

ภาคผนวก

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

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

ตารางภาคผนวกที่ 2 การให้คะแนน polymorphic bands ของกล้วยไม้เอื้องดินใบหมากโดยการ
ใช้ไพรเมอร์ OPF14 ร่วมกับ Oligo VG ด้วยเทคนิคดีเอ็นเอ-พีจีอาร์

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

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

ตำแหน่ง (bp)	<i>S. plicata</i> สีม่วง			<i>S. plicata</i> สีชมพู			<i>S. affinis</i> สีเหลือง			<i>S. plicata</i> สีขาว			<i>S. petri</i> สีบานเย็น		
	ม1	ม2	ม3	ช1	ช2	ช3	ล1	ล2	ล3	ข1	ข2	ข3	ป1	ป2	ป3
758bp	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1
740bp	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0
724bp	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
694bp	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
645bp	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
614bp	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0
602bp	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0
573bp	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0
570bp	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
559bp	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
489bp	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
480bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1
476bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
445bp	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1
412bp	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
382bp	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1
325bp	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
330bp	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
297bp	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0
265bp	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0
234bp	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
220bp	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0

ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากบริษัท 1st BASE ประเทศมาเลเซีย

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

```
>1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNGGGAGANNAAAAAGNAGGGGGCTNAAGAAAAAAGACCAATTCTGGGGTTGAGGGAAC
TATCGAACTCTCCTTCNCATACGNGTGNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAAGGNT
GAGTTGNNTATANNGAANGTNACCCTATAGGNATTGNCNNAATCATGATCATANCTGTTTCCT
GTGTGATTTGATGTCGGCTCACAGTTCGCGACAACATACACGCCAGAACCGTAAAGTGTAAG
GCCTGTGGTGCGAAATGAGTGAGCTAACTGNTTTAATTGCGTTGCGCTCACGGCCCTCTTTT
AGTCTGN
```

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

```
>1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oligo_VG
GANAGAATAGGACTACTATGTAGCTGGTTGTTTTGGGTGGTGTGGTGTTTTTGTCTGGGGT
GGTTAGCTTCTTCCCCCTTTTAAAACGGCAAACATGCAACATACTGTGTGAGAGCGAAGACA
ACAAGAGAGCTTTTCCCTTCATTGCCAGGCGAGCTCGCAATCTGAAGAGGCCCTTCTGGGTAA
AACTGACTCTCGAAAAGTAGAAAAAATTGCCTCTCTCACTGCAAACACACATGCGCCTTTC
TCTCTCTTTATCCTGAGACGTCCGCTTTCCGCTTTAAGGACAAGTAGATGGAACCATTTG
CCCTTGCAAGTACGAGCATTTCGCTACGAAGGAGACGGGAAAATCATGCAAAGTCTGCCAGG
GTGTATTAATAATCCCTGAGGCCATCCCCGCCGCAACAGCTCCCCCAGCCCGCATGCGCTC
GAAACGCACGACCACCCATCCCCGCCGCGACGAAAAGCGCTCGCAAAAGGCGGAAACCGCA
ACCAAAAAAGCACGGGCAACGCAGAAGAGCAGTAGGCGGGGAAACGCGCAGACACAGGACGA
GGCAATTTCTTTTCAAGATTTTCAGGAGCGCCACCCCGCCAACCTGTAAGGCCCGGGAATTA
TGGTAAATGTCTTACCAAGTACAAAACGAAAAGCGACAACCAAAAACGCACGCGCAAAAACC
AGGGACAATGACAAAGTCATTTTAAACGAAAACGCGCAGAACTAGAAGAAAAAAAACATCAA
CACAAACAGAAAAAGAAAGCTAGGGAAAACAGAGCAGTAGAAATGAAGCAACGACAGAGGAA
ATAAAATAGAAGAAAGATCAAGAGTAAAAAACTAGGAGACAAAGCCACCGCGCAACAACCC
AGGGGAACAGGGCCATCTTTCGCCAGTAGACACTTCGCAAGAAAAAAAATATACTGCGCA
AGTTTCTTTTTTTTTTTTTTCTCTATGTGCGGATACAAGAACAAAACACACAACAGAGAGCAG
CCGCGACAACAAAACAAAT
```

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

```
>1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNNTTANTNNNNNAGGNTTGTGACGTGGGGAGGNACTAGTCTTATTTGAGTTANCCCC
TGGCNTTTTTTTNTNANAGGTGTGNTTTTTGGGATAGTTCTTTTCGNGTTGGAAGCGTTGTTG
NNAAANTGTGTGNCATGTTTTNCCCTGTCAANTCTCGATNTCGTCTGTNCTGTGTGTTTTT
TATCCCCTCTTGTGTTGCNCAGGTATANACNNGN
```

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

```
>1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oligo_VG
GCACGAGACACTCTATACCAGCGTCAAGGATGCCAAGGGCAGCCGCGGACAATTATTTTTTTA
AAATCTTGATTTCCCCCCTCCCAAAAAGGGCGATCCTCAGAGGTAAAGTAGGCAAACCCC
GTAGAAAAAATCTCACCCAGCCCGGAGTAGACGTACGCCTAAAAGGCAAAGAAAAA
```

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

```
>1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF14.ab1
NNNGGNANNNTTNNNAAGANNTTTAATTATNTGANAGCGTTTTATTCTATTGGGTAAAANN
TGGACTGTATTTTTTAAAANTAGTCTTTATTTTGATTTTCNTNNCNNTTGTGGGGGTTTGT
GCCTTTTTGGGCNNNCTNNTTTTCNNATAAATGATCGNTTTTTTGATTTGTGTTGGGTGTTT
```

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

```
>1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oligo_VG
GGCCGTTCACTAGCTATCGTACAAAAGTTCGTTACGGCATTACATTATCCTTACACCTTAA
ACATTGATTACCCAAATTTATCAAATTATCATTAATGCTTGCTTTTTAAAAGTAGAATACA
TCTTATCATGCCTAAGTTTTGATGTAAAAAGTGATAAAAAAAGTAAATATTGAAGTTTGGG
TATGAGATATATAATGCATGAGAATTTTGTTGATGCAAGTAAATTTCCCTAAAAAACCCAT
GGGATATTTTCAATCCTTGGTAGTCCACCTGCAGCAAAACCCAACCACCTGAATTTTTTTT
TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAAAGGGAAGCTATAAACCCCAAAACCAAAAAAAGGAG
TCCAATAATTAAGCCACAAGATATTGTTAACCTAGTATTTAAAAATTATTTTATTTAGTT
TTTTTTTTTTTTAT
```

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

```
>1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF14.ab1
GNNNGGGGAANNAANGAGAATTGGGCGATNGGGACGGCTCTTATNTTTAGAGTTATATNT
GAAC TATTCTTTTTTATANTNGCGTTTTAATGATTGCTCCGTTNCGNTTNGGGGTTNATTA
NCTATAGGNAACACNAATTTTTNNNTAAAGTNATCTCCATTTTNCATGTCTNGGGTGTGT
TTGTGTT
```

8. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 337 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบาน
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oligo_VG.ab1
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCNTNNGGATCENNAGNAGAAAAGTAATACAACAACTTCTAAAA
ATCTCCACATAAAAACCTTTTATTTCTCGATTCAGACATAAAGTAGCAAATTCGTCATTCAA
CTCTCCGCAGCGGGAGCGGATTCGCCGGCCGAAAGAAAGGCCCGCCCGCAATAGAGCATC
NCCGAAGCCNCTCCGAATCGNCTTGACNNNGNANAAAATTN
```

9. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม
โดยไพรเมอร์ OPF14

```
>1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF14.ab1
NNNNNNNNNANNGTGNAGGGAAGNGGTTTTGGTAGCNGATTGTCTTTAGTGGGAGTTATAG
NGCTGCTATAAAATTTTTTTATNNGGTCGTTTTNAAGGATATTTTTGGNCTTGTTCGCTGTTTT
TGAGCNTTNGTAACANNNCNTATGN
```

10. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกตูม
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oligo_VG.ab1
NNNNNNNNNNNAGAGAGAACGGCGATAAGACNCGCAATGAACCAATATCATGGTCCGGCGGAC
AATCGACTCNTAAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAATCATTCAACTCTCCGCAG
CCTGCGGCAATAAGGCGGACGTCAACCAGTCGAAGGTTCCCTATGGAAAATACGCAGGCCCT
TCCTTTCGCCAGAACATGAAGAAAAAAGGCAAAANNTTGCCTTGTAGTTTTCCCTTTGGGAA
ANAAATTTNTTTTTTANGAAGGNNGAAACAATATNAATAAANGAGAGGTANTGGGTTGTGG
TGTTTTTTTTGTGGGGGAGGGGGTANNGAACAAATTTTAGAGTTTTTTTAGTTTTTTTTTTAA
GTATATGNTTAATATATATTANTAACNAGCNATCGAGNGGTTGNTTTTTTTTTTTTTTTTA
```

11. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกแรก
แยม โดยไพรเมอร์ OPAB19

```
>1st_BASE_497724_6F_Forward_OPAB19
AAAGAGGTAAACGTAAAAATTATTAATGGAATAAACAATATTTGTTATAATTAAGCT
CTAAAAAATTTTTTTTATTGGTCTTTTAAATAAAAAATTTCTTCCGTTTTGAGGTTAGTT
CGAATATGGGTAATGACATTTAGACTTTTTGGTGTCTATGTTTATACCTGTTTTATGTGTTA
ACTTGTTA
```

12. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกแรก
 แยมโดยไพรเมอร์ Oligo VG

```
>1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oligo_VG
NNCGTGAGGAGCCTAGGAACATGCCCTCTCGCATCCCACAAATTATTCAGCAATGTACGCGA
GGTCCATCTAATCCTCTGCCAACCACAGCAGTCGCCCCGCCGTTCTCGAAGCATTTCGCTCGTA
CGCGCTCATCTCTCCGTATTGCCAGTACATCCAACGTGAATTTAGACAATGTAAAGCGTAA
GAGAAGTCCCCATAGAGATGGTTAGGACACCAAGCGTGGCTAGGAGCAAAAAAGATCTTAGA
ATAATCCCTTCGGATCAATCCATCATAAATATGTGTCCGTTACAATATTGGGGGGAAAAAGAA
AGCTTGCTGCCTGCTGCTGCTATAAAGGGTTTTTTCCGTCCCCCTCGGGATAAAAAATCGG
GGGGGAAACCCCCGGGGGGGGCCCCCAGGGGGGGTGGCCCCCGGGGGGGGAAAAACCCG
GGGAAGAACCATTGGGGGGGGCCCCCGGGGGGGCCCCCTCGGGAGGACCCCCCTTAGAA
CCACACCCCGGGAGACACAACCCAGTAGGCACCCCTGTATGACCACCCCGTGGTAAGTTTA
CAG
```

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

```
>1st_BASE_497726_7F_Forward_OPAB19.ab1
NNNANNAANAAAAAAGGAATCGACTTCGCCGCAAAGGCCTTCGCGGNATTATAGTCTNT
TCTGATTTCACTNCTNTTTACNAGTTTTTTTTNTGGTTTTCTCTCCCTACGCTTTTGATGTTT
TTTTTGTTTTCTCTAATNNCATNGGNNCTCTTGGTGTTCNTTGTGATAGCTGTTTCCTG
TGTAATTTTG
```

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

```
>1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oligo_VG.ab1
TNNNGNNNNNGNNGNANTANCNCTCGATCTCTCAAATTATTCACAAATGTACGCGAGGTC
ATCTTTCCTTGCAACCCCGGCCCTCGCCGTCGTTCTCGTGTTCGTCTACNGCCTCTCTCCGA
TGCCCAGACACGNAATGATTTACCTGTTGCNAATGACTCCCTAGAGTGGGGGAAACCAGCG
GGGAAAAAAAAAAAAAGGTTTAGATATCTTCTGGAAAAAAAAAACCCCTTCTTTTCAAAAAA
ATTGAAAAGGGGGGGGTTTTGGCCCGCTGTGGGAAAAGGCTTTTTTTTTTCCCCTGGGGTT
GAGCAAAGGGTTATGCCCCCGGGGGAGCAACGGGGGGAGCCCCCGGGGGGAGCCACCGG
GTGACCCCTGCGGTTAACCCCGGGTTACCCACGGGGGGACCGCTGTTGTTGCCCTCTGT
TTTTCTATTTGTGTAGTTTTTTGGTTTTTTAATTACCGTTGGCACCACCTTGCAGACG
```

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

```
>1st_BASE_497728_8F_Forward_OPAB19.ab1
NGGGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGGGGGAAGANANNNGTCAGGNACGNAGANNNGA
NAAGAANNAAGAATTGAAAAANTTGGTNNNAANAAACAGATAAGCGAAAAAGAATATACA
TGAAGAATCNAGCGATGGAAANCCATTCCAGTANTTGATTCAGGCGACGAAGAAAATNCCCC
CCTTCTATTTNTTTTCTTAATCAAACACNCTCATATAAATCCTATTNNAGTTTGCATCGC
CCAGGCGCATGAATCTTACNGAACTGTCCCTCCCGCCAACTCAATCGGTANAGAAAGGTCCA
NAGAGATAATCCGTAACCGCCGGTGCCTGTTGCTGAGGTCTTCCAAANCCCTTTCTTTGAT
TTAAAACCAATTATTTATTTGCTNCTGATCTAGTCGANTTGANTCTGCCAGTGCCTTCTTA
ACNAATCAATTGNANAAAGCCATTTGTAGTGAACATTCCNCCACACAAGCAGGGTATGCCTT
GCATCCTTGGGTAGTTTTCTTTCTTTTCTTCTTGNANAACCTCATCTTCGACGTACTTAT
GTGACTCCCAAACCTTGCGAAGAAGTTAGCCTGAAGATCTTTGNCTTCACAGCTNGGTTGCC
TTCTGTGCCGCGNATTCTCGTCCGCACACTCCTCNNCTGACAATTGTGGGCCTT
```

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

```
>1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oligo_VG
AGNGAGCGGCGTCTTTTACTTTCCGTGGGCACAAGGGTCGTTATTCCGAGCTCGGCAAGGA
AGGCCATCCAATCAAACCCCGGCAAACGTAGGCTAGCTTATCATGTATAGTACTTTGTCTA
AGCTAAGCGTAAGGAGTTGAGCTTAAGGCAAAAAATAAAGTGTAACTATATATGTGTAGCAT
CTGCGAATCACACTTAGTTAGTATAGCACGCGAGAGAAGAAGCATCTATACTCTCTGCTTGA
TCCCTTTAGATATATTCATTGAAACCCTGTGCC'TTCATGCAATCCATACTCATTAACCTGCT
CCAAAAGACAAGGCGGCCACATTTTTTTTTTTTTTCCCCCCCCCCCCGGGGAAAAAAAATAAA
GGATAACCCCTTTGGGGGAGCCCCCTTGAAAACCCCTGGGGGTAGACCCCGTGGG
GGGAACCCCTTGGGGAAAACCCCTGGTTGGGTAACCCCGGGGGGGGAACCCGTTGGG
GGGTAAACGTCTTGGGGGGGAATCAGCGGGGAGAAAAACAGATTGGGGGGGAACCCCC
GTAAGGAAAACCAAGCTGGGGGTGAACCCCTACTGATCAAAAACCCGGTGGATACGACCA
ACCAGACCTAGGGTGGACCCACCCATGAGTGCCAACCCCAAAGGACCAACCCCCACGGTAA
AAAACAACCCATTTGGACCTCCCGGTTTGGACCCCGCGTTCGGGCCACCCCTCGGAAGA
GTTATAGCGCCACATAGTTTACCCTCGTCTGATCCTATAATACTTGATGAGATTAATTA
TTCTGGCGTGGTTTATTGTTTTAGTCGTGTTTATGACTCAGTATCCGTTTTTCGCCGTTACG
TCTATTTTTTTAT
```

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

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


GGTAGCGATCGCGGTAGCGATCGGTGTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTAGCGATTGGTG
TAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTGGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGGTGTAA
GCCTAGGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTTGGCACGGGTAACACCGGGGTAGACCCGC
CGTAAATTTGGGGTTCC

18. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. affinis* สีเหลือง ระยะดอกบาน
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

>1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oligo_VG
GCGCGTCCTTTTTTTTTTTTTTTCCTTGCAAACCTGGGAGTGTTTCAGAGTTCGCCTAAAAATGCA
TCAACACCCCTTCAAAAATAGTTGGAAAATGCAGATACTTCTATAAAAAAATAAGAAGA
AAACTTAAGCAAACCTGTTATACAACAAAGTTTTCCCTCAACCACTTCATTAGTATATTGAGG
CCGGGAAGAAAATTTACCCTAGCTCGATCTCCAGTTAAATCATTGAACCGCTTTCCTTCACA
AAAAAGCTGATCATCAGCTCAAATGCAAAGGGAAAAACTTTTTTTTCCCCCTGGATAA
AAAAAGTAAAAGCAACCCGTGAGGCAACGGGGTGGAAAGCAGGCGGGGAAGAGCGGGGAGAAC
AGGTTGAGAAAGGGGGGGTTCGGGGAGAGAAAAGTGAAGACGCAGCGCTAGACAAAGGCTG
CGGCAGGTAAGGGGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGACACAAACAGGGAAAACAGAACACACG
GA

19. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* สีบานเย็น ระยะดอกบาน
โดยไพรเมอร์ OPAB19

>1st_BASE_497732_10F_Forward_OPAB19.ab1
NNNTNNNNNGCGNNGNNTNCACNGAATAAGCTACGTTCGATGGCCCGGAGCTGGGCCATCGC
CGTTGCCCAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGCTAGCCTACCTCTCCTTTGCCCGAC
TGACCCTGATTTCAAAATAATTGAACACAGCCCCATAAGTGGTGGTCCCAAGCTGGGAAGA
GCAACAGAATCCAGATAACGCTTCGATCTTCCCTCCAAATTCGCCCCCTCTGATTCATCTG
AAGAAGCAGCGGATGCACCGCTCCCTCGCCACCTGGCCCTCCTCCCCATCGGTGTAGCCA
TCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTATCCATC
GGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCCTCGG
TGTATCCATCGGTGTAACCTCGGTGTAGCCATCGGGGTANCCATCGGTGTATATATCACTG
TATACNNAGGN

20. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* สีบานเย็น ระยะดอกบาน
โดยไพรเมอร์ Oligo VG

>1st_BASE_497733_10R_Reverse_Oligo_VG.ab1
ANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCGNNGNNGCTNTACNNNNNNNNNNNGNNNNAGGGGC
GNNAAGANNNNNNNAAGGGNNGNTTTNGCTTTTCTTGGGTCAAGGAAGGGGGGGTGGG
TNGGNGATTNNNTTTCNNGNANGNNGNNTANTTNGCTCCACCAGGATAAAAAAAGC
CACTCCCCTGAATTNNNTACCTCCCAGCCNCCAAAACGGGGGGACCCCCCGATTGGGCGG
GCCTTTTTTTTTTCCCCCCCCGCAAAGAAAAAN

ผลการทำ Alignment ระหว่างเส้นที่ได้จาก forward primer และ reverse primer ด้วยโปรแกรม

DNAMAN

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN1, from 1 to 285

Lower line: DNAMAN2, from 489 to 773

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 30%

```

1      NNNNNGGGGAGANNAAAAAGNAGGGGGCTNAAGAAAAAGACCAATTCTGGGGTTGAGGGA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
489    AAACCGCAACCAAAAAAGCACGGGCAACGCAGAAGAGCAGTAGGCGGGGGAACGCGCAGA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
61     ACTATCGAACTCTCCTTCNCATACGNGTGNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
549    CACAGGACGAGGCAATTTCTTTTCAAGATTTTCAGGAGCGCCACCCCGCCAACCTGTAAG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
121    GGNTGAGTTGNNTATANNGAANGTNACCTATAGGNATTGNCNNAATCATGATCATANCTG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
609    GCCCGGAATTATGGTAAATGTCTTACCAAGTACAAAACGAAAAGCGACAACCAAAAAACG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
181    TTTCTGTGTGATTTGATGTCCGCTCACAGTTCGCGACAACATACAGCCAGAACCGTAA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
669    CACGCGCAAAAACAGGGACAATGACAAAGTCATTTTAAACGAAAACGCGCAGAACTAGA
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
241    AGTGTAAGCCTGTGGTGCGAAATGAGTGAGCTAACTGNTTTAAT
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
729    AGAAAAAAACATCAACACAAACAGAAAAAGAAAGCTAGGGAAAA
  
```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN4 and DNAMAN5

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN4, from 27 to 215

Lower line: DNAMAN5, from 10 to 182

DNAMAN4:DNAMAN5 identity= 25%

```

27     ACGTGGGGAGGNACTAGTCTTATTTGAGTTANCCCGTGGCNTTTTTTTNTNANAGGTGTG
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
10     ACTCTATACCAGCGTCAAGGATGCCAAGGGCAGCCGCGACAATATTTTTTTAAATCTT
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
87     NTTTTTGGGATAGTTCTTTTCGNGTTGGAAGCGTTGTTGNNAANTGTGTGNCATGTTTTN
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
70     GATTTCCCCCTCCCAAAAAGGGCGATCCTCAGAGGTAAAGTAGGCAAACCCCGTA..
  
```

```

147 CCCTGTCANNTCTCGATNTCGTCTGTNCTGTGTGTTTTTTTATCCCTCTTGTTCNCA
      ||      |      |      |      |      |
128 .....GAAAAAATCTCACCCAGCCCGGAGTAGACGTACGCCTAAAAGGCA

207 GGTATANAC
      | | |
174 AAGAAAAA

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN7 and DNAMAN8

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN7, from 11 to 143

Lower line: DNAMAN8, from 315 to 447

DNAMAN7:DNAMAN8 identity= 32%

```

11 TTNNNAAGANNTTAATTATNTGANAGCGTTTTATTCTATTGGGTAAAANNNTGGACTGT
   ||      |||      |||      |      |      |      |      |      |
315 TTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAAAGGGAAGCTATAAACCCCAAACCAAAAAAGGAGGTC

71 ATTTTTTAAAANTAGTCTTTATTTGATTTTCNTNNCNNTTGTGGGGGTTTGTAGCCTTT
   |      |      |||      |      ||      |||      |      |      ||      ||
375 CAATAATTAAGCCCAAGATATTGTTAACCTAGTATTTAAAAATTATTTTATTAGTT

131 TTGGGCNNNCTNN
     ||      |
435 TTTTTTTTTTTAT

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN10 and DNAMAN11

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN10, from 9 to 179

Lower line: DNAMAN11, from 48 to 222

DNAMAN10:DNAMAN11 identity= 26%

```

9 AANNAANGAGAATTGGGCGATNGGACGGCTCTTATNTTTAGAGTTATATTNTGAACTA
  ||  ||  ||      |      |      |||      |      |      |      |
48 AACAAACTTCTAAAAATCTCCACATAAAAACTTTATTTCTCGATTCAGACATAAAGTA

69 TTCTTTTT....TTATANTNGCGTTTTAATGATTGCTCCGTTNCGNTTGNGGGGTNATTA
   ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||  ||
108 GCAAATTCGTCACTCAACTCTCCGCAGCGGGAGCGGATTCCGCCGCCGAAAGAAAGGCC

125 NCTATAGGNAACACNAAATTTTTNNNTAAAGTNATCTCCATTTNCCATGTCTNG
     ||  ||  |      |      |      |      |      |      |
168 CGCCGCCGAATAGAGCATCNCCGAAGCCNCTCCGAATCGNCTTGACNNNGNANAA

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN13 and DNAMAN14

Ktuple=2 Gap_penalty=7

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

DNAMAN13:DNAMAN14 identity= 44%

```

2      NNNNNNNNANNGTGNAGGGAAGGNGGTTTTGGTAGCNGATTGTCTTTAGTGGGAG.....
      |      |      ||      |||||      |||      |||
279    AATATNAATAAANGAGAGGTANTGGGTTGTGGTGTTTTTTTTGTGGGGGAGGGGGGTANNG
57     .....TTATAGNGCTGCTATAAAATTTTTTATNNGGTCGTTTTNAAGGATATTTTG.....
      ||      ||      ||      |||||      |      |      ||      ||
339    AACAAATTTTAGAGGTTTTTTAGTTTTTTTTTTAAGTATATGNTTAATATATATTANTAAC
108     .....GNCTTGTTGCGTGTTTTTGAGCNTTN
      |      ||||      |||||      ||
399    NAGCNATCGAGNGGTTGNTTTTTTTTTTTTTTTTTT
  
```

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

OPAB 19

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap_penalty=7

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

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 37%

```

1      AAAGAGGTAAACGTAAAAATT...ATTAACATATGGAAAAACAATATTTGTTATAATTA
      |||||      |      |||      |      ||||      |      |||      |      ||||      |
237    AAAGATCTTAGAATAATCCCTTCGGATCAATCCATCATAAATATGTGTCCGTTACAATAT
57     AAAGCTCTAAAAAATTTTTTTATTGGTCTTTTAAATAAAAAATTTTCTTCCGTTTGA
      |      |||      |||      ||      |      ||      |      ||      ||||
297    TGGGGGAAAAGAAAGCTTGCTGCCTGCTGCTATAAAGGGTTTTTTCCGTCCCCCTC
117    GGTAGTTCGAATATGGGTAATGACATTTAGACTTTTGGTGTTCATGGTTATACTGTT
      ||      |||      |||      ||      |      ||      |      ||      |      ||
357    GGGATAAAAAAATCGGGGGGAAACCCCCGGGGGGGGCCCCAGGGGGGGTGGCCCC
177    TTATGTGTTAAC
      |      ||      ||
417    GGGGGGGGAAA
  
```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN4 and DNAMAN5
Ktuple=2 Gap_penalty=7

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

DNAMAN4:DNAMAN5 identity= 33%

```

22   TCGACTTCGCCGCAAAGGCCCTTCGCGGNATTATAGTCTNNTTCTGATTTCACTNCTNNTT
    ||           |||           |||           |||           |||           |||
33   TCTCAAATTATTCACAATGTACGCGAGGTCATCTTTCTTGGCAACCCCGGCCTCGCCGTC

82   ACNAGTTTTTTTNTGGTTTTCTCTCCCTACGCTTTTGATGTTTTTTTTGINTTCTCTAA
    |   |||   |   |||   |||   |||   |   ||   ||   ||
93   GTTCTCGTGTTCGTCTACNGCCTCTCTCCGATGCCAGACACGNAATGATTTACCTGT

142  TNNCATNGGNN.....
    |   |   |
153  TGCNAATGACTCCCTAGAGTGGGGGAAACCAGCGGGGAAAAAAAAAAGGTTTAGATAT

153  .....

213  CTTCTGGAAAAAAAAAACCCCTTCTTTTTCAAAAAAATTGGAAAGGGGGGGTTTGGCC

153  .....

273  CGCTGTGGGAAAAAGGCTTTTTTTTTTCCCTGGGGTTGAGCAAAGGGTTATGCCCCCG

153  .....

333  GGGGGAGCAACGGGGGAGCCCCCGGGGGGAGCCACCGGGTGACCCCTGCGGGTTAAC

153  .....CTCTTGGTGTCTC
    ||   ||   |||   |
393  CCGGGGTTACCCACGGGGGACCGCTGTTGTTGCCCTCTGTTTTCTATTTGTGTAGTT

167  NTTGTGATAGCTGTTTCTGTGT
    |||   |   ||   ||
453  TTTGGTTTTTTAATTACCGTTGG

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN7 and DNAMAN8

Ktuple=2 Gap_penalty=7

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

DNAMAN7:DNAMAN8 identity= 31%

```

3   GGNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGGGGGGAAGANANNNGTCAGGNACGNAGANNNGA
    ||           |   |   |   ||           |
55  GGCAAGGAAGGCCCATCCAATCAAACCCCGCAAACGTAGGCTAGCTTATCATGTATAGT

63  NAAGAANNAAGAATTGAAAAANTTGGTNNNAANAAACAGATAAGCGAAAAAAGAAATATA
    |||   |   ||   |   ||   |   ||   ||   |||
115 ACTTTGTCTAAGCTAAGCGTAAGGAGTTGAGCTTAAGGCAAAAAATAAAGTGTAACTATA

```

```

123 CATGAAGAATCNAGCGATGGAAANCCATTCCAGTANTTGATTGAGCGGACGAAGAAA...
    ||| | | | | | | | | | | | | | | |
175 TATGTGTAGCATCTGCGAATCACACTTAGTTAGTATAGCACGCGAGAGAAGAAGCATCTA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
180 .....ATNCCCCCTTCTATTNTTTTCTTAATCAAACACN
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
235 TACTCTCTGCTTGATCCTCTTAGATATATTCATTGAAACCCGTGTCCTTCATGCAATCCA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
217 CTCATCATAAAATCCTATTNNAGTTTGCATCGCCAGGGCGCATGAATCTTACNGAACTGTC
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
295 TACTCATTAACTGCTCCTAAAAGACAAGGCGGCCACATTTTTTTTTTTTCCCCCCCCC
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
277 CCTCCCGCCAATCAATCGGTANAGAAAGGTCCANAGAGATAATCCGTAACCGCCGGTGC
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
355 CG.....GGGAAAAAAAAATAAGGATAACCCCTTTGG
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
337 GTGTTGCTGAGGTCTTCCAAANCCCTTTCTTTGATTTAAAACCAATTATTTATTTGCT
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
389 GGGGAGCCCCCTTGAAAACCCCTGGGGGTAGACCCCGTGGGGGGGAACCCCTTG
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
397 NCTGATCTAGTCGANTTGANTCTGCCAGTGCCTTCTTAACNAATCAATTGNANAAAGCCA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
449 GGGAAAACCCCTGGTTGGGTAAACCCCGGGGGGGGAACCCGTGGGGGGGTAAACGTC
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
457 TTTGTAGTGAACATTCCNCCACACAAGCAGGGTATGCCTTGCATCCTTGGGTAGTTTTCC
    ||| | | | | | | | | | | | | | | |
509 TTGGGGGGGAATCAGCGGGGAGAAAAACAGATTGGGGGGGAAACCCCGTAAGGGAAA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
517 TTTCTTTTCTTCTTGNANA.....ACTCCATCTTCGACG
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
569 AACCAAGCTGGGGGTGAACCCCTACTGATCAAAAACCCGGTGGATACGACCAACCGAGCC
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
552 TACTTATGTGACTCCCAAACCTTGCAGAGAAGTTAGCCTGAAGATCTTTGNCTTC...ACA
    || | | | | | | | | | | | | | | | | |
629 TAGGGTGGACCCACCCATGAGTGCCAAACCCCAAAGGACCAACCCCCACGGTAAAAAACA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
609 GCTNGGTTGCCCTTCTGTGCCGCGNATTCTCGTCCGCACACTCCTCANNCTGACAATTGT
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
689 ACCCATTTGGACCTCCCGGTTTGGACCCCGCGTGGGGCCACCCCTCGGAAGAGTTA
    | | | | | | | | | | | | | | | | | |
669 GGGCC
    ||
749 TAGCG

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN10 and DNAMAN11

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN10, from 15 to 483

Lower line: DNAMAN11, from 25 to 496

DNAMAN10:DNAMAN11 identity= 29%

```

15 TGGCTACACCGGATGGGCTACACCGATGGGCTACACCGATGGGCTACACCGATGGCTACA
   || || || | | | | | | | | | | | |
25 TGCAAACCTGGGAGTGTTTCAGAGTTCGCCTAAATGCATCAACACCCCTTCAAATAGT

```

```

75   CCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACA
      |||  |||  |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
85   TGGAAAATTGCAGATACTTTCTATAAAAAAATAAGAAGAAAACCTAAGCAAACCTGTTA

135  CCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACA
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
145  TACAACAAAGTTTCTCAACCACTTCATTAGTATATTGAGGCCGGGAAGAAAATTTACC

195  CCGATGGCTACACCGATGGCTACAGCGATGGCTACACCGATGGCTACACC...GATGTCC
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
205  CTAGCTCGATCTCCAGTTAAATCATTGAACCGCTTTCCTTCACAAAAAAGCTGATCATC

252  AGCTCGAGGATCACCCGAGGACCGCGTCGTTGGCCACCGGGTCTCCTTCCCAGATCGGG
      |||||  |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
265  AGCTCAAATGCAAAGGGAAAACCTTTTTTTTCCCCCTGGATAAAAAAAGTAAAAGCA

312  GTAGCGATCGCGGTAGCGATCGGTGTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTAGCGATTGGT
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
325  ACCCGTGAGGCAACGGGGTGGAAGCAGCGGGGAAGAGCGGGGAGAACAGGTTGAGAAAG

372  GTAGCGATCGCTGTAGCGATCGGGGTGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGGTG
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
385  GGGGGGTTCCGGGGAGAGAAAAGTGAAGACGCAGCGCTAGACAAAGGCTGCGGCAGGTAA

432  TAAGCCTAGGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTTGGCACGGGTAACACC
      |||  |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
445  GGGGCAAACAGAAGCGGAAACGGAGACACAAACAGGGAAAACAGAACACACG

```

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

Fast alignment of DNA sequences DNAMAN1 and DNAMAN2

Ktuple=2 Gap_penalty=7

Upper line: DNAMAN1, from 53 to 275

Lower line: DNAMAN2, from 59 to 271

DNAMAN1:DNAMAN2 identity= 28%

```

53   GGGCCATCGCCGTTGCCCAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGCTAGCCTACCTCT
      ||||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
59   GGGCGNNAAGANNNNNNAAGGGNNGNNTTNGCTTTTCTTGGGTCAAGGAAGGGGG
113  CCTTTGCCCGACTGACCCTGATTCACAAATAATTGAACACAGCCCATAAGTGGTGGTC
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
119  GT.....TGGGTNGGGNGATTNNNTTTCNNGNANGNNGGNMNTANTTNGCTCCAC
173  CCAAGCTGGGAAGAGCAACAGAATCCAGATAACGCTTCGATCTTCCCTCAAATCTGCC
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
169  CAGGATAAAAAAAGCCACTCCCCTGAATTNNNTACCTCCCGGCCNCCAAAACGGGG
233  CCCTCTGATTCATCTGAAGAAGCAGCGGATGCACCGCTCCCT
      |  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
229  GGACCCCCCGATTGGGCGGGCCTTTTTTTTTTCCCCCCCCG

```

ผลการทำ Alignment ระหว่างเส้นที่ได้จาก forward primer และ reverse primer ด้วยโปรแกรม

CLUSTAL W

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

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF14.ab1 317 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oligo_VG 1011 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 20.5047
Guide tree file created: [clustalw.dnd]

There are 1 groups
Start of Multiple Alignment

Aligning...
Group 1: Delayed
Alignment Score 538

CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

```

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli ATTTGTTTTGTGTGCGGGCTGCTCTCTGTTGTGTGTTTTGTTCTTGTAT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF ----N>NNNNGGGAGANNAAAAAGNAGGGGCTNAAGAAAAAGACCAATT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CGCGACATAGAGAAAAAAGAACTTGC GCAGTATATTTTTTTT
* * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF CTGGGGTTGAGGGA--ACTATCGAA-----CTCTCCTTNCNACACGNGT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTCTTGCGAAGTGCTACTGGCGAAAGATGGCCCTGTTCCCTGGGTTGT
* * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF GNNGNTNTGGGACTGCTCCCAAACCGTTGGAAGNGTGAG--TTGNNATAN
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TGCGCGGTGGCTTTGTCTCCTAGTTTTTTTACTTCTTGATCTTCTTCTAT
* * * * *

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

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF GT---TTCCTGTGTGATTTGATGTCCGCTCAC----AGTTCCGCACAACA
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTCTTTTCTGTTTGTGTTGATGTTTTTTTCTTCTAGTTCTGCGCGTTT
* * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF T-----ACACGCCAGAACCGTAAAGTGTAAAGCCTGTG--GTGCGAAATG
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TCGTTAAAAATGACTTTGTCATTGTCCCTGGTTTTTGC GCGTGCCTTTTT
* * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF AGTGA--GCTAACTGNTTTAATTGCGTTG---CGCTCACGGCCCTTTTT
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGTGTGCGTTTTTCGTTTTGTACTTGGTAAGACATTTACATAAATCCCG
* * * * *

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF AGTCTGN-----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGCCTTACAGGTTGGCGGGTGGCGCTCCTGAAAATCTTGAAAAGAAAT
* * *

```



```

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCCTCGTCCTGTGTCTGCGCGTTCCCCCGCTACTGCTCTTCTGGGTTGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCGTGCTTTTGGTTGCGGTTTCCGCTTTTGGGAGCGCTTTTCGTCGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGGCGGGGATGGGTGGTTCGTCGTTTCGAGCGCATGCGGGCTGGGGGAGC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TGTTGCGGGCGGGATGGCCTCAGGGATTTTAATACACCCTGGCAGGAC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTTGCATGATTTCCCGTCTCCTTCGTAGCGAATGCTCGTACTTGAAGG

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GCAAATGGTTTCCATCTACTTGTCTTAAAGGCGAAAGCGGACGTCTCA

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GGATAAAGAGAGAGAAAGGCGCATGTGTGTTTGCAGTGAGAGAGGCAATT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli TTTTCTACTTTTCGAGAGTCAGTTTTTACCCAGAAGGGCCTCTTCAGATT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli GCGAGCTCGCCTGGCAATGAAGGAAAAGCTCTCTTGTGTTCTTCGCTCTC

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli ACACAGTATGTTGCATGTTTGCCGTTTTAAAAGGGGAAGAAGCTAACCA

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCCCAGGACAAAAACACCACACCACCCAAAAACAACCAGCTACATAGTAGT

1st_BASE_497714_1F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497715_1R_Reverse_Oli CCTATTCTNTC

```

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

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

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

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

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

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF -NNNNNNTTANTNNNNNAGGNTT--GTTGACGTGGGGAGGNACTAG-TCT
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli TTTTTCCTTTGCCTTTTAGCGGTACGTCTACTCCGGGCTGGGTGAGATT
          **          *** * ** * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF TATTGAGTTANCCCGTGGCNTTTTTTTNTNANAGGTGTGNTTTTTGGGA
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli TTTTCTACGGGGTTTGCCTACTTTACCTCTGAGGATCGCCCTTTTTTGGG
          * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF TAGTCTTTTCGNGTTGGAAGCGTTGTTGNNAANTGTGTGNCATGTTTTN
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli AGGG-----GGGAAATCAAGATTTTAAAAATAATTGTCCGCGGCTGC
          * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497716_2F_Forward_OPF CCCTGTCANNTCTCGATNCTGTCGTGCTGTGTTTATCCCTCT
1st_BASE_497717_2R_Reverse_Oli CCTTGGCATC-CITGACGCTG---GTATAGAGTGCTCGTGC-----
          ** * * * * * * * * * * * * * * * *

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

3. ตัวอย่างจากแถบแถบขนาด 373 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกบานโดยไพโรเมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to DNA
 Sequence format is Pearson
 Sequence 1: 1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF 186 bp
 Sequence 2: 1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli 447 bp
 Start of Pairwise alignments
 Aligning...

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

Start of Multiple Alignment

There are 1 groups

Aligning...

Group 1: Delayed

Sequence:2 Score:2166

Alignment Score 231

CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli ATAAAAAAAAAAAACTAAATAAAATAATTTTAAATACTAGGTTAACAA

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
1st_BASE_497719_3R_Reverse_Oli TATCTTGTGGGCTTTAATTATTGGACCTCCTTTTTTGGTTTTGGGGTTT

1st_BASE_497718_3F_Forward_OPF -----
  
```



```

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      TNATTANCTATAGGNAACNAAATTTTNNNTAAAGTNATCTCCATT--
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      TTTTATGTGGAGATTTTATAGAAGTTTGTGTATTACTTTTCTNCTNNGA
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

```

```

1st_BASE_497720_4F_Forward_OPF      TTNCCATGCTCTNGGGTGTGTTTGTGTT
1st_BASE_497721_4R_Reverse_Oli      TCNNNANGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

```

```

* * * * *

```

5. ตัวอย่างจากแถบขนาด 270 bp ของ *S. affinis* ที่เหลือของ ระยะเวลาดอกตูม โดยไพรเมอร์ OPF14

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

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

```

```

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

```

[clustalw.aln](#)

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TAAAAAAAAAAAAAAAAAACAACCNCTCGATNGCTNGTTANTAATATATA

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TTAANCATATACTTAAAAAAAAAACTAAAAAACCTCTAAAATTGTTCNNT

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      ACCCCCCTCCCCACAAAAAACACCACAACCCANTACCTCTCNTTTATT

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      NATATTGTTTCNNCCCTTCNTAAAAAANAATTTNTTTCCCAAAGGGAAA

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      ACTACAACGCAANNTTTTGCCTTTTTTCTTCATGTTCTGGCGAAAGGAAG

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      -----
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      GGCCTGCGTATTTTCCATAGGGAACCTTCGACTGGTTGACGTCGCCCTTA
*

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      GGAAGGNGGTTTTGGT-AGCNGATTGCTTTAGTGGGAGTTATAGNGCT
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      TTGCCCGAGGCTGCGGAGAGTTGAATGATTTGATCATGA-TCAGACTGAG
* * * * *

```

```

1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      GCTATAAATTTTTTATNNGGTCGTTT-TNAAGGATATTTTGGNCTTGTT
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      GAGAGAGTTCTTANGAGTCGATTGTCCGCCGACCATGATATTGGTTCATT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497722_5F_Forward_OPF      GCGTGTTTTTGAGCNTTNGTAACANNNCNTATGN-
1st_BASE_497723_5R_Reverse_Oli      GCGNGTCTTATCGCCGTTCTCTCTNNNNNNNNNNN
*** ** * * * * * * * * * * * * * * * *

```

6. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. plicata* สีม่วง ระยะดอกแรกเข็ม โดยไพโรเมอร์

OPAB19

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      194 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli     561 bp
Start of Pairwise alignments
Aligning...

```

```

Sequences (1:2) Aligned. Score: 6.70103
Sequences (2:2) Aligned. Score: 34.4029
Guide tree      file created: [clustalw.dnd]
Start of Multiple Alignment
There are 1 groups
Aligning...
Group 1:                               Delayed
Sequence:2      Score:1876
Alignment Score 335
CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

```

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CTGTAAACTTACCACGGGGTGGTCATACAGGGGGTCCTACTGGGTTGTG

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      TCTCCCGGGGTGTGGTTCTAAGGGGGGTCTCCCGAGGGGGCCCCCCC

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CGGGGGCCCCCGAATGGTTCTTCCCGGGTTTTTCCCCCCCCGGGGG

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----AAAGAGGTAAACGTAAAAATTATTA
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CCACCCCCCTGGGGGCCCCCCCGGGGGTTTTCCCCCGGATTTTTTT
* * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      ACTATGAAAAAAC---AATATTTGTTATAATTAAAGCTCTAAAAAAA
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      ATCCCGAGGGGGACGGAAAAAACCTTTATAGCAGCAGCAGGCAGCAAGC
* * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      TTTTTTTTTATT---GGTCTTTTAAATAAAAAAT-TTCTTCCGTTTTGA-
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      TTTCTTTTCCCCCAATATGTAAACGGACACATATTTATGATGGATTGAT
*** ** * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----GGTTAGTTCGAATATGGGTAATGACATTTAG--ACTTTTGGTGT
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CCGAAGGGATTATTCTAAGATCTTTTTTG-CTCCTAGCCACGCTTGGTGT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      TCTA----TGGTTAT----ACCTGTTTTATGTGTTAACTTGTTA-----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CCTAACCATCTCTATGGGGACTTCTCTTACGCTTTACATTGTCTAAATTC
                                     ***   *   ***   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      ACGTTGGATGTACTGGGCAATACGGAGAGATGAGCGCGTACGAGCGAATG

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      CTTCGAGAACGGCGGGCGACTGCTGTGGTTGGCAGAGGATTAGATGGACC

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      TCGCGTACATTGCTGAATAATTTGTGGGATGCGAGAGGGCATGTTCCCTAG

1st_BASE_497724_6F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497725_6R_Reverse_Oli      GCTCCTCACGNN

```

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

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

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

```

```

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

```

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      CGTCTCGCAAGGTGGTGCCAACGGTAATTAACCAAACTACACAA

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      ATAGAAAAACAGAGGGCAACAACAGCGGTCCCCCGTGGGGTAACCCCGG

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GGTTAACCCGACGGGTCACCCGGTGGCTCCCCCGGGGGCTCCCCCG

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      ----NNNANNAANAAAANAAGGAATCGACTTCGCCGCAAAGGCCTTCGC
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TTGCTCCCCCGGGGGGCATAACCCCTTGGCTCAACCCGAGGGGAAAAAAA
                                     * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      GGNATTATAGTCTNTTCTGATTTC---CTNCTNTTACNAGTTTTTTT

```

```

1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      AAAGCCTTTTCCACAGCGGGCCAAAACCCCCCTTTCCAATTTTTT
                                     * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      NTGG-----TTTTCTCCCTACGCTTTTGATGTTTTTTTGTN
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GAAAAGAAGGGGTTTTTTTTTCCAGAAGATATCTAAACCTTTTTTTT
                                     **** * *** * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      TTTCTCTAATNNCATNGGNNCTCTGGGTGTCTCNTGTGATAGCTGTTT
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TTTCCCGCTGGTTTCCCCCACTCTAGGGAGTCATNGCAACAGGTGAAA
                                     **** * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      CCTGTGTAATTTTG-----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TCATTNCGTGTCTGGGCATCGGAGAGAGGCGNGTAGACGAAACACGAGAAC
                                     * * * * *
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      GACGCGAGGCCGGGTTGCAAGGAAAGATGACCTCGCGTACATTGTGAA
1st_BASE_497726_7F_Forward_OPA      -----
1st_BASE_497727_7R_Reverse_Oli      TAATTTGAGAGATCGAGNGTANTNCNNNNCNNNNNNCNNNA

```

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

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

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

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

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      --NGGGNNNNNNNNNNNNNNNGNNNNNGG----GGGGAAGANANNNG
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ATAAAAAATAGACGTAACGGCGAAAAACGATACTGAGTCATAAACACG
                                     ... . . . . * * * . . . *
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TCAGGNACGNAGANNCCNGANAAGAANNAAGAATTGAAAAANTTGGTNNN
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACTAAAACAATAAACCCAGCCAGAATAATTAATCTCATCAAGTATTATAG
                                     :*.. ** .:* * .****. *::*: * *:.**.*: .: .
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----AANAACAGATAAGCGAAAAAGAATATACATG-AA
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GATCTACGACGAGGGTCAAACATATGTGGCGTATAACTCTCCGAGGGGT
                                     .: *****: :****.***:*. : * * .:
1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      GAATCNAGCGATGGAAANCCATTCCAG-----TANTTGA

```

```

1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGGCCCGACGCGGGGGTCCAAACCGGGAGGTCCAAATGGGTTGTTTT
*..* ..** ..*...*****:**..* ..** :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTCAGGCG-----ACGAAGAAAATNCCCC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TACCGTGGGGGTTGGTCTTTGGGGTTGCACTCATGGGTGGGTCCACC
**:* * * *:..* :..* **:**

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      CTTTCTATTNTTTCTTAATCAAA-----CAC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTAGGTCTGGTTGGTTCGTATCCACCGGTTTTTGATCAGTAGGGGTTCCAC
**:* * * * ** **:* **..* **

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

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TCTTACNGAACTGTCCCTCCG-----CCTACTCAAT-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTCCCCGCTGATTCCCCCAAGACGTTTACCCCCCAACGGGTTCCCC
. * * : : ** * **..* * * **

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      ---CGGTANAGAAAGTCCANAGAGATAATCC-----GTAACCGCCG
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CCCCAGGGGTTACCCAACAGGGTTTTTCCCCAGGGGTTCCCCCCC
*** ..* :. :. . * . * : : ** ** ** ** : ** * **

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      GTGCGTGTTCG----CTGAGGTCTTCCAAAN----CCTTTCTTTGAT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACGGGGGTCTACCCCAGGGTTTTTCAAGGGGGGCTCCCCCAAGG
. * * * ** * : * . ** * ** * **..* * * * : : . .

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTAAAAACCAATTATTTATTTGCTNCTG-----ATCTAGTCGANT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGGTATCCTTTATTTTTTTTTTCCCCGGGGGGGGGAAAAA*****
. : : ** : : : ** : ** * * * * * * * * * : * : : . : . : :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TGANTCTGCCAGTGCCTTCTTAACN-----AATCAATTGNANAAA
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TGTGGCCGCTTGTCTTTGGAGCAGGTTAATGAGTATGGATTGCATGAA
**:* * ** : * ** * * * * : ** * . ** * * . **

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

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----GTATGCCTTGCATCCTTGG-GTAGTTTTCCTTCTT
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ATGCTTCTTCTCTCGCGTCTATACTAAGTGTGATTGCGAGATGCT
* ** * : * . * : : ** : * * * . ** * * * : * * *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      TTTCTTCTGNANAACCTCCATCTTCGACGTACTTATGTGACTCCCAAC-
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      ACACATATATAGTTACACTTTATTTTTTGCCTTAAGCTCAACTCCTTACG
: : ** : * : : ** : * : ** : * . * * * * * . ** : **

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      --TTGCGAAGAAGTTAGCCTGAAGATCTTGNCTCACAGC-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      CTTAGCTTAGACAAAGTACTATACATGATAAGCTAGCCTACGTTTCCGG
* ** : ** : : . . * . : * ** : * . ** : * : . *

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      -----TNGGTTGCCCTTCCTGTGCCG----CGNATTCTCGTCCGCAC
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      GGTGTTGATTGGATGGCCCTTCCT-TGCCGAGCTCGGAATAACGACCCTTG
* . * * * * ** * ** * * ** * * * . ** : ** : ** :

1st_BASE_497728_8F_Forward_OPA      ACTCCTCANNCTGACAATTGTGGCCTT-----
1st_BASE_497729_8R_Reverse_Oli      TGCCACGGAAGTAAAAGGACGCCGCTCNCT
: * * : . . . . * : * * . * *

```

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

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

```

Sequence type explicitly set to DNA
Sequence format is Pearson
Sequence 1: 1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA      513 bp
Sequence 2: 1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli      498 bp
Start of Pairwise alignments

```


Aligning...

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

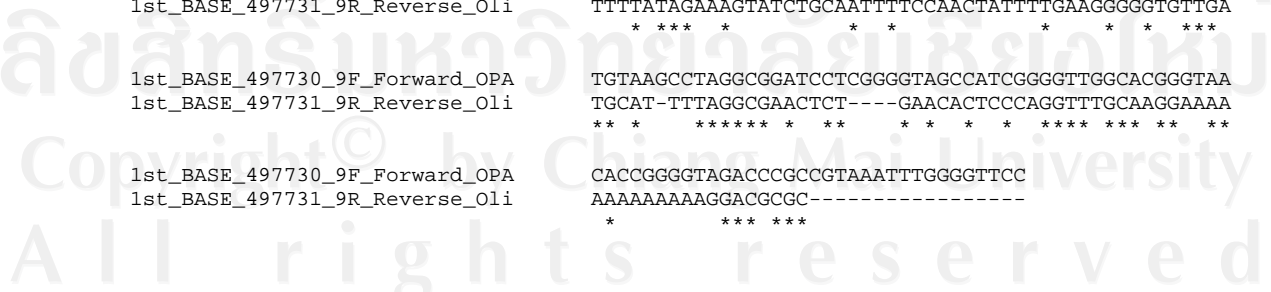
clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA -----CNNNGGCTCCCGGATGGCTACACCGATGGGCTACA-----
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TCCGTGTGTCTGTTTTCCTGTTTGTGTCTCCGTTCCGTTCTGTTTG
                                **** * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA ---CCGATGGGCTACACCGATGGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  CCCCTTACCTGCCGAGCCTTTGTCTAGCGCTGCGTCTTCACTTTTCTCT
                                * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA ACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTAC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  CCCCGBA--ACCCCCCTTCTCAAC-CTGTTCTCCCGCTCTT--CCCC
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA ACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACAC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  GCCTGCTTCCACCCGTTGCCT-CACGGGTTGCTTTTACTTTTTTATCC
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA CGATGGCTACACCGATGGCTACACCGATGGCTACAGCGATGGCTA-CACC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  AGGGGGGGGAAAAAAGTTTTTCCTTTGCATTGAGCTGATGATCAGC
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA GATGGCTACACCGATGTCAGCTCGAGGATACCCCCGAGGACCGGCTCGT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TTTTTTTGTGAAGGAAAGCGGTTCAATGATTTAACTGGAGATCGAGCTA-
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA TGGCCACCGGGTCTCCTTCCCGATCGGGGTAGCGATCGCGGTAGCGATC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  -GGTA----AATTTCTTCCCGGCTCAATA--TACTAATGAAGTGGTT
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA GGTGTAGCGATCGCTGTAGC--GATCGGGGTAGCGATGGTGTAGCGAT
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  GAGGAAAACCTTTGTGTATAACAGGTTTGCTTAAGTTTTCTTCTATTTT
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA CGCTGTAGCGATCGGGGTGGACATCGGGGTAGGCATCGGTGTAGGATTGG
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TTTTATAGAAAGTATCTGCAATTTTCCAATTTTGAAGGGGGTGTGTA
                                * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA TGTAAGCCTAGGCGGATCCTCGGGGTAGCCATCGGGGTGGCACGGGTAA
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  TGCAT-TTTAGGCGAACTCT----GAACACTCCCAGGTTTGAAGGAAAA
                                ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1st_BASE_497730_9F_Forward_OPA CACCGGGGTAGACCCGCGTAAATTTGGGGTTCC
1st_BASE_497731_9R_Reverse_Oli  AAAAAAAGGACGCGC-----
                                * * * * *

```



10. ตัวอย่างจากแถบขนาด 445 bp ของ *S. petri* ที่บ้านเข็ญ ระยะดอกบาน โดยไพรเมอร์ OPAB19

CLUSTAL W (1.81) Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to DNA
 Sequence format is Pearson
 Sequence 1: 1st_BASE_497732_10F_Forward_OP 507 bp
 Sequence 2: 1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol 283 bp
 Start of Pairwise alignments
 Aligning...

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

clustalw.aln

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      NNNTNNNNNGCGGNNNNTNCACNGAATAAGCTACGTCGATGGCCCGGAG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----N

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CTGGGCCATCGCCGTTGCCCAAAAACGAGGGCCCTGCTCATCATGACGC
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      TTTTTCCTTTGCGGGGGGGGAAAAAAAAGGCCCGCCCAAT----CG
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TAGCCTACCTCTCCTTTGCCCGACTGACCCTGATTTACAAAATAATTGAA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GGGGTCCCCCGTTTGGNGGGCCGG----GAG---GTANNNAATTCAG
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CACAGCCCCATAAGTGGTGGTCCCAAGCTGGGAAGGCAACAGAATCCAG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GGGAGTGGCTTTTTTTTATCCTG-GTGGAGCNAANTANNCCNCCNTN
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      ATAACGCTTCGATCTTCCCTCCAAATTCTGCCCCCTCTGATTCATCTGAA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      CNNGAAANNNAATCNCCCNACCCAACCCCCCTTCTTGACCCA----A
*   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      GAAGCAGCGGATGCACCGCTCCCTCGCCACCTGGCCCTCTCCCCCATC
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      GAAA-AGCNAA---ANCNNCCCTTNNNNNNNTCTTNNNCGCCCTNNN
***   ***   *   *   *   *   *   *   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      GGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGG
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      NCNNNNNNNNNNNGTANAGCNNNNNCGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
*   *   *   *

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TGTAGCCATCGGTGTATCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCATCGGT
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      NNT-----
*

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      TAGCCATCGGTGTAGCCATCGGTGTAGCCCTCGGTGTATCCATCGGTGTA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      ACCCTCGGTGTAGCCATCGGGGTANCCATCGGTGTATATATCACTGTATA
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

1st_BASE_497732_10F_Forward_OP      CNNAGGN
1st_BASE_497733_10R_Reverse_Ol      -----

```



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

1. > [ref|XM_002463829.1](#)  Sorghum bicolor hypothetical protein, mRNA
Length=2240

[GENE ID: 8086247 SORBIDRAFT_01g008020](#) | hypothetical protein [*Sorghum bicolor*]
(10 or fewer PubMed links)

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


Query	74	AAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAA	106
Sbjct	1872	AAGTATTCTCTCCTGAGTCTGATCATGACCAA	1840

2. > [ref|NM_001111776.1](#)  Zea mays tousled-like kinase 2 (TLK2), mRNA
[gb|AY496080.1](#)  Zea mays tousled-like kinase 2 (TLK2) mRNA, complete cds
Length=2729

[GENE ID: 542152 TLK2](#) | tousled-like kinase 2 [*Zea mays*]

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


Query	74	AAGAACTCTCTCCTCAGTCTGATCATGATCAAA	106
Sbjct	2288	AAGTATTCTCTCCTGAGTCTGATCATGACCAA	2256

3. > [ref|NM_001055271.2](#)  *Oryza sativa* Japonica Group Os03g0113500
(Os03g0113500) mRNA,
complete cds
Length=4146

[GENE ID: 4331378 Os03g0113500](#) | Os03g0113500 [*Oryza sativa* Japonica Group]

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

Query	117	CTCCGCAGCCTGCGGCAATAAGGCGGACGTCA	148
Sbjct	3395	CTCCGCCGCCTGCGGCAACAAGTGGGACGTCA	3426

4. >  [ref|XM_725807.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ref|XM_725807.1) Plasmodium yoelii yoelii str. 17XNL chloroquine resistance marker protein (PY02945) partial mRNA
Length=19911

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

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

```

Query 353      ttttttagt-----tttttAAGTATATGNTTAAATATATATT 392
                |||||  |||||  |||||  |  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 12354     TTTTTTATTTTTTATTTTTTTCATTATATTTTAAATATATATT
12312

```

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-สกุล นางสาว จตุพร อนุชัย

วันเดือนปีเกิด 28 มกราคม 2529

ประวัติการศึกษา

ระดับมัธยมศึกษาตอนต้น ร.ร. พระหฤทัย เชียงใหม่

ระดับมัธยมศึกษาตอนปลาย ร.ร. พระหฤทัย เชียงใหม่

ระดับปริญญาตรี คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved