgtatggtcg gtcacaaatt gggagaattc gcacctactc
 421 tcaactttcg gagacacgcg agaaacgata ataaatctcg tcggttagtgc ttctactaac
 481 tattcatgtg aaaagcctta tcttaaatgt atttagactt aagagtcttt atcttatagt
 541 aagagtatag gtatatttat tttcttttct tagtagacta atatactact aaaaatacaa
 601 caagatagca atcccccaat atcttgttct aagaacaaga tattggggga ttgctatctt
 661 caaaaattaa tatacatgta tatgtataca aaagtcttat ccatttatag atggagcttc
 721 cacagaagct agatctagag ggaaattgtg agcattacgt tcatgcataa c

ภาพภาคผนวกที่ 87 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877828

LOCUS KU877829 836 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne schilleriana tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION KU877829
VERSION KU877829.1 GI:1026260813
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne schilleriana
ORGANISM Coelogyne schilleriana
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
REFERENCE 1 (bases 1 to 836)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 836)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
Pathumtanee 12120, Thailand
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..836
/organism="Coelogyne schilleriana"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1844061"
/note="authority: Coelogyne schilleriana Rchb.f."
misc_feature <1..761
/note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
spacer"
gene complement (762..>836)
/gene="psbA"
CDS complement (762..>836)
/gene="psbA"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="photosystem II protein D1"
/protein_id="ANC85087.1"
/db_xref="GI:1026260814"
/translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccgcatgtg gttcagatcc gctgcttgaa cccttggtta
61 tatacggatc atcccttagc tagcaaaagg atgtctcttt tttccattca tcattatact
121 tcagattaag atcgagatat tggacataga atgccaattt caaaaatgta aaaaaggag
181 taatcagccg tgacacgttc actaaaaaaa aatccttttg tagctaatca ttatcggga
241 agaattgaaa aactcaacag gagggaggag aaagaaatca tagtgacttg gtctcgggca
301 tctaccatta taccacaat gattggccat acaatcgcta ttcataatgg aaaggaacat
361 ttacctattt atatcacaga tcgtatggtc ggtcaciaaat tgggagaatt cgcacctact
421 ctactttcgc tgagacacgc gagaaacgat aataaatctc gtcgtagtc gttctactaa
481 gtattcatgt gaaaagcctt atcttaatag tatttagact taagagtctt tatcttatag
541 taagagtata ggtatatttc ttttcttttt ctatgactaat aatatactaa gacttagact
601 tttctgactt atcttatact atacttacc taagcactta tcattagact taatccaaca
661 tccaacaaga tagcaatccc ccaatatctt gttcttagaa caagatattg ggggattgca
721 atcttcaata attcatatac gtatatatga atacaaaagt cttatccatt tatagatgga
781 gttccacag aagctagatc tagagggaaa ttgtgagcat tacgttcatg cataac

ภาพภาคผนวกที่ 88 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877829

LOCUS KU877830 767 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne velutina tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877830
 VERSION KU877830.1 GI:1026260815
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne velutina
 ORGANISM Coelogyne velutina
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 767)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 767)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..767
 /organism="Coelogyne velutina"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:141738"
 misc_feature <1..683
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement(684..>767)
 /gene="psbA"
 CDS complement(684..>767)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85088.1"
 /db_xref="GI:1026260816"
 /translation="VMHERNAHNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgcct tgatccactt ggctacatcc gcccccttccc
 61 ttatctagct aaaggatttt ctcttttttc catcatcatcat tatacttcag attaagatcg
 121 agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatggaaaaa aaggagtaat cagccgtgac
 181 acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa ttgaaaaact
 241 caacaggagg gaggagaaag aaatcatagt gacttggtct cgggcatcta ccattatacc
 301 cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac ctatttatac
 361 cacagatcgt atggtcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca ctttcgtgag
 421 acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcggtc tactaactat tcatgtgaaa
 481 agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag agtataggtg
 541 tatttctttt ctttttctag tagactaata tactactaaa aatacaaaa gatagcaatc
 601 cccaatatac ttgttataag aacaagatat tgggggattg ctatcttcaa aaattaatat
 661 acatgtatat gtatacaaaa gtcttatcca tttatagatg gagcttcac agaagctaga
 721 tctagaggga agttgtgagc attgtgagca ttacgttcat gcataac

ภาพภาคผนวกที่ 89 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877830

LOCUS KU877831 799 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pandurata tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877831
 VERSION KU877831.1 GI:1026260817
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pandurata
 ORGANISM Coelogyne pandurata
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 799)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 799)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..799
 /organism="Coelogyne pandurata"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:131150"
 misc_feature <1..724
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement (725..>799)
 /gene="psbA"
 CDS complement (725..>799)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85089.1"
 /db_xref="GI:1026260818"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcattggt ggattcacaa tccacttctt gaacacttgg ctaataagcg acattggggc
 61 ccccagcatt gcgtatcaca gatagcagac tcctccgccc ttcggcttat cttagctaaag
 121 gattttctct tttttccatt catcattata cttcagatta agatcgagat attggacata
 181 gaatgccaat ttcaaaaatg taaaaaaagg agtaatcagc cgtgacacgt tcaactaaaa
 241 aaaacccttt tgtagctaatt cttttatcgg gaagaattga aaaactcaac aggagggagg
 301 agaaagaaat catagtgact tgggtctcggg catctacat tatacccaca atgattggcc
 361 atacaatcgc tattcataat ggaaaggaac atttacat ttatatcaca gatcgatgg
 421 tcggtcacaa attgggagaa ttcgcaccta ctctcacttt cgtgagacac gcgagaaacg
 481 ataataaatc tcgctgtagc tcggttctact aagtattcat gtgaaaagcc ttatcttaat
 541 agtattttaga cttaagagtc tttatcttat agtaagagta taggtatatt tcttttcttt
 601 ttatagtaga ctaataact aaatccaaca agatagcaat ccccaatat cttgttctaa
 661 gaacaagata ttgggggatt gctatcttca aaaattaata tacatatata tgtatacaaa
 721 agccttatcc atttatagat ggagcttcca cagaagctag atctagaggg aagtgtgtgag
 781 cattacgttc atgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 90 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877831

LOCUS KU877832 753 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne lawrenceana tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877832
 VERSION KU877832.1 GI:1026260819
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne lawrenceana
 ORGANISM Coelogyne lawrenceana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae; Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 753)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 753)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong, Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..753
 /organism="Coelogyne lawrenceana"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844058"
 /note="authority: Coelogyne lawrenceana Rolfe"
 misc_feature <1..678
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic spacer"
 gene complement (679..>753)
 /gene="psbA"
 CDS complement (679..>753)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85090.1"
 /db_xref="GI:1026260820"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgctt ctcttttttc cattcatcat tataacttcag
 61 attaagatcg agatattgga catagaatgc caatttcaaa aatgtaaaaa aaggagtaat
 121 cagccgtgac acgttcacta aaaaaaatc cttttgtagc taatcattta tcgggaagaa
 181 ttgaaaaact caacaggagg gaggagaaag aatcatagat gacttggtct cgggcatcta
 241 ccattatacc cacaatgatt ggccatacaa tcgctattca taatggaaag gaacatttac
 301 ctatttatac cacagatcgt atggctcggtc acaaattggg agaattcgca cctactctca
 361 ctttcgtgag acacgcgaga aacgataata aatctcgtcg ttagtcggtc tactaagtat
 421 ttatgtgaaa agccttatct taatagtatt tagacttaag agtctttatc ttatagtaag
 481 agtataggtg tatttctttt ctttttctag tagactaata tactaagact tagacttttc
 541 tgacttatct tatactatac ttcacctaag cacttaatcc aacaagatag caatccccc
 601 atatcttgtt ctaagaacaa gatattgggg gattgctatc ttcaataatt catatacata
 661 tatatgaata caaaagtctt atccatttat agatggagct tccacagaag ctgatctag
 721 agggaagttg tgagcattac gttcatgcat aac

ภาพภาคผนวกที่ 91 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877832

LOCUS KU877833 799 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne assamica tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877833
 VERSION KU877833.1 GI:1026260821
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne assamica
 ORGANISM Coelogyne assamica
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 799)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 799)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..799
 /organism="Coelogyne assamica"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844057"
 /note="authority: Coelogyne assamica Linden & Rchb. f."
 misc_feature <1..724
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement (725..>799)
 /gene="psbA"
 CDS complement (725..>799)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85091.1"
 /db_xref="GI:1026260822"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccgccctt cccttatcta gctaaaggat tttctctttt
 61 ttccattcat cattatactt cagattaaga tcgagatatt ggacatagaa tgccaattta
 121 aaaaatgtaa aaaaaggagt aatcagccgt gacacgttca ctaaaaaaaaa atccttttgt
 181 agctaatacat ttatcgggaa gaattgaaaa actcaacagg agggaggaga aagaaatcat
 241 agtgacttgg tctcgggcat ctaccattat acccacaatg attggccata caatcgctat
 301 tcataatgga aaggaacatt tacctattta tatcacagat cgtatggtcg gtcacaaatt
 361 gggagaattt gcacctactc tcactttcgt gagacacgcg agaaacgata ataaatctcg
 421 tcgtagtctg ttctactaag tattcatgtg aaaagcctta tcttaatagt atttagactt
 481 aagagtcttt atcttatagt aagagtatag gtatatttct tttcttttct tagtagacta
 541 atatactaag acttagactt ttccgactta tcttatacta tacttcacct aagcacttat
 601 cattcattag acttaatcca acatccaaca agatagcaat cccccaatat cttgttctaa
 661 gaacaagata ttgggggatt gctatcttca ataattcata tacatatata tgaatacaaa
 721 agtcttatcc atttatagat ggagcttcca cagaagctag atctagaggg aagttgtgag
 781 cattacgttc atgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 92 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877833

LOCUS KU877834 748 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
DEFINITION Coelogyne asperata tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
ACCESSION KU877834
VERSION KU877834.1 GI:1026260823
KEYWORDS .
SOURCE chloroplast Coelogyne asperata
ORGANISM Coelogyne asperata
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
REFERENCE 1 (bases 1 to 748)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
markers
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 748)
AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
Pathumtanee 12120, Thailand
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..748
/organism="Coelogyne asperata"
/organelle="plastid:chloroplast"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:131148"
misc_feature <1..673
/note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
spacer"
gene complement(674..>748)
/gene="psbA"
CDS complement(674..>748)
/gene="psbA"
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="photosystem II protein D1"
/protein_id="ANC85092.1"
/db_xref="GI:1026260824"
/translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
ORIGIN
1 cgcgcatggt ggattcacaa tccactgcct tgatattggc tatccgcccc ttcccttatt
61 tagctaaaagg attttctctt ttttccattc atcattatac ttcagattaa gatcgagata
121 ttggacatag aatgccaaatt tcaaaaatgt aaaaaaagga gtaatcagcc gtgacacggt
181 cactaaaaaa aaaccctttt gtagctaatac atttatcggg aagaattgaa aaactcaaca
241 ggagggagga gaaagaaatc atagtgcatt ggtctcgggc atctaccatt ataccacaa
301 tgattggcca tacaatcgct attcataatg gaaaggaaca tttacctatt tatatcacag
361 atcgtatggt cggtcacaaa ttgggagaat tcgcacctac tctcactttc gtgagacacg
421 cgagaaacga taataaatct cgctcgtagt cgttctacta agtattcatg tgaaaagcct
481 tatcttaata gtatttagac ttaagagtct ttatcttata gtaagagtat aggtatattt
541 cttttctttt tatagtagac taatatacta aatccaacaa gatagcaatc cccaatattc
601 ttgttctaag aacaagatat tgggggattg ctatcttcaa aaattaatat acatatatat
661 gtatacaaaa gccttatcca tttatagatg gagcttccac agaagctaga tctagagggg
721 agttgtgagc attacgttca tgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 93 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877834

LOCUS KU877835 770 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne speciosa trnA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877835
 VERSION KU877835.1 GI:1026260825
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne speciosa
 ORGANISM Coelogyne speciosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 770)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 770)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..770
 /organism="Coelogyne speciosa"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:233029"
 /note="authority: Coelogyne speciosa Lindley"
 misc_feature <1..695
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement (696..>770)
 /gene="psbA"
 CDS complement (696..>770)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85093.1"
 /db_xref="GI:1026260826"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacia tcccccttcc cttatctagc taaaggattt tctctttttt
 61 ccattcatca ttatacttca gattaagatc gagatattgg acatagaatg ccaatttcaa
 121 aaatgtaaaa aaaggagtaa tcagccgtga cacgttcact aaaaaaaaaat cctttttagt
 181 ctaatcattt atcgggaaga attgaaaaac tcaacaggag ggaggagaaa gaaatcatag
 241 tgacttggtc tcgggcatct accattatac ccacaatgat tggccataca atcgctattc
 301 ataattgaaa ggaacattta cctatttata tcacagatcg tatggtcggg cacaaattgg
 361 gagaattcgc acctactctc actttcgtga gacacgagaa aaacgataat aatctcgtc
 421 gtagtcggt ctactaagta ttcatgtgaa aagccttacc ttaatagat ttagacttaa
 481 gagtctttat cttatagtaa gagtataggt atatttcttt tctttttcta gtagactaat
 541 atactaagac ttagactttt ctgacttacc ttatactata gacttaatac aacatccaac
 601 aagatagcaa tcccccaata tattgttcta agaacaatat attgggggat tgctatcttc
 661 aagaattcat atacatata atgaatacaa aagtcttacc catttataga tggagcttcc
 721 acagaagcta gatctagagg gaagttgtga gcattacggt catgcataac

ภาพภาคผนวกที่ 94 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877835

LOCUS KU877836 752 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne pulverula trnA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877836
 VERSION KU877836.1 GI:1026260827
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne pulverula
 ORGANISM Coelogyne pulverula
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 752)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 752)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..752
 /organism="Coelogyne pulverula"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844060"
 /note="authority: Coelogyne pulverula Teijsm. & Binn."
 misc_feature <1..677
 /note="contains trnA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement(678..>752)
 /gene="psbA"
 CDS complement(678..>752)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85094.1"
 /db_xref="GI:1026260828"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcacia tccactgctt tgatccactt ggctcatccg cccttccct
 61 tatctagcta aaggattttc tcttttttcc attcatcatt ctacttcaga ttaagatcga
 121 gatattggac atagaatgcc aatttaaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca
 181 cgttcactaa aaaaaaatcc tttttagct aatcatttat cgggaagaat tgaaaaactc
 241 aacaggaggg aggagaaaga aatcatagtg acttgggtctc gggcatctac cattataccc
 301 acaatgattg gccatacaat cgctattcat aatggaaagg aacatttacc tatttatatc
 361 acagatcgta tggctcggta caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga
 421 cacgcgagaa acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtatt catgtgaaaa
 481 gccttatctt aatagtattt agacttaaga gtctttatct tatagtaaga gtataggtat
 541 atttcttttc tttttctagt agactaatat actaaatcca acaagatagc aatcccccaa
 601 tatcttattc taagaacaag atattggggg attgctatct tcaaaaatta atatacatat
 661 atatgtatac aaaagtotta tccatttata gatggagcct ccacagaagc tagatctaga
 721 ggaagttgt gagcattacg ttcattgata ac

ภาพภาคผนวกที่ 95 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877836

LOCUS KU877837 755 bp DNA linear PLN 11-MAY-2016
 DEFINITION Coelogyne schultesii tRNA-His (trnH) gene, partial sequence;
 trnH-psbA intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II
 protein D1 (psbA) gene, partial cds; chloroplast.
 ACCESSION KU877837
 VERSION KU877837.1 GI:1026260829
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Coelogyne schultesii
 ORGANISM Coelogyne schultesii
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Asparagales; Orchidaceae;
 Epidendroideae; Arethuseae; Coelogyneinae; Coelogyne.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 755)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Assessment of genetic relationships among Coelogyne using DNA
 markers
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 755)
 AUTHORS Hongtongdee,P., Thanananta,T. and Thanananta,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (07-MAR-2016) Biotech, Thammasat, Paholyothin, Klonglong,
 Pathumtanee 12120, Thailand
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..755
 /organism="Coelogyne schultesii"
 /organelle="plastid:chloroplast"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1844062"
 /note="authority: Coelogyne schultesii S.K.Gen & S.Das"
 misc_feature <1..680
 /note="contains tRNA-His (trnH) and trnH-psbA intergenic
 spacer"
 gene complement (681..>755)
 /gene="psbA"
 CDS complement (681..>755)
 /gene="psbA"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="photosystem II protein D1"
 /protein_id="ANC85095.1"
 /db_xref="GI:1026260830"
 /translation="VMHERNAHNFPLDLASVEAPSING"
 ORIGIN
 1 cgcgcatggt ggattcaciaa tccactgcct tgatccactt ggctatccct tatctagcta
 61 aaggattttc tcttttttcc attcatcatt atacttcaga ttaagatcga gatattggac
 121 atagaatgcc aatttcaaaa atgtaaaaaa aggagtaatc agccgtgaca cgttcactaa
 181 aaaaaaatcc tttttagtct aatcatttat cgggaagaat tgaaaaactc aacaggaggg
 241 aggagaaaaga aatcatagtg acttggtctc gggcatctac cattataccc acaatgattg
 301 gccatacaat cgctattcat aatggaaaagg aacatttacc tatttatatc acagatcgta
 361 tggtcggtca caaattggga gaattcgcac ctactctcac tttcgtgaga cacgcgagaa
 421 acgataataa atctcgtcgt tagtcgttct actaagtctt catgtgaaa gccttatctt
 481 aatagtattt agacttaaga gtctttatct tatagtaaga gtgtaggat atttctttta
 541 tttttctagt agactaatat attaagactt agactttcat ccaacaagat agcaatcccc
 601 caatatcttg ttcttagaac aagatattgg gggattgcta tcttcaagaa tcatataca
 661 tatatatgta tacaagaagtc ttatccattt atagatggag cttccacaga agctagatct
 721 agaggaagt tgtgagcatt acgttcatgc ataac

ภาพภาคผนวกที่ 96 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เลขหมายจำเพาะ KU877837

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ	นางสาวภัทรา หงษ์ทองดี
วันเดือนปีเกิด	3 กันยายน 2534
ทุนการศึกษา	พ.ศ.2557 : ทุนเรียนดีคณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ผลงานทางวิชาการ

ภัทรา หงษ์ทองดี, นฤมล ธนานันต์ และธีระชัย ธนานันต์. (2559). ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายไอเอสเอสอาร์. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*, 24(2), 342-350.

ภัทรา หงษ์ทองดี, นฤมล ธนานันต์ และธีระชัย ธนานันต์. (2559) การจำแนกชนิดและการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลเอื้องเทียนด้วยเครื่องหมายแฮตอาร์เอฟดี. *Thai Journal of Science and Technology*, 5(1), 88-97.