การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในประเทศไทย

โดย
นางสาววิกานดา พรหมณี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิทยาการทางเภสัชศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 (วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต)
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร
ปีการศึกษา 2560

ลิขสิทธิ์ของบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร

การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในประเทศไทย

โดย

นางสาววิกานดา พรหมณี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิทยาการทางเภสัชศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 (วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร

ปีการศึกษา 2560

ลิขสิทธิ์ของบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร

DNA BARCODING OF PLANTS IN THE GENUS *SOLANUM* L. IN THAILAND.

By

MISS Wikanda PROMMANEE

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements

for Master of Science (PHARMACEUTICAL SCIENCES)

Graduate School, Silpakorn University

Academic Year 2017

Copyright of Graduate School, Silpakorn University

หัวข้อ	การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในประเทศไทย
โดย	วิกานดา พรหมณี
สาขาวิชา	วิทยาการทางเภสัชศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 (วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต)
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. พีรยศ ภมรศิลปธรรม

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร ได้รับพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

..... คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

(รองศาสตราจารย์ ดร.จุไรรัตน์ นันทานิช)

พิจารณาเห็นชอบโดย

..... ประธานกรรมการ

(รองศาสตราจารย์ ดร. อารีย์ ทองภักดี)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. พีรยศ ภมรศิลปธรรม)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สรวง รุ่งประกายพรรณ)

..... ผู้ทรงคุณวุฒิภายใน

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. บุษบา เผ่าทองจีน)

..... ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. วีณา นุกูลการ)

56361203 : วิทยาการทางเภสัชศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 (วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต)
คำสำคัญ : วงศ์มะเขือ, internal transcribed spacer 2, rbcL, matK

นางสาว วิกานดา พรหมณี: การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในประเทศไทย อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. พีรยศ ภมรศิลปธรรม

เทคนิคการใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตได้รับความสนใจในการวิจัยเป็นอย่างมาก ในการศึกษานี้จึงได้นำเอาหลักการของดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาใช้ในการระบุชนิดพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย โดยในงานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาและรวบรวมพืชสกุลมะเขือในประเทศไทยได้ทั้งหมด 16 ชนิด ทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ โดยสามารถสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้จากพืชตัวอย่างทั้งหมด แล้วทำการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ด 3 ตำแหน่ง ได้แก่ internal transcribed spacer 2 (ITS2), *mat*K และ *rbc*L พบว่า การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 500 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 100 ส่วนดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 850 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 87.5 และส่วนดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 750 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 100 นำเอาข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้มาตรวจสอบความถูกต้องด้วยโปรแกรม Bioedit บันทึกไว้ในฐานข้อมูล GenBank โดยร้อยละความสำเร็จในการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L มีค่า 93.8, 75.0 และ 100 ตามลำดับ เมื่อทำการเปรียบเทียบค่า K2P distance ด้วยโปรแกรม MEGA รุ่น 7 ระหว่างชนิดของพืชในสกุลมะเขือ 12 ชนิด ได้แก่ *S. americanum* Mill., *S. anguivi* Lam., *S. erianthum* D. Don., *S. lycopersicum* L., *S. mammosum* L., *S. melongena* L., *S. sanitwongsei* W. G. Craib., *S. seaforthianum* Andrews., *S. spirale* Roxb., *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw. และ *S. aethiopicum* L. พบว่ามีค่าเฉลี่ยของ K2P distance ในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L เท่ากับ 0.124, 0.019 และ 0.011 ตามลำดับ โดยตำแหน่ง ITS2 มีค่าความแตกต่างมากที่สุด ซึ่งมีผลสอดคล้องกับการสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ พบว่าตำแหน่ง ITS2 สามารถจัดจำแนกพืชสกุลมะเขือได้ดีกว่าตำแหน่ง *mat*K และ *rbc*L แสดงว่าดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 เป็นบริเวณที่มีความเหมาะสมในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ เนื่องจากสามารถเพิ่มจำนวนได้ง่ายและมีความผันแปรระหว่างชนิดสูง สามารถเป็นบาร์โค้ดที่มีประโยชน์ในการจำแนกพืชสกุลมะเขือ แต่ควรใช้ร่วมกับดีเอ็นเอบาร์โค้ดส่วนอื่นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนก

56361203 : Major (PHARMACEUTICAL SCIENCES)

Keyword : Solanaceae, internal transcribed spacer 2, rbcL, matK

MISS WIKANDA PROMMANEE : DNA BARCODING OF PLANTS IN THE GENUS *SOLANUM* L. IN THAILAND. THESIS ADVISOR : ASSISTANT PROFESSOR DR. PERAYOT PAMONSINLAPATHAM

DNA barcoding is very interesting for various researches. In this study, DNA barcoding was used to identify plants in the genus *Solanum* L. in Thailand. Sixteen species from *Solanum* L. found in Thailand were collected. Genomic DNA was successfully extracted from every specimen. Three DNA regions, internal transcribed spacer 2 (ITS2), *mat*K and *rbc*L were studied for DNA barcode. Upon PCR amplification, fragments encompassing ITS2, *mat*K and *rbc*L were approximately 500, 850 and 750 base pairs, respectively. Success rate of PCR amplification of ITS2, *mat*K and *rbc*L were 100%, 87.5% and 100%, respectively. Sequences were validated in Bioedit and deposited in GenBank. Kimura-2 parameter distances between pairs of twelve species, *S. americanum* Mill., *S. anguivi* Lam., *S. erianthum* D. Don., *S. lycopersicum* L., *S. mammosum* L., *S. melongena* L., *S. sanitwongsei* W. G. Craib., *S. seaforthianum* Andrews., *S. spirale* Roxb., *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw.,and *S. aethiopicum* L., were calculated by MEGA version 7. The average K2P of ITS2, *mat*K, and *rbc*L were 0.124, 0.019, and 0.011, respectively. The average K2P of ITS2 was the most different. The results were corresponded to Phylogenetic tree that ITS2 was able to classified *Solanum* L. better than *mat*K and *rbc*L. Results suggested that ITS2 was a good DNA barcode for *Solanum* L. plants because of its ease of amplification and sequence variation. However, a combination with other DNA fragment will increase identification efficiency.

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบพระคุณผู้ให้การสนับสนุนทุกท่านในการทำวิทยานิพนธ์เรื่องการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ (Solanum L.) ในประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้ด้วยเนื่องจากผู้วิจัยได้รับความกรุณาอย่างสูงยิ่งจาก ภก.ผศ.ดร.พีรยศ ภมรศิลปธรรม และ ภก.ผศ.ดร.สรวง รุ่งประกายพรรณ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้กรุณาให้โอกาส ให้คำแนะนำ ให้ความรู้ความคิด และคำปรึกษา และช่วยเหลือในทุก ๆ ด้าน ตลอดจนเสียสละเวลาในการแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ จนวิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงลงไปได้ด้วยดี

ขอขอบพระคุณ รศ.ดร.อารีย์ ทองภักดี ที่กรุณาให้คำปรึกษาแนะนำและช่วยเหลือแก้ปัญหาในด้านอนุกรมวิธานของพืชสกุลมะเขือ ตลอดจนให้กำลังใจในการทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้

ขอขอบพระคุณ ภญ.ผศ.ดร.บุษบา เผ่าทองจีน ที่กรุณาให้คำแนะนำในเรื่องการทำงานวิจัย อุปกรณ์ทำงานวิจัย การดำรงชีวิต และความช่วยเหลือในทุกๆด้าน

ขอขอบพระคุณ ภญ.ผศ.ดร.วีณา นุกูลการ ที่กรุณาให้คำแนะนำในการเขียนเพื่อให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สมบูรณ์มากขึ้น

ขอขอบพระคุณนักวิทยาศาสตร์ และเจ้าหน้าที่คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากรทุกท่าน ที่ช่วยอำนวยความสะดวกในเรื่องอุปกรณ์และเครื่องมือ รวมทั้งคำแนะนำในการใช้เครื่องมือ

ขอขอบพระคุณ สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพรรณพืช กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช และสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช ที่ให้คำแนะนำรวมถึงอำนวยความสะดวกในการจัดทำพรรณไม้อ้างอิง

ขอขอบคุณ คุณธิติสรรค์ นาควิโรจน์, คุณปิยาภรณ์ วงศ์อักษร, คุณจุฑาภรณ์ ผลไพบูลย์,คุณวันธันวา ครองคารวะ, ครอบครัวคุณยุฑามาศ วงษะและครอบครับคำใย ที่คอยช่วยเหลือ ให้คำแนะนำสนับสนุนการเก็บตัวอย่างพืช และให้กำลังใจตลอดการทำงานวิจัย

ขอขอบคุณเพื่อน ๆ พี่น้องทุกคนที่คอยอยู่เคียงข้างและให้กำลังใจเสมอมา

สุดท้ายขอขอบคุณครอบครัว พ่อแม่ น้องชาย ที่คอยเป็นแรงสนับสนุนทั้งแรงกาย แรงใจและกำลังทรัพย์ในการทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ให้เสร็จสมบูรณ์

วิกานดา พรหมณี

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ง

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... จ

กิตติกรรมประกาศ ..... ฉ

สารบัญ ..... ช

สารบัญตาราง ..... ฎ

สารบัญภาพ ..... ฏ

บทที่ 1 1

บทนำ 1

ความสำคัญและที่มาของปัญหาที่ทำการวิจัย 1

ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา 3

ขอบเขตการศึกษา 3

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ 3

บทที่ 2 4

วรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง 4

I. การพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพร 4

1. การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา (phenotypic characterization) 4

2. การตรวจดูเนื้อเยื่อชนิดต่างๆ ภายใต้กล้องจุลทรรศน์ (microscopic characterization) 4

3. การวิเคราะห์องค์ประกอบทางเคมี (chemical constituent) 5

4. การใช้ข้อมูลทางพันธุกรรม (genetic information) 5

วิธีการพิสูจน์เอกลักษณ์ด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA Barcode) 5

คุณสมบัติของดีเอ็นเอบริเวณที่ใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด 6

ขั้นตอนในการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ด 7
ดีเอ็นเอตำแหน่งที่นิยมใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดในพืช 9
1. ดีเอ็นเอในนิวเคลียส 9
1.1 ไรโบโซมอลดีเอ็นเอ (ribosomal DNA).....9
1.1.1 ดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอส (internal transcribed spacer, ITS) 10
2. ดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์ 10
2.1 ยีน *mat*K (Maturase K encoding gene).....10
2.2 *trn*H – *psb*A intergenic spacer.....11
2.3 ยีน *rbc*L (RuBisCO large subunit encoding gene) 11
2.4 ยีน *atp*B 12
2.5 *trn*L-*trn*F intergenic spacer.....12
II. พืชวงศ์มะเขือ (Solanaceae) 15
ลักษณะทั่วไปทางพฤกษศาสตร์ 15
lll. การวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิด 19
บทที่ 3 20
วิธีดำเนินการวิจัย.....20
3.1 สารเคมี วัสดุและอุปกรณ์.....20
3.1.1 สารเคมี 20
3.1.2 วัสดุและอุปกรณ์.....21
3.2 ขั้นตอนการดำเนินงานวิจัย 22
3.2.1 ตรวจสอบความถูกต้องของชนิดพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย 22
3.2.2 สำรวจและเก็บตัวอย่างพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย 22
3.2.3 การจัดทำพรรณไม้อ้างอิง (Voucher specimen).....22
3.2.4 การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ (Genomic DNA Extraction) 23

3.2.5 การตรวจสอบดีเอ็นเอด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส 25

3.2.6 การวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอ 26

3.2.7 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction; PCR).....26

3.2.8 การทำให้ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณให้บริสุทธิ์ (DNA purification).....27

3.2.9 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ 28

3.2.10 การตรวจสอบความถูกต้องของลำดับนิวคลีโอไทด์ 28

3.2.11 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ค่าความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ 29

3.2.12 การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree) 29

3.2.13 การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์ตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรในสกุลมะเขือ ที่พบในท้องตลาด 29

บทที่ 4 31

ผลการศึกษา 31

1. พืชสกุลมะเขือที่มีรายงานพบในประเทศไทย 31

2. การสำรวจและเก็บตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย 31

3. การทำพรรณไม้อ้างอิง (Voucher specimen).....32

4. ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ (Genomic DNA Extraction).....34

5. การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction;PCR).....35

6. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์.....40

6.1 ขนาดของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L 40

6.2 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิด 45

6.3 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในพืชชนิดเดียวกัน 49

6.4 แผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree).....51

7. การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์ตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรในสกุลมะเขือ ที่พบในท้องตลาด 55

7.1 จีโนมิกดีเอ็นเอจากตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือ 55

7.2 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสเพื่อใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์ของตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือ 56

บทที่ 5 57

สรุป อภิปราย และข้อเสนอแนะ 57

1. การสำรวจและเก็บตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย 57

2. การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอและการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส ..59

3. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์.....60

4. การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพรและผลิตภัณฑ์จากพืชสมุนไพร 63

สรุปผลที่ได้จากการวิจัย.....63

ข้อเสนอแนะ 64

ภาคผนวก 65

ภาคผนวก ก : สัณฐานวิทยาของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในงานวิจัยนี้ 66

ภาคผนวก ข : ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L.....96

รายการอ้างอิง 140

ประวัติผู้เขียน 146

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 สรรพคุณทางยาและพิษของพืชในสกุลมะเขือ (Solanum L.)ที่พบในประเทศไทย 16

ตารางที่ 2 คู่ไพรเมอร์จำเพาะสำหรับใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, matK และ rbcL 21

ตารางที่ 3 สภาวะรอบการทำงานและอุณหภูมิที่ใช้ของปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, matK และ rbcL 27

ตารางที่ 4 ตัวอย่างผลิตภัณฑ์สมุนไพรในสกุลมะเขือที่ใช้การพิสูจน์เอกลักษณ์ด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ด 30

ตารางที่ 5 รายชื่อพืชสกุลมะเขือ (Solanum L.)ที่ศึกษาในงานวิจัยนี้.....33

ตารางที่ 6 ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ ผลการเพิ่มปริมาณปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส ผลการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืชสกุลมะเขือที่ศึกษาในงานวิจัยนี้ ผลร้อยละความสำเร็จ 36

ตารางที่ 7 ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ในตำแหน่ง ITS2, matK และ rbcL ของพืชสกุลมะเขือ.....41

ตารางที่ 8 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง ITS2.....46

ตารางที่ 9 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง matK.....47

ตารางที่ 10 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง rbcL 48

ตารางที่ 11 แสดง GenBank accession number ของพืชสกุลมะเขือในฐานข้อมูล GenBank.....96

สารบัญภาพ

หน้า

ภาพที่ 1 ตำแหน่งบริเวณอนุรักษ์ (conserved region), ตำแหน่งบริเวณดีเอ็นเอบาร์โค้ด และตำแหน่งเข้าเกาะของไพรเมอร์มาตรฐาน 7

ภาพที่ 2 ขั้นตอนในการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ด 8

ภาพที่ 3 แผนภาพโครงสร้างของไรโบโซมอลดีเอ็นเอ (ribosomal DNA) หนึ่งหน่วย 9

ภาพที่ 4 แผนภาพโครงสร้างของดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอส (Internal Transcribed Spacer, ITS) 10

ภาพที่ 5 แผนภาพแสดงตำแหน่งยีน matK (Maturase K encoding gene) 11

ภาพที่ 6 แผนภาพแสดงตำแหน่ง trnH – psbA intergenic spacer 11

ภาพที่ 7 แผนภาพแสดงตำแหน่งยีน atpB และยีน rbcL 12

ภาพที่ 8 ตัวอย่างป้ายข้อมูลพรรณไม้ที่ใช้ในการบันทึกข้อมูลพรรณไม้ 23

ภาพที่ 9 ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของ S. wrightii Benth. ในสกุลมะเขือ แสดงลักษณะใบ ดอกและผล พร้อมป้ายรหัสหมายเลขตัวอย่างและป้ายข้อมูลพรรณไม้ตัวอย่าง 32

ภาพที่ 10 ตัวอย่างผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือ 34

ภาพที่ 11 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง ITS2 37

ภาพที่ 12 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง matK 38

ภาพที่ 13 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง rbcL 39

ภาพที่ 14 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ ITS2 ของ S. americanum Mill. 42

ภาพที่ 15 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ matK ของ S. americanum Mill. 43

ภาพที่ 16 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ rbcL ของ S. americanum Mill. 44

ภาพที่ 17 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 (205 คู่เบส) ของ S. sanitwongsei W. G. Craib. จำนวน 3 ตัวอย่าง โดยใช้โปรแกรม Clustal W 50

ภาพที่ 18 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 52

ภาพที่ 19 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง matK 53

ภาพที่ 20 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง rbcL 54

ภาพที่ 21 ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของผลิตภัณฑ์สกุลมะเขือ 56

ภาพที่ 22 การเปรียบเทียบพืชในสกุลมะเขือที่ลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกันมาก 58

ภาพที่ 23 ต้นมะแว้งนก (Solanum americanum Mill.) 67

ภาพที่ 24 ต้นมะแว้ง (Solanum anguivi Lam.) 69

ภาพที่ 25 ต้นดับยาง (Solanum erianthum D. Don.) 71

ภาพที่ 26 ต้นมะเขือเทศ (Solanum lycopersicum L.) 73

ภาพที่ 27 ต้นมะเขือสาแหรก (Solanum mammosum L.) 75

ภาพที่ 28 ต้นมะเขือยาว (Solanum melongena L.) 77

ภาพที่ 29 ต้นมะแว้งต้น (Solanum sanitwongsei W. G. Craib.) 79

ภาพที่ 30 ต้นมะแขว้งเครือ (Solanum seaforthianum Andrews.) 80

ภาพที่ 31 ต้นต้อยตั่ง (Solanum spirale Roxb.) 82

ภาพที่ 32 ต้นมะอึก (Solanum stramoniifolium Jacq.) 84

ภาพที่ 33 ต้นมะเขือพวง (Solanum torvum Sw.) 86

ภาพที่ 34 ต้นมะแว้งเครือ (Solanum trilobatum L.) 88

ภาพที่ 35 ต้นมะเขือต้น (Solanum wrightii Benth.) 91

ภาพที่ 36 ต้นมะเขือขม (Solanum aethiopicum L.) 93

ภาพที่ 37 ต้นมะเขือกินใบ (Solanum macrocarpon L.) 95

บทที่ 1

บทนำ

ความสำคัญและที่มาของปัญหาที่ทำการวิจัย

ประเทศไทยเป็นประเทศที่ตั้งอยู่ในภูมิภาคที่มีความเหมาะสมต่อการดำรงชีวิต ทำให้มีความหลากหลายทางชีวภาพสูง โดยเฉพาะพืชที่มีความหลากหลายสูงและมนุษย์ได้นำพืชมาใช้ประโยชน์ทั้งบริโภคและใช้เป็นยารักษาโรค ปัจจุบันสมุนไพรในประเทศไทยกำลังได้รับความนิยม ทำให้มีผลิตภัณฑ์รูปแบบต่างๆ ออกมารองรับตามความต้องการของประชาชนมากขึ้น ทั้งรูปแบบพืชสมุนไพรสดหรือสมุนไพรที่มีการแปรรูปเพื่อให้ง่ายต่อการบริโภค ซึ่งการนำพืชสมุนไพรมาใช้เป็นยารักษาโรคหรือป้องกันดูแลรักษาสุขภาพจะต้องมีการตรวจสอบให้ชัดเจน ดังนั้นสมุนไพรที่จะนำมาใช้จะต้องได้รับการตรวจพิสูจน์และมีการระบุชนิดให้ถูกต้อง โดยการพิสูจน์เอกลักษณ์และการระบุชนิดของพืชสมุนไพรที่ใช้ ได้แก่ การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา การตรวจดูเนื้อเยื่อชนิดต่างๆภายใต้กล้องจุลทรรศน์ หรือผ่านกระบวนการวิเคราะห์องค์ประกอบทางเคมี (สุชาดา สุขหร่อง, 2553) แต่วิธีเหล่านี้มีข้อจำกัดในเรื่องของความรวดเร็วและต้องใช้ผู้เชี่ยวชาญในการระบุชนิด เช่น พืชสมุนไพรต่างชนิดกันแต่อยู่ในสกุลเดียวกัน อาจมีสารสำคัญที่ใกล้เคียงกันทำให้การระบุชนิดพืชสมุนไพรได้ไม่ชัดเจน หรือเมื่อพืชสมุนไพรผ่านการแปรรูป ทำให้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเปลี่ยนไป ยากต่อการระบุชนิดของพืชสมุนไพร ในปัจจุบันมีวิธีการทางชีววิทยาระดับโมเลกุลที่ถูกพัฒนาขึ้นมาเพื่อใช้ในการระบุชนิดหรือกลุ่มของสิ่งมีชีวิตอย่างมีประสิทธิภาพ และมีความแม่นยำ สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตได้ในระยะเวลาที่รวดเร็ว เรียกว่า ดีเอ็นเอบาร์โค้ด วิธีการนี้อาศัยหลักการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของสายดีเอ็นเอช่วงสั้น ๆ ที่มีความผันแปรสูง สามารถนำมาใช้ระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตต่าง ๆได้เหมือนกับบาร์โค้ดของสินค้าในห้างสรรพสินค้าหรือร้านค้าสะดวกซื้อ เมื่อผ่านเข้าเครื่องอ่านแล้วสามารถบอกได้ว่าสินค้าคืออะไร ราคาเท่าใด ทราบวันที่ผลิตและวันหมดอายุ เนื่องจากแถบเส้นบาร์โค้ดมีข้อมูลของสินค้าชนิดนั้นอยู่ ดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตก็สามารถเปรียบเทียบได้ในทำนองเดียวกัน งานวิจัยนี้ได้นำหลักการของดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาใช้ในการระบุชนิดของพืชสมุนไพรที่อยู่ในสกุลมะเขือ เนื่องจากพืชสมาชิกในสกุลนี้มีทั้งในพืชที่ถิ่นกำเนิดในประเทศไทยและต่างถิ่น พบการแพร่กระจายตามธรรมชาติเป็นพืชป่าหรือบางชนิดระบาดเป็นวัชพืชในแปลงปลูกพืช มีหลาย

ชนิดปลูกตามบ้านเป็นพืชสมุนไพรและพืชผักสวนครัวและยังพบลักษณะวิสัยที่แตกต่างได้หลายลักษณะได้แก่ ไม้ต้น ไม้พุ่มและไม้ล้มลุก เมื่อศึกษาบัญชีรายชื่อพืชที่ปรากฏในหนังสือชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ (THAI PLANT NAMES TEM SMITINAND) ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ.2557 (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557) ในการจัดจำแนกระบุชนิดพืชสกุลมะเขือ ในประเทศไทยด้วยวิธีการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา มีความแตกต่างอย่างมากจากฉบับใน พ.ศ. 2544 (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2544) โดยพืชสกุลมะเขือจากฉบับพ.ศ. 2544 มีทั้งหมด 19 ชนิด แต่ในฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ.2557 ได้มีการเปลี่ยนแปลงและปรับเปลี่ยนเป็น 22 ชนิด อย่างมะเขือเปราะที่ฉบับใน พ.ศ. 2544 ใช้ชื่อว่า *Solanum aculeatissimum* แต่ในฉบับแก้ไขได้มีเปลี่ยนเป็น *Solanum capsicoides* รวมถึงมะเขือเทศที่ฉบับใน พ.ศ. 2544 ได้แยกเป็นอีกหนึ่งสกุลคือสกุล *Lycopersicon* แต่ในฉบับแก้ไขได้นำมารวมกับสกุล *Solanum* ในชื่อ *Solanum lycopersicum* ในการระบุชนิดพืชสกุลมะเขือโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาต้องมีส่วนประกอบของต้นครบทั้งใบ ดอก ผล เนื่องจากลักษณะที่ไม่เกี่ยวข้องกับการสืบพันธุ์โดยอาศัยเพศคือต้นและใบของหลายชนิดมีความใกล้เคียงกันมาก อีกทั้งหลายชนิดมีคุณค่าทางยาสมุนไพรและมีคุณค่าทางเศรษฐกิจ งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์ที่จะใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์มาช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือ โดยจะทำการศึกษาหาตำแหน่งดีเอ็นเอ 3 ตำแหน่งได้แก่ ดีเอ็นเอในนิวเคลียส 1 ตำแหน่ง คือ internal transcribed spacer 2 (ITS2) และดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์ 2 ตำแหน่ง คือ *mat*K และ *rbc*L

ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

1. เพื่อสำรวจ รวบรวมและระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

2. เพื่อศึกษาตำแหน่งดีเอ็นเอบาร์โค้ด 3 ตำแหน่ง ได้แก่ internal transcribed spacer 2 (ITS2), *mat*K และ *rbc*L มาใช้ในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

3. เพื่อประยุกต์ใช้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่สร้างขึ้นในการพิสูจน์เอกลักษณ์ผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือที่พบในท้องตลาด

ขอบเขตการศึกษา

ทำการรวบรวมและระบุชนิดพืชสกุลมะเขือในประเทศไทยที่สามารถเก็บตัวอย่างพืชได้ แล้วศึกษาดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือที่เก็บได้ จำนวน 3 ตำแหน่ง ได้แก่ ดีเอ็นเอในนิวเคลียส 1 ตำแหน่ง คือ internal transcribed spacer 2 (ITS2) และดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์ 2 ตำแหน่ง คือ *mat*K และ *rbc*L จากนั้นเก็บตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือที่พบในท้องตลาด จำนวนอย่างน้อย 3 ตัวอย่าง มาตรวจสอบเอกลักษณ์โดยใช้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่ได้จากการศึกษานี้

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถรวบรวมและระบุชนิดพืชสกุลมะเขือในประเทศไทย
2. มีฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย
3. มีดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่เหมาะสมในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย
4. สามารถใช้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่สร้างขึ้นในการพิสูจน์เอกลักษณ์ผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือที่พบในท้องตลาดได้

บทที่ 2

วรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง

I. การพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพร

ปัจจุบันสมุนไพรถูกใช้เป็นวัตถุดิบสำคัญในการผลิตยา เครื่องสำอาง และผลิตภัณฑ์เสริมอาหารอย่างแพร่หลาย เพื่อคุณภาพของสมุนไพรและประสิทธิผลของการใช้ การยืนยันความถูกต้องของสมุนไพรจึงเป็นเรื่องสำคัญที่ต้องคำนึงถึงเป็นสิ่งแรก วิธีที่ใช้ในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์มีหลายวิธี (สุชาดา สุขหร่อง, 2553) ได้แก่

1. การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา (phenotypic characterization)

วิธีการนี้เป็นวิธีที่สะดวกที่สุด ไม่ต้องใช้เครื่องมือพิเศษ ใช้การสังเกตลักษณะความแตกต่างหรือความเหมือนของลักษณะภายนอกและโครงสร้างที่เด่นของพืชสมุนไพร เช่น ขนาด รูปร่าง สี จำนวนเส้นใบ ดอก ผล กลิ่นเฉพาะตัว วิธีนี้มีข้อจำกัดในการแยกสมุนไพรที่มีลักษณะคล้ายกันมากๆ และต้องทำโดยผู้เชี่ยวชาญ เนื่องจากหากไม่มีความเชี่ยวชาญก็จะทำให้การระบุชนิดพืชผิดพลาดได้ หรือพืชสมุนไพรที่ถูกแปรรูป ทำให้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเปลี่ยนไป ทำให้ยากต่อการระบุชนิดพืชสมุนไพร

2. การตรวจดูเนื้อเยื่อชนิดต่างๆ ภายใต้กล้องจุลทรรศน์ (microscopic characterization)

วิธีการนี้มักใช้ในกรณีที่สมุนไพรนั้นถูกบดมาในรูปผง ตัวอย่างเช่น ใบของสมุนไพรที่ต่างกันจะแสดงลักษณะหรือจำนวนของปากใบไม่เหมือนกัน สมุนไพรที่เป็นส่วนแก่นไม่ควรพบปากใบปนอยู่ หรือสมุนไพรบางชนิดจะพบผลึกสารที่เป็นลักษณะเฉพาะตัวอยู่ด้วย แต่วิธีนี้ก็มีข้อจำกัดคือผู้ที่ศึกษาต้องมีความเชี่ยวชาญในเรื่องข้อมูลเนื้อเยื่อพืช ทราบถึงลักษณะพิเศษของพืชแต่ละชนิดเพื่อใช้ในการระบุชนิดพืช หากไม่มีความเชี่ยวชาญก็จะทำให้การระบุชนิดพืชเกิดความผิดพลาด

3. การวิเคราะห์องค์ประกอบทางเคมี (chemical constituent)

วิธีการนี้เป็นวิธีที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์สารสำคัญทางเคมีที่มีอยู่ในพืชแต่ละชนิด หรือทำมาตรฐานสารสำคัญของสมุนไพรในปัจจุบัน เนื่องจากสมุนไพรแต่ละชนิดมีสารสำคัญที่เป็นองค์ประกอบแตกต่างกันแต่ข้อจำกัดของวิธีนี้คือสิ่งแวดล้อม เช่น แสงแดด ดิน ปริมาณฝน หรือภูมิอากาศ เป็นต้น จะมีอิทธิพลต่อการสร้างปริมาณสารสำคัญให้มากขึ้นหรือน้อยลง และพืชสมุนไพรต่างชนิดกันแต่อยู่ในสกุลเดียวกันอาจจะมีสารสำคัญที่ใกล้เคียงกัน ทำให้ยากต่อการระบุชนิดของพืชสมุนไพร

4. การใช้ข้อมูลทางพันธุกรรม (genetic information)

วิธีการนี้เป็นการใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดมาช่วยในการจำแนกและพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพร เป็นวิธีที่ทันสมัยและกำลังได้รับความนิยมเพิ่มมากขึ้นด้วยมีความรวดเร็วและความถูกต้องสูง

วิธีการพิสูจน์เอกลักษณ์ด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA Barcode)

ดีเอ็นเอ (DNA, Deoxyribonucleic acid) เป็นสารพันธุกรรมที่พบในเซลล์ของสิ่งมีชีวิต ดีเอ็นเอบรรจุข้อมูลทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดนั้นไว้ ซึ่งมีลักษณะที่ผสมผสานมาจากสิ่งมีชีวิตรุ่นก่อนและสามารถถ่ายทอดไปยังสิ่งมีชีวิตรุ่นถัดไปได้ โครงสร้างของดีเอ็นเอประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์ต่อกันเป็นสาย แต่ละนิวคลีโอไทด์ประกอบด้วย phosphate group, 5-carbon sugar และ nitrogen base โดยดีเอ็นเอของพืชนั้นกระจายอยู่ได้หลายแหล่งภายในเซลล์ได้แก่ นิวเคลียส(Nucleus), ไมโทคอนเดรีย (Mitochondria) และคลอโรพลาสต์ (Chloroplast) จึงสามารถสกัดดีเอ็นเอจากแหล่งต่าง ๆ ภายในเซลล์นี้มาใช้ทำเป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA Barcode)

ดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA Barcode) เป็นเครื่องมือชนิดหนึ่งที่ใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอบริเวณใดบริเวณหนึ่งหรือหลายบริเวณร่วมกันในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตได้อย่างรวดเร็ว คุณสมบัติที่เหมาะสมของดีเอ็นเอบาร์โค้ด คือเป็นดีเอ็นเอช่วงสั้นๆ ประมาณ 400 – 800 เบส และสามารถใช้ดีเอ็นเอช่วงนี้ในการระบุชนิดกับสิ่งมีชีวิตได้ทุกชนิดหรือมากชนิดที่สุด โดยเกิดจากแนวคิดที่ต้องการสร้างรหัสประจำตัวของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด ด้วยหลักการพื้นฐานที่ว่าการจัดเรียงตัวของเบส 4 ตัว คือ A (Adenine) T (Thymine) C (Cytosine) และ G (Guanine) โดยในลำดับนิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดต้องมีความแตกต่างกันไปบ้างไม่มากก็น้อย และหากนำลำดับ

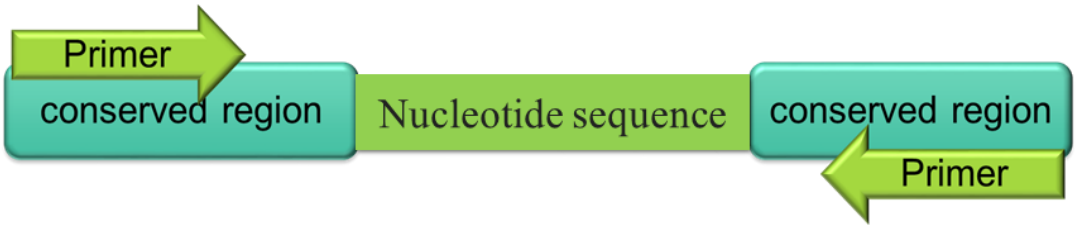
นิวคลีโอไทด์ของสิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกันมาเปรียบเทียบกัน มีการเรียงลำดับดีเอ็นเอเหมือนกันหรือแตกต่างกันน้อยมากจนไม่มีนัยสำคัญ (วุฒิพงศ์ มหาคำ, 2554) วิธีการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตโดยการใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดนี้ได้เกิดขึ้นในปี ค.ศ. 2003 ในโครงการที่ชื่อว่า The Barcode of Life ที่มีจุดมุ่งหมายในการสร้างเครื่องมือที่เป็นสากล ในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตพวกยูคาริโอต โดยใช้ข้อมูลทางชีววิทยาระดับโมเลกุล เริ่มโดยนักวิจัยของมหาวิทยาลัย Guelph ในประเทศแคนาดาและปี ค.ศ. 2004 ได้รับการสนับสนุนจากหน่วยงาน Consortium for the Barcode of Life (CBOL) เพื่อจัดทำมาตรฐานและคู่มือในการทำดีเอ็นเอบาร์โค้ด และยังรวบรวมทำฐานข้อมูลกลางของดีเอ็นเอบาร์โค้ดของสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ เพื่อทำให้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดประสบความสำเร็จมากขึ้น (Kress et al., 2005) หลักจากนั้นได้มีสมาชิกเข้าร่วมมากขึ้นทั้งพิพิธภัณฑ์ สวนสัตว์ สวนพฤกษศาสตร์ หน่วยงานเก็บรักษาพันธุ์พืช มหาวิทยาลัย หน่วยงานรัฐบาล และบริษัทเอกชน ประโยชน์ของดีเอ็นเอบาร์โค้ดนั้นนอกจากจะช่วยในการพิสูจน์เอกลักษณ์ของสิ่งมีชีวิตแล้ว ยังช่วยในการค้นพบสิ่งมีชีวิตชนิดใหม่ๆที่ยังไม่เคยรู้จักมาก่อน และช่วยในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ โดยเฉพาะอย่างยิ่งสิ่งมีชีวิตขนาดเล็กที่มีความซับซ้อน ยากต่อการระบุชนิดโดยสัณฐานวิทยา และเพื่อลดความผิดพลาดในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตต่างๆ รวมถึงการศึกษาค้นคว้าวิจัยด้านวิวัฒนาการ ความหลากหลายทางชีวภาพและการอนุรักษ์ทรัพยากรธรรมชาติอีกด้วย (อรุณรัตน์ ฉวีราช, 2560) (Hebert et al., 2003)

คุณสมบัติของดีเอ็นเอบริเวณที่ใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด

1. เป็นบริเวณดีเอ็นเอช่วงสั้น ๆ มีขนาดที่เหมาะสมประมาณ 400 - 800 คู่เบส (base pair; bp) เพื่อให้ง่ายในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction; PCR)

2. เป็นบริเวณดีเอ็นเอที่ต้องมีความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic variability) มากเพียงพอที่ทำให้แยกสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันในระดับชนิด (species) ออกจากกันได้ แต่ต้องมีความแตกต่างภายในชนิดเดียวกันต่ำมากหรือไม่มีเลย

3. เป็นดีเอ็นเอที่มีบริเวณขนาบข้างเป็นบริเวณอนุรักษ์ (conserved region) เพื่อใช้เป็นตำแหน่งเข้าเกาะของไพรเมอร์มาตรฐาน ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณนั้นด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ (ภาพที่ 1) (สุชาดา สุขหร่อง, 2553)



ภาพที่ 1 ตำแหน่งบริเวณอนุรักษ์ (conserved region), ตำแหน่งบริเวณดีเอ็นเอบาร์โค้ด และตำแหน่งเข้าเกาะของไพรเมอร์มาตรฐาน

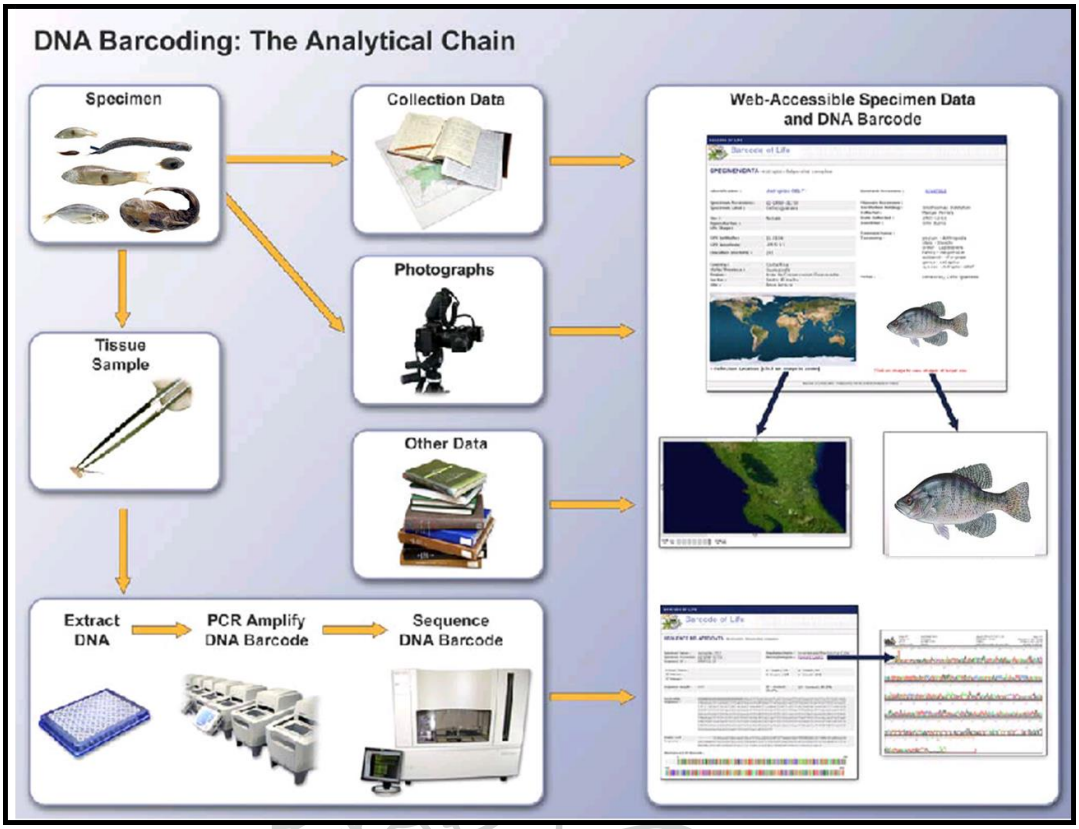
ขั้นตอนในการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ด (ภาพที่ 2)

1. การเก็บและระบุชนิดตัวอย่างของสิ่งมีชีวิต โดยเริ่มจากการเก็บตัวอย่าง ถ่ายภาพ บันทึกข้อมูลให้สมบูรณ์และนำมาระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตด้วยความรู้ทางอนุกรมวิธานหรือผู้เชี่ยวชาญให้ถูกต้องเพื่อความน่าเชื่อถือของดีเอ็นเอบาร์โค้ด

2. การสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างสิ่งมีชีวิตและเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในตำแหน่งที่ต้องการศึกษาเป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด

3. การวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอบาร์โค้ดและตรวจสอบความถูกต้องของลำดับนิวคลีโอไทด์

4. การนำข้อมูลเข้าสู่ฐานข้อมูลเพื่อใช้เป็นข้อมูลอ้างอิงและหากต้องการพิสูจน์ชนิดของตัวอย่างสิ่งมีชีวิตก็ทำได้โดยการสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่าง เพิ่มปริมาณดีเอ็นบริเวณที่ต้องการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์แล้วนำไปเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลที่จัดเก็บไว้ก็จะสามารถระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตนั้นได้



ภาพที่ 2 ขั้นตอนในการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ด
(International Barcode of Life, 2018)

คณะนักวิจัยหลากหลายกลุ่มที่สนใจการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ดได้พยายามค้นหาบริเวณดีเอ็นเอมาตรฐานที่จะนำใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของสิ่งมีชีวิตทั้งสัตว์และพืช โดยเป็นที่ทราบกันดีว่ายีน Cytochrome c oxidase subunit 1 (Cox1 หรือ CO1) เป็นบริเวณที่เหมาะสมและได้รับการยอมรับมากที่สุดสำหรับการสร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ดของสัตว์ (Hebert, Cywinska and Ball, 2003) เนื่องจากเป็นยีนที่พบในไมโทคอนเดรียที่มีความแปรผันมากเพียงพอที่จะใช้แยกและระบุชนิดของสัตว์ได้หลายกลุ่ม โดยเฉพาะกลุ่มผีเสื้อ (Order Lepidoptera) จากการทดสอบการระบุชนิดของกลุ่มผีเสื้อมากกว่า 200 ชนิด ที่มีความ สัมพันธ์ใกล้ชิดกัน พบว่าให้ผลในการระบุชนิดผีเสื้อได้ถูกต้องถึง 100% (วุฒิพงศ์ มหาคำ, 2554) แต่ในพืชพบว่ายีน COI มีวิวัฒนาการที่ช้ากว่าในสัตว์ทำให้มีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์น้อยเกินไปจึงไม่สามารถนำมาใช้ในการระบุชนิดพืชได้รวมถึงพืชที่มีสายวิวัฒนาการห่างไกลกัน ทำให้ต้องมีการศึกษาหาดีเอ็นเอตำแหน่งอื่นที่มีคุณสมบัติเหมาะสมมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืช

ดีเอ็นเอตำแหน่งที่นิยมใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดในพืช (สุชาดา สุขหร่อง, 2553)

1. **ดีเอ็นเอในนิวเคลียส**

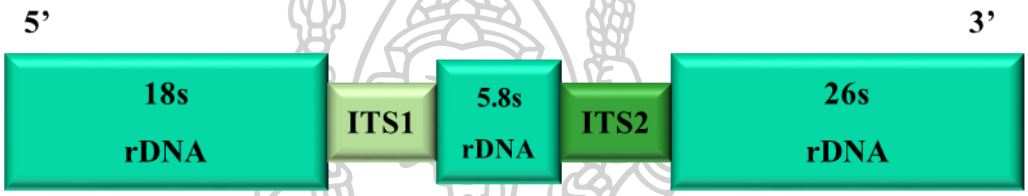
1.1 ไรโบโซมอลดีเอ็นเอ (ribosomal DNA)

ไรโบโซมอลดีเอ็นเอเป็นบริเวณดีเอ็นเอที่ถูกถอดรหัส มีหน้าที่ในการสร้างโปรตีน ไรโบโซมอลดีเอ็นเอ มีการจัดเรียงตัวเป็นหน่วยซ้ำเป็นพัน ๆ ซ้ำในจีโนมพืช ครอบคลุมประมาณ 10 เปอร์เซนต์ของดีเอ็นเอทั้งหมดในพืช แต่ละหน่วยซ้ำจะแยกจากกันโดย intergenic spacer (IGS) และแต่ละหน่วยซ้ำจะประกอบด้วยส่วนที่ถูกถอดรหัสจากดีเอ็นเอเป็นอาร์เอ็นเอ เริ่มจาก external transcribed spacer (ETS), nuclear small rDNA (18S), internal transcribed spacer 1 (ITS1), 5.8S rDNA, internal transcribed spacer 2 (ITS2) และnuclear large rDNA (26S) ตามลำดับ (ภาพที่ 3) โดยไรโบโซมอลดีเอ็นเอเป็นบริเวณที่มีจำนวนชุดของยีนเดียวกันบนโครโมโซมสูงทำให้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ง่าย และยังมีบริเวณอนุรักษ์คือ 18S, 5.8S และ 26S รวมถึงบริเวณที่มีวิวัฒนาการเร็วคือ ITS และ IGS ทำให้เป็นประโยชน์อย่างมากในการศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอและดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืช

ภาพที่ 3 แผนภาพโครงสร้างของไรโบโซมอลดีเอ็นเอ (ribosomal DNA) หนึ่งหน่วย ประกอบด้วย external transcribed spacer (ETS), nuclear small rDNA (18S), internal transcribed spacer 1 (ITS1), 5.8S rDNA, internal transcribed spacer 2 (ITS2) และ nuclear large rDNA (26S) ตามลำดับ

1.1.1 ดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอส (internal transcribed spacer, ITS)

ดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอสแบ่งได้เป็น 2 บริเวณ ได้แก่ ITS1 ที่อยู่ระหว่าง 18S-5.8S rDNA และ ITS2 ที่อยู่ระหว่าง 5.8S-26S rDNA (ภาพที่ 4) ดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอสนี้ถูกใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชมากที่สุด เนื่องจากมีบริเวณอนุรักษ์จึงสามารถใช้เป็นตำแหน่งเกาะของไพรเมอร์มาตรฐาน เพื่อใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิตชนิดต่าง ๆได้ นอกจากนี้ดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอส ยังสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ง่ายและมีความยาวเหมาะสมในการนำไปหาลำดับเบส ความยาวรวมของ ITS1 และ ITS2 ประมาณ 600-700 คู่เบส



ภาพที่ 4 แผนภาพโครงสร้างของดีเอ็นเอบริเวณไอทีเอส (Internal Transcribed Spacer, ITS) ประกอบด้วย ITS1ที่อยู่ระหว่าง 18S-5.8S rDNA และITS2 ที่อยู่ระหว่าง 5.8S-26S rDNA

2. ดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์

2.1 ยีน *mat*K (Maturase K encoding gene)

มีขนาดประมาณ 1550 คู่เบส แทรกตัวอยู่ในส่วน intron ระหว่าง 5' และ 3' ของยีน *trn*K ซึ่งมีขนาดประมาณ 2600 คู่เบส (ภาพที่ 5) เป็นยีนที่ควบคุมการสร้างเอนไซม์ maturase ซึ่งเกี่ยวข้องกับการสร้างกรดอะมิโนไลซีน ยีน *mat*K เป็นยีนที่เพิ่มปริมาณด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ง่าย มีอัตราวิวัฒนาการของลำดับเบสสูงกว่ายีนอื่น ทางกลุ่ม CBOL Plant Working Group ได้ศึกษาเปรียบเทียบดีเอ็นเอ 7 บริเวณ ได้แก่ *mat*K, *rbc*L, *rpo*B, *rpo*C1, *atp*F-*atp*H, *psb*K-*psb*L และ *trn*H-*psb*A ในพลาสติดจากพืชดอก พืชเมล็ดเปลือย 970 ตัวอย่าง ในพืช 550 ชนิด พบว่าการใช้ ยีน *mat*K และ *rbc*L ร่วมกันมีความเหมาะสมในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืช (CBOL Plant Working Group et al., 2009)

ภาพที่ 5 แผนภาพแสดงตำแหน่งยีน *mat*K (Maturase K encoding gene)

2.2 *trn*H – *psb*A intergenic spacer

*trn*H – *psb*A intergenic spacer เป็นดีเอ็นเอส่วนที่ไม่มีการควบคุมการสร้างโปรตีน (non-coding region) ที่อยู่ระหว่างยีน *trn*H และยีน *psb*A (ภาพที่ 6) ซึ่งเป็นที่ยีนที่ทำหน้าที่ควบคุมการสร้างกรดอะมิโนฮีสทีดีน ส่วนยีน *psb*A เป็นยีนที่สร้างโปรตีนที่เป็นองค์ประกอบของ photosystem ll ในกระบวนการสังเคราะห์ด้วยแสงของพืช ซึ่งดีเอ็นเอบริเวณนี้ได้ถูกนำมาใช้ในการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดสำหรับพืชดอก เนื่องจากสามารถเพิ่มจำนวนด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ถึงร้อยละ 100 และเป็นบริเวณที่มีความแตกต่างในระดับชนิดสูง (Kress et al., 2005) (Sudmoon et al., 2012)

ภาพที่ 6 แผนภาพแสดงตำแหน่ง *trn*H – *psb*A intergenic spacer

2.3 ยีน *rbc*L (RuBisCO large subunit encoding gene)

ยีน *rbc*L ในพืชโดยทั่วไป มักมีขนาด 1428, 1431, หรือ 1434 คู่เบส เป็นยีนที่ไม่มีส่วนอินทรอน เมื่อถอดและแปลรหัสได้เป็น large subunit ของ ribulose-bisphosphate carboxylase/oxygenase หรือเอนไซม์ rubisco ทำหน้าที่ในการตรึงคาร์บอนไดออกไซด์ในกระบวนการสังเคราะห์ด้วยแสง ยีน *rbc*L ใช้ในการจำแนกพืชระดับวงศ์หรือเหนือกว่าระดับวงศ์ได้ดีที่สุด และสามารถใช้ในระดับสกุลจนถึงสามารถใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์ระดับชนิดได้ในพืชบางชนิด มี

รายงานว่าการใช้ยีน *mat*K ร่วมกับยีน *rbc*L ช่วยทำให้การจัดกลุ่มและการพิสูจน์เอกลักษณ์ชัดเจนขึ้น (Plunkett et al., 1997)

2.4 ยีน *atp*B

ยีน *atp*B ในพืชมักมีขนาด 1497 คู่เบส อยู่ถัดจากยีน *rbc*L ถอดรหัสได้เป็น β-subunit ของ ATP synthase ซึ่งเป็นเอนไซม์ที่เร่งปฏิกิริยาการสร้าง ATP ยีน *atp*B และยีน *rbc*L มีขนาดใกล้เคียงกัน มีอัตราการวิวัฒนาการใกล้เคียงกัน (Soltis and Doyle, 2012) ไม่มี intron เช่นเดียวกัน จึงนิยมนำดีเอ็นเอส่วน intergenic spacer ที่อยู่ระหว่างยีน *atp*B และยีน *rbc*L ซึ่งมีขนาดประมาณ 900 คู่เบส (ภาพที่ 7) มาใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์สมุนไพร สามารถแสดงความสัมพันธ์ของอันดับ Caryophyllales ได้ (Cuénoud et al., 2002) และพืชวงศ์ Solanaceae สกุล *Capsicum* ได้อย่างถูกต้องและแม่นยำมากขึ้น (Walsh and Hoot, 2001)

ภาพที่ 7 แผนภาพแสดงตำแหน่งยีน *atp*B และยีน *rbc*L

2.5 *trn*L-*trn*F intergenic spacer

เป็นดีเอ็นเอส่วนที่ไม่มีการควบคุมการสร้างโปรตีน (non-coding region) ที่อยู่ระหว่างยีน *trn*L และยีน *trn*F ซึ่งเป็นที่ยีนที่ทำหน้าที่ควบคุมการสร้างกรดอะมิโนลูซีนและฟีนิลอะลานีน ซึ่งดีเอ็นเอบริเวณนี้จะมีอัตราการแทนที่ของเบสสูงจึงสามารถใช้ในการระบุชนิดพืชได้และนิยมใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการในระดับวงศ์และระดับสกุล เพื่อแก้ปัญหาเกี่ยวกับการจัดจำแนกพืชโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ไม่ชัดเจน (Bortiri et al., 2001) และมีการใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพรในสกุล *Cinnamomum* (Kojoma et al., 2002) และสกุล *Stemona* (Fan et al., 2009)

จากการศึกษาเพื่อหาดีเอ็นเอตำแหน่งที่มีคุณสมบัติเหมาะสมมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืช โดย Chen และคณะ (Chen, S. et al., 2010) ที่ได้ทำการศึกษาการเปรียบเทียบดีเอ็นเอ 7 บริเวณ ได้แก่ *psb*A – *trn*H, *mat*K, *rpo*C1, *rbc*L, *ycf*5, ITS2, และ ITS ในพืชสมุนไพร จากตัวอย่างทั้งหมด 6,600 ตัวอย่าง จากพืช 4,800 ชนิด 753 สกุล พบว่า ดีเอ็นเอบริเวณ internal transcribed spacer 2 (ITS2) มีความสามารถในการแยกความแตกต่างของพืชระดับชนิดได้ 92.7% ซึ่งแสดงความสามารถในการจำแนกชนิดของพืชสมุนไพรได้มากที่สุด จึงเสนอว่า ตำแหน่ง ITS2 มีความเหมาะสมในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดสำหรับพืช นอกจากนั้น Chen และคณะ (Chen, Q. et al., 2012) ได้ศึกษาหาตำแหน่งดีเอ็นเอบาร์โค้ดสำหรับพืชสมุนไพรในวงศ์ Verbenaceae โดยทำการศึกษาดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์ 3 บริเวณ ได้แก่ *psb*A – *trn*H, *mat*K, *rbc*L และไรโบโซมอลดีเอ็นเอ 2 ตำแหน่ง ได้แก่ ITS และ ITS2 พบว่า บริเวณที่เหมาะสมที่สุดที่สามารถนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชวงศ์ Verbenaceae คือตำแหน่ง ITS2 และ *psb*A – *trn*H และจากการศึกษาของ Xin และคณะ (Xin et al., 2013) ที่ทำการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดบริเวณ ITS2 ในพืช *Lycium barbarum* , *Lycium* chinense และ *Lycium* เปรียบเทียบกันจำนวน 67 ตัวอย่าง พบว่า ITS2 เป็นตำแหน่งที่มีประสิทธิภาพในการแยกความแตกต่างระหว่าง *Lycium* ทั้ง 3 ชนิดได้ ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Yao และคณะ (Yao et al., 2010) ที่ศึกษาดีเอ็นบาร์โค้ดบริเวณ ITS2 ในการระบุชนิดของสิ่งมีชีวิตทั้งพืชและสัตว์ โดยมีจำนวนพืช 50,790 ตัวอย่าง และจำนวนสัตว์ 12,221 ตัวอย่าง พบว่า ITS2 สามารถใช้แยกสิ่งมีชีวิตได้ รวมถึงมีการศึกษาพืชในสกุลมะเขือจำนวน 162 ชนิด 248 ตัวอย่าง พบว่า ประสบความสำเร็จในการใช้ ITS2 เพื่อระบุชนิดพืชถึงร้อยละ 83.9 แต่สำหรับพืชบางชนิดดีเอ็นเอในตำแหน่ง *mat*K และ *rbc*L ก็พบว่าเหมาะสมสำหรับการจำแนกชนิดพืชได้ อย่างการศึกษาของ Sudmoon และคณะ (Sudmoon et al., 2012) ที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลพริกไทย โดยศึกษายีน *mat*K ยีน *rpo*C1 และ *psb*A – *trn*H เพื่อใช้ในการระบุชนิดของพืชในสกุลพริกไทยที่อยู่ในรูปพืชสด ชิ้นส่วนพืชตากแห้ง และผงยา พบว่า ยีน *mat*K ยีน *rpo*C1 และ *psb*A – *trn*H สามารถใช้ในการระบุชนิดพืชในสกุลพริกไทยที่อยู่ในรูปแบบต่างๆได้ และการศึกษาของ นฤมล ธนานันต์ และคณะ (นฤมล ธนานันต์, 2558) ที่ศึกษาการจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *mat*K และ *rpo*C1 พบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนทั้งสองสามารถใช้จำแนกชนิดของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ และสามารถประยุกต์ใช้ในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ นอกจากนี้เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายทั้ง 13 ชนิด มาเปรียบเทียบกัน พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์

ของยีน *mat*K มีความแตกต่างกัน 30 ตำแหน่ง และลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *rpo*C1 มีความแตกต่างกัน 20 ตำแหน่ง ซึ่งสามารถนำไปพัฒนาเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อชนิดของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายได้ รวมถึงการศึกษาของ Boonsom และคณะ (Boonsom et al., 2012) ที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของต้นรากสามสิบ (*Asparagus racemosus*) ที่มีสรรพคุณทางยาในการต้านทานการอักเสบ โดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *mat*K พบว่า ยีน *mat*K สามารถใช้ในการระบุชนิดของต้นรากสามสิบได้ ซึ่งให้ผลการศึกษาสอดคล้องกับการศึกษาของ Bharatha และคณะ (Nandhini et al., 2013) ที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของ *Coffea congensis* และ *Coffea canephora* ในประเทศอินเดียโดยใช้ยีน *mat*K และยีน *rbc*L พบว่ายีน *mat*K และยีน *rbc*L สามารถใช้การระบุชนิดของต้นกาแฟรุ่นลูกได้ว่าเป็นต้นกาแฟชนิด *Coffea congensis* หรือ *Coffea canephora*

จากข้อมูลดังกล่าวข้างต้นแสดงให้เห็นว่ามีงานวิจัยที่พยายามหาบริเวณของดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชเพียงตำแหน่งเดียว แต่ด้วยข้อจำกัดในแต่ละบริเวณที่นำมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดทางหน่วยงาน CBOL Plant Working Group จึงเสนอให้ดีเอ็นเอตำแหน่งยีน *mat*K และยีน *rbc*L เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชโดยใช้ร่วมกันจึงมีประสิทธิภาพในการระบุชนิดพืชดีที่สุด ผลการทดสอบพบว่าการใช้ยีน *mat*K และยีน *rbc*L ร่วมกันในการระบุพืชในระดับชนิดได้ถูกต้องประมาณ 72% (CBOL Plant Working et al., 2009) แต่ยีน *mat*K และยีน *rbc*L ก็ยังไม่ใช่บริเวณที่สมบูรณ์แบบที่สุด ในปี ค.ศ.2010 ทางนักวิจัยประเทศจีนได้เสนอให้บริเวณ ITS2 เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาตรฐานสากลด้วยบริเวณ ITS2 สามารถระบุชนิดพืชได้ถูกต้องถึง 92.7% (Chen, S. et al., 2010) แต่บริเวณ ITS2 ใช้ในการระบุชนิดพืชในวงศ์ Fabaceae ได้ต่ำกว่า 60% (Gao et al., 2010) ดังนั้นจึงมีการแนะนำให้ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดหลายตำแหน่งร่วมกันในการระบุชนิดพืชเพื่อความถูกต้องแม่นยำ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาในพืชสกุลมะเขือที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดในตำแหน่ง *ndhF* และ *trnS-trnG* จากคลอโรพลาสต์ และตำแหน่ง *waxy* จากนิวเคลียส พบว่าการใช้ตำแหน่งดีเอ็นเอจากคลอโรพลาสต์และนิวเคลียสร่วมกัน สามารถจำแนกพืชสกุลมะเขือได้ (Zhang, W. et al., 2013) ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงเลือกใช้วิธีการพิสูจน์เอกลักษณ์ด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA Barcode) จากดีเอ็นเอในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L ซึ่งมีความสามารถในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่สูงกว่าตำแหน่งอื่น โดยเลือกใช้พืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยในการวิจัย

II. พืชวงศ์มะเขือ (Solanaceae)

พืชวงศ์มะเขือ (Solanaceae) ที่พบในประเทศไทยมี 12 สกุล 46 ชนิด เป็นพืชที่อยู่ในสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) มี 22 ชนิด (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557) จากพืชสมาชิกในสกุลนี้ทั่วโลกที่มีประมาณ 1,500 ชนิด ซึ่งมีเขตการกระจายพันธุ์บริเวณเขตร้อนและกึ่งร้อนทวีปอเมริกาและทวีปอเมริกาใต้และแพร่กระจายพันธุ์ต่อไปยังทวีปแอฟริกาและออสเตรเลีย ส่วนที่พบในบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ประมาณ 25 ชนิด (Somprasong et al., 2002)

ลักษณะทั่วไปทางพฤกษศาสตร์

ลักษณะวิสัย เป็นไม้พุ่มหรือไม้ล้มลุก

ใบ เป็นใบเดี่ยว พบน้อยที่เป็นใบประกอบ การเรียงตัวของใบสลับ แต่บางชนิดโดยเฉพาะสกุล *Solanum* L. ใบที่อยู่ใกล้ช่อดอกจะอยู่ชิดกันมาก ทำให้มองดูคล้ายใบเรียง ตรงข้าม เนื่องจากก้านใบของใบล่างไปเจริญทาบติดกับลำต้นหรือกิ่ง ทำให้ใบล่างดังกล่าวไปอยู่ชิดติดกับใบบน ขอบใบเรียบ หรือหยักเว้า ใบไม่มีหูใบ

ดอก ส่วนมากเป็นช่อแบบช่อกระจุก ที่เป็นดอกเดี่ยว ๆ มีน้อย ดอกสมบูรณ์เพศและสมมาตรตามรัศมี องค์ประกอบของดอกอยู่ใต้รังไข

กลีบเลี้ยง มีจำนวน 5 กลีบ ยกเว้นมีบางชนิดที่มี 4 หรือ 6 กลีบ กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมกันเล็กน้อยที่ หรือแยกกัน และกลีบเลี้ยงติดทน

กลีบดอก มีจำนวน 5 กลีบ เชื่อมติดกันเป็นรูปแตร (funnel) รูปกงล้อ (rotate) หรือรูประฆัง (campanulate) ดอกบานกลีบดอกมีรอยพับจีบ (plicate)

เกสรเพศผู้ มีจำนวน 5 เกสร แยกกัน ก้านอับเรณูติดบนกลีบดอก และสับหว่างกับกลีบดอกทั้ง 5 อับเรณูแตกเป็นรูตรงปลาย หรือแตกตามยาว

เกสรเพศเมีย มี 2 คาร์เพลเชื่อมกัน รังไข่อยู่เหนือวงกลีบ รังไข่มี 2 ห้องหรือรังไข่ที่ค่อนข้างแก่จะเห็นมากกว่า 2 ห้อง เนื่องจากเกิดผนังกั้นห้องเทียมขึ้นมาภายหลัง ออวุลจำนวนมาก พลาตาเซนตารอบแกนร่วม และพลาตาเซนตามักขยายใหญ่เป็นเนื้อ

ผล เป็นผลสดมีเนื้อหลายเมล็ด หรือเป็นผลแห้งแตก

เมล็ด มีจำนวนมาก มักมีลักษณะแบน เมล็ดมีเอนโดสเปิร์ม (ก่องกานดา ชยามฤต, 2549) (ก่องกานดา ชยามฤต, 2559)

พืชวงศ์มะเขือที่พบในประเทศไทย มีหลายชนิดที่เป็นพืชสมุนไพร โดยเฉพาะพืชสกุลมะเขือที่มีสรรพคุณทางยาที่ได้รับความนิยมและนำมาใช้กันอย่างแพร่หลาย แต่พืชในสกุลมะเขือนี้บางส่วนก็มีพิษ หากนำมาใช้อาจเป็นอันตราย ดังนั้นจึงควรมีการตรวจสอบชนิดของพืชสกุลมะเขือก่อนนำมาใช้ โดยสรรพคุณทางยาและพิษของพืชในสกุลมะเขือ แสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 สรรพคุณทางยาและพิษของพืชในสกุลมะเขือ (*Solanum* L.)ที่พบในประเทศไทย

ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	สรรพคุณ
S. americanum Mill.	มะแว้งนก	ทั้งต้น รักษามะเร็งเต้านม มะเร็งปากมดลูก แก้ไข้หวัด ตัวร้อน
		รากและผล นำมาต้ม เป็นยาบำรุงร่างกาย แก้อาการอ่อนเพลีย
		ใบ รักษาแผล รักษาโรคไขข้ออักเสบ
		ผลสุก รักษากลาก ลดอาการเกร็งของกล้ามเนื้อ[1]
		<u>พิษ</u> ผลดิบ มีสารพิษ Slanine ออกฤทธิ์ระคายเคืองต่อระบบทางเดินอาหาร[1]
S. anguivi Lam.	มะแว้ง	ทั้งต้น แก้โลหิตออกทางทวารหนัก ทวารเบา
		ราก แก้เสมหะ น้ำลายเหนียว แก้ไอ แก้ไข้สันนิบาต แก้โลหิตออกทางทวารหนัก ทวารเบา
		ใบ บำรุงธาตุ แก้วัณโรค แก้ไอ
		ผล บำรุงน้ำดี รักษาโรคเบาหวาน แก้ไอ แก้เสมหะ แก้น้ำลายเหนียว แก้คอแห้ง ขับปัสสาวะ รักษาโรคทางไต และกระเพาะปัสสาวะ แก้โลหิตออกทางทวารหนัก ทวารเบา[2]
S. erianthum D. Don.	ดับยาง	ทั้งต้น ช่วยลดการอักเสบจากแผลที่เกิดจากแผลไฟไหม้
		ราก ลดระดับน้ำตาลในเลือด แก้คลื่นไส้ อาหารเป็นพิษ รักษาอาหารท้องร่วง โรคบิด
		ใบ แก้อาการปวดศีรษะ ปวดฟัน ใช้เป็นยาห้ามเลือด แก้ฟกช้ำ รักษาโรคเกาต์[3]

ตารางที่ 1 สรรพคุณทางยาและพิษของพืชในสกุลมะเขือ (*Solanum* L.)ที่พบในประเทศไทย (ต่อ)

ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	สรรพคุณ
S. lycopersicum L.	มะเขือเทศ	ผล ยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อรา ลดการเกิดมะเร็งลำไส้และมะเร็งต่อมลูกหมาก รักษาสิว บำรุงผิวลดริ้วรอย มีวิตามินซีสูง จึงป้องกันและรักษาโรคลักปิดลักเปิด ช่วยระบบการย่อยและการขับถ่าย[4]
S. melongena L.	มะเขือยาว	รากและลำต้น รักษาโรคบิดเรื้อรัง รักษาแผลเท้าเปื่อยอักเสบ
		ใบแห้ง แก้ปัสสาวะขัด โรคหนองใน
		ผล มีสารต้านอนุมูลอิสระ รักษาหลอดเลือดโลหิตและหัวใจ ป้องกันการเกิดโรคความดันโลหิตสูง ช่วยบำรุงกระดูกและฟัน[5]
S. spirale Roxb.	ต้อยตั่ง	ใบ นำไปย่างไฟให้อ่อนนุ่ม เคี้ยวให้ละเอียด ดื่มน้ำอุ่นตาม ช่วยแก้ไข้ แก้จุกเสียด แน่นท้อง หรือใช้เข้าตำรับยาแก้ไข้
		ใบและต้น ใช้เข้าตำรับยาแก้นิ่ว แก้ไข้ แก้อาหารเป็นพิษ ท้องร่วง
		ลำต้น ใช้เข้าตำรับยาแก้ห้าราก (แก้ท้องอืด) [6]
S. stramoniifolium Jacq.	มะอึก	ราก ดับพิษร้อนในร่างกาย ลดไข้ แก้น้ำลายเหนียว ช่วยแก้ปวด ช่วยกระทุ้งพิษไข้ที่มีตุ่ม
		ใบ แก้ปอดบวม ใช้ตำแก้พิษฝี
		ผล กัดเสมหะ แก้อาการไอ[7]
S. torvum Sw.	มะเขือพวง	ทั้งต้น แก้อาการหืด
		ราก รักษารอยเท้าแตก โรคตาปลา แก้พิษในร่างกาย
		ใบ ช่วยขับเหงื่อ แก้อาการชัก แก้ปวด รักษาโรคผิวหนัง ช่วยห้ามเลือด เป็นยาระงับประสาท
		ผล ช่วยต่อต้านโรคมะเร็ง ช่วยยับยั้งเชื้อไวรัส ขับเสมหะ ลดระดับน้ำตาลในเลือด ลดระดับคอเลสเตอรอล รักษาโรคความดันโลหิตสูง ช่วยยับยั้งการแข็งตัวของเลือด บำรุงร่างกาย ช่วยบรรเทาและรักษาอาการภูมิแพ้ เสริมสร้างระบบภูมิคุ้มกันของลำไส้
		ใบและผล ช่วยในการขับปัสสาวะ[8]

ตารางที่ 1 สรรพคุณทางยาและพิษของพืชในสกุลมะเขือ (*Solanum* L.)ที่พบในประเทศไทย (ต่อ)

ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	สรรพคุณ
S. trilobatum L.	มะแว้งเครือ	ทั้งต้น ขับเหงื่อ แก้ไอ แก้หืด ขับปัสสาวะ
		ต้น แก้หญิงท้องขึ้นในขณะมีครรภ์ แก้ไอ ขับเสมหะ แก้น้ำลายเหนียว กระทุ้งพิษไข้ ขับปัสสาวะ
		ราก แก้โลหิตออกทางทวารหนัก ทวารเบา แก้ไอ แก้ขับเสมหะให้ตก แก้หืด ขับปัสสาวะ แก้ไข้สันนิบาต บำรุงธาตุ แก้น้ำลายเหนียว กระหายน้ำ แก้วัณโรค
		ใบ บำรุงธาตุ แก้ไอ แก้น้ำลายเหนียว
		ผลสด แก้ไอ ขับเสมหะ ขับปัสสาวะ รักษาโรคเบาหวาน บำรุงดี แก้น้ำลายเหนียว บำรุงเลือด แก้โลหิตออกทางทวารหนักทวารเบา[2]

[1](MedThai, 2017) [2](สุนทรี สิงหบุตรา, 2561) [3](MedThai, 2015) [4](MedThai, 2013) [5](MedThai, 2013)
[6](กรมพัฒนาการแพทย์แผนไทยและการแพทย์ทางเลือก, 2552) [7](MedThai, 2013) [8](MedThai, 2017)

III. การวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิด

สิ่งมีชีวิตทุกชนิดจะประกอบด้วยดีเอ็นเอที่มีการจัดเรียงตัวของลำดับนิวคลีโอไทด์แตกต่างกันออกไปในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด ซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ หากนำลำดับนิวคลีโอไทด์มาเปรียบเทียบกันก็จะเกิดความแตกต่างในแต่ละคู่เบสที่เกิดจากการเปลี่ยนแปลงโครงสร้าง เช่น การขาดหาย การเป็นคู่ หรือการสับเปลี่ยนของลำดับนิวคลีโอไทด์ นอกจากนี้ยังมีการเปลี่ยนแปลงอีกประเภทหนึ่งที่มักเกิดขึ้นได้ คือ การแทนที่ของเบส (base substitution) จากนิวคลีโอไทด์หนึ่งเป็นนิวคลีโอไทด์หนึ่ง ซึ่งแบ่งออกได้เป็น 2 ประเภท ได้แก่ 1. การเกิดแทรนซิชัน (transition) ซึ่งมีการแลกเปลี่ยนนิวคลีโอไทด์ภายในหมู่เบสเดียวกัน เช่น ระหว่างอะดีนีน (adenine, A) และกัวนีน (guanine, G) ซึ่งเป็นหมู่เพียวรีน (purine) เหมือนกัน หรือระหว่างไทมีน (thymine, T) และไซโทซีน (cytosine, C) ซึ่งเป็นหมู่ไพริมิดีน (pyrimidine) เหมือนกัน และ2. การเกิดแทรนส์เวอร์ชัน (transversion) จะเป็นการแลกเปลี่ยนกันระหว่างหมู่เบส เช่น จากหมู่เพียวรีน (A, G) กลายเป็นหมู่ไพริมิดีน (C, T) หรือในทางกลับกัน (เจษฎา เด่นดวงบริพันธ์, 2555) ซึ่งการเปลี่ยนแลงดังกล่าวทำให้เกิดความหลากหลายของสิ่งมีชีวิต เมื่อนำมาจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์จึงสามารถแสดงความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตได้ โดยคำนวณจากระยะห่างทางวิวัฒนาการระหว่างสายนิวคลีโอไทด์ ซึ่งคำนวณได้หลายวิธี เช่น

1. Jukes-cantor เป็นวิธีการคำนวณระยะห่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ จากสมมุติฐานที่ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิด ถูกแทนที่อย่างอิสระ ทั้งแบบแทรนซิชันและแทรนส์เวอร์ชันในอัตราส่วนที่เท่ากัน (Jukes and Cantor, 1969)

2. Kimura 2 parameter (K2P distance) เป็นวิธีการคำนวณระยะห่างของลำดับนิวคลีโอไทด์จากสมมุติฐานที่ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิด มีอัตราการแทนที่แบบแทรนซิชันและแทรนส์เวอร์ชันในสัดส่วนที่ไม่เท่ากัน ซึ่งวิธีนี้นิยมใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตและวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิด (Kimura, 1980)

3. Tamura 3 parameter เป็นวิธีการคำนวณระยะห่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ จากสมมุติฐานที่ว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิด มีอัตราการแทนที่แบบแทรนซิชันและแทรนส์เวอร์ชันในสัดส่วนที่เท่ากัน รวมถึงคำนวณอัตราส่วนการจับคู่ระหว่างเบสกัวนีนและไซโทซีน (G+C-content) (Kimura, 1981)

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 สารเคมี วัสดุและอุปกรณ์

3.1.1 สารเคมี

2x PCR buffer สำหรับ KOD FX Neo	TOYOBO
Deoxyribonucleotide triphosphates (dNTPs)	TOYOBO
Dimethyl sulfoxide (DMSO)	Thermo scientific
Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA)	Merck
KOD FX Neo	TOYOBO
Tris base	Vivantis
เอทานอล (Ethanol absolute)	Merck
ชุดทำชิ้นดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ GenepHlow Gel/PCR Kit	Geneaid
ชุดสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอพืช Gel/PCR DNA Fragments Extraction Kit	Geneaid
ดีเอ็นเอมาตรฐาน (100 bp, 1 Kb และ 2-log DNA Ladder)	SMOBIO
พีซีอาร์ไพรเมอร์ (ตารางที่ 2)	Biolegio,Sigma
ฟีนอล (Phenol)	Gammaco
สีย้อมเอธิเดียมโบรไมด์ (Ethidium Bromide, EtBr)	Life technologies
อะกาโรส (Agarose)	Vivantis

สารอื่นที่ไม่ได้ระบุไว้เป็นสารที่มีคุณภาพในระดับที่ใช้ในการวิเคราะห์ (analytical grade)

ตารางที่ 2 คู่ไพรเมอร์จำเพาะสำหรับใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L

ตำแหน่งดีเอ็นเอ	ชื่อคู่ไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของคู่ไพรเมอร์
ITS2[1]	S2F	5′ ATGCGATACTTGGTGTGAAT 3′
	S3R	5′ GACGCTTCTCCAGACTACAAT 3′
***mat*K**[2]	3F_KIM	5′ CGTACAGTACTTTTGTGTTTACG 3′
	1R_KIM	5′ ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTG 3′
***rbc*L**[3]	1F	5′ATGTCACCACAAACAGAAAC 3′
	724R	5′TCGCATGTACCTGCAGTAGC 3′

[1](Chen, S. et al., 2010) [2](Kress et al., 2009) [3](Bafeel et al., 2012)

3.1.2 วัสดุและอุปกรณ์

กล้องถ่ายรูปดิจิตอล HS35(EXR) Fugifilm

เครื่องชั่งสาร Sartorius

เครื่องถ่ายภาพเจลและโปรแกรมวิเคราะห์ (Gel Document and Analysis system) Syngene

เครื่องปรับค่าความเป็นกรดเบส (pH meter) Schott instrument

เครื่องปั่นผสม (Vortex mixture) Labnet

เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Thermal cycler) Gene amp

เครื่องแยกสารพันธุกรรมแบบแนวนอน (Gel Electrophoresis) Mupid-exU

เครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม

(Micro-volume nucleic acid spectrophotometer) Actgene, Nas-99 nudrop

เครื่องหมุนเหวี่ยง Gyrozen

ตู้อบแห้งพรรณไม้ BINDER

ไมโครปิเปตต์ BioPette

อ่างควบคุมอุณหภูมิ (Water bath) Daiki scientific

กระดาษแข็งลูกฟูก Gene amp

กระดาษหนังสือพิมพ์

โกร่งบดยา

เชือกรัดแผงไม้ 2 เส้น กว้าง 2-3 ซ.ม. ยาว 1.5 ม.

แผงอัดพันธุ์ไม้ ขนาด 30 ซ.ม. x 45 ซ.ม.

พาราฟิลม์

ไมโครปิเปตต์ทิป

หลอดพีซีอาร์ ขนาด 0.5 มิลลิลิตร

หลอดไมโครเซนทริฟิวจ์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร

3.2 ขั้นตอนการดำเนินงานวิจัย

3.2.1 ตรวจสอบความถูกต้องของชนิดพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

ตรวจสอบรายชื่อและจำนวนชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยจากฐานข้อมูลชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

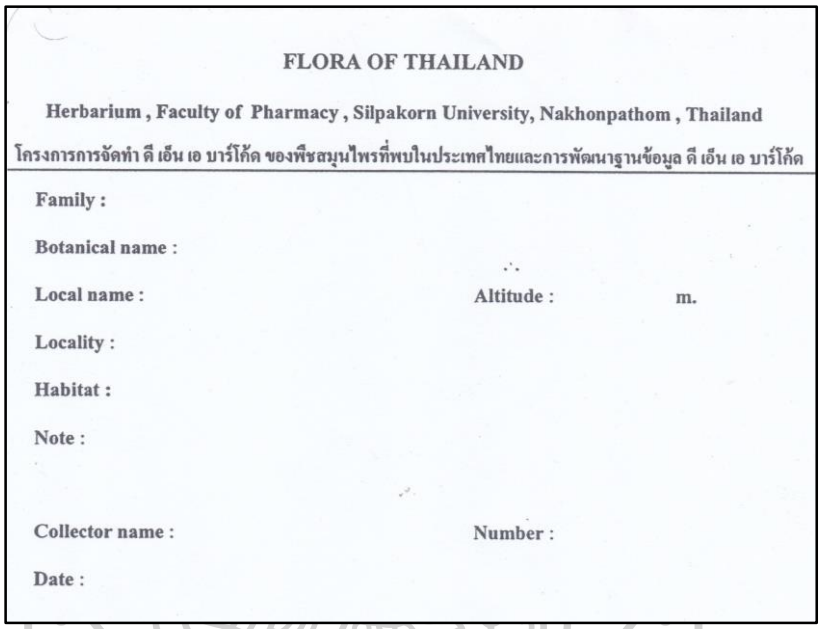
3.2.2 สำรวจและเก็บตัวอย่างพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

เก็บตัวอย่างพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย อย่างน้อยชนิดละ 1 ตัวอย่าง และทำการระบุชนิดพืชโดยดูจากลักษณะสัณฐานวิทยาของพืชเทียบกับคู่มือจำแนกพรรณไม้ ซึ่งได้แก่ Flora of China และ Flora of British India และนำไปเทียบกับตัวอย่างพรรณไม้ที่จัดเก็บอยู่ในหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช กรมป่าไม้ ทำการตรวจสอบความถูกต้องของรายชื่อของพืชพรรณไม้จากฐานข้อมูล The Plant List (The Plant List, 2018) และ IPNI (International Plant Name Index, 2018) โดยจะทำการจัดเก็บตัวอย่างพืชเป็น 2 ส่วนคือ ส่วนที่ 1. ตัวอย่างพืชที่ใช้ทำพรรณไม้อ้างอิง และส่วนที่ 2 ตัวอย่างพืชที่ใช้สกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ (Genomic DNA Extraction)

3.2.3 การจัดทำพรรณไม้อ้างอิง (Voucher specimen)

ตัวอย่างพืชที่ใช้ทำพรรณไม้อ้างอิงโดยทำการอัดแห้งพรรณไม้เพื่อเป็นตัวอย่างอ้างอิง (Voucher specimen) ตามวิธีของ (ก่องกานดา ชยามฤต, 2541) โดยการตรวจหาชื่อพรรณไม้ ต้องอาศัยลักษณะต่าง ๆ ของใบ ดอก และผลเป็นสำคัญ ดังนั้นการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ จึงใช้ส่วนของตัวอย่างที่ประกอบด้วยใบ ดอก และผลที่มีความสมบูรณ์ครบ บันทึกภาพทุกส่วนของพืชและจัดเก็บรวบรวมเป็นฐานข้อมูล

นำตัวอย่างมาล้างทำความสะอาด แล้วจัดเรียงลงในกระดาษหนังสือพิมพ์ให้เห็นรายละเอียดในส่วนต่างๆชัดเจน พร้อมติดป้ายรหัสและป้ายข้อมูลพรรณไม้ที่จัดเก็บ (ภาพที่ 8) จากนั้นนำตัวอย่างใส่ในแผงไม้ที่รองด้วยกระดาษแข็งลูกฟูก นำไปตากแดดหรืออบที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ในตู้อบแห้งพรรณไม้จนพรรณไม้แห้งแล้วอาบพรรณไม้ด้วยน้ำยาอาบพรรณไม้ป้องกันเชื้อราและแมลง นำพรรณไม้เย็บติดกับกระดาษแข็ง แล้วนำพรรณไม้ที่ได้ส่งเก็บรักษาไว้กับสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร


FLORA OF THAILAND

Herbarium , Faculty of Pharmacy , Silpakorn University, Nakhonpathom , Thailand

โครงการการจัดทำ ดี เอ็น เอ บาร์โค้ด ของพืชสมุนไพรที่พบในประเทศไทยและการพัฒนาฐานข้อมูล ดี เอ็น เอ บาร์โค้ด

Family :

Botanical name :

Local name : Altitude : m.

Locality :

Habitat :

Note :

Collector name : Number :

Date :

ภาพที่ 8 ตัวอย่างป้ายข้อมูลพรรณไม้ที่ใช้ในการบันทึกข้อมูลพรรณไม้

3.2.4 การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ (Genomic DNA Extraction)

การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของตัวอย่างพืชสกุลมะเขือนี้จะใช้ส่วนของใบสดที่ไม่อ่อนหรือแก่จนเกินไป โดยนำตัวอย่างใบสดมา 50 มิลลิกรัม มาเช็ดทำความสะอาดด้วยเอทิลแอกอฮอล์ความเข้มข้นร้อยละ 70 แล้วนำตัวอย่างใบสดพืชสกุลมะเขือใส่ลงในโกร่งที่เช็ดทำความสะอาดด้วยเอทิลแอกอฮอล์ความเข้มข้นร้อยละ 70 เช่นกัน เติมไนโตรเจนเหลวลงไปเพื่อให้ตัวอย่างพืชสกุลมะเขือแข็งตัว ทำการบดตัวอย่างให้ละเอียดอย่างรวดเร็ว ทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอตามวิธีการของชุดสกัด Genemic DNA mini Kit (Plant)(Geneaid) โดยมีขั้นตอนดังนี้คือ

3.2.4.1 นำตัวอย่างพืชสกุลมะเขือที่ละเอียดแล้วใส่ในหลอดไมโครเซนทริฟิวจ์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร

3.2.4.2 เติมสารละลาย GP1 buffer จำนวน 400 ไมโครลิตร และเติม RNase A จำนวน 5 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องปั่นผสม (Vortex mixture) นำไปบ่มในอ่างควบคุมอุณหภูมิที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที (พลิกกลับไปกลับมาทุก 5 นาที และสามารถเพิ่มเวลาในการบ่มขึ้นอยู่กับชนิดของพืช)

3.2.4.3 เติมสารละลาย GP2 buffer จำนวน 100 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องปั่นผสม (Vortex mixture) นำไปบ่ม บนน้ำแข็ง เป็นเวลานาน 3 นาที

3.2.4.4 นำสารสกัดที่ได้ย้ายใส่หลอด Filter Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube เพื่อกรอง โดยทำการปั่นเหวี่ยงที่ 1,000 x g เป็นเวลา 1 นาที

3.2.4.5 เก็บสารละลายใสที่ผ่านการกรองอยู่ในส่วน collection tube มาใส่หลอดไมโครเซนทริฟิวส์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดใหม่

3.2.4.6 เติมสารละลาย GP3 buffer จำนวน 750 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน และนำสารสกัดที่ได้ย้ายใส่หลอด GD Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube (ปริมาณสูงสุดได้ครั้งละ 700 ไมโครลิตร) นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 2 นาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้งและทำซ้ำกับสารสกัดที่เหลือ)

3.2.4.7 เติมสารละลาย W1 buffer จำนวน 400 ไมโครลิตร ลงในหลอด GD Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube เดิม นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้ง)

3.2.4.8 เติมสารละลาย Wash buffer จำนวน 600 ไมโครลิตร ลงในหลอด GD Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube เดิม นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้งและถ้าสีที่แผ่นซิลิกาในคอลัมน์ไม่ขาวให้ล้างด้วยสารละลาย Wash buffer จำนวน 400 ไมโครลิตร อีกครั้ง)

3.2.4.9 ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 3 นาที

3.2.4.10 ย้ายหลอด GD Column วางบนหลอดไมโครเซนทริฟิวจ์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร อันใหม่

3.2.4.11 เติม Elution Buffer (แช่ที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ก่อนนำมาใช้) จำนวน 50 ไมโครลิตร ลงบนแผ่นซิลิกาในคอลัมน์นาน 3 – 5 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที เก็บสารละลายจีโนมิกดีเอ็นเอด้านล่าง

ตรวจสอบผลของจีโนมิกดีเอ็นเอที่ได้ด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส (Agarose Gel Electrophoresis) ความเข้มข้นร้อยละ 0.8 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb DNA Ladder แล้ววัดความเข้มข้นของสารละลายจีโนมิกดีเอ็นเอด้วยเครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Micro-volume nucleic acid spectrophotometer) ที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร

3.2.5 การตรวจสอบดีเอ็นเอด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส

3.2.5.1 ชั่งอะกาโรสปริมาณ 0.8 มิลลิกรัม และ 2.0 มิลลิกรัม สำหรับเตรียมเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 0.8 และ 2 ตามลำดับ ใส่ลงในขวด

3.2.5.2 เติมสารละลาย 1x TAE buffer 100 มิลลิลิตร เขย่าให้ละลายเล็กน้อย

3.2.5.3 นำเข้าเตาไมโครเวฟเพื่อให้ความร้อน สลับกับการเขย่าทุก 2 นาที จนอะกาโรสละลายหมด

3.2.5.4 รอจนสารละลายอะกาโรสมีอุณหภูมิประมาณ 60 องศาเซลเซียส จึงเทลงในถาดเจลที่เสียบหวีเจลตามขนาดที่ต้องการเตรียมไว้ โดยเทให้มีความหนาประมาณ 3-5 มิลลิลิตร แล้วรอให้ เจลแข็งตัว

3.2.5.5 วางถาดเจลอะกาโรสที่เตรียมได้ลงในกล่องเจลที่ประกอบอยู่กับอีเลคโทรด และเทสารละลาย 1x TAE buffer ให้ท่วมเหนือเจลอะกาโรส 1-2 มิลลิลิตร

3.2.5.6 นำดีเอ็นเอตัวอย่าง 2 ไมโครลิตร ผสมกับสารละลาย Loading buffer 2 ไมโครลิตร และสารละลาย 1x TAE buffer 2 ไมโครลิตร หยอดลงในช่องเจล (Well) จนครบ เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน จึงเริ่มการวิเคราะห์อิเล็กโตรโฟรีซีส โดยใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 70 โวลต์ นาน 30-40 นาที

3.2.5.7 ทำการย้อมเจลอะกาโรสที่ใช้ตรวจสอบด้วยสีย้อมเอธิเดียมโบรไมด์ (Ethidium Bromide, EtBr) ความเข้มข้น 0.5-1 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร นาน 10 นาที หลังจากนั้นแช่น้ำกลั่น นาน 10 นาที เพื่อล้างเอาสีย้อมเอธีเดียมโบรไมด์ส่วนเกินออก แล้วนำไปส่องภายใต้แสงอัลตราไวโอเลตด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล (Gel Document) พร้อมบันทึกภาพเจลที่ได้

3.2.6 การวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอ

นำตัวอย่างดีเอ็นเอปริมาณ 2 ไมโครลิตร หยดลงบนแท่นวัดค่าของเครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Micro-volume nucleic acid spectrophotometer) โดยเลือกวัดดีเอ็นเอสายคู่ (dsDNA) ที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร ซึ่งเครื่องจะทำการวิเคราะห์ค่าความเข้มข้นของดีเอ็นเอในหน่วยนาโนกรัมต่อไมโครลิตร และค่าความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอ โดยดีเอ็นเอที่บริสุทธิ์ควรมีค่า OD ratio (260/208) อยู่ในช่วง 1.7-1.9

3.2.7 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction; PCR)

โดยนำจีโนมิกดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดมาใช้เป็นดีเอ็นเอต้นแบบ (template) ในการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ด้วยด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้คู่ไพรเมอร์จำเพาะ (ตารางที่ 2) โดยทำปฏิกิริยาในหลอดพีซีอาร์ ขนาด 0.5 มิลลิลิตร ซึ่งปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสจะประกอบด้วย จีโนมิกดีเอ็นเอต้นแบบ 2.0 ไมโครลิตร, 1.0 U/µl KOD FX Neo 1 ไมโครลิตร, 2x PCR buffer for KOD FX Neo 25 ไมโครลิตร, 2.0 มิลลิโมลาร์ dNTPs 10 ไมโครลิตร, 10 ไมโครโมลาร์ ไพรเมอร์ด้าน forward และ reverse อย่างละ 1.5 ไมโครลิตร และปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อจนครบ 50 ไมโครลิตร แล้วนำเข้าเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยตั้งรอบการทำงานและอุณหภูมิตามตารางที่ 3

ตรวจสอบผลที่ได้จากการทำพีซีอาร์ด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส (Agarose Gel Electrophoresis) ความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp DNA Ladder ตามวิธีในข้อ 3.2.5

ตารางที่ 3 สภาวะรอบการทำงานและอุณหภูมิที่ใช้ของปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L

สภาวะ	ตำแหน่ง ITS2	ตำแหน่ง *mat*K	ตำแหน่ง *rbc*L
Preheat	94 ° C (5 นาที)	94 ° C (1 นาที)	95 ° C (5 นาที)
Denature	94 ºC (30 วินาที)	94 ºC (30 วินาที)	94 ºC (40 วินาที)
Annealing	56 ºC (30 วินาที) 30 รอบ	53 ºC (40 วินาที) 30 รอบ	50 ºC (40 วินาที) 30 รอบ
Extension	72 ºC (45 วินาที)	72 ºC (40 วินาที)	72 ºC (2 นาที)
Final extension	72 ° C (10 นาที)	72 ° C (5 นาที)	72 ° C (5 นาที)
Hold	4 ° C ∞	4 ° C ∞	4 ° C ∞

3.2.8 การทำให้ดีเอ็นเอจากการเพิ่มปริมาณให้บริสุทธิ์ (DNA purification)

นำดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสข้อ 3.2.7 มาทำให้บริสุทธิ์ตามวิธีการของชุดทำชิ้นดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ GenepHlow Gel/PCR Kit ซึ่งมีวิธีการดังนี้

3.2.8.1 ตัดเจลตรงตำแหน่งดีเอ็นเอที่ต้องการขนาดประมาณ 300 มิลลิกรัม ใส่ลงในหลอดไมโครเซนทริฟิวจ์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร

3.2.8.2 เติมสารละลาย Gel/PCR buffer จำนวน 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องปั่นผสม (Vortex mixture) นำไปบ่มในอ่างควบคุมอุณหภูมิที่อุณหภูมิ 55- 60 องศาเซลเซียส นาน 10-15 นาที (พลิกกลับไปกลับมาทุก 2-3 นาที) และปล่อยสารละลายตัวอย่างให้เย็นจนถึงอุณหภูมิห้อง

3.2.8.3 นำสารละลายตัวอย่างที่ได้ปริมาณ 800 ไมโครลิตร ย้ายใส่หลอด DFH Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้งและทำซ้ำกับสารละลายตัวอย่างที่เหลือ)

3.2.8.4 เติมสารละลาย W1 buffer จำนวน 400 ไมโครลิตร ลงในหลอด DFH Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube เดิม นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้ง)

3.2.8.5 เติมสารละลาย Wash buffer จำนวน 600 ไมโครลิตร ลงในหลอด DFH Column ที่ประกอบอยู่กับ collection tube เดิม ตั้งทิ้งไว้ ณ อุณหภูมิห้อง 1 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 30 วินาที (เทสารละลายด้านล่างทิ้ง)

3.2.8.6 ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 3 นาที

3.2.8.7 ย้ายหลอด DFH Column วางบนหลอดไมโครเซนทริฟิวจ์พลาสติก ขนาด 1.5 มิลลิลิตร อันใหม่

3.2.8.8 เติม Elution Buffer (บ่มที่อุณหภูมิ 60-70 องศาเซลเซียส ก่อนนำมาใช้) จำนวน 50 ไมโครลิตร ลงบนแผ่นซิลิกาในคอลัมน์นาน 2 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000-16,000 x g เป็นเวลา 2นาที เก็บสารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์ด้านล่าง

ตรวจสอบผลของสารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส (Agarose Gel Electrophoresis) ความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 2-log DNA Ladder ตามวิธีในข้อ 3.2.5 แล้ววัดความเข้มข้นของสารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ด้วยเครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Micro-volume nucleic acid spectrophotometer) ที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร ตามวิธีในข้อ 3.2.6

3.2.9 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

นำดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยเครื่องหาลำดับนิวคลีโอไทด์อัตโนมัติ (DNA sequencer) ของบริษัท Solgent ประเทศเกาหลีใต้

3.2.10 การตรวจสอบความถูกต้องของลำดับนิวคลีโอไทด์

นำผลการอ่านวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์จากข้อ 3.2.9 มาตรวจสอบความถูกต้องโดยนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้งสองเส้นที่ได้จากใช้ไพรเมอร์ forward และ reverse มาทำการเปรียบเทียบกันโดยใช้โปรแกรม Bioedit เวอร์ชั่น 7.0.5.3 โดยจะนำเส้น reverse มาทำการ reverse complement แล้วนำไปเปรียบเทียบกับเส้น forward ด้วย Pairwise aligment แบบ allow ends to slide หาเบสคู่เหมือนที่ซ้อนทับกัน แล้วทำการต่อลำดับนิวคลีโอไทด์จากทั้ง 2 เส้น ให้เป็นลำดับนิวคลีโอไทด์เส้นเดียวกัน แล้วตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ว่าเป็นลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืช

ในตำแหน่งที่ต้องการ และบันทึกลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ลงในฐานข้อมูล GenBank ด้วยเครื่องมือ Sequin เพื่อใช้ในการอ้างอิง

3.2.11 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ค่าความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์

นำเอาลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืชสกุลมะเขือภายทั้ง 3 ตำแหน่ง คือ ITS2, *mat*K และ *rbc*L มาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบความเหมือนหรือความแตกต่าง โดยใช้โปรแกรม Clustal W โดยการนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากข้อ 3.2.10 ของพืชแต่ละชนิดมาทำการเปรียบเทียบเป็นกลุ่มด้วย Clustal W Multiple alignment (Thompson et al., 1994) ฟังชันก์ Bootstrap NJ Tree จำนวนค่า Bootstrap 1000 รอบ เมื่อได้ผลการเปรียบเทียบแบบกลุ่มจะทำการตัดส่วนหัวและส่วนท้ายของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ไม่เหมือนกันออก จะได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแต่ละชนิดที่มีจำนวนเบสเท่ากันทุกชนิดพืชตัวอย่าง หลังจากนั้นจะนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ไปทำการวิเคราะห์ค่าความแตกต่างของดีเอ็นเอบาร์โค้ดด้วยฟังชันก์ Kimura 2-Parameter model (K2P) (Kimura, 1980)

3.2.12 การสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree)

สร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือ โดยใช้โปรแกรม MEGA เวอร์ชั่น 7 ด้วยคำนวณอัลกอริทึมการจัดกลุ่มแบบ Maximum Likehood (ML) (Akaike, 1998) จำนวนค่า Bootstrap 1000 รอบ

3.2.13 การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์ตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรในสกุลมะเขือ ที่พบในท้องตลาด

3.2.13.1 เก็บตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรในสกุลมะเขือ ที่พบในท้องตลาด อย่างน้อย 7 ตัวอย่าง ในงานวิจัยนี้เลือกใช้ มะแว้งต้น (*Solanum sanitwongsei* W. G. Craib.) และ มะแว้งเครือ (*Solanum trilobatum* L.) เนื่องจากฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่จัดทำขึ้นในพืชสกุลมะเขือมีความสมบูรณ์มากที่สุดและเป็นพืชสมุนไพรในสกุลมะเขือที่พบในท้องตลาด โดยตัวอย่างดังกล่าวแสดงดังตารางที่ 4

ตารางที่ 4 ตัวอย่างผลิตภัณฑ์สมุนไพรในสกุลมะเขือที่ใช้การพิสูจน์เอกลักษณ์ด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ด

หมายเลขตัวอย่าง	ชนิดตัวอย่าง	ลักษณะตัวอย่าง	ชื่อร้านค้า	สถานที่
1	*S. trilobatum*	ใบและลำต้นแห้ง	กิตติชัยเภสัช	อ.สามพราน จ.นครปฐม
2	*S. sanitwongsei*	ลำต้นแห้ง	กิตติชัยเภสัช	อ.สามพราน จ.นครปฐม
3	*S. trilobatum*	ใบและลำต้นแห้ง	พิทักษ์เภสัช	อ.สามพราน จ.นครปฐม
4	*S. trilobatum*	ใบและลำต้นแห้ง	หลักธรรมโอสถ	อ.กำแพงแสน จ.นครปฐม
5	*S. trilobatum*	ใบและลำต้นแห้ง	ตั้งเจริญโอสถ	อ.กำแพงแสน จ.นครปฐม
6	*S. trilobatum*	ใบและลำต้นแห้ง	พิพัฒน์เวชการ	อ.จอมบึง จ.ราชบุรี
7	*S. sanitwongsei*	ลำต้นแห้ง	พิพัฒน์เวชการ	อ.จอมบึง จ.ราชบุรี

3.2.13.2 นำตัวอย่างจากข้อ 3.2.13.1 มาทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ ดังวิธีการในข้อ 3.2.4 ตรวจสอบผลการสกัด ดังวิธีการในข้อ 3.2.5 และตรวจวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์ ดังวิธีการในข้อ 3.2.6

3.2.13.3 การเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ด้วยด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสโดยใช้คู่ไพรเมอร์จำเพาะ ดังวิธีการในข้อ 3.2.7

บทที่ 4

ผลการศึกษา

1. พืชสกุลมะเขือที่มีรายงานพบในประเทศไทย

เมื่อทำการตรวจสอบรายชื่อและจำนวนชนิดของพืชวงศ์มะเขือ (Solanaceae) ที่มีรายงานพบในประเทศไทยจากหนังสือชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ มีรายงานทั้งหมด 12 สกุล 46 ชนิด โดยเป็นพืชในสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) 22 ชนิด ได้แก่ มะแว้งนก (*S. americanum* Mill.), มะแว้ง (*S. anguivi* Lam.), มะอึกหมวก (*S. barbisetum* Ness.), มะเขือเปราะ (*S. capsicoides* All.), เตาปูยู้ (*S. cyanocarphium* Blume.), มะเขือพวงขน (*S. donianum* Walp.), ดับยาง (*S. erianthum* D. Don.), มะเขือขื่นหนาม (*S. incanum* L.), มะเขือเทศ (*S. lycopersicum* L.), มะเขือสาแหรก (*S. mammosum* L.), มะเขือยาว (*S. melongena* L.), มะเขือประ (*S. praetermissum* Barnett.), มะแว้งเขา (*S. putii* Barnett.), มะแว้งต้น (*S. sanitwongsei* W. G. Craib.), มะเขือเครือ (*S. seaforthianum* Andrews.), ต้อยตั่ง (*S. spirale* Roxb.), มะอึก (*S. stramoniifolium* Jacq.), มะเขือพวง (*S. torvum* Sw.), มะแว้งเครือ (*S. trilobatum* L.), มันฝรั่ง (*S. tuberosum* L.), มะเขือญี่ปุ่น (*S. wendlandii* Hook. f.) และมะเขือต้น (*S. wrightii* Benth.) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557) ทำการตรวจสอบความถูกต้องของรายชื่อของพืชพรรณไม้จากฐานข้อมูล The Plant List (The Plant List, 2018) และ IPNI (International Plant Name Index, 2018)

2. การสำรวจและเก็บตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

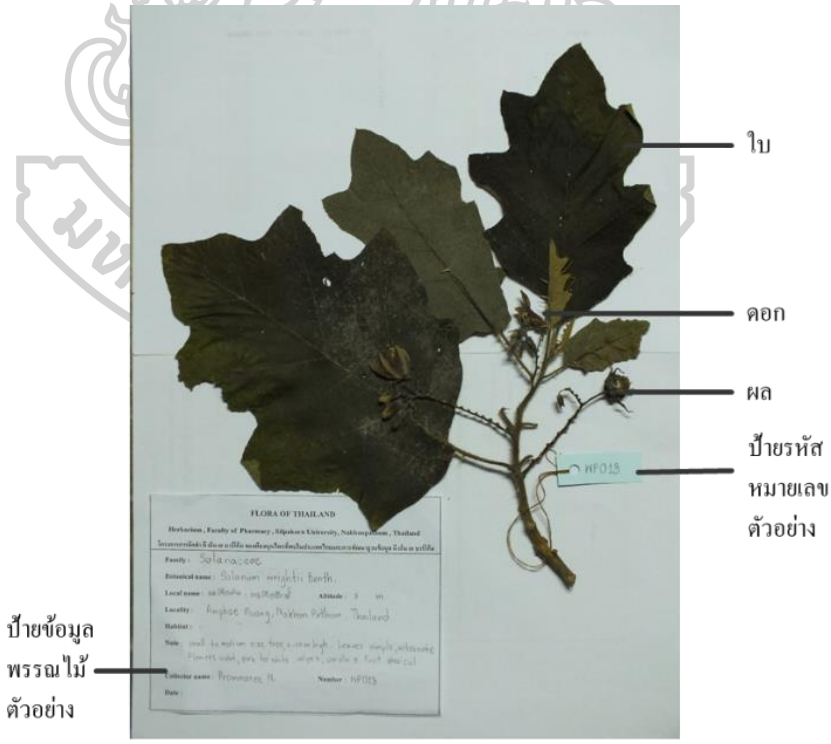
ในงานวิจัยนี้ได้สำรวจและเก็บตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้ทั้งหมด 16 ชนิดดังแสดงในตารางที่ 5 โดย 14 ชนิด เป็นพืชในสกุลมะเขือที่มีรายงานการพบอยู่ในหนังสือชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ได้แก่ มะแว้งนก (*S. americanum* Mill.) , มะแว้ง (*S. anguivi* Lam.), ดับยาง (*S. erianthum* D. Don.), มะเขือเทศ (*S. lycopersicum* L.), มะเขือสาแหรก (*S. mammosum* L.), มะเขือยาว (*S. melongena* L.), มะแว้งต้น (*S. sanitwongsei* W. G. Craib.), มะเขือเครือ (*S. seaforthianum* Andrews.), ต้อยตั่ง (*S. spirale* Roxb.), มะอึก (*S. stramoniifolium* Jacq.), มะเขือพวง (*S. torvum* Sw.), มะแว้งเครือ (*S. trilobatum* L.), มันฝรั่ง (*S. tuberosum* L.), มะเขือต้น

(*S. wrightii* Benth.) และอีก 2 ชนิด เป็นพืชในสกุลมะเขือที่ไม่มีรายงานการพบอยู่ในหนังสือชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ได้แก่ มะเขือขม (*S. aethiopicum* L.) และมะเขือกินใบ (*S. macrocarpon* L.) (Zhang, Z. et al., 1994)

ส่วนลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพืชสกุลมะเขือทั้งหมดแสดงในภาคผนวก ก

3. การทำพรรณไม้อ้างอิง (Voucher specimen)

พรรณไม้อ้างอิง (Voucher specimen) ในพืชสกุลมะเขือผ่านการจัดทำโดยการอัดแห้งพรรณไม้ มีส่วนประกอบใบ ดอกและผลที่มีความสมบูรณ์ครบ และจัดวางทุกส่วนให้เห็นรายละเอียดชัดเจนพร้อมติดป้ายรหัสและป้ายข้อมูลพรรณไม้ที่จัดเก็บ จำนวน 16 ชนิด ตามตารางที่ 4 แต่ละชนิดแสดงข้อมูลตามตัวอย่างในภาพที่ 9 แสดงตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของ *S. wrightii* Benth.ในสกุลมะเขือ แสดงลักษณะขอบใบเว้าลึกเป็นพู ปลายใบแหลม โคนใบทู่ ไม่สมมาตร ดอกออกเป็นช่อสั้นจากกิ่งใกล้ปลายยอด กลีบรองดอกโคนเชื่อมกัน กลีบดอก เชื่อมกันคล้ายรูปปากแตร ผลรูปทรงกลมสีเขียว และนำพรรณไม้ที่ได้ส่งเก็บรักษาไว้กับสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 9 ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของ *S. wrightii* Benth.ในสกุลมะเขือ แสดงลักษณะใบ ดอกและผล พร้อมป้ายรหัสหมายเลขตัวอย่างและป้ายข้อมูลพรรณไม้ตัวอย่าง

ตารางที่ 5 รายชื่อพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.)ที่ศึกษาในงานวิจัยนี้

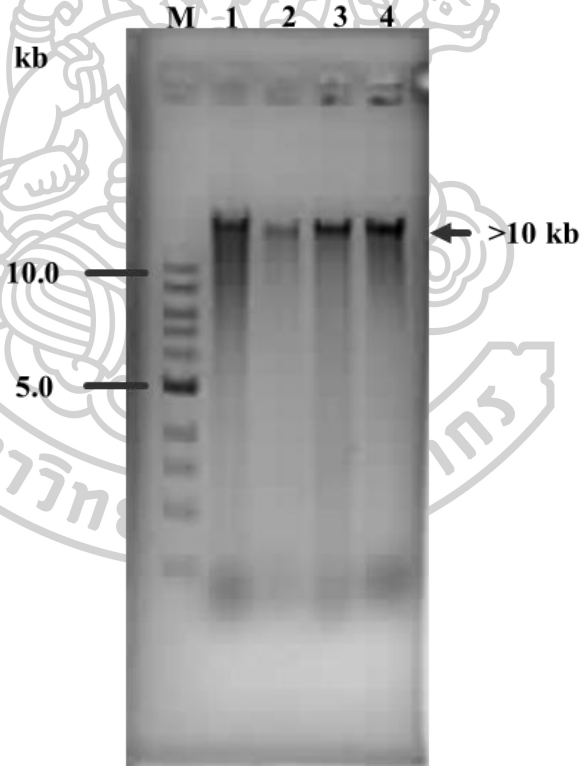
ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	สถานที่เก็บ	หมายเลขการเก็บพรรณไม้
1	*S. americanum* Mill.	มะแว้งนก*, หญ้าต้มตอก	ลำปาง	WP018
2	*S. anguivi* Lam.	มะแว้ง*, มะแคว้งขม, มะแคว้งดำ	เชียงใหม่	WP004
3	*S. erianthum* D. Don.	ดับยาง*, ฝ่าแป้ง, มะเขือดง	พะเยา	WP017
4	*S. lycopersicum* L.	มะเขือเทศ*, บ่ะเขือส้ม, บักเขียเคีย	เชียงใหม่	WP001
5	*S. mammosum* L.	มะเขือสาแหรก*, มะเขือนมแพะ, มะเขือการ์ตูน	นครปฐม	WP024
6	*S. melongena* L.	มะเขือยาว*, มะเขือหำม้า, มะเขือขาว	นครปฐม	WP016
7	*S. sanitwongsei* W. G. Craib.	มะแว้งต้น*	เชียงราย	WP005
8	*S. seaforthianum* Andrews.	มะเขือเครือ, มะแขว้งเครือ*, สะเต๊ะ	นครปฐม	WP014
9	*S. spirale* Roxb.	ต้อยตั่ง*, ผักดีด	เชียงราย	WP002
10	*S. stramoniifolium* Jacq.	มะอึก*, มะเขือปู่, มะปู่	นครปฐม	WP012
11	*S. torvum* Sw.	มะเขือพวง*	เชียงใหม่	WP010
12	*S. trilobatum* L.	มะแว้งเครือ*	นครปฐม	WP026
13	*S. tuberosum* L.	มันฝรั่ง*, มันเทศ, มันอีลู	นครปฐม	WP025
14	*S. wrightii* Benth.	มะเขือต้น*, มะเขือยักษ์	นครปฐม	WP013
15	*S. aethiopicum* L.**	มะเขือขม	เชียงราย	WP009
16	*S. macrocarpon* L.**	มะเขือกินใบ	พัทลุง	WP023

หมายเหตุ *ชื่อท้องถิ่นเป็นชื่อตัวอักษรเข้มในหนังสือพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ.2557 (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

**ไม่พบในหนังสือพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ.2557

4. ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ (Genomic DNA Extraction)

เมื่อทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากใบสดของพืชสกุลมะเขือทั้ง 16 ชนิด โดยใช้ชุดสกัด Genemic DNA mini Kit (Plant)(Geneaid) พบว่าสามารถสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือได้ทั้ง 16 ชนิด คิดเป็นค่าความสำเร็จในการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชทั้งหมดร้อยละ 100 ดังแสดงในภาพที่ 10 ที่แสดงตัวอย่างผลการตรวจสอบการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสโดยใช้เจลอะกาโรส (Agarose Gel Electrophoresis) ความเข้มข้นร้อยละ 0.8 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb DNA Ladder ซึ่งแถบแสดงจีโนมิกดีเอ็นเอมีขนาดมากกว่า 10 กิโลเบส และจากการวัดความเข้มข้นของสารละลายจีโนมิกดีเอ็นเอด้วยเครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Micro-volume nucleic acid spectrophotometer) ที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร พบว่าจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือที่ได้มีความเข้มข้นอยู่ในช่วง 17-1200 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร



ภาพที่ 10 ตัวอย่างผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือ

บนเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 0.8 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb DNA Ladder (เลน M) โดยจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือ 4 ชนิด คือเลน 1) *S. trilobatum* L. เลน 2) *S. tuberosum* L. เลน 3) *S. mammosum* L. เลน 4) *S. macrocarpon* L.

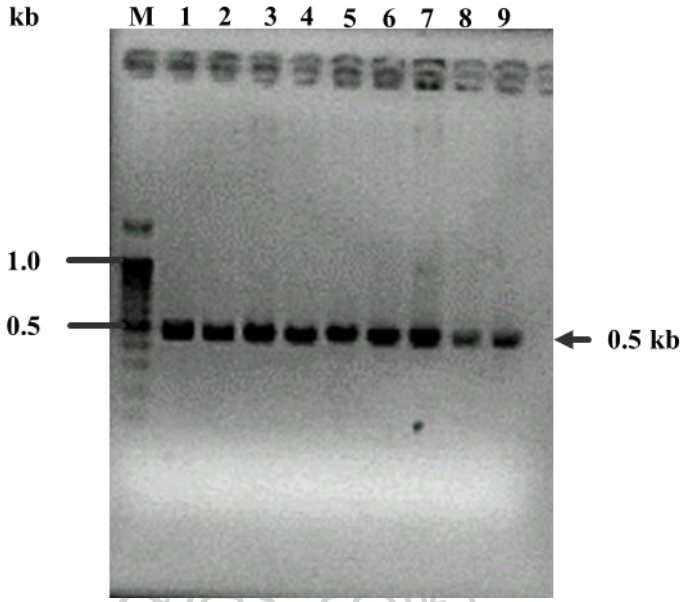
5. การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction;PCR)

เมื่อทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือทั้ง 16 ชนิด ในสามตำแหน่ง ได้แก่ ITS2, *mat*K และ *rbc*L พบว่าความสามารถในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอทั้งสามตำแหน่งมีความแตกต่างกัน โดยดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L มีค่าร้อยละความสำเร็จในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ 100, 87.5 และ 100 ตามลำดับ (ตารางที่ 6) และเมื่อตรวจสอบผลที่ได้จากการทำพีซีอาร์ด้วยวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีส โดยใช้เจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp DNA Ladder พบว่า ผลผลิตของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 มีขนาดประมาณ 500 คู่เบส (ภาพที่ 11) ดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K มีขนาดประมาณ 850 คู่เบส (ภาพที่ 12) และดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L มีขนาดประมาณ 750 คู่เบส (ภาพที่ 13) และเมื่อนำดีเอ็นเอทั้งสามตำแหน่งที่ได้คือ ITS2, *mat*K และ *rbc*L มาทำให้บริสุทธิ์ แล้วนำดีเอ็นเอบริสุทธิ์ที่ได้ไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยเครื่องหาลำดับนิวคลีโอไทด์อัตโนมัติ (DNA sequencer) ของบริษัท Solgent ประเทศเกาหลีใต้ พบว่าการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 มีค่าความสำเร็จร้อยละ 93.8 ดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K มีค่าความสำเร็จร้อยละ 75.0 และดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L มีค่าความสำเร็จร้อยละ 100 (ตารางที่ 6)

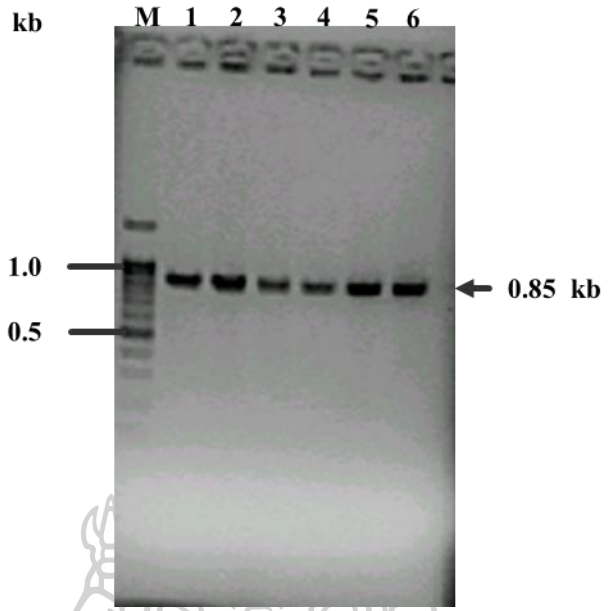
มหาวิทยาลัยศิลปากร

ตารางที่ 6 ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ ผลการเพิ่มปริมาณปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส ผลการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืชสกุลมะเขือที่ศึกษาในงานวิจัยนี้ ผลร้อยละความสำเร็จ

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ	ผลการเพิ่มปริมาณพีซีอาร์			ผลการอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์		
				ITS2	*mat*K	*rbc*L	ITS2	*mat*K	*rbc*L
1	*S. americanum* Mill.	มะแว้งนก	/	/	/	/	/	/	/
2	*S. anguivi* Lam.	มะแว้ง	/	/	/	/	/	/	/
3	*S. erianthum* D. Don.	ดับยาง	/	/	/	/	/	/	/
4	*S. lycopersicum* L.	มะเขือเทศ	/	/	/	/	/	/	/
5	*S. mammosum* L.	มะเขือสาแหรก	/	/	/	/	/	/	/
6	*S. melongena* L.	มะเขือยาว	/	/	/	/	/	/	/
7	*S. sanitwongsei* W. G. Craib.	มะแว้งต้น	/	/	/	/	/	/	/
8	*S. seaforthianum* Andrews.	มะเขือเครือ	/	/	/	/	/	/	/
9	*S. spirale* Roxb.	ต้อยตั่ง	/	/	/	/	/	/	/
10	*S. stramoniifolium* Jacq.	มะอึก	/	/	/	/	/	/	/
11	*S. torvum* Sw.	มะเขือพวง	/	/	/	/	/	/	/
12	*S. trilobatum* L.	มะแว้งเครือ	/	/	/	/	/	-	/
13	*S. tuberosum* L.	มันฝรั่ง	/	/	-	/	-	-	/
14	*S. wrightii* Benth.	มะเขือต้น	/	/	/	/	/	-	/
15	*S. aethiopicum* L.	มะเขือขม	/	/	/	/	/	/	/
16	*S. macrocarpon* L.	มะเขือกินใบ	/	/	-	/	/	-	/
ร้อยละความสำเร็จ			100	100	87.5	100	93.8	75.0	100

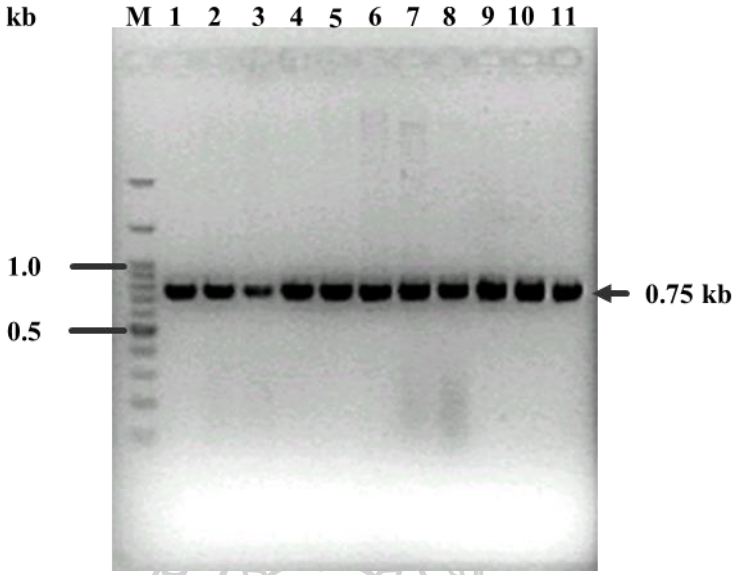


ภาพที่ 11 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง ITS2
บนเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน (เลน M) ปลายศรชี้แสดงดีเอ็นเอบริเวณ ITS2 มีขนาดประมาณ 500 คู่เบส โดยตัวอย่างผลผลิตของพืชสกุลมะเขือ 9 ชนิด คือเลน 1) *S. lycopersicum* L. เลน 2) *S. anguivi* Lam.
เลน 3) *S. sanitwongsei* W. G. Craib. เลน 4) *S. spirale* Roxb. เลน 5) *S. wrightii* Benth.
เลน 6) *S. aethiopicum* L. เลน 7) *S. seaforthianum* Andrews. เลน 8) *S. torvum* Sw.
เลน 9) *S. stramoniifolium* Jacq.



ภาพที่ 12 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง *mat*K
บนเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน (เลน M) ปลายศรชี้แสดงดีเอ็นเอบริเวณ *mat*K มีขนาดประมาณ 850 คู่เบส โดยตัวอย่างผลผลิตของพืชสกุลมะเขือ 6ชนิด คือเลน 1) *S. lycopersicum* L. เลน 2) *S. anguivi* Lam. เลน 3) *S. sanitwongsei* W. G. Craib. เลน 4) *S. spirale* Roxb.) เลน 5) *S. torvum* Sw. เลน 6) *S. aethiopicum* L.

มหาวิทยาลัยศิลปากร



ภาพที่ 13 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง *rbc*L

บนเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 2.0 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน (เลน M) ปลายศรชี้แสดงดีเอ็นเอบริเวณ *rbc*L มีขนาดประมาณ 750 คู่เบส โดยตัวอย่างผลผลิตของพืชสกุลมะเขือ 11 ชนิด คือเลน 1) *S. lycopersicum* L. เลน 2) *S. anguivi* Lam. เลน 3) *S. sanitwongsei* W. G. Craib. เลน 4) *S. spirale* Roxb. เลน 5) *S. wrightii* Benth. เลน 6) *S. aethiopicum* L. เลน 7) *S. seaforthianum* Andrews. เลน 8) *S. torvum* Sw. เลน 9) *S. stramoniifolium* Jacq. เลน 10) *S. erianthum* D. Don. เลน 11) *S. americanum* Mill.

6. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำดีเอ็นเอที่ได้ไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืชสกุลมะเขือทั้ง 16 ชนิด ในสามตำแหน่ง ได้แก่ ITS2, *mat*K และ *rbc*L จะนำผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาตรวจสอบความถูกต้องโดยนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการใช้ไพรเมอร์ทั้งด้าน forward และ reverse มาทำการเปรียบเทียบกันโดยใช้โปรแกรม Bioedit เวอร์ชั่น 7.0.5.3 และบันทึกลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ลงในฐานข้อมูล GenBank เพื่อใช้ในการอ้างอิง (ภาคผนวก ข) และจากการวิเคราะห์ได้ผลการตรวจสอบดังนี้

6.1 ขนาดของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L

ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้จากการใช้ไพรเมอร์คู่ที่ 1 สำหรับดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 คือ 326 ถึง 449 คู่เบส ซึ่งประกอบด้วย 3 ส่วน ได้แก่ ส่วนต้นเป็นส่วนปลายของยีน 5.8s ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ ส่วนกลางคือส่วนของ ITS2 และส่วนปลายคือส่วนต้นของยีน 26s ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ (ภาพที่ 14) ซึ่งเมื่อตัดเฉพาะส่วนของ ITS2 พบว่ามีความยาวเฉลี่ย 205.4 ± 2.82 คู่เบส (ตารางที่ 7)

ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K คือ 726 ถึง 818 คู่เบส ซึ่งเป็นส่วนของยีน *mat*K โดยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ต้องมีความยาวน้อยกว่าหรือเท่ากับ 889 คู่เบส (ภาพที่ 15) (ตารางที่ 7)

ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L คือ 688 ถึง 712 คู่เบส ซึ่งเป็นส่วนของยีน *rbc*L โดยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ต้องมีความยาวน้อยกว่าหรือเท่ากับ 743 คู่เบส (ภาพที่ 16) (ตารางที่ 7)

ตารางที่ 7 ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L ของพืชสกุลมะเขือ

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ความยาวลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ (คู่เบส)		
		ITS2	*mat*K	*rbc*L
1	*S. americanum* Mill.	203	754	701
2	*S. anguivi* Lam.	205	765	700
3	*S. erianthum* D. Don.	203	726	699
4	*S. lycopersicum* L.	215	818	702
5	*S. mammosum* L.	205	728	703
6	*S. melongena* L.	205	765	705
7	*S. sanitwongsei* W. G. Craib.	205	775	704
8	*S. seaforthianum* Andrews.	205	755	712
9	*S. spirale* Roxb.	204	781	700
10	*S. stramoniifolium* Jacq.	207	765	688
11	*S. torvum* Sw.	205	763	709
12	*S. trilobatum* L.	205	-	705
13	*S. tuberosum* L.	-	-	705
14	*S. wrightii* Benth.	204	-	698
15	*S. aethiopicum* L.	205	761	699
16	*S. macrocarpon* L.	205	-	708
ค่าเฉลี่ย		205.4 ±2.82	763± 23.83	702±5.5

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         10         20         30         40         50         60         70
GTGAATTGCA GAATCCCGTG AACCATCGAG TCTTTGAACG CAAGTTGCGC CCGAAGCCAT TAGGCCGAGG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
         80         90        100        110        120        130        140
GCACGTCTGC CTGGGCGTCA CGCATCGCGT CGCCCCCCGC ACGCCGCAAG GCGTCGTGGG GCGGATACTG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        150        160        170        180        190        200        210
GCCTCCCGTG TGCCTCGAGC TCGCGGTTGG CCTAAATGCG AGTCCACGTC GACGGACGTC GCGGCAAGTG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        220        230        240        250        260        270        280
GTGGTTGAAA CTCAACTCTC TTTGTGTCGC GGCTACAGCC CGTCGCGCGT CTGGACTCCA GACCCTCTAA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        290        300        310        320        330        340        350
GCGCTTAGGC GCTCCGACCG CGACCCCAGG TCAGGCGGGA TTACCCGCTG AGTTTAAGCA TATCAATAAG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        360        370        380        390        400        410        420
CGGAGGAAAA GAAACTTACA AGGATTCCCT TAGTAGCGGC GAGCGAACCG GGAACAGCCC AGCCTTAGAA

....|....| ....|....
        430
TCGGGCGGCT CCGTCGTCC
```

ภาพที่ 14 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ ITS2 ของ *S. americanum* Mill. มีความยาว 439 คู่เบส โดยลำดับที่ <1-96 คือ ส่วนปลายของยีน 5.8s ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ เบสลำดับที่ 97-299 คือส่วนของ ITS2 และเบสลำดับที่ 299->439 คือส่วนต้นของยีน 26s ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ

มหาวิทยาลัยศิลปากร

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        10         20         30         40         50         60         70
TTACGATTCT TTCTCCACGA ATATTGTAGT CTTATTACTT CAAAGAAGCC CGGTTACTCC TTTTCAACAA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        80         90        100        110        120        130        140
AAACTCAAAG ATTCTTCTTC TTCTTATATA ATTCTTATGT ATATGAATGC GAATCCACTT TCGTCTTTCT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       150        160        170        180        190        200        210
ACGGAACCAA TCTTCTCATT TACGATCAAC ATCTTTTGGA GCCCTTCTTG AACGAATATA TTTCTATGGA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       220        230        240        250        260        270        280
AAAATAGAAC GTCTTGTAGA AGTCTTTGCT AAGGATTTTC AGGTTACCCT CTGGTTATTC AAGGACCCTT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       290        300        310        320        330        340        350
TCATCCATTA TGTTAGGTAT GAAGGAAAAT CAATTCTGGC TTCAAAAGGG ACGTTTCTTT TGATGAATAA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       360        370        380        390        400        410        420
ATGGAAATTT TACCTTGTCA ATTTTTGGCA ATGTCATTTT TCTATGTACT TTCACACAGG AAGGATCCAT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       430        440        450        460        470        480        490
ATAAACCAAT TATCCAACCA TTCCCGTGAC TTTATGGGCT ATCTTTCAAG TGTGCGACTA AATCATTCAA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       500        510        520        530        540        550        560
TGGTACGTAG TCAAATGTTA GCAAATTCAT TTCTAATCAA TAATCCAATT AAGAAGTTCG ATACCCTTGT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       570        580        590        600        610        620        630
TCCAATTATT CCTTTGATTG GATCATTAGC TAAAGCACAC TTTTGTACCG TATTAGGGCA TCCCATTAGT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       640        650        660        670        680        690        700
AAACCGGTTT GGTCCGATTT ATCAGATTCT GATATTATTG ACCGATTTGG GCGTATATGC AGAAATCTTT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....
       710        720        730        740        750
TTCATTATTA TAGCGGATCT TGCAAAAAAA AGACTTTATA TCGAATAAAG TATA
```

ภาพที่ 15 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ *mat*K ของ *S. americanum* Mill. มีความยาว 754 คู่เบส โดยลำดับที่ <1-754 คือ ส่วนของยีน *mat*K

```
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        10         20         30         40         50         60         70
GCAAGTGTTG GATTCAAAGC TGGTGTTAAA GAGTACAAAT TGACTTATTA TACTCCTGAG TACCAAACCA

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
        80         90        100        110        120        130        140
AGGATACTGA TATATTGGCA GCATTCCGAG TAACTCCTCA ACCTGGAGTT CCACCTGAAG AAGCAGGGGC

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       150        160        170        180        190        200        210
CGCGGTAGCT GCCGAATCTT CTACTGGTAC ATGGACAACT GTATGGACCG ATGGACTTAC CAGTCTTGAT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       220        230        240        250        260        270        280
CGTTACAAAG GGCGATGCTA CCGCATCGAG CGTGTTGTTG GAGAAAAAGA TCAATATATT GCTTATGTAG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       290        300        310        320        330        340        350
CTTACCCTTT AGACCTTTTT GAAGAAGGTT CCGTTACCAA TATGTTTACT TCCATTGTAG GTAATGTATT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       360        370        380        390        400        410        420
TGGGTTCAAA GCCCTGCGCG CTCTACGTCT GGAAGATCTG CGAATCCCTA CTGCTTATGT TAAAACTTTC

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       430        440        450        460        470        480        490
CAAGGTCCGC CTCATGGGAT CCAAGTTGAA AGAGATAAAT TGAACAAGTA TGGTCGTCCC CTGTTGGGAT

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       500        510        520        530        540        550        560
GTACTATTAA ACCTAAATTG GGGTTATCTG CTAAAAACTA TGGTAGAGCT GTTTATGAAT GTCTTCGCGG

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       570        580        590        600        610        620        630
TGGACTTGAT TTTACCAAAG ATGATGAGAA CGTGAACTCA CAACCATTTA TGCGTTGGAG AGATCGTTTC

....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
       640        650        660        670        680        690        700
TTATTTTGTG CCGAAGCACT TTTTAAAGCA CAGACTGAAA CAGGTGAAAT CAAAGGACAT TACTTGAATG

.

C
```

ภาพที่ 16 ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่อ่านได้ของดีเอ็นเอบริเวณ *rbc*L ของ *S. americanum* Mill. มีความยาว 701 คู่เบส โดยลำดับที่ <1-701 คือ ส่วนของยีน *rbc*L

6.2 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิด

เพื่อศึกษาความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิดของพืชในสกุลมะเขือ จะศึกษาพืชในสกุลมะเขือ 12 ชนิด ซึ่งมีข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ครบทั้งสามตำแหน่ง ในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L ได้แก่ *S. americanum* Mill. , *S. anguivi* Lam., *S. erianthum* D. Don., *S. lycopersicum* L.,*S. mammosum* L.,*S. melongena* L.,*S. sanitwongsei* W.G. Craib., *S. seaforthianum* Andrews., *S. spirale* Roxb., *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw. และ *S. aethiopicum* L. มาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าความแตกต่างด้วยฟังชันก์ Kimura 2-Parameter model (K2P) distance ด้วยโปรแกรม MEGA เวอร์ชั่น 7 พบว่าเมื่อทำการคำนวณค่าความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิดพืชในสกุลมะเขือด้วย K2P distance เปรียบเทียบครั้งละหนึ่งคู่ (ค่า K2P distance มีค่าสูงสุดเป็น 1.00 แสดงว่าลำดับนิวคลีโอไทด์คู่นั้นมีความแตกต่างกันร้อยละ 100) จะได้ค่าเฉลี่ย K2P distance ของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L เป็น 0.124, 0.019 และ 0.011 ตามลำดับ ซึ่งเมื่อทำการเปรียบเทียบพืชสกุลมะเขือทั้ง 12 ชนิด ทีละคู่พบว่า ทุกคู่มีค่า K2P distance ที่ดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 มากที่สุด ยกเว้นคู่ของ *S. anguivi* Lam. และ *S. sanitwongse* W. G. Craib. ที่ดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L มีค่า K2P distance เป็น 0.000 (ตารางที่ 8, ตารางที่ 9 และตารางที่ 10)

ตารางที่ 8 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง ITS2

ลำดับ	ชื่อชนิดของพืช	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	*S. americanum* Mill.	0.000											
2	*S. anguivi* Lam.	0.144	0.000										
3	*S. erianthum* D. Don.	0.127	0.144	0.000									
4	*S. lycopersicum* L.	0.102	0.175	0.126	0.000								
5	*S. mammosum* L.	0.144	0.096	0.096	0.132	0.000							
6	*S. melongena* L.	0.145	0.047	0.144	0.175	0.114	0.000						
7	*S. sanitwongse* W. G. Craib.	0.144	0.000*	0.144	0.175	0.096	0.047	0.000					
8	*S. seaforthianum* Andrews.	0.157	0.208	0.144	0.151	0.156	0.188	0.208	0.000				
9	*S. spirale* Roxb.	0.109	0.139	0.080	0.126	0.091	0.139	0.139	0.102	0.000			
10	*S. stramonifolium* Jacq.	0.139	0.085	0.120	0.132	0.085	0.103	0.085	0.151	0.092	0.000		
11	*S. torvum* Sw.	0.176	0.097	0.175	0.194	0.144	0.097	0.097	0.221	0.150	0.126	0.000	
12	*S. aethiopicm* L.	0.126	0.026	0.126	0.156	0.091	0.020	0.026	0.188	0.120	0.085	0.085	0.000
ค่าเฉลี่ย		**0.124**											

หมายเหตุ * แสดงค่า K2P distance ระหว่างชนิดของ *S. anguivi* Lam. และ *S. sanitwongse* W. G. Craib. ซึ่งมีค่าเป็น 0.00

ตารางที่ 9 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง *mat*K

ลำดับ	ชื่อชนิดของพืช	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	*S. americanum* Mill.	0.000											
2	*S. anguivi* Lam.	0.024	0.000										
3	*S. erianthum* D. Don.	0.019	0.016	0.000									
4	*S. lycopersicum* L.	0.021	0.027	0.022	0.000								
5	*S. mammosum* L.	0.025	0.013	0.018	0.028	0.000							
6	*S. melongena* L.	0.022	0.004	0.015	0.025	0.012	0.000						
7	*S. sanitwongse* W. G. Craib.	0.024	0.000*	0.016	0.027	0.013	0.004	0.000					
8	*S. seaforthianum* Andrews.	0.015	0.027	0.022	0.024	0.028	0.025	0.027	0.000				
9	*S. spirale* Roxb.	0.024	0.021	0.016	0.027	0.019	0.019	0.021	0.025	0.000			
10	*S. stramonifolium* Jacq.	0.030	0.015	0.022	0.033	0.019	0.016	0.015	0.033	0.027	0.000		
11	*S. torvum* Sw.	0.024	0.009	0.016	0.027	0.013	0.010	0.009	0.027	0.021	0.015	0.000	
12	*S. aethiopicm* L.	0.022	0.001	0.015	0.025	0.012	0.003	0.001	0.025	0.019	0.013	0.007	0.000
ค่าเฉลี่ย		**0.019**											

หมายเหตุ * แสดงค่า K2P distance ระหว่างชนิดของ *S. anguivi* Lam. และ *S. sanitwongse* W. G. Craib. ซึ่งมีค่าเป็น 0.00

ตารางที่ 10 ค่าความแตกต่าง Kimura 2-Parameter (K2P) distance ระหว่างชนิดของพืชสกุลมะเขือในตำแหน่ง *rbc*L

ลำดับ	ชื่อชนิดของพืช	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	*S. americanum* Mill.	0.000											
2	*S. anguivi* Lam.	0.010	0.000										
3	*S. erianthum* D. Don.	0.011	0.016	0.000									
4	*S. lycopersicum* L.	0.010	0.013	0.019	0.000								
5	*S. mammosum* L.	0.005	0.008	0.014	0.008	0.000							
6	*S. melongena* L.	0.008	0.002	0.014	0.011	0.006	0.000						
7	*S. sanitwongse* W. G. Craib.	0.010	0.000*	0.016	0.013	0.008	0.002	0.000					
8	*S. seaforthianum* Andrews.	0.011	0.016	0.016	0.016	0.011	0.014	0.016	0.000				
9	*S. spirale* Roxb.	0.014	0.011	0.018	0.018	0.013	0.010	0.011	0.021	0.000			
10	*S. stramonifolium* Jacq.	0.010	0.010	0.018	0.016	0.011	0.008	0.010	0.018	0.011	0.000		
11	*S. torvum* Sw.	0.006	0.006	0.011	0.013	0.008	0.005	0.006	0.014	0.008	0.006	0.000	
12	*S. aethiopicm* L.	0.008	0.002	0.014	0.011	0.006	0.000	0.002	0.014	0.010	0.008	0.005	0.000
ค่าเฉลี่ย		**0.011**											

หมายเหตุ * แสดงค่า K2P distance ระหว่างชนิดของ *S. anguivi* Lam. และ *S. sanitwongse* W. G. Craib. ซึ่งมีค่าเป็น 0.00

จากการวิเคราะห์ค่า K2P distance ของพืชในสกุลมะเขือทั้ง 12 ชนิด ดังกล่าว พบว่าดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 มีความเหมาะสมที่สุดในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด เนื่องจากสามารถแยกความแตกต่างระหว่างชนิดพืชภายในสกุลได้ดี

6.3 การเปรียบเทียบวิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในพืชชนิดเดียวกัน

สำหรับการเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไดท์ในพืชชนิดเดียวกันนั้น ในการศึกษานี้ไม่สามารถศึกษาได้ครบทุกชนิดที่ศึกษา เนื่องจากมีตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือแต่ละชนิดไม่ครบ 3 ตัวอย่าง แต่ทั้งนี้ตัวอย่างพืชในการศึกษาที่มีจำนวนตัวอย่าง 3 ตัวอย่าง คือ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. มาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่ง ITS2 โดยใช้โปรแกรม Clustal W พบว่าไม่มีความแตกต่างกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ในพืชชนิดเดียวกัน แสดงดังภาพที่ 17 ซึ่งตำแหน่ง *mat*K และ *rbc*L ก็ให้ผลเช่นเดียวกัน รวมถึง *S. lycopersicum* L. และ *S. melongena* L. ที่นำมาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L ก็พบว่าไม่มีความแตกต่างกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ในพืชชนิดเดียวกันทั้งสามตำแหน่ง

มหาวิทยาลัยศิลปากร

```
                    10        20        30        40        50        60
            ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
S. sanitwongsei 1   GCGTCGCCCCCCGCACGCCGCTCGGCGCCGCGGGGGCGGATACTGGCCTCCCGTGCGCCT
S. sanitwongsei 2   GCGTCGCCCCCCGCACGCCGCTCGGCGCCGCGGGGGCGGATACTGGCCTCCCGTGCGCCT
S. sanitwongsei 3   GCGTCGCCCCCCGCACGCCGCTCGGCGCCGCGGGGGCGGATACTGGCCTCCCGTGCGCCT

                    70        80        90       100       110       120
            ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
S. sanitwongsei 1   CGCGCCCGCGGCCGGCCTAAATGCGAGCCCACGTCGACGGACGTCGCGGCAAGTGGTGGT
S. sanitwongsei 2   CGCGCCCGCGGCCGGCCTAAATGCGAGCCCACGTCGACGGACGTCGCGGCAAGTGGTGGT
S. sanitwongsei 3   CGCGCCCGCGGCCGGCCTAAATGCGAGCCCACGTCGACGGACGTCGCGGCAAGTGGTGGT

                   130       140       150       160       170       180
            ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
S. sanitwongsei 1   TGTAACCCAACTCTCTTGGCGCCGCGGCCACAGCCCGTCGCGCGTGCGCGCTCCACGACC
S. sanitwongsei 2   TGTAACCCAACTCTCTTGGCGCCGCGGCCACAGCCCGTCGCGCGTGCGCGCTCCACGACC
S. sanitwongsei 3   TGTAACCCAACTCTCTTGGCGCCGCGGCCACAGCCCGTCGCGCGTGCGCGCTCCACGACC

                   190       200
            ....|....|....|....|....|
S. sanitwongsei 1   CTGCCGGCGCTGCCGCGCTCCGACC  205
S. sanitwongsei 2   CTGCCGGCGCTGCCGCGCTCCGACC  205
S. sanitwongsei 3   CTGCCGGCGCTGCCGCGCTCCGACC  205
```

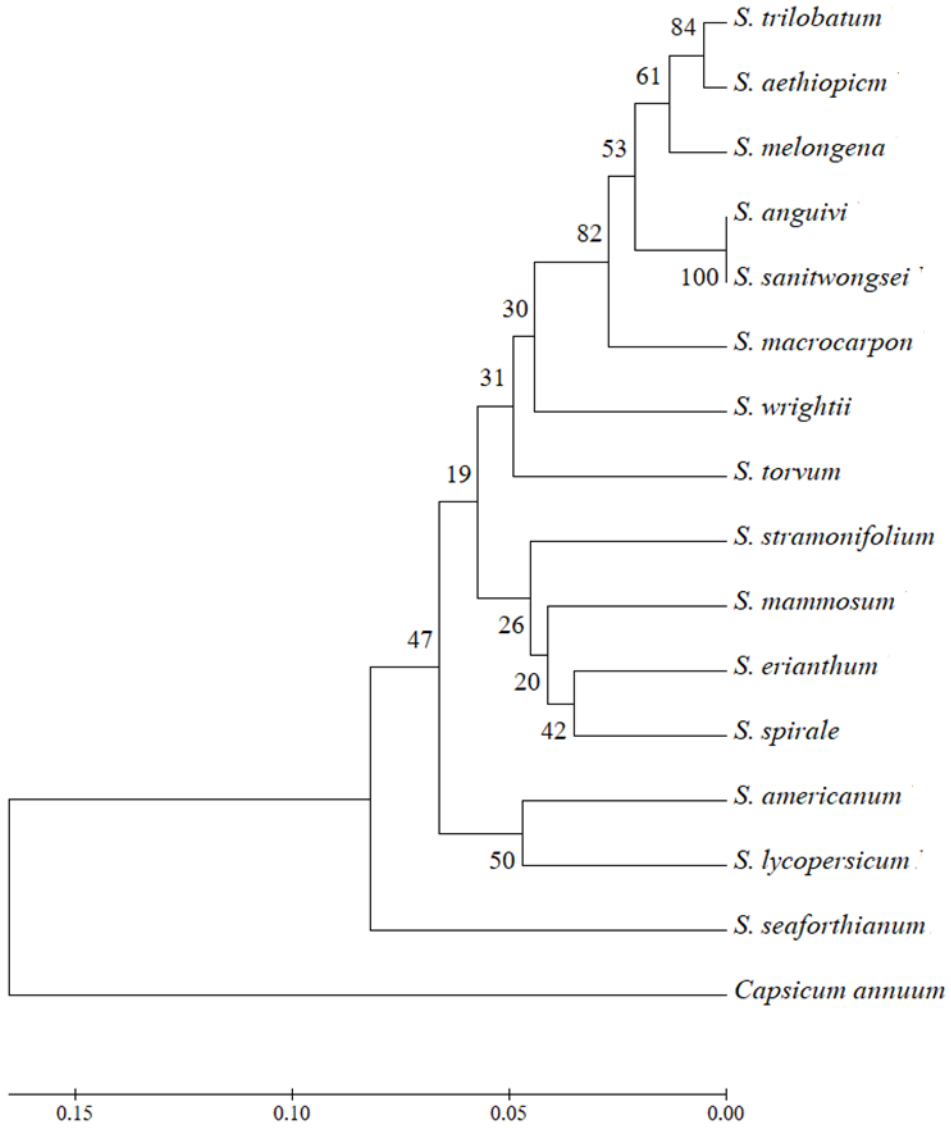
ภาพที่ 17 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 (205 คู่เบส) ของ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. จำนวน 3 ตัวอย่าง โดยใช้โปรแกรม Clustal W

มหาวิทยาลัยศิลปากร

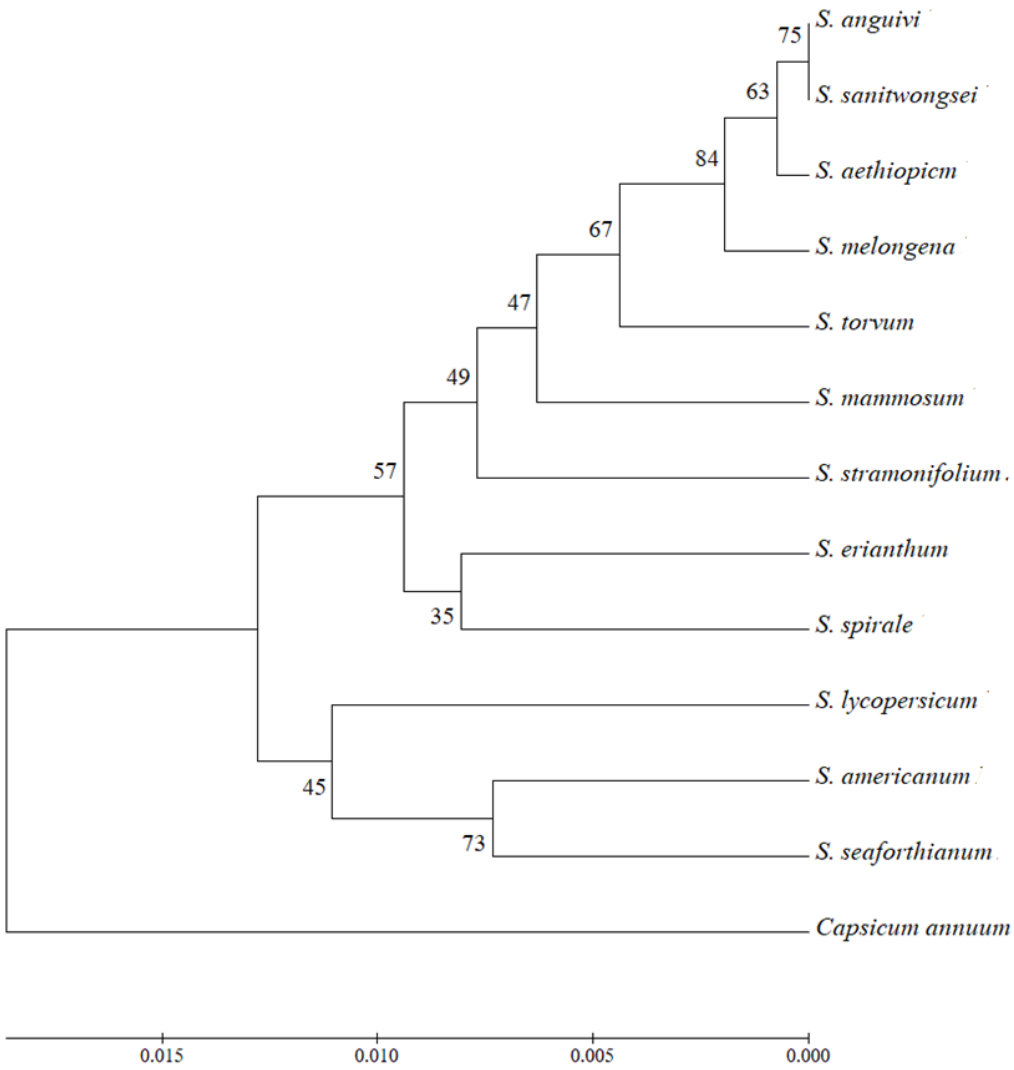
6.4 แผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree)

หลังจากนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอทั้งสามตำแหน่งคือ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ของพืชสกุลมะเขือมาเปรียบเทียบความคล้ายคลึงและความแตกต่างแล้ว นำมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม MEGA เวอร์ชั่น 7 โดยคำนวณอัลกอริทึมด้วยการจัดกลุ่มแบบ maximum likehood (ML) จำนวน 1000 รอบ พบว่าจากการสร้างความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L นั้น ตำแหน่ง ITS2 สามารถแยกชนิดของพืชสกุลมะเขือออกจากกันได้ทั้งหมดคือ *S. americanum* Mill. , *S. erianthum* D. Don., *S. lycopersicum* L., *S. mammosum* L.,*S. melongena* L. *S. seaforthianum* Andrews., *S. spirale* Roxb., *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw., *S. trilobatum* L., *S. wrightii* Benth., *S. aethiopicum* L. และ *S. macrocarpon* L. แต่ไม่สามารถแยก *S. anguivi* Lam. กับ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. ได้ (ภาพที่ 18) ถึงอย่างนั้นตำแหน่ง ITS2 ก็มีความสามารถแยกชนิดของพืชสกุลมะเขือได้ดีกว่าตำแหน่ง *mat*K ที่ไม่สามารถแยก *S. anguivi* Lam. กับ *S. sanitwongsei* W. G. Craib ได้ (ภาพที่ 19) รวมถึงดีกว่าตำแหน่ง *rbc*L ที่ไม่สามารถแยก *S. anguivi* Lam., *S. sanitwongsei* W. G. Craib. และ *S. trilobatum* L. ได้ (ภาพที่ 20) ซึ่งเมื่อดูจากค่า bootstrap พบว่าตำแหน่ง ITS2 มีค่า bootstrap ส่วนใหญ่สูงกว่า ค่า bootstrap ของตำแหน่ง *mat*K และตำแหน่ง *rbc*L รวมถึงเมื่อดูจากระยะห่างระหว่างพืชสกุลมะเขือแต่ละชนิดตำแหน่ง ITS2 มีความยาวที่มากกว่าตำแหน่ง *mat*K และตำแหน่ง *rbc*L

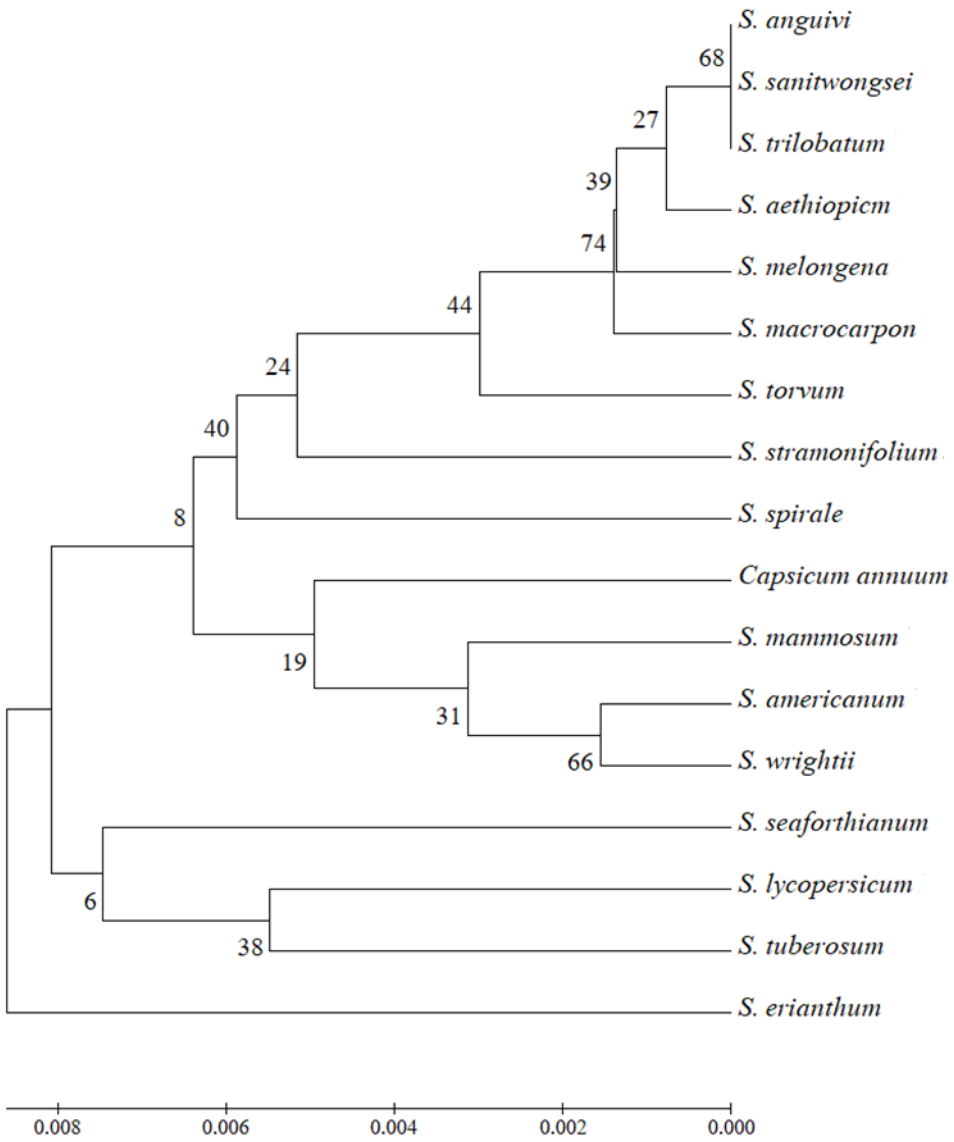
อย่างไรก็ตามจากการสร้างความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L นั้น พบว่าตำแหน่ง ITS2 และ *mat*K สามารถแยกพืชสกุลมะเขือออกจากตัวแทนของพืชสกุลพริก (*Capsicum annuum* L.) ที่ใช้เป็น out group ซึ่งอยู่ในวงศ์มะเขือ (Solanaceae) เหมือนกันได้ แต่ตำแหน่ง *rbc*L ไม่สามารถแยกพืชสกุลมะเขือออกจากตัวแทนของพืชสกุลพริก (*Capsicum annuum* L.) ที่ใช้เป็น out group ได้



ภาพที่ 18 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 โดยมี *Capsicum annuum* L. เป็น out group



ภาพที่ 19 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K โดยมี *Capsicum annuum* L. เป็น out group



ภาพที่ 20 ภาพแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L โดยมี *Capsicum annuum* L. เป็น out group

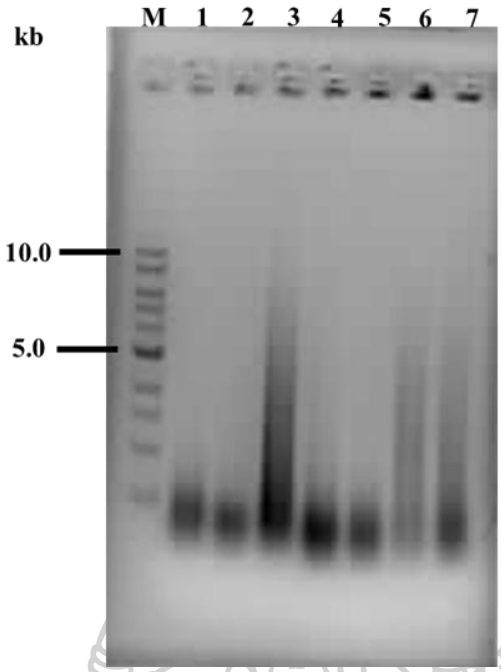
7. การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์ตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรในสกุลมะเขือ ที่พบในท้องตลาด

จากการศึกษาข้างต้นสามารถจัดเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L ของ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. และ *S. trilobatum* L.ได้ครบสมบูรณ์และเป็นพืชสมุนไพรในสกุลมะเขือที่พบในท้องตลาด (ร้านขายยา) มาเป็นตัวอย่างเพื่อใช้ทดสอบการพิสูจน์เอกลักษณ์ โดยเลือกใช้ในรูปแบบใบแห้ง จำนวน 7 ตัวอย่าง ดังแสดงในตารางที่ 4 ในบทที่ 3 ข้อ 3.2.13.1

7.1 จีโนมิกดีเอ็นเอจากตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือ

เมื่อทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสกุลมะเขือทั้ง 7 ตัวอย่าง พบว่าสามารถสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้ทุกตัวอย่าง ดังภาพที่ 21 โดยมีความเข้มข้นของดีเอ็นเอ 300-1,000 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร

มหาวิทยาลัยศิลปากร



ภาพที่ 21 ผลการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของผลิตภัณฑ์สกุลมะเขือ บนเจลอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 0.8 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb DNA Ladder(เลน M) โดยจีโนมิกดีเอ็นเอของผลิตภัณฑ์สกุลมะเขือ 7 ตัวอย่างคือ คือเลน 1, 3, 4, 5, 6) *S.* trilobatum *L.* เลน 2, 7) *S. sanitwongsei* W. G. Craib.

7.2 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสเพื่อใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์ของตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือ

เมื่อจีโนมิกดีเอ็นเอของตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือทั้ง 7 ตัวอย่าง มาเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอบริเวณ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ด้วยไพรเมอร์จำเพาะ พบว่าตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือที่นำมาสกัด แล้วได้จีโนมิกดีเอ็นเอที่มีคุณภาพไม่ดี มีการแตกหักของจีโนมิกดีเอ็นเอ ทำให้ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดสั้นๆ เมื่อนำมาตรวจสอบด้วยการวิธีอีเล็กโตรโฟรีซีสบนเจลอะกาโรสร้อยละ 0.8 เทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 Kb DNA Ladder จะพบว่าจีโนมิกดีเอ็นเอมีขนาดต่ำกว่า 1 กิโลเบส ทำให้ไม่สามารถเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอได้ทั้งบริเวณ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ดังนั้นจึงไม่สามารถเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือกับฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่สร้างขึ้นได้

บทที่ 5

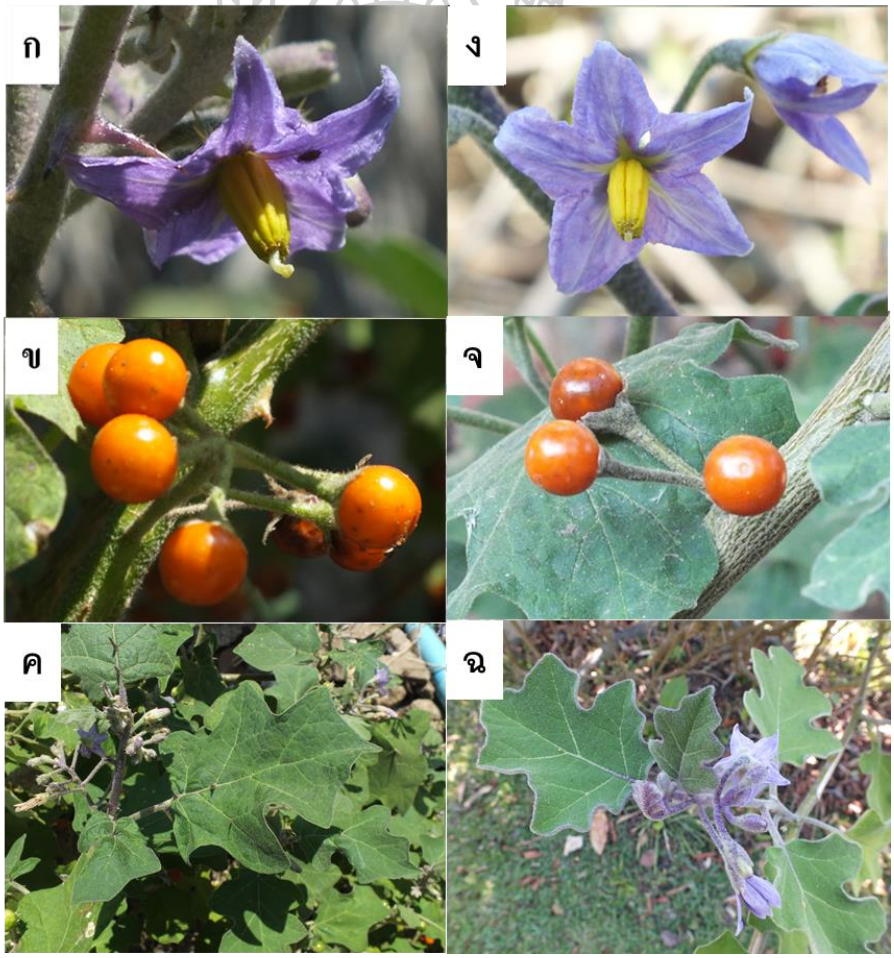
สรุป อภิปราย และข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาพืชในสกุลมะเขือพบว่ามีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ใกล้เคียงกันมาก ทำให้ยากต่อการจัดจำแนกความแตกต่างของแต่ละชนิด เช่น *S. anguivi* Lam. และ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. มีลักษณะใกล้เคียงกันมากทั้งดอกและผล (ภาพที่ 22) จนในบางตำรามีการรวมพืชทั้งสองชนิดนี้เป็นชนิดเดียวกัน ดังนั้นเพื่อให้ง่าย รวดเร็วและแม่นยำ ในงานวิจัยนี้จึงทำการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชในสกุลมะเขือเพื่อนำมาใช้ช่วยในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชในสกุลมะเขือโดยเฉพาะในกรณีที่ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพืชในสกุลมะเขือไม่สมบูรณ์ โดยทำการศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ด 3 ตำแหน่ง ได้แก่ internal transcribed spacer 2 (ITS2), ยีน Maturase K encoding gene (*matK*) และยีน RuBisCO large subunit encoding gene (*rbc*L) เพื่อใช้ในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

1. การสำรวจและเก็บตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย

จากการศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย พบว่าในปี พ.ศ. 2544 มีรายงานจำนวนชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยทั้งหมด 19 ชนิด (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2544) และต่อมามีการปรับปรุงแก้ไขชื่อชนิดและจำนวนของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยเป็น 22 ชนิด (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557) ซึ่งในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยสามารถเก็บตัวอย่างได้ทั้งหมด 16 ชนิด โดย 14 ชนิด พบในรายชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทยปี พ.ศ. 2557 และอีก 2 ชนิด ไม่พบในรายชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทยปี พ.ศ. 2557 (แสดงในตารางที่ 5) โดย 2 ชนิดที่ไม่พบในรายชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทยปี พ.ศ. 2557 ได้ตรวจสอบความถูกต้องของลักษณะทางสัณฐานวิทยาและรายชื่อจาก Flora of China Volume 17 (Zhang, Z., Lu and D'Arcy, 1994) ส่วนอีก 8 ชนิด ที่มีในรายชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทยปี พ.ศ. 2557 และไม่สามารถเก็บตัวอย่างได้ เนื่องจากช่วงที่ทำการสำรวจและเก็บตัวอย่างยังไม่มีการรวบรวมจำนวนชนิดและลักษณะพรรณไม้ของพืชสกุลมะเขือที่ชัดเจน

ในประเทศไทย มีเพียงรายชื่อพรรณไม้จากสำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช ทำให้การเก็บพรรณไม้เป็นไปได้ยาก เช่น เตาปูยู้ (*S. cyanocarphium* Blume), มะแว้งเขา (*S. putii* Barnett), มะเขือญี่ปุ่น (*S. wendlandii* Hook. f.) เป็นต้น ที่บางชนิดเคยมีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงแต่ระบุสถานที่ไม่ชัดเจน หรือสถานที่มีการเปลี่ยนแปลงทางภูมิประเทศไปทำให้พรรณไม้สูญหายไปจากพื้นที่ที่เคยระบุ หรือมีรายงานการเก็บพรรณไม้แค่ตัวอย่างเดียว นอกจากนี้พืชในสกุลมะเขือเป็นพืชที่มีการออกดอกและติดผลในแต่ละรอบช่วงเดือนตุลาคมและธันวาคมของทุกปี หากพบในช่วงเวลาอื่นก็จะไม่พบดอกและผลทำให้ไม่สามารถระบุชนิดของพืชได้ นี้จึงเป็นข้อจำกัดในการเก็บรวบรวมพรรณไม้เพื่อนำมาใช้ในงานวิจัยนี้



ภาพที่ 22 การเปรียบเทียบพืชในสกุลมะเขือที่ลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกันมาก ก. ดอก ข. ผล ค. ใบ ของ *S. anguivi* Lam. และ ง. ดอก จ. ผล ฉ. ใบ ของ *S. sanitwongsei* W. G. Craib.

2. การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอและการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส

ในการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากพืชนั้นสามารถได้จากทุกส่วนของพืช (ราก ลำต้น ใบ ดอกและผล) โดยส่วนที่นิยมใช้และมีรายงานการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากพืชส่วนใหญ่ คือ ส่วนของใบ (Murray and Thompson, 1980) เนื่องจากใบสามารถพบได้ทุกช่วงฤดูกาล มีจำนวนมาก ง่ายและสะดวกต่อการเก็บตัวอย่าง นอกจากนี้ส่วนของใบยังมีดีเอ็นเอจากทั้งนิวเคลียส คลอโรพลาสต์และไมโตคอนเดรีย ทำให้สามารถศึกษาดีเอ็นเอในทุกส่วนได้ แต่ประสิทธิภาพในการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากส่วนของใบพืชก็ขึ้นอยู่กับอายุของใบ โดยพบว่าใบอ่อนประมาณใบที่ 2 ถึงใบที่ 4 จากยอดนั้นมีความเหมาะสมที่สุด เนื่องจากเป็นส่วนที่มีเนื้อเยื่อเจริญมาก มีดีเอ็นเอปริมาณมาก นอกจากนี้ลักษณะของใบทั้งมีขน ไม่มีขน มียาง อวบน้ำ ความหนาของใบ รวมทั้งองค์ประกอบทางเคมีต่างๆที่อยู่ภายในใบพืช (Jobes et al., 1995) ก็มีผลต่อประสิทธิภาพในการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอด้วย

ในงานวิจัยนี้เมื่อทำการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอจากตัวอย่างพืชในสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยทั้ง 16 ชนิด ผู้วิจัยสามารถสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้จากพืชในสกุลมะเขือทั้ง 16 ชนิด คิดเป็นความสำเร็จในการสกัดร้อยละ 100 โดยจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชสกุลมะเขือที่ได้มีความเข้มข้นอยู่ในช่วง 17-1200 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร ทั้งนี้เนื่องจากใบของพืชมีลักษณะที่แตกต่างกัน โดยพบว่าตัวอย่างพืชที่ใบมีขนหรือหนามขึ้นปกคลุมอยู่ทั่วทั้งใบ เช่น *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw. และ*S. mammosum* L. จะทำให้การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอเป็นไปได้ยากและมีปริมาณจีโนมิกดีเอ็นเอน้อยกว่าตัวอย่างใบพืชที่ไม่มีขนหรือหนามขึ้นปกคลุมอยู่ทั่วทั้งใบ เช่น *S. americanum* Mill., *S. erianthum* D. Don. และ *S. lycopersicum* L. เป็นต้น เพื่อให้ได้ปริมาณจีโนมิกดีเอ็นเอเพิ่มขึ้นสำหรับใบพืชที่มีหนามหรือขนขึ้นปกคลุมอยู่นั้นจะทำการเด็ดหนามหรือขูดขนที่ปกคลุมอยู่ออกให้ได้มากที่สุดก่อนนำไปสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ นอกจากนี้ระยะเวลาในการเก็บตัวอย่างแล้วนำมาสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชตัวอย่างในสกุลมะเขือก็มีผลต่อการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ เนื่องจากถ้าเก็บตัวอย่างมาแล้วเก็บไว้เป็นเวลานาน ใบพืชจะเหี่ยวแล้วย่อยสลายทำให้สกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้ปริมาณน้อย ดังนั้นหลังจากเก็บตัวอย่างพืชแล้วควรนำมาสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอทันทีหรือใช้ระยะเวลาให้น้อยที่สุด แต่หากไม่สามารถนำใบพืชมาสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้ในระยะเวลาอันสั้น ควรเก็บใบพืชไว้ในอุณหภูมิต่ำประมาณ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรักษาสภาพใบพืชให้อยู่ได้เป็นเวลานานขึ้น

การศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชนิยมใช้ดีเอ็นเอจาก 2 ส่วน คือ 1. ดีเอ็นเอในนิวเคลียส ได้แก่ ITS และ ITS2 2. ดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์ ได้แก่ *psb*A-*trn*H, *mat*K, *rbc*L, *trn*L-*trn*F เป็นต้น ในงานวิจัยนี้เลือกศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ด 3 ตำแหน่ง คือ ดีเอ็นเอในนิวเคลียส ได้แก่ ITS2 และดีเอ็นในคลอดรพลาสต์ ได้แก่ *mat*K และ *rbc*L เนื่องจากทางกลุ่มนักวิจัยของประเทศจีนได้เสนอให้บริเวณ ITS2 เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาตรฐานสากล (วุฒิพงศ์ มหาคำ, 2554) ส่วน CBOL Plant Working Group ได้เสนอให้ยีน *mat*K และ *rbc*L เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานที่เหมาะสมที่สุดสำหรับใช้สร้างดีเอ็นเอบาร์โค้ดในพืช (CBOL Plant Working et al., 2009) ทำให้งานวิจัยนี้จึงเลือกใช้ดีเอ็นเอทั้งสามตำแหน่งในการศึกษาพืชในสกุลมะเขือครั้งนี้

จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสทั้งสามตำแหน่ง พบว่าการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 500 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 100 ซึ่งมีค่าความสำเร็จสูงเช่นเดียวกับ วงศ์ Fabaceae (Gao et al., 2010) วงศ์ Araliaceae (Liu et al., 2012) สกุล Lycium (Xin et al., 2013) ส่วนดีเอ็นเอตำแหน่ง *mat*K ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 850 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 87.5 ซึ่งมีค่าความสำเร็จใกล้เคียงกับวงศ์ Myristicaceae (Tallei and Kolondam, 2015) และส่วนดีเอ็นเอตำแหน่ง *rbc*L ได้ขนาดดีเอ็นเอประมาณ 750 คู่เบส มีค่าความสำเร็จร้อยละ 100 ซึ่งมีค่าความสำเร็จใกล้เคียงกับวงศ์ Dilleniaceae (Thooptianrat et al., 2017)

3. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์มาทำการวิเคราะห์ พบว่าสามารถอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอพืชสกุลมะเขือตำแหน่ง ITS2 ได้ 15 ต้น, ตำแหน่ง *mat*K ได้ 12 ต้น และตำแหน่ง *rbc*L ได้ 16 ต้น มีค่าความสำเร็จร้อยละ 93.8, 75.0 และ 100 ตามลำดับ (ตารางที่ 6) และจากตารางที่ 6 จะพบว่ามีพืชบางชนิดในสกุลมะเขือที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสได้ แต่ไม่สามารถอ่านลำดับนิวคลีโอไทด์ได้ เช่น ตำแหน่ง ITS2 ของ *S. tuberosum* L. ตำแหน่ง *mat*K ของ *S. trilobatum* L. และ *S. wrightii* Benth. ซึ่งอาจมีสาเหตุมาจากมีการปนเปื้อนของจีโนมิกดีเอ็นเอทำให้ผลผลิตจากการปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสมีความไม่บริสุทธิ์ หรือไพรเมอร์ที่ใช้มีความไม่จำเพาะกับจีโนมิกดีเอ็นเอของพืชชนิดดังกล่าว ทำให้ผลผลิตปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสที่มีมากกว่าหนึ่งชนิด เมื่ออ่านลำดับนิวคลีโอไทด์แล้วได้โครมาโตแกรมที่ซ้อนกันจนไม่สามารถอ่านค่าได้

ในงานวิจัยนี้ได้ศึกษาเพื่อหาตำแหน่งดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่สามารถใช้ในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้ จึงใช้ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างชนิดที่มากที่สุดในการหาตำแหน่งดีเอ็นเอบาร์โค้ดดังกล่าว การวิเคราะห์จึงต้องเลือกดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่งที่สามารถแสดงความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของพืชต่างชนิดกันสูงสุด ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงใช้การคำนวณหาค่า Kimura 2-Parameter model(K2P) distance ซึ่งคำนวณจากจำนวนนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างเทียบกับจำนวนนิวคลีโอไทด์ทั้งหมด โดยค่า K2P distance จะมีค่า $0 < K2P \leq 1$ (ค่า K2P distance ที่มากที่สุดจะเหมาะสมในการใช้ระบุชนิดเนื่องจากมีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์สูง) การศึกษาจึงเลือกพืชที่อยู่ในสกุลมะเขือ 12 ชนิด ได้แก่ ได้แก่ *S. americanum* Mill. , *S. anguivi* Lam.,*S. erianthum* D. Don., *S. lycopersicum* L., *S. mammosum* L., *S. melongena* L., *S. sanitwongsei* W. G. Craib., *S. seaforthianum* Andrews., *S. spirale* Roxb., *S. stramoniifolium* Jacq., *S. torvum* Sw. และ *S. aethiopicum* L. ซึ่งมีข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ครบทั้งสามตำแหน่งในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L มาทำการวิเคราะห์ พบว่ามีค่าเฉลี่ยของ K2P distance ในตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L เท่ากับ 0.124, 0.019 และ 0.011 ตามลำดับ ซึ่งจากค่าเฉลี่ยของค่า K2P distance ของพืชทั้ง 12 ชนิด จะเห็นว่าตำแหน่ง ITS2 มีค่าเฉลี่ยสูงที่สุด แสดงว่าดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 เป็นบริเวณที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์มากที่สุดและเหมาะสมในการใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือ และจากการเปรียบเทียบความเหมือนและความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอทั้งสามตำแหน่งคือ ITS2, *mat*K และ *rbc*L ของพืชสกุลมะเขือแล้วนำมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree) พบว่าตำแหน่ง ITS2 สามารถแยกชนิดของพืชสกุลมะเขือออกจากกันได้ทั้งหมด ถึงแม้ว่าจะไม่สามารถแยก *S. anguivi* Lam. กับ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. ได้ แต่ตำแหน่ง ITS2 ก็มีความสามารถแยกชนิดของพืชสกุลมะเขือในระดับชนิดได้ดีกว่าตำแหน่ง *mat*K และตำแหน่ง *rbc*L อย่างไรก็ตามจากการสร้างความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลมะเขือที่ได้จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L นั้น พบว่าตำแหน่ง ITS2 และ *mat*K สามารถแยกพืชในวงศ์มะเขือในระดับสกุลได้ ส่วน *rbc*L ไม่สามารถแยกพืชในวงศ์มะเขือในระดับสกุลได้ ซึ่งสนับสนุนงานวิจัยก่อนหน้าที่ศึกษาดีเอ็นบาร์โค้ดของพืชวงศ์ Fabaceae จำนวน 1,126 ชนิด 196 สกุล ที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดในตำแหน่ง ITS2 แล้วสามารถแยกความแตกต่างถึงร้อยละ 80 ในระดับชนิด และร้อยละ 100 ในระดับสกุล (Gao et al., 2010) รวมถึงพืชสกุล Artemisia ในวงศ์ Asteraceae จำนวน 343 ชนิด ที่ศึกษาดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่ง ITS2 แล้วสามารถใช้แยกและระบุ

ชนิดของพืชได้ดีกว่าตำแหน่ง ITS (Wang et al., 2016) นอกจากนี้ในการศึกษาพืชสมุนไพรจำนวน 6,600 ตัวอย่าง 4,800 ชนิด 753 สกุล พบว่า ITS2 สามารถแยกความแตกต่างแล้วใช้ระบุชนิดของพืชสมุนไพรได้ในระดับชนิดถึงร้อยละ 92.7 จึงเสนอให้ ITS2 เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสมุนไพร (Chen, S. et al., 2010) รวมถึงมีการศึกษาพืชในสกุลมะเขือจำนวน 162 ชนิด 248 ตัวอย่าง พบว่า ITS2 ประสบความสำเร็จในการระบุชนิดพืชถึงร้อยละ 83.9 (Yao et al., 2010)

อย่างไรก็ตามค่าเฉลี่ยของ K2P distance ของ ITS2 จะมากที่สุดแต่เมื่อดูจากข้อมูลจะพบว่าค่า K2P distance ของ *S. anguivi* Lam. กับ *S. sanitwongsei* W. G. Craib. เท่ากับ 0.000 รวมถึงค่า K2P distance ในตำแหน่ง *mat*K และ *rbc*L ก็มีค่าเท่ากับ 0.000 แสดงว่าไม่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งทั้งสามของพืชทั้งสองชนิดนี้ ซึ่งสอดคล้องกับแผนภูมิความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (Phylogenetic tree) ของตำแหน่ง ITS2 ที่ไม่สามารถแยก S. *anguivi* Lam. กับ*S. sanitwongsei* W. G. Craib. ได้ โดยมีค่า bootstrap เท่ากับ 100 แสดงให้เห็นว่า *S. anguivi* Lam. กับ*S. sanitwongsei* W. G. Craib. คือพืชชนิดเดียวกัน ซึ่งอาจจะมีความเป็นไปได้ด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพืชทั้งสองชนิดมีความคล้ายคลึงกัน แตกต่างกันที่ *S. anguivi* Lam. จะมีหนามในทุกส่วนของพืชและผลมีลวดลาย ส่วน *S. sanitwongsei* W. G. Craib. ไม่มีหนาม ผลพบลักษณะทั้งมีลวดลาย ตาข่ายและไม่มีลวดลายตาข่าย ซึ่งถ้าสังเกตเพียงดอกหรือผลก็จะเป็นการยากที่จะแยกพืชทั้งสองชนิดออกจากกัน นอกจากนี้มักพบความสับสนเรื่องชื่อในเอกสารต่างๆ เช่น เอกสารทางวิชาการ หนังสือสมุนไพร และพบว่าในฐานข้อมูลทางอนุกรมวิธานพืช Encyclopedia of Life (Encyclopedia of Life, 2018) มีการระบุไว้ว่าเป็นพืชชนิดเดียวกัน

จากข้อมูลทั้งหมดจะได้ว่าดีเอ็นเอตำแหน่ง ITS2 เพียงตำแหน่งเดียวสามารถใช้ในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้ เนื่องจากสามารถเพิ่มจำนวนได้ง่ายและมีความผันแปรระหว่างชนิดสูง โดยกลุ่มนักวิจัยของประเทศจีนจึงได้เสนอให้บริเวณ ITS2 เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดมาตรฐานสากล (วุฒิพงศ์ มหาคำ, 2554) แต่เพื่อความถูกต้องและแม่นยำในการระบุชนิดควรจะใช้ตำแหน่งดีเอ็นเอที่มากกว่าหนึ่งตำแหน่งร่วมกัน ซึ่งกลุ่ม CBOP Plant Working Group ได้รวบรวมข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่งต่างๆไว้ในฐานข้อมูลออนไลน์ และพบว่าจำนวนตำแหน่งดีเอ็นเอหลายตำแหน่งร่วมกัน จะเพิ่มความสามารถในการระบุชนิดพืชให้สูงขึ้นด้วย

4. การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพรและผลิตภัณฑ์จากพืชสมุนไพร

ในปัจจุบันมีความนิยมนำพืชสมุนไพรมาใช้รักษาโรคและเสริมสร้างสุขภาพ ทำให้มีผลิตภัณฑ์จากพืชสมุนไพรออกมาจำหน่ายตามท้องตลาดจำนวนมาก ซึ่งพืชสมุนไพรบางชนิดยังมีลักษณะที่คล้ายกันหรือบางผลิตภัณฑ์มีการแปรรูปจนไม่สามารถระบุชนิดของสมุนไพรที่นำมาใช้ได้ ฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดจึงเป็นทางเลือกหนึ่งที่สามารถใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์พืชสมุนไพรและผลิตภัณฑ์จากพืชสมุนไพร อย่างต้นรางจืดที่ตามท้องตลาดมีการแปรรูปเป็นผลิตภัณฑ์รูปแบบผง ก็สามารถนำฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่ง ITS2 และ *psb*A-*trn*H มาใช้ในการพิสูจน์เอกลักษณ์ของต้นรางจืดได้ (ปิยาภรณ์ วงศ์อักษร, 2558) นอกจากนี้ยังมีการนำฐานข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชมาใช้ในการเปรียบเทียบกับหลักฐานจากเหตุอาชญากรรม เพื่อให้สามารถแก้ปัญหาเหตุอาชญากรรมได้ (Park et al., 2017)

สรุปผลที่ได้จากการวิจัย

1. สามารถเก็บรวบรวมตัวอย่าง ระบุชนิด พืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้จำนวน 16 ชนิด และจัดทำพรรณไม้อ้างอิงพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้จำนวน 16 ชนิด

2. สามารถจัดทำดีเอ็นเอบาร์โค้ดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทย จำนวน 3 ตำแหน่ง คือ Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2), Maturase K encoding gene (*mat*K) และ RuBisCO large subunit encoding gene (*rbc*L) และจัดเก็บไว้ในฐานข้อมูล GenBank

3. จากผลการศึกษาพบว่าดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่ง ITS2 เพียงตำแหน่งเดียวสามารถใช้ในการระบุชนิดของพืชสกุลมะเขือที่พบในประเทศไทยได้ แต่เพื่อเพิ่มความถูกต้องและแม่นยำในการระบุชนิดพืชควรใช้ตำแหน่งดีเอ็นเอที่มากกว่าหนึ่งตำแหน่งร่วมกัน

ข้อเสนอแนะ

1. การเก็บตัวอย่างพืชและการพิสูจน์เอกลักษณ์พืช ต้องศึกษาวิธีการเก็บพรรณไม้อ้างอิงให้ครบถ้วนเพื่อความสมบูรณ์ของพรรณไม้ที่เก็บ และระบุชนิดของพืชให้ถูกต้องโดยใช้ฐานข้อมูลต่างๆ หรือสอบถามผู้เชี่ยวชาญที่มีความน่าเชื่อถือ

2. การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ ตัวอย่างพืชที่ใช้ในการสกัดดีเอ็นเอควรมีความสด เพื่อคุณภาพที่ดีของจีโนมิกดีเอ็นเอ แต่หากตัวอย่างมีหนามหรือขนจำนวนมากควรกำจัดหนามหรือขนออกให้ได้มากที่สุดและเพิ่มปริมาณตัวอย่างในการสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอ หรือหากเก็บตัวอย่างพืชแล้วยังไม่สามารถสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอได้ในระยะเวลาอันสั้น ควรเก็บตัวอย่างพืชที่ได้ไว้ในอุณหภูมิประมาณ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรักษาสภาพความสดของตัวอย่างพืช

3. การทำฐานข้อมูลของดีเอ็นเอบาร์โค้ดในพืช ควรเก็บตัวอย่างพืชให้มากกว่า 3 ตัวอย่างในแต่ละชนิดพืช และควรเก็บจากหลายภูมิภาคเพื่อความแม่นยำของฐานข้อมูลที่ได้

4. การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของตัวอย่างผลิตภัณฑ์พืชสมุนไพรสกุลมะเขือ ต้องศึกษาวิธีการสกัดวิธีอื่นๆ ให้หลากหลายเพื่อให้ได้จีโนมิกดีเอ็นเอที่มีคุณภาพมากพอที่จะนำไปเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในบริเวณที่ศึกษา

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ภาคผนวก

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ภาคผนวก ก : **สัณฐานวิทยาของพืชสกุลมะเขือ (*Solanum* L.) ในงานวิจัยนี้ จำนวน 16 ชนิด**

ชนิดที่ 1

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum americanum* Mill. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP018

ชื่อท้องถิ่น : มะแว้งนก

ชื่ออื่น : ข่าอม (ประจวบคีรีขันธ์), ทุมขัน (นครราชสีมา), ประจาม (สงขลา), แว้งนก (สุราษฎร์ธานี),หญ้าต้มตอก (เชียงใหม่), ออเตียมกุย, โอเตียมกุย (จีน-กรุงเทพฯ) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.2-0.6 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านเมื่อยังอ่อนเป็นเหลี่ยม 4 มุม พบขนหลายเซลล์ประปราย

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 0.4-1 เซนติเมตร พบขนประปราย แผ่นใบกว้าง 1.6-4 เซนติเมตร ยาว 2.5-9 เซนติเมตร รูปรีแคบหรือรูปไข่ โคนใบเอียง หรือรูปลิ่ม ขอบใบหยักเป็นซี่ฟันเล็กน้อย หรือหยักมน หรือเรียบ ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างพบขนหลายเซลล์ประปราย

ดอกช่อเชิงหลั่น ดอกย่อยมีก้านยาวไม่เท่ากันเรียงสลับบนแกนกลาง ดอกย่อยด้านนอกช่อมีก้านยาวมากที่สุด ดอกย่อยถัดไปในช่อมีก้านสั้นลดหลั่นจนถึงกลางช่อ ช่อดอกยาว 2.4-4 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 1.4-2 เซนติเมตร พบขนประปราย ดอกย่อยสีขาว ประกอบด้วย ก้านดอกย่อยยาว 0.4-0.5 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.1 เซนติเมตร รูปหอก พบขนประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.2 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียวอ่อน ผิวเป็นมัน ผลแก่สีม่วงดำ หรือสีดำ เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.4-0.8 เซนติเมตร ก้านผลยาว 0.5-0.7 เซนติเมตร เมล็ดค่อนข้างกลม มีขนาดประมาณ 0.1 เซนติเมตร

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอเมืองลำปาง จังหวัดลำปาง 18° 17’ 45” N 99° 30’ 49” E

สูง 236 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ : ใบอ่อนใช้ปรุงอาหารใส่แกงป่า แกงแค หรือต้มรับประทาน (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 23 ต้นมะแว้งนก (*Solanum americanum* Mill.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ช่อดอก ง. ผลแก่

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 2

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum anguivi* Lam. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP004

ชื่อท้องถิ่น : มะแว้ง

ชื่ออื่น : มะแคว้ง, มะแคว้งขม, มะแคว้งดำ (เหนือ), แว้งขม (สุราษฎร์ธานี, สงขลา), สะกั้งแค, หมากแฮ้งคง (แม่ฮ่องสอน) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มขนาดเล็ก อายุ 2-5 ปี สูงประมาณ 1 เมตร ลำต้นมีขนาดเล็ก กลม เนื้อแข็ง สีเขียวอมเทา แตกกิ่งก้านมาก ทั้งต้นมีขนนุ่มสีเทาปกคลุม และมีหนามแหลม ขึ้นกระจายอยู่ทั่วต้น เปลือกต้นเรียบสีน้ำตาล

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ใบรูปรี ขอบใบหยักเว้ามน มีคลื่นเล็กน้อย ก้านใบยาว มีหนาม ใบแผ่กว้าง ใบยาว 5-10 เซนติเมตร กว้าง 4-6 เซนติเมตร ปลายใบแหลมเล็กน้อย โคนใบมน ขอบใบเว้าเข้าหาเส้นกลางใบ ก้านใบ หลังใบ และท้องใบมีขนสั้น ๆ ปกคลุม โดยท้องใบจะมีขนหนาแน่นกว่าหลังใบ และมีหนามสั้น

ดอกออกเป็นกระจุกที่ง่ามใบหรือปลายกิ่ง มี 3-6 ดอก ดอกสีม่วงอ่อน กว้างประมาณ 2 เซนติเมตร ใจกลางดอกมีเกสรตัวผู้สีเหลือง 5 เกสร เชื่อมติดกันกับโคนกลีบดอก ปลายกลีบดอกแยกออกเป็น 5 แฉก คล้ายรูปดาว ปลายแหลม ก้านดอกมีหนามเป็นตุ่มเล็ก ๆ ยาว 5 มิลลิเมตร กลีบเลี้ยงเชื่อมติดกัน ปลายแยกเป็น 5 แฉก แหลม ด้านนอกมีขน ผลรูปกลม ผิวเรียบเกลี้ยงมัน

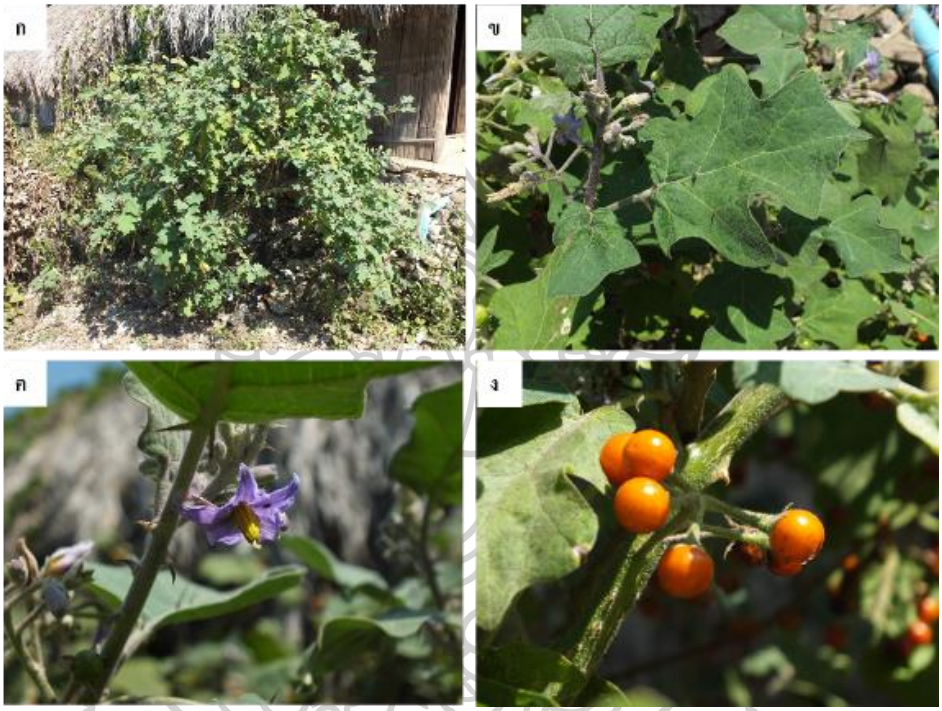
ผลอ่อนสีเขียวหรือขาว ไม่มีลาย ผลสุกมีสีแดงส้มหรือสีเหลืองอมส้ม เส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 1 เซนติเมตร มีขนาดเท่ากับมะแว้งเครือ แต่มีสีเขียวมากกว่า และรสขมจัดกว่า ภายในผลมีเมล็ด รูปกลมแบน สีน้ำตาลอ่อน ขนาดเล็ก จำนวนมาก

สถานที่พบในงานวิจัย : หมู่บ้านชาวเขาเผ่าม้งดอยปุย จังหวัดเชียงใหม่

การนำไปใช้ประโยชน์ :

มะแว้งต้นเป็นส่วนผสมหลักของตำรับยาประสะมะแว้ง ซึ่งองค์การเภสัชกรรมผลิตขึ้นตามตำรับยาสามัญประจำบ้านแผนโบราณ

ผลอ่อนใช้รับประทานเป็นผักสดได้ โดยอาจนำไปลวกหรือเผาจิ้มกับน้ำพริก (ฐานข้อมูลสมุนไพร คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 2553)



ภาพที่ 24 ต้นมะแว้ง (*Solanum anguivi* Lam.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ช่อดอก ง. ผลแก่

ชนิดที่ 3

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum erianthum* D. Don. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP017

ชื่อท้องถิ่น : ดับยาง

ชื่ออื่น : ขากะอ้าย, ขาตาย, หูควาย (คาบสมุทรมลายู), ฉับแป้ง (Sukhothai, Uttaradit), ฝ่าแป้ง (เหนือ), มะเขือดง (ขอนแก่น), มั่งพะไป, ลิ้มเม่อเจ้อ (กะเหรี่ยง-แม่ฮ่องสอน), สะแป้ง (สิงห์บุรี), ส่างโมง (เลย) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.8-4 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านเมื่อยังอ่อนพบขนรูปดาวหนาแน่น

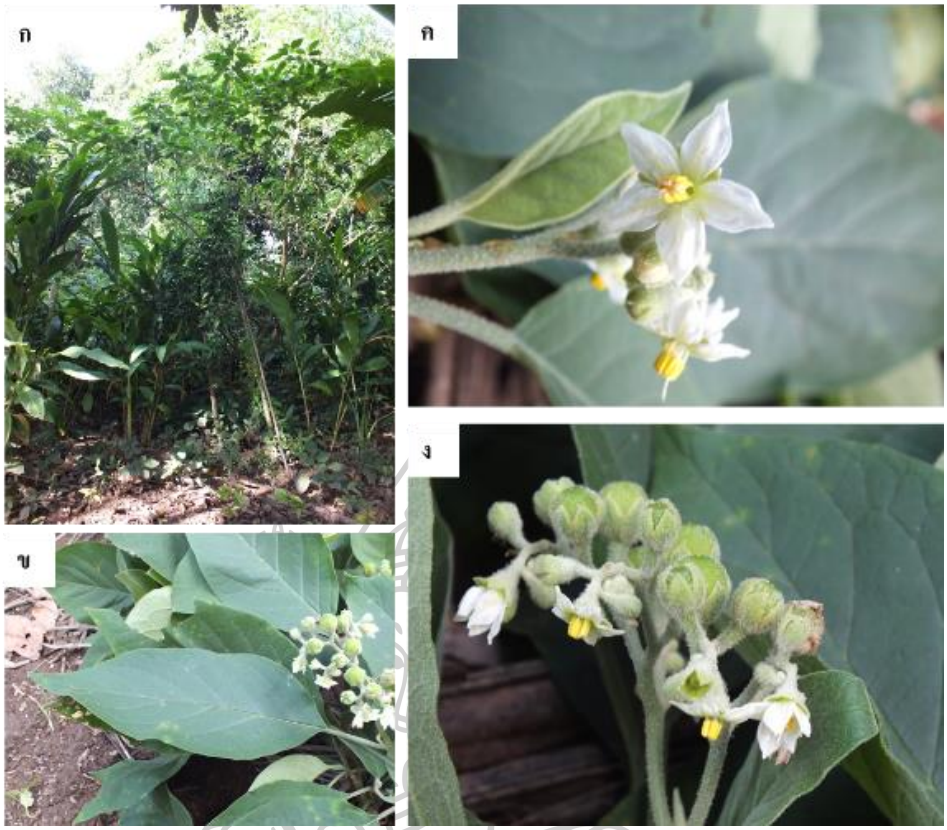
ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 1-7 เซนติเมตร พบขนรูปดาวหนาแน่น แผ่นใบกว้าง 3.5-10 เซนติเมตร ยาว 6-24 เซนติเมตร รูปหอกแกมรี โคนใบเอียง หรือมน ขอบใบเรียบ ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างพบขนรูปดาวหนาแน่น

ดอกช่อเชิงหลั่น ดอกย่อยมีก้านยาวไม่เท่ากันเรียงสลับบนแกนกลาง ดอกย่อยด้านนอกช่อมีก้านยาวมากที่สุด ดอกย่อยถัดไปในช่อมีก้านสั้นลดหลั่นจนถึงกลางช่อ ช่อดอกยาว 2.4-4 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 2-.10 เซนติเมตร มีลักษณะแตกแขนงเป็นสองแฉก 2 ครั้ง พบขนรูปดาวหนาแน่น ดอกย่อยสีขาว ประกอบด้วย ก้านดอกย่อยยาว 0.7-0.8 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.1 เซนติเมตร รูปหอก พบขนรูปดาวหนาแน่น วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.3 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียวอ่อน ผิวเป็นมัน ผลแก่สีม่วงดำ หรือสีดำ เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.4-0.8 เซนติเมตร ก้านผลยาว 0.5-0.7 เซนติเมตร เมล็ดค่อนข้างกลม

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอปง จังหวัดพะเยา 19° 10’ 44” N 100° 17’ 43” E สูง 302 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ : ทั้งต้นใช้รองถั่วเน่าตากแห้ง (วินัย สมประสงค์, 2550)



ภาพที่ 25 ต้นดับยาง (*Solanum erianthum* D. Don.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ช่อดอก ง. ผล

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 4

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum lycopersicum* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP001

ชื่อท้องถิ่น มะเขือเทศ

ชื่ออื่น : ตรอบ (เขมร-สุรินทร์), ตีรอบ (เขมร), น้ำเนอ (เชียงใหม่), บ่ะเขือส้ม (เหนือ), บักเขียเคีย, หมากเหล่น(อีสาน, ตะวันออก), มะเขือเทศสีดา (กลาง) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ราก ระบบรากเป็นแบบรากแก้ว มีรากแขนงเจริญไปตามแนวนอนไปได้ไกลถึง 60 เซนติเมตร และสามารถเจริญในแนวดิ่งได้ลึกประมาณ 100-120 เซนติเมตร อีกทั้งยังสามารถเกิดรากได้ทั่วๆไปตามลำต้นที่สัมผัสกับผิวดิน ซึ่งเป็นลักษณะพิเศษของมะเขือเทศ

ลำต้น ตั้งตรง มีลักษณะเป็นไม้พุ่มเตี้ยกึ่งเลื้อย ความสูง 50-150 เซนติเมตร แตกกิ่งก้านมาก ลำต้นสีเขียว ขน นุ่มปกคลุม

ใบ เป็นใบประกอบ ออกสลับกัน ใบย่อยมีขนาดไม่เท่ากัน บางใบเล็กรียาว บางใบกลมใหญ่ ปลายใบแหลม ขอบใบเป็นหยักลึกคล้ายฟันเลื่อยมีขนอ่อน ๆ บริเวณซอกใบ ก้านใบยาว 3-5 เซนติเมตร มีใบย่อย 5-9 เซนติเมตร ใบย่อยรูปสามเหลี่ยม ขอบใบจัก แผ่นใบขรุขระเล็กน้อย มีขนนุ่มปก คลุมสีเขียวเข้ม ขนาดใบย่อยกว้าง 2-4 เซนติเมตร ยาว 3-6 เซนติเมตร

ดอกเกิดเป็นช่อบนลำต้นระหว่างข้อ ดอกมีกลีบเลี้ยงสีเขียว 5-10 กลีบ มีกลีบดอก 5กลีบ สีเหลือง รูปร่างคล้ายหอกเชื่อมติดกันที่โคน เมื่อดอกบานกลีบเลี้ยงและกลีบดอกจะโค้งออก กลีบเลี้ยงตอนแรกจะสั้นกว่ากลีบดอก แต่จะมีขนาดใหญ่ขึ้นเมื่อผลแก่มีเกสรตัวผู้ 5 เกสร ประกอบด้วยอับเรณูใหญ่และก้านอับเรณูสั้น อยู่รอบเกสรตัวเมีย

ผล เป็นผลเดี่ยว รูปทรงของรูปผลมีตั้งกลมจนถึงรี มีขนาดรูปร่างและสีต่างกัน ซึ่งมีขนาดเล็กประมาณ 3 เซนติเมตร จนถึงใหญ่ประมาณ 10 เซนติเมตร รูปร่างมีทั้งกลม กลมแบน หรือกลมรี ผิวนอกเป็นมัน สีของผลจะขึ้นอยู่กับเม็ดสี 2 ชนิด คือ ไลโคปีน(Lycopene) ซึ่งทำให้เกิดสีแดงและแคโรทีน(Carotene) ทำให้เกิดสีเหลืองแดง ส้ม และสีน้ำตาลอ่อน เนื้อภายในฉ่ำด้วยน้ำมีรสเปรี้ยว ภายในมีเมล็ดเรียง ตัวเป็นช่อง ๆ และมีเมือกวุ้นห่อหุ้มเมล็ด เมล็ด รูปค่อนข้างกลมแบนสีน้ำตาลอ่อน ขนาด 0.2-0.5 เซนติเมตร มีขนสั้น ๆ โดยรอบมีเป็นจำนวนมาก (ออลล์เกษตร, 2561)

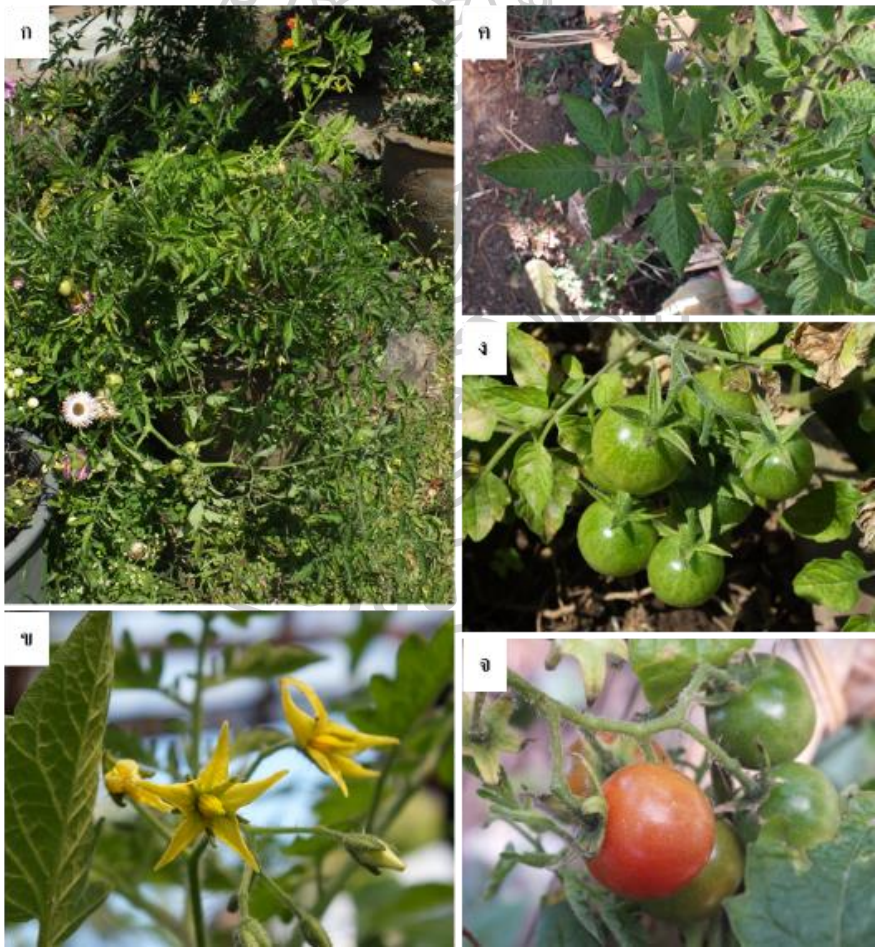
สถานที่พบในงานวิจัย : หมู่บ้านชาวเขาเผ่าม้งดอยปุย จังหวัดเชียงใหม่, ดอยช้าง จังหวัดเชียงราย และอำเภอปง จังหวัดพะเยา (19O 10’ 23’’ N 100O 17’ 43” E สูง 310 เมตรจากระดับน้ำทะเล)

การนำไปใช้ประโยชน์ :

มะเขือเทศมีวิตามินและแร่ธาตุหลายชนิดที่มีประโยชน์ต่อร่างกาย เช่น วิตามินซี วิตามิเอ วิตามินเค วิตามินพี วิตามินบี 1 วิตามินบี 2 ธาตุแคลเซียม ธาตุฟอสฟอรัส และธาตุเหล็ก

ราก ลำต้น และใบแก่ ต้มกับน้ำรับประทานแก้อาการปวดฟัน

น้ำผลมะเขือเทศพอกหน้า รักษาสิว สมานผิวหน้าให้เต่งตึง ช่วยให้ผิวหน้าอ่อนนุ่ม (MedThai, 2013)



ภาพที่ 26 ต้นมะเขือเทศ (*Solanum lycopersicum* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่มกึ่งเลื้อย ข. ช่อดอก ค. ใบ ง. ผลอ่อน จ. ผลแก่

ชนิดที่ 5

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum mammosum* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP024

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือสาแหรก

ชื่ออื่น : เขือหรั่ง (สุราษฎร์ธานี), มะเขือก่องข้าว, มะเขือนมแพะ (เหนือ), มะเขือการ์ตูน, มะเขือนมควาย, มะเขือนมนาง (กลาง) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มขนาดเล็ก สูง 1-2 เมตร ลำต้น กิ่งก้านและทุกส่วนมีหนามรูปเข็มโคนแบนปลายเรียวแหลม ขนยาวห่างและขนต่อมปกคลุมหนาแน่น

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาวประมาณ 1-4 เซนติเมตร แผ่นใบกว้าง 2.5-3 เซนติเมตร ยาว 6-18 เซนติเมตร รูปรี โคนใบเบี้ยว ขอบหยัก 4-5 แฉก ปลายใบแหลม ผิวใบเป็นคลื่น ผิวใบด้านล่างพบขนรูปดาว 4-8 แฉก

ดอกช่อกระจุก ช่อดอกยาว 1-3 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 0.8-1 เซนติเมตร ดอกย่อยสีม่วง มี 1-10 ดอกย่อย ก้านดอกย่อยยาว 0.2-1 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงเชื่อมกันลักษณะคล้ายรูปถ้วย ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกรูปหอก ลึกประมาณ 0.4 เซนติเมตร วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5-7 แฉก แต่ละแฉกรูปคล้ายสามเหลี่ยม มีความลึกเช่นเดียวกับวงกลีบเลี้ยง ปลายแฉกแหลม เกสรเพศผู้ 5-7 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม เส้นผ่าศูนย์กลาง 3-8 เซนติเมตร ปลายผลคล้ายหัวนม โคนผลมีปุ่มกลมหรือกลมรี 5 ปุ่ม เรียงรอบผล ผลแก่สีเหลือง ผิวผลเกลี้ยง ค่อนข้างมัน ติดผล 1-5 ผลต่อช่อ

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม 13° 46’ 14’’ N 100° 10’ 1” E

สูง 5 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ : ปลูกเป็นไม้กระถางประดับ ผลแก่ใช้เบือหนู (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 27 ต้นมะเขือสาแหรก (*Solanum mammosum* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ช่อดอก ค. ใบ ง. ผลอ่อน จ. ผลแก่

ชนิดที่ 6

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum melongena* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP016

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือยาว

ชื่ออื่น : มะเขือกระโปกแพะ, มะเขือขาว, มะเขือจาน, มะเขือจาวมะพร้าว (กลาง), มะเขือป๊าว, มะเขือหำม้า, มะแขว้ง, มะแขว้งคม (เหนือ), มะเขือฝรั่ง (กรุงเทพฯ), ยั่งมูไล่, สะกอวา (กะเหรี่ยง-แม่ฮ่องสอน) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.2-0.6 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านพบขนรูปดาวประปราย พบหนามละเอียด สั้น ตรง หรือไม่พบ

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 1-4 เซนติเมตร พบขนรูปดาวประปราย แผ่นใบกว้าง 4-10 เซนติเมตร ยาว 9-15 เซนติเมตร รูปไข่หรือรูปหอก โคนใบเฉียง ขอบใบหยักข้างละ 2-3 หยัก แต่ละหยักลึก 0.5-1.5 เซนติเมตร ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างพบขนรูปดาวประปราย

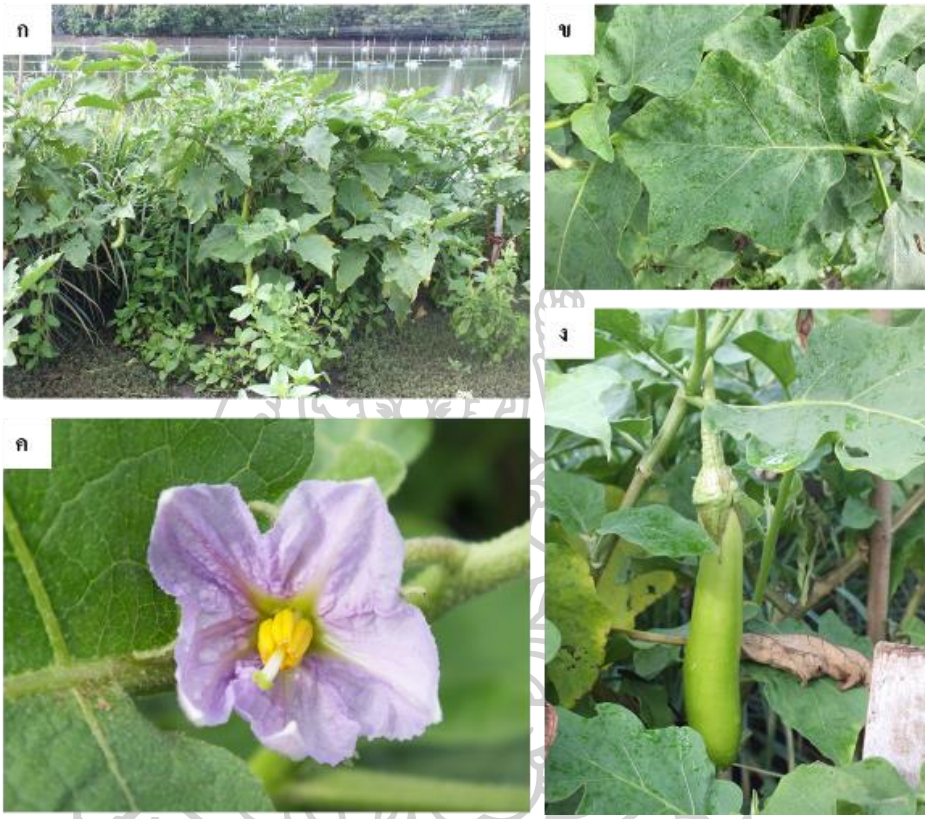
ดอกเดี่ยว ก้านดอกยาว 1.5-3 เซนติเมตร พบขนรูปดาวประปราย ดอกสีม่วง หรือสีขาว วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 1-2 เซนติเมตร รูปหอกเรียวแหลม พบขนรูปดาวประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.2-0.5 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลมีรูปร่างหลากหลายตามสายพันธุ์ ได้แก่ รูปกลม รูปไข่ รูปรี รูปขอบขนาน หรือรูปกลมแบน ผลอ่อนสีเขียวอ่อน หรือสีขาว ผิวเป็นมัน ผลแก่สีเหลือง หรือม่วง หรือม่วงคล้ำ เส้นผ่าศูนย์กลาง 1-15 เซนติเมตร กว้าง 2-3 เซนติเมตร ยาว 10-30 เซนติเมตร ก้านผลยาว 0.5-1.8 เซนติเมตร เมล็ดค่อนข้างกลม มีขนาดประมาณ 0.3 เซนติเมตร

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม 13° 46’ 14’’ N 100° 10’ 1” E

สูง 5 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ : กลุ่มพันธุ์มะเขือยาว มะเขือม่วง มะเขือจาน มะเขือขื่น มะเขือเจ้าพระยา ใช้ผลอ่อนปรุงอาหาร ต้ม ผัด หรือแกง กลุ่มพันธุ์มะเขือกรอบ มะเขือไข่เต่า มะเขือตอแหล ใช้ผลสดรับประทาน (วินัย สมประสงค์, 2550)



ภาพที่ 28 ต้นมะเขือยาว (*Solanum melongena* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ดอก ง. ผล

ชนิดที่ 7

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum sanitwongsei* W. G. Craib. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP005

ชื่อท้องถิ่น : มะแว้งต้น

ชื่ออื่น : มะแว้ง (กลาง), มะแคว้งขม มะแคว้งคม มะแคว้งดำ (เหนือ), หมักแข้งขม หมากเข้งขม (อุดรธานี, ร้อยเอ็ด, อีสาน), แว้งคม (สุราษฎร์ธานี, สงขลา, ใต้), สะกั้งแค (กะเหรี่ยง-แม่ฮ่องสอน), หมากแซ้งคง (ฉาน-แม่ฮ่องสอน) (ภาณุมาศ ฤทธิไชย, 2547)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.2-0.6 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านพบขนรูปดาวประปราย

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 1.3-5 เซนติเมตร พบขนประปราย แผ่นใบกว้าง 1.6-4 เซนติเมตร ยาว 2.5-9 เซนติเมตร รูปไข่ หรือรูปไข่กลับ โคนใบเฉียง หรือรูปตัด ขอบใบหยัก ข้างละ 2-4 หยัก ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างพบขนรูปดาวหนาแน่น

ดอกช่อกระจะ มีก้านเรียงสลับบนแกนกลางลดหลั่นตามลำดับ ช่อดอกยาว 2.5-3 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 1.5-2 เซนติเมตร พบขนรูปดาวประปราย ดอกย่อยสีม่วง หรือสีขาว ประกอบด้วยก้านดอกย่อยยาว 1.2-1.5 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.5 เซนติเมตร รูปหอก พบขนประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.2 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียวอ่อน ผิวเป็นมัน ผลแก่สีส้ม เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.8-1.2 เซนติเมตร ก้านผลยาว 1.5-1.7 เซนติเมตร เมล็ดค่อนข้างกลม มีขนาดประมาณ 0.3 เซนติเมตร (วินัย สมประสงค์, 2550)

สถานที่พบในงานวิจัย : ดอยสุเทพ จังหวัดเชียงใหม่, ดอยช้าง จังหวัดเชียงราย, อำเภอปง จังหวัดพะเยา(19° 10’ 27’’ N 100° 17’ 43” E สูง 308 เมตรจากระดับน้ำทะเล)

การนำไปใช้ประโยชน์ : มะแว้งต้นเป็นส่วนผสมหลักของตำรับยาประสะมะแว้ง ซึ่งองค์การเภสัชกรรมผลิตขึ้นตามตำรับยาสามัญประจำบ้านแผนโบราณ ผลอ่อนใช้รับประทานเป็นผักสดได้ โดยอาจนำไปลวกหรือเผาจิ้มกับน้ำพริก (ฐานข้อมูลสมุนไพร คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 2553)

ภาพที่ 29 ต้นมะแว้งต้น (*Solanum sanitwongsei* W. G. Craib.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ช่อดอก ง. ผล

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 8

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum seaforthianum* Andrews. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP014

ชื่อท้องถิ่น : มะแขว้งเครือ

ชื่ออื่น : มะเขือขื่นเครือ (เหนือ), มะเขือเครือ (กลาง, เหนือ), มะเขือญี่ปุ่น (กรุงเทพฯ), สะเต๊ะ (ลำปาง) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้เถา ยาว 1-5 เมตร มีขนสั้นประปราย ไม่มีหนาม

ใบประกอบแบบขนนก กว้าง 4-7 เซนติเมตร ยาว 5-13 เซนติเมตร ขอบใบเรียบ โคนใบเรียบ ปลายใบป้าน

ดอกช่อแยกแขนง มีดอกย่อยจำนวนมาก ก้านช่อดอกยาวประมาณ 4 เซนติเมตร ก้านดอกย่อยหลุดง่าย วงกลีบเลี้ยงรูปถ้วยขนาดเล็ก ปลายแยก 5 แฉก หยักซี่ฟัน ปลายตัด วงกลีบดอกสีม่วงครามอ่อน ยาว 0.9-1 เซนติเมตร แฉกวงกลีบรูปขอบขนาน เกสรเพศผู้อิสระ ก้านเกสรเพศเมียยาวประมาณ 1 เซนติเมตร

ผลแก่สีแดง ผิวเป็นมัน รูปร่างกลม เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1-2 เซนติเมตร เมล็ดรูปร่างคล้ายจาน

สถานที่พบในงานวิจัย : มหาวิทยาลัยศิลปากร จังหวัดนครปฐม

การนำไปใช้ประโยชน์ : ปลูกเป็นไม้เถาประดับ (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 30 ต้นมะแขว้งเครือ (*Solanum seaforthianum* Andrews.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้เถา ข. ดอก

ชนิดที่ 9

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum spirale* Roxb. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP002

ชื่อท้องถิ่น : ต้อยตั่ง

ชื่ออื่น : ผักดีด (เหนือ) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.5-1 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านเกลี้ยง

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาวประมาณ 1-2 เซนติเมตร แผ่นใบกว้าง 1-3 เซนติเมตร ยาว 5-14 เซนติเมตร รูปรี โคนใบสอบเรียว ขอบใบเรียบ ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างเกลี้ยง

ดอกช่อกระจะ มีก้านเรียงสลับบนแกนกลางลดหลั่นตามลำดับ ช่อดอกยาว 2-4 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 0.5-1 เซนติเมตร เกลี้ยง ดอกย่อยสีขาว ประกอบด้วย ก้านดอกย่อยยาว 1.5-1.8 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงเชื่อมกันคล้ายจาน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึก 0.2-0.3 เซนติเมตร รูปกลมมน เกลี้ยง วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.6 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียว ผลแก่สีเหลือง หรือสีส้ม เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.5-0.7 เซนติเมตร ก้านผลยาว 1.8-2 เซนติเมตร เมล็ดรูปไข่ ขนาดประมาณ 0.2 เซนติเมตร

สถานที่พบในงานวิจัย : ดอยช้าง จังหวัดเชียงราย, อำเภอปง จังหวัดพะเยา (19° 10’ 23’’ N 100° 17’ 43’’ E สูง 310 เมตรจากระดับน้ำทะเล)

การนำไปใช้ประโยชน์ : ใบอ่อนปรุงอาหารใส่แกง (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 31 ต้นต้อยตั่ง (*Solanum spirale* Roxb.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ช่อดอก ค. ผลอ่อน ง. ผลแก่

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 10

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum stramoniifolium* Jacq. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP012

ชื่อท้องถิ่น : มะอึก

ชื่ออื่น : มะเขือปู่, มะปู่ (เหนือ) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มขนาดกลาง มีความสูงราว 1-2 เมตร ทุกส่วนของต้นจะมีหนามและขนละเอียดสีน้ำตาลอ่อนปกคลุมอยู่

มีใบเป็นใบเดี่ยว ออกเรียงสลับกัน ลักษณะของใบเป็นรูปไข่กว้าง โคนใบเว้าหรือตัด ขอบใบหยักเว้าเป็นพู มีความกว้างประมาณ 15-25 เซนติเมตรและยาวประมาณ 20-30 เซนติเมตร แผ่นใบสีเขียว มีขนอ่อนปกคลุมผิวใบทั้งด้านบนและด้านล่าง

ออกดอกเป็นช่อกระจุกที่ซอกใบ ดอกมีสีขาว มีกลีบดอก 5 กลีบ ที่โคนเชื่อมติดกัน ปลายแหลม มีเกสรตัวผู้สีเหลือง เป็นเส้นรวมเป็นยอดแหลม

ลักษณะของผลเป็นรูปทรงกลม มีขนาดราว 1.8-2 เซนติเมตร ที่ผิวมีขนยาวหนาแน่น ผลอ่อนมีสีเขียว ส่วนผลสุกมีสีเหลืองแกมน้ำตาล ในผลมีเมล็ดแบนจำนวนมากเรียงเป็นแถวอยู่ภายใน (MedThai, 2013)

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม 13° 46’ 14’’ N 100° 10’ 1” E
สูง 5 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ :

ผลใช้รับประทานเป็นอาหาร หรือนำมาประกอบอาหารได้หลายชนิด ช่วยเพิ่มรสชาติเปรี้ยวให้อาหาร โดยจะให้รสและกลิ่นที่เป็นเอกลักษณ์เป็นพิเศษ

ผลมะอึกมีธาตุแคลเซียม ธาตุเหล็ก ธาตุฟอสฟอรัส วิตามินบี 1 วิตามินบี 2 วิตามินซี ที่มีประโยชน์ต่อร่างกาย (MedThai, 2013)

ภาพที่ 32 ต้นมะอึก (*Solanum stramoniifolium* Jacq.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ดอก ง. ผล

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 11

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum torvum* Sw. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP010

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือพวง

ชื่ออื่น : จะเคาะค่ะ, ตะโกงลาโน (มาเลเซีย-สงขลา), ปอลอ, ปอลือ (มูซอ-เหนือ), มะเขือละคร, หมากแค้ง (นครราชสีมา), มะแคว้งกูลัว, มะแคว้งกูลา (เชียงใหม่), มะแว้ง (คาบสมุทรมลายู,กลาง), มะแว้งช้าง (คาบสมุทรมลายู), รับจงกลม (เขมร-นครราชสีมา) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.4-2 เมตร ลำต้นและกิ่งก้านเมื่อยังอ่อน พบขนรูปดาวหนาแน่นและมีหนามประปราย ลักษณะของหนามสั้นตรงและเรียวแหลมยาว 0.5-0.6 เซนติเมตร เมื่อต้นเจริญเต็มที่พบหนามรูปโค้งประปราย

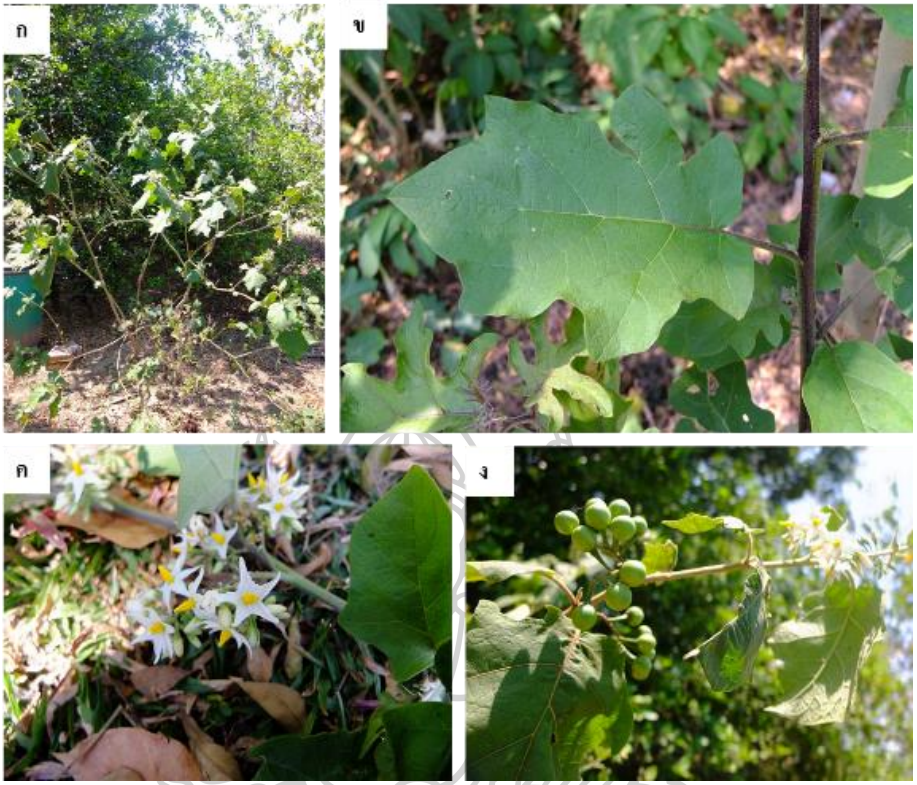
ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 1-6 เซนติเมตร พบขนรูปดาวหนาแน่น และหนามประปราย แผ่นใบกว้าง 2.8-18 เซนติเมตร ยาว 4.5-19 เซนติเมตร รูปรีกว้าง หรือรูปไข่ ส่วนใหญ่มีลักษณะไม่สมมาตร โคนใบเฉียง หรือตัด หรือคล้ายหัวใจ ขอบใบหยักข้างละ 2 หยัก แต่ละหยักลึก 0.5-1.5 เซนติเมตร หรือขอบใบค่อนข้างเรียบ ปลายใบแหลม ที่ผิวใบด้านพบพบขนรูปดาวประปราย ส่วนที่ผิวใบด้านล่างพบขนรูปดาวหนาแน่น พบหนามประปราย หรือไม่พบ

ดอกช่อเชิงหลั่น ดอกย่อยมีก้านยาวไม่เท่ากัน เรียงสลับบนแกนกลาง ดอกย่อยด้านนอกช่อมีก้านยาวมากที่สุด ดอกย่อยถัดไปในช่อมีก้านสั้นลดหลั่นจนถึงกลางช่อ ช่อดอกยาว 2.-5 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 0.2-4 เซนติเมตร พบขนรูปดาวหนาแน่น ดอกย่อยขาว ประกอบด้วย ก้านดอกย่อยยาว 0.6-0.9 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึก 0.3-0.4 เซนติเมตร รูปหอกแกมรูปไข่แคบ พบขนประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.3 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียว ผลแก่สีเหลือง เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.5-1.3 เซนติเมตร ก้านผลยาว 1.-1.5 เซนติเมตร เมล็ดรูปกลม ขนาดประมาณ 0.2 เซนติเมตร

สถานที่พบในงานวิจัย : ดอยสุเทพ จังหวัดเชียงใหม่, อำเภอจอมบึง จังหวัดราชบุรี

การนำไปใช้ประโยชน์ : ผลอ่อนรับประทานกับน้ำพริก หรือใส่แกง (วินัย สมประสงค์, 2550)



ภาพที่ 33 ต้นมะเขือพวง (*Solanum torvum* Sw.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค. ช่อดอก ง. ผล

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 12

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum trilobatum* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP026

ชื่อท้องถิ่น : มะแว้งเครือ

ชื่ออื่น : แขว้งเคีย (ตาก) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มกึ่งเลื้อย ลำต้นและกิ่งก้านพบขนรูปดาวประปรายและมีหนามแบบตะขอแข็ง ลักษณะของหนามสั้นโค้งโคนหนา ปลายเรียวแหลมยาว 0.3-0.5 เซนติเมตร

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาว 1.-2.5 เซนติเมตร พบขนรูปดาวประปรายและหนาแน่น แผ่นใบกว้าง 2.5-3.2 เซนติเมตร ยาว 2.-3.5 เซนติเมตร รูปรีกว้าง หรือรูปไข่ ส่วนใหญ่มีลักษณะไม่สมมาตร โคนใบมน หรือตัด ขอบใบหยักข้างละ 1-4 หยัก แต่ละหยักลึก 0.3-0.5 เซนติเมตร ปลายใบมน หรือค่อนข้างแหลม ที่ผิวใบด้านบนและด้านล่างพบขนรูปดาวประปราย พบหนามที่เส้นกลางใบน้อย หรือไม่พบ

ดอกช่อกระจะ มีก้านเรียงสลับบนแกนกลางลดหลั่นตามลำดับจากบนลงล่าง ช่อดอกยาว 3-5 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 1.7-2 เซนติเมตร พบขนรูปดาวหนาแน่นประปราย ดอกย่อยสีม่วงอ่อน ประกอบด้วย ก้านดอกย่อยยาว 1.2-1.7 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึก 0.3-0.4 เซนติเมตร รูปหอกแกมรูปไข่แคบ พบขนรูปดาวประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึกประมาณ 0.3 เซนติเมตร พบขนรูปดาวประปรายที่ด้านนอกของวงกลีบ เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลม ผลอ่อนสีเขียวมีลวดลาย ผลแก่สีแดง เส้นผ่าศูนย์กลาง 0.5-0.8 เซนติเมตร ก้านผลยาว 1.7-2 เซนติเมตร เมล็ดรูปกลม ขนาดประมาณ 0.2 เซนติเมตร

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม 13° 46’ 14’’ N 100° 10’ 1” E

สูง 5 เมตรจากระดับน้ำทะเล

การนำไปใช้ประโยชน์ : ผลอ่อนรับประทานกับน้ำพริก ผลแก่ใช้ปรุงตำรับยาแก้ไอ (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 34 ต้นมะแว้งเครือ (*Solanum trilobatum* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่มกึ่งเลื้อย ข. ช่อดอก ค. ผลอ่อน ง. ผลแก่

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 13

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum tuberosum* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP025

ชื่อท้องถิ่น : มันฝรั่ง

ชื่ออื่น : มันเทศ (กลาง, เหนือ), มันอาลู, มันอีลู (เหนือ) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มสูง 0.4-0.6 เมตร มีหัวสะสมแป้งเจริญที่ปลายแขนงใต้ดิน ลำต้นและกิ่งก้านค่อนข้างบอบบาง พบขนนุ่มหลายเซลล์ประปราย

ใบประกอบแบบขนนก ปลายคี่เรียงสลับ ก้านใบประกอบยาว 2-4.5 เซนติเมตร แผ่นใบประกอบกว้าง 5-10 เซนติเมตร ยาว 8-22 เซนติเมตร มีใบย่อย 3-12 คู่ เรียงตรงข้าม ก้านใบย่อยยาว 0.4-0.5 เซนติเมตร แผ่นใบย่อยกว้าง 2.-4 เซนติเมตร ยาว 3.5-5.5 เซนติเมตร รูปไข่ โคนใบย่อยเฉียงหรือคล้ายรูปหัวใจ ขอบเรียบ ปลายแหลม

ดอกช่อเชิงหลั่น ดอกย่อยมีก้านยาวไม่เท่ากัน เรียงสลับบนแกนกลาง ดอกย่อยด้านนอกช่อมีก้านยาวที่สุด ดอกย่อยถัดไปในช่อมีก้านสั้นลดหลั่นจนถึงกลางช่อ ช่อดอกยาว 1.2-1.5 เซนติเมตร ก้านช่อยาวประมาณ 0.6-1 เซนติเมตร พบขนประปราย ดอกย่อยสีขาว หรือสีม่วง ประกอบด้วยก้านดอกย่อยยาว 1.2-1.7 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกลึก 0.4-0.5 เซนติเมตร รูปหอกแกมรูปไข่แคบ พบขนรูปดาวประปราย วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกรูปหอกเรียวแหลม ลึกประมาณ 0.5 เซนติเมตร เกสรเพศผู้ 5 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร

สถานที่พบในงานวิจัย : นำลำต้นใต้ดินมาทำการปลูกในพื้นที่อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม

การนำไปใช้ประโยชน์ : รากคล้ายหัวใช้ทอดรับประทานเป็นขนมขบเคี้ยว รากคล้ายหัดสดใช้ปรุงอาหาร (วินัย สมประสงค์, 2550)

ชนิดที่ 14

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum wrightii* Benth. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP013

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือต้น

ชื่ออื่น : มะเขือยักษ์ (กลาง) (สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช, 2557)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้ต้น ทรงพุ่มสูง 4-10 เมตร กิ่งก้านเปราะ มีขนรูปดาวปกคลุม

ใบเดี่ยว เรียงสลับ รูปไข่ กว้าง 16-22 เซนติเมตร ยาวถึง 30 เซนติเมตร ขอบใบเว้าลึกเป็นพู ปลายใบแหลม โคนใบทู่ ไม่สมมาตร ผิวใบมีขนสากทั้งสองด้าน เส้นกลางใบและก้านใบ มีหนามห่าง

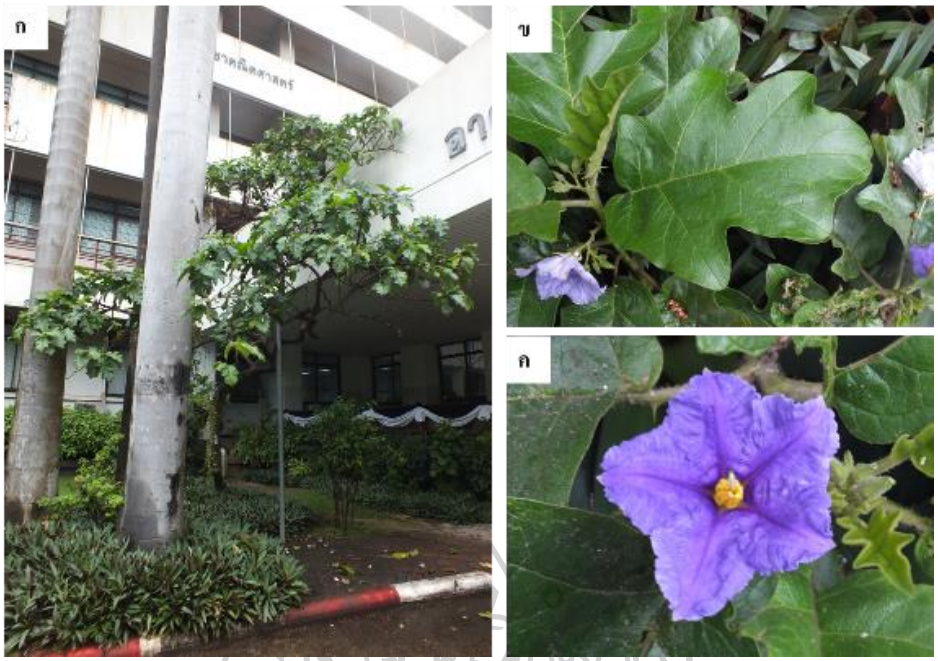
ดอกมีสีม่วงแล้วจางเป็นสีขาว ออกเป็นช่อสั้น จากกิ่งใกล้ปลายยอด ยาว 7-10 เซนติเมตร ดอกบานเต็มที่กว้าง 5-7 เซนติเมตร กลีบรองดอก โคนเชื่อมกัน ปลายเว้าลึกเป็น 5 แฉก กลีบดอกเชื่อมกันคล้ายรูปปากแตร ปลายกลีบเว้าเป็น 5 แฉก ขอบกลีบย่น เกสรผู้ 5 เกสร อับเรณูสีเหลือง ยาวประมาณ 1.5 เซนติเมตร รังไข่กลม

ผลมีรูปทรงกลม สีเขียว ขนาด 4-6 เซนติเมตร ติดกับกลีบรองดอก ผลสุกสีน้ำตาล มีเมล็ดขนาดเล็กจำนวนมาก

สถานที่พบในงานวิจัย : มหาวิทยาลัยศิลปากร จังหวัดนครปฐม

การนำไปใช้ประโยชน์ :

นิยมปลูกเป็นไม้ประดับเนื่องจากออกดอกและติดผลตลอดทั้งปี (องค์การสวนพฤกษศาสตร์, 2554)



ภาพที่ 35 ต้นมะเขือต้น (*Solanum wrightii* Benth.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้ต้น ข. ใบ ค. ดอก

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 15

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum aethiopicum* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP009

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือขม

ชื่ออื่น : สะกอข่าป่าล่ะ, สะกอค่าซ่า, สะกอข่า

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

ไม้พุ่มขนาดเล็ก สูง 0.3-2 เมตร ลำต้น กิ่งก้านและทุกส่วนเกลี้ยง

ใบเดี่ยว เรียงสลับ ก้านใบยาวประมาณ 1-2 เซนติเมตร แผ่นใบกว้าง 2-3 เซนติเมตร ยาว 5-12 เซนติเมตร รูปรี โคนใบเบี้ยว ขอบหยัก 4-5 แฉก ปลายใบแหลม ผิวใบเป็นคลื่น

ดอกช่อกระจุก ช่อดอกยาว 1-3 เซนติเมตร ก้านช่อยาว 0.5-0.8 เซนติเมตร ดอกย่อยสีขาว ก้านดอกย่อยยาว 0.2-1 เซนติเมตร วงกลีบเลี้ยงเชื่อมกันลักษณะคล้ายรูปถ้วย ปลายแยก 5 แฉก แต่ละแฉกรูปหอก ลึกประมาณ 0.4 เซนติเมตร วงกลีบดอกเชื่อมกัน ปลายแยก 5-7 แฉก แต่ละแฉกรูปคล้ายสามเหลี่ยม มีความลึกเช่นเดียวกับวงกลีบเลี้ยง ปลายแฉกแหลม เกสรเพศผู้ 5-7 เกสร เกสรเพศเมีย 1 เกสร อยู่เหนือวงกลีบ

ผลกลมแบน ผิวผลเป็นรอยหยักตื้นรอบผล หรือไม่พบรอยหยัก ผลแก่สีส้มแดง ผิวเป็นมัน

สถานที่พบในงานวิจัย : ดอยช้าง จังหวัดเชียงราย

การนำไปใช้ประโยชน์ :

ใช้ผลแก่ปรุงอาหารร่วมกับผักชนิดอื่นในประเภทแกง (วินัย สมประสงค์, 2550)

ภาพที่ 36 ต้นมะเขือขม (*Solanum aethiopicum* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ดอก ค. ผลอ่อน ง. ผลแก่

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ชนิดที่ 16

ชื่อวิทยาศาสตร์ : *Solanum macrocarpon* L. **หมายเลขการเก็บพรรณไม้** WP023

ชื่อท้องถิ่น : มะเขือกินใบ

ชื่ออื่น : -

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ :

เป็นไม้พุ่ม ลำต้นกิ่งก้านเป็นสีเขียว เมื่อแก่จะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาล แข็ง ไม่มีหนาม

ใบเป็นใบเดี่ยว ออกเรียงสลับ รูปไข่กว้าง ขอบใบเว้าลึกเป็นพู ปลายใบแหลม โคนใบทู่ไม่สมมาตร เส้นกลางใบสีขาว ผิวใบเป็นมัน ไม่มีหนาม

ดอกมีสีม่วงจาง ออกเป็นกระจุกบริเวณซอกใบ กลีบดอกมี 5 กลีบ โคนเชื่อมติดกัน กลีบเลี้ยงสีเขียว 5 กลีบ เป็นคลื่นขอบกลีบย่น มีขนาดใหญ่ ยาวปกคลุมดอก มีเกสรตัวผู้สีเหลือง 5 อัน

ผลมีรูปทรงกลมสีเขียวอ่อน ติดกับกลีบเลี้ยง โดยกลีบเลี้ยงยาวปกคลุมทั้งผล ผิวเป็นมัน ผลสุกสีส้ม ผิวมีรอยแตก

สถานที่พบในงานวิจัย : อำเภอควนขนุน จังหวัดสตูล

การนำไปใช้ประโยชน์ :

นำใบมารับประทานเป็นเครื่องเคียงกับนำพริก หรือนำไปใช้ประกอบอาหารประเภทแกง

ภาพที่ 37 ต้นมะเขือกินใบ (*Solanum macrocarpon* L.)

ก. ลักษณะวิสัย ไม้พุ่ม ข. ใบ ค.,ง. ผลแก่

ภาคผนวก ข : ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอบาร์โค้ดตำแหน่ง ITS2, *mat*K และ *rbc*L

ตารางที่ 11 แสดง GenBank accession number ของพืชสกุลมะเขือในฐานข้อมูล GenBank

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อท้องถิ่น	GenBank accession number		
			ITS2	*mat*K	*rbc*L
1	*S. americanum* Mill.	มะแว้งนก	MH718330	MH722361	MH722372
2	*S. anguivi* Lam.	มะแว้ง	MH718331	MH722362	MH722373
3	*S. erianthum* D. Don.	ดับยาง	MH718332	MH722359	MH722374
4	*S. lycopersicum* L.	มะเขือเทศ	MH718333	MH722363	MH722375
5	*S. mammosum* L.	มะเขือสาแหรก	MH718335	MH722364	MH722377
6	*S. melongena* L.	มะเขือยาว	MH718336	MH722365	MH722378
7	*S. sanitwongsei* W. G. Craib.	มะแว้งต้น	MH718337	MH722366	MH722379
8	*S. seaforthianum* Andrews.	มะเขือเครือ	MH718338	MH722367	MH722380
9	*S. spirale* Roxb.	ต้อยตั่ง	MH718339	MH722368	MH722381
10	*S. stramoniifolium* Jacq.	มะอึก	MH718340	MH722369	MH722382
11	*S. torvum* Sw.	มะเขือพวง	MH718341	MH722370	MH722383
12	*S. trilobatum* L.	มะแว้งเครือ	MH718342	-	MH722384
13	*S. tuberosum* L.	มันฝรั่ง	-	-	MH722385
14	*S. wrightii* Benth.	มะเขือต้น	MH718343	-	MH722386
15	*S. aethiopicum* L.	มะเขือขม	MH718329	MH722360	MH722371
16	*S. macrocarpon* L.	มะเขือกินใบ	MH718334	-	MH722376

ชนิดที่ 1 มะแว้งนก (*Solanum americanum* Mill.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718330                          439 bp  DNA linear PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum americanum voucher WP018 5.8S ribosomal RNA gene,  partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718330
VERSION     MH718330.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum americanum
  ORGANISM  Solanum americanum
            Eukaryota; Viridiplantae;
            Streptophyta;Embryophyta;Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta;
            eudicotyledons;Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales;
            Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 439)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 439)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..439
                     /organism="Solanum americanum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP018"
                     /db_xref="taxon:109975"
                     /country="Thailand"
     misc_RNA        <1..>439
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2,
                      and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 gtgaattgca gaatcccgtg aaccatcgag tctttgaacg caagttgcgc ccgaagccat
 61 taggccgagg gcacgtctgc ctgggcgtca cgcatcgcgt cgcccccgc acgccgcaag
121 gcgtcgtggg gcggatactg gcctcccgtg tgcctcgagc tcgcggttgg cctaaatgcg
181 agtccacgtc gacggacgtc gcggcaagtg gtggttgaaa ctcaactctc tttgtgtcgc
241 ggctacagcc cgtcgcgcgt ctggactcca gaccctctaa gcgcttaggc gctccgaccg
301 cgaccccagg tcaggcggga ttacccgctg agtttaagca tatcaataag cggaggaaaa
361 gaaacttaca aggattccct tagtagcggc gagcgaaccg ggaacagccc agccttagaa
421 tcgggcggct ccgtcgtcc
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722361                         754 bp    DNA  linear  02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum americanum.
ACCESSION   MH722361
VERSION     MH722361.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum americanum
  ORGANISM  Solanum americanum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales;
            Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 754)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 754)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..754
                     /organism="Solanum americanum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP018"
                     /authority="Solanum americanum Mill."
     gene            <1..754
                     /gene="matK"
     CDS             1..754
                     /gene="matK"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="RFFLHEYCSLITSKKPGYSFSTKTQRFFFFLYNSYVYECESTFVFLRNQSS
                     HLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPFIHYVRYEGKSILASKGTFLLMNK
                     WKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMLANSFLINNPIKK
                     FDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGSCKKKTLY
                     RIKY"
ORIGIN
  1 ttacgattct ttctccacga atattgtagt cttattactt caaagaagcc cggttactcc
 61 ttttcaacaa aaactcaaag attcttcttc ttcttatata attcttatgt atatgaatgc
121 gaatccactt tcgtctttct acggaaccaa tcttctcatt tacgatcaac atcttttgga
181 gcccttcttg aacgaatata tttctatgga aaaatagaac gtcttgtaga agtctttgct
241 aaggattttc aggttaccct ctggttattc aaggaccctt tcatccatta tgttaggtat
301 gaaggaaaat caattctggc ttcaaaaggg acgtttcttt tgatgaataa atggaaattt
361 taccttgtca atttttggca atgtcatttt tctatgtact ttcacacagg aaggatccat
421 ataaaccaat tatccaacca ttcccgtgac tttatgggct atctttcaag tgtgcgactt
481 aatcattcaa tggtacgtag tcaaatgtta gcaaattcat ttctaatcaa taatccaatt
541 aagaagttcg ataccccttgt tccaattatt cctttgattg gatcattagc taaagcacac
601 ttttgtaccg tattagggca tcccattagt aaaccggttt ggtccgattt atcagattct
661 gatattattg accgatttgg gcgtatatgc agaaatcttt ttcattatta tagcggatct
721 tgcaaaaaaa agactttata tcgaataaag tata
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722372                          701 bp    DNA     linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum americanum.
ACCESSION   MH722372
VERSION     MH722372.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum americanum
  ORGANISM  Solanum americanum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales;
            Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 701)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 701)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##


FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..701
                     /organism="Solanum americanum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP018"
                     /authority="Solanum americanum Mill."
     gene            <1..701
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..701
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="SVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAE
                     SSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVF
                     GFKALRALRLEDLRIPTAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVY
                     ECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQTETGEIKGHYLNA"
ORIGIN
  1 gcaagtgttg gattcaaagc tggtgttaaa gagtacaaat tgacttatta tactcctgag
 61 taccaaacca aggatactga tatattggca gcattccgag taactcctca acctggagtt
121 ccacctgaag aagcaggggc cgcggtagct gccgaatctt ctactggtac atggacaact
181 gtatggaccg atggacttac cagtcttgat cgttacaaag ggcgatgcta ccgcatcgag
241 cgtgttgttg gagaaaaaga tcaatatatt gcttatgtag cttacccttt agaccttttt
301 gaagaaggtt ccgttaccaa tatgtttact tccattgtag gtaatgtatt tgggttcaaa
361 gccctgcgcg ctctacgtct ggaagatctg cgaatcccta ctgcttatgt taaaactttc
421 caaggtccgc ctcatgggat ccaagttgaa agagataaat tgaacaagta tggtcgtccc
481 ctgttgggat gtactattaa acctaaattg gggttatctg ctaaaaacta tggtagagct
541 gtttatgaat gtcttcgcgg tggacttgat tttaccaaag atgatgagaa cgtgaactca
601 caaccattta tgcgttggag agatcgtttc ttattttgtg ccgaagcact ttttaaagca
661 cagactgaaa caggtgaaat caaaggacat tacttgaatg c
//
```

ชนิดที่ 2 มะแว้ง (*Solanum anguivi* Lam.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718331                  342 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum anguivi voucher WP004 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718331
VERSION     MH718331.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum anguivi
  ORGANISM  Solanum anguivi
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 342)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 342)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..342
                     /organism="Solanum anguivi"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP004"
                     /db_xref="taxon:329760"
                     /country="Thailand"
     misc_RNA        <1..>342
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 cccgtgaacc atcgagtctt tgaacgcaag ttgcgcccga agccgtcagg ccgagggcac
 61 gcctgcctgg gcgtcacgca tcgcgtcgcc ccccgcacgc cgctcggcgc cgcgggggcg
121 gatactggcc tcccgtgcgc ctcgcgcccg cggccggcct aaatgcgagc ccacgtcgac
181 ggacgtcgcg gcaagtggtg gttgtaaccc aactctcttg gcgccgcggc cacagcccgt
241 cgcgcgtgcg cgctccacga ccctgccggc gctgccgcgc tccgaccgcg accccaggtc
301 aggcgggatt acccgctgag tttaagcata tcaataagcg ga
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722362                          765 bp    DNA     linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum anguivi.
ACCESSION   MH722362
VERSION     MH722362.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum anguivi
  ORGANISM  Solanum anguivi
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales;
            Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..765
                     /organism="Solanum anguivi"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP004"
                     /authority="Solanum anguivi Lam."
     gene            <1..765
                     /gene="matK"
     CDS             1..765
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="LRFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNPKFFFFLYNSYVYECESTFVFLR
                     KQSFHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTFL
                     LMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMFENSFLINN
                     PIKKFDTLVPIIRLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWS
                      DLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGSSKKKTLYRIKY"
ORIGIN
  1 attacgattc tttctccacg aatattgtaa tttgaatagt cttattactt caaagaagcc
 61 cggttactct ttttcaaaaa aaaatccaaa attcttcttc ttcttatata attcttatgt
121 atatgaatgc gaatctactt tcgtctttct acggaaacaa tcttttcatt tacgatcaac
181 atcttttgga gcccttcttg aacgaatata tttctatgga aaaatagaac gtcttgtaga
241 agtctttgct aaggattttc aggttaccct atggttattc aaggatcctt tgatgcatta
301 tgttaggtat gaaggaaaat caattctggc ttcaaaaggg acgtttcttt tgatgaataa
361 atggaaattt taccttgtca atttttggca atgtcatttt tctatgtact ttcacacagg
421 aaggatccat ataaaccaat tatccaacca ttcccgtgac tttatgggct atctttcaag
481 tgtgcgacta aatcattcaa tggtacgtag tcaaatgttc gaaaattcat ttctaatcaa
541 taatccaatt aagaaattcg ataccccttgt tccaattatt cgtttgattg gatcattagc
601 taaagcacac ttttgtaccg tattagggca tcccattagt aaaccggttt ggtccgattt
661 atcagattct gatattattg accgatttgg gcgtatatgc agaaatcttt ttcattatta
721 tagcggatct tccaaaaaaa agactttata tcgaataaag tatat
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722373                   700 bp  DNA  linear  04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum anguivi.
ACCESSION   MH722373
VERSION     MH722373.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum anguivi
  ORGANISM  Solanum anguivi
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales;
            Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 700)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 700)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..700
                     /organism="Solanum anguivi"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP004"
                     /authority="Solanum anguivi Lam."
     gene            <1..700
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..700
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="VGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAES
                     STGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFG
                     FKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYE
                     CLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 gtgttggatt caaagctggt gttaaagagt acaaattgac ttattatact cctgagtacc
 61 aaaccaagga tactgatata ttggcagcat tccgagtaac tcctcaacct ggagttccac
121 ctgaagaagc aggggccgcg gtagctgccg aatcttctac tggtacatgg acaactgtat
181 ggaccgatgg acttaccagt cttgatcgtt acaaagggcg atgctaccgc atcgagcgtg
241 ttgttggaga aaaagatcaa tatattgctt atgtagctta ccctttagac ctttttgaag
301 aaggttccgt taccaatatg tttacttcca ttgtaggtaa tgtatttggg ttcaaagccc
361 tgcgcgctct acgtctggaa gatctgcgaa tccctcctgc ttatgttaaa actttccaag
421 gtccgcctca tgggatccaa gttgaaagag ataaattgaa caagtatggt cgtcccctgt
481 tgggatgtac tattaaacct aaattggggt tatccgctaa aaactacggt agagctgttt
541 atgaatgtct tcgcggtgga cttgatttta ccaaagatga tgagaacgtg aactcacaac
601 catttatgcg ttggagagat cgtttctgct tttgtgccga agccctttt aaagcacagg
661 ctgaaacagg tgaaatcaaa ggacattact tgaatgctac
//
```

ชนิดที่ 3 ดับยาง (*Solanum erianthum* D. Don.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718332                 437 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum erianthum voucher WP017 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718332
VERSION     MH718332.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum erianthum
  ORGANISM  Solanum erianthum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 437)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 437)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..437
                     /organism="Solanum erianthum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP017"
                     /db_xref="taxon:374041"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>437
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 aattgcagaa tcccgtgaac catcgagttt ttgaacgcaa gttgcgcccg aagccattag
 61 ggcacgtctg cctgggcgtc acgcatcgcg tcgcccccgc acgccgcacg gcgtcgcggg
121 ggcggatact ggcccccgt gcgccccgag ctcgcggccg gcctaaatgc cagtccacgt
181 cgacggacgt cacggcaagt ggtggttgaa actcaactct ctcggtgccg tggccgctgc
241 cgtcgcgctt ccggactccc ggaccctcct cgcgctcagg cgctccgacc gcgaccccag
301 gtcaggcggg attacccgct gagtttaagc atatcaataa gcggaggaaa agaaacttac
361 gaggattccc ctagtaacgg cgagcgaacc gggaacagcc cagccttaga atcgggcggc
421 tccgccgtcc gaattgt
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722359                    675 bp    DNA  linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum erianthum.
ACCESSION   MH722359
VERSION     MH722359.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum erianthum
  ORGANISM  Solanum erianthum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..675
                     /organism=">Solanum erianthum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP017"
                     /authority=">Solanum erianthum D. Don."
     gene            <1..675
                     /gene="matK"
     CDS             1..675
                     /gene="matK"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /translation="MNSLITSKKPGYSFSKKNQRFFFFLYNSYVYECESTFVFLRKQSSHLRSTS
                     FGALLERIYFYGKIERLVXVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTFLLMNKWKFYLV
                     NFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNYSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMLENSFLINNPIKKFDTLVP
                     IIPLIGSLAKANFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRN"
ORIGIN
  1 ttgaatagtc ttattacttc aaagaagcct ggttactctt tttcaaaaaa aaatcaaaga
 61 ttcttcttct tcttatataa ttcttatgta tatgaatgcg aatccacttt cgtctttcta
121 cggaaacaat cttctcattt acgatcaaca tcttttggag cccttcttga acgaatatat
181 ttctatggaa aaatagaacg tcttgtanaa gtctttgcta aggattttca agttacccta
241 tggttattca aggatccttt gatgcattat gttaggtatg aaggaaaatc aattctggct
301 tcaaaaggga cgtttctttt gatgaataaa tggaaatttt accttgtcaa tttttggcaa
361 tgtcattttt ctatgtactt tcacacagga aggatccata taaaccaatt atccaactat
421 tcccgtgact ttatgggcta tctttcaagt gtgcgactaa atcattcaat ggtacgtagt
481 caaatgttag aaaattcatt tctaatcaat aatccaatta agaagttcga tacccttgtt
541 ccaattattc ctttgattgg atcattagct aaagcaaact tttgtaccgt attagggcat
601 cccattagta aaccggtttg gtccgattta tcagattctg atattattga ccgatttggg
661 cgtatatgca gaaat
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722374                          564 bp  DNA linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum erianthum.
ACCESSION   MH722374
VERSION     MH722374.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum erianthum
  ORGANISM  Solanum erianthum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 564)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 564)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..564
                     /organism="Solanum erianthum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP017"
                     /authority="Solanum erianthum D. Don."
     gene            <1..564
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..564
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="EYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLD
                     RYKGRCYRIERVIGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPVA
                     YVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNS
                     QPFMRW"
ORIGIN
  1 ctgagtacca aaccaaggat actgatatat tggcagcatt ccgagtaact cctcaacctg
 61 gagttccacc tgaagaagca ggggccgcgg tagctgccga atcttctact ggtacatgga
121 caactgtatg gaccgatgga cttaccagtc ttgatcgtta caaagggcgc tgctaccgca
181 tcgagcgtgt tattggagaa aaagatcaat atattgctta tgtagcttac cctttagacc
241 tttttgaaga aggttccgtt accaatatgt ttacttccat tgtaggtaat gtatttgggt
301 tcaaagccct gcgcgctcta cgtctggaag atctgcgaat ccctgttgct tatgttaaaa
361 ctttccaagg tccgcctcat gggatccaag ttgaaagaga taaattgaac aagtatggtc
421 gtcccctgtt gggatgtact attaaaccta aattggggtt atctgctaaa aactatggta
481 gagctgttta tgaatgtctt cgcggtggac ttgattttac caaagatgat gagaacgtga
541 actcacaacc atttatgcgt tgga
//
```

ชนิดที่ 4 มะเขือเทศ (*Solanum lycopersicum* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718333                 326 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum lycopersicum voucher WP001 5.8S ribosomal RNA gene, partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718333
VERSION     MH718333.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum lycopersicum (Lycopersicon esculentum)
  ORGANISM  Solanum lycopersicum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum;
            Lycopersicon.
REFERENCE   1  (bases 1 to 326)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 326)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..326
                     /organism="Solanum lycopersicum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP001"
                     /db_xref="taxon:4081"
                     /country="Thailand"
     misc_RNA        <1..>326
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 caagttgcgc ccgaagccat ttggccgagg gcacgtctgc ctgggcgtca cgcatcgcgt
 61 cgccccctcg cacgccgcaa ggctttagcg cgggggcgga agctggcctc ccgtgcgccc
121 cgagcgcgcg gccggcctaa atgcgagtcc acgtcgacgg acgtcgcggc aagtggtggt
181 tgaaactcaa ctctctcttg ttgtcgcggc tacagcccgt cgcgcgtccg gactccccga
241 ccctcaccgc gcctcaccag gcgctccgac cgcgacccca ggtcaggcgg gattacccgc
301 tgagtttaag catatcaata agcgga
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722363                          818 bp    DNA linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum lycopersicum.
ACCESSION   MH722363
VERSION     MH722363.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum lycopersicum
  ORGANISM  Solanum lycopersicum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 818)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 818)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..818
                     /organism="Solanum lycopersicum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP001"
                     /authority="Solanum lycopersicum L."
     gene            <1..818
                     /gene="matK"
     CDS             1..818
                     /gene="matK"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="YWVKDASSLHLLRFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNQRFFFFLYNSYV
                     YECESTFVFLRNQSSHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEAFAKDFQVTLWLFKDPVMHYVRYEG
                     KSILASKGTFPWMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFNTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRS
                     QMLENSFLINNPIKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTGLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRN
                     LFHYYSGSSKKKTLYRIKYILRLSCA"
ORIGIN
  1 cgctattggg taaaagatgc ctcttcttta catttattac gattctttct ccacgaatat
 61 tgtaatttga atagtcttat tacttcaaag aagcccggtt actccttttc aaaaaaaaat
121 caaagattct tcttcttctt atataattct tatgtatatg aatgcgaatc cactttcgtc
181 tttctacgga accaatcttc tcatttacga tcaacatctt ttggagccct tcttgaacga
241 atatatttct atggaaaaat agaacgtctt gtagaagcct ttgctaagga ttttcaggtt
301 accctatggt tattcaagga tcctgtcatg cattatgtta ggtatgaagg aaaatcaatt
361 ctggcttcaa aagggacgtt tccttggatg aataaatgga aattttacct tgtcaatttt
421 tggcaatgtc atttttctat gtactttaac acaggaagga tccatataaa ccaattatcc
481 aaccattccc gtgactttat gggctatctt tcaagtgtgc gactaaatca ttcaatggta
541 cgtagtcaaa tgttagaaaa ttcatttcta atcaataatc caattaagaa gttcgatacc
601 cttgttccaa ttattccttt gattggatca ttagctaaag cacacttttg taccggatta
661 gggcatccca ttagtaaacc agtttggtcc gatttatcag attctgatat tattgaccga
721 tttgggcgta tatgcagaaa tctttttcat tattatagtg gatcttccaa aaaaaagact
781 ttatatcgaa taaagtatat acttcgactt tcttgtgc
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722375                          702 bp    DNA linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum lycopersicum.
ACCESSION   MH722375
VERSION     MH722375.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum lycopersicum
  ORGANISM  Solanum lycopersicum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 702)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 702)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..702
                     /organism="Solanum lycopersicum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP001"
                     /authority="Solanum lycopersicum L."
     gene            <1..702
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..702
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="VGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAES
                     STGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFG
                     FKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYE
                     CLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQTETGEIKGHYLNATA"
ORIGIN
  1 tgttggattc aaagctggtg ttaaagagta caaattgact tattatactc ctgagtacca
 61 aaccaaggat actgatatat tagcagcatt ccgagtaact cctcaacctg gagttccacc
121 tgaagaagca ggggccgcgg tagctgccga atcttctact ggtacatgga caactgtatg
181 gaccgatgga cttaccagtc ttgatcgtta caaagggcga tgctaccgca tcgagcgcgt
241 tgttggagaa aaagatcaat atattgctta tgtagcttac cctttagacc tttttgaaga
301 aggttccgtt accaatatgt ttacttccat tgtaggtaac gtatttgggt tcaaagccct
361 gcgcgctcta cgtctggaag atctgcgaat ccctcctgct tatgttaaaa ctttccaagg
421 tccgcctcat gggatccaag ttgaaagaga taaattgaac aagtatggtc gtcccctgtt
481 gggatgtact attaaaccta aattggggtt atctgcaaaa aactacggta gagctgttta
541 tgaatgtctt cgcggtggac ttgattttac caaagatgat gagaacgtga actcacaacc
601 atttatgcgt tggagagatc gtttcttatt ttgtgccgaa gcacttttta aagcacagac
661 tgaaacaggt gaaatcaaag ggcattactt gaatgctact gc
//
```

ชนิดที่ 5 มะเขือสาแหรก (*Solanum mammosum* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718335                 444 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum mammosum voucher WP024 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718335
VERSION     MH718335.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum mammosum
  ORGANISM  Solanum mammosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 444)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 444)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..444
                     /organism="Solanum mammosum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP024"
                     /db_xref="taxon:115667"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>444
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 attgcagaat cccgtgaacc atcgagtctt tgaacgcaag ttgcgcccga agccactagg
 61 ccgagggcac gcctgcctgg gcgtcacgca tcgcgtcgcc ccccgcacgc cgcacggcgt
121 cgcgggggcg gatactggcc gcccgtgcgc ccctagcgcg cggccggcct aaatgcgagc
181 ccacgtcgac ggacgtcgcg gcatgtggtg gttgtaactc aactctctcg gtgccgcggc
241 cacagcccgt cgcgcgtgcg gactccccga ccctgccggc gctcaggcgc tccggacgcg
301 accccaggtc aggcgggatt acccgctgag tttaagcata tcaataagcg gaggaaaaga
361 aacttacgag gattccccta gtaacggcga gcgaaccggg aacagcccag ccttagaatc
421 gggcggctcc gccgtccgaa ttgt
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722364                          728 bp DNA  linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum mammosum.
ACCESSION   MH722364
VERSION     MH722364
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum mammosum
  ORGANISM  Solanum mammosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 728)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 728)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..728
                     /organism="Solanum mammosum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP024"
                     /authority="Solanum mammosum L."
     gene            <1..728
                     /gene="matK"
     CDS             1..728
                     /gene="matK"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="RFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNQRFFFFLYNSYVYECESTFVFLRK
                     QSFHLRSTSFGSLLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTFLL
                     MNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRQNHSMVRSQMFENAFLINNP
                     IKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWFDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGS"
ORIGIN
  1 ttacgattct ttctccacga atattgtaat ttgaatagtc ttattacttc aaagaagccc
 61 ggttactctt tttcaaaaaa aaatcaaaga ttcttcttct tcttatataa ttcttatgta
121 tatgaatgcg aatccacttt cgtctttcta cggaaacaat cttttcattt acgatcaaca
181 tcttttggat cccttcttga acgaatatat ttctatggaa aaatagaacg tctggtagaa
241 gtctttgcta aggattttca ggttacccta tggttattca aggatccttt gatgcattat
301 gttaggtatg aaggaaaatc aattctggct tcaaaaggga cgtttctttt gatgaataaa
361 tggaaatttt accttgtcaa tttttggcaa tgtcattttt ctatgtactt tcacacagga
421 aggatccata taaaccaatt atccaaccat tcccgtgact ttatgggcta tctttcaagt
481 gtgcgacaaa atcattcaat ggtacgtagt caaatgttcg aaaatgcatt tctaatcaat
541 aatccaatta agaaattcga tacccttgtt ccaattattc ctttgattgg atcattagct
601 aaagcacact tttgtaccgt attagggcat cccattagta aaccggtttg gttcgattta
661 tcagattctg atattattga ccgatttggg cgtatatgca gaaatctttt tcattattat
721 agcggatc
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722377                                703 bp    DNA     linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum mammosum.
ACCESSION   MH722377
VERSION     MH722377.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum mammosum
  ORGANISM  Solanum mammosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 703)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 703)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..703
                     /organism="Solanum mammosum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP024"
                     /authority="Solanum mammosum L."
     gene            <1..703
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..703
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="VGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAES
                     STGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFG
                     FKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYE
                     CLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQTETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 gtgttggatt caaagctggt gttaaagagt acaaattgac ttattatact cctgagtacc
 61 aaaccaagga tactgatata ttggcagcat tccgagtaac tcctcaacct ggagttccac
121 ctgaagaagc aggggccgcg gtagctgccg aatcttctac tggtacatgg acaactgtat
181 ggaccgatgg acttaccagt cttgatcgtt acaaagggcg atgctaccgc atcgagcgtg
241 ttgttggaga aaaagatcaa tatattgctt atgtagctta ccccttagac ctttttgaag
301 aaggttccgt taccaatatg tttacttcca ttgtaggtaa tgtatttggg ttcaaagccc
361 tgcgcgctct acgtctggaa gatctgcgaa tccctcctgc ttatgttaaa actttccaag
421 gtccgcctca tgggatccaa gttgaaagag ataaattgaa caagtatggt cgtcccctgt
481 tgggatgtac tattaaacct aaattggggt tatctgctaa aaactacggt agagctgttt
541 atgaatgtct tcgcggtgga cttgatttta ccaaagatga tgagaacgtg aactcacaac
601 catttatgcg ttggagagat cgtttcttat tttgtgccga agcacttttt aaagcacaga
661 ctgaaacagg tgaaatcaaa gggcattact tgaatgctac tga
//
```

ชนิดที่ 6 มะเขือยาว (*Solanum melongena* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718336                 449 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum melongena voucher WP016 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718336
VERSION     MH718336.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum melongena (eggplant)
  ORGANISM  Solanum melongena
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 449)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 449)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..449
                     /organism="Solanum melongena"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP016"
                     /db_xref="taxon:4111"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>449
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 gtgaattgca gaatcccgtg aaccatcgag tctttgaacg caagttgcgc ccgaagccgt
 61 caggccgagg gcacgtctgc ctgggcgtca cgcatcgcgt cgccccccgc acgccgctcg
121 gcgtcgcggg ggcggatact ggcctcccgt gcgcctcgcg cccgcggccg gcctaaatgc
181 gagtccacgt cgacggacgt cgcggcaagt ggtggttgta gctcaactct cttggtgccg
241 cggccacagc ccgtcgcgcg tgcgcgctcc acggcccctc cggcgctagc gcgctccgac
301 cgcgacccca ggtcaggcgg gattacccgc tgagtttaag catatcaata agcggaggaa
361 aagaaactta cgaggattcc cctagtaacg gcgagcgaac cgggaacagc ccagccttag
421 aatcgggcgg ctccgccgtc cgaattgta
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722365                          765 bp   DNA   linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum melongena.
ACCESSION   MH722365
VERSION     MH722365.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum melongena
  ORGANISM  Solanum melongena
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..765
                     /organism="Solanum melongena"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP016"
                     /authority="Solanum melongena L."
     gene            <1..765
                     /gene="matK"
     CDS             1..765
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="LRFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNPKFFFFLYNSYVYECESTFVFL
                     RKQSFHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVKVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGT
                     FLLMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYRSSVRLNHSMVRSQMFENSFL
                     INNPIKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSG
                     SSKKKTLYRIKY"
ORIGIN
  1 attacgattc tttctccacg aatattgtaa tttgaatagt cttattactt caaagaagcc
 61 cggttactct ttttcaaaaa aaaatccaaa attcttcttc ttcttatata attcttatgt
121 atatgaatgc gaatccactt tcgtctttct acggaaacaa tcttttcatt tacgatcaac
181 atcttttgga gcccttcttg aacgaatata tttctatgga aaaatagaac gtcttgtaaa
241 agtctttgct aaggattttc aggttaccct atggttattc aaggatcctt tgatgcatta
301 tgttaggtat gaaggaaaat caattctggc ttcaaaaggg acgtttcttt tgatgaataa
361 atggaaattt taccttgtca atttttggca atgtcatttt tctatgtact ttcacacagg
421 aaggatccat ataaaccaat tatccaacca ttcccgtgac tttatgggct atcgttcaag
481 tgtgcgacta aatcattcaa tggtacgtag tcaaatgttc gaaaattcat ttctaatcaa
541 taatccaatt aagaaattcg ataccccttgt tccaattatt cctttgattg gatcattagc
601 taaagcacac ttttgtaccg tattagggca tcccattagt aaaccggttt ggtccgattt
661 atcagattct gatattattg accgatttgg gcgtatatgc agaaatcttt ttcattatta
721 tagcggatct tccaaaaaaa agactttata tcgaataaag tatat
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722378                         705 bp  DNA linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum melongena.
ACCESSION   MH722378
VERSION     MH722378.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum melongena
  ORGANISM  Solanum melongena
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae;Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..705
                     /organism="Solanum melongena"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP016"
                     /authority="Solanum melongena L."
     gene            <1..705
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..705
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="SVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAA
                     ESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGN
                     VFGFKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGR
                     AVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 gcaagtgttg gattcaaagc tggtgttaaa gagtacaaat tgacttatta tactcctgag
 61 taccaaacca aggatactga tatattggca gcattccgag taactcctca acctggagtt
121 ccacctgaag aagcaggggc cgcggtagct gccgaatctt ctactggtac atggacaact
181 gtatggaccg atggacttac cagtcttgat cgttacaaag ggcgatgcta ccgcatcgag
241 cgtgttgttg gagaaaaaga tcaatatatt gcttatgtag cttacccttt agaccttttt
301 gaagaaggtt ccgttaccaa tatgtttact tccattgtag gtaatgtatt tgggttcaaa
361 gccctgcgcg ctctacgtct ggaagatctg cgaatccctc ctgcttatgt taaaactttc
421 caaggtccgc ctcatgggat ccaagttgaa agagataaat tgaacaagta tggtcgtccc
481 ctgttgggat gtactattaa acctaaattg gggttatctg ctaaaaacta cggtagagct
541 gtttatgaat gtcttcgcgg tggacttgat tttaccaaag atgatgagaa cgtgaactca
601 caaccattta tgcgttggag agatcgtttc tgcttttgtg ccgaagccct ttttaaagca
661 caggctgaaa caggtgaaat taaaggacat tacttgaatg ctact
//
```

ชนิดที่ 7 มะแว้งต้น (*Solanum sanitwongsei* W. G. Craib.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718337                 403 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum sanitwongsei voucher WP005 5.8S ribosomal RNA gene, partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718337
VERSION     MH718337.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum sanitwongsei
  ORGANISM  Solanum sanitwongsei
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;
            Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 403)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 403)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..403
                     /organism="Solanum sanitwongsei"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP005"
                     /db_xref="taxon:2292747"
                     /country="Thailand"
     misc_RNA        <1..>403
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 gaacgcaagt tgcgcccgaa gccgtcaggc cgagggcacg cctgcctggg cgtcacgcat
 61 cgcgtcgccc cccgcacgcc gctcggcgcc gcgggggcgg atactggcct cccgtgcgcc
121 tcgcgcccgc ggccggccta aatgcgagcc cacgtcgacg gacgtcgcgg caagtggtgg
181 ttgtaaccca actctcttgg cgccgcggcc acagcccgtc gcgcgtgcgc gctccacgac
241 cctgccggcg ctgccgcgct ccgaccgcga ccccaggtca ggcgggatta cccgctgagt
301 ttaagcatat caataagcgg aggaaaagaa acttacgagg attcccctag taacggcgag
361 cgaaccggga acagcccagc cttagaatcg ggcggctccg ccg
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722366                 775 bp    DNA  linear 02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum sanitwongsei.
ACCESSION   MH722366
VERSION     MH722366.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum sanitwongsei
  ORGANISM  Solanum sanitwongsei
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;
            Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 775)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 775)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..775
                     /organism="Solanum sanitwongsei"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP005"
                     /authority="Solanum sanitwongsei W. G. Craib."
     gene            <1..775
                     /gene="matK"
     CDS             1..775
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="LHLLRFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNPKFFFFLYNSYVYECESTF
                     VFLRKQSFHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILAS
                     KGTFLLMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMFEN
                     SFLINNPIKKFDTLVPIIRLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHY
                     YSGSSKKKTLYRIKYI"
ORIGIN
  1 tttacattta ttacgattct ttctccacga atattgtaat ttgaatagtc ttattacttc
 61 aaagaagccc ggttactctt tttcaaaaaa aaatccaaaa ttcttcttct tcttatataa
121 ttcttatgta tatgaatgcg aatctacttt cgtctttcta cggaaacaat cttttcattt
181 acgatcaaca tcttttggag cccttcttga acgaatatat ttctatggaa aaatagaacg
241 tcttgtagaa gtctttgcta aggattttca ggttacccta tggttattca aggatccttt
301 gatgcattat gttaggtatg aaggaaaatc aattctggct tcaaaaggga cgtttctttt
361 gatgaataaa tggaaatttt accttgtcaa tttttggcaa tgtcattttt ctatgtactt
421 tcacacagga aggatccata taaaccaatt atccaaccat tcccgtgact ttatgggcta
481 tctttcaagt gtgcgactaa atcattcaat ggtacgtagt caaatgttcg aaaattcatt
541 tctaatcaat aatccaatta agaaattcga tacccttgtt ccaattattc gtttgattgg
601 atcattagct aaagcacact tttgtaccgt attagggcat cccattagta aaccggtttg
661 gtccgattta tcagattctg atattattga ccgatttggg cgtatatgca gaaatctttt
721 tcattattat agcggatctt ccaaaaaaaa gactttatat cgaataaagt atata
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722379                 704 bp DNA  linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum sanitwongsei.
ACCESSION   MH722379
VERSION     MH722379.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum sanitwongsei
  ORGANISM  Solanum sanitwongsei
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons;
            Gunneridae;Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae;
            Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 704)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 704)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..704
                     /organism="Solanum sanitwongsei"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP005"
                     /authority="Solanum sanitwongsei W. G. Craib."
     gene            <1..704
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..704
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="SVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAE
                     SSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVF
                     GFKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVY
                     ECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 caagtgttgg attcaaagct ggtgttaaag agtacaaatt gacttattat actcctgagt
 61 accaaaccaa ggatactgat atattggcag cattccgagt aactcctcaa cctggagttc
121 cacctgaaga agcaggggcc gcggtagctg ccgaatcttc tactggtaca tggacaactg
181 tatggaccga tggacttacc agtcttgatc gttacaaagg gcgatgctac cgcatcgagc
241 gtgttgttgg agaaaaagat caatatattg cttatgtagc ttacccttta gacctttttg
301 aagaaggttc cgttaccaat atgtttactt ccattgtagg taatgtattt gggttcaaag
361 ccctgcgcgc tctacgtctg gaagatctgc gaatccctcc tgcttatgtt aaaactttcc
421 aaggtccgcc tcatgggatc caagttgaaa gagataaatt gaacaagtat ggtcgtcccc
481 tgttgggatg tactattaaa cctaaattgg ggttatccgc taaaaactac ggtagagctg
541 tttatgaatg tcttcgcggt ggacttgatt ttaccaaaga tgatgagaac gtgaactcac
601 aaccatttat gcgttggaga gatcgtttct gcttttgtgc cgaagccctt tttaaagcac
661 aggctgaaac aggtgaaatc aaaggacatt acttgaatgc tact
//
```

ชนิดที่ 8 มะเขือเครือ (*Solanum seaforthianum* Andrews.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718338                 446 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum seaforthianum voucher WP014 5.8S ribosomal RNA gene,partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence;and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718338
VERSION     MH718338.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum seaforthianum
  ORGANISM  Solanum seaforthianum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta;eudicotyledons; Gunneridae;
            Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae;
            Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 446)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 446)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..446
                     /organism="Solanum seaforthianum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP014"
                     /db_xref="taxon:45840"
                     /country="Thailand"
     misc_RNA        <1..>446
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2,
                      and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 gaattgcaga atcccgtgaa ccatcgagtc tttgaacgca agttgcgccc gaagccgtta
 61 ggccgagggc acgtctgcct gggcgtcacg catcgcgtcg ccccccgcac gccgcagggc
121 gtcgtggggc ggaaactggc ctcccgtgcg ccccgagccc gcggccggcc caaatgcgag
181 tccgcgtcga cggtagtcac ggcatgtggt ggttggacct caactctatc cgttgtcgcg
241 gctacggccc gtcgcgcgcg ccgactcccg gaccccccttc gcgctcaggc gctccgaccg
301 cgaccccagg tcaggcggga tcacccgctg agtttaagca tatcaataag cggaggaaaa
361 gaaacttaca aggattcccc tagtaacggc gagcgaaccg ggaacagccc agccttagaa
421 tcgggcggct ccgccgtccg aattgt
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722367                 755 bp DNA  linear  02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum seaforthianum.
ACCESSION   MH722367
VERSION     MH722367.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum seaforthianum
  ORGANISM  Solanum seaforthianum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta;eudicotyledons; Gunneridae;
            Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae;
            Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 755)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 755)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..755
                     /organism="Solanum seaforthianum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP014"
                     /authority="Solanum seaforthianum Andrews."
     gene            <1..755
                     /gene="matK"
     CDS             1..755
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="LRFFLHEYCNLNSLITSKKSGYSFSKKNQRFFFFLYNSYVYECESTFVFL
                     RNQSSHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPFTHYVRYEGKSILASKGT
                     FLLINKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMLENSFL
                     INNPIKKFDTLVPIIPLIGSLAKVHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSG
                     SSKKKTLYR"
ORIGIN
  1 attacgattc tttctccacg aatattgtaa tttgaatagt cttattactt caaagaagtc
 61 cggttactcc ttttcaaaaa aaaatcaaag attcttcttc ttcttatata attcttatgt
121 atatgaatgc gaatccactt tcgtctttct acggaaccaa tcttctcatt tacgatcaac
181 atcttttgga gcccttcttg aacgaatata tttctatgga aaaatagaac ggcttgtaga
241 agtctttgct aaggattttc aggttaccct atggttattc aaggaccctt tcacccatta
301 tgttaggtat gaaggaaaat caattctggc ttcaaaaggg acttttcttt tgataaataa
361 atggaaattt taccttgtca atttttggca atgtcatttt tctatgtact ttcacacagg
421 aaggatccat ataaaccaat tatccaacca ttcccgtgac tttatgggct atctttcaag
481 tgtgcgacta aatcattcaa tggtacgtag tcaaatgtta gaaaattcat ttctaatcaa
541 taatccaatt aagaagttcg ataccccttgt tccaattatt cctttgattg gatcattagc
601 taaagtacac ttttgtaccg tattagggca tcccattagt aaaccggttt ggtccgattt
661 atcagattct gatattattg accgatttgg gcgtatatgc agaaatcttt ttcattatta
721 tagcggatct tccaaaaaaa agactttata tcgaa
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722380          712 bp  DNA  linear  04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum seaforthianum.
ACCESSION   MH722380
VERSION     MH722380.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum seaforthianum
  ORGANISM  Solanum seaforthianum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta;
            Tracheophyta;Spermatophyta; Magnoliophyta;eudicotyledons; Gunneridae;
            Pentapetalae; asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae;
            Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 712)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 712)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..712
                     /organism="Solanum seaforthianum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP014"
                     /authority="Solanum seaforthianum Andrews."
     gene            <1..712
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..712
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="KASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVA
                     AESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGN
                     VFGFKALRALRLEDLRIPVAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRA
                     VYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQTETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 tctaaagcaa gtgttggatt caaagctggt gttaaagagt acaaattgac ttattatact
 61 cctgagtacc aaaccaagga tactgatata ttggcagcat tccgagtaac tcctcaacct
121 ggagttccac ctgaagaagc aggggccgcg gtagctgccg aatcttctac tggtacatgg
181 acaactgtat ggaccgatgg acttaccagt cttgatcgtt acaaagggcg atgctaccgc
241 atcgaacgtg ttgttggaga aaaagatcaa tatattgctt atgtagctta ccctttagac
301 ctttttgagg aaggttccgt taccaatatg tttacttcca ttgtaggtaa tgtatttggg
361 ttcaaagcct tgcgcgctct acgtctggaa gatctgcgaa tccctgttgc ttatgttaaa
421 actttccaag gtccgcctca tggtatccaa gttgaaagag ataaattgaa caagtatggt
481 cgtcccctgt tgggatgtac tattaaacct aaattggggt tatctgctaa aaactacggt
541 agagctgttt atgaatgtct tcgcggtgga cttgatttta ccaaagatga tgagaacgtg
601 aactcacaac catttatgcg ttggagagat cgtttcttat tttgtgccga agcacttttt
661 aaagcacaga ctgaaacagg tgaaatcaaa gggcattact tgaatgctac tg
//
```

ชนิดที่ 9 ต้อยตั่ง (*Solanum spirale* Roxb.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718339                 437 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum spirale voucher WP002 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718339
VERSION     MH718339.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum spirale
  ORGANISM  Solanum spirale
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 437)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 437)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..437
                     /organism="Solanum spirale"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP002"
                     /db_xref="taxon:1045175"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>437
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 tgaattgcag aatcccgtga accatcgagt ttttgaacgc aagttgcgcc cgaagccatc
 61 aggccgaggg cacgtctgcc tgggcgtcac gcatcgcgtc gccccccgca cgccgcatgg
121 cgtcgtgggg cggatactgg ccccccgtgc gcctcgagct cgcggccggc ccaaatgcga
181 gtccacgtcg acggacgtcg cggcatgtgg tggttggaac tcaactctct cggtgccgcg
241 gctacggccc gtcgcgcgta cggactcccg gaccctactc gcgctcaggc gctccgaccg
301 cgaccccagg tcaggcggga ttacccgctg agtttaagca tatcaataag cggaggaaaa
361 gaaacttaca aggattcccc tagtaacggc gagcgaaccg ggaacagccc agccttagaa
421 tcgggcggcc gcgccgt
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722368            781 bp  DNA  linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum spirale.
ACCESSION   MH722368
VERSION     MH722368
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum spirale
  ORGANISM  Solanum spirale
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 781)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 781)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..781
                     /organism="Solanum spirale"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP002"
                     /authority="Solanum spirale Roxb."
     gene            <1..781
                     /gene="matK"
     CDS             1..781
                     /gene="matK"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="FFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNQRFFFFLYNSYVYEYESTFGFLRKQ
                     SSHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQLTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTFLLI
                     NKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMLENVFLINNPI
                     KKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGSSKKKT
                     LYRIKYILRVSCA"
ORIGIN
  1 gattctttct ccacgaatat tgtaatttga atagtcttat tacttcaaag aagcccggtt
 61 actctttttc aaaaaaaaat caaagattct tcttcttctt atataattct tatgtatatg
121 aatacgaatc cactttcggc tttctacgga aacaatcttc tcatttacga tcaacatctt
181 ttggagccct tcttgaacga atatatttct atggaaaaat agaacgtctt gtagaagtct
241 ttgctaagga ttttcagctt accctatggt tattcaagga tcctttgatg cattatgtta
301 ggtatgaagg aaaatcaatt ctggcttcaa aagggacgtt tcttttgatt aataaatgga
361 aattttacct tgtcaatttt tggcaatgtc atttttctat gtactttcac acaggaagga
421 tccatataaa ccaattatcc aaccattccc gtgactttat gggctatctt tcaagtgtgc
481 gactaaatca ttcaatggtc cgtagtcaaa tgttagaaaa tgtatttcta atcaataatc
541 caattaagaa gttcgatacc cttgttccaa ttattccttt gattggatca ttagctaaag
601 cacacttttg taccgtatta gggcatccca ttagtaaacc ggtttggtcc gatttatcag
661 attctgatat tattgaccga tttgggcgta tatgcagaaa tctttttcat tattatagcg
721 gatcttccaa aaaaaagact ttatatcgaa taaagtatat acttcgagtt tcttgtgcta
781 g
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722381                         700 bp   DNA     linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum spirale.
ACCESSION   MH722381
VERSION     MH722381.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum spirale
  ORGANISM  Solanum spirale
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 700)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 700)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..700
                     /organism="Solanum spirale"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP002"
                     /authority="Solanum spirale Roxb."
     gene            <1..700
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..700
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="ASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAA
                     ESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVIGEQDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNV
                     FGFKALRALRLEDLRIPPAYTKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAV
                     YECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYL"
ORIGIN
  1 aaagcaagtg ttggattcaa agctggtgtt aaagagtaca aattgactta ttatactcct
 61 gagtaccaaa ccaaggatac tgatatattg gcagcattcc gagtaactcc tcaacctgga
121 gttccacctg aagaagcagg ggccgcggta gctgccgaat cttctactgg tacatggaca
181 actgtatgga ccgatggact taccagtctt gatcgttaca aagggcgatg ctaccgcatc
241 gagcgtgtta ttggagaaca agatcaatat attgcttatg tagcttaccc tttagacctt
301 tttgaagaag gttccgttac caatatgttt acttccattg taggtaatgt atttgggttc
361 aaagccctgc gcgctctacg tctggaagat ctgcgaatcc ctcctgctta tactaaaact
421 ttccaaggtc cgcctcatgg gatccaagtt gaaagagata aattgaacaa gtatggtcgt
481 cccctgttgg gatgtactat taaacctaaa ttggggttat ctgctaaaaa ctacggtaga
541 gctgtttatg aatgtcttcg cggtggactt gattttacca aagatgatga gaacgtaaac
601 tcacaaccat ttatgcgttg gagagatcgt ttctgctttt gtgccgaagc actttttaaa
661 gcacaggctg aaacaggtga aatcaaaggg cattacttga
//
```

ชนิดที่ 10 มะอึก (*Solanum stramoniifolium* Jacq.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718340                 331 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum stramoniifolium voucher WP012 5.8S ribosomal RNA gene, partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718340
VERSION     MH718340.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum stramoniifolium
  ORGANISM  Solanum stramoniifolium
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 331)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 331)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..331
                     /organism="Solanum stramoniifolium"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP012"
                     /db_xref="taxon:205583"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>331
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 atcgagtctt tgaacgcaag ttgcgcccga agccattagg ccgagggcac gtctgcctgg
 61 gcgtcacgca tcgcgtcgcc cccgcacgcc gcacggcgtg gcggggcgga tactggcctc
121 ccgtgcgcct cgagcccgcg gccggcccaa atgcgagccc acgtcgacgg acgtcgcggc
181 atgtggtggt tggaactcga ccgactctct cggtgccgcg gccacagccc gtcgcgcgtg
241 cgcgctcccc gaccctccca gcgccgaggc gctccgaccg cgaccccagg tcaggcggga
301 ttacccgctg agtttaagca tatcaataag c
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722369                   765 bp  DNA linear   02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum stramonifolium.
ACCESSION   MH722369
VERSION     MH722369.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum stramonifolium
  ORGANISM  Solanum stramonifolium
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 765)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..765
                     /organism="Solanum stramonifolium"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP012"
                     /authority="Solanum stramonifolium Jacq."
     gene            <1..765
                     /gene="matK"
     CDS             1..765
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="LRFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNKRFFFFLYNSYVYECESTFVFLR
                     KQSFHLRSTSFGALLDRIYFYGKIERLVEVCAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYQGKSILASKGTFL
                     LMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSCDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMFENSFLINN
                     PIKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGSSKK
                     KTLYRIKY"
ORIGIN
  1 attacgattc tttcttcacg aatattgtaa tttgaatagt cttattactt caaagaagcc
 61 cggttattct ttttcaaaaa aaaataaaag attcttcttc ttcttatata attcttatgt
121 atatgaatgc gaatctactt tcgtctttct acggaaacaa tcttttcatt tacgatcaac
181 atcttttgga gctcttcttg accgaatata tttctatgga aaaatagaac gtcttgtaga
241 agtctgtgct aaggattttc aggttaccct atggttattc aaggatcctt tgatgcatta
301 tgttaggtat caaggaaaat caattctggc ttcaaaaggg acgtttcttt tgatgaataa
361 atggaaattt taccttgtca atttttggca atgtcatttt tctatgtact ttcacacagg
421 aaggatccat ataaaccaat tatccaacca ttcctgtgac tttatgggct atctttcaag
481 tgtgcgacta aatcattcaa tggtacgtag tcaaatgttc gaaaattcat ttctaatcaa
541 taatccaatt aagaaattcg ataccccttgt tccaattatt cctttgattg gatcattagc
601 taaagcacac ttttgtaccg tattagggca tcccattagt aaaccggttt ggtccgattt
661 atcagattct gatattattg accgatttgg gcgtatatgc agaaatcttt ttcattatta
721 tagcggatct tccaaaaaaa agactttata tcgaataaag tatat
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722382                         688 bp DNA  linear  04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum stramonifolium.
ACCESSION   MH722382
VERSION     MH722382.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum stramonifolium
  ORGANISM  Solanum stramonifolium
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..688
                     /organism="Solanum stramonifolium"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP012"
                     /authority="Solanum stramonifolium Jacq."
     gene            <1..688
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..688
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="GVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAESSTGT
                     WTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKA
                     LRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECL
                     RGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 gctggtgtta aagagtacaa attgacttat tatactcctg agtaccaaac caaggatact
 61 gatatattgg cagcattccg agtaactcct caacctggag ttccacctga agaagcaggg
121 gccgcggtag ctgccgaatc ttctactggt acatggacaa ctgtatggac cgatggactt
181 accagtcttg atcgttacaa agggcgatgc taccgcatcg agcgtgttgt tggagaaaaa
241 gatcaatata ttgcttatgt agcttaccct ttagaccttt ttgaagaagg ttccgttacc
301 aatatgttta cttccattgt aggtaatgta tttgggttca aagccctgcg cgctctacgt
361 ctggaagatc tgcgaatccc tactgcttat attaaaactt tccaaggtcc gcctcatggg
421 atccaagttg aaagagataa attgaacaag tatggtcgtc ccctgttggg atgtactatt
481 aaaccgaaat tggggttatc tgctaaaaac tacggtagag ctgtttatga atgtcttcgc
541 ggtggacttg attttactaa agatgatgag aacgtgaact cacaaccatt tatgcgttgg
601 agagatcgtt tctgcttttg tgccgaagca ctttttaaag cacaggctga aacaggtgaa
661 atcaaagggc attacttgaa tgctactg
//
```

ชนิดที่ 11 มะเขือพวง (*Solanum torvum* Sw.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718341                 442 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum torvum voucher WP010 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718341
VERSION     MH718341.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum torvum
  ORGANISM  Solanum torvum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 442)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 442)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..442
                     /organism="Solanum torvum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP010"
                     /db_xref="taxon:119830"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>442
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 ggtgtgaatt gcagaatccc gtgaaccatc gagtctttga acgcaagttg cgcccgaagc
 61 cgtcaggccg agggcacgtc tgcctgggcg tcacgcatcg cgtcgccccc cgcacgccgc
121 tcggcgtcgc gggggcggat actggcctcc cgtgcgcctc gcgcccgcgg ccggcctaaa
181 tgcgagccca cgccgacgga cgtcgcggca attggtggtt gtgagtcaac tctcttggtg
241 ccgcggctac ggcccgtcgt gcgtgcgtgc tacccgaccc ttcaggcgcc attgcgctcc
301 gaccgcgacc ccaggtcagg cgggattacc cgctgagttt aagcatatca ataagcggag
361 gaaaagaaac ttacaaggat tcccctagta acggcgagcg aaccgggaac agcccagcct
421 tagaatcggg cggctccgcc gt
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722370                          763 bp DNA  linear 02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum torvum.
ACCESSION   MH722370
VERSION     MH722370.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum torvum
  ORGANISM  Solanum torvum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 763)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 763)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..763
                     /organism="Solanum torvum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP010"
                     /authority="Solanum torvum Sw."
     gene            <1..763
                     /gene="matK"
     CDS             1..763
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="RFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNQRFFFFLYNSYVYECESTFVFLR
                     KQSFHLRSTSFGALLERIYFYGKMERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTF
                     LLMNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMFENSFLI
                     NNPIKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGS
                     SKKKTLYRIKYI"
ORIGIN
  1 acgattcttt ctccacgaat attgtaattt gaatagtctt attacttcaa agaagcccgg
 61 ttactctttt tcaaaaaaaa atcaaagatt cttcttcttc ttatataatt cttatgtata
121 tgaatgcgaa tctactttcg tctttctacg gaaacaatct tttcatttac gatcaacatc
181 ttttggagcc cttcttgaac gaatatattt ctatggaaaa atggaacgtc ttgtagaagt
241 ctttgctaag gattttcagg ttaccctatg gttattcaaa gatcctttga tgcattatgt
301 taggtatgaa ggaaaatcaa ttctggcttc aaaagggacg tttcttttga tgaataaatg
361 gaaattttac cttgtcaatt tttggcaatg tcatttttct atgtactttc acacaggaag
421 gatccatata aaccaattat ccaaccattc ccgtgacttt atgggctatc tttcaagtgt
481 gcgactaaat cattcgatgg tacgtagtca aatgttcgaa aattcatttc taatcaataa
541 tccaattaag aaattcgata cccttgttcc aattattcct ttgattggat cattagctaa
601 agcacacttt tgtaccgtat tagggcatcc cattagtaaa ccggtttggt ccgatttatc
661 agattctgat attattgacc gatttgggcg tatatgcaga aatctttttc attattatag
721 cggatcttcc aaaaaaaaga ctttatatcg aataaagtat ata
//
```

ตำแหน่ง rbcL

```
LOCUS       MH722383                         709 bp  DNA linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum torvum.
ACCESSION   MH722383
VERSION     MH722383.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum torvum
  ORGANISM  Solanum torvum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 709)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 709)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..709
                     /organism="Solanum torvum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP010"
                     /authority="Solanum torvum Sw."
     gene            <1..709
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..709
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="KASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVA
                     AESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVIGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGN
                     VFGFKALRALRLEDLRIPTAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRA
                     VYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 taaagcaagt gttggattca aagctggtgt taaagagtac aaattgactt attatactcc
 61 tgagtaccaa accaaggata ctgatatatt ggcagcattc cgagtaactc ctcaacctgg
121 agttccacct gaagaagcag gggccgcggt agctgccgaa tcttctactg gtacatggac
181 aactgtatgg accgatggac ttaccagtct tgatcgttac aaagggcgat gctaccgcat
241 cgagcgtgtt attggagaaa aagatcaata tattgcttat gtagcttacc ctttagacct
301 ttttgaagaa ggttccgtta ccaatatgtt tacttccatt gtaggtaatg tatttgggtt
361 caaagccctg cgcgctctac gtctggaaga tctgcgaatc cctactgctt atgttaaaac
421 tttccaaggt ccgcctcatg ggatccaagt tgaaagagat aaattgaaca agtatggtcg
481 tcccctgttg ggatgtacta ttaaacctaa attggggtta tctgctaaaa actacggtag
541 agctgtttat gaatgtcttc gcggtggact tgattttacc aaagatgatg agaacgtgaa
601 ctcacaacca tttatgcgtt ggagagatcg tttctgcttt tgtgccgaag cactttttaa
661 agcacaggct gaaacaggtg aaatcaaagg acattacttg aatgctact
//
```

ชนิดที่ 12 มะแว้งเครือ (*Solanum trilobatum* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718342                 436 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum trilobatum voucher WP026 5.8S ribosomal RNA gene, partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718342
VERSION     MH718342.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum trilobatum
  ORGANISM  Solanum trilobatum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 436)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 436)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..436
                     /organism="Solanum trilobatum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP026"
                     /db_xref="taxon:404689"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>436
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 tgcagaatcc cgtgaaccat cgagtctttg aacgcaagtt gcgcccgaag ccgtcaggcc
 61 gaggggcacgt ctgcctgggc gtcacgcatc gcgtcgcccc ccgcacgccg ctcggcgtcg
121 cgggggcgga tactggcctc ccgtgcgcct cgcgcccgcg gccggcctaa atgcgagtcc
181 acgtcgacgg acgtcgcggc aagtggtggt tgtaactcaa ctctcttggt gccgcggcca
241 cagcccgtcg cgcgtgcgtg ctccacgacc ctgccggcgc cagcgcgctc cgaccgcgac
301 cccaggtcag gcgggattac ccgctgagtt taagcatatc aataagcgga ggaaaagaaa
361 cttacaagga ttcccctagt aacggcgagc gaaccgggaa cagcccagcc ttagaatcgg
421 gcggccccgc cgtccg
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722384                         705 bp DNA   linear  04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum trilobatum.
ACCESSION   MH722384
VERSION     MH722384.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum trilobatum
  ORGANISM  Solanum trilobatum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..705
                     /organism="Solanum trilobatum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP026"
                     /authority="Solanum trilobatum L."
     gene            <1..705
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..705
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="ASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVA
                     AESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVG
                     NVFGFKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYG
                     RAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNA"
ORIGIN
  1 aaagcaagtg ttggattcaa agctggtgtt aaagagtaca aattgactta ttatactcct
 61 gagtaccaaa ccaaggatac tgatatattg gcagcattcc gagtaactcc tcaacctgga
121 gttccacctg aagaagcagg ggccgcggta gctgccgaat cttctactgg tacatggaca
181 actgtatgga ccgatggact taccagtctt gatcgttaca aagggcgatg ctaccgcatc
241 gagcgtgttg ttggagaaaa agatcaatat attgcttatg tagcttaccc tttagacctt
301 tttgaagaag gttccgttac caatatgttt acttccattg taggtaatgt atttgggttc
361 aaagccctgc gcgctctacg tctggaagat ctgcgaatcc ctcctgctta tgttaaaact
421 ttccaaggtc cgcctcatgg gatccaagtt gaaagagata aattgaacaa gtatggtcgt
481 cccctgttgg gatgtactat taaacctaaa ttggggttat ccgctaaaaa ctacggtaga
541 gctgtttatg aatgtcttcg cggtggactt gattttacca aagatgatga gaacgtgaac
601 tcacaaccat ttatgcgttg gagagatcgt ttctgctttt gtgccgaagc ccttttaaa
661 gcacaggctg aaacaggtga aatcaaagga cattacttga atgct
//
```

ชนิดที่ 13 มันฝรั่ง (*Solanum tuberosum* L.)

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722385                                705 bp DNA  linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum tuberosum.
ACCESSION   MH722385
VERSION     MH722385.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum tuberosum
  ORGANISM  Solanum tuberosum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 705)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..705
                     /organism="Solanum tuberosum"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /authority="Solanum tuberosum L."
     gene            <1..705
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..705
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="ASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAA
                     ESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMLTSIVGNV
                     FGFKALRALRLEDLRIPVAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAV
                     YECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNA"
ORIGIN
  1 aaagcaagtg ttggattcaa agctggtgtt aaagagtaca aattgactta ttatactcct
 61 gagtaccaaa ccaaggatac tgatatattg gcagcattcc gagtaactcc tcaacctgga
121 gttccacctg aagaagcagg ggccgcggta gctgccgaat cttctactgg tacatggaca
181 actgtatgga ccgatggact taccagtctt gatcgttaca aagggcgatg ctaccgcatc
241 gagcgtgttg ttggagaaaa agatcaatat attgcttatg tagcttaccc tttagacctt
301 tttgaagaag gttccgttac caatatgctt acttccattg taggtaacgt atttgggttc
361 aaagccctgc gcgctctacg tctggaagat ctgcgaatcc ctgttgctta tgttaaaact
421 ttccaaggcc cgcctcatgg gatccaagtt gaaagagata aattgaacaa gtatggtcgt
481 cccctgttgg gatgtactat taaacctaaa ttggggttat ctgcaaaaaa ctacggtaga
541 gctgtttatg aatgtcttcg cggtggactt gattttacca aagatgatga gaacgtgaac
601 tcacaaccat ttatgcgttg gagagatcgt ttcttatttt gtgccgaagc actttttaaa
661 gcacaggctg aaacaggtga aatcaaaggg cattacttga atgct
//
```

ชนิดที่ 14 มะเขือต้น (*Solanum wrightii* Benth.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718343                 407 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum wrightii voucher WP013 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence;
            internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit
            ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718343
VERSION     MH718343.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum wrightii
  ORGANISM  Solanum wrightii
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 407)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 407)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..407
                     /organism="Solanum wrightii"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP013"
                     /db_xref="taxon:374009"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>407
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 agaatcccgt gaaccatcga gtctttgaac gcaagttgcg cccgaagccg tcaggccgag
 61 ggcacgtctg cctgggcgtc acgcatcgcg tcgccccccg cacgccgctc ggcgtcgcgg
121 gggcggatac tggcccccccg tgcgccccgg gcgcgcggcc ggcccaaatg cgagtccacg
181 tcgacggacg tcgcggcaag tggtggttgg aactcaactc tcttggcgcc gcggccacgc
241 ccgtcgcgcg cgcggactcc ccgaccctcg cagcgctcgc gcgctccgac cgcgacccca
301 ggtcaggcgg gattacccgc tgagtttaag catatcaata agcggaggaa aagaaactta
361 cgaggattcc cctagtaacg gcgagcgaac cgggaacagc ccagcct
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722386                          698 bp    DNA     linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum wrightii.
ACCESSION   MH722386
VERSION     MH722386.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum wrightii
  ORGANISM  Solanum wrightii
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 698)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 698)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..698
                     /organism="Solanum wrightii"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP013"
                     /authority="Solanum wrightii Benth."
     gene            <1..698
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..698
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=3
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="VGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAES
                     STGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFG
                     FKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYE
                     CLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFLFCAEALFKAQTETGEIKGHYLNA"
ORIGIN
  1 gtgttggatt caaagctggt gttaaagagt acaaattgac ttattatact cctgagtacc
 61 aaaccaagga tactgatata ttggcagcat tccgagtaac tcctcaacct ggagttccac
121 ctgaagaagc aggggccgcg gtagctgccg aatcttctac tggtacatgg acaactgtat
181 ggaccgatgg acttaccagt cttgatcgtt acaaagggcg atgctaccgc atcgagcgtg
241 ttgttggaga aaaagatcaa tatattgctt atgtagctta ccctttagac ctttttgaag
301 aaggttccgt taccaatatg tttacttcca ttgtaggtaa tgtatttggg ttcaaagccc
361 tgcgcgctct acgtctggaa gatctgcgaa tccctactgc ttatattaaa actttccaag
421 gtccgcctca tgggatccaa gttgaaagag ataaattgaa caagtatggt cgtcccctgt
481 tgggatgtac tattaaacct aaattggggt tatctgctaa aaactacggt agagctgttt
541 atgaatgtct tcgcggtgga cttgatttta ccaaagatga tgagaacgtg aactcacaac
601 catttatgcg ttggagagat cgtttcttat tttgtgccga agcacttttt aaagcacaga
661 ctgaaacagg tgaaatcaaa ggacattact tgaatgct
//
```

ชนิดที่ 15 มะเขือขม (*Solanum aethiopicum* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718329                 379 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum aethiopicum voucher WP009 5.8S ribosomal RNA gene, partial
            sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large
            subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718329
VERSION     MH718329.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum aethiopicum
  ORGANISM  Solanum aethiopicum
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 379)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 379)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..379
                     /organism="Solanum aethiopicum"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP009"
                     /db_xref="taxon:205524"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>379
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                     2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 ggtgtgaatt gcagaatccc gtgaaccatc gagtctttga acgcaagttg cgcccgaagc
 61 cgtcaggccg agggcacgtc tgcctgggcg tcacgcatcg cgtcgccccc cgcacgccgc
121 tcggcgtcgc gggggcggat actggcctcc cgtgcgcctc gcgcccgcgg ccggcctaaa
181 tgcgagtcca cgtcgacgga cgtcgcggca agtggtggtt gtaactcaac tctcttggtg
241 ccgcggccac agcccgtcgc gcgtgcgcgc tccacgaccc tgccggcgct agcgcgctcc
301 gaccgcgacc ccaggtcagg cgggattacc cgctgagttt aagcatatca ataagcggag
361 gaaaagaaac ttacaagga
//
```

ตำแหน่ง *mat*K

```
LOCUS       MH722360                          761 bp DNA   linear  02-AUG-2018
DEFINITION  Solanum aethiopicm.
ACCESSION   MH722360
VERSION     MH722360.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum aethiopicm
  ORGANISM  Solanum aethiopicm
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 761)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 761)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: aligment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..761
                     /organism="Solanum aethiopicm"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP009"
                     /authority="Solanum aethiopicm L."
     gene            <1..761
                     /gene="matK"
     CDS             1..761
                     /gene="matK"
                     /codon_start=2
                     /transl_table=11
                     /product="maturase K"
                     /translation="RFFLHEYCNLNSLITSKKPGYSFSKKNPKFFFFLYNSYVYECESTFVFLRK
                     QSFHLRSTSFGALLERIYFYGKIERLVEVFAKDFQVTLWLFKDPLMHYVRYEGKSILASKGTFLL
                     MNKWKFYLVNFWQCHFSMYFHTGRIHINQLSNHSRDFMGYLSSVRLNHSMVRSQMFENSFLINNP
                     IKKFDTLVPIIPLIGSLAKAHFCTVLGHPISKPVWSDLSDSDIIDRFGRICRNLFHYYSGSSKKK
                     TLYRIKY"
ORIGIN
  1 acgattcttt ctccacgaat attgtaattt gaatagtctt attacttcaa agaagcccgg
 61 ttactctttt tcaaaaaaaa atccaaaatt cttcttcttc ttatataatt cttatgtata
121 tgaatgcgaa tctactttcg tctttctacg gaaacaatct tttcatttac gatcaacatc
181 ttttggagcc cttcttgaac gaatatattt ctatggaaaa atagaacgtc ttgtagaagt
241 ctttgctaag gattttcagg ttaccctatg gttattcaag gatcctttga tgcattatgt
301 taggtatgaa ggaaaatcaa ttctggcttc aaaagggacg tttcttttga tgaataaatg
361 gaaattttac cttgtcaatt tttggcaatg tcatttttct atgtactttc acacaggaag
421 gatccatata aaccaattat ccaaccattc ccgtgacttt atgggctatc tttcaagtgt
481 gcgactaaat cattcaatgg tacgtagtca aatgttcgaa aattcatttc taatcaataa
541 tccaattaag aaattcgata cccttgttcc aattattcct ttgattggat cattagctaa
601 agcacacttt tgtaccgtat tagggcatcc cattagtaaa ccggtttggt ccgatttatc
661 agattctgat attattgacc gatttgggcg tatatgcaga aatctttttc attattatag
721 cggatcttcc aaaaaaaaga ctttatatcg aataaagtat a
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722371                          699 bp    DNA     linear 04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum aethiopicm.
ACCESSION   MH722371
VERSION     MH722371.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum aethiopicm
  ORGANISM  Solanum aethiopicm
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 699)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 699)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..699
                     /organism="Solanum aethiopicm"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /specimen_voucher="WP009"
                     /authority="Solanum aethiopicm L."
     gene            <1..699
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..699
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                     /translation="GFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVAAESS
                     TGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGF
                     KALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYEC
                     LRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 gttggattca aagctggtgt taaagagtac aaattgactt attatactcc tgagtaccaa
 61 accaaggata ctgatatatt ggcagcattc cgagtaactc ctcaacctgg agttccacct
121 gaagaagcag gggccgcggt agctgccgaa tcttctactg gtacatggac aactgtatgg
181 accgatggac ttaccagtct tgatcgttac aaagggcgat gctaccgcat cgagcgtgtt
241 gttggagaaa aagatcaata tattgcttat gtagcttacc ctttagacct ttttgaagaa
301 ggttccgtta ccaatatgtt tacttccatt gtaggtaatg tatttgggtt caaagccctg
361 cgcgctctac gtctggaaga tctgcgaatc cctcctgctt atgttaaaac tttccaaggt
421 ccgcctcatg ggatccaagt tgaaagagat aaattgaaca agtatggtcg tcccctgttg
481 ggatgtacta ttaaacctaa attggggtta tctgctaaaa actacggtag agctgtttat
541 gaatgtcttc gcggtggact tgattttacc aaagatgatg agaacgtgaa ctcacaacca
601 tttatgcgtt ggagagatcg tttctgcttt tgtgccgaag cccttttaa agcacaggct
661 gaaacaggtg aaatcaaagg acattacttg aatgctact
//
```

ชนิดที่ 16 มะเขือกินใบ (*Solanum macrocarpon* L.)

ตำแหน่ง ITS2

```
LOCUS       MH718334                 443 bp    DNA     linear   PLN 12-AUG-2018
DEFINITION  Solanum macrocarpon 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal
            transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA
            gene, partial sequence.
ACCESSION   MH718334
VERSION     MH718334.1
KEYWORDS    .
SOURCE      Solanum macrocarpon
  ORGANISM  Solanum macrocarpon
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 443)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     DNA barcoding of plants in the genus solanum in Thailand
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 443)
  AUTHORS   Prommanee,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            6 Ratchamankha Nai Rd., Muang Nakhon Prathom, Nakhon Prathom 73000,
            Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..443
                     /organism="Solanum macrocarpon"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:115666"
                     /country="Thailand"
     misc RNA        <1..>443
                     /note="contains 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer
                      2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
  1 attgcagaat cccgtgaacc atcgagtctt tgaacgcaag ttgcgcccga agccgtcagg
 61 ccgagggcac gtctgcctgg gcgtcacgca tcgcgtcgcc ccccgcacgc cgcccggcgt
121 cgtgggggcg gatactggcc tcccgtgcgc cccgcgcgcg cggccggcct aaatgcgagc
181 ccgcgtcgac ggacgtcgcg gcaagtggtg gttgtaactc aactctcttg gtgccgcggc
241 cacagcccgt cgcgcgtgcg tgctccacga ccctaccggc gctagcgcgc tccgaccgcg
301 accccaggtc aggcgggatc acccgctgag tttaagcata tcaataagcg gaggaaaaga
361 aacttacaag gattccccta gtaacggcga gcgaaccggg aacagcccag ccttagaatc
421 gggcggctcc gccgtccgaa ttg
//
```

ตำแหน่ง *rbc*L

```
LOCUS       MH722376                    708 bp  DNA linear   04-AUG-2018
DEFINITION  Solanum macrocarpon.
ACCESSION   MH722376
VERSION     MH722376.1
KEYWORDS    .
SOURCE      chloroplast Solanum macrocarpon
  ORGANISM  Solanum macrocarpon
            Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
            Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae;
            asterids; lamiids; Solanales; Solanaceae; Solanoideae; Solaneae; Solanum.
REFERENCE   1  (bases 1 to 708)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     DNA Barcoding of Medicinal Plants in Thailand and Development of  the DNA
            Barcode Database
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 708)
  AUTHORS   Prommanee,W., Wongakson,P., Pamonsinlapatum,P. and
            Rungpragayphan,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-AUG-2018) Faculty of Pharmacy, Silpakorn University,
            Rajamankha Nai Rd., Amphoe Muang, Nakhon Pathom 73000, Thailand
COMMENT     ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: Bioedit v. 7.0.5.3
            Coverage              :: alignment
            Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..708
                     /organism="Solanum macrocarpon"
                     /organelle="plastid:chloroplast"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /authority="Solanum macrocarpon L."
     gene            <1..708
                     /gene="rbcL"
     CDS             1..708
                     /gene="rbcL"
                     /codon_start=1
                     /transl_table=11
                     /product="ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
                     large subunit"
                      /translation="ASVGFKAGVKEYKLTYYTPEYQTKDTDILAAFRVTPQPGVPPEEAGAAVA
                      AESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCYRIERVVGEKDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVG
                      NVFGFKALRALRLEDLRIPPAYVKTFQGPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYG
                      RAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRWRDRFCFCAEALFKAQAETGEIKGHYLNAT"
ORIGIN
  1 aaagcaagtg ttggattcaa agctggtgtt aaagagtaca aattgactta ttatactcct
 61 gagtaccaaa ccaaggatac tgatatattg gcagcattcc gagtaactcc tcaaccagga
121 gttccacctg aagaagcagg ggccgcggta gctgccgaat cttctactgg tacatggaca
181 actgtatgga ccgatggact taccagtctt gatcgttaca aagggcgatg ctaccgcatc
241 gagcgtgttg ttggagaaaa agatcaatat attgcttatg tagcttaccc tttagacctt
301 tttgaagaag gttccgttac caatatgttt acttccattg taggtaatgt atttgggttc
361 aaagccctgc gcgctctacg tctggaagat ctgcgaatcc ctcctgctta tgttaaaact
421 ttccaaggtc cgcctcatgg gatccaagtt gaaagagata aattgaacaa gtatggtcgt
481 cccctgttgg gatgtactat taaacctaaa ttggggttat ctgctaaaaa ctacggtaga
541 gctgtttatg aatgtcttcg cggtggactt gattttacca aagatgatga gaacgtgaac
601 tcacaaccat ttatgcgttg gagagatcgt ttctgctttt gtgccgaagc ccttttaaa
661 gcacaggctg aaacaggtga aatcaaagga cattacttga atgctact
//
```

รายการอ้างอิง

Akaike, H. (1998). Information theory and an extension of the maximum likelihood principle *Selected papers of hirotugu akaike* (pp. 199-213): Springer.

Bafeel, S., et al. (2012). "DNA barcoding of arid wild plants using rbcL gene sequences." **Genet Mol Res** 11, 3 1934-1941.

Boonsom, T., et al. (2012). "Molecular analysis of the genus Asparagus based on matK sequences and its application to identify A. racemosus, a medicinally phytoestrogenic species." **Fitoterapia** 83, 5 947-953.

Bortiri, E., et al. (2001). "Phylogeny and systematics of Prunus (Rosaceae) as determined by sequence analysis of ITS and the chloroplast trnL-trnF spacer DNA." **Systematic Botany** 797-807.

CBOL Plant Working, et al. (2009). "A DNA barcode for land plants." **Proceedings of the National Academy of Sciences** 106, 31 12794-12797.

CBOL Plant Working Group, et al. (2009). "A DNA barcode for land plants." **Proceedings of the National Academy of Sciences** 106, 31 12794-12797.

Chen, Q., et al. (2012). "DNA bacording of Verbenaceae medicinal plant by using ITS2 and psbA-trnH region." **Zhongguo Zhong yao za zhi= Zhongguo zhongyao zazhi= China journal of Chinese materia medica** 37, 8 1107-1113.

Chen, S., et al. (2010). "Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species." **PloS one** 5, 1 e8613.

Cuénoud, P., et al. (2002). "Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid rbcL, atpB, and matK DNA sequences." **American Journal of Botany** 89, 1 132-144.

Encyclopedia of Life. (2018). **Solanum sanitwongsei synonym**. 12 August 2018. http://eol.org/pages/2894479/names/synonyms

Fan, L.-L., et al. (2009). "Molecular analysis of Stemona plants in China based on sequences of four chloroplast DNA regions." **Biological and Pharmaceutical Bulletin** 32, 8 1439-1446.

Gao, T., et al. (2010). "Identification of medicinal plants in the family Fabaceae using a potential DNA barcode ITS2." **Journal of ethnopharmacology** 130, 1 116-121.

Hebert, P.D., Cywinska, A., and Ball, S.L. (2003). "Biological identifications through DNA barcodes." **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences** 270, 1512 313-321.

International Barcode of Life. (2018). **What is DNA Barcoding?** 8 May. http://www.ibol.org/phase1/about-us/what-is-dna-barcoding/

International Plant Name Index. (2018). **Solanum**. 1 May 2018. http://www.ipni.org/ipni/advPlantNameSearch.do;jsessionid=56EC3A89F80E65E6CE32A0A0A7E32A68?find_family=&find_genus=solanum&find_species=&find_infrafamily=&find_infragenus=&find_infraspecies=&find_authorAbbrev=&find_includePublicationAuthors=on&find_includePublicationAuthors=off&find_includeBasionymAuthors=on&find_includeBasionymAuthors=off&find_publicationTitle=&find_isAPNIRecord=on&find_isAPNIRecord=false&find_isGCIRecord=on&find_isGCIRecord=false&find_isIKRecord=on&find_isIKRecord=false&find_rankToReturn=all&output_format=normal&find_sortByFamily=on&find_sortByFamily=off&query_type=by_query&back_page=plantsearch

Jobes, D.V., Hurley, D.L., and Thien, L.B. (1995). "Plant DNA isolation: a method to efficiently remove polyphenolics, polysaccharides, and RNA." **Taxon** 379-386.

Jukes, T.H., and Cantor, C.R. (1969). "Evolution of protein molecules." **Mammalian protein metabolism** 3, 21 132.

Kimura, M. (1980). "A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences." **Journal of molecular evolution** 16, 2 111-120.

Kimura, M. (1981). "Estimation of evolutionary distances between homologous nucleotide sequences." **Proceedings of the National Academy of Sciences** 78, 1 454-458.

Kojoma, M., et al. (2002). "Genetic identification of cinnamon (Cinnamomum spp.) based on the trnL-trnF chloroplast DNA." **Planta Medica** 68, 01 94-96.

Kress, W.J., et al. (2009). "Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama." **Proceedings of the National Academy of Sciences** pnas. 0909820106.

Kress, W.J., et al. (2005). "Use of DNA barcodes to identify flowering plants." **Proceedings of the National Academy of Sciences** 102, 23 8369-8374.

Liu, Z., et al. (2012). "Applying DNA barcodes for identification of plant species in the family Araliaceae." **Gene** 499, 1 (May 10): 76-80.

MedThai. (2013). มะเขือเทศ. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%80%E0%B8%82%E0%B8%B7%E0%B8%AD%E0%B9%80%E0%B8%97%E0%B8%A8/

MedThai. (2013). มะเขือยาว. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%80%E0%B8%82%E0%B8%B7%E0%B8%AD%E0%B8%A2%E0%B8%B2%E0%B8%A7/

MedThai. (2013). มะอึก. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B8%AD%E0%B8%B6%E0%B8%81/

MedThai. (2015). มะเขือดง. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%80%E0%B8%82%E0%B8%B7%E0%B8%AD%E0%B8%94%E0%B8%87/

MedThai. (2017). มะเขือพวง. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%80%E0%B8%82%E0%B8%B7%E0%B8%AD%E0%B8%9E%E0%B8%A7%E0%B8%87/

MedThai. (2017). มะแว้งนก. 7 August 2018. https://medthai.com/%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%81%E0%B8%A7%E0%B9%89%E0%B8%87%E0%B8%99%E0%B8%81/

Murray, M.G., and Thompson, W.F. (1980). "Rapid isolation of high molecular weight plant DNA." **Nucleic acids research** 8, 19 4321-4326.

Nandhini, R.B., et al. (2013). "Molecular distinction of C× R hybrid (Coffea congensis× Coffea canephora) from morphologically resembling male parent using rbcL and matK gene sequences." **South African journal of botany** 88, 334-340.

Park, E., Kim, J., and Lee, H. (2017). "Plant dna barcoding system for forensic application." **Forensic Science International: Genetics Supplement Series** 6, e282-e283.

Plunkett, G.M., Soltis, D.E., and Soltis, P.S. (1997). "Clarification of the relationship between Apiaceae and Araliaceae based on matK and rbcL sequence data." **American Journal of Botany** 84, 4 565-580.

Soltis, P., and Doyle, J.J. (2012). **Molecular systematics of plants II: DNA sequencing**. Springer Science & Business Media.

Somprasong, W., et al. (2002). "Collection and botanical studies of Solanum L. in northern Thailand." **Warasan Wichakan Kaset**

Sudmoon, R., et al. (2012). "Ethnobotany and species specific molecular markers of some medicinal sakhan (Piper, Piperaceae)." **Journal of Medicinal Plants Research** 6, 7 1168-1175.

Tallei, T.E., and Kolondam, B.J. (2015). "DNA barcoding of Sangihe Nutmeg (Myristica fragrans) using matK gene." **HAYATI Journal of Biosciences** 22, 1 41-47.

The Plant List. (2018). **Solanum**. 01 May 2018. http://www.theplantlist.org/tpl1.1/search?q=Solanum

Thompson, J.D., Higgins, D.G., and Gibson, T.J. (1994). "CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice." **Nucleic acids research** 22, 22 4673-4680.

Thooptianrat, T., et al. (2017). "DNA profiles to identify Dillenia species (Dilleniaceae) in Thailand." **Phytotaxa** 296, 3 239-252.

Walsh, B.M., and Hoot, S.B. (2001). "Phylogenetic relationships of Capsicum (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: the chloroplast atpB-rbcL spacer region and nuclear waxy introns." **International Journal of Plant Sciences** 162, 6 1409-1418.

Wang, X.-y., et al. (2016). "ITS2, a Better DNA Barcode than ITS in Identification of Species in Artemisia L." **Chinese Herbal Medicines** 8, 4 352-358.

Xin, T., et al. (2013). "Super food Lycium barbarum (Solanaceae) traceability via an internal transcribed spacer 2 barcode." **Food Research International** 54, 2 1699-1704.

Yao, H., et al. (2010). "Use of ITS2 region as the universal DNA barcode for plants and animals." **PloS one** 5, 10 e13102.

Zhang, W., et al. (2013). "Species-specific identification from incomplete sampling: applying DNA barcodes to monitoring invasive Solanum plants." **PloS one** 8, 2 e55927.

Zhang, Z., Lu, A., and D'Arcy, W. (1994). Flora of China. Volume 17: Verbenaceae through Solanaceae: Science Press: Beijing, China.

เจษฎา เด่นดวงบริพันธ์. (2555). วิวัฒนาการ (**Evolution)**. กรุงเทพ ฯ: สำนักพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

กรมพัฒนาการแพทย์แผนไทยและการแพทย์ทางเลือก. (2552). ผักดีด**,** ผักพื้นบ้านเด่น. 7 สิงหาคม 2561. http://ptmk.dtam.moph.go.th/book/%E0%B8%9C%E0%B8%B1%E0%B8%81%E0%B8%9E%E0%B8%B7%E0%B9%89%E0%B8%99%E0%B8%9A%E0%B9%89%E0%B8%B2%E0%B8%99%E0%B9%80%E0%B8%94%E0%B9%88%E0%B8%99.pdf

ก่องกานดา ชยามฤต. (2541). คู่มือจำแนกพันธุ์ไม้. กรุงเทพฯ: ส่วนพฤกษศาสตร์ป่าไม้ สำนักวิชาการป่าไม้ หอพรรณไม้ กรมป่าไม้.

ก่องกานดา ชยามฤต. (2549). ลักษณะประจำวงศ์พรรณไม้ **2**. กรุงเทพฯ: สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช.

ก่องกานดา ชยามฤต. (2559). ลักษณะประจำวงศ์พรรณไม้ (ฉบับปรับปรุง). กรุงเทพ ฯ: สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่าและพันธุ์พืช.

ฐานข้อมูลสมุนไพร คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี. (2553). มะแว้งต้น. 8 สิงหาคม 2561. http://www.phargarden.com/main.php?action=viewpage&pid=178

นฤมล ธนานันต์. (2558). "การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกล้วยไม้สกุลหวายกลุ่มเอื้องสายโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *mat*K และ *rpo*C1." วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี 23, 1

ปิยาภรณ์ วงศ์อักษร. (2558). การประยุกต์ใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดในการระบุชนิดพืชในวงศ์เหงือกปลาหมอ (*Acanthaceae)* ในประเทศไทย. (มหาบัณฑิต), มหาวิทยาลัย ศิลปากร.

ภาณุมาศ ฤทธิไชย. (2547). "เรื่องการศึกษาลักษณะประจำพันธุ์และพัฒนาการของเมล็ดพันธุ์มะแว้งต้น." โครงการวิจัยเสริมหลักสูตร มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ 3.

วินัย สมประสงค์. (2550). ความหลากหลายของพืชพื้นเมืองในประเทศไทย ชุดที่ **1** พืชสกุลมะเขือ. กรุงเทพ ฯ: โรงพิมพ์ชุมชนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย.

วุฒิพงศ์ มหาคำ. (2554). "DNA barcodes ของพืช: หลักการพื้นฐาน การประยุกต์ใช้ และข้อจำกัด." วารสารพฤกษศาสตร์ไทย 3, 1 1-30.

สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช. (2544). ชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ. **2544.** กรุงเทพฯ: กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม.

สำนักงานหอพรรณไม้ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช. (2557). ชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันทน์ ฉบับแก้ไขเพิ่มเติม พ.ศ. **2557.** กรุงเทพฯ: กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม.

สุชาดา สุขหร่อง. (2553). ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพืชสมุนไพร วิธีวิเคราะห์ การใช้ประโยชน์ ตัวอย่างจากงานวิจัยและเทคนิคพื้นฐานทางชีววิทยาโมเลกุล. กรุงเทพฯ: โรงพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

สุนทรี สิงหบุตรา. (2561). สรรพคุณสมุนไพร **200** ชนิด. 10 สิงหาคม 2561. http://www.rspg.or.th/plants_data/herbs/herb1.htm

องค์การสวนพฤกษศาสตร์. (2554). **Solanaceae**. 8 สิงหาคม 2561. http://www.qsbg.org/Database/Botanic_Book%20full%20option/Search_show_byfam.asp?family_id=SOLANACEAE

อรุณรัตน์ ฉวีราช. (2560). "ดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA barcode)." เอกสารในการอบรมสัมมนาเรื่อง “การจัดทำดีเอ็นเอบาร์โค้ดพืชสมุนไพรและการประยุกต์ใช้”, โรงแรมเอส ดี อเวนิว. 12 กรกฎาคม

ออลล์เกษตร. (2561). ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของมะเขือเทศ. 8 สิงหาคม 2561. https://www.allkaset.com/contents/%E0%B8%A5%E0%B8%B1%E0%B8%81%E0%B8%A9%E0%B8%93%E0%B8%B0%E0%B8%97%E0%B8%B2%E0%B8%87%E0%B8%9E%E0%B8%A4%E0%B8%81%E0%B8%A9%E0%B8%A8%E0%B8%B2%E0%B8%AA%E0%B8%95%E0%B8%A3%E0%B9%8C%E0%B8%82%E0%B8%AD%E0%B8%87%E0%B8%A1%E0%B8%B0%E0%B9%80%E0%B8%82%E0%B8%B7%E0%B8%AD%E0%B9%80%E0%B8%97%E0%B8%A8-88.php

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-สกุล	วิกานดา พรหมณี
วัน เดือน ปี เกิด	13 เมษายน พ.ศ. 2533
สถานที่เกิด	จังหวัดราชบุรี
วุฒิการศึกษา	พ.ศ. 2554 สำเร็จการศึกษาวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร(วิทยาเขตพระราชวังสนามจันทร์) พ.ศ. 2556 ศึกษาต่อระดับปริญญามหาบัณฑิต สาขาวิทยาการทางเภสัชศาสตร์ คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร(วิทยาเขตพระราชวังสนามจันทร์)
ที่อยู่ปัจจุบัน	14 หมู่ 3 ตำบลท่ากระชัย อำเภอนครชัยศรี จังหวัดนครปฐม 73120
ผลงานตีพิมพ์	วิกานดา พรหมณี พีรยศ ภมรศิลปธรรม สรวง รุ่งประกายพรรณ "การวิเคราะห์ลำดับเบสของ Internal Transcribed Spacer 2 เพื่อการจำแนกพืชสกุลมะเขือ" การประชุมวิชาการบัณฑิตศึกษาระดับชาติและนานาชาติ ครั้งที่ 8 "ประเทศไทย 4.0 นวัตกรรมสร้างสรรค์สู่การพัฒนาที่ยั่งยืน" ระหว่างวันที่ 28-29 กรกฎาคม พ.ศ. 2561 ณ ศูนย์มานุษยวิทยาสิรินธร (องค์การมหาชน) กรุงเทพฯ.

มหาวิทยาลัยศิลปากร