



## เอกสารอ้างอิง

- ครรชิต ธรรมศิริ. 2547. *เทคโนโลยีการผลิตกล้วยไม้*. อมรินทร์พริ้นติ้งแอนด์พับลิชชิ่ง, กรุงเทพฯ. 230 น.
- ชนกขวัญ ศรีคำ ศรีสุลักษณ์ ชีรานุพัฒนา สิริพร แจ่มสุทธีรววัฒน์ และ อารยา จาคีเสถียร. 2550. รายงานผลการวิจัยเรื่องการเปรียบเทียบการแสดงออกของยีนในรากและใบหนอนตายหยาก (*Stemona curtisii*). ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่. 55 น.
- ระพี สาคริก. 2516. *การเพาะปลูกกล้วยไม้ในสภาพแวดล้อมของประเทศไทย*. โรงพิมพ์ชวนพิมพ์ กรุงเทพฯ. 840 น.
- วราพงษ์ ชมาฤกษ์. 2551. แผนที่ยาภาพพันธุกรรมที่ควบคุมขนาดของรากและการค้นหา ยีนที่เกี่ยวข้องกับความสามารถชอนไชของรากข้าวบนโครโมโซมที่ 4. วารสารวิชาการข้าว 2(1): 5-7.
- สลิล สิทธิสังขธรรม. 2549. *กล้วยไม้ป่าเมืองไทย*. บริษัทอมรินทร์พริ้นติ้งแอนด์พับลิชชิ่ง จำกัด (มหาชน). 491 น.
- สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2551. ปริมาณและมูลค่าสินค้าเกษตรกรรมส่งออก พ.ศ. 2549-2550 (ระบบออนไลน์). แหล่งที่มา: <http://www.oae.go.th/oae/index2.php> (21 สิงหาคม 2553).
- สิริณี ยอดเมือง. 2547. การศึกษาพันธุกรรมสีดอกกล้วยไม้ดิน โดยใช้เทคนิคทางชีววิทยาระดับโมเลกุล. วิทยานิพนธ์วิทยาศาตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น. 147 น.
- สุนทิพย์ มุขบากรกุล. 2546. การจำแนกพันธุ์มะละกอด้วยวิธี DNA Amplification Fingerprinting (DAF). ปัญหาพิเศษปริญญาโท ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- สุชาดา พัฒนกก. 2547. *การเพาะเลี้ยงกล้วยไม้*. เอกสารคำสอนวิชาการเพาะเลี้ยงกล้วยไม้. คณะเทคโนโลยีการเกษตร. มหาลัษราชภัฏวไลยอลงกรณ์ ในพระบรมราชูปถัมภ์. ปทุมธานี. 184 น.
- สุพัตรา เจริญภักดี. 2547. การวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่สัมพันธ์กับลักษณะดอกกล้วยไม้สกุลช้าง. วิทยานิพนธ์วิทยาศาตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, เชียงใหม่. 179 น.

- สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2545. *จีโนมและเครื่องหมายดีเอ็นเอ ปฏิบัติการอาร์เอพีดีและเอเอฟแอลพี*. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ. 116 น.
- สุริพร เกตุงาม. 2546. เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์. วารสารวิชาการ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี 5(2) : 37-55.
- อบจันท์ ไทยทอง. 2543. *กล้วยไม้เมืองไทย*. สำนักพิมพ์บ้านและสวน, กรุงเทพฯ. 461 น.
- อมรา คัมภีรานนท์. 2546. *พันธุศาสตร์ของเซลล์*. ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ. 308 น.
- อรรค์ มงคลพร. 2548. เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช. ภาควิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน, นครปฐม. 95 น.
- Beaman, T. E., J. J. Wood, R. S. Beaman and J. H. Beaman. 2001. *Orchids of Sarawak*. Natural History Publications (Borneo) Sdn. Bhd., Sabah. 584 p.
- Bozkurt, O., T. Unver and M.S. Akkaya. 2007. Genes associated with resistance to wheat yellow rust disease identified by differential display analysis. PMPP. 71: 251-259.
- Chen, Y., B. Wang, S. Weining and G. Daggard. 2004. Anchor primer associated problems in differential display reverse transcription polymerase chain reaction. Annal Biochem. 329: 145-147.
- Gallacher, D. J., D. L. Lee and N. Berding. 1995. Use of isozyme phenotypes for rapid discrimination among sugar-cane clones. Aust J Agr Res. 46: 601-609.
- Glaszmann, J. C., B. G. de los Reyes and G. S. Khush. 1988. Electrophoretic variation of isozymes in plumules of rice (*Oryza sativa* L.)-A key to identification of 76 alleles at 24 loci. IRRI Res. 134: 1-14.
- Hongbo, S., L. Biao, W. Bochu, T. Kun and L. Yilong. 2008. A study on differentially expressed gene screening of *Chrysanthemum* plants under sound stress. C.R. Biologies. 331: 329-333
- La Croix, I.F., 2008. *The New Encyclopedia of Orchids*, Timber Press, Portland, Oregon. 524 p.
- Liang, P. and A. Pardee. 1992. Differential display of eukaryotic messenger RNA by means of the polymerase chain reaction. Science 257: 967-971
- Liang, P., J. D. Meade, A. B. Pardee. 2006. *Differential Display Method and Protocols*, Humana Press, Totowa, New Jersey. 319 p.

- Liu, J., J. Yu, L. McIntosh, H. Kende and J. A. D. Zeevaart. 2002. Isolation of a CONTANS ortholog from *Phabitis nil* and its role in flowering. *Plant Physio.* 125(4): 1821-1830.
- Maier, R. M., K. Neckermann, B. Hoch, N. B. Akhmerdov and H. Kossel. 1992. Identification of editing positions in the *ndhB* transcript from maize chloroplasts reveals sequence similarities between editing sites of chloroplasts and plant mitochondria. *Nucleic Acids Res.* 20: 6189-6194.
- Manoj, P., N. S. Banerjee and P. Ravichandran. 2008. Development of sex specific molecular marker in dioecious *Piper longum* L. plants by differential display. *JATIT.* 4: 459-465.
- Moyano, E., S. Encinas-Villarejo, J.A. López-Ráez, J. Redondo-Nevado, R. Blanco-Portales, M. L. Bellido, C. Sanz, J. L. Caballero and J. Muñoz-Blanco. 2003. Comparative study between two strawberry pyruvate decarboxylase genes along fruit development and ripening, post-harvest and stress conditions. *Plant Sci.* 166(4): 835-845.
- Ogihara, Y., Y. Aizawa, N. Kawakami and K. Murai. 1998. Cloning of cDNAs specifically expressed in wheat spikelets at the heading stage identified by the simple differential display method. *Plant Sci.* 135(1): 49-62.
- Ok, S. H., H. M. Park, J. Y. Kim, S. C. Bahn, J.M. Bae, M. C. Suh, J. Jeung, K. Kim and J.S. Shin. 2003. Identification of differentially expressed genes during flower development in carnation (*Dianthus caryophyllus*). *Plant Sci.* 165: 291-297.
- Park, J., S. K. Cho, J. E. Kim, H. S. Chung, J. Hong, B. Hwang, C.B. Hong and W.T. Kim. 2003. Isolation of cDNAs differentially expressed in response to drought stress and characterization of the *Ca-LEALI* gene encoding a new family of a typical LEA-like protein homologue in hot pepper (*Capsicum annuum* L. cv. Pukang). *Plant Sci.* 165(3): 471-481.
- Park, M. J., S. Soo, P. O. Lim, H. Lee and J. C. Koo. 2009. Identification of differentially expressed genes in flower buds of *Calanthe discolor* and *C. sieboldii*. *Plant Biol.* 53: 24-31.
- Roux, C., J. Bilang, B. H. Theunissen and C. Perrot-Rechenmenn. 1998. Identification of new early auxin markers in tobacco by mRNA differential display. *Plant Biol.* 37: 385-389.

- Tessitori, M., G. Maria, C. Capasso, G. Catara, S. Rizza, V. De Luca, A. Catara, A. Capasso and V. Carginale. 2007. Differential display analysis of gene expression in Etrog citron leaves infected by Citrus viroid III. *Biochim Biophys Acta.* 1769: 228–235.
- Torres, G., S. Pflieger, F. Corre-Menguy, C. Mazubert, C. Hartmann and C. Lelandais-Brie`re. 2006. Identification of novel drought-related mRNAs in common bean roots by differential display RT-PCR. *Plant Sci.* 171: 300–307.
- Vos, P., M. Hogers, M. Bleeker, T. Van de Lee Raijans, M. Hornes, A. Fritjers, J. Pot, J. Peleman, M. Kuiper and M. Zabeau. 1995. AFLP: A new concept for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23: 4407-4414.
- Weising, K., R. G. AtKinson and R. C. Gardner. 1995. Genomic fingerprinting by microsatellite primed PCR: A critical evaluation. *PCR methods Applic.* pp. 249-255.
- Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primer are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18: 6 531-6 535.
- Yu, H. and C. J. Goh. 2000. Differential gene expression during floral transition in an orchid hybrid *Dendrobium* Madame Thong-in. *Plant Cell Rep.* 19: 926-931.

## ภาคผนวก

ตารางภาคผนวกที่ 1 การให้คะแนน polymorphic bands ของกล้วยไม้เอื้องดินใบหมาก โดยการ  
ใช้ไพรเมอร์ OPD16 ร่วมกับ Oligo VG ด้วยเทคนิคดีอาร์ที-พีซีอาร์

ตำแหน่ง (bp)	<i>S. plicata</i> สีม่วง			<i>S. plicata</i> สีชมพู			<i>S. affinis</i> สีเหลือง			<i>S. plicata</i> สีขาว			<i>S. petri</i> สีบานเย็น		
	ม1	ม2	ม3	ช1	ช2	ช3	ล1	ล2	ล3	ข1	ข2	ข3	บ1	บ2	บ3
419bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
398bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
365bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
334bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
292bp	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
266bp	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
250bp	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0
177bp	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1

ตารางภาคผนวกที่ 2 การให้คะแนน polymorphic bands ของกล้วยไม้เอื้องดินใบหมาก โดยการ  
ใช้ไพรเมอร์ OPF14 ร่วมกับ Oligo VG ด้วยเทคนิคดีดีอาร์ที-พีซีอาร์

ตำแหน่ง (bp)	<i>S. plicata</i> สีม่วง			<i>S. plicata</i> สีชมพู			<i>S. affinis</i> สีเหลือง			<i>S. plicata</i> สีขาว			<i>S. pevi</i> สีบานเย็น		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
895bp	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0
840bp	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
724bp	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
679bp	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
632bp	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1
602bp	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
588bp	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
576bp	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
534bp	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
491bp	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
489bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
464bp	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
460bp	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
457bp	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
439bp	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
417bp	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1
405bp	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1
379bp	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0
373bp	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
369bp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
337bp	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
294bp	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
275bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
270bp	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
243bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
220bp	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1

ตารางภาคผนวกที่ 3 การให้คะแนน polymorphic bands ของกล้วยไม้เอื้องคินโอบามาก โดยการ  
ใช้ไพรเมอร์ OPAB19 ร่วมกับ Oligo VG ด้วยเทคนิคดีอาร์ที-พีซีอาร์

ตำแหน่ง (bp)	<i>S. plicata</i> สีม่วง			<i>S. plicata</i> สีชมพู			<i>S. affinis</i> สีเหลือง			<i>S. plicata</i> สีขาว			<i>S. petri</i> สีบานเย็น		
	ม1	ม2	ม3	ช1	ช2	ช3	ส1	ส2	ส3	ข1	ข2	ข3	บ1	บ2	บ3
758bp	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1
740bp	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0
724bp	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
694bp	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
645bp	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
614bp	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0
602bp	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0
573bp	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0
570bp	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
559bp	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
489bp	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
480bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1
476bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
445bp	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1
412bp	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
382bp	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1
325bp	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
330bp	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
297bp	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0
265bp	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0
234bp	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
220bp	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

## ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากบริษัท 1" BASE ประเทศมาเลเซีย

1. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNNGGAGANNAAAAAGNAGGGGGCTNAAGAAAAAGACCAATTCTGGGGTTGAGGGAAAC
TATCGAACTCTCCTTCNCATACGNGTGNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAAGGNT
GAGTTGNNTATANNGAANGTNACCTATAGGNATTGNCNNAATCATGATCATANCTGTTTTCTT
GTGTGATTTGATGTCCGCTCACAGTTCGCGACAACATACACGCCAGAACCCTAAAGTGTAAA
GCCTGTGGTGCGAAATGAGTGAGCTAACTGNTTTAATTGCGTTGCGCTCACGGCCCTCTTTT
AGTCTGN
```

2. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oligo_VG
GANAGAATAGGACTACTATGTAGCTGGTTGTTTTGGGTGGTGTGGTGTTTTTGTCTCTGGGGT
GGTTAGCTTCTTCCCCCTTTTAAAACGGCAAACATGCAACATACTGTGTGAGAGCGAAGACA
ACAAGAGAGCTTTTCTTCATTGCCAGGCGAGCTCGCAATCTGAAGAGGCCCTTCTGGGTAA
AACTGACTCTCGAAAAGTAGAAAAAATTGCCTCTCTCACTGCAAACACACATGCGCCTTTC
TCTCTCTTTATCCTGAGACGTCCGCTTTCCGCTTTAAGGACAAGTAGATGGAAACCATTTG
CCCTTGCAAGTACGAGCATTTCGCTACGAAGGAGACGGGAAAATCATGCAAAGTCCCTGCCAGG
GTGTATTAATAATCCCTGAGGCCATCCCCGCCCGCAACAGCTCCCCCAGCCCGCATGCGCTC
GAAACGCACGACCACCCATCCCCGCCCGCGACGAAAAGCGCTCGCAAAGGGCGGAAACCGCA
ACCAAAAAAGCACGGGCAACGCAGAAGAGCAGTAGGCGGGGAAACGCGCAGACACAGGACGA
GGCAATTTCTTTTCAAGATTTTTCAGGAGCGCCACCCCGCCAACCTGTAAGGCCCGGGAATTA
TGGTAAATGTCTTACCAAGTACAAAACGAAAAGCGACAACCAAAAACGCACGCGCAAAAACC
AGGGACAATGACAAAAGTCATTTTAAACGAAAACGCGCAGAAGTAGAAGAAAAAAAACATCAA
CACAAACAGAAAAAGAAAGCTAGGGAAAACAGAGCAGTAGAAATGAAGCAACGACAGAGGAA
ATAAAAATAGAAGAAAGATCAAGAGTAAAAAACTAGGAGACAAAGCCACCGCGCAACAACCC
AGGGGAACAGGGCCATCTTTCGCCAGTAGACACTTCGCAAGAAAAAAAATATACTGCGCA
AGTTTCTTTTTTTTTTTTTTCTCTATGTCGCGATACAAGAACAAAACACACAACAGAGAGCAG
CCGCGACAACAAAACAAAT
```

3. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNNNTANTNNNNNAGGNTTGTGACGTGGGGAGGNACTAGTCTTATTTGAGTTANCCCCG
TGGCNTTTTTTNTNANAGGTGTGNTTTTTGGGATAGTTCTTTCGNGTTGGAAGCGTTGTTG
NAAAANTGTGTGNCATGTTTTNCCCTGTCANNTCTCGATNTCGTCTGTNCTGTGTGTTTTTT
TATCCCCTCTTGTGTTGCNCAGGTATANACNGGN
```

4. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oligo_VG
GCACGAGACACTCTATAACCAGCGTCAAGGATGCCAAGGGCAGCCGCGGACAATTATTTTTTA
AAATCTTGATTTCCCCCCTCCCAAAAAGGGCGATCCTCAGAGGTAAAGTAGGCAAACCCC
GTAGAAAAAATCTCACCCAGCCCGGAGTAGACGTACGCCTAAAAGGCAAAGAAAAAA
```

5. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 373 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF14.ab1
NNNGGNANNNTTNNAAGANNTTTAATTATNTGANAGCGTTTTATTCTATTGGGTAAAANN
TGGACTGTATTTTTTAAAANTAGTCTTTATTTTGATTTCNTNNCNNTTGTGGGGGTTTGT
GCCTTTTTGGGCNNNCTNNTTTTCNNATAAATGATCGNTTTTTTTGATTTGTGTTGGGTGTT
```

6. ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการวิเคราะห์แถบขนาด 373 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oligo_VG
GGCCGTTCACTAGCTATCGTACAAAAGTTCGTTACGGCATTTACATTATCCTTACACCTTAA
ACATTGATTACCCAAATTTATCAAAATTATCATTAATGCTTGCTTTTTTAAAAGTAGAATACA
TCTTATCATGCCTAAGTTTTGATGTAAAAAGTGATAAAAAAAGTAAATATTGAAGTTTGGG
TATGAGATATATAATGCATGAGAATTTTGTGGTATGCAAGTAAATTTCCCTAAAAACCCAT
GGGATATTTTCAATCCTTGGTAGTCCACCTGCAGCAAAACCCAACCACCCTGAATTTTTTTT
TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAAAGGGAAGCTATAAACCCCAAAAACCAAAAAAGGAGG
TCCAATAATTAAGCCCACAAGATATTGTTAACCTAGTATTTAAAAATTATTTTATTTAGTT
TTTTTTTTTTTTAT
```

7. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 337 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF14.ab1
GNNNGGGGAANNAANGAGAATTGGGCGATNGGGACGGCTCTTATNNTTAGAGTTATATTNT
GAACTATTCTTTTTTTATANTNGCGTTTTAATGATTGCTCCGTTNCGNTTGNNGGGTNATTA
NCTATAGGNAACACNAAATTTTTNNNTAAAGTNATCTCCATTTTNCATGTCTNNGGGTGTG
TTGTGTT
```

8. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 337 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน

โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oligo_VG.ab1
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCNCNTNNNGATCANNAGNAGAAAAGTAATACAACAACTTCTAAAA
ATCTCCACATAAAAACTTTTATTTCTCGATTTTCAGACATAAAGTAGCAAATTCGTCATTCAA
CTCTCCGCAGCGGGAGCGGATTCGCCGGCCGGAAAGAAAGGCCCGCCGCCGAATAGAGCATC
NCCGAAGCCNCTCCGAATCGNCTTGACNNNGNANAAAATTN
```

9. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม

โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNNNNNANNGTGNAGGGAAGGNGGTTTTGGTAGCNGATTGTCTTTAGTGGGAGTTATAG
NGCTGCTATAAATTTTTTTATNNGGTCGTTTTNAAGGATATTTTGGNCTTGTTGCGTGTTTT
TGAGCNTTNGTAACANNNCNTATGN
```

10. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม

โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oligo_VG.ab1
NNNNNNNNNNNAGAGAGAACGGCGATAAGACNCGCAATGAACCAATATCATGGTCGGCGGAC
AATCGACTCNTAAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAATCATTTCAACTCTCCGCAG
CCTGCGGCAATAAGGCGGACGTCAACCAGTCGAAGGTTCCCTATGGAAAATACGCAGGCCCT
TCCTTTCGCCAGAACATGAAGAAAAAAGGCAAAANNTTGC GTTGTAGTTTTCCCTTTGGGAA
ANAAATTTNTTTTTTANGAAGGGNNGAAACAATATNAATAAANGAGAGGTTANTGGGTTGTGG
TGTTTTTTTTGTGGGGGAGGGGGGTANNGAACAAATTTTAGAGTTTTTTTAGTTTTTTTTTTTAA
GTATATGNTTAATATATATANTAAACNAGCNATCGAGNGGTTGNTTTTTTTTTTTTTTTTTTA
```

11. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกแรก

แฉิม โดยไพรเมอร์ OPAB19

```
>1st_BASE_497724_6F_Forward_OPAB19
AAAGAGGTAACGTAATAAATTATTAACATATGGAAAAACAATATTTGTTATAATTAAGCT
CTAAAAAATTTTTTTTATTGGTCTTTTAAATAAAAAATTTTCTCCGTTTTGAGGTTAGTT
CGAATATGGGTAATGACATTTAGACTTTTTGGTGTTCATGGTTATACCTGTTTTATGTGTTA
ACTTGTTA
```

12. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะแรกแย้ม  
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oligo_VG
NNCGTGAGGAGCCTAGGAACATGCCCTCTCGCATCCACAAATTATTCAGCAATGTACGCGA
GGTCCATCTAATCCTCTGCCAACCACAGCAGTCGCCCGCCGTTCTCGAAGCATTTCGCTCGTA
CGCGCTCATCTCTCCGTATTGCCAGTACATCCAACGTGAATTTAGACAATGTAAAGCGTAA
GAGAAGTCCCCATAGAGATGGTTAGGACACCAAGCGTGGCTAGGAGCAAAAAAGATCTTAGA
ATAATCCCTTCGGATCAATCCATCATAAATATGTGTCCGTTACAATATTGGGGGGAAAAGAA
AGCTTGCTGCCGTGCTGCTGCTATAAAGGGTTTTTTCCGTCCCCCTCGGGATAAAAAAATCGG
GGGGGAAACCCCCGGGGGGGGGGCCCCAGGGGGGGTGGCCCCGGGGGGGGGAAAAACCCG
GGGAAGAACCATTTCGGGGGGGGCCCCGCGGGGGGGCCCCCTCGGGAGGACCCCCCTTAGAA
CCACACCCCGGGAGACACAACCCAGTAGGCACCCCTGTATGACCACCCCGTGGTAAGTTTA
CAG
```

13. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน  
โดยไพรเมอร์ OPAB19

```
>1st_BASE_497726_7F_Forward_OPAB19.ab1
NNNANNAANAAAANAAAGGAATCGACTTCGCCGCAAAGGCCTTCGCGGGNATTATAGTCTNT
TCTGATTTCACTNCTNTTTACNAGTTTTTTTTNTGGTTTTCTCTCCCTACGCTTTTGATGTTT
TTTTTGTNTTCTCTAATNNCATNGGNNCTCTTGGTGTCTCNTTGTGATAGCTGTTTCCTG
TGTAAATTTTG
```

14. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน  
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oligo_VG.ab1
TNNNGNNNNNNNGNNNGNANTANCNCTCGATCTCTCAAATTATTCACAATGTACGCGAGGTC
ATCTTTCCTTGCAACCCCGGCCTCGCCGTCGTTCTCGTGTTTCGTCTACNGCCTCTCTCCGA
TGCCCAGACACGNAATGATTTACCTGTTGCNAATGACTCCCTAGAGTGGGGGAAACCAGCG
GGGAAAAAAAAAAAAAGGTTTAGATATCTTCTGGAAAAAAAAAACCCCTTCTTTTCAAAAAA
ATTGGAAAGGGGGGGGTTTTGGCCCGCTGTGGGAAAAGGCTTTTTTTTTTCCCCTGGGGTT
GAGCAAAGGGTTATGCCCCCGGGGGGAGCAACGGGGGGAGCCCCCGGGGGGAGCCACCGG
GTGACCCCTGCGGGTTAACCCCGGGTTACCCACGGGGGGACCGCTGTTGTTGCCCTCTGT
TTTTCTATTTGTGTAGTTTTTGGTTTTTTAATTACCGTTGGCACCACCTTGCAGAGACG
```

15. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน  
โดยไพรเมอร์ OPAB19

```
>1st_BASE_497728_8F_Forward_OPAB19.ab1
NGGGNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGGGGGGAAGANANNNGTCAAGNACGNAGANNNGA
NAAGAANNAAGAATTGAAAAANTTGGTNNNAANAACAGATAAGCGAAAAAGAATATACA
TGAAGAATCNAGCGATGGAAANCCATTCAGTANTTGATTTCAGGCGACGAAGAAAATNCCCC
CCTTTCTATTTNTTTTCTTAATCAAACACNCTCATCATAAATCCTATTNNAGTTTGCATCGC
CCAGGCGCATGAATCTTACNGAACTGTCCTCCCGCCAACCAATCGGTANAGAAAGGTCCA
NAGAGATAATCCGTAACCGCCGGTGCCTGCTCGCTGAGGTCTTCCAAANCCCTTTCTTTGAT
TTAAAACCAATTATTTATTTGCTNCTGATCTAGTTCGANTTGANTCTGCCAGTGCCTTCTTA
ACNAATCAATTGNANAAAGCCATTTGTAGTGAACATTCNCCACACAAGCAGGGTATGCCTT
GCATCCTTGGGTAGTTTTCCTTTCTTTTCTTCTTGNANAACCTCATCTTCGACGTACTTAT
GTGACTCCCAAACCTTGCGAAGAAGTAGCCTGAAGATCTTTGNCTTCACAGCTNGGTTGCC
TTCCTGTGCCGCGNATTCCTCGTCCGCACACTCCTCANNCTGACAATTGTGGGCCCT
```

16. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน  
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oligo_VG
AGNGAGCGGCGTCCTTTTACTTTCCGTGGGCACAAGGGTTCGTTATTCCGAGCTCGGCAAGGA
AGGCCCATCCAATCAAACCCCGCAAACGTAGGCTAGCTTATCATGTATAGTACTTTGTCTA
AGCTAAGCGTAAGGAGTTGAGCTTAAGGCAAAAAATAAAGTGTAACTATATATGTGTAGCAT
CTGCGAATCACACTTAGTTAGTATAGCACGCGAGAGAAGAAGCATCTATACTCTCTGCTTGA
TCCTCTTAGATATATTCATTGAAACCCTGTGCCTTCATGCAATCCATACTCATTAACCTGCT
CCAAAAGACAAGGCGGCCACATTTTTTTTTTTTTCCCCCCCCCCCCGGGGAAAAAAAATAAA
GGATAACCCCTTTGGGGGGAGCCCCCTTGAAAACCCCTGGGGGTAGACCCCGTGGG
GGGGAACCCCTTGGGGAAAAACCCCTGGTTGGGTAACCCCGGGGGGGGAACCCGTTGGG
GGGGTAAACGTCTTGGGGGGGAATCAGCGGGGAGAAAAACAGATTGGGGGGGAAACCCCG
GTAAGGGAAAAACCAAGCTGGGGGTGAACCCCTACTGATCAAAAACCCGGTGGATACGACCA
ACCAGACCTAGGGTGGACCCACCCATGAGTGCCAACCCCAAAGGACCAACCCCGACGGTAA
AAAACAACCCATTTGGACCTCCCCGTTTGGACCCCGCGCTCGGGCCCACCCCTCGGAAGA
GTTATAGCGCCACATAGTTTGGACCTCGTCTGATCCTATAATACTTGATGAGATTAATTA
TTCTGGCGTGGTTTATTGTTTTAGTCGTGTTTATGACTCAGTATCCGTTTTTCGCCGTTACG
TCTATTTTTTTAT
```

17. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกบาน  
โดยไพรเมอร์ OPAB19

```
>1st_BASE_497730_9F_Forward_OPAB19
CNNNGGCTCCCGGATGGCTACACCGGATGGGCTACACCGATGGGCTACACCGATGGGCTACA
CCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACC
GATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGA
TGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACAGCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATG
TCCAGCTCGAGGATCACCCCGAGGACCGCGTCTGGCCACCGGGTCTCCTTCCCGATCGG
```

GGTAGCGATCGCGGTAGCGATCGGTGTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTAGCGATTGGTG  
TAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTGGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGGTGTAA  
GCCTAGGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTTGGCACGGGTAACACCGGGGTAGACCCGC  
CGTAAATTTGGGGTTCC

18. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. affinis* ที่เหลือของ ระยะเวลาบาน  
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

>1st\_BASE\_497731\_9R\_Reverse\_Oligo\_VG  
GCGCGTCCTTTTTTTTTTTTTTCCTTGCAAACCTGGGAGTGTTTCAGAGTTCGCCTAAAATGCA  
TCAACACCCCTTCAAAAATAGTTGGAAAATTGCAGATACTTTCTATAAAAAAATAAGAAGA  
AAACTTAAGCAAACCTGTTATACAACAAAGTTTTTTCCTCAACCACTTCATTAGTATATTGAGG  
CCGGGAAGAAAATTTACCCTAGCTCGATCTCCAGTTAAATCATTGAACCGCTTTCCTTCACA  
AAAAAGCTGATCATCAGCTCAAATGCAAAGGGAAAAACTTTTTTTTCCCCCCTGGATAA  
AAAAAGTAAAAGCAACCCGTGAGGCAACGGGGTGAAGCAGGCGGGGAAGAGCGGGGAGAAC  
AGGTTGAGAAAGGGGGGGTTCGGGGAGAGAAAAGTGAAGACGCAGCGCTAGACAAAGGCTG  
CGGCAGGTAAGGGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGACACAAACAGGGAACAGAACACACG  
GA

19. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* ที่บานเย็น ระยะเวลาบาน  
โดยไพรเมอร์ OPAB19

>1st\_BASE\_497732\_10F\_Forward\_OPAB19.ab1  
NNNTNNNNNGCGNNGNNTNCACNGAATAAGCTACGTTCGATGGCCCGGAGCTGGGCCATCGC  
CGTTGCCCAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGCTAGCCTACCTCTCCTTTGCCGAC  
TGACCCTGATTTCAAAATAATTGAACACAGCCCCATAAGTGGTGGTCCCAAGCTGGGAAGA  
GCAACAGAATCCAGATAACGCTTCGATCTCCCTCCAAATTCTGCCCCCTCTGATTCATCTG  
AAGAAGCAGCGGATGCACCGCCTCCCTCGCCACCTGGCCCTCCTCCCCATCGGTGTAGCCA  
TCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTATCCATC  
GGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCCTCGG  
TGTATCCATCGGTGTAACCTCGGTGTAGCCATCGGGGTANCCATCGGTGTATATATCACTG  
TATACNNAGGN

20. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* ที่บานเย็น ระยะเวลาบาน  
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

>1st\_BASE\_497733\_10R\_Reverse\_Oligo\_VG.ab1  
ANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCGNNNNNGCTNTACNNNNNNNNNNNGNNNNAGGGGC  
GNNNAAGANNNNNNNAAGGGGNNNGNTTTNGCTTTTCTTGGGTCAAGGAAGGGGGGGTGGG  
TNGGGNGATTNNNTTTCNNGNANGNNGNNTANTTNGCTCCACCAGGATAAAAAAAGC  
CACTCCCCTGAATTNNNTACCTCCCGGCCNCCAAAACGGGGGGACCCCCCGATTGGGCGG  
GCCTTTTTTTTTTCCCCCCCCGCAAAGAAAAAN

ผลการทำ Alignment ระหว่างเส้นที่ได้จาก forward primer และ reverse primer ด้วยโปรแกรม

## DNAMAN

1. ตัวอย่างจากแถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN1, from 1 to 285

Lower line: DNAMAN2, from 489 to 773

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 30%

```

1      NNNNNGGGAGANNAAAAAGNAGGGGGCTNAAGAAAAAGACCAATTCTGGGGTTGAGGGA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
489    AAACCGCAACCAAAAAAGCACGGGCAACGCAGAAGAGCAGTAGGCGGGGAACGCGCAGA

61     ACTATCGAACTCTCCTTCNCATACGNGTGNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
549    CACAGGACGAGGCAATTTCTTTTCAAGATTTTCAGGAGCGCCACCCCGCCAACCTGTAAG

121    GGNTGAGTTGNNTATANNGAANGTNACCTATAGGNATTGNCNNAATCATGATCATANCTG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
609    GCCCGGGAATTATGGTAAATGTCTTACCAAGTACAAAACGAAAAGCGACAACCAAAAACG

181    TTTCTGTGTGATTTGATGTCCGCTCACAGTCCGCACAACATACAGCCAGAACCGTAA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
669    CACGCGCAAAAACAGGGACAATGACAAAGTCATTTTTAACGAAAACGCGCAGAACTAGA

241    AGTGTAAGCCTGTGGTGCGAAATGAGTGAGCTAACTGNTTTAAT
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
729    AGAAAAAAACATCAACACAAACAGAAAAGAAAAGCTAGGGAAAA
  
```



2. ตัวอย่างจากแถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN4 and DNAMAN5

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN4, from 27 to 215

Lower line: DNAMAN5, from 10 to 182

DNAMAN4:DNAMAN5 identity= 25%

```

27     ACGTGGGGAGGNACTAGTCTTATTTGAGTTANCCCGTGGCNTTTTTTTNTNANAGGTGTG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
10     ACTCTATACCAGCGTCAAGGATGCCAAGGGCAGCCGCGGACAATTATTTTTTAAATCTT

87     NTTTTTGGGATAGTTCTTTCGNGTGGAAAGCGTTGTTGNNAANTGTGTGNCATGTTTTN
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
70     GATTTCCCCCCTCCCAAAAAGGGCGATCCTCAGAGGTAAAGTAGGCAAACCCCGTA..
  
```

```

147  CCCTGTCANNTCTCGATNTCGTCTGTNCTGTGTGTTTTTTTATCCCCTCTGTTTGCNCA
      ||           | | |           | |           ||
128  .....GAAAAAATCTCACCCAGCCCGGAGTAGACGTACGCCTAAAAGGCA
207  GGTATANAC
      | | |
174  AAGAAAAAA

```

### 3. ตัวอย่างจากแถบขนาด 373 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN7 and DNAMAN8

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN7, from 11 to 143  
Lower line: DNAMAN8, from 315 to 447

DNAMAN7:DNAMAN8 identity= 32%

```

11  TTNNNAAGANNTTAATTATNTGANAGCGTTTTATTCTATTGGGTAAAAANNNTGGACTGT
    ||      |||  |||      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
315  TTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAAAGGGAAGCTATAAACCCCAAACCAAAAAAAGGAGGTC
71  ATTTTTTAAAANTAGTCTTTATTTTGATTCNTNNCNNTTGTGGGGTGTGTAGCCTTT
    | | |||  | | ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
375  CAATAATTAAGCCACAAGATATTGTTAACCTAGTATTTAAAAATTATTTTATTAGTT
131  TTGGGCNNNCTNN
    ||      |
435  TTTTTTTTTTTAT

```

### 4. ตัวอย่างจากแถบขนาด 337 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN10 and DNAMAN11

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN10, from 9 to 179  
Lower line: DNAMAN11, from 48 to 222

DNAMAN10:DNAMAN11 identity= 26%

```

9  AANNAAANGAGAATTGGGCGATNGGGACGGCTCTTATNNTTAGAGTTATATNTNGAACTA
   ||  ||  ||      |  ||  |||  | |  ||  ||  |  ||  ||
48  AACAAACTTCTAAAAATCTCCACATAAAACTTTTATTTCTCGATTTCCAGACATAAAGTA
69  TTCTTTTT....TTATANTGCGTTTTAATGATTGCTCCGTTNCGNNTGNGGGGTNATTA
   ||  ||  | |  |  ||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
108  GCAAATTCGTCATCAACTCTCCGCAGCGGGAGCGGATTCGCCGCGCCGAAAGAAAGGCC
125  NCTATAGGNAACACNAAATTTTTNNNTAAAGTNATCTCCATTTNCCATGTCTNG
     | |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
168  CGCCGCCGAATAGAGCATCNCCGAAGCCNCTCCGAATCGNCTTGACNNNGNANAA

```

5. ตัวอย่างจากแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม โดยไพรมเมอร์ OPF14

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN13 and DNAMAN14

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN13, from 2 to 133  
Lower line: DNAMAN14, from 279 to 432

DNAMAN13:DNAMAN14 identity= 44%

```

2      NNNNNNNNANNGTGNAGGGAAGGNGGTTTTGGTAGCNGATTGTCTTTAGTGGGAG.....
      |          |  || |  ||| |||  |||  |||  |||  |
279    AATATNAATAAANGAGAGGTANTGGGTTGTGGTGTTTTTTTGTGGGGGAGGGGGGTANNG
57     .....TTATAGNGCTGCTATAAATTTTTTTATNNGGTCGTTTTNAAGGATATTTTG....
      || ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
339    AACAAATTTTAGAGGTTTTTTTAGTTTTTTTTTTAAGTATATGNTTAATATATATTANTAAC
108    .....GNCTTGTTCGCTGTTTTTGAGCNTTN
      |  ||| | ||||  ||
399    NAGCNATCGAGNGGTTGNTTTTTTTTTTTTTTTT

```

6. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกแรกแย้ม โดยไพรมเมอร์

OPAB 19

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN1, from 1 to 188  
Lower line: DNAMAN2, from 237 to 428

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 37%

```

1      AAAGAGGTAAACGTAAAAATT...ATTAACATATGGAAAAACAATATTTGTTATAATTA
      ||||| | | |||  |  || |  | |||  | | ||| |||
237    AAAGATCTTAGAATAATCCCTTCGGATCAATCCATCATAAATATGTGTCCGTTACAATAT
57     AAAGCTCTAAAAAATTTTTTTTATTGGTCTTTTAAATAAAAAATTTTCTCCGTTTTGA
      |  ||| ||| || |  || |  |  ||  |||
297    TGGGGGAAAAGAAAGCTTGCCTGCCTGCTGCTATAAAGGTTTTTTCCGTCCTCCCTC
117    GGTTAGTTTCGAATATGGGTAATGACATTTAGACTTTTGGTGTCTATGGTTATACCTGTT
      ||  ||| |||  ||  |  ||  | ||  | |
357    GGGATAAAAAAATCGGGGGGAAACCCCCGGGGGGGGCCCCAGGGGGGGTGGCCCCC
177    TTATGTGTTAAC
      | | ||
417    GGGGGGGGAAA

```

### 7. ตัวอย่างจากแถบขนาดขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วงระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN4 and DNAMAN5  
Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN4, from 22 to 189  
Lower line: DNAMAN5, from 33 to 475

DNAMAN4:DNAMAN5 identity= 33%

```

22   TCGACTTCGCCGCAAAGGCCTTCGCGGGNATTATAGTCTNNTCTGATTTCACTNCTNTTT
    ||           |||   ||   ||   ||   ||           ||   |
33   TCTCAAATTATTCACAATGTACGCGAGGTCATCTTTCCTTGCAACCCCGCCTCGCCGTC

82   ACNAGTTTTTTTTNTGGTTTTCTCTCCCTACGCTTTTGATGTTTTTTTTGTNNTTCTCTAA
    | |||   |   ||| || || |   |   ||   ||   ||
93   GTTCTCGTGTTCGTCTACNGCCTCTCTCCGATGCCAGACACGNAATGATTTACCTGT

142  TNNCATNGGNN.....
    | | |
153  TGCNAATGACTCCCTAGAGTGGGGAAACCAGCGGGGAAAAAAAAAAGGTTTAGATAT

153  .....

213  CTTCTGGAAAAAAAAAACCCCTTCTTTTCAAAAAAATTGGAAAGGGGGGGTTTTGCC

153  .....

273  CGCTGTGGGAAAAAGGCTTTTTTTTTTCCCCTGGGGTTGAGCAAAGGGTTATGCCCCCG

153  .....

333  GGGGGAGCAACGGGGGAGCCCCCGGGGGAGCCACCGGGTGACCCCTGCGGGTTAACC

153  .....CTCTTGGTGTCTC
    || || ||| |
393  CCGGGGTACCCACGGGGGACCGCTGTTGTTGCCCTCTGTTTTCTATTTGTGTAGTT

167  NTTGTGATAGCTGTTTCCTGTGT
    ||| |   || || ||
453  TTTGGTTTTTTAATTACCGTTGG

```

### 8. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN7 and DNAMAN8

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN7, from 3 to 673  
Lower line: DNAMAN8, from 55 to 753

DNAMAN7:DNAMAN8 identity= 31%

```

3   GNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGGGGGGAAGANANNNNNGTCAGGNACGNAGANNCCNGA
    ||           | |   | |   | |   | |
55  GGCAAGGAAGGCCCATCCAATCAAACCCCGCAAACGTAGGCTAGCTTATCATGTATAGT

63  NAAGAANNAAAGAATTGAAAAANTTGGTNNNAANAACAGATAAGCGAAAAAAGAATATA
    |||   |   ||   | |   ||   | |   ||   | |||
115 ACTTTGTCTAAGCTAAGCGTAAGGAGTTGAGCTTAAGGCAAAAAATAAAGTGTAACATA

```



```

75   CCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACA
      ||  |  ||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
85   TGGAAAATTGCAGATACTTTCTATAAAAAAATAAGAAGAAAACCTTAAGCAAACCTGTTA

135  CCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACA
      |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
145  TACAACAAAGTTTTCTCAACCACTTCATTAGTATATTGAGGCCGGAAGAAAATTTACC

195  CCGATGGCTACACCGATGGCTACAGCGATGGCTACACCGATGGCTACACC...GATGTCC
      |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
205  CTAGCTCGATCTCCAGTTAAATCATTGAACCGCTTCTTTCACAAAAAAGCTGATCATC

252  AGTCTGAGGATCACCCCGAGGACCGCGTCGTTGGCCACCGGTCTCTCTCCCGATCGGG
      ||||| |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
265  AGCTCAAATGCAAAGGGAAAAACTTTTTTTTCCCCCCCCTGGATAAAAAAAGTAAAAGCA

312  GTAGCGATCGCGGTAGCGATCGGTGTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTAGCGATTGGT
      ||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
325  ACCCGTGAGGCAACGGGGTGAAGCAGGCGGGGAAGAGCGGGGAGAACAGGTTGAGAAAG

372  GTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTGGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGGTG
      |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
385  GGGGGGTTCCGGGGAGAGAAAAGTGAAGACGCAGCGCTAGACAAAGGCTGCGGCAGGTAA

432  TAAGCCTAGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTTGGCACGGGTAACACC
      ||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
445  GGGGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGACACAAACAGGGAAAACAGAACACACCG

```

#### 10. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* สืบพันธุ์บนเยื่อ ระยะเวลาบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap\_penalty=7

Upper line: DNAMAN1, from 53 to 275

Lower line: DNAMAN2, from 59 to 271

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 28%

```

53   GGGCCATCGCCGTTGCCCAAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGCTAGCCTACCTCT
      ||||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
59   GGGCGNNAAGANNNNNNAAGGGNNGNTTNGCTTTTCTTGGGTCAAGGAAGGGGG

113  CCTTTGCCCGACTGACCTGATTTACAAAATAATTGAACACAGCCCCATAAGTGGTGGTC
      ||  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
119  GT.....TGGGTNGGGNGATTNNNTTTCNNGNANGNNGGNNNTANTTNGCTCCAC

173  CCAAGCTGGGAAGAGCAACAGAATCCAGATAACGCTTCGATCTTCCCTCAAATTCTGCC
      |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
169  CAGGATAAAAAAAGCCACTCCCCTGAATTNNNTACCTCCCGCCCNCCAAAACGGGG

233  CCCTCTGATTCATCTGAAGAAGCAGCGGATGCACCGCCTCCCT
      |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
229  GGACCCCCCGATTGGGCGGGCCTTTTTTTTTCCCCCCCCG

```

ผลการทำ Alignment ระหว่างเส้นที่ได้จาก forward primer และ reverse primer ด้วยโปรแกรม

## CLUSTAL W

1. ตัวอย่างจากแถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

Sequence type explicitly set to DNA

Sequence format is Pearson

Sequence 1: 1st\_BASE\_497714\_1F\_Forward\_OPF14.ab1 317 bp

Sequence 2: 1st\_BASE\_497715\_1R\_Reverse\_Oligo\_VG 1011 bp

Start of Pairwise alignments

Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 20.5047

Guide tree file created: [clustalw.dnd]

There are 1 groups

Start of Multiple Alignment

Aligning...

Group 1:

Delayed

Alignment Score 538

CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

```

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli ATTTGTTTTGTTGTCGCGCTGCTCTCTGTTGTGTGTTTTGTTCTTGTAT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF ----NNNNNGGGAGANNAAGNAGGGGGCTNAAGAAAAAGACCAATT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CGCGACATAGAGAAAAAAGAACTTGCCGAGTATATTTTTTTT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF CTGGGGTTGAGGGA--ACTATCGAA-----CTCTCCTTCNCATACGNGT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTCTTGCGAAGTGTCTACTGGCGAAAGATGGCCCTGTCCCTGGGTGT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF GNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAAGGNTGAG-TTGNNATAN
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TGC GCGGTGGCTTGTCTCCTAGTTTTTTTACTCTTGATCTTCTCTCAT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF NGAANGTNACCTATAGGN----ATTGNCNNAATCATGAT---CATANCT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTTATTTCTCTGTCGTTGCTTCACTTCTACTGCTCTGTTTTCCCTAGCT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF GT---TTCCTGTGTGATTGATGTCCGCTCAC---AGTTCGCACAACA
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTCTTTTCTGTTGTGTGATGTTTTTTTCTCTAGTTCGCGCGTTT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF T-----ACACGCCAGAACCGTAAAGTGTAAGCCTGTG-GTGCGAAATG
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TCGTTAAAATGACTTTGTCTATGTCCTCGGTTTTTGGCGGTGCGTTTTT
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF AGTGA--GCTAACTGNTTAAATGCGTGTG---CGCTCACGGCCCTCTTTT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGTGTGCGCTTTTTCGTTTGTACTTGGTAAGACATTTACCATAATCCCG
                               * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF AGTCTGN-----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGCCTTACAGGTTGGCGGGTGGCGCTCCTGAAAATCTGAAAAGAAAT
                               * * *

```

```

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GCCTCGTCCTGTGTCTGCGCGTTCCCCCGCCTACTGCTCTTCTGCGTTGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCGTGCTTTTTTGGTTGCGGTTCCCGCCTTTTGCAGCGCTTTTCGTCGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGGCGGGGATGGGTGGTCGTGCGTTTCGAGCGCATGCGGGCTGGGGGAGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TGTTCGGGGCGGGATGGCCTCAGGGATTTTAATACACCTGGCAGGAC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTTGCATGATTTTCCCGTCTCCTTCGTAGCGAATGCTCGTACTTGCAGG

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GCAAATGGTTTCCATCTACTTGTCTTAAAGGCGGAAAGCGGACGTCTCA

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGATAAAGAGAGAGAAAGGCGCATGTGTGTTGCAGTGAGAGAGGCAATT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTTTCTACTTTTCGAGAGTCAGTTTTTACCCAGAAGGGCCTCTTCAGATT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GCGAGCTCGCCTGGCAATGAAGGAAAAGCTCTTGTGTCTTCGCTCTC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli ACACAGTATGTTGCATGTTTCCCGTTTTAAAGGGGGAAGAAGCTAACCA

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCCCAGGACAAAAACACCACACCACCCAAAAACAACCAGCTACATAGTAGT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCTATTCNTNC

```

## 2. ตัวอย่างจากแถบขนาด 534 bp ของ *S. plicata* สีมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF      219 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli     182 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...

```

```

Sequences (1:2) Aligned. Score: 4.3956
Sequences (2:2) Aligned. Score: 24.7253
Guide tree          file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...

```

Group 1: Delayed  
 Sequence:2 Score:2024  
 Alignment Score 234  
 CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF -NNNNNTTANTNNNNNAGGNTT--GTTGACGTGGGGAGNACTAG-TCT
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli TTTTCTCTTTGCCTTTTAGGCGTACGTCTACTCCGGCTGGGTGAGATT
          **          *** * ** * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF TATTTGAGTTANCCCGTGGCNTTTTTNTNANAGGTGTGNTTTTTGGGA
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli TTTTCTACGGGTTTGCCTACTTTACCTCTGAGGATCGCCCTTTTGGG
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF TAGTCTTTCGNGTTGGAAGCGTGTGNNAAANTGTGTGCATGTTTN
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli AGGG-----GGGAAATCAAGATTTAAAAATAATTGTCCGCGCTGC
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF CCCTGTCAANNCTCGATNTCGTCTGTNCTGTGTGTTTTTTATCCCTCT
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli CCTTGGCATC-CTTGACGTG---GTATAGAGTGTCTCGTGC-----
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF TGTTTGCNCAGGTATANACNGN
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli -----
  
```

### 3. ตัวอย่างจากแถบแถบขนาด 373 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to DNA  
 Sequence format is Pearson  
 Sequence 1: 1st\_BASE\_497718\_3F\_Forward\_OPF 186 bp  
 Sequence 2: 1st\_BASE\_497719\_3R\_Reverse\_Oli 447 bp  
 Start of Pairwise alignments  
 Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 5.91398  
 Sequences (2:2) Aligned. Score: 42.7293  
 Guide tree file created: [clustalw.dnd]

Start of Multiple Alignment

There are 1 groups

Aligning...

Group 1: Delayed  
 Sequence:2 Score:2166  
 Alignment Score 231  
 CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli ATAAAAAAAAAAAACTAAATAAAATAATTTTTAAATACTAGGTTAACAA

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli TATCTTGTGGGCTTAATTATTGGACCTCCTTTTTTGGTTTTGGGGTTT

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
  
```

```

1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      ATAGCTTCCTTTTAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTCAG

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      -----NNNGGNANNTTNNNAAGANNT--
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      GGTGGTTGGGTTTGTCTGCAGGTGGACTACCAAGGATTGAAAATATCCCA
                                     *  **  ***  *

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      TTAATTATNTGANAGCGTTTATTCTATTGGGTAAAAANNNT---GGACTG
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      TGGGTTTTTTAGGAAAATTTACTTGCATACCACAAAATCTCATGCATTA
                                     *  ***  *      ***  **  *      ****  *  *  *  *

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      TATTTTTTA-----AAANT--AGTCTTTATTTTGATTTCNNTNNTTGT
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      TATATCTCATACCCAACTTCAATATTTACTTTTTTTTATCACTTTTAC
                                     ***  *  *  *      ***  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      TGGGGTTTGTAGCCTTTTGGGCNNCTNNTTTCNNATAAATGATCGN
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      ATCAAACCTTAGGCATGATAAGATGATTTCTACTTTTAAAAAGCAAGCAT
                                     *  **  *  *  *  *      *  **  *  *  *  *

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      TT-----TTTGTATTGTGTGGGTGTTT-----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      TAATGATAATTTTGATAAAT-TTGGGTAATCAATGTTTAAGGTGTAAGGA
                                     *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli      TAATGTAAATGCCGTAACGAACTTTGTACGATAGCTAGTGAACGGCC
    
```

4. ตัวอย่างจากแถบขนาด 337 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      193 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      227 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...
    
```

```

Sequences (1:2) Aligned. Score: 3.10881
Sequences (2:2) Aligned. Score: 17.6211
Guide tree      file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...
Group 1:      Delayed
Sequence:2      Score:2252
Alignment Score 260
CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]
    
```

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      ----GNNNGGGGAANNAANGAGAATTGGGCGA---TNGGGACGGCTCTT
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      NAATTTTNTNCNNNGTCAAGNCGATTCCGGAGNGGCTTCGGNGATGCTCTA
                                     *  **  ***  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      ATNTTTAGAG---TTATATNTGAACT----ATTCTTTTTTATANTNG
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      TTCGGCGCGGGCCTTCTTTCCGGCCGGCGAATCCGCCTCCCGCTGCGGA
                                     *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      CGTTTTAATGA----TTGCTCCGTTNCGNTTGNGG-----GG
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      GAGTTGAATGACGAATTTGCTACTTTATGTCTGAAATCGAGAAATAAAG
                                     **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
    
```

```

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      TNATTANCTATAGGNAACACNAAATTTTTNNNTAAAGTNATCTCCATT--
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      TTTTATGTGGAGATTTTGTAGAAGTTGTGTATTACTTTCTNCTNNGA
*   **   *   **                       **   **   *   *   **   *

```

```

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      TTNCCATGTCTNGGGTGTGTTGTGTT
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      TCNNNANGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

```

\* \* \* \* \*

## 5. ตัวอย่างจากแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14

### CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      149 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      434 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...

```

```

Sequences (1:2) Aligned. Score: 6.71141
Sequences (2:2) Aligned. Score: 39.1705
Guide tree      file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...
Group 1:                               Delayed
Sequence:2      Score:1761
Alignment Score 217
CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

```

clustalw.aln

### CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TAAAAAAAAAAAAAAAAANCAACCNCTCGATNGCTNGTNTANTAATATATA

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TTAANCATATACTTAAAAAAAAAACTAAAAAACCTCTAAAATTGTTCNNT

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      ACCCCCCTCCCCACAAAAAACACCACAACCCANTACCTCTCNTTTATT

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      NATATTGTTTCNNCCCTTCNTAAAAANAATTTNTTCCCAAAGGAAA

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      ACTACAACGCAANNTTTTGCCTTTTTTCTTCATGTTCTGGCGAAAGGAAG

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      GGCCCTGCGTATTTCCATAGGGAACCTTCGACTGGTGGACGTCCGCCTTA
*

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      GGGAAAGNGGTTTTGGT-AGCNGATTGCTTTAGTGGGAGTTATAGNGCT
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TTGCCCGCAGCTGCGGAGAGTTGAATGATTTGATCATGA-TCAGACTGAG
*   *   **   *   **   **   **   **   **   *   *   *   *

```



```

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      TCTA----TGGTTAT----ACCTGTTTTATGTGTTAACTTGTTA-----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CCTAACCATCTCTATGGGGACTTCTCTTACGCTTTACATTGTCTAAATTC
                                     ***      *      ***      ** * * * * * * * * * *
1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      ACGTTGGATGTACTGGGCAATACGGAGAGATGAGCGCGTACGAGCGAATG
1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CTTCGAGAACGGCGGGCGACTGCTGTGGTTGGCAGAGGATTAGATGGACC
1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      TCGCGTACATTGCTGAATAAATTGTGGGATGCGAGAGGGCATGTTCTCTAG
1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      GCTCCTCACGNN
    
```

7. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      196 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      492 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...
    
```

```

Sequences (1:2) Aligned. Score: 7.65306
Sequences (2:2) Aligned. Score: 42.8862
Guide tree      file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...
Group 1:                               Delayed
Sequence:2      Score:2117
Alignment Score 298
CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]
    
```

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      CGTCTCGCAAGGTGGTGCCAACGGTAATTA AAAAACCAAAACTACACAA
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      ATAGAAAAACAGAGGGCAACAACAGCGGTCCCCCGTGGGGTAACCCCGG
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GGTTAACCCGCAGGGGTCACCCGGTGGCTCCCCCGGGGGGCTCCCCCGG
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      ----NNNANNAANAAAAAAGGAATCGACTTCGCCGCAAAGGCCTTCGC
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TTGCTCCCCCGGGGGCATAACCCCTTTGCTCAACCCAGGGGAAAAAAA
                                     * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      GGNATTATAGTCTNTTCTGATTCA---CTNCTNTTTACNAGTTTTTTT
    
```

```

1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      AAAGCCTTTTTCCACAGCGGGCCAAACCCCCCTTCCAATTTTTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      NTGG-----TTTTCTCTCCCTACGCTTTTGATGTTTTTTTGTN
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GAAAAGAAGGGGTTTTTTTTTCCAGAAGATATCTAAACCTTTTTTTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      TTTCTCTAATNNCATNGGNNCTCTTGGTGTCTCNTGTGATAGCTGTTT
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TTCCCCGCTGGTTTCCCCACTCTAGGGAGTCATTNGCAACAGGTGAAA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      CCTGTGTAATTTTG-----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TCATTNCGTGTCTGGGCATCGGAGAGGCGNGTAGACGAAACACGAGAAC
      * * * * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GACGGCAGGGCCGGGTTGCAAGGAAAGATGACCTCGCGTACATTGTGAA
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TAATTTGAGAGATCGAGNGTANTNCNNNNNNNNNNNNNNNA

```

## 8. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีชมพู ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19 .

### CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to Protein
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      675 aa
Sequence 2: 1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      881 aa
Start of Pairwise alignments
Aligning...

```

```

(Partial alignment)
Sequences (1:2) Aligned. Score: 17.7778
(Partial alignment)
Sequences (2:2) Aligned. Score: 77.9796
Guide tree      file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...
Group 1:                               Delayed
Sequence:2      Score:6589
Alignment Score 1641
CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

```

clustalw.aln

### CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      --GGGNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGG----GGGGAAGANANNNGG
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ATAAAAAATAGACGTAACGGCGAAAAACGGATACTGAGTCATAAACACG
      . . . . . * * * * * * *
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TCAGGNACGNAGANNCCNGANAAGAANNAAGAATTGAAAAANTTGGTNNN
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACTAAAACAATAAACCCAGCCAGAATAATTAATCTCATCAAGTATTATAG
      :*:. . * . : * * . * . * . * . * . * . * . * . * .
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----AANAACAGATAAGCGAAAAAAGAATATACATG-AA
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GATCTACGACGAGGGTCAAACATATGTGGCGCTATAACTCTCCGAGGGGT
      . : * * * . : . * * * . : * * . : * . * * . :
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      GAATCAGCGATGGAAANCCATTCCAG-----TANTTGA

```

```

1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGGCCCCACGCGGGGGGTCCAAACCGGGGAGGTCCAATGGGTTGTTTT
*.. * ..** *..***:*** *..** :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTCAGGCG-----ACGAAGAAATNCCCCC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TACCGTGGGGGTTGGTCCTTTGGGGTGGCACTCATGGGTGGTCCACC
*:* * *                               :*..*..*..**.*

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      CTTTCTATTNTTTTCTTAATCAAA-----CAC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTAGGTCTGGTTGGTCGTATCCACCGGTTTTTGATCAGTAGGGGTTCC
** : * * . * * * * : * ..      ***

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      NCTCATCAT----AAATCCTATTNAGTTTGCATCGCCAGGCGCATGAA
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CCCCAGCTTGGTTTTCCCTTACGGGGGTTTCCCCCAATCTGTTTTT
* * * * : *      : : * * : * .. * * . * * * * . * : * :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TCTTACNGAACTGTCCTCCCG-----CCAACCTCAAT-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTCCCCGCTGATTCCCCCAAGACGTTTACCCCCCAACGGGTTCCCG
. * * . : * * * * * .      * .. * * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      ---CGGTANAGAAAGGTCCANAGAGATAATC-----GTAACCGCCG
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CCCCAGGGGTTACCCAACAGGGTTTTTCCCCAGGGGGTTCCCCC
*** . . . : * . : * . * . * : * * *      * .. * * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      GTGCGTGTTCG----CTGAGGTCTTCCAAAN----CCCTTCTTTGAT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACGGGGGTCTACCCCAGGGTTTTTCAAGGGGGGCTCCCCCAAAGG
. * * * * *      * : * * * * * * * * * .      * * * * : ..

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTA AAAACCAATTATTTATTTGCTNCTG-----ATCTAGTCGANT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGGTTATCCTTTATTTTTTTTTTCCCCGGGGGGGGGAAAAA
: : * : * * : * : * * * * * * * * *      * : * : * : * :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TGANTCTGCCAGTGCCTTCTTAACN-----AATCAATTGNANAAA
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TGTGGCCGCTTGTCTTTTGGAGCAGGTTAATGAGTATGGATTGCATGAA
** : * * * * : * * * * * *      : * * * * * * * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      GCCATTG----TAGTGAACATTCNCCAC---ACAAGCAGG-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGCACAGGGTTCAATGAATATATCTAAGAGGATCAAGCAGAGAGTATAG
* * * : *      * . * * * * * : * .. * . : * * * * * .

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----GTATGCCTTGCATCCTTGG-GTAGTTTTCTTTCTT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ATGCTTCTTCTCTCGCGTGTACTAATAAGTGTGATTCGCAGATGCT
* . * * * : * : * : * : * * * * * * * * * . * : * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTTCTTCTGNANAACCTCATCTCGACGTACTTATGTGACTCCCAAC-
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACACATATATAGTTACACTTTATTTTTTGCCTTAAGCTCAACTCCTTACG
: : * : * : * : * * * : * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      --TTGCGAAGAAGTTAGCCTGAAGATCTTTGNCTTCACAGC-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTAGCTTAGACAAAGTACTATACATGATAAGCTAGCCTACGTTTCCCGG
* : * * : * * * . . . : * * * * * * : * : * * * : * : *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----TNGGTTGCCCTTCTGTGCCG----CGNATTCTCGTCGCCAC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGTTTGATTTGGATGGGCTTCTT-TGCCGAGCTCGGAATAACGACCTTG
* . * * * * * * * * * * * * * * * * * * * : * : * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      ACTCCTCNCTGACAATTGTGGGCCTT-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TGCCACGGAAAGTAAAAGGACGCCGCTCNCT
: * * : * . . . . . * * : * * * *

```

9. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกบาน โดยไพรมอร์ OPAB19

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to DNA  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: 1st\_BASE\_497730\_9F\_Forward\_OPA 513 bp  
Sequence 2: 1st\_BASE\_497731\_9R\_Reverse\_Oli 498 bp  
Start of Pairwise alignments

Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 5.22088  
 Sequences (2:2) Aligned. Score: 33.9357  
 Guide tree file created: [clustalw.dnd]  
 Start of Multiple Alignment  
 There are 1 groups  
 Aligning...  
 Group 1: Delayed  
 Sequence:2 Score:4468  
 Alignment Score 1113  
 CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  -----CNNNGGCTCCCGGATGGCTACACCGGATGGGCTACA-----
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TCCGTGTGTTCTGTTTCCCTGTTTGTGCTCCGTTCCGCTTCTGTTTG
                                *****
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  ---CCGATGGGCTACACCGATGGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  CCCTTACCTGCGCGCAGCCTTGTCTAGCGTGCCTTCCGCTTCTGTTCT
                                * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  ACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTAC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  CCGCGGA--ACCCCTTCTCAAC-CTGTCTCCCGCTCTT--CCCC
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  ACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACAC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  GCCTGCTTCCACCCCGTGCCT-CAGGGTTGCTTTTACTTTTTTATCC
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  CGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACAGCGATGGCTA-CACC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  AGGGGGGGGAAAAAAGTTTTCCCTTGCATTTGAGCTGATGATCAGC
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  GATGGCTACACCGATGTCAGCTCGAGGATCACCCCGAGGACCGCGTCTGT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TTTTTTGTGAAGGAAAGCGTTCAATGATTAAGTTTCTTCTTATTTT
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  TGGCCACCGGGTCTCCTTCCCGATCGGGGTAGCGATCGCGGTAGCGATC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  -GGGTA---AATTTTCTTCCCGCCCAATA--TACTAATGAAGTGGTT
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  GGTGTAGCGATCGCTGTAGC---GATCGGGGTAGCGATTGGTGTAGCGAT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  GAGGAAAAGTTTGTGTATAACAGGTTGCTTAAGTTTCTTCTTATTTT
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  CGCTGTAGCGATCGGGGTGGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGG
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TTTTATAGAAAGTATCTGCAATTTTCCAACATTTTGAAGGGGGTGTGA
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  TGTAAGCCTAGGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTTGGCACGGGTAA
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TGCAT-TTTAGCGAACTCT---GAACACTCCAGGTTTGCAAGGAAAA
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA  CACCGGGGTAGACCCCGCGTAAATTTGGGGTTC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  AAAAAAAGGACGCGC-----
                                * * * * *

```

## 10. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* สืบพันธุ์ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

### CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to DNA  
 Sequence format is Pearson  
 Sequence 1: 1st\_BASE\_497732\_10F\_Forward\_OP 507 bp  
 Sequence 2: 1st\_BASE\_497733\_10R\_Reverse\_Ol 283 bp  
 Start of Pairwise alignments  
 Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 10.2473  
 Sequences (2:2) Aligned. Score: 28.2686  
 Guide tree file created: [clustalw.dnd]  
 Start of Multiple Alignment  
 There are 1 groups  
 Aligning...  
 Group 1: Delayed  
 Sequence:2 Score:3602  
 Alignment Score 466  
 CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

### CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      NNNNTNNNNNGCGGNNNNNTNCACNGAATAAGCTACGTCGATGGCCCCGGAG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----N

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CTGGGCCATCGCCGTTGCCCCAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGC
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      TTTTTCCTTTCGCGGGGGGGGAAAAAAAAGGCCCGCCAAT----CGG
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TAGCCTACCTCTCCTTTCGCCGACTGACCCTGATTTACAAATAATTGAA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GGGGTCCCCCGTTTTCGNGGGCCGG----GAG---GTANNNAAATTCAG
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CACAGCCCCATAAGTGGTGGTCCCAAGCTGGGAAGAGCAACAGAATCCAG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GGGAGTGGCTTTTTTTTTATCCTG-GTGGAGCNAANTANNNCCNNCNTN
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      ATAACGCTTCGATCTTCCCTCCAATTCTGCCCCCTCTGATTCATCTGAA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      CNNGAAANNNAAATCNCNACCCACCCCCCTTCCTTGACCCA-----A
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      GAAGCAGCGGATGCACCGCCTCCCTCGCCACCTGGCCCTCCTCCCCATC
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GAAA-AGCNAA--ANCNNNCCCTTNNNNNNNTCTNNNCGCCCTNNA
***   ***   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      GGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      NCNNNNNNNNNNNGTANAGCNNNNNNNCGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
*   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TGTAGCCATCGGTGTATCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      NNT-----
*

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCCTCGGTGTATCCATCGGTGTA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      ACCCTCGGTGTAGCCATCGGGGTANCCATCGGTGTATATATCACTGTATA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CNNAGGN
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

```

ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากเส้น reverse primer ของแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14 บนฐานข้อมูลใน NCBI

1. ><sup>┌</sup> [ref|XM\\_002463829.1|](#) **G** Sorghum bicolor hypothetical protein, mRNA  
Length=2240

GENE ID: 8086247 SORBIDRAFT\_01g008020 | hypothetical protein [Sorghum bicolor]  
(10 or fewer PubMed links)

Score = 42.8 bits (46), Expect = 2.0  
Identities = 29/33 (88%), Gaps = 0/33 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	74	AAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAA	106
Sbjct	1872	AAGTATTCTCTCCTGAGTCTGATCATGACCAA	1840

2. ><sup>┌</sup> [ref|NM\\_001111776.1|](#) **UG** Zea mays tousled-like kinase 2 (TLK2), mRNA  
[gb|AY496080.1|](#) **UG** Zea mays tousled-like kinase 2 (TLK2) mRNA, complete cds  
Length=2729

GENE ID: 542152 TLK2 | tousled-like kinase 2 [Zea mays]

Score = 42.8 bits (46), Expect = 2.0  
Identities = 29/33 (88%), Gaps = 0/33 (0%)  
Strand=Plus/Minus

Query	74	AAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAA	106
Sbjct	2288	AAGTATTCTCTCCTGAGTCTGATCATGACCAA	2256

3. ><sup>┌</sup> [ref|NM\\_001055271.2|](#) **UG** Oryza sativa Japonica Group Os03g0113500  
(Os03g0113500) mRNA,  
complete cds  
Length=4146

GENE ID: 4331378 Os03g0113500 | Os03g0113500 [Oryza sativa Japonica Group]

Score = 41.0 bits (44), Expect = 6.9  
Identities = 28/32 (88%), Gaps = 0/32 (0%)  
Strand=Plus/Plus

Query	117	CTCCGCAGCCTGCGGCAATAAGGCGGACGTCA	148
Sbjct	3395	CTCCGCCGCCTGCGGCAACAAGTGGGACGTCA	3426

4. >  [ref|XM\\_725807.1|](#) **GMD** Plasmodium yoelii yoelii str. 17XNL chloroquine resistance marker protein (PY02945) partial mRNA  
Length=19911

GENE ID: [3830125](#) [PY02945](#) | chloroquine resistance marker protein  
[Plasmodium yoelii yoelii str. 17XNL] (10 or fewer PubMed links)

Score = 41.0 bits (44), Expect = 6.9  
Identities = 35/43 (81%), Gaps = 3/43 (7%)  
Strand=Plus/Minus

```

Query    353      ttttttagttttt---tttttAAGTATATGNTTAATATATATT 392
          |||||  ||||  ||||  |  ||||  |||||  |||||
Sbjct   12354    TTTTTTATTTTTTATTTTTTTCATTATATTTTAAATATATATT
12312

```

## ประวัติผู้เขียน



ชื่อ-สกุล นางสาว จตุพร อนุชัย

วันเดือนปีเกิด 28 มกราคม 2529

### ประวัติการศึกษา

ระดับมัธยมศึกษาตอนต้น	ร.ร. พระพุทธย เชียงใหม่
ระดับมัธยมศึกษาตอนปลาย	ร.ร. พระพุทธย เชียงใหม่
ระดับปริญญาตรี	คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

