

## กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยโครงการ การพัฒนาพืชสมุนไพร ซึ่งได้รับทุนอุดหนุนวิจัยปี 2552 จากสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ขอแสดงความขอบคุณ คณะกรรมการวิจัยแห่งชาติที่ให้การสนับสนุนทุนอุดหนุนวิจัย โดยมี คุณสุนันทา สมพงษ์ ผู้อำนวยการฯ คุณสุภาพร โชคเฉลิมวงศ์ และคุณอุมารินทร์ โจมเกิดให้ ที่การสนับสนุน และอำนวยความสะดวก ทำให้โครงการวิจัยฯ และคณะผู้วิจัยได้รับความสะดวกและรวดเร็วในการดำเนินการต่าง ๆ ของโครงการฯ เป็นอย่างดี

ขอกราบขอบพระคุณท่านผู้ทรงคุณวุฒิ ที่พิจารณาโครงการฯ และกรุณาให้คำปรึกษา แนะนำแนวทางในการแก้ปัญหาต่าง ๆ ของโครงการฯ ตลอดจนให้คำแนะนำเรื่องการรายงานผลเพื่อให้งานวิจัยก่อเกิดประโยชน์สูงสุด จนกระทั่งโครงการวิจัยนี้ได้สำเร็จลุล่วงเป็นอย่างดี

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ ผู้ร่วมวิจัยทุกท่าน เจ้าหน้าที่ภายในโครงการ รวมทั้งเจ้าหน้าที่จากหน่วยงานต่าง ๆ ที่เกี่ยวข้อง ซึ่งได้รับการช่วยเหลือและการประสานงานที่ดีตลอดมา ทำให้งานวิจัยประสบความสำเร็จเป็นอย่างดี

คณะผู้วิจัย

ตุลาคม 2553

## สารบัญเรื่อง

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	i
สารบัญเรื่อง	ii
สารบัญภาพ	iv
สารบัญตาราง	viii
บทคัดย่อ	xi
Abstract	xiii
บทนำ	xv
ความสำคัญและที่มาของปัญหา	xv
วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย	xv
ระเบียบวิธีวิจัย	xvi
ประโยชน์ที่รับ	xvii
หน่วยงานที่นำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์	xvii
<i>โครงการวิจัยย่อยที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย</i>	
บทคัดย่อ	1
Abstract	2
บทนำ	4
วัตถุประสงค์	5
การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง	5
ระเบียบวิธีการดำเนินการวิจัย	28
ผลการวิจัย	39
อภิปรายและวิจารณ์ผล	73
สรุปผลการวิจัยและเสนอแนะ	75
บรรณานุกรม	76
ภาคผนวก	80
<i>โครงการวิจัยย่อยที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกในประเทศไทย</i>	
บทคัดย่อ	101
Abstract	102

## สารบัญเรื่อง (ต่อ)

	หน้า
บทนำ	102
วัตถุประสงค์	103
การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง	103
ระเบียบวิธีการดำเนินการวิจัย	109
ผลการวิจัย	119
อภิปรายและวิจารณ์ผล	130
สรุปผลการวิจัยและเสนอแนะ	131
บรรณานุกรม	137
ประวัตินักวิจัย	141

## สารบัญญภาพ

ภาพที่		หน้า
	โครงการวิจัยย่อยที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย	
1-1	ต้น ดอก และหัวไพล	5
1-2	การวิเคราะห์องค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลด้วย Gas-Chromatography	9
1-3	ส่วนประกอบพื้นฐานของ GC	19
1-4	ส่วนประกอบพื้นฐานของ Mass Spectrometer	20
1-5	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS1 ด้วยตัว ทำละลายเฮกเซน ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-7	44
1-6	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS2 ด้วยตัว ทำละลายเฮกเซน ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-8	45
1-7	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS3 ด้วยตัว ทำละลายเฮกเซน ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-9	46
1-8	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS1 ด้วย การกลั่นด้วยน้ำ ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-10	47
1-9	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS2 ด้วย การกลั่นด้วยน้ำ ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-11	48
1-10	โครมาโตแกรมแสดงองค์ประกอบของสารที่พบในน้ำมันที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS3 ด้วย การกลั่นด้วยน้ำ ตัวเลขที่กำกับในแต่ละพีค (peak) คือชนิดของสารที่ปรากฏในตารางที่ 1-12	49
1-11	ลักษณะต้นและดอกของไพล กลุ่มที่ 1	52
1-12	ตัวอย่างดีเอ็นเอของไพล จากการทำอิเล็กโทรโฟริซิสในอะกาโรสเจล 0.8 เปอร์เซ็นต์ และย้อม เจลด้วย Ethidium bromide (M คือแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน Standard 100 bp DNA marker)	53
1-13	รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 1 ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพี โดยใช้คู่ไพรเมอร์ E-ACC/M-CAC (ตัวเลขที่กำกับแสดงหมายเลขตัวอย่าง และ M คือแถบดีเอ็นเอ มาตรฐาน)	55
1-14	รูปแบบของลายพิมพ์ดีเอ็นเอตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 1 ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพี โดยใช้คู่ไพรเมอร์ E-ACG/M-CAT (ตัวเลขที่กำกับแสดงหมายเลขตัวอย่าง และ M คือแถบดีเอ็นเอ มาตรฐาน)	55
1-15	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไพลทั้งหมด 21 ตัวอย่าง สร้างโดยอาศัยข้อมูลลายพิมพ์ ดีเอ็นเอจากเทคนิคเอเอฟแอลพี	56
1-16	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงการจัดแบ่งเป็นกลุ่มย่อยของตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 1	57

## สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
1-17	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการวิเคราะห์ตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 2 ด้วยเทคนิคเอฟแอลพี โดยใช้ไพรเมอร์ E-ACC/M-CAC (ตัวเลขที่กำกับแสดงหมายเลขตัวอย่าง และ M คือแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน)	65
1-18	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการวิเคราะห์ตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 2 ด้วยเทคนิคเอฟแอลพีโดยใช้ไพรเมอร์ E-AAC/M-CTG (ตัวเลขที่กำกับแสดงหมายเลขตัวอย่าง และ M คือแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน)	66
1-19	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไพลและพืชสายพันธุ์ใกล้เคียงทั้งหมด 132 ตัวอย่าง สร้างโดยอาศัยข้อมูลจากลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่วิเคราะห์ด้วยเทคนิคเอฟแอลพี	70
1-20	ตัวอย่างลักษณะไพลกลุ่มที่ 1 คือช่อดอกยาว ปลายช่อดอกเรียว และปลายกลีบประดับในบางตัวอย่างมีสีเขียว	71
1-21	ตัวอย่างลักษณะไพลกลุ่มที่ 2 คือต้นสูง รูปร่างดอกสั้น	71
1-22	ตัวอย่างลักษณะใบของไพลกลุ่มที่ 3 ที่มีลาย หรือเป็นริ้ว	72
1-23	ตัวอย่างลักษณะไพลกลุ่มที่ 4 คือ ต้นเตี้ย กลีบประดับของช่อดอกเป็นสีเขียว	72
1-24	แสดงการเปรียบเทียบลักษณะดอกของไพลแต่ละกลุ่ม: (A) ไพลกลุ่มที่ 1, (B) ไพลกลุ่มที่ 2, (C) ไพลกลุ่มที่ 3, (D) ไพลกลุ่มที่ 4, (E) ไพลกลุ่มที่ 5, (F) ไพลป่า และ (G) กระทือ	72
ภาพผนวกที่		
1-1	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S1	80
1-2	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S2	81
1-3	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S3	82
1-4	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S4	83
1-5	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S5	84
1-6	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S6	85
1-7	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S7	86
1-8	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S8	87
1-9	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S9	88
1-10	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S10	89
1-11	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S11	90
1-12	การวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S12	91

## สารบัญญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่		หน้า
1-13	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S13	92
1-14	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S14	93
1-15	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S15	94
1-16	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S16	95
1-17	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S17	96
1-18	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S18	97
1-19	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S19	98
1-20	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S20	99
1-21	การวิเคราะห์ห้องค้ำประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยจากไพลตัวอย่าง S21	100
		หน้า
	<i>โครงการวิจัยย่อยที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกในประเทศไทย</i>	
2-1	ใบอ่อนลักษณะม่วงของตัวอย่างว่านชักมดลูกและพืชชนิดใกล้เคียงที่ใช้ในการสกัดดีเอ็นเอ	110
2-2	แปลงรวบรวมพันธุกรรมว่านชักมดลูกของโครงการ	120
2-3	ลายพิมพ์เอเอฟแอลพีจีของตัวอย่าง 14 ตัวอย่างที่ใช้ screen ไพรมเมอร์ จำนวน 2 คู่ ไพรมเมอร์ คือ ไพรมเมอร์คู่ E-ACC กับ M-CAC และไพรมเมอร์คู่ E-AGC กับ M-CAA	121
2-4	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวอย่างทั้ง 60 ตัวอย่าง สร้างด้วยวิธี UPGMA คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมด้วยวิธี Jaccard coefficient (J)	123
2-5	แผนภาพการจัดกลุ่มด้วยวิธี principle coordinates analysis (PCoA)	123
2-6	ลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางประการของตัวอย่าง	124
2-7	ลักษณะหัวของตัวอย่างกลุ่มที่ 1	125
2-8	สีเส้นกลางใบของตัวอย่างกลุ่มที่ 1	126
2-9	ลักษณะช่อดอกของตัวอย่างกลุ่มที่ 1	126
2-10	ลักษณะหัวของตัวอย่างกลุ่มที่ 2	127
2-11	ลักษณะช่อดอกของตัวอย่างกลุ่มที่ 2	127
2-12	ลักษณะหัวของตัวอย่างกลุ่มที่ 3	128
2-13	สีเส้นกลางใบของตัวอย่างกลุ่มที่ 3	129
2-14	ลักษณะช่อดอกของตัวอย่างกลุ่มที่ 1	129
2-15	ลักษณะหัวของตัวอย่าง 3 กลุ่ม (A) คือ ตัวอย่างกลุ่มที่ 1 (B) คือ ตัวอย่างกลุ่มที่ 2 และ (C) คือ ตัวอย่างกลุ่มที่ 3	132

## สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่		หน้า
2-16	ลักษณะช่อดอกของตัวอย่าง 3 กลุ่ม	132
2-17	ลักษณะดอก (flower) ที่อยู่ภายในกลีบประดับตอนล่าง	133

## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
<i>โครงการวิจัยย่อยที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย</i>	
1-1	องค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันไพล 9
1-2	องค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันไพลจากการกลั่นด้วยวิธีไมโครเวฟ การกลั่นเครื่องกลั่นน้ำมันหอมระเหย และการกลั่นด้วยวิธีไมโครเวฟร่วมกับการใช้คลื่นอัลตราโซนิก 10
1-3	มาตรฐานน้ำมันไพล 29
1-4	ผลการสกัดน้ำมันหอมระเหยจากไพลด้วยวิธีการสกัดเย็นด้วยเฮกเซน และวิธีการกลั่นด้วยน้ำ 40
1-5	ลักษณะปรากฏของน้ำมันไพลจากการสกัดเย็นด้วยเฮกเซนและวิธีการกลั่นด้วยน้ำ 41
1-6	ค่าคุณภาพทางฟิสิกส์ของน้ำมันหอมระเหยจากไพลด้วยวิธีการสกัดเย็นด้วยเฮกเซนและวิธีการกลั่นด้วยน้ำ 42
1-7	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS1 ด้วยตัวทำละลายเฮกเซน 44
1-8	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS2 ด้วยตัวทำละลายเฮกเซน 45
1-9	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS3 ด้วยตัวทำละลายเฮกเซน 46
1-10	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS1 ด้วยการกลั่นด้วยน้ำ 47
1-11	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS2 ด้วยการกลั่นด้วยน้ำ 48
1-12	องค์ประกอบทางเคมีที่พบในน้ำมันไพลที่สกัดจากไพลสดตัวอย่าง PS3 ด้วยการกลั่นด้วยน้ำ 49
1-13	มาตรฐานน้ำมันไพล 50
1-14	องค์ประกอบทางเคมีของตัวอย่างไพลที่สกัดโดยใช้วิธีสกัดต่างกัน 50
1-15	คู่มือที่ใช้ในการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอไพลด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพี 54
1-16	คู่มือที่ใช้สำหรับเทคนิคเอเอฟแอลพี จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมดและจำนวนแถบดีเอ็นเอที่ให้ polymorphism จากการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอในไพลกลุ่มที่ 1 54
1-17	ปริมาณผลผลิตโรโซม และปริมาณน้ำมันไพลที่สกัดได้ด้วยวิธีการกลั่นด้วยน้ำของตัวอย่างไพลในกลุ่มที่ 1 58
1-18	ค่าเฉลี่ยผลผลิตโรโซม เปอร์เซ็นต์ปริมาณน้ำมันหอมระเหย และปริมาณน้ำมันหอมระเหยต่อต้นของแต่ละกลุ่มสายพันธุ์ 59
1-19	ค่าคุณภาพทางฟิสิกส์ของน้ำมันหอมระเหยจากไพล 21 ตัวอย่างที่สกัดด้วยวิธีการกลั่นด้วยน้ำ 60

## สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		ตารางที่
1-20	ปริมาณสารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยในไพล 7 สายพันธุ์จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	62
1-21	ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันจากไพลทั้ง 21 ตัวอย่างที่ได้จากการกลั่นด้วยน้ำ วิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC-MS	63
1-22	ไพรเมอร์ที่ใช้สำหรับเทคนิคเอเอฟแอลพี จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมดและจำนวนแถบดีเอ็นเอที่ให้ polymorphism จากการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอในตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 2	66
ตารางผนวกที่		
1-1	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S1 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC-MS	80
1-2	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S2 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	81
1-3	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S3 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	82
1-4	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S4 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	83
1-5	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S5 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	84
1-6	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S6 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	85
1-7	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S7 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	86
1-8	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S8 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	87
1-9	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S9 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	88
1-10	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S10 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	89
1-11	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S11 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	90
1-12	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S12 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	91
1-13	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S13 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	92
1-14	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S14 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	93
1-15	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S15 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	94
1-16	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S16 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	95
1-17	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S17 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	96
1-18	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S18 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	97
1-19	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S19 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	98
1-20	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S20 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	99
1-21	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S21 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	100

## สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
1-21	สารองค์ประกอบของน้ำมันหอมระเหยไพลตัวอย่าง S21 จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่อง GC	100
<i>โครงการวิจัยย่อยที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกในประเทศไทย</i>		
2-1	รายละเอียดที่มาของตัวอย่างที่ทำการศึกษา	109
2-2	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ adapter	114
2-3	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ	116
2-4	แสดงคู่ไพรเมอร์ที่เหมาะสมที่สามารถแยกความแตกต่างของตัวอย่างว่านชักมดลูกได้	120
2-5	ลักษณะสัณฐานวิทยาที่เด่นชัดของตัวอย่างแต่ละกลุ่ม	135

## ชื่อโครงการ การพัฒนาพันธุ์พืชสมุนไพร

### Development of Medicinal Plants

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยเพื่อพัฒนาเศรษฐกิจและสังคมด้วยวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยประจำปี 2552 จำนวน 5,233,000 บาท

ระยะเวลาทำการวิจัย 1 ปี ตั้งแต่ 25 พฤษภาคม 2552 ถึง 25 พฤษภาคม 2553

ชื่อผู้วิจัย	ผศ.ดร.วิเชียร กิรตินิจกาล	นางสาวกุหลาบ เหล่าสาริต
	นางสาวโสภิตา ชิดชื่นเชย	นายชัยมงคล ตะนะสอน
	นางสาวอารีย์รัตน์ ขุนภิบาล	นางสาวเมทินี กัดมูข
	นางสาวจูนิตา บุญสร้างสม	นางสาวอุดมลักษณ์ สุขอัครตะ
	นายวัฒนา อาจวิชัย	

### บทคัดย่อ

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสมุนไพรสองชนิดคือ ไพล และว่านชักมดลูก เนื่องจากพืชทั้งสองชนิดนี้จัดอยู่ในวงศ์ Zingiberaceae ซึ่งยังมีความสับสนในการจัดจำแนกชนิด และสายพันธุ์อยู่มาก คณะผู้วิจัยได้ใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดเอเอฟแอลพีในการจำแนกสมุนไพรดังกล่าว โดยโครงการวิจัยแบ่งเป็น 2 โครงการย่อยคือ โครงการย่อยที่ 1 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย และโครงการย่อยที่ 2 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกในประเทศไทย จากผลการวิจัยพบว่าเทคนิคเอเอฟแอลพีเป็นเทคนิคที่สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการจำแนกสายพันธุ์ไพลและว่านชักมดลูกได้เป็นอย่างดี และพบว่ากลุ่มตัวอย่างที่ได้รับการจำแนกโดยแผนภูมิทางพันธุกรรม มีความสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางประการ

#### โครงการวิจัยย่อยที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย

โครงการนี้ประกอบด้วยงานวิจัยย่อย 3 ส่วน คือ (1) ศึกษาวิธีการสกัดน้ำมันไพลที่เหมาะสม (2) การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและการจำแนกสายพันธุ์ไพลโดยใช้เทคนิคเอเอฟแอลพี และ (3) การคัดเลือกสายพันธุ์ไพลที่ให้ผลผลิตสูงและน้ำมันมีคุณภาพดี

การทดลองส่วนแรกคือการศึกษาวิธีการสกัดน้ำมันหอมระเหยไพลที่เหมาะสม โดยเปรียบเทียบวิธีการสกัด 2 วิธีคือการการกลั่นด้วยน้ำ และการสกัดเย็นด้วยเฮกเซน ผลการทดลองพบว่าวิธีการสกัดด้วยน้ำให้ปริมาณน้ำมันหอมระเหยไพลมากกว่าวิธีการสกัดเย็นด้วยเฮกเซน อีกทั้งลักษณะทางกายภาพของน้ำมันที่ได้ และองค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันมีค่าใกล้เคียงมาตรฐานที่กำหนดมากกว่า คณะผู้วิจัยจึงเลือกใช้วิธีการกลั่นด้วยน้ำในการสกัดน้ำมันไพลในงานวิจัยที่เกี่ยวข้องต่อไป

ส่วนที่สองคือการทดลองเพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและจำแนกสายพันธุ์ไพลโดยใช้เทคนิค เอเอฟแอลพี โดยตัวอย่างในการทดลองแบ่งออกเป็นสองกลุ่มคือ ไพลกลุ่มที่ 1 ที่มีอายุ 32 เดือน มีจำนวนทั้งสิ้น 21 ตัวอย่าง ตัวอย่างกลุ่มนี้สามารถเก็บเกี่ยวผลผลิตได้ทันที และไพลกลุ่มที่ 2 จำนวนทั้งสิ้น 132 ตัวอย่าง เป็นกลุ่มที่เริ่มปลูกในปี 2552 จากผลการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอพบว่าไพลกลุ่มที่ 1 สามารถจำแนกได้เป็น 6 กลุ่มสายพันธุ์ และตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 2 สามารถจำแนกได้เป็น 49 กลุ่มสายพันธุ์ ซึ่งผลการแบ่งกลุ่มโดยใช้ข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ มีความสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางประการ เช่น ลักษณะริ้วบนแผ่นใบ รูปร่างของช่อดอก และลักษณะสีที่ปรากฏบริเวณปลายกลีบประดับของช่อดอก ทั้งนี้ควรทำการศึกษาเพิ่มเติมในด้านลักษณะสัณฐานวิทยา ผลผลิต ไชวม ปริมาณน้ำมันหอมระเหย แล้วนำข้อมูลที่ได้มาพิจารณาร่วมกับผลการจำแนกกลุ่มโดยใช้ข้อมูลทางพันธุกรรม เพื่อให้สามารถคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดีที่สุดให้ผลผลิตสูง มีปริมาณน้ำมันหอมระเหยและองค์ประกอบทางเคมีที่ตรงตามมาตรฐานต่อไป

ส่วนสุดท้ายคือการคัดเลือกไพลสายพันธุ์ดี เมื่อพิจารณาผลผลิตปริมาณน้ำมันหอมระเหยเฉลี่ยต่อกอในตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 1 พบว่ากลุ่มสายพันธุ์ที่ 5 เป็นกลุ่มสายพันธุ์ที่มีปริมาณน้ำมันหอมระเหยเฉลี่ยต่อกอมากที่สุดเท่ากับ 88.1 มิลลิกรัม รองลงมาคือกลุ่มสายพันธุ์ที่ 1 มีค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำมันหอมระเหยต่อกอเท่ากับ 63.3 มิลลิกรัม คณะผู้วิจัยมีความเห็นว่าสายพันธุ์ที่ 5 และสายพันธุ์ที่ 1 น่าจะเป็นสายพันธุ์ที่ดี แต่ทั้งนี้ควรทำการทดลองเพื่อปลูกทดสอบสายพันธุ์ดังกล่าวเพื่อยืนยันผลการวิจัยต่อไป

## โครงการวิจัยย่อยที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชัชมดลูกในประเทศไทย

โครงการย่อยนี้เป็นการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชัชมดลูกโดยใช้เครื่องหมายเอเอฟแอลพี จากการรวบรวมพันธุกรรมว่านชัชมดลูกจากทุกภูมิภาคของประเทศไทย พบว่าสามารถรวบรวมว่านชัชมดลูกได้ทั้งสิ้น 411 ตัวอย่าง คัดเลือกตัวอย่างที่มีลักษณะภายนอกแตกต่างกันจำนวน 60 ตัวอย่าง นำมาตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพี เมื่อนำผลจากลายพิมพ์ดีเอ็นเอมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มแล้วสร้างแผนภูมิทางพันธุกรรม พบว่าสามารถจำแนกตัวอย่างจำนวน 60 ตัวอย่างได้เป็น 3 กลุ่ม โดยเป็นกลุ่มของว่านชัชมดลูก 2 กลุ่ม และกลุ่มของพืชชนิดอื่นที่มีลักษณะคล้ายว่านชัชมดลูก 1 กลุ่ม เมื่อศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาาร่วมด้วย พบว่าสามารถระบุชนิดของตัวอย่างกลุ่มที่ 3 ได้เป็น *Curcuma comosa* ส่วนตัวอย่างว่านชัชมดลูกกลุ่มที่ 1 และกลุ่มของพืชชนิดอื่นที่มีลักษณะคล้ายว่านชัชมดลูกซึ่งถูกจัดอยู่ในกลุ่มที่ 2 สามารถระบุชนิดได้เป็น *Curcuma* sp. จากข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอเอเอฟแอลพีพบว่าสามารถแบ่งตัวอย่างออกเป็นกลุ่มได้อย่างชัดเจน ซึ่งเมื่อพิจารณาลักษณะทางสัณฐานวิทยาพบว่าการแบ่งกลุ่มโดยใช้ข้อมูลจากลายพิมพ์ดีเอ็นเอเอเอฟแอลพีมีความสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา

**คำสำคัญ** สมุนไพร ไพล ว่านชัชมดลูก การสกัดน้ำมันหอมระเหย องค์ประกอบทางเคมี เครื่องหมายดีเอ็นเอ เอเอฟแอลพี ความหลากหลายทางพันธุกรรม

## Abstract

This research project aims to evaluate the genetic diversity and to identify varieties of two medicinal herbs, Plai and Wan Chak Mod Loog. These herbs belong to Zingiberaceae family which the knowledge involving an identification of species and varieties is still unclear. In the present study, the AFLP marker was used for variety identification of those herbs. The study divided into two sub-project; (1) Genetic diversity of Plai (*Zingiber montanum* (Koen.) Theilade) in Thailand and (2) Genetic diversity of Wan Chak Mod loog (*Curcuma comosa* Roxb., *Curcuma latifolia* and *Curcuma xanthorrhiza* Roxb.) in Thailand.

### **Sub-project 1 Genetic Diversity of Plai (*Zingiber montanum* (Koen.) Theilade) in Thailand**

Sub-project 1 is the study of genetic diversity of Plai in Thailand. This sub-project consists of three main experiments; (1) the study on volatile oil extraction methods; (2) the evaluation of genetic variation and the varieties identification of Plai using AFLP technique and (3) the selection of promising variety providing high volatile oil yield.

The first part is the experiment to find the appropriate method for Plai volatile oil extraction. The water distillation and hexane extraction methods were studied. The result indicated that water distillation showed high extraction efficiency in term of quantity, physical characteristics, and chemical compositions. We concluded that the best approach for volatile oil extraction from Plai rhizome was water distillation, which will be used in our further experiment.

The second part was performed to evaluate the genetic diversity and to identify Plai varieties using AFLP technique. This research was divided into two sub-experiments. The first sub-experiment was performed in Plai group 1 containing 21 samples, which were planted for 32 months, and the second sub-experiment was carried out in Plai group 2 containing 132 samples, which have been planted in 2009. The result showed that AFLP technique can be successfully applied to identify Plai varieties. The AFLP fingerprints revealed that Plai group 1 could be divided into six varieties and Plai group 2 could be divided into 49 varieties. These groupings were also relevant to some morphological differences of the phenotype such as white-stripe or yellow-strip leaf, inflorescence shapes and the height of pseudostem.

The last part, we investigated the volatile oil yields of Plai group 1 in order to select the promising variety. The result revealed that the fifth variety showed the highest average volatile oil yield per clump at 88.1 ml and the second average volatile oil yield was 63.3 ml found in the first variety. We recommended the fifth variety as a promising variety. We suggest that further experiment on yield test of those two varieties should be focused to confirm this result. The

morphological characteristics, rhizome yield and volatile oil yield of Plai group 2 should be also observed in next year when it matures enough to harvest rhizomes.

### **Sub-project 2 Genetic diversity of Wan Chak Mod Loog (*Curcuma comosa* Roxb., *Curcuma latifolia* and *Curcuma xanthorrhiza* Roxb.) in Thailand**

This study was performed to assess genetic diversity and to identify varieties of Wan Chak Mod Loog using AFLP technique. In total, 411 accessions of *Curcuma* spp. were collected from cultivated sites throughout Thailand. Sixty samples which showed different phenotypes were selected and then subjected to AFLP fingerprinting. The result indicated that all 60 samples could be divided into three groups. Considering the morphological characteristics, the samples in group III could be assigned to *Curcuma comosa*, whereas samples in group I and related species samples which clustered in group II could be assigned to *Curcuma* sp. We found that the morphological characteristics and AFLP data could be used to accurately identify and classify all sixty samples.

**Keywords:** medicinal herb, *Zingiber montanum*, *Curcuma comosa*, volatile oil extraction, chemical composition, DNA marker, AFLP, genetic diversity

## บทนำ

### ความสำคัญและที่มาของปัญหา

ในประเทศไทยมีการใช้ไพลและว่านชักมดลูกเป็นยาสมุนไพรอย่างแพร่หลาย ปัจจุบันมีการปลูกพืชทั้งสองชนิดในเชิงการค้า แต่ยังคงขาดข้อมูลในด้านการจำแนกสายพันธุ์ แม้ว่าจะมีรายงานการวิจัยเพื่อจำแนกสายพันธุ์ไพลและว่านชักมดลูกโดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี แต่จำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบมีจำนวนไม่มากและข้อมูลด้านสัณฐานวิทยายังมีไม่เพียงพอ นอกจากนี้การใช้เทคนิคอาร์เอพีดียังมีข้อด้อยเนื่องจากบางครั้งผลการทำพีซีอาร์ที่ได้ไม่สามารถทำการทดลองซ้ำแล้วให้ผลเหมือนเดิม ทำให้ผลการทดลองไม่น่าเชื่อถือ จากเหตุผลดังกล่าว ทำให้การจำแนกสายพันธุ์ไพลและว่านชักมดลูกจึงยังไม่มีความชัดเจน

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อจำแนกสายพันธุ์ไพลและว่านชักมดลูกโดยใช้เทคนิค เอเอฟแอลพี เนื่องจากเทคนิคเอเอฟแอลพีให้ผลการทดลองที่น่าเชื่อถือมากกว่าเทคนิคอาร์เอพีดี โดยคณะผู้วิจัยมีศักยภาพในการเก็บตัวอย่างได้ครอบคลุมทั่วประเทศ เพื่อให้มั่นใจได้ว่าการวิจัยในครั้งนี้มีประสิทธิภาพและมีความน่าเชื่อถือ เมื่อจำแนกสายพันธุ์เรียบร้อยแล้วจะทำให้สามารถคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีแนวโน้มว่าเป็นสายพันธุ์ดีมาทำการทดลองตรวจสอบการให้ผลผลิตปริมาณน้ำมันและองค์ประกอบทางเคมีต่อไปได้ และในอนาคตอาจแนะนำสายพันธุ์ดีที่ให้ผลผลิตสูงหรือมีปริมาณสารสำคัญที่มีฤทธิ์ทางยาสูงให้เกษตรกรปลูก ซึ่งจะส่งผลให้ผลผลิตต่อพื้นที่สูงขึ้นและลดต้นทุนการผลิตได้ นอกจากนี้ข้อมูลด้านการจำแนกสายพันธุ์ยังเป็นประโยชน์ต่อการวิจัยด้านเภสัชวิทยา พิษวิทยา และการวิจัยอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้องต่อไป

### วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

1. เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลและว่านชักมดลูก
2. เพื่อจำแนกสายพันธุ์ไพลโดยการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพี, การใช้ลักษณะสัณฐานวิทยา และปริมาณน้ำมันหอมระเหย
3. เพื่อคัดเลือกสายพันธุ์ไพลที่มีผลผลิตและปริมาณน้ำมันสูง
4. เพื่อจำแนกกลุ่มสายพันธุ์ว่านชักมดลูกโดยใช้การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค เอเอฟแอลพี และการใช้ลักษณะสัณฐานวิทยา

## ระเบียบวิธีวิจัย

### โครงการวิจัยที่ 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพลในประเทศไทย

วัตถุประสงค์การวิจัยของโครงการย่อยนี้คือ (1) หาวิธีที่เหมาะสมในการสกัดน้ำมันหอมระเหยไพล (2) เพื่อจำแนกสายพันธุ์ไพลโดยใช้เทคนิคเอฟแอลพี และ (3) การคัดเลือกสายพันธุ์ไพลที่ให้ปริมาณผลผลิตสูง มีปริมาณน้ำมันสูงและให้น้ำมันหอมระเหยที่มีคุณภาพ

ในการทดลองเพื่อศึกษาหาวิธีการสกัดน้ำมันที่เหมาะสมทำได้โดยศึกษาวิธีการสกัดสองวิธีได้แก่ วิธีการสกัดน้ำมันหอมระเหยด้วยการกลั่นด้วยน้ำ และวิธีการสกัดเย็นด้วยเฮกเซน ศึกษาองค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยที่สกัดได้จากแต่ละวิธีด้วยเครื่อง GC-MS โดยทำการทดลองวิธีละ 3 ตัวอย่าง ตัวอย่างละ 3 ซ้ำ ทำการวิเคราะห์ประสิทธิภาพการสกัด และเปรียบเทียบของค์ประกอบทางเคมีในน้ำมันหอมระเหยที่สกัดได้กับมาตรฐานที่กำหนดโดยสำนักมาตรฐานผลิตภัณฑ์อุตสาหกรรม (สมอ.) และสถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งประเทศไทย จากนั้นเลือกวิธีการสกัดที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้ในการทดลองสกัดน้ำมันไพลในงานทดลองที่เกี่ยวข้องต่อไป

ในส่วนการทดลองเพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมในไพลจะแบ่งออกเป็น 2 การทดลองย่อย คือ การทดลองย่อยที่ 1 ทดลองในไพลกลุ่มที่ 1 จำนวน 21 ตัวอย่าง โดยเป็นไพลที่มีอายุการปลูก 32 เดือน ส่วนการทดลองย่อยที่ 2 ทดลองในไพลกลุ่มที่ 2 มีจำนวนตัวอย่างทั้งสิ้น 132 ตัวอย่าง ที่ได้ทำการปลูกในปี 2552 การทดลองเริ่มจากสกัดดีเอ็นเอของไพลในแต่ละตัวอย่าง จากนั้นนำไปตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเอฟแอลพี

ในไพลกลุ่มที่ 1 มีการตรวจสอบและบันทึกข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยา ผลผลิตโรโซม ปริมาณน้ำมันหอมระเหยไพลที่สกัดได้โดยใช้วิธีการที่เหมาะสมที่ได้ทำการทดลองไปแล้วข้างต้น รวมทั้งตรวจสอบองค์ประกอบทางเคมีของน้ำมันหอมระเหยที่สกัดได้เปรียบเทียบกับค่ามาตรฐานที่กำหนด จากนั้นนำข้อมูลการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเอฟแอลพีและข้อมูลสัณฐานวิทยาต่าง ๆ มาใช้ในการจำแนกสายพันธุ์ไพล ส่วนไพลกลุ่มที่ 2 การจำแนกสายพันธุ์อาศัยข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอเท่านั้น

### โครงการวิจัยที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกในประเทศไทย

ตรวจวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูกจำนวน 60 ตัวอย่าง โดยใช้เทคนิคเอฟแอลพี นำตัวอย่างใบอ่อนที่ได้มาสกัดดีเอ็นเอ และตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรม จัดจำแนกกลุ่มสายพันธุ์ตามแผนภูมิทางพันธุกรรมและ ลักษณะสัณฐานวิทยาที่ปรากฏ

## ประโยชน์ที่ได้รับ

ผลการทดลองของโครงการวิจัยนี้ทำให้ทราบความหลากหลายทางพันธุกรรมของไพล และว่านชักมดลูก ในประเทศไทย และพบว่า การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิคเอเอฟแอลพี เป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพในการจัดจำแนกกลุ่มสายพันธุ์ไพล และว่านชักมดลูก จากการจัดกลุ่มโดยแผนภูมิทางพันธุกรรมทำให้ทราบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่มีความสอดคล้องกับการจัดกลุ่มดังกล่าว ซึ่งข้อมูลนี้ นับว่าเป็นประโยชน์อย่างมากในการวางแผนการวิจัยต่อยอดต่อไป รวมทั้งยังสามารถประยุกต์ใช้เทคนิคชนิดนี้กับพืชชนิดอื่น ๆ ได้

จากการทดลองเพื่อจัดจำแนกกลุ่มสายพันธุ์ของตัวอย่างไพลกลุ่มที่ 1 พบว่าสามารถจำแนกได้เป็น 6 กลุ่มสายพันธุ์ นอกจากนี้ยังพบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาบางประการที่เป็นลักษณะประจำกลุ่มสายพันธุ์ ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะเป็นประโยชน์อย่างมากในการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา หรือด้านอนุกรมวิธานต่อไป และสามารถนำลักษณะดังกล่าวเป็นพื้นฐานในการจำแนกลักษณะไพลแต่ละสายพันธุ์ได้ จากผลการวิเคราะห์ปริมาณน้ำมันดอกในไพลกลุ่มที่ 1 ทำให้สามารถคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดี เพื่อใช้ในการทดสอบผลผลิตต่อไปในอนาคต สำหรับไพลกลุ่ม 2 ที่มีการเก็บตัวอย่างให้ครอบคลุมมากขึ้น โดยทำการเก็บจากทุกภูมิภาคของประเทศ สามารถนำตัวอย่างไปใช้ต่อยอดงานวิจัยด้านการทดสอบผลผลิต ปริมาณน้ำมันหอมระเหย และองค์ประกอบทางเคมีต่อไปได้ ทำให้สามารถคัดเลือก ไพลสายพันธุ์ดีเพิ่มเติมได้

โครงการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของว่านชักมดลูก นอกจากสามารถจัดจำแนกกลุ่มว่านชักมดลูกได้แล้ว ยังทำให้มีความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับสายพันธุ์ว่านชักมดลูกมากขึ้น ตัวอย่างว่านชักมดลูกและผลการจัดจำแนกสายพันธุ์ สามารถนำไปใช้เพื่อศึกษาวิจัยต่อยอดด้านเภสัชวิทยา และพิษวิทยาต่อไป เพื่อระบุสายพันธุ์ว่านชักมดลูกที่ดี ที่เป็นประโยชน์ต่อผู้บริโภค และสามารถระบุสายพันธุ์ที่มีพิษได้

## หน่วยงานที่นำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์

หน่วยงานทั้งจากภาครัฐและเอกชน รวมทั้งนิสิตนักศึกษา ตลอดจนผู้สนใจทั่วไป สามารถนำข้อมูลงานวิจัยนี้ไปใช้ประโยชน์ ในการศึกษาวิจัยต่อยอดด้านอนุกรมวิธาน เภสัชวิทยา และพิษวิทยาต่อไปได้