

การจำแนกพืชสกุลการเวกบางชนิดในประเทศไทย (วงศ์กระดังงา)

โดยใช้วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลและสัณฐานวิทยา



เอกพล โพธิ์ขวัญ

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต

สาขาวิชาการสอนชีววิทยา

ลิขสิทธิ์ © by Chiang Mai University
All rights reserved

บัณฑิตวิทยาลัย

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

กันยายน 2563

การจำแนกพืชสกุลการเวกบางชนิดในประเทศไทย (วงศ์กระดังงา)
โดยใช้วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลและฐานวิทยา



เอกพล โพธิ์ขวัญ

วิทยานิพนธ์นี้เสนอต่อมหาวิทยาลัยเชียงใหม่เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตาม

หลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาการสอนชีววิทยา

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

กันยายน 2563

การจำแนกพืชสกุลการเวกบางชนิดในประเทศไทย (วงศ์กระดังงา)

โดยใช้วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลและสัณฐานวิทยา

เอกพล โพธิ์ขวัญ

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับการพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาการสอนชีววิทยา

คณะกรรมการสอบ

อาจารย์ที่ปรึกษา

จิโรจน์ แสงรัตนประเสริฐ

(ดร.จิโรจน์ แสงรัตนประเสริฐ)

ประธานกรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชนวัฒน์ เชาวสุก)

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชนวัฒน์ เชาวสุก)

กรรมการ

อัมม อินตา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อัมม อินตา)

กรรมการ

8 กันยายน 2563

© ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเชียงใหม่

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์เล่มนี้สามารถดำเนินการและสำเร็จลุล่วงตามวัตถุประสงค์ของผู้เขียนได้ด้วยความช่วยเหลือและสนับสนุนจาก ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธนวัฒน์ เชาวสุก อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ผู้ให้คำแนะนำและให้คำปรึกษาในการทำวิจัย ตลอดจนตรวจสอบแก้ไขจุดผิดพลาดต่าง ๆ จนวิทยานิพนธ์เสร็จสมบูรณ์ ผู้เขียนขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูงไว้ ณ โอกาสนี้

ขอกราบขอบพระคุณ ดร.จิโรจน์ แสงรัตนประเสริฐ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อังคณา อินตา กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาตอบรับและเสียสละเวลามาเป็นคณะกรรมการสอบ ตลอดจนให้คำแนะนำ ตรวจสอบและแก้ไขข้อบกพร่องของวิทยานิพนธ์

ขอขอบพระคุณ โครงการส่งเสริมการผลิตครูที่มีความสามารถพิเศษทางวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ ที่สนับสนุนทุนการศึกษา

ขอขอบคุณ หอพรรณไม้กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช (BKF) หอพรรณไม้มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ (CMUB) หอพรรณไม้เอดินเบอระ (E) หอพรรณไม้คิว (K) หอพรรณไม้กรุงปารีส (P) หอพรรณไม้สวนพฤกษศาสตร์สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ (QBG) สำหรับตัวอย่างพืชในวงศ์กระดังงาและข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการวิจัยในครั้งนี้

ขอขอบคุณห้องปฏิบัติการ Maxwell Laboratory of Plant Systematics สำหรับความอนุเคราะห์เครื่องมือ อุปกรณ์และสารเคมีต่าง ๆ ที่จำเป็นต่อการดำเนินงานวิจัย และขอขอบคุณสมาชิกในห้องปฏิบัติการทุกคนสำหรับความช่วยเหลือ และคำแนะนำ

สุดท้ายนี้ขอขอบพระคุณครอบครัวและเพื่อนทุกคนที่สนับสนุนการเรียน ให้กำลังใจ และความห่วงใยมาโดยตลอด จนการจัดทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

เอกพล โพธิขำ

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การจำแนกพืชสกุลการเวกบางชนิดในประเทศไทย
(วงศ์กระดังงา) โดยใช้วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลและ
สัณฐานวิทยา

ผู้เขียน

นายเอกพล โพธิ์ขวัญ

ปริญญา

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การสวนชีววิทยา)

อาจารย์ที่ปรึกษา

ผศ. ดร.ธนวัฒน์ เชาวสุ

บทคัดย่อ

สกุลการเวก (*Artabotrys*) เป็นสกุลขนาดใหญ่ของวงศ์กระดังงา (*Annonaceae*) มีลักษณะเด่นคือ ก้านและแกนช่อดอกเป็นรูปตะขอ ทำให้ง่ายต่อการระบุสกุล แต่การกำหนดขอบเขตชนิดในพืชสกุลนี้มีความยาก เนื่องจากพืชแต่ละชนิดมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่คาบเกี่ยวกัน จึงทำให้สงสัยว่าชื่อวิทยาศาสตร์บางชื่ออาจประกอบไปด้วยพืชมากกว่าหนึ่งชนิด ดังนั้น เพื่อที่จะตรวจสอบชนิดซ่อนเร้นในพืชชนิด *A. harmandii* (นมจ้ว), *A. multiflorus* (การเวกช่อ) และ *A. spinosus* (นาวน้ำ) จึงศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกจากยีน 6 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK*, *rbcL* และ *ndhF*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *trnL-trnF* และ *psbA-trnH*) ของตัวอย่างพืชในสกุลการเวก 37 ตัวอย่าง (15 ตัวอย่างจาก GenBank) และศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก 5 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK* และ *ndhF*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *trnL-trnF* และ *psbA-trnH*) ร่วมกับลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส 8 ตำแหน่ง (เอ็กซอนและอินทรอน *AP3*, *AT2G32520*, *GI*, *HMGs*, *LFY*, *MAG1* และ *ncpGS*; เอ็กซอน *PHYA*) ของตัวอย่างพืชในสกุลการเวก 61 ตัวอย่าง (51 ตัวอย่างจาก GenBank โดยมี 12 ตัวอย่างที่เป็นตัวอย่างเดียวกับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก) โดยสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ด้วย 3 วิธี ได้แก่ วิธีพาร์สิโมนี วิธีความเป็นไปได้สูงสุด และวิธีเบย์เซียน จากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกเพียงอย่างเดียว พบว่ายังมีความคลุมเครือ โดยตัวอย่างของ *A. harmandii* และ *A. spinosus* ไม่ได้มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว (ตัวอย่างของแต่ละชนิดแยกออกเป็นสองวงศ์วานซึ่งไม่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกัน) ส่วนตัวอย่าง *A. multiflorus* จาก

จังหวัดกาญจนบุรี (= *Artabotrys cf. multiflorus*) มีเพียงตัวอย่างเดียวที่เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้สำเร็จ จากผลการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์ดังกล่าวยังไม่สามารถสรุปได้ว่าตัวอย่างพืช *A. harmandii* และ *A. spinosus* ที่ปรากฏอยู่ในสองวงศ์วานเป็นพืชชนิดเดียวกัน ส่วนตัวอย่าง *Artabotrys cf. multiflorus* มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาแตกต่างไปจากตัวอย่างต้นแบบของ *A. multiflorus* จากประเทศพม่า ได้แก่ จำนวนดอกบนตะขอ รูปร่างกลีบดอก ปลายกลีบดอก ขนาด และความกว้างของกลีบดอก และจำนวนเกสรเพศเมียต่อดอก ดังนั้น ตัวอย่าง *Artabotrys cf. multiflorus* จึงเป็นพืชชนิดใหม่ จากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบส ดีเอ็นเอในคลอโรพลาสต์และนิวเคลียสมีความชัดเจนมากกว่า โดยตัวอย่างพืชชนิด *A. harmandii* มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบกิ่งชาติพันธุ์เดียว และมีพืชชนิดใหม่จำนวน 1 ชนิด จากจังหวัด ชะเชิงเทรา มีลักษณะใบมักจะเป็นรูปรี ปลายใบแหลมถึงแหลมกว้าง กลีบดอกรูปรีแกมขอบขนาน แบบแฉก และผลค่อนข้างกลม ในขณะที่ตัวอย่าง *A. harmandii* ที่แท้จริง (ตัวอย่างต้นแบบจาก ประเทศลาวและตัวอย่างจากจังหวัดศรีสะเกษ) มีลักษณะใบเป็นรูปไข่กลับ ปลายใบเป็นติ่งแหลม กลีบดอกเป็นรูปรี ซึ่งกว้างและสั้นกว่าตัวอย่างจากจังหวัดชะเชิงเทรา และผลเป็นรูปรี ในทางกลับกัน ตัวอย่างพืชชนิด *A. spinosus* ที่เก็บจาก 2 พื้นที่ที่แตกต่างกัน (ระบบแม่น้ำมูลและชี เทียบกับ ระบบ แม่น้ำโขง) พบว่ามีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว แต่กระนั้นความยาวกิ่งของแต่ละ ตัวอย่างในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์บ่งบอกว่าการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสที่แตกต่างกันในระดับหนึ่ง จึงควรมีการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาอย่างละเอียดในอนาคตเพื่อหาข้อสรุปทางอนุกรมวิธานที่แน่นอนของพืชชนิดนี้

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title	Classification of Some Thai <i>Artabotrys</i> (Annonaceae) Using Molecular Phylogenetics and Morphology
Author	Mr. Ekkaphon Photikwan
Degree	Master of Science (Teaching Biology)
Advisor	Asst. Prof. Dr. Tanawat Chaowasku

Abstract

Artabotrys is one of the largest genera of Annonaceae and easily recognizable by the presence of hooked peduncles and inflorescence axes, but their species delimitation is somewhat problematic due to highly overlapping morphological traits. So, it is suspected that some scientific names may contain more than one species. In order to prove the existence of such cryptic species complexes in *A. harmandii*, *A. multiflorus*, and *A. spinosus*, a plastid phylogenetic hypothesis (six regions: *matK*, *ndhF*, and *rbcL* exons; *trnL* intron; *trnL-trnF* and *psbA-trnH* intergenic spacers; 37 accessions of *Artabotrys*, 15 from GenBank), and a combined plastid (five regions: *matK*, and *ndhF* exons; *trnL* intron; *trnL-trnF* and *psbA-trnH* intergenic spacers) and nuclear (eight regions: *AP3*, *AT2G32520*, *GI*, *HMGS*, *LFY*, *MAG1*, and *ncpGS* exons plus introns; *PHYA* exon) phylogenetic hypothesis (61 accessions of *Artabotrys*, 51 from GenBank; 12 accessions are the same as those included in the plastid phylogeny) are reconstructed by three methods: parsimony, maximum likelihood, and Bayesian inference. The plastid phylogenetic relationships are largely unresolved, with *A. harmandii* and *A. spinosus* being non-monophyletic (i.e. accessions of each species have been recovered in two clades that are not sister to each other), whereas only one accession of *A. multiflorus* occurring in Kanchanaburi Province (= *Artabotrys* cf. *multiflorus*) is amplifiable. Based on the plastid phylogenetic results, it is still inconclusive whether the two clades of *A. harmandii* and of *A. spinosus* represent a single species, while *Artabotrys* cf. *multiflorus* is morphologically different from the type specimens of *A. multiflorus* (Myanmar) in several respects: number of flowers per hook; petal shape,

apex, length and width; and number of carpels per flower. Therefore, *Artabotrys* cf. *multiflorus* is described as a new species. The combined plastid and nuclear phylogenetic results are much more resolved. *Artabotrys harmandii* appears paraphyletic and one new species is warranted and described. The new species from Chachoengsao Province has usually elliptic leaf blade, acute to broadly acute leaf apex, narrowly elliptic-oblong petals, and subglobose monocarps, whereas the true *A. harmandii* (from Laos [type] and Sisaket Province) has obovate leaf blade, cuspidate leaf apex, elliptic petals, which are broader and shorter, and ellipsoid monocarps. On the other hand, accessions of *A. spinosus* from two different localities (Mun and Chi River system vs. Mekong River system) are recovered as a monophyletic group. Although *A. spinosus* is monophyletic, each lineage is moderately long corresponding to its mutations. Their morphological features, however, require further in-depth investigation before a solid conclusion on the taxonomy of *A. spinosus* can be made.

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อภาษาไทย	ง
ABSTRACT	ฉ
สารบัญตาราง	ญ
สารบัญภาพ	ฎ
รายการอักษรย่อ	ฐ
รายการสัญลักษณ์	ท
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ที่มาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย	3
บทที่ 2 ทบทวนเอกสาร	4
2.1 การใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอเพื่อสร้างวิวัฒนาการชาติพันธุ์	4
2.2 รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ	5
2.3 วงศ์กระดังงา	6
2.4 วิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชวงศ์กระดังงา	6
2.5 ไม้ Xylopieae	7
2.6 สกุลการเวก	7
2.7 วิวัฒนาการชาติพันธุ์และชีวภูมิศาสตร์ของพืชสกุลการเวก	8
2.8 การถ่ายเรณูและการกระจายพันธุ์ของพืชสกุลการเวก	9
บทที่ 3 อุปกรณ์และวิธีการวิจัย	11
3.1 อุปกรณ์	11
3.2 วัสดุและสารเคมี	12

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
3.3 วิธีการทดลอง	13
บทที่ 4 ผลการศึกษา	23
4.1 การศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด	23
4.2 การศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส	27
4.3 การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของตัวอย่างพืช	31
บทที่ 5 อภิปรายผลการศึกษา	39
5.1 การศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด	39
5.2 <i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i>	39
5.3 การศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส	42
5.4 <i>Artabotrys harmandii</i>	42
5.5 <i>Artabotrys spinosus</i>	46
5.6 <i>Artabotrys simensis</i> และ <i>Artabotrys</i> sp.	49
บทที่ 6 สรุปผลการศึกษา	52
เอกสารอ้างอิง	54
ภาคผนวก	
ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด	65
ภาคผนวก ข ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส	74
ภาคผนวก ค ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา	100

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

ประวัติผู้เขียน

103



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 3.1 ไพรเมอร์สำหรับตำแหน่งลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิด	13
ตารางที่ 3.2 ไพรเมอร์สำหรับตำแหน่งลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส	13
ตารางที่ 5.1 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันระหว่าง <i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i> และ <i>A. multiflorus</i>	40
ตารางที่ 5.2 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันระหว่าง <i>A. harmandii</i> จากจังหวัด ฉะเชิงเทราและ <i>A. harmandii</i> จากจังหวัดศรีสะเกษ	43

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

สารบัญภาพ

	หน้า
ภาพที่ 2.1 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่นำมาจาก Chen <i>et al.</i> (2019)	9
ภาพที่ 4.1 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จากการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด	26
ภาพที่ 4.2 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จากการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส	30
ภาพที่ 4.3 สัณฐานวิทยาของ <i>Artabotrys cf. multiflorus</i>	33
ภาพที่ 4.4 ตัวอย่างที่เป็นตัวแทนของ <i>Artabotrys cf. multiflorus</i> (Keßler PK 3227; BKF)	34
ภาพที่ 4.5 สัณฐานวิทยาของ <i>Artabotrys harmanii</i> จากจังหวัดฉะเชิงเทรา	37
ภาพที่ 4.6 ตัวอย่าง <i>Artabotrys harmanii</i> จากจังหวัดฉะเชิงเทรา (Rodphitak 1; CMUB)	38
ภาพที่ 5.1 ตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรกของ <i>Artabotrys multiflorus</i> (Parkinson 5220; E)	41
ภาพที่ 5.2 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกกระหว่าง <i>Artabotrys cf. multiflorus</i> และตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรกของ <i>A. multiflorus</i>	42
ภาพที่ 5.3 ตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบของ <i>Artabotrys harmandii</i> (Harmand 1877; P)	44
ภาพที่ 5.4 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบระหว่าง <i>Artabotrys harmandii</i> จากจังหวัด ฉะเชิงเทราและ <i>A. harmandii</i> จากจังหวัดศรีสะเกษ	45
ภาพที่ 5.5 ตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบของ <i>Artabotrys spinosus</i> (Kerr 8338; K)	47
ภาพที่ 5.6 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกและผลระหว่าง <i>Artabotrys spinosus</i> จากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง	48
ภาพที่ 5.7 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบใบระหว่าง <i>Artabotrys spinosus</i> จากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง	49
ภาพที่ 5.8 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกกระหว่าง <i>Artabotrys siamensis</i> จากจังหวัด เพชรบุรี และ <i>A. siamensis</i> จากจังหวัดกาญจนบุรี	50
ภาพที่ 5.9 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกและผลระหว่าง <i>Artabotrys sp.</i> จากจังหวัด กาญจนบุรี และ <i>A. uniflorus</i>	51

รายการอักษรย่อ

AUST.	Australasia
c.	circa
Chach.	Chachoengsao Province
cm	centimeter
Cult.	Culture
EDG	Early Divergent Grade
MAC	Main Artabotrys Clade
MADAG.	Madagascar
mm	Millimeter
Nakhonratch.	Nakhon Ratchasima Province
Riv.	River
Ubonr.	Ubonratchathani Province

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

รายการสัญลักษณ์

±	more or less
—	to
×	by
®	registered trademark



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญ

สกุลการเวก (*Artabotrys* R. Br.) เป็นสกุลขนาดใหญ่ของวงศ์กระดังงา (Annonaceae) อยู่ในเผ่า Xylopieae ของวงศ์ย่อย Annonoideae ประกอบด้วยสมาชิกประมาณ 100 ชนิด มีการกระจายพันธุ์ในพื้นที่เขตร้อนของทวีปแอฟริกาและเอเชีย (Mabberley, 2008; Guo *et al.*, 2017b) จากการศึกษาการจัดจำแนกพืชสกุลการเวกในประเทศไทยโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเป็นหลักเมื่อเร็ว ๆ นี้พบว่าในประเทศไทยมีพืชสกุลการเวกจำนวน 20 ชนิด ที่สามารถระบุชนิดได้อย่างชัดเจน โดยมี 2 ชนิดที่เป็นพืชชนิดใหม่ ได้แก่ *Artabotrys longipetalus* J.Chen & Eiadthong และ *A. insuriae* J.Chen & Eiadthong (Chen and Eiadthong, 2020) พืชในสกุลนี้มีลักษณะเด่น คือมีดอกออกจากก้านและแกนช่อดอกที่เปลี่ยนแปลงไปเป็นรูปตะขอ (ทวี, 2552) ทำให้ง่ายต่อการระบุสกุล แต่การระบุชนิดและจัดจำแนกในระดับชนิดของพืชในสกุลนี้มีความยาก เนื่องจากพืชแต่ละชนิดมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ค่อนข้างคาบเกี่ยว และแยกออกจากกันไม่ชัดเจน (Turner and Utteridge, 2015; Chen *et al.*, 2018) โดยที่ผ่านมาถึงแม้จะมีการศึกษาพืชสกุลการเวกในประเทศไทย (เช่น ทวี อินสุระ, 2552; Thongpaiboj, 2008) แต่การระบุชนิดของพืชในสกุลนี้ก็ยังคงมีความผิดพลาด และทำให้เกิดความเข้าใจผิด (ทวี อินสุระ, 2552; Chen *et al.*, 2018) จากรายงานการค้นพบพืชชนิดใหม่และปัญหาในการระบุชนิดพืชในสกุลการเวก (Chen *et al.*, 2018; Chen and Eiadthong, 2020) จึงเป็นไปได้ว่าในประเทศไทยยังมีพืชในสกุลการเวกที่ระบุชนิดผิด หรือบางตัวอย่างอาจจะยังไม่ได้มีการตั้งชื่อวิทยาศาสตร์และบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยา

การระบุชนิดพืชให้ถูกต้องนั้นมีความสำคัญ เนื่องจากจะส่งผลไปถึงการจัดทำข้อมูลต่าง ๆ ของพืช ไม่ว่าจะเป็นการบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยา ข้อมูลการกระจายพันธุ์ รวมไปถึงการอนุรักษ์พืชชนิดนั้น ๆ โดยเฉพาะหากเป็นพืชเศรษฐกิจหรือมีสรรพคุณเป็นยารักษาโรคได้ การระบุชนิดยังมีความจำเป็นที่จะต้องทำอย่างถูกต้องและแม่นยำ เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการเลือกใช้ประโยชน์จากพืชได้ถูกชนิดและถูกวัตถุประสงค์ หากมีความผิดพลาด ต้องได้รับการแก้ไข เช่น จำแนกพืชชนิดใหม่

จากชนิดซ่อนเร้น อันจะเป็นการเพิ่มพูนข้อมูลทรัพยากรธรรมชาติในประเทศ สามารถขยายผลไปถึงการนำพืชชนิดใหม่นั้นมาใช้ประโยชน์ได้ต่อไป

จากการทบทวนบทความที่เกี่ยวกับการบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยา การใช้ประโยชน์ทั้งทางด้านสมุนไพรและด้านอื่น ๆ ของพืชในสกุลการเวกโดย Tan and Wiart (2014) พบว่า พืชสกุลการเวกถูกใช้ประโยชน์เป็นพืชสมุนไพรอย่างยาวนาน ยกตัวอย่างเช่น *A. harmandii* Finet & Gagnep. (นมจืด) มีการใช้ส่วนรากและลำต้นเป็นยาสมุนไพรช่วยกระตุ้นการหลั่งน้ำนม *A. spinosus* Craib (น่าน้ำ) มีการใช้ส่วนเปลือกลำต้นเป็นสมุนไพรรักษาอาการโรค (Chuakul and Soonthornchareonnon, 2003) และจากการศึกษาสารสกัดจากดอกของ *A. hexapetalus* (L.f.) Bhandari พบว่าสารสกัดมีฤทธิ์ในการต้านแบคทีเรียก่อโรคบางชนิด รวมไปถึงการต้านเชื้อราบางชนิด (Manjula et al., 2011) นอกจากนี้ยังมีการใช้ประโยชน์จากพืชสกุลการเวกในด้านอื่น ๆ นอกจากสรรพคุณทางยา ยกตัวอย่างเช่น น้ำมันหอมระเหยจาก *A. hexapetalus* ถูกนำมาใช้ในอุตสาหกรรมการผลิตน้ำหอม (Aguilar, 2001) และผลของ *A. brachypetalus* Benth. สามารถนำมาผลิตเป็นเครื่องดื่มได้ (Rampedi, 2010) เป็นต้น

อย่างไรก็ตาม จากการศึกษาวិวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลของสกุลการเวก (Chen et al., 2019) พบว่าพืชสกุลการเวกบางชนิดที่พบในประเทศไทยยังไม่มีข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอ และชนิดที่มีข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมีความหลากหลายทางสัณฐานวิทยาสูง จึงจำเป็นต้องเก็บตัวอย่างพืชชนิดเหล่านี้เพิ่มเติมเพื่อเป็นการเพิ่มข้อมูลทำให้วิวัฒนาการชาติพันธุ์ของสกุลการเวกมีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเบื้องต้น พบว่าบางตัวอย่างของพืชชนิด *A. multiflorus* C.E.C.Fischer (การเวกช่อ) ที่เก็บจากจังหวัดกาญจนบุรี และ *A. harmandii* ที่เก็บจากภาคตะวันออกเฉียงใต้ของประเทศไทย มีความแตกต่างไปจากตัวอย่างต้นแบบ (type specimen) ซึ่งตัวอย่างต้นแบบของพืชทั้งสองชนิดดังกล่าวไม่ได้ถูกเก็บมาจากประเทศไทย อีกทั้งจากการสำรวจและศึกษาพืชชนิด *A. spinosus* ที่มีการกระจายพันธุ์เป็นวงกว้าง สามารถพบได้ตามริมฝั่งของแม่น้ำสายหลักในภาคเหนือ ตะวันออก และภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ได้แก่ แม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันตามภูมิศาสตร์ และบางตัวอย่างมีความแตกต่างไปจากตัวอย่างต้นแบบ จึงเป็นไปได้ว่าตัวอย่างพืชสกุลการเวกชนิดดังกล่าวที่แตกต่างไปจากตัวอย่างต้นแบบดังกล่าวอาจเป็นพืชชนิดใหม่

ดังนั้น เพื่อพิสูจน์สมมุติฐานที่กล่าวไว้ข้างต้นจึงมีความจำเป็นที่จะต้องศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุล เพื่อให้ทราบถึงความสัมพันธ์และตำแหน่งในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ชัดเจนของตัวอย่างพืชสกุลการเวกที่เพิ่มเข้าไปใหม่ พร้อมทั้งตรวจสอบความสัมพันธ์ของพืชชนิด

เดียวกันจากหลายแหล่งกำเนิด ซึ่งหากไม่ได้มีความสัมพันธ์แบบชาติพันธุ์เดียว (monophyletic) หรือมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแตกต่างกันไปจากบรรพบุรุษร่วมล่าสุดที่มากเพียงพอ ตัวอย่างพืชดังกล่าวจะมีสถานะทางอนุกรมวิธานเป็นอย่างไรและเป็นพืชชนิดใหม่หรือไม่ โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียสในหลายช่วงยีน (region) ของตัวอย่างพืชที่เก็บจากการออกสำรวจมาวิเคราะห์เปรียบเทียบกันร่วมกับข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากฐานข้อมูล GenBank และบูรณาการเข้ากับการศึกษาทางสัณฐานวิทยาอย่างละเอียด พร้อมทั้งเปรียบเทียบกับตัวอย่างต้นแบบ เพื่อนำไปสู่ข้อสรุปทางอนุกรมวิธานที่เหมาะสมและถูกต้อง

ประโยชน์ของการศึกษาในครั้งนี้ คือได้ข้อมูลอนุกรมวิธานของพืชสกุลการเวกที่ถูกต้อง อันจะเป็นการเพิ่มพูนฐานข้อมูลของพืชในสกุลนี้สำหรับการศึกษาต่อยอดในแขนงต่าง ๆ เช่น การอนุรักษ์พันธุ์พืช การเกษตร และเภสัชศาสตร์ เป็นต้น

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1.2.1 เพื่อกำหนดขอบเขตของพืชชนิด *Artabotrys spinosus* โดยใช้ข้อมูลวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลและสัณฐานวิทยา

1.2.2 เพื่อตรวจสอบการจัดจำแนกพืชชนิด *A. multiflorus* และ *A. harmandii* โดยใช้ข้อมูลวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลร่วมกับสัณฐานวิทยา

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

บทที่ 2

บททวนเอกสาร

2.1 การใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอเพื่อสร้างวิวัฒนาการชาติพันธุ์

จากการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลของพืชในวงศ์กระดังงาที่ผ่านมา พบว่านิยมใช้ช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิด 2 ช่วง ได้แก่ ช่วงที่สามารถแปลรหัสพันธุกรรมให้กรดอะมิโนสำหรับการสร้างโปรตีนได้ (coding regions) ซึ่งเป็นช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิดที่เป็นเอ็กซอน (exon) และช่วงที่ไม่สามารถแปลรหัสพันธุกรรมให้กรดอะมิโนได้ (non-coding regions) โดยสามารถแบ่งช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิดนี้ได้เป็น 2 ประเภท ได้แก่ อินตรอน (intron) และช่วงระหว่างยีน (intergenic spacer) (ตัวอย่างการศึกษา เช่น Pirie *et al.*, 2006; Su *et al.*, 2008, 2010; Zhou *et al.*, 2009, 2010; Chaowasku *et al.*, 2012, 2013a, 2013b, 2014, 2018a, 2018b; Chatrou *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2012; Xue *et al.*, 2012, 2014, 2016, 2018; Guo *et al.*, 2014, 2017a, 2017b; Ortiz-Rodriguez *et al.*, 2016a, 2016b) โดยช่วงลำดับเบสที่สามารถแปลรหัสเป็นกรดอะมิโนได้ เช่น เอ็กซอน *matK*, *rbcL* และ *ndhF* เป็นต้น จะมีอัตราการแทนที่เบสต่ำกว่าช่วงที่ไม่สามารถแปลรหัสพันธุกรรมให้กรดอะมิโนได้ (Wolfe & Sharp, 1998; Clegg & Zurawski, 1992; Gielly & Taberlet, 1994) ทำให้เป็นช่วงลำดับเบสที่มีความเหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์ตั้งแต่ระดับสกุลขึ้นไป ส่วนลำดับเบสช่วงที่ไม่สามารถแปลรหัสพันธุกรรมให้กรดอะมิโนได้ เช่น อินตรอน *trnL* และช่วงระหว่างยีน *psbA-trnH* เป็นต้น จะมีความเหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์ในระดับสกุล และต่ำกว่าระดับสกุลลงไป (Gielly and Taberlet, 1994)

ถึงแม้การศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลของพืชที่ผ่านมานิยมใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิด เนื่องจากมีความสะดวกในการเพิ่มปริมาณ เพราะมีการศึกษาและออกแบบไพรเมอร์มาแล้ว และมีข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในฐานข้อมูลสากล GenBank จำนวนมาก ในขณะที่การใช้ low-copy nuclear gene ยังไม่เป็นที่นิยมเท่าที่ควร เนื่องจากมีข้อจำกัดมากมาย เช่น โครงสร้างพันธุกรรมมีความซับซ้อน มีความยากในการแยกและระบุยีนว่าเป็นแบบ orthologous หรือ paralogous และความเป็น heterozygosity เป็นต้น แต่อย่างไรก็ตาม low-copy nuclear gene ก็มีข้อดี คือ ได้รับการ

ถ่ายทอดมาจากทั้งพ่อและแม่ มีอัตราวิวัฒนาการสูงเมื่อเทียบกับยีนในพลาสติก ทำให้เป็นข้อมูลที่มีประสิทธิภาพสำหรับการจำแนกพืชในอนุกรมวิธานระดับที่ต่ำกว่าสกุล (Small *et al.*, 2004) โดย Small *et al.* (1998) ทำการเปรียบเทียบผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของพืชสกุล *Gossypium* L. ที่ได้จากการใช้ข้อมูลลำดับเบสจากดีเอ็นเอในพลาสติกในช่วงที่ไม่สามารถแปลรหัสพันธุกรรมให้กรดอะมิโนได้ (non-coding cpDNA) และยีน *AdhC* ในนิวเคลียส เมื่อนำผลการวิเคราะห์มาเปรียบเทียบกันพบว่า การใช้ข้อมูลจากลำดับเบสของยีน *AdhC* ซึ่งมีความยาวเพียง ± 1.65 กิโลเบส แสดงผลความสัมพันธ์ที่ชัดเจนและมีค่าสนับสนุนที่สูง ในขณะที่การใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกในช่วงที่ไม่มีการแปลรหัส ซึ่งมีความยาวถึง 7 กิโลเบส แต่แสดงผลความสัมพันธ์ที่ยังคลุมเครือ และมีค่าสนับสนุนที่ต่ำ

2.2 รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตสามารถอธิบายได้ผ่านแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ (phylogenetic tree หรือ cladogram) ซึ่งจะแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่บ่งบอกถึงบรรพบุรุษร่วม (common ancestor) และสิ่งมีชีวิตในรุ่นลูกหลาน (descendants) ซึ่งจะมีแบบแผนของการแตกกิ่งที่แตกต่างกันออกไป โดยการจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตด้วยแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์สามารถสรุปความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการได้เป็น 3 รูปแบบ (Judd *et al.*, 2008) ดังนี้

วิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว (monophyletic) หมายถึง รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่สมาชิกทั้งหมดหรือลูกหลานในหน่วยอนุกรมวิธานมีบรรพบุรุษร่วมกัน ปรากฏอยู่ในวงศ์วาน (clade) เดียวกันและมีลักษณะร่วมก้ำวหน้า (synapomorphy) ซึ่งเป็นลักษณะที่เกิดขึ้นใหม่ร่วมกันและลักษณะใหม่นั้นยังคงอยู่ในรุ่นลูกหลาน รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียวเป็นรูปแบบความสัมพันธ์ที่ได้รับการยอมรับในปัจจุบัน เนื่องจากเป็นรูปแบบวิวัฒนาการที่เกิดขึ้นจริงในธรรมชาติ ไม่ได้เกิดจากการสรุปตามความเข้าใจของมนุษย์

วิวัฒนาการแบบกึ่งชาติพันธุ์เดียว (paraphyletic) หมายถึง รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่คล้ายกับวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว แต่มีลูกหลานบางตัวที่สืบเชื้อสายมาจากบรรพบุรุษเดียวกันไม่ได้ถูกรวมไว้ในกลุ่มเดียวกัน เนื่องจากลูกหลานตัวนั้นอาจมีการเปลี่ยนแปลงของลักษณะบางอย่างที่แตกต่างไปจากบรรพบุรุษและสมาชิกตัวอื่น โดยสมาชิกที่ถูกรวมไว้ด้วยกันนั้นจะเรียกว่า “grade” ซึ่งมีลักษณะร่วมดั้งเดิม (symplesiomorphy) ซึ่งเป็นลักษณะที่เกิดขึ้นในอดีตของบรรพบุรุษร่วมที่ห่างไกล และยังคงปรากฏในรุ่นลูกหลาน รูปแบบความสัมพันธ์นี้ยังไม่ใช่ที่ยอมรับในปัจจุบัน

วิวัฒนาการแบบพหุชาติพันธุ์ (polyphyletic) หมายถึง รูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของรุ่นลูกหลานที่ไม่ได้มีบรรพบุรุษร่วมกัน แต่ประกอบด้วยสมาชิกที่สืบเชื้อสายมาจากหลายบรรพบุรุษ โดยสมาชิกในหน่วยอนุกรมวิธานเดียวกันจะอยู่อย่างกระจัดกระจายอยู่ตามวงศ์วานต่าง ๆ ในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ และมีสมาชิกในหน่วยอนุกรมวิธานอื่น ๆ เข้ามาแทรก ซึ่งรูปแบบความสัมพันธ์นี้ยังไม่เป็นที่ยอมรับในปัจจุบัน

2.3 วงศ์กระดังงา (Annonaceae)

วงศ์กระดังงา (Annonaceae) เป็นวงศ์พืชดอกขนาดใหญ่วงศ์หนึ่ง ประกอบด้วยสมาชิกประมาณ 2,430 ชนิด (Couvreur *et al.*, 2019) ใน 108 สกุล กล่าวคือ จากการรายงานของ Guo *et al.* (2017b) มี 107 สกุล ต่อมา มีการยุบสกุล *Melodorum* Lour. กับ *Uvaria* L. เป็นสกุลเดียวกัน (Turner, 2018) และ ยุบสกุล *Friesodielsia* Steenis กับ *Schefferomitra* Diels เป็นสกุลเดียวกัน (Saunders *et al.*, 2020) นอกจากนี้ยังมีการตั้งสกุลใหม่ 3 สกุล ได้แก่ *Leoheo* Chaowasku (Chaowasku *et al.*, 2018a), *Polyalthiopsis* Chaowasku (Chaowasku *et al.*, 2018b) และ *Wuodendron* B.Xue, Y.H.Tan & Chaowasku (Xue *et al.*, 2018) ลักษณะเด่นที่ปรากฏร่วมกันของพืชในวงศ์นี้ได้แก่ ลักษณะวิสัยเป็นได้ทั้งไม้ต้น ไม้พุ่ม หรือไม้เลื้อยเนื้อแข็ง ใบเดี่ยวเรียงสลับในระนาบเดียวกัน ไม่มีหูใบ ผิวของใบมีต่อมน้ำมัน ส่วนใหญ่มีดอกแบบสมบูรณ์เพศ มีสมมาตรแบบรัศมี (actinomorphic flower) กลีบเลี้ยง 3 กลีบ กลีบดอก 3–6 กลีบ มักอวบน้ำ ส่วนใหญ่เรียงตัว 2 ชั้น กลีบดอกชั้นนอกเรียงตัวสลับกับกลีบเลี้ยง และสลับกับกลีบดอกชั้นใน เกสรเพศผู้และเกสรเพศเมียส่วนใหญ่มีจำนวนมาก ก้านชูอับเรณูสั้น ผลมักพบเป็นผลกลุ่ม (aggregate fruit) เมล็ดมีขนาดใหญ่ มีน้ำมัน และเอ็นโดสเปิร์มมีรอยข่น (ruminate endosperm) (Keßler, 1993; ปิยะ เฉลิมกลิ่น, 2544)

2.4 วิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชวงศ์กระดังงา

จากการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุล โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกมากที่สุด (up to) 8 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK*, *rbcL*, *ndhF* และ *ycf1*; ช่วงระหว่างยีน *atpB-rbcL*, *psbA-trnH*, *trnL-trnF* และ *trnS-trnG*) พบว่าวงศ์กระดังงาสามารถจำแนกออกได้เป็น 4 วงศ์ย่อย คือ Ambavioideae, Anaxagoreoideae, Annonoideae และ Malmeoideae (Chatrou *et al.*, 2012) ต่อมาได้มีการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลของวงศ์ย่อย Ambavioideae โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก 8 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK*, *ndhF* และ *rbcL*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *atpB-rbcL*, *psbA-trnH*, *trnL-trnF* และ *trnS-trnG*) พบว่าสกุล *Meiocarpidium* แยกตัวออกมาเป็นวงศ์ย่อยใหม่ คือ วงศ์ย่อย Meiocarpidioideae ทำให้ปัจจุบันวงศ์กระดังงาประกอบด้วย 5 วงศ์ย่อย (Chaowasku, 2020) โดยวงศ์ย่อย Annonoideae มีจำนวนสมาชิกมากที่สุด (ประมาณ 1,515 ชนิด) สามารถแบ่งออกได้เป็น

7 เฝ้า ได้แก่ Annoneae, Bocageae, Duguetiae, Guatteriae, Monodoreae, Uvariae และ Xylopieae (Guo *et al.*, 2017b) รองลงมาคือวงศ์ย่อย Malmeoideae (ประมาณ 783 ชนิด) สามารถแบ่งออกได้เป็น 9 เฝ้า ได้แก่ Annickiae, Dendrokingstoniae, Feneriviae, Maasiae, Malmeeae, Miliuseae, Monocarpieae, Phoenicantheae และ Piptostigmateae โดยเฝ้า Annickiae เป็นเฝ้าที่มีการตั้งและบรรยายลักษณะล่าสุด โดยแยกออกมาจากเฝ้า Piptostigmateae (Couvreur *et al.*, 2019)

2.5 เฝ้า Xylopieae

พืชสกุลการเวก (*Artabotrys*) ถูกจัดอยู่ในวงศ์ย่อย Annonoideae เฝ้า Xylopieae โดยในเฝ้านี้มีสมาชิกแค่ 2 สกุล คือ สกุลการเวกและสกุลสะทาง (*Xylopia* L.) ลักษณะวิสัยเป็นไม้ต้นหรือไม้เลื้อย เนื้อแข็ง กิ่งข้างเรียงตัวแบบเวียนรอบกิ่งหลัก ขนเป็นแบบขนเดี่ยว (simple hairs) มีใบประดับ (bract) ช่อดอกรูปพัด (rhypidium) เกิดที่ซอกใบ (axillary) หรือมีก้านดอกลายกิ่ง (terminal) และพัฒนามาอยู่ระหว่างข้อ (internode) ดอกแบบสมบูรณ์เพศ รังไข่ไม่เชื่อมติดกัน ออวุลติดติดที่ฐาน (basal) หรือด้านข้าง (lateral) ก้านผลย่อย (stipe) พัฒนามาจากฐานของรังไข่ เมล็ดอาจมีหรือไม่มีเยื่อหุ้มเมล็ด (aril) เอนโดสเปิร์มมีการพับย่นได้ทั้งแบบ spiniform หรือแบบ lamelliform เรณูมีช่องเปิดยาว (sulcate) หรือไม่มีช่องเปิด (inaperturate) (Chatrou *et al.*, 2012)

2.6 สกุลการเวก

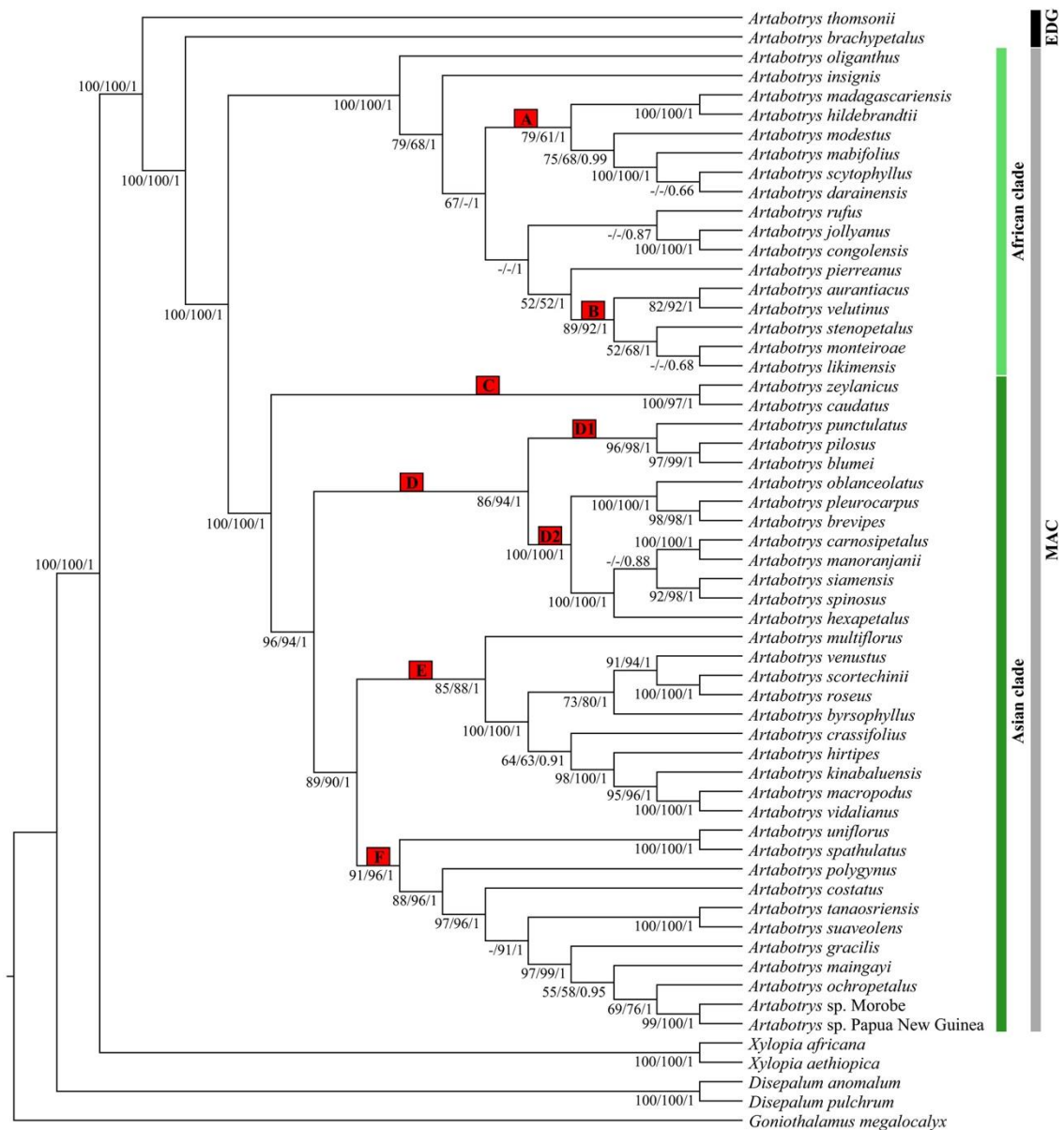
สกุลการเวกมีการกระจายพันธุ์ในเขตร้อนของทวีปเอเชีย และแอฟริกา (Mabberley, 2008) โดยในประเทศไทยมีพืชในสกุลนี้ที่ได้รับการจำแนกและบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยาไว้ 20 ชนิด ได้แก่ *A. brevipes* Craib, *A. byrsophyllus* I.M.Turner & Utteridge, *A. crassifolius* Hook.f. & Thomson, *A. harmandii*, *A. hexapetalus*, *A. insurae*, *A. longipetalus*, *A. multiflorus*, *A. oblanceolatus* Craib, *A. oxycarpus* King, *A. pleurocarpus* Maingay ex Hook.f. & Thomson, *A. punctulatus* C.Y.Wu ex S.H.Yuan, *A. siamensis* Miq., *A. spathulatus* J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders, *A. spinosus*, *A. suaveolens* (Blume) Blume, *A. tanaosriensis* J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders, *A. tipuliferus* I.M.Turner & Utteridge, *A. uniflorus* Craib และ *A. venustus* King โดย *A. longipetalus* และ *A. insurae* เป็นพืช 2 ชนิดล่าสุด ที่ได้รับการตั้งชื่อและบรรยายลักษณะ (Chen and Eiadthong, 2020) ส่วนใหญ่มีลักษณะวิสัยเป็นไม้เลื้อยเนื้อแข็ง ยกเว้น *A. spinosus* ซึ่งเป็นไม้พุ่มกิ่งเลื้อย ลำต้นของพืชสกุลการเวกบางชนิดมีหนามออกเป็นคู่ ดอกเป็นดอกเดี่ยวหรือดอกช่อ ตั้งแต่ 2 ดอกขึ้นไป เกิดบนก้านและแกนช่อดอกที่เป็นตะขอ (hooked peduncle and inflorescence axis) ซึ่งจะเปลี่ยนเป็นอวัยวะยึดเกาะ ใบประดับที่รองรับดอกมีขนาดเล็กและหลุดร่วงได้ง่าย ดอกสมบูรณ์เพศ ประกอบด้วย

กลีบเลี้ยง 3 กลีบ เรียงจรดกัน เชื่อมติดกันที่บริเวณฐาน หรือซ้อนเหลื่อมกันที่ฐานเล็กน้อย กลีบดอก เรียงตัว 2 ชั้น ส่วนใหญ่แต่ละกลีบแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ แผ่นกลีบ (blade) และอู่กลีบ (claw) กลีบดอกชั้นนอก 3 กลีบ แผลออกจากกัน กลีบดอกชั้นใน 3 กลีบ ส่วนใหญ่อู่กลีบดอกชั้นในเรียงชิดติดกัน (connivent) หุ้มเกสรเพศผู้และเพศเมียไว้ เกสรเพศผู้มีจำนวนมาก รังไข่ไม่เชื่อมติดกัน ในแต่ละรังไข่มี 2 ออวูล ติดที่ฐาน ผลย่อยเป็นผลสด มี 1–2 เมล็ด เมล็ดรูปไข่ถึงรูปรี สีน้ำตาลดำ ผิวเมล็ด ขรุขระหรือเรียบ (ทวี อินสุระ, 2552; Thongpaiboj, 2008; Chen *et al.*, 2020a, 2020b)

2.7 วิวัฒนาการชาติพันธุ์และชีวภูมิศาสตร์ของพืชสกุลการเวก

Thomas *et al.* (2015) ทำการศึกษาต้นกำเนิดและการกระจายพันธุ์ของพืชดอกวงศ์กระดังงาที่พบในทวีปเอเชียและแอฟริกาหลายสกุล ซึ่งรวมไปถึงพืชในสกุลการเวก โดยจากการวิเคราะห์ลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก 6 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK*, *ndhF* และ *rbcL*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *psbA-trnH* และ *trnL-trnF*) ร่วมกับข้อมูลฟอสซิลและแหล่งกำเนิดของพืชแต่ละชนิด พบว่าพืชสกุลการเวกสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 วงศ์วาน โดยมาจากแอฟริกา 2 วงศ์วาน และทวีปเอเชีย 1 วงศ์วาน นอกจากนี้ยังสามารถสรุปได้ว่าพืชสกุลการเวกมีจุดกำเนิดทางภูมิศาสตร์อยู่ที่ทวีปแอฟริกา และกระจายพันธุ์เข้าสู่ทวีปเอเชียตั้งแต่ยุคไมโอซีน (Miocene Epoch)

Chen *et al.* (2019) ทำการศึกษาประวัติชีวภูมิศาสตร์ของพืชในสกุลการเวก โดยศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลการเวก 53 ชนิด โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก 5 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK* และ *ndhF*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *psbA-trnH* และ *trnL-trnF*) และลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส 10 ตำแหน่ง (เอ็กซอนและอินทรอน *AP3*, *AT2G32520*, *GI*, *HMGS*, *LFY*, *MAG1*, *nepGS*, *NIA* และ *RPB2*; เอ็กซอน *PHYA*) วิเคราะห์ร่วมกับข้อมูลฟอสซิลและแหล่งกำเนิดของพืชแต่ละชนิด ผลการศึกษาพบว่า พืชสกุลการเวกมีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดี่ยวอย่างชัดเจน โดยมี (1) พืชสกุลการเวกจากทวีปแอฟริกา 2 ชนิด ได้แก่ *A. brachypetalus* และ *A. thomsonii* Oliv. ที่แยกตัวออกมาก่อน กล่าวคือเป็นกลุ่มวิวัฒนาการกิ่งชาติพันธุ์เดี่ยว (early divergent grade; EDG) และ (2) วงศ์วานหลักของพืชสกุลการเวก (main *Artabotrys* clade; MAC) ซึ่งประกอบด้วยวงศ์วานจากทวีปแอฟริกาและวงศ์วานจากทวีปเอเชีย (ภาพที่ 2.1) โดยจากการวิเคราะห์พบว่าพืชในสกุลการเวกมีบรรพบุรุษอยู่ที่ทวีปแอฟริกา และมีการกระจายพันธุ์เข้าสู่ทวีปเอเชียเพียงครั้งเดียวในยุคไมโอซีน สอดคล้องกับการศึกษาก่อนหน้าของ Thomas *et al.* (2015)



ภาพที่ 2.1 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่นำมาจาก Chen *et al.* (2019) โดยใช้ข้อมูลลำดับเบส ดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส โดยแสดงค่าสนับสนุนวงศาวนจากการวิเคราะห์แบบ พาร์สิโมนี (>50%), แบบความน่าจะเป็นไปได้สูงสุด (>50%) และแบบเบย์เซียน (≥ 0.5) (สัญลักษณ์ – หมายความว่า มีค่าสนับสนุนต่ำจนไม่นับสำคัญ)

2.8 การถ่ายเรณูและการกระจายพันธุ์ของพืชสกุลการเวก

จากการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์ของพืชสกุลการเวก พบว่า ประกอบด้วย แขนงของกลุ่ม วิวัฒนาการกึ่งชาติพันธุ์เดียวที่แยกตัวออกมาก่อน (EDG) และวงศาวนหลักของพืชสกุลการเวก (MAC) ซึ่งสมาชิกทุกชนิดใน MAC มีลักษณะของดอกที่เป็นลักษณะร่วมคือ กลีบดอกแบ่งออกเป็น

ส่วนของแผ่นกลีบและอู่กลีบ โดยอู่กลีบของดอกชั้นในเรียงชิดติดกันหุ้มเกสรทั้ง 2 เพศ เกิดเป็นห้องที่มีช่องเปิด 3 ช่อง ในทางกลับกัน สมาชิกใน EDG มีลักษณะของดอกคล้ายคลึงกับสกุลสะทาง กล่าวคือ กลีบดอกไม่แบ่งเป็นส่วนของแผ่นกลีบและอู่กลีบ และไม่ห่อหุ้มเกสรทั้ง 2 เพศ (Chen *et al.*, 2020a) นอกจากนี้ Chen *et al.* (2020a) ทำการศึกษาเปรียบเทียบชีพลักษณะของดอกและนิเวศวิทยา การถ่ายเรณูของพืชตัวอย่าง 2 ชนิด ได้แก่ *A. blumei* Hook.f. & Thomson จาก MAC และ *A. brachypetalus* จาก EDG พบว่า *A. blumei* มีช่วงระยะเวลาการบานของดอกที่สั้น (ประมาณ 27 ชั่วโมง) มีด้วง (beetle) เป็นพาหะถ่ายเรณู อีกทั้งยังมีชีพลักษณะของดอกและสัณฐานวิทยาที่สอดคล้องกับจังหวะรอบวัน (circadian rhythm) ของพาหะถ่ายเรณู กล่าวคือเป็นการดักจับพาหะถ่ายเรณู (pollinator trapping) ไว้ภายในห้องที่เกิดจากอู่กลีบดอกชั้นใน โดยช่วงที่กลีบดอกชั้นนอกมีการเปิด ออกเล็กน้อย จะเป็นระยะเริ่มต้นที่เกสรเพศเมียพร้อมผสมกับเรณู ซึ่งจะเห็นช่องเปิดเข้าสู่ห้องดังกล่าว และพาหะถ่ายเรณูจะผ่านเข้าทางช่องนี้ เมื่อสิ้นสุดระยะที่เกสรเพศผู้ปลดปล่อยละอองเรณูแล้ว กลีบดอกจะร่วง และจะพบพาหะถ่ายเรณูที่เต็มไปด้วยละอองเรณู ส่วน *A. brachypetalus* มีช่วง ระยะเวลาการบานของดอกประมาณ 45 ชั่วโมง ไม่มีการดักจับพาหะถ่ายเรณู มีผึ้งและด้วงเป็น พาหะถ่ายเรณู โดยสรุปได้ว่า ลักษณะดอกที่เป็นแบบสกุลสะทางใน EDG มีแนวโน้มที่จะเป็นลักษณะ ดั้งเดิม ส่วนลักษณะดอกที่มีห้องที่เกิดจากอู่กลีบดอกชั้นใน ใน MAC มีแนวโน้มที่จะเป็นลักษณะ ก้าวหน้า และมีหน้าที่สำคัญในการดักจับพาหะถ่ายเรณู

Chen *et al.* (2020b) ได้ทำการประเมินวิวัฒนาการของขนาดเมล็ดและการป้องกันทางกายภาพ ว่ามีความสัมพันธ์กับลักษณะการแพร่กระจายในพืชสกุลการเวก โดยนำข้อมูลลักษณะทาง สัณฐานวิทยาและลักษณะการกระจายเมล็ดของพืชสกุลนี้จำนวน 43 ชนิด มาวิเคราะห์ร่วมกัน ทำการ ประเมินวิวัฒนาการที่สัมพันธ์กันโดยใช้แบบจำลองที่เหมาะสม ผลการวิเคราะห์แสดงให้เห็นว่า สายวิวัฒนาการที่ประกอบด้วยชนิดที่มีลักษณะเปลือกเมล็ดชั้นนอกเรียบและมีผนังผลบาง ได้ผ่านการ วิวัฒนาการไปสู่ลักษณะเมล็ดที่มีขนาดเล็กลงและมีเปลือกเมล็ดบางลง ซึ่งการมีเปลือกเมล็ดชั้นนอก เรียบจะช่วยให้สัตว์คายหรือกลืนทั้งเมล็ดโดยที่ไม่เคี้ยวได้ ส่วนผนังผลที่บางจะทำให้สัตว์ที่ไม่ชอบ เคี้ยวเลือกที่จะกินมากขึ้น จึงทำให้พืชไม่จำเป็นต้องเพิ่มการป้องกันทางกายภาพของเมล็ด ในขณะที่ สายวิวัฒนาการที่ประกอบด้วยชนิดที่มีลักษณะเปลือกเมล็ดชั้นนอกขรุขระ และ/หรือ ผนังผลหนา ได้ ผ่านการวิวัฒนาการไปสู่ลักษณะเมล็ดที่มีขนาดใหญ่ขึ้นและเปลือกหุ้มเมล็ดที่หนาขึ้น เนื่องจากสัตว์ที่ มีบทบาทในการกระจายเมล็ดมักจะชอบเคี้ยวเมล็ด อันจะทำให้เอ็มบริโอเสียหายได้

บทที่ 3

อุปกรณ์และวิธีการวิจัย

3.1 อุปกรณ์

- 3.1.1 เครื่องเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (PCR thermo-cycler machine)
- 3.1.2 เครื่องปั่นเหวี่ยงตะกอน (high speed microcentrifuge)
- 3.1.3 เครื่องทำความร้อนแบบหลุม (heating block)
- 3.1.4 เครื่องผสมสารละลาย (vortex mixer)
- 3.1.5 เครื่องชั่งทศนิยม 4 ตำแหน่ง (analytical balance)
- 3.1.6 เตาอบไมโครเวฟ (microwave oven)
- 3.1.7 เครื่องแยกสารด้วยศักย์ไฟฟ้า (gel electrophoresis device)
- 3.1.8 คอมพิวเตอร์ (computer)
- 3.1.9 ตู้เย็น
- 3.1.10 ตู้แช่สารอุณหภูมิคงที่ที่ -20 องศาเซลเซียส
- 3.1.11 เครื่องมองภาพเจลแบบใช้แสง (LED transilluminator)
- 3.1.12 หลอดไมโครเซนทริฟิวส์ (microcentrifuge tube) ขนาด 1.5 มิลลิลิตร
- 3.1.13 หลอดพีซีอาร์ (PCR tube)
- 3.1.14 ปิเปตต์อัตโนมัติ (automatic pipette)
- 3.1.15 ปิเปตต์ทีป (pipette tip)
- 3.1.16 ขวดรูปชมพู่ (Erlenmeyer flask)
- 3.1.17 กระบอกตวง (cylinder)

- 3.1.18 ถุงมือยางพารา
- 3.1.19 กล้องจุลทรรศน์สามมิติ (stereo microscope)
- 3.1.20 ชุดแพ่งอัดตัวอย่างพืช
- 3.1.21 ตู้อบลมร้อน (hot air oven)
- 3.1.22 กล้องถ่ายรูป
- 3.1.23 เครื่องนึ่งฆ่าเชื้อโรค (autoclave)
- 3.1.24 ขวดบีบน้ำกลั่น
- 3.1.25 ขวดบีบเอทิลแอลกอฮอล์ 70%

3.2 วัสดุและสารเคมี

- 3.2.1 ตัวอย่างพืช
- 3.2.2 ไนโตรเจนเหลว (liquid nitrogen)
- 3.2.3 เอทิลแอลกอฮอล์ 99% (absolute ethyl alcohol)
- 3.2.4 น้ำกลั่น
- 3.2.5 สารละลายบัฟเฟอร์ TAE (Tris-Acetate-EDTA)
- 3.2.6 สีย้อมดีเอ็นเอ Ultrapower® ประเทศญี่ปุ่น
- 3.2.7 พงู้นอะกาโรส (agarose)
- 3.2.8 ชุดสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูป GF-1 Plant DNA extraction kit ของ Vivantis ประเทศมาเลเซีย
- 3.2.9 ชุดทำให้ดีเอ็นเอบริสุทธิ์สำเร็จรูป GF-1 Ambiclean kit ของ Vivantis ประเทศมาเลเซีย
- 3.2.10 ไพรเมอร์

ตารางที่ 3.1 ไพรเมอร์สำหรับตำแหน่งลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

Primer	ที่มา
<i>matK</i>	Cuénoud <i>et al.</i> , 2002; Pirie <i>et al.</i> , 2005
<i>ndhF</i>	Olmstead and Sweere, 1994; Chaowasku <i>et al.</i> , 2012
<i>rbcL</i>	Olmstead <i>et al.</i> , 1992; Fay <i>et al.</i> , 1997
<i>trnL</i>	Taberlet <i>et al.</i> , 1991
<i>trnL-trnF</i>	Taberlet <i>et al.</i> , 1991
<i>psbA-trnH</i>	Hamilton., 1999

ตารางที่ 3.2 ไพรเมอร์สำหรับตำแหน่งลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส

Primer	ที่มา
<i>AP3</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>AT2G32520</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>GI</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>HMGS</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>LFY</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>MAG1</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>nepGS</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019
<i>PHYA</i>	Chen <i>et al.</i> , 2019

3.2.11 PCR Master Mix (5X HOT FIREPol® Blend Master Mix) ของ Solis BioDyne ประเทศเอสโตเนีย

3.2.12 loading dye ความเข้มข้น 6X ของ Vivantis ประเทศมาเลเซีย

3.2.13 สาร PVP (polyvinyl pyrrolidone)

3.3 วิธีการทดลอง

3.3.1 ตัวอย่างพืชที่ใช้สำหรับการศึกษาวិวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุล

ตัวอย่างพืชวงศ์กระดังงาที่ใช้สำหรับงานวิจัยครั้งนี้มีทั้งหมด 90 ตัวอย่าง โดยทั้งหมดจัดอยู่ในวงศ์ย่อย Annonoideae แบ่งเป็น พืชกลุ่มที่สนใจศึกษา (ingroup) มีจำนวน 86 ตัวอย่าง และพืชกลุ่ม

ใกล้เคียงกับกลุ่มที่สนใจศึกษา (outgroups) มีจำนวน 4 ตัวอย่าง โดยการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลของงานวิจัยนี้จะแบ่งออกเป็น 2 การศึกษา ดังนี้

1) การสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกทำในตัวอย่างพืช 41 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ก) โดยแบ่งเป็นพืชกลุ่มที่สนใจศึกษาจำนวน 39 ตัวอย่าง ซึ่งเป็นพืชในเผ่า *Xylopieae* ได้มาจาก 2 ส่วน ส่วนแรกคือข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากฐานข้อมูล GenBank ของตัวอย่างพืชสกุลการเวก จำนวน 11 ตัวอย่าง และพืชสกุลสะทาง จำนวน 2 ตัวอย่าง คือ *Xylopia macleayae* (F.Muell.) L.S.Sm. และ *X. vielana* Pierre ส่วนที่สองคือตัวอย่างพืชที่ได้จากการออกภาคสนามในประเทศไทยจำนวน 26 ตัวอย่าง ได้แก่ *A. harmandii* ทั้งหมด 4 ตัวอย่าง จากจังหวัดอุบลราชธานี จำนวน 1 ตัวอย่าง จังหวัดศรีสะเกษ จำนวน 2 ตัวอย่าง และจากจังหวัดฉะเชิงเทรา จำนวน 1 ตัวอย่าง, *Artabotrys cf. multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. longipetalus* จากจังหวัดนครราชสีมา จำนวน 2 ตัวอย่าง, *A. spinosus* ทั้งหมด 10 ตัวอย่าง จากแม่น้ำชี จำนวน 3 ตัวอย่าง จากแม่น้ำมูล จำนวน 3 ตัวอย่าง และจากแม่น้ำโขง จำนวน 4 ตัวอย่าง และตัวอย่างพืชสกุลการเวกที่เก็บเพิ่มเติมอีก 6 ชนิด ได้แก่ *A. hexapetalus* จากแหล่งปลูกเลี้ยง จำนวน 2 ตัวอย่าง, *A. oblongeolatus* จากจังหวัดศรีสะเกษ จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. punctulatus* จากจังหวัดเชียงราย จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. siamensis* ทั้งหมด 2 ตัวอย่าง จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง และจังหวัดเพชรบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. suaveolens* จากจังหวัดนครราชสีมา จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. uniflorus* จากจังหวัดชุมพร จำนวน 1 ตัวอย่าง และ *Artabotrys* sp. จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง

สำหรับพืชกลุ่มใกล้เคียงกับกลุ่มที่สนใจศึกษา จะนำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากฐานข้อมูล GenBank จำนวน 2 ตัวอย่าง ได้แก่ พืชเผ่า *Duguetieae* ในสกุล *Pseudartabotrys* Pellegr. จำนวน 1 ตัวอย่าง คือ *Pseudartabotrys letestui* Pellegr. และสกุล *Letestudoxa* Pellegr. จำนวน 1 ตัวอย่าง คือ *Letestudoxa bella* Pellegr.

2) การสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวคลีอัส ทำในตัวอย่างพืช 61 ตัวอย่าง ซึ่งเป็นพืชในสกุลการเวกทั้งหมด (ดังภาคผนวก ข) โดยได้ข้อมูลมาจาก 2 ส่วน ส่วนแรกคือข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากฐานข้อมูล GenBank ของตัวอย่างพืชสกุลการเวกที่มีข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากทั้งในพลาสติกและนิวคลีอัส จำนวน 51 ตัวอย่าง ส่วนที่สองคือตัวอย่างที่ได้จากการออกภาคสนามในประเทศไทยที่เลือกมาจากการศึกษาที่ 1 โดยเลือกเฉพาะตัวอย่างที่เกี่ยวข้องกับวัตถุประสงค์การวิจัย จำนวน 10 ตัวอย่าง ได้แก่ *A. harmandii* จากจังหวัด

ศรีสะเกษ จำนวน 1 ตัวอย่าง และจากจังหวัดฉะเชิงเทรา จำนวน 1 ตัวอย่าง, *Artabotrys*. cf. *multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. longipetalus* จากจังหวัดนครศรีธรรมราช จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. spinosus* จากแม่น้ำมูล จำนวน 1 ตัวอย่าง และจากแม่น้ำโขง จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. hexapetalus* จากแหล่งปลูกเลี้ยง จำนวน 1 ตัวอย่าง, *A. siamensis* จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง และจังหวัดเพชรบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง และ *Artabotrys* sp. จากจังหวัดกาญจนบุรี จำนวน 1 ตัวอย่าง

สำหรับพืชกลุ่มใกล้เคียงกับกลุ่มที่สนใจศึกษา จะใช้ข้อมูลของ *A. brachypetalus* และ *A. thomsonii* จากฐานข้อมูล GenBank เนื่องจากการศึกษาก่อนหน้าของ Chen et al. (2019) พบว่าพืชทั้งสองชนิดกล่าวอยู่บริเวณฐานของแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์

ตัวอย่างพืชที่เก็บได้จากการออกภาคสนามในป่าของประเทศไทยจะทำการเก็บตัวอย่างร่วมกับเจ้าหน้าที่กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช โดยแบ่งตัวอย่างออกเป็น 2 ส่วน ส่วนที่หนึ่งจะนำมาทำเป็นตัวอย่างแห้งเพื่อใช้ในการอ้างอิง ซึ่งจะเก็บไว้ในหอพรรณไม้ของภาควิชาชีววิทยา และส่วนที่สองจะถูกเก็บไว้ในซิลิกาเจลสำหรับการสกัดดีเอ็นเอ

3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอ

1) ชั่งน้ำหนักตัวอย่างใบพืชที่ต้องการศึกษาในซิลิกาเจลที่ถูกดูดความชื้นจนแห้งให้ได้ตัวอย่างละประมาณ 30–35 มิลลิกรัม นำมาบดร่วมกับไนโตรเจนเหลวภายในหลอด microcentrifuge ขนาด 1.5 มล. โดยไนโตรเจนเหลวจะช่วยให้ตัวอย่างพืชกรอบ และถูกบดได้ง่ายขึ้น เมื่อบดตัวอย่างพืชจนเป็นผงละเอียดแล้ว เติมสาร PVP (polyvinyl pyrrolidone) ปริมาณ 15–20 มิลลิกรัม โดยสารดังกล่าวมีคุณสมบัติในการกำจัดสารในพืชที่อาจมีผลยับยั้งปฏิกิริยาของเอนไซม์

2) สกัดด้วยชุดสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูป GF-1 Plant DNA extraction kit ของ Vivantis ตามขั้นตอนที่ปรากฏในคู่มือ เมื่อเสร็จสิ้นกระบวนการตามขั้นตอนจะได้สารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์

3) นำสารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์เก็บรักษาไว้ในตู้เย็นที่อุณหภูมิต่ำกว่า 8 องศาเซลเซียส

3.3.3 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในตำแหน่งที่ต้องการ

1) เตรียมปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส โดยใส่สารละลายดีเอ็นเอบริสุทธิ์ซึ่งทำหน้าที่เป็นดีเอ็นเอแม่แบบ สาร PCR Master Mix คู่ไพรเมอร์ของตำแหน่งดีเอ็นเอที่ต้องการเพิ่มปริมาณ และน้ำที่กำจัดอิมูนออกทั้งหมดและผ่านการอบฆ่าเชื้อ ลงในหลอดสำหรับปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส จากนั้นนำไปเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส

2) ขั้นตอนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส มีขั้นตอนดังนี้

2.1) เพิ่มอุณหภูมิไปที่ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 15 นาที เพื่อเตรียมเอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอเรส (DNA polymerase) ให้อยู่ในสภาพพร้อมทำงาน

2.2) คลายเกลียวดีเอ็นเอสายคู่ให้แยกออกจากกันเป็นสายเดี่ยว (denaturation) ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 40 วินาที

2.3) ลดอุณหภูมิลงให้อยู่ในช่วงระหว่าง 53–65 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับอุณหภูมิที่เหมาะสมในการทำงานของแต่ละคู่ไพรเมอร์) เป็นเวลา 50 วินาที เพื่อให้คู่ไพรเมอร์จับกับสายดีเอ็นเอแม่แบบ (annealing)

2.4) เพิ่มอุณหภูมิไปที่ 72 องศาเซลเซียส ซึ่งเหมาะสมต่อการทำงานของเอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอเรส เพื่อทำการสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ต่อจากจุดที่มีไพรเมอร์จับอยู่ (extension) เป็นเวลา 1 นาที 20 วินาที

2.5) ตั้งค่าให้มีการทำกระบวนการในข้อ 2.2–2.4 เป็นจำนวน 35 รอบ

2.6) ในรอบสุดท้าย จะคงอุณหภูมิไว้ที่ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 7 นาที 30 วินาที เพื่อให้เอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอเรสทำงานเป็นครั้งสุดท้าย

2.7) ลดอุณหภูมิให้เหลือประมาณอุณหภูมิห้อง (25 องศาเซลเซียส) แล้วจึงนำผลิตภัณฑ์ที่ได้ไปตรวจสอบปริมาณและคุณภาพต่อไป

3.3.4 การตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของผลผลิตจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา ลูกโซ่โพลีเมอเรส

1) เตรียมวุ้นอะกาโรสความเข้มข้นร้อยละ 1 โดยใส่ผงวุ้นอะกาโรส 1 กรัม ละลายในสารละลายบัฟเฟอร์ TAE (Tris-Acetate-EDTA) ความเข้มข้น 1X ปริมาตร 100 มล. โดยให้ความร้อนจนผงวุ้นละลายและกลายเป็นสารละลายใส จากนั้นเทลงในแม่พิมพ์

2) เมื่อวุ้นอะกาโรสแข็งตัวแล้ว นำผลผลิตจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยา
ลูกโซ่โพลีเมอเรสปริมาตร 5.5 ไมโครลิตรต่อตัวอย่าง ผสมกับสีย้อมดีเอ็นเอที่สามารถเรืองแสงได้
ภายใต้หลอด LED คลื่นความถี่แสงสีฟ้าและทำให้ดีเอ็นเอมีความหนาแน่นมากขึ้น ความเข้มข้น
20,000X ปริมาตร 2.5 ไมโครลิตร หยดลงในหลุม

3) นำวุ้นอะกาโรสใส่ในเครื่องแยกสารด้วยไฟฟ้า ซึ่งมีบัฟเฟอร์ TAE บรรจุอยู่จนท่วม
วุ้น ตั้งค่าความต่างศักย์ของแหล่งจ่ายไฟฟ้าเท่ากับ 105 โวลต์ ใช้ระยะเวลา 25 นาที

4) นำวุ้นอะกาโรสมาตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของผลผลิตดีเอ็นเอโดยวางบน
เครื่องฉายแสง LED คลื่นความถี่แสงสีฟ้าในห้องมืด

3.3.5 การทำให้ดีเอ็นเอบริสุทธิ์

นำผลผลิตจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสที่มีปริมาณที่เพียงพอและ
คุณภาพที่เหมาะสมมาจัดสารที่ไม่ต้องการออก เช่น ไพรมเมอร์ dNTPs บัฟเฟอร์ เป็นต้น โดยใช้ชุด
อุปกรณ์สำเร็จรูปสำหรับทำให้ดีเอ็นเอบริสุทธิ์ GF-1 Ambiclean kit ของ Vivantis ตามขั้นตอนที่
ปรากฏในคู่มือ เมื่อเสร็จสิ้นขั้นตอนแล้วจะได้ผลผลิตดีเอ็นเอบริสุทธิ์

3.3.6 การหาลำดับเบสดีเอ็นเอ

นำผลผลิตดีเอ็นเอบริสุทธิ์ส่งให้กับบริษัท 1st Base ประเทศมาเลเซีย โดยบริษัทจะหาลำดับเบส
โดยใช้ชุดหาลำดับเบส BigDye® Terminator v3.1 (ผลิตโดยบริษัท ThermoFischer Scientific
ประเทศสหรัฐอเมริกา) บริษัทจะส่งผลการวิเคราะห์กลับมาในรูปแบบโครมาโตแกรม
(chromatogram)

3.3.7 การจัดการข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอ

1) นำลำดับเบสที่อยู่ในรูปโครมาโตแกรมมาทำการตัดส่วนของไพรเมอร์ ตรวจสอบและแก้ไขลำดับเบสให้มีความชัดเจนและถูกต้องมากยิ่งขึ้นด้วยโปรแกรม Staden ชุด 1.7.0 (Staden *et al.*, 2000; <http://staden.sourceforge.net/>)

2) เปรียบเทียบและจัดเรียงลำดับเบสดีเอ็นเอที่ได้แก้ไขแล้วจากโปรแกรม Staden ร่วมกันกับลำดับเบสดีเอ็นเอจากฐานข้อมูล GenBank ให้มีความเหมือนกันมากที่สุด (multiple sequence alignment) ด้วยโปรแกรม BioEdit ชุด 7.2.5 (Hall, 1999) ด้วยวิธี ClustalW (Thompson *et al.*, 1994) จากนั้นตรวจสอบและแก้ไขการจัดเรียงเพิ่มเติมอีกครั้งด้วยตนเองเพื่อให้เป็นไปตามหลักการความเหมือน (similarity criterion; Simmons, 2004)

3.3.8 การวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก

ก่อนทำการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์ ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอของตัวอย่างทั้งที่ได้จากการออกสำรวจและตัวอย่างที่มาจากฐานข้อมูล GenBank (ภาคผนวก ก) ที่ถูกจัดเรียงให้ตรงกันมากที่สุดแล้วจะถูกตัดช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอที่ขาดหายไปมากกว่าร้อยละ 50 ของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดออก ทำให้เหลือลำดับเบสดีเอ็นเอที่จะถูกนำไปวิเคราะห์เพื่อสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จำนวน 5486 นิวคลีโอไทด์ และมีการกำหนดค่าของการขาดหายหรือแทรกของลำดับเบสดีเอ็นเอ (indel coding) ให้มีรูปแบบทวิภาค (binary) จำนวน 4 ลักษณะ ตามหลักการใน Simmons & Ochoterena (2000) โดยกำหนดรหัสให้ 1 หมายถึงมีการขาดหายไของลำดับเบสดีเอ็นเอ และรหัส 0 หมายถึงไม่มีการขาดหายไของลำดับเบสดีเอ็นเอ

ในการวิจัยนี้จะทำการวิเคราะห์ทั้งหมด 3 วิธี ได้แก่ การวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี (parsimony method; Lipscomb, 1998) การวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุด (maximum likelihood method; Huelsenbeck and Crandall, 1997) และการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน (Bayesian method; Yang and Rannala, 1997)

1) การวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี

การหาแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่มีจำนวนลำดับขั้นทางวิวัฒนาการที่น้อยที่สุด (most parsimonious tree; MPT) โดยเปรียบเทียบจากการหาลักษณะร่วมก้ำวหน้า (synapomorphy)

1.1) วิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม TNT v1.5 (Goloboff & Catalano, 2016) ซึ่งกำหนดให้ค่าของลำดับเบสทุกตัวเท่ากัน (equally weighted) และไม่มีการแบ่งลำดับขั้น (unordered) ในแต่ละตำแหน่งของลำดับเบสดีเอ็นเอจะมีการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เพื่อตรวจสอบว่ามีความขัดแย้งกันอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ (Seelanan *et al.*, 1997; Wiens, 1998) จากนั้นจะทำการค้นหาแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่มีลำดับขั้นทางวิวัฒนาการน้อยที่สุดจากการใช้ข้อมูลรวมของทุกตำแหน่ง โดยค้นหาแบบ heuristic ซึ่งจะตั้งค่าการค้นหาแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ จำนวน 9,000 ซ้ำ (replicate) แต่ละซ้ำจะทำการบันทึก 10 แผนภูมิฯ โดยใช้แบบแผนการสลับ/ตัดต่อกิ่งก้าน (branch swapping) แบบ Tree Bisection Reconnection (TBR)

1.2) การหาค่าสนับสนุนวงศำวน (clade support) จะเลือกใช้วิธีการวิเคราะห์แบบสมมาตร (Symmetric Resampling; SR) เนื่องจากการวิเคราะห์แบบนี้จะไม่ได้รับผลกระทบจากการบิดเบือนค่าสนับสนุนวงศำวน ซึ่งต่างกับการวิเคราะห์แบบ bootstrap และแบบ jackknife (Goloboff *et al.*, 2003) อีกทั้งค่าสนับสนุนวงศำวนจากการวิเคราะห์แบบสมมาตรยังมีค่าใกล้เคียงกับความน่าจะเป็นส่วนหลัง (posterior probabilities; PP) ที่ได้จากการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน โดยการวิเคราะห์แบบสมมาตรนั้น จะทำการตั้งค่าค้นหาจำนวน 200,000 ซ้ำ ซึ่งในแต่ละซ้ำจะดำเนินการค้นหา MPT แบบ heuristic แต่จะเปลี่ยนค่าจาก 9,000 ซ้ำ เป็น 4 ซ้ำ และจากการบันทึก 10 แผนภูมิฯ ในแต่ละซ้ำ จะถูกเปลี่ยนเป็นบันทึก 4 แผนภูมิฯ ทั้งนี้จะมีการกำหนดระดับความน่าเชื่อถือของค่าสนับสนุนวงศำวนดังนี้: 50–69% หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศำวนต่ำ (weak support), 70–84% หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศำวนปานกลาง (moderate support) และ 85% ขึ้นไป ค่าสนับสนุนวงศำวนสูง (strong support)

2) การวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุด

2.1) แบ่งข้อมูลทั้งหมดออกเป็น 6 ส่วน (partitions) โดยแบ่งแยกตามช่วงของลำดับเบสดีเอ็นเอ (regions) ได้ทั้งหมด 5 ส่วน (ยกเว้น *trnL* อินทรอน และช่วงระหว่างยีน *trnL-trnF*)

ที่ถูกรวมอยู่ในส่วนเดียวกัน เนื่องจากเป็นช่วงลำดับเบสที่ต่อเนื่องกัน) และอีก 1 ส่วนคือการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอที่ถูกจำแนกเป็นลักษณะย่อยแบบทวิภาค

2.2) ทำการค้นหาแบบจำลองการแทนที่เบส (DNA substitution) ที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละส่วน โดยส่วนที่เป็นข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจะถูกค้นหาแบบจำลองผ่านระบบเซิร์ฟเวอร์ FindModel (<https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/findmodel/findmodel.html>; Posada & Crandall, 1998) โดยดูจากค่า Akaike Information Criterion (AIC; Akaike, 1974) สำหรับส่วนสุดท้ายที่เป็นการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอจะทำการค้นหาแบบจำลองด้วยโปรแกรม IQ-TREE

2.3) นำข้อมูลทั้งหมดวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม IQ-TREE v1.6.10 (Nguyen *et al.*, 2015) ผ่านระบบเซิร์ฟเวอร์ CIPRES Science Gateway v3.1 (Miller *et al.*, 2010) โดยกำหนดการหาค่าสนับสนุนวงศำวนแบบบูตสเตรป (BS; Felsenstein, 1985) จำนวน 2000 ซ้ำ มีการกำหนดระดับความน่าเชื่อถือของค่าสนับสนุนวงศำวนดังนี้: 50–69% หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศำวนต่ำ, 70–84% หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศำวนปานกลาง และ 85% ขึ้นไป หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศำวนสูง

3) การวิเคราะห์แบบเบย์เซียน

เป็นการวิเคราะห์โดยใช้แบบแผน Bayesian Markov chain Monte Carlo (MCMC; Yang & Rannala, 1997)

3.1) ทำการแบ่งข้อมูลและค้นหาแบบจำลองการแทนที่เบสเช่นเดียวกับการวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุด ยกเว้นส่วนสุดท้ายที่เป็นการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอ จะใช้คำสั่ง “coding=variable” และตั้งค่าแบบจำลองเป็น “F81-like” โดยไม่มีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสแต่ละตำแหน่ง (rate heterogeneity) ตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา (gamma distribution)

3.2) วิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MrBayes v3.2.6 (Ronquist *et al.*, 2012) ผ่านระบบเซิร์ฟเวอร์ CIPRES Science Gateway v3.1 (Miller *et al.*, 2010) โดยใช้สายโซ่ MCMC จำนวน 4 เส้น โดยแต่ละเส้นจะมีการกำหนดค่าต่าง ๆ ดังนี้: กำหนดค่าไว้ที่ 10,000,000 รอบ (generation), กำหนดค่าตัวแปรไพเออร์ (prior parameter) ของ rate multiplier เป็น (“ratepr” [=variable]), กำหนดค่าตัวแปรไพเออร์ของความยาวกิ่งก้าน/วงศำวน (branch lengths) เป็น (“brlenspr” [=unconstrained:exp(100)]) ซึ่งค่าที่กำหนดดังกล่าวจะป้องกันไม่ให้สายโซ่ MCMC ติดอยู่ในห้วงตัวแปร (parameter space) ที่ไม่

เหมาะสม อันจะมีผลให้การวิเคราะห์เกิดการเสร็จสิ้นแบบเต็มหรือไม่มีทางเสร็จสิ้น (Marshall, 2010) กำหนดค่าตัวแปรอุณหภูมิ (temperature parameter) เป็น 0.8 และกำหนดให้มีการบันทึกแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์และค่าตัวแปรต่าง ๆ ทุก ๆ 1,000 รอบ

3.3) เมื่อวิเคราะห์เสร็จสิ้น จะทำการตรวจสอบผลการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Tracer v1.6 (Rambaut *et al.*, 2013) โดยหากการวิเคราะห์เสร็จสิ้น (converge) จะปรากฏค่าต่าง ๆ ดังนี้: ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation) ของความถี่การแยก (split frequencies) ถ้ามีค่าน้อยกว่า 0.01; ค่าขนาดของตัวอย่างที่มีประสิทธิภาพ (Effective Sample Sizes; ESS) ต้องมีค่ามากกว่า 200

3.4) ทำการตัดแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ส่วนต้นจำนวนร้อยละ 25 ในฐานะเบิร์นอิน (burn-in) ซึ่งเป็นช่วงเริ่มต้นของการวิเคราะห์การสร้างแผนภูมิฯ ซึ่งค่าความน่าจะเป็นส่วนหลังของพารามิเตอร์ต่าง ๆ ยังไม่อยู่ในจุดที่เหมาะสม แล้วนำส่วนที่เหลือมาสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์รวบยอดที่แสดงความถี่ของวงศาวงศ์ต่าง ๆ มากกว่าหรือเท่ากับร้อยละ 50 ขึ้นไป (50% majority-rule consensus tree) โดยกำหนดค่าความน่าจะเป็นส่วนหลัง (posterior probabilities; PP) ซึ่งแสดงถึงค่าสนับสนุนวงศาวงศ์ ดังนี้: 0.5–0.89 หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศาวงศ์ต่ำแบบไม่มีนัยสำคัญ, 0.90–0.94 หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศาวงศ์ต่ำ และ 0.95 ขึ้นไป หมายถึง ค่าสนับสนุนวงศาวงศ์สูง

3.3.9 การวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิดและนิวเคลียส

ผู้วิจัยทำการเลือกตัวอย่างพืชที่เกี่ยวข้องกับวัตถุประสงค์การวิจัยจำนวน 10 ตัวอย่างและตัวอย่างจากฐานข้อมูลมาทำการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิดและนิวเคลียส (ภาคผนวก ข)

1) นำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอของพืชที่เป็นประเด็นสนใจศึกษามาจัดเรียงกับข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากฐานข้อมูลให้ตรงกันมากที่สุดแล้วจะถูกตัดช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอที่ขาดหายไปมากกว่าร้อยละ 50 ของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดออก ทำให้เหลือลำดับเบสดีเอ็นเอที่จะถูกนำไปวิเคราะห์เพื่อสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จำนวน 12470 นิวคลีโอไทด์ โดยแบ่งตามแต่ละช่วงลำดับเบส

ดีเอ็นเอได้เป็น 12 ส่วน และอีก 1 ส่วนคือการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอที่ถูกจำแนกเป็นลักษณะย่อยแบบทวิภาค จำนวน 24 ลักษณะ

2) จากนั้นนำข้อมูลไปทำการวิเคราะห์ด้วย 3 วิธีเช่นเดียวกับการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิด

3.3.10 การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา

ตัวอย่างพืชที่ได้จากการออกภาคสนามในป่าประเทศไทยจะถูกจัดเก็บเป็นตัวอย่างแห้ง บางส่วนของดอกและผลจะถูกจัดเก็บเป็นตัวอย่างดอง โดยผู้วิจัยจะทำการศึกษาดัชนีลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้แก่ รูปร่าง ขนาด ผิวสัมผัส สิ่งปกคลุม ของใบ ช่อดอก ดอกย่อย กลีบเลี้ยง กลีบดอก เกสรเพศผู้ เกสรเพศเมีย ผล และเมล็ด โดยจะทำการวัดขนาด นับจำนวน ถ่ายภาพ และจดบันทึก ตัวอย่างพืชแต่ละชนิดที่เก็บจากแหล่งต่าง ๆ จะถูกนำมาเปรียบเทียบกับตัวอย่างต้นแบบเพื่อระบุชนิด สำหรับตัวอย่างพืชที่เป็นประเด็นสนใจศึกษาได้แก่ *A. harmandii*, *Artabotrys* cf. *multiflorus* และ *A. spinosus* ที่เก็บตัวอย่างมาจากหลายพื้นที่ จะต้องนำทุกตัวอย่างมาเปรียบเทียบกับตัวอย่างต้นแบบของพืชชนิดนั้น ๆ ที่ถูกเก็บไว้ที่ หอพรรณไม้ เอดินเบอระ (E) หอพรรณไม้คิว (K) หอพรรณไม้กรุงปารีส (P) (ภาคผนวก ค) เพื่อหาว่าตัวอย่างจากแหล่งใดมีลักษณะใกล้เคียงกับตัวอย่างต้นแบบมากที่สุด ส่วนตัวอย่างที่ไม่ใกล้เคียงกับตัวอย่างต้นแบบที่มีลักษณะแตกต่างไปจากตัวอย่างต้นแบบ 2 ลักษณะขึ้นไป และมีข้อมูลทางวิวัฒนาการชาติพันธุ์เชิงโมเลกุลมาสนับสนุน จะถือว่าตัวอย่างพืชนั้นเป็นพืชชนิดใหม่ ซึ่งจะต้องมีการบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยาและตั้งชื่อวิทยาศาสตร์ตามหลักอนุกรมวิธานสากลต่อไป

Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

บทที่ 4

ผลการศึกษา

4.1 การศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

จากการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดของพืชสกุลการเวก จำนวน 37 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ก) โดยวิธีการวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี ให้แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่มีลำดับขั้นการเกิดวิวัฒนาการน้อยที่สุด ซึ่งมี 722 ขั้ว จำนวน 75 แผนภูมิฯ โดยมีค่า CI (consistency index) เท่ากับ 0.9 และค่า RI (retention index) เท่ากับ 0.9 ในการวิเคราะห์แยกแต่ละช่วงลำดับเบสดีเอ็นเอไม่พบความขัดแย้งที่มีค่าสนับสนุนวงศำวนสูง ($SR \geq 85\%$)

สำหรับการวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุดและแบบเบย์เซียน เมื่อทำการค้นหาแบบจำลองการแทนที่ของลำดับเบสดีเอ็นเอทั้ง 6 ส่วน โดยดูจากค่า AIC ผลที่ได้คือ ส่วน *matK*, *ndhF* และ *psbA-trnH* เหมาะสมกับแบบจำลอง General Time Reversible (GTR; Tavaré, 1986) โดยส่วน *ndhF* และ *psbA-trnH* มีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสในแต่ละตำแหน่งตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา ในขณะที่ส่วน *trnLF* เหมาะสมกับแบบจำลอง Hasegawa-Kishino-Yano (HKY; Hasegawa *et al.*, 1985) และส่วน *rbcL* เหมาะสมกับแบบจำลอง Tamura-Nei (TrN; Tamura and Nei, 1993) โดยส่วน *rbcL* มีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสในแต่ละตำแหน่งตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา สำหรับส่วนของการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอ เมื่อค้นหาแบบจำลองด้วยโปรแกรม IQ-TREE แล้ว พบว่าแบบจำลองที่เหมาะสมที่สุดคือ “JC2+FQ+ASC”

ผลจากการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้วิธีการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน ปรากฏในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยแสดงวงศำวนที่มีค่าความถี่มากกว่าหรือเท่ากับ 50% ขึ้นไป ซึ่งก็คือค่าความน่าจะเป็นส่วนหลัง และแสดงค่าสนับสนุนวงศำวนจากการวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี และการวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุด ดังภาพที่ 4.1 พืชกลุ่มที่สนใจศึกษาซึ่งเป็นพืชในเผ่า Xylopieae มีรูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยมีค่าสนับสนุนวงศำวนสูงสุด และพืชในสกุลการเวก 37 ตัวอย่าง มีรูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยมีค่าสนับสนุน

วงศ์วานสูงสุดเช่นกัน อีกทั้งวงศ์วานของพืชสกุลการเวกมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับวงศ์วานของพืชในสกุล *Xylopi* จำนวน 2 ตัวอย่าง ได้แก่ *X. maccrae* และ *X. vielana* ซึ่งมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูงสุด สกุลการเวกประกอบด้วย 2 วงศ์วานหลัก คือ

วงศ์วาน **AFRICA** มีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=87%; BS=90%; PP=1) มีสมาชิกจำนวน 2 ตัวอย่าง โดยทั้งหมดมีถิ่นกำเนิดจากทวีปแอฟริกาและเป็นตัวอย่างที่นำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากฐานข้อมูล GenBank ได้แก่ *Artabotrys pierreanus* และ *A. stolzii*

วงศ์วาน **ASIA-AUST.** มีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=99%; BS=96%; PP=1) มีสมาชิกจำนวน 35 ตัวอย่าง โดยทั้งหมดมีถิ่นกำเนิดจากทวีปเอเชีย-ออสเตรเลีย ซึ่งสมาชิกในวงศ์วานนี้มีความสัมพันธ์แบบพหุแขนง (polytomy) โดยมีวงศ์วานที่ใหญ่ที่สุดคือวงศ์วานที่สมาชิกมีหนาม (thorns-bearing clade) ซึ่งมีค่าสนับสนุนวงศ์วานปานกลางถึงสูง (SR=79%; BS=81%; PP=1) มีสมาชิกจำนวน 22 ตัวอย่าง เป็นตัวอย่างที่นำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากฐานข้อมูล GenBank ได้แก่ *A. harmandii* 4, *A. carnosipetalus*, *A. hexpetalus* 1 และตัวอย่างที่เก็บจากภาคสนามในประเทศไทย ได้แก่ *A. harmandii* 1, *A. harmandii* 2, *A. harmandii* 3, *A. harmandii* 5, *A. siamensis* 1, *A. siamensis* 2, *A. spinosus* 1, *A. spinosus* 2, *A. spinosus* 3, *A. spinosus* 4, *A. spinosus* 5, *A. spinosus* 6, *A. spinosus* 7, *A. spinosus* 8, *A. spinosus* 9, *A. spinosus* 10, *A. hexpetalus* 2, *A. hexpetalus* 3 และ *A. oblanceolatus* โดยความสัมพันธ์ของสมาชิกในวงศ์วานนี้มีความเป็นพหุแขนง แต่ยังสามารถแสดงความสัมพันธ์ของตัวอย่างพืชที่สนใจศึกษาได้ ดังนี้

- ตัวอย่างของ *A. harmandii* ไม่ได้มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยแบ่งออกเป็น 2 วงศ์วาน คือ วงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดฉะเชิงเทรา ได้แก่ *A. harmandii* 4 และ *A. harmandii* 5 โดยมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=98%; BS=98%; PP=1) และวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดศรีสะเกษและอุบลราชธานี ได้แก่ *A. harmandii* 1, *A. harmandii* 2 และ *A. harmandii* 3 โดยมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=96%; BS=95%; PP=1)

- ตัวอย่าง *A. siamensis* 1 จากจังหวัดเพชรบุรี และ *A. siamensis* 2 จากจังหวัดกาญจนบุรี ไม่ประกอบกันเป็นวงศ์วาน

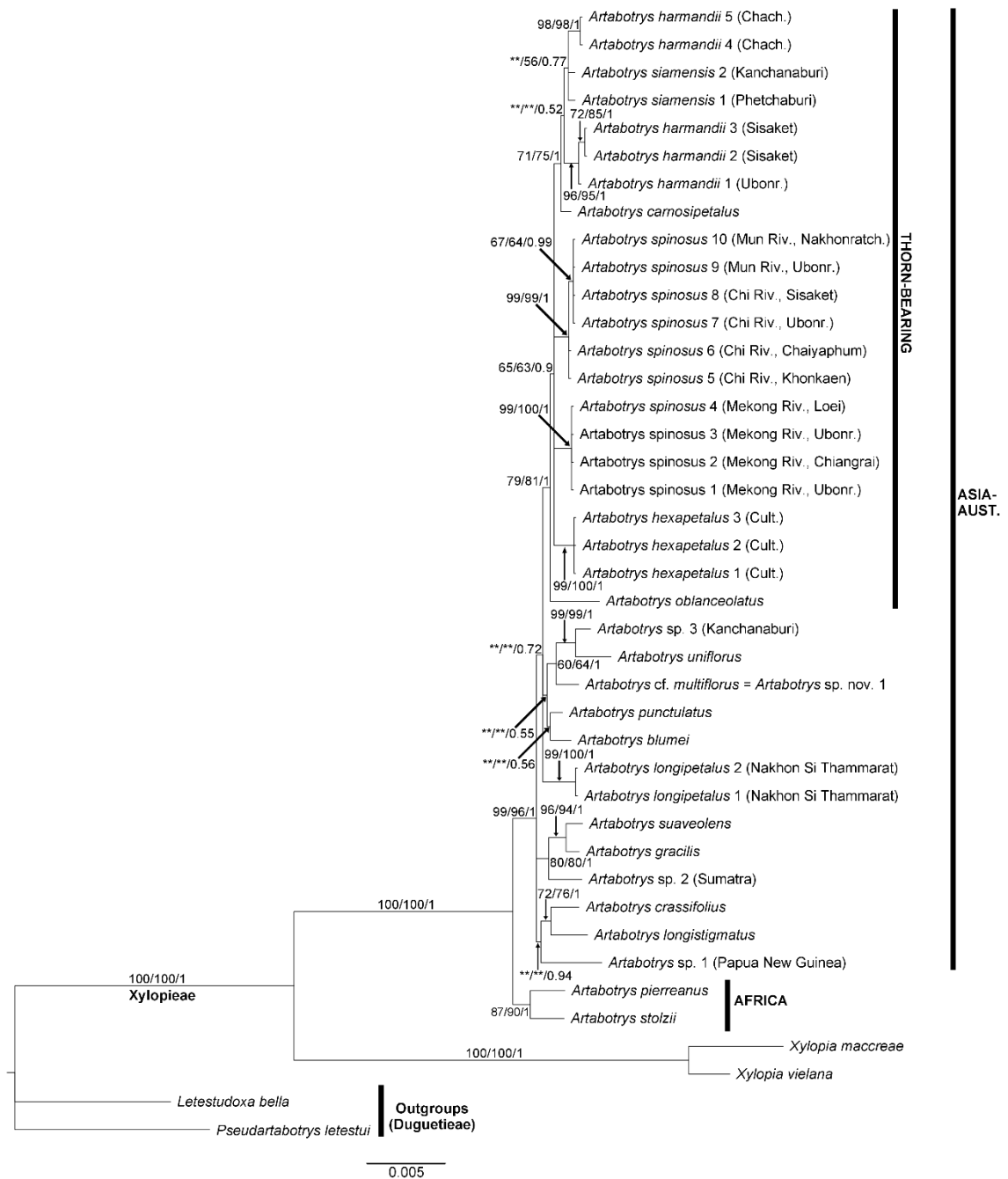
- ตัวอย่างของ *A. spinosus* ไม่ได้มีความสัมพันธ์แบบชาติพันธุ์เดียว โดยแบ่งออกเป็น 2 วงศ์วาน คือ วงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล ได้แก่ *A. spinosus* 5, *A. spinosus* 6, *A. spinosus* 7, *A. spinosus* 8, *A. spinosus* 9 และ *A. spinosus* 10 โดยมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=99%; BS=99%; PP=1) และวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำโขง ได้แก่

A. spinosus 1, *A. spinosus* 2, *A. spinosus* 3, *A. spinosus* 4 โดยมีค่าสนับสนุนวงศัวานสูง (SR=99%; BS=100%; PP=1)

อนึ่ง *Artabotrys* cf. *multiflorus* ไม่ได้เป็นส่วนหนึ่งของวงศัวานที่สมาชิกมีหนาม โดยพบว่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับวงศัวานที่มีค่าสนับสนุนสูง (SR=99%; BS=99%; PP=1) และประกอบไปด้วย *A. uniflorus* และ *Artabotry* sp. 3 จากจังหวัดกาญจนบุรี ทั้งนี้ความสัมพันธ์ใกล้ชิดดังกล่าวมีค่าสนับสนุนต่ำถึงสูง (SR=60%; BS=64%; PP=1)



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาพที่ 4.1 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จากการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน โดยใช้ข้อมูลลำดับเบส ดีเอ็นเอในพลาสติก แสดงค่าสนับสนุนวงศั่วนจากการวิเคราะห์ 3 แบบ โดยแบบ พาร์สิโมนีอยู่ด้านซ้าย (% ของ SR), แบบความเป็นไปได้สูงสุดอยู่ตรงกลาง (% ของ BS) และแบบเบย์เซียนอยู่ด้านขวา (PP) (สัญลักษณ์ ** หมายถึง มีค่า SR หรือ BS $\leq 50\%$; เส้น จีคบอกขนาดมีหน่วยเป็นจำนวนการแทนที่เบสต่อตำแหน่ง [substitutions per site])

4.2 การศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส

จากการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียสของพืชสกุลการเวก จำนวน 61 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ข) โดยวิธีการวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี ให้แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่มีลำดับขั้นการเกิดวิวัฒนาการน้อยที่สุด ซึ่งมี 3920 ขั้ว จำนวน 1 แผนภูมิฯ โดยมีค่า CI (consistency index) เท่ากับ 0.75 และค่า RI (retention index) เท่ากับ 0.78 ในการวิเคราะห์แยกแต่ละช่วงยีนไม่พบความขัดแย้งที่มีค่าสนับสนุนวงศัวนสูง ($SR \geq 85\%$)

สำหรับการวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุดและแบบเบย์เซียน เมื่อทำการค้นหาแบบจำลองการแทนที่ของลำดับเบสดีเอ็นเอทั้ง 13 ส่วน โดยดูจากค่า AIC ผลที่ได้คือ ส่วน *AP3*, *GI*, *MAG1*, *matK*, *ndhF* และ *psbA-trnH* เหมาะสมกับแบบจำลอง GTR โดยมีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสในแต่ละตำแหน่งตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา ในขณะที่ส่วน *AT2G32520*, *HMGS*, *LFY*, *ncpGS* และ *trnLF* เหมาะสมกับแบบจำลอง HKY โดยส่วน *AT2G32520*, *LFY* และ *ncpGS* มีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสในแต่ละตำแหน่งตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา และส่วน *PHYA* เหมาะสมกับแบบจำลอง TrN โดยมีความแตกต่างของอัตราการแทนที่เบสในแต่ละตำแหน่งตามค่าการกระจายตัวแบบแกมมา สำหรับส่วนของการแทรกหรือหายไปของลำดับเบสดีเอ็นเอ เมื่อค้นหาแบบจำลองด้วยโปรแกรม IQ-TREE แล้ว พบว่าแบบจำลองที่เหมาะสมที่สุดคือ “JC2+FQ+ASC”

ผลจากการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้วิธีการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน ปรากฏในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยแสดงวงศัวนที่มีค่าความถี่มากกว่าหรือเท่ากับ 50% ขึ้นไป ซึ่งก็คือค่าความน่าจะเป็นส่วนหลัง และแสดงค่าสนับสนุนวงศัวนจากการวิเคราะห์แบบพาร์สิโมนี และการวิเคราะห์แบบความเป็นไปได้สูงสุด ดังภาพที่ 4.2 สามารถบ่งบอกความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการรวมไปถึงตำแหน่งในแผนภูมิฯ ของตัวอย่างพืชสกุลการเวกที่นำมาศึกษาในงานวิจัยครั้งนี้ โดยพืชสกุลการเวกกลุ่มที่สนใจศึกษามีจำนวน 59 ตัวอย่าง เรียกว่า Main *Artabotrys* Clade (MAC) มีรูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยมีค่าสนับสนุนวงศัวนสูงสุด ประกอบไปด้วย 2 วงศัวนหลัก คือ

วงศัวน A ซึ่งมีค่าสนับสนุนวงศัวนสูงสุด มีสมาชิกจำนวน 17 ตัวอย่าง โดยทั้งหมดมีถิ่นกำเนิดจากทวีปแอฟริการวมถึงมาดากัสการ์และเป็นตัวอย่างที่นำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากฐานข้อมูล GenBank ได้แก่ *A. likimensis*, *A. monteiroae*, *A. stenopetalus*, *A. aurantiacus*, *A. velutinus*, *A. pierreanus*, *A. congolensis*, *A. jollyanus*, *A. rufus*, *A. insignis*, *A. mabifolius*, *A. scytophyllus*,

A. darainensis, *A. modestus*, *A. hildebrandtii*, *A. mardagascariensis*, *A. olganthus* แต่ในวงศ์วาน A นี้ส่วนใหญ่ความสัมพันธ์ของสมาชิกมีค่าสนับสนุนที่ต่ำจนถึงต่ำจนไม่มีนัยสำคัญ

วงศ์วาน B ซึ่งมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูงสุด มีสมาชิกจำนวน 42 ตัวอย่าง โดยเป็นตัวอย่างที่มีถิ่นกำเนิดจากทวีปเอเชีย-ออสเตรเลีย ทั้งนี้เป็นตัวอย่างที่เก็บจากภาคสนามในประเทศไทยจำนวน 10 ตัวอย่าง ได้แก่ *A. hexapetalus* 2 (= *A. hexapetalus* 2 ในภาพ 4.1), *A. harmandii*_1 จากจังหวัดฉะเชิงเทรา (= *A. harmandii* 5 ในภาพ 4.1), *A. harmandii*_2 จากจังหวัดศรีสะเกษ (= *A. harmandii* 2 ในภาพ 4.1), *A. spinosus* 1 จากจังหวัดอุบลราชธานี (= *A. spinosus* 1 ในภาพ 4.1), *A. spinosus* 2 จากจังหวัดนครราชสีมา (= *A. spinosus* 10 ในภาพ 4.1), *A. siamensis* 1 จากจังหวัดเพชรบุรี (= *A. siamensis* 1 ในภาพ 4.1), *A. siamensis* 3 จากจังหวัดกาญจนบุรี (= *A. siamensis* 2 ในภาพ 4.1), *Artabotrys* sp. 1 จากจังหวัดกาญจนบุรี (= *Artabotrys* sp. 3 ในภาพ 4.1), *Artabotrys* cf. *mutiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรี (= *Artabotrys* cf. *mutiflorus* ในภาพ 4.1) และ *A. longipetalus* จากจังหวัดนครศรีธรรมราช (= *A. longipetalus* 1 ในภาพ 4.1) และตัวอย่างที่นำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากรฐานข้อมูล GenBank จำนวน 32 ตัวอย่าง โดยสามารถแบ่งย่อยได้อีก 2 วงศ์วาน ดังนี้

วงศ์วาน B1 เป็นวงศ์วานที่มีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=99%; BS=99%; PP=1) โดยสมาชิกทั้งหมดเป็นตัวอย่างที่มีถิ่นกำเนิดจากอนุทวีปอินเดียและนำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอมาจากรฐานข้อมูล Genbank ได้แก่ *A. caudatus* และ *A. zeylanicus*

วงศ์วาน B2 มีสมาชิกจำนวน 40 ตัวอย่าง โดยมีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=97%; BS=98%; PP=1) ซึ่งวงศ์วาน B2 นี้ยังสามารถแบ่งย่อยได้เป็น 3 วงศ์วาน คือ

วงศ์วาน B2a มีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูง (SR=85%; BS=86%; PP=1) มีสมาชิก ได้แก่ *A. blumei*, *A. pilosus* และ *A. punctulatus*

วงศ์วาน B2b มีค่าสนับสนุนวงศ์วานสูงสุด โดยสมาชิกทั้งหมดมีนาม สามารถอธิบายความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการได้ดังนี้

- ตัวอย่างของ *A. harmandii* มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบกิ่งชาติพันธุ์เดียว โดย *A. harmandii* 2 จากจังหวัดศรีสะเกษมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับวงศ์วานที่มีค่าสนับสนุนต่ำจนถึงต่ำจนไม่มีนัยสำคัญ (SR < 50%; BS < 50%; PP=0.91) และประกอบด้วยตัวอย่างของ *A. spinosus* และ *A. siamensis* อนึ่ง ความสัมพันธ์ใกล้ชิดดังกล่าวมีค่า

สนับสนุนสูง (SR=95%; BS=92%; PP=1) ในขณะที่ *A. harmandii* 1 จากจังหวัดฉะเชิงเทราอยู่นอกวงศํานที่มีค่าสนับสนุนสูงดังกล่าว

- ตัวอย่างของ *A. spinosus* จากแม่น้ำโขง (*A. spinosus* 1) และแม่น้ำมูล (*A. spinosus* 2) ประกอบกันเป็นวงศํานที่มีค่าสนับสนุนสูง (SR=91%; BS=95%; PP=1) วงศํานนี้เป็นส่วนหนึ่งของวงศํานที่มีค่าสนับสนุนต่ำจนถึงต่ำจนไม่นัยสำคัญ (SR < 50%; BS < 50%; PP=0.91) ตามที่ได้กล่าวไว้ด้านบนแล้ว

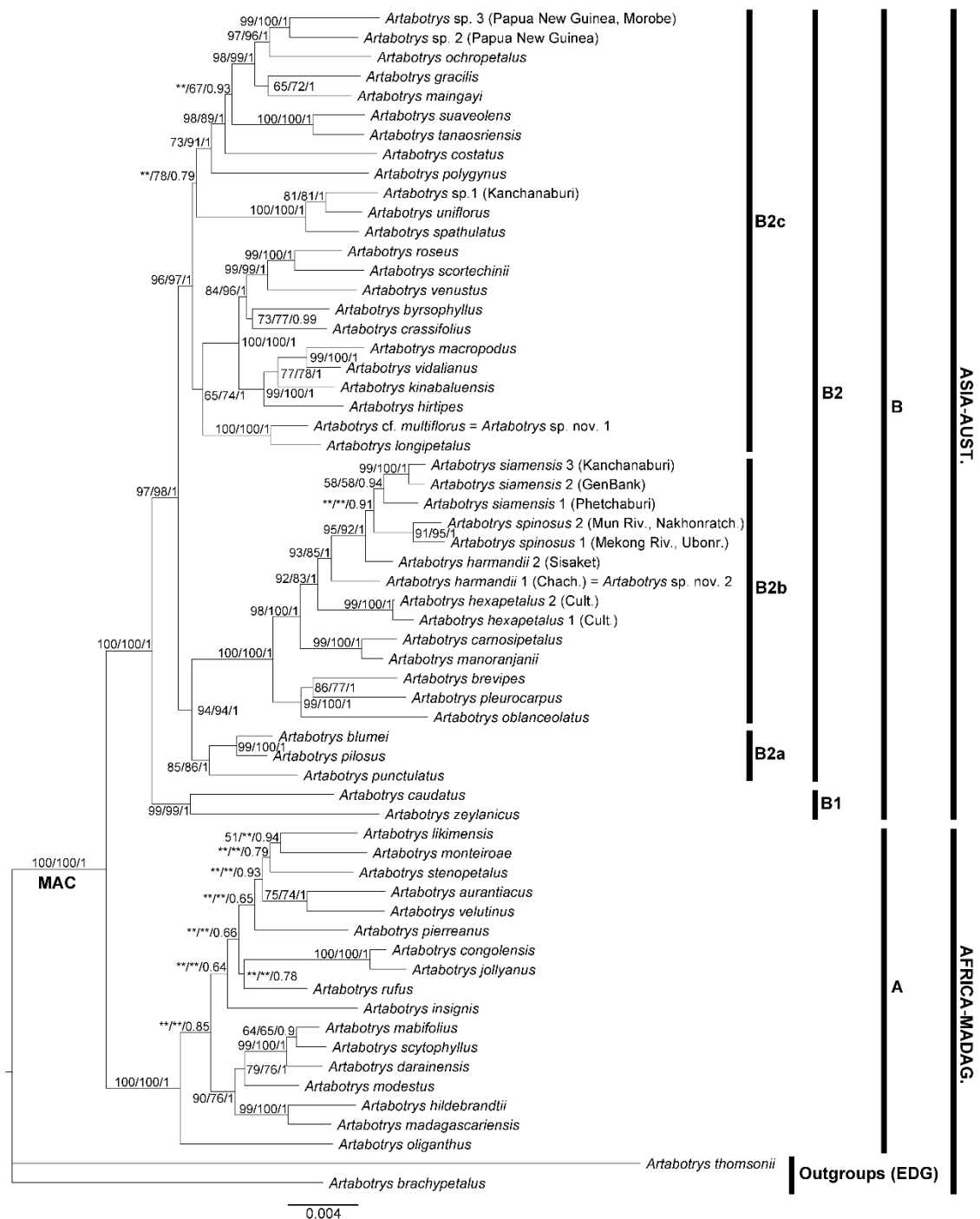
- ตัวอย่างของ *A. siamensis* ประกอบกันเป็นวงศํานที่มีค่าสนับสนุนวงศํานต่ำ (SR=58%; BS=58%; PP=0.94) โดย *A. siamensis* 2 และ *A. siamensis* 3 มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันมากที่สุด ซึ่งความสัมพันธ์ใกล้ชิดดังกล่าวมีค่าสนับสนุนสูง (SR=99%; BS=100%; PP=1)

วงศําน B2c มีค่าสนับสนุนวงศํานสูง (SR=96%; BS=97%; PP=1) โดยพืชที่สนใจศึกษาในวงศํานนี้ มีความสัมพันธ์ดังนี้

- ตัวอย่าง *Artabotrys* cf. *mutiflorus* มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับ *A. longipetalus* โดยประกอบกันเป็นวงศํานที่มีค่าสนับสนุนสูงสุด

- ตัวอย่าง *Artabotrys* sp. 1 อยู่ในวงศํานที่มีค่าสนับสนุนวงศํานสูงสุดและประกอบด้วย *Artabotrys* sp. 1, *A. uniflorus* และ *A. spathulatus* โดย *Artabotrys* sp. 1 และ *A. uniflorus* มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันมากที่สุด ซึ่งความสัมพันธ์ใกล้ชิดดังกล่าวมีค่าสนับสนุนปานกลางถึงสูง (SR=81%; BS=81%; PP=1)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาพที่ 4.2 แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จากการวิเคราะห์แบบเบย์เซียน โดยใช้ข้อมูลลำดับเบส ดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส แสดงค่าสนับสนุนวงศั่วนจากการวิเคราะห์ 3 แบบ โดยแบบพาร์ติโมนีอยู่ด้านซ้าย (% ของ SR), แบบความเป็นไปได้สูงสุดอยู่ตรงกลาง (% ของ BS) และแบบเบย์เซียนอยู่ด้านขวา (PP) (สัญลักษณ์ ** หมายถึง มีค่า SR หรือ BS $\leq$ 50%; เส้นขีดบอกขนาดมีหน่วยเป็นจำนวนการแทนที่เบสต่อตำแหน่ง [substitutions per site])

4.3 การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของตัวอย่างพืช

4.3.1 คำบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยาของ *Artabotrys cf. multiflorus* (ภาพที่ 4.3 และ 4.4)

Woody climbers up to 30 m long, c. 10 cm in diameter; *young twigs* almost glabrous; *petiole* 4–7 mm long, grooved on upper surface, almost glabrous on both surfaces; *leaf blade* coriaceous, 10.7–14.2 × 4.8–7.7 cm, elliptic, sometimes ± obovate, glabrous on both surfaces including secondary veins, apex cuspidate-acute, base cuneate; *midrib* slightly raised and glabrous on upper surface, raised and glabrous on lower surface; *secondary veins* 10–12 per side, angle with midrib 65°–80° (at middle part of leaf blade). *Inflorescences* terminal developing to ± leaf-opposed; *flowering peduncle and inflorescence axis* hook-shaped, first curve 17–27 mm long, 3–4 mm wide (at midpoint of curve), second curve 7–10 mm long, 2–2.3 mm wide (at midpoint of curve), both curves puberulous with appressed hairs, bearing ± 5 flowers per hook, divided into one or two fascicles, with several bracts at base of each fascicle, ± ovate; *flowering pedicel* 12–18 mm long, puberulous with appressed hairs. *Sepals* free, 2–2.5 × 2–2.5 mm, broadly ovate, apex acute-acuminate, sometimes slightly obtuse, outside and margin puberulous with appressed hairs, inside glabrous. *Outer petals* 29–30 × 3 mm, linear, apex acute, divided into a blade and a claw, claw c. 3.8 mm long, upper rim of claw slightly raised and curved, outside of outer petal puberulous with appressed hairs, denser on claw, margin puberulous, hairs between appressed and erect, inside puberulous with appressed hairs on blade, claw glabrous, but upper rim of claw tomentose with erect and shorter hairs; *inner petals* 30–31 × 2–2.5 mm, linear, apex acute, divided into a blade and a claw, claw c. 3.5 mm long, upper rim of claw distinctly raised and curved, covering stamens and carpels, outside of inner petal puberulous with appressed hairs on blade, but tomentose with erect and shorter hairs on claw (2/3 of claw length from upper rim), remaining area of claw puberulous with appressed hairs, margin puberulous, hairs between appressed and erect, inside puberulous with appressed hairs on blade, claw glabrous, but upper rim of claw tomentose with erect and shorter hairs. *Torus* c. 1 × 2 mm, slightly elevated, apex flat-topped, tomentose-villous with erect hairs on areas unoccupied by stamens and carpels. *Stamens* 25–32 per flower, 1.1–1.2 mm long, connective apex ± truncate, covering thecae. *Carpels* 7–8 per flower, 1.1–1.4 mm long; *stigmas* terete and curved; *ovaries* glabrous; *ovules* 2 per ovary, basal. *Fruit* unknown.

การกระจายพันธุ์ — ประเทศไทย; ภาคตะวันตก : กาญจนบุรี

นิเวศวิทยาและชีพลักษณ์ — พบในป่าดิบตามเส้นทางเดินในป่า ที่ความสูงประมาณ 510 เมตร
เหนือระดับทะเลปานกลาง ; ตัวอย่างดอกเก็บในเดือนกุมภาพันธ์

หมายเหตุ — เปลือกลำต้นสีดำ, ดอกมีกลิ่นหอมคล้ายผลไม้สุก, กลีบดอกสีเหลืองอมเขียว



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาพที่ 4.3 สัณฐานวิทยาของ *Artabotrys cf. multiflorus* แสดงถึง กลีบดอกชั้นนอกด้านนอก [ซ้าย] และกลีบดอกชั้นนอกด้านใน [ขวา] (ก) ; กลีบดอกชั้นในด้านนอก [ซ้าย] และกลีบดอกชั้นในด้านใน [ขวา] (ข) ; ด้านในอุ้งกลีบของกลีบดอกชั้นนอก (ค) ; ด้านในอุ้งกลีบของกลีบดอกชั้นใน (ง) ; เกสรเพศผู้ด้านใน [ซ้าย] และเกสรเพศผู้ด้านนอก [ขวา] (จ) ; ดอกที่ถูกดึงกลีบดอก เกสรเพศผู้ และเกสรเพศเมียออกหมด แสดงกลีบเลี้ยงที่เมื่อมองจากด้านล่าง (ฉ) ; เกสรเพศเมีย (ช)



ภาพที่ 4.4 ตัวอย่างที่เป็นตัวแทนของ *Artabotrys cf. multiflorus* (Kessler PK 3227; BKF)

4.3.2 คำบรรยายลักษณะทางสัณฐานวิทยาของ *Artabotrys harmanii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา (= *A. harmanii* 5 ในภาพที่ 4.1/ *A. harmanii* 1 ในภาพที่ 4.2) (ภาพที่ 4.5 และ 4.6)

Woody climbers up to 10 m long; *young twigs* puberulous with appressed hairs; *petiole* 4–8 mm long, grooved on upper surface, puberulous with appressed hairs on both surfaces; *leaf blade* coriaceous, 10.2–18.5 × 3.5–5.3 cm, elliptic, sometimes elliptic-oblong, glabrous on upper surface, almost glabrous on lower surface, apex acute to broadly acute, base cuneate; *midrib* slightly raised (flatter toward apex) and glabrous on upper surface, raised and puberulous with appressed hairs on lower surface; *secondary veins* 12–16 per side, angle with midrib 60°–70° (at middle part of leaf blade). *Inflorescences* terminal developing to ± leaf-opposed; *flowering peduncle and inflorescence axis* hook-shaped, first curve 13–28 mm long, 1.5–2.5 mm wide (at midpoint of curve), second curve 9–17 mm long, 1.4–1.6 mm wide (at midpoint of curve), both curves puberulous with appressed hairs, bearing 1–2 flower(s) per hook; *flowering pedicel* 16–25 mm long, puberulous with appressed hairs, with 1 bract placed at base, ± ovate-triangular. *Sepals* free, 8.5–10.2 × 7.2–8 mm, ± triangular, slightly overlapping at base, apex acuminate, outside and margin puberulous with appressed hairs, inside puberulous with appressed hairs on apical half, glabrous on basal half. *Outer petals* 36–41 × 5.5–10 mm, narrowly elliptic-oblong, apex acute-obtuse, divided into blade and claw, blade 7–10 mm wide, claw 6–7 × 5.5–8 mm, upper rim of claw slightly raised and curved, outside of outer petals puberulous with appressed hairs on blade, but tomentose with appressed hairs (sparser toward base) on claw, margin puberulous with appressed hairs, inside puberulous with appressed hairs on blade, glabrous on claw, but upper rim of claw tomentose intermixed with shorter hairs, hairs erect; *inner petals* 39–43 × 5–8 mm, narrowly elliptic-oblong, apex acute-obtuse, divided into blade and claw, blade 6–8 mm wide, claw 8–9 × 5–6 mm, upper rim of claw distinctly raised and curved, covering stamens and carpels, outside of inner petal puberulous with appressed hairs on blade, but tomentose intermixed with shorter hairs on claw (c. 2/3 of claw length from upper rim), hairs erect, remaining area glabrous, margin puberulous with appressed hairs, inside puberulous with appressed hairs on blade, glabrous on claw, but upper rim of claw tomentose intermixed with shorter hairs, hairs erect. *Torus* depressed hemispherical, 1.5–2 × 4–4.5 mm, puberulous with erect hairs on areas unoccupied by stamens and carpels. *Stamens* c. 77 per flower, 2.2–2.5 mm long, connective apex apiculate, covering thecae. *Carpels* 16–18 per flower, 3.8–4.5 mm long; *stigmas* terete and slightly curved; *ovaries* glabrous, each with a shallow vertical groove; *ovules* 2 per ovary, basal. *Fruit* of up to 12 monocarps; *fruiting*

pedicel up to 25 mm long, puberulous with appressed hairs; *monocarps* subglobose, 22–25 × 18–22 mm, smooth, glabrous, apex not apiculate, base contracted into a stipe 7–10 mm long, glabrous. *Seeds* 2 per monocarp, slightly obovoid, flattened, 16–17.5 × 12–12.5 mm, rough.

การกระจายพันธุ์ — ประเทศไทย ; ภาคตะวันออก : ฉะเชิงเทรา

นิเวศวิทยาและชีวลักษณะ — พบในพื้นที่เปิดใกล้กับเขื่อน ที่ความสูงประมาณ 55 เมตรเหนือระดับทะเลปานกลาง ; ตัวอย่างดอกเก็บในเดือนมีนาคม

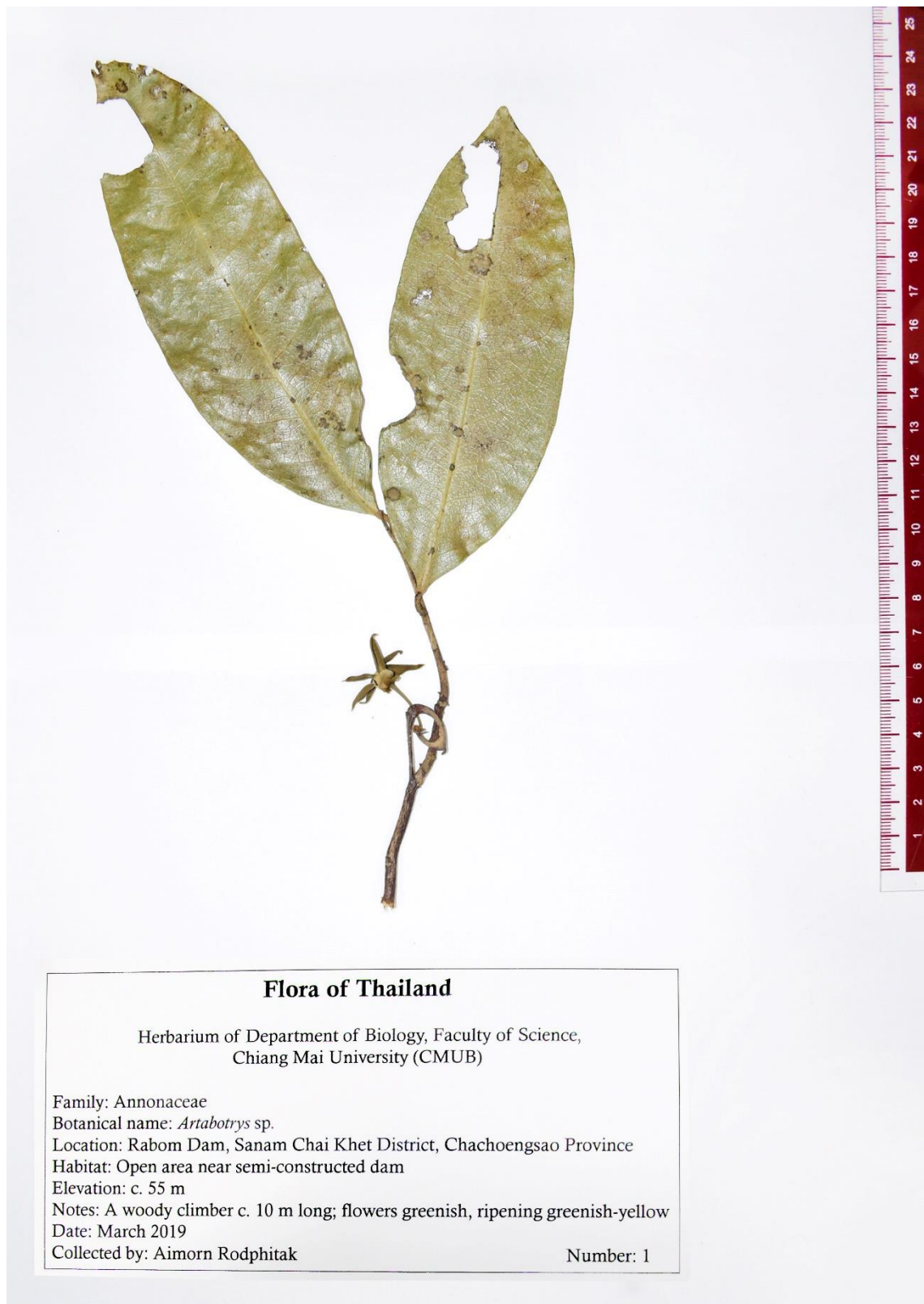
หมายเหตุ — ไม้เลื้อยเนื้อแข็ง เลื้อยได้ไกลประมาณ 10 เมตร, กลีบดอกสีเขียว เมื่อดอกแก่กลีบดอกสีเหลืองอมเขียว



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาพที่ 4.5 สัณฐานวิทยาของ *Artabotrys harmanii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา แสดงถึง ดอกเมื่อทำการดึง กลีบดอกชั้นนอกและกลีบดอกชั้นในออกไปชั้นละหนึ่งกลีบ (ก) ; กลีบเลี้ยงด้านนอก [บน] และกลีบเลี้ยงด้านใน [ล่าง] (ข) ; กลีบดอกชั้นนอกด้านนอก [ซ้าย] และกลีบดอกชั้นนอกด้านใน [ขวา] (ค) ; กลีบดอกชั้นในด้านนอก [ซ้าย] และกลีบดอกชั้นในด้านใน [ขวา] (ง) ; ดอกที่ถูกดึงกลีบดอกออกหมด เมื่อมองจากด้านข้าง (จ) ; ดอกที่ถูกดึงกลีบดอก เกสรเพศผู้ และเกสรเพศเมียออกหมด แสดงกลีบเลี้ยงที่เมื่อมองจากด้านล่าง และ เหมือนกับด้านซ้าย แต่มองจากด้านบน (ฉ) ; ภาพเหมือนกับรูป ฉ แต่มองจากด้านข้าง (ช) ; เกสรเพศเมีย (ฅ) ; เกสรเพศผู้ด้านนอก [ซ้าย] และเกสรเพศผู้ด้านใน [ขวา] (ฉ) ; เมล็ด เมื่อมองจากด้านบน [ซ้าย] และเมล็ด เมื่อมองจากด้านข้าง [ขวา] (ญ)



ภาพที่ 4.6 ตัวอย่าง *Artabotrys harmanii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา (Rodphitak 1; CMUB)

บทที่ 5

อภิปรายผลการศึกษา

5.1 การศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

จากภาพที่ 4.1 ตัวอย่างทั้งหมดของพืชสกุลการเวกมีรูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว และมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับสกุลสะทาง โดยสกุลการเวกแบ่งออกได้เป็น 2 วงศ์วานหลัก คือ วงศ์วาน AFRICA ที่สมาชิกมีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริกา และวงศ์วาน ASIA-AUST. ที่สมาชิกมีถิ่นกำเนิดในทวีปเอเชีย-ออสเตรเลีย สอดคล้องกับการศึกษาของ Thomas *et al.* (2015) ซึ่งตัวอย่างพืชที่สนใจศึกษาทั้งหมดเป็นสมาชิกของวงศ์วาน ASIA-AUST. อีกทั้งในวงศ์วานนี้ยังมีวงศ์วานที่สมาชิกมีหนาม (thorn-bearing clade) ซึ่งมีทุกตัวอย่างของ *A. harmandii* และ *A. spinosus* เป็นสมาชิก โดยตัวอย่างของ *A. harmandii* แบ่งออกเป็น 2 วงศ์วาน คือวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดฉะเชิงเทรา และวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดศรีสะเกษและอุบลราชธานี เช่นเดียวกับ *A. spinosus* ที่แบ่งออกเป็น 2 วงศ์วาน คือวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล และวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำโขง แต่อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ของสมาชิกในวงศ์วานที่สมาชิกมีหนามนี้มีความเป็นพหุแขนง ทำให้ผู้วิจัยไม่สามารถสรุปได้ว่าตัวอย่างของ *A. harmandii* และ *A. spinosus* ที่ปรากฏอยู่ในคนละวงศ์วานเป็นพืชชนิดเดียวกันหรือไม่ สำหรับ *Artabotrys cf. multiflorus* ไม่ได้เป็นสมาชิกของวงศ์วานที่สมาชิกมีหนาม โดยมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดที่สุดกับวงศ์วานที่ประกอบด้วย *A. uniflorus* และ *Artabotrys* sp.3

5.2 *Artabotrys cf. multiflorus*

เนื่องจากตัวอย่างต้นแบบของพืชชนิด *A. multiflorus* จากประเทศเมียนมาร์ ไม่สามารถนำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ จึงทำให้ในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ไม่มีข้อมูลของพืชชนิดนี้ ผลจากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด (ภาพที่ 4.1) แสดงให้เห็นว่า *Artabotrys cf. multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรี มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับวงศ์วานที่มีค่าสนับสนุนสูงและประกอบด้วยตัวอย่างพืชชนิด *A. uniflorus* และ *Artabotrys* sp. 3 แต่ความสัมพันธ์

ใกล้เคียงดังกล่าวยังมีค่าสนับสนุนที่ค่อนข้างต่ำ ทั้งนี้ *Artabotrys cf. multiflorus* มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างไปจากวงศ์วานดังกล่าว คือมีจำนวนดอกมากกว่า 1 ดอกต่อหนึ่งตะขอ

เมื่อเปรียบเทียบตัวอย่าง *Artabotrys cf. multiflorus* กับตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรก (isotype) ของ *A. multiflorus* ที่เก็บรักษาไว้ ณ หอพรรณไม้เอดินเบอระ (E) (ภาพที่ 5.1) และการบรรยายลักษณะ โดย Fischer (1937) พบว่าตัวอย่าง *Artabotrys cf. multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรีมีลักษณะแตกต่างไปจากตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรก ของ *A. multiflorus* หลายประการ ได้แก่ รูปร่างของกลีบดอก ขนาดของกลีบดอก จำนวนเกสรเพศเมียต่อหนึ่งดอก และจำนวนดอกต่อหนึ่งตะขอ (ดังตารางที่ 5.1 และภาพที่ 5.2) จึงสรุปได้ว่าตัวอย่าง *Artabotrys cf. multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรี เป็นพืชชนิดใหม่ชนิดที่ 1 (*Artabotrys* sp. nov. 1) ของงานวิจัยนี้

ตารางที่ 5.1 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันระหว่าง *Artabotrys cf. multiflorus* และ *A. multiflorus*

ลักษณะ	<i>Artabotrys cf. multiflorus</i>	<i>A. multiflorus</i>
รูปร่างกลีบดอก	linear	oblong to oblong-lanceolate
ความยาวกลีบดอก (mm)	29–31	18–25
ความกว้างกลีบดอก (mm)	2–3	6–9.5
รูปร่างปลายกลีบดอก	acute	obtuse
จำนวนเกสรเพศเมีย	7–8	12–21
จำนวนดอกบนก้านช่อดอก	± 5	> 12



ภาพที่ 5.1 ตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรกของ *Artabotrys multiflorus* (Parkinson 5220; E)



ภาพที่ 5.2 สันฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกระหว่าง *Artabotrys cf. multiflorus* (ก [จาก KeBler PK 3227; BKF]) และตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรกของ *A. multiflorus* (ข [จาก Parkinson 5220; E])

5.3 การศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส

จากภาพที่ 4.2 การนำข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอจากนิวเคลียสมาวิเคราะห์ร่วมกับข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกทำให้แผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์แสดงความสัมพันธ์ของสมาชิกในแต่ละวงศ์วานได้อย่างชัดเจน และสอดคล้องกับการศึกษาของ Chen *et al.* (2019) ซึ่งวงศ์วานหลักของพืชสกุลการเวกประกอบไปด้วย 2 วงศ์วาน คือ วงศ์วาน A ที่สมาชิกมีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริการวมถึงมาดากัสการ์ และวงศ์วาน B ที่สมาชิกมีถิ่นกำเนิดในทวีปเอเชีย-ออสเตรเลีย โดยพืชที่สนใจศึกษาอยู่ในวงศ์วาน B สำหรับตัวอย่างของ *A. harmandii* และ *A. spinosus* ที่เลือกมาเป็นตัวแทนของแต่ละวงศ์วานจากการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก พบว่า เป็นสมาชิกของวงศ์วาน B2b และสามารถอธิบายความสัมพันธ์ได้ว่า ตัวอย่าง *A. harmandii* ทั้ง 2 ตัวอย่างมีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบกิ่งชาติพันธุ์เดียว ในขณะที่ทั้ง 2 ตัวอย่างของ *A. spinosus* มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว

5.4 *Artabotrys harmandii*

จากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกเพียงอย่างเดียว (ภาพที่ 4.1) พบว่าตัวอย่างทั้งหมดของ *A. harmandii* ไม่ได้มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว แต่สามารถแบ่งออกได้เป็นสองวงศ์วาน คือ วงศ์วานที่ประกอบไปด้วยตัวอย่างจากจังหวัดอุบลราชธานี (*A. harmandii* 1) จังหวัดศรีสะเกษ (*A. harmandii* 2 และ *A. harmandii* 3) และวงศ์วานที่ประกอบไปด้วยตัวอย่างจากจังหวัดฉะเชิงเทรา (*A. harmandii* 4 และ *A. harmandii* 5) จึงทำให้ยังไม่สามารถสรุปได้ว่าทั้งที่ทั้งสองวงศ์วานนี้เป็นพืชชนิด *A. harmandii* เหมือนกันหรือไม่ ผู้วิจัยจึงทำการเลือกตัวอย่างจากแต่ละวงศ์วานมาเป็นตัวแทนของวงศ์วานนั้น โดยเลือก *A. harmandii* 5 จาก

จังหวัดฉะเชิงเทรา และ *A. harmandii* 2 จากจังหวัดศรีสะเกษ มาเพิ่มข้อมูลลำดับเบสจากยีนในนิวเคลียส เพื่อนำไปสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอทั้งในพลาสติดและนิวเคลียส

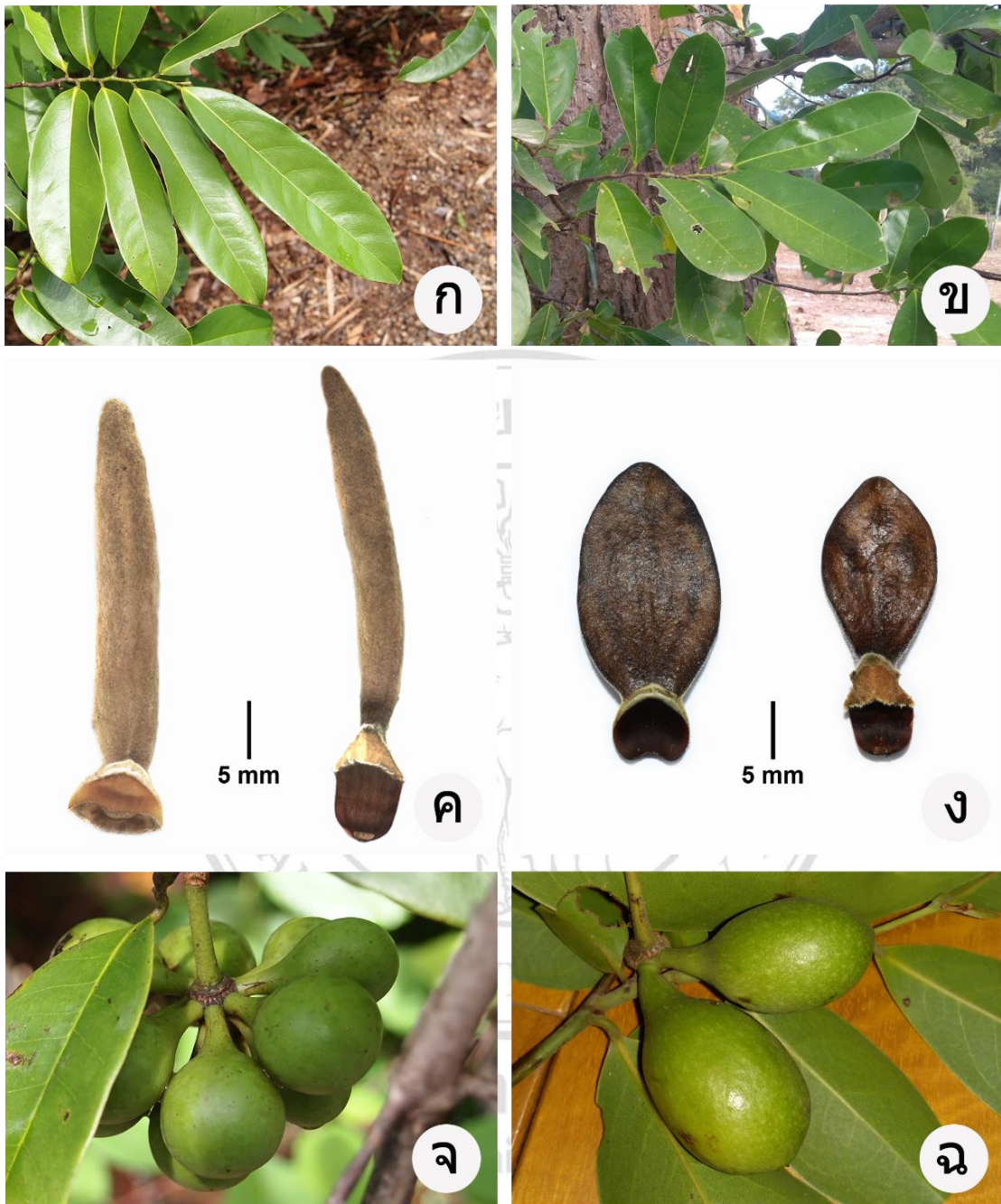
โดยผลจากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ภาพที่ 4.2) พบว่าตัวอย่างทั้งสองมีความสัมพันธ์แบบกิ่งชาติพันธุ์เดียว ทำให้ไม่สามารถจัดจำแนกตัวอย่างทั้งสองเป็นพืชชนิดเดียวกันได้ และจากการเปรียบเทียบตัวอย่างทั้งสองกับตัวอย่างเลือกเป็นต้นแบบ (lectotype) ของพืชชนิด *A. harmandii* ที่เก็บจากประเทศลาว (ภาพที่ 5.3) พบว่า *A. harmandii* จากจังหวัดศรีสะเกษ (*A. harmandii* 2) มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกับตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบมากที่สุด จึงเป็น *A. harmandii* ที่แท้จริง และเมื่อทำการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาอย่างละเอียด พบว่าตัวอย่าง *A. harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทราที่มีดอก (*A. harmandii* 1) และผลย่อย (จาก *Rodhitak* 2; CMUB) มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาหลายลักษณะที่แตกต่างไปจาก *A. harmandii* อย่างชัดเจน ได้แก่ รูปร่างใบ ปลายใบ รูปร่างของกลีบดอก ขนาดของกลีบดอก และรูปร่างผลย่อย (ดังตารางที่ 5.2 และภาพที่ 5.4) จึงสรุปได้ว่าตัวอย่าง *A. harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทราเป็นพืชชนิดใหม่ชนิดที่ 2 (*Artabotrys* sp. nov. 2) ของงานวิจัยนี้

ตารางที่ 5.2 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันระหว่าง *A. harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา และ *A. harmandii* จากจังหวัดศรีสะเกษ

ลักษณะ	<i>A. harmandii</i> จากจังหวัดฉะเชิงเทรา	<i>A. harmandii</i> จากจังหวัดศรีสะเกษ
รูปร่างใบ	elliptic	obovate
รูปร่างปลายใบ	acute	cuspidate
ขนาดกลีบดอก (mm)	36–43 × 6–10	26–33 × 10–14
รูปร่างกลีบดอก	narrowly elliptic-oblong	elliptic
รูปร่างผลย่อย	subglobose	ellipsoid



ภาพที่ 5.3 ตัวอย่างเล็กเป็นตัวอย่างต้นแบบของ *Artabotrys harmandii* (Harmand 1877; P)



ภาพที่ 5.4 สันฐานวิทยาเปรียบเทียบระหว่าง *Artabotrys harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา (ก ค และ จ): ใบ (ก [จาก Rodphitak 1; CMUB]); กลีบดอกชั้นนอก (ซ้าย) กลีบดอกชั้นใน (ขวา) (ค [จาก Rodphitak 1; CMUB]); ผลย่อย (จ [จาก Rodphitak 2; CMUB]) และ *A. harmandii* จาก จังหวัดศรีสะเกษ (ข ง และ ฉ): ใบ (ข [จาก Chaowasku 193a; CMUB]); กลีบดอกชั้นนอก (ซ้าย) กลีบดอกชั้นใน (ขวา) (ง [จาก Chaowasku 193b; CMUB]); ผลย่อย (ฉ [จาก Chaowasku 193a; CMUB]) ถ่ายภาพโดย เอมอร รอดพิทักษ์ (ก และ จ) อานิสรา คำทองดี (ค และ ง) และ ธนวัฒน์ เชาวสุญ (ข และ ฉ)

5.5 *Artabotrys spinosus*

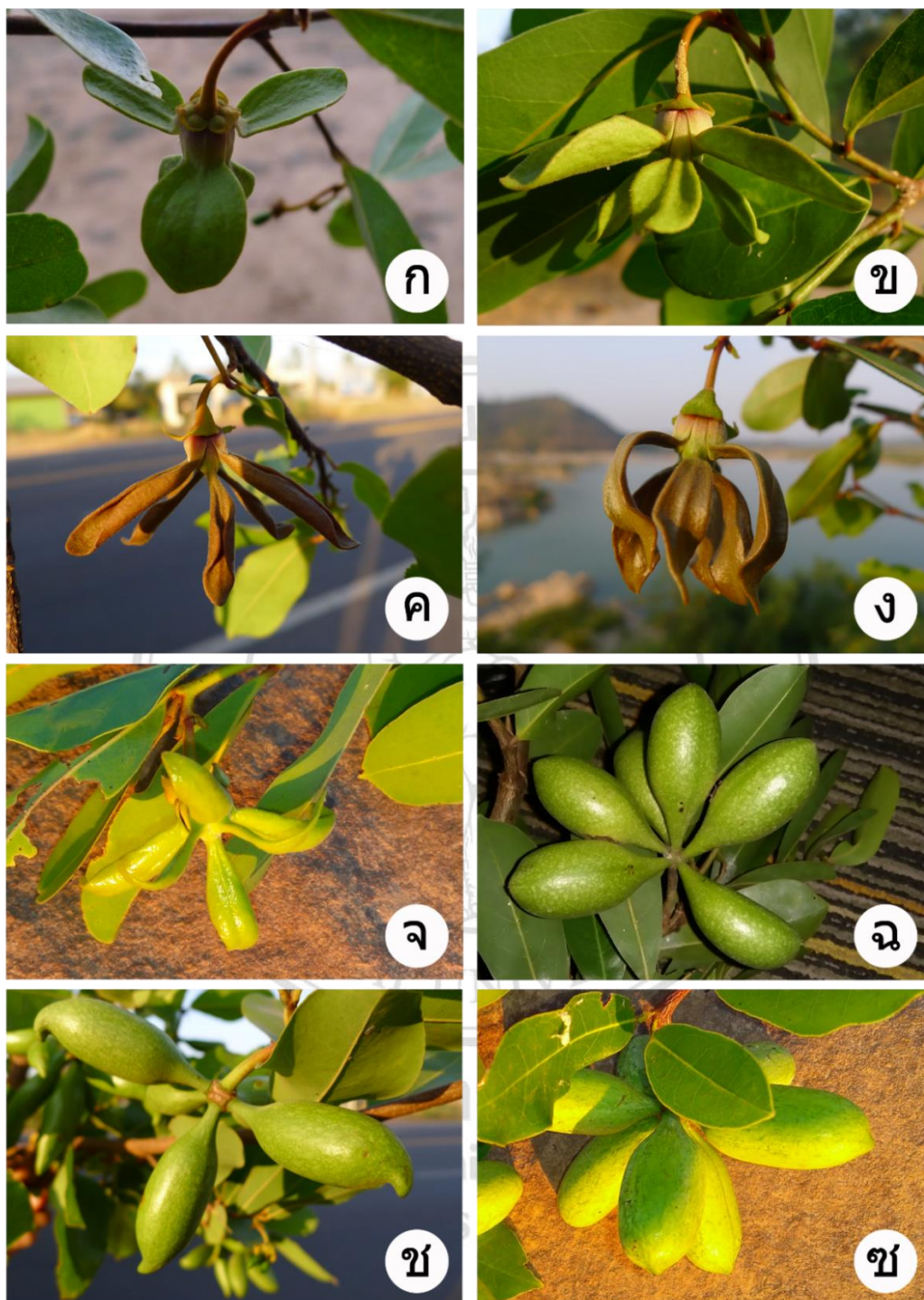
จากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกเพียงอย่างเดียว (ภาพที่ 4.1) พบว่าตัวอย่างทั้งหมดไม่ได้มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยแบ่งออกได้เป็นสองวงศ์วาน คือ วงศ์วานที่ประกอบไปด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำโขง (*A. spinosus* 1–4) และวงศ์วานที่ประกอบไปด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล (*A. spinosus* 5–10) จึงทำให้ยังไม่สามารถสรุปได้ว่าทั้งว่ทั้งสองวงศ์วานนี้เป็นพืชชนิด *A. spinosus* เหมือนกันหรือไม่ ผู้วิจัยจึงทำการเลือกตัวอย่างจากวงศ์วานของแม่น้ำชีและมูลมา 1 ตัวอย่าง และตัวอย่างจากวงศ์วานของแม่น้ำโขงมา 1 ตัวอย่าง มาเพิ่มข้อมูลลำดับเบสจากยีนในนิวเคลียส เพื่อนำไปสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอทั้งในพลาสติกและนิวเคลียส

ผลจากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส พบว่าทั้งสองตัวอย่างมีความสัมพันธ์แบบชาติพันธุ์เดียว โดยเมื่อสังเกตจากความยาวกิ่งในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์พบว่าทั้งสองตัวอย่างมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแตกต่างกันไปจากบรรพบุรุษร่วมล่าสุดในระดับหนึ่ง ซึ่งอาจสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกัน จากการเปรียบเทียบกับตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบของพืชชนิด *A. spinosus* (ภาพที่ 5.5) พบว่าตัวอย่างจากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูลมีลักษณะใกล้เคียงกับตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบมากที่สุด จึงเป็น *A. spinosus* ที่แท้จริง แต่เมื่อทำการเปรียบเทียบลักษณะทางสัณฐานวิทยากับตัวอย่างจากแม่น้ำโขง พบว่ามีความคาบเกี่ยวกันในลักษณะของใบ ปลายใบ รูปร่างผลย่อย ถึงแม้ว่ารูปร่างและสีของกลีบดอกจะค่อนข้างต่างกันก็ตาม (ภาพที่ 5.6 และ 5.7) ทำให้ยากต่อการตัดสินใจว่าตัวอย่างจากแม่น้ำโขงทั้งหมดยังเป็นพืชชนิด *A. spinosus* หรือไม่ ทั้งนี้ควรมีการศึกษาลักษณะอื่น ๆ เพิ่มเติม เช่น กายวิภาค สัณฐานวิทยาเรณู เป็นต้น ก่อนที่จะสรุปว่าตัวอย่าง *A. spinosus* จากแม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง เป็นพืชชนิดเดียวกันหรือคนละชนิดกัน

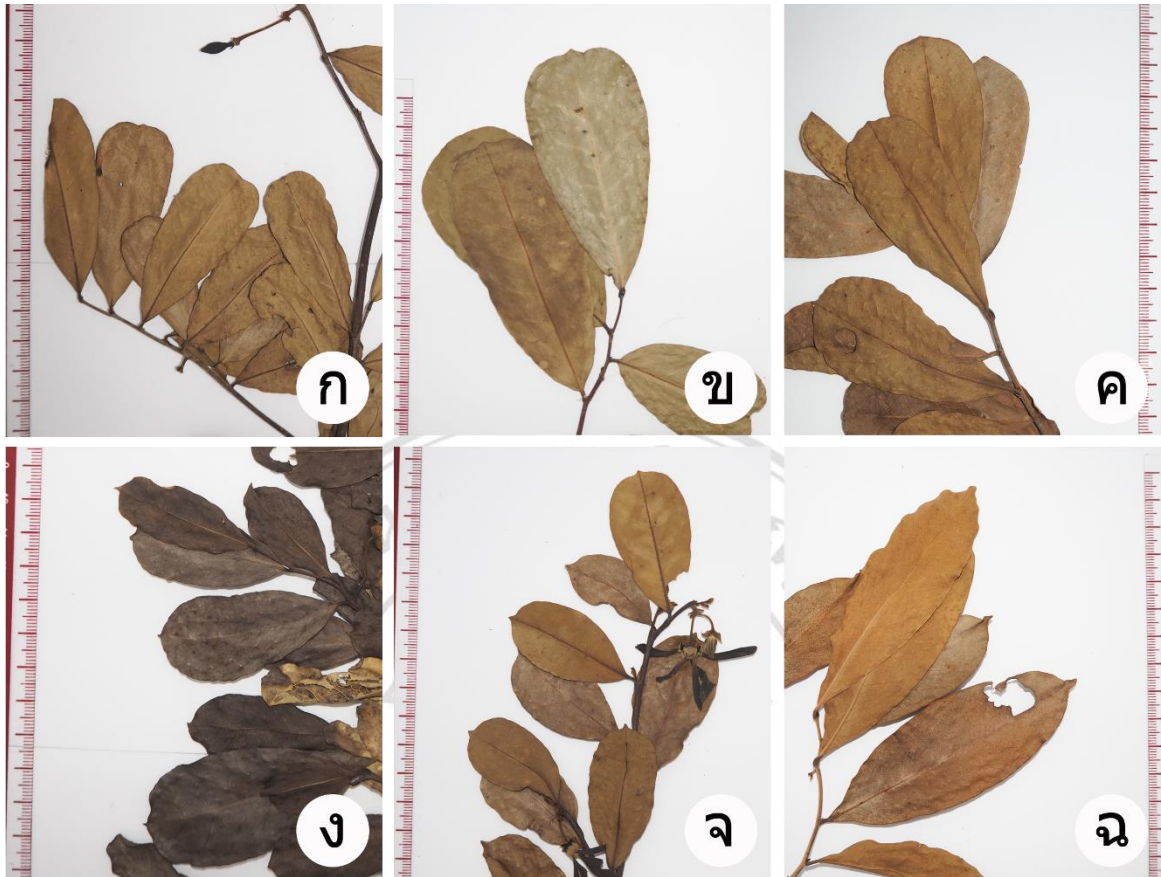
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาพที่ 5.5 ตัวอย่างเล็กเป็นตัวอย่างต้นแบบของ *Artabotrys spinosus* (Kerr 8338; K)



ภาพที่ 5.6 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกและผลระหว่าง *Artabotrys spinosus* จากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล (ก ข และ ฉ); ดอก (ก [จาก Chaowasku 210; CMUB]; ข [จาก Chaowasku 211; CMUB]); ผลย่อย (ฉ [จาก Chaowasku 197; CMUB]) และแม่น้ำโขง (ค ง จ ช และ ซ): ดอก (ค [จาก Chaowasku 205; CMUB]; ง [จาก Chaowasku 204; CMUB]; จ [จาก Chaowasku 200; CMUB]); ผลย่อย (ช [จาก Chaowasku 205; CMUB]; ซ [จาก Chaowasku 200; CMUB]) ถ่ายภาพโดย ธนวัฒน์ เชาวสกู



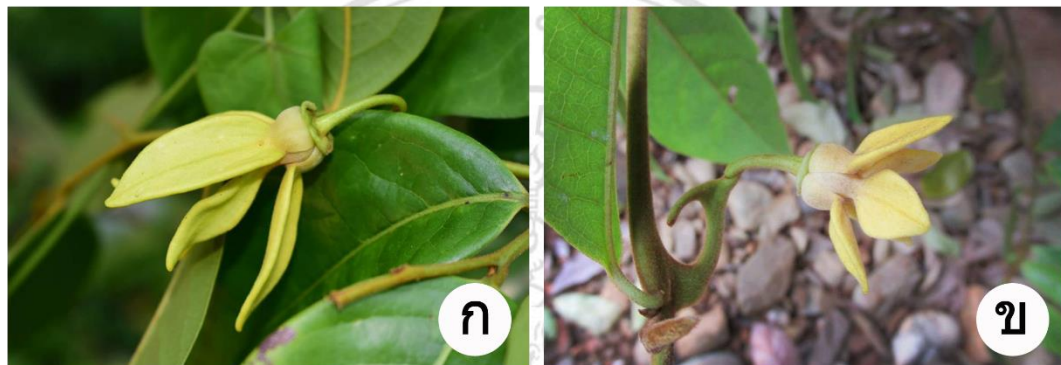
ภาพที่ 5.7 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบใบระหว่าง *Artabotrys spinosus* จากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูล (ก [จาก Chaowasku 210; CMUB]; ข [จาก Chaowasku 207; CMUB]; ค [จาก Chaowasku 208; CMUB]) และแม่น้ำโขง (ง [จาก Chaowasku 204; CMUB]; จ [จาก Chaowasku 205; CMUB]; ฉ [จาก Chaowasku 200; CMUB])

5.6 *Artabotrys siamensis* และ *Artabotrys* sp.

จากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกเพียงอย่างเดียว (ภาพที่ 4.1) พบว่าตัวอย่างของ *A. siamensis* ไม่ได้มีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว จึงทำให้ยังไม่สามารถสรุปได้ว่าทั้งสองตัวอย่างนี้เป็นพืชชนิด *A. siamensis* เหมือนกันหรือไม่ ผู้วิจัยจึงนำทั้งสองตัวอย่างมาเพิ่มข้อมูลลำดับเบสจากยีนในนิวเคลียส เพื่อนำไปสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลลำดับเบสเอ็นเอทั้งในพลาสติกและนิวเคลียส

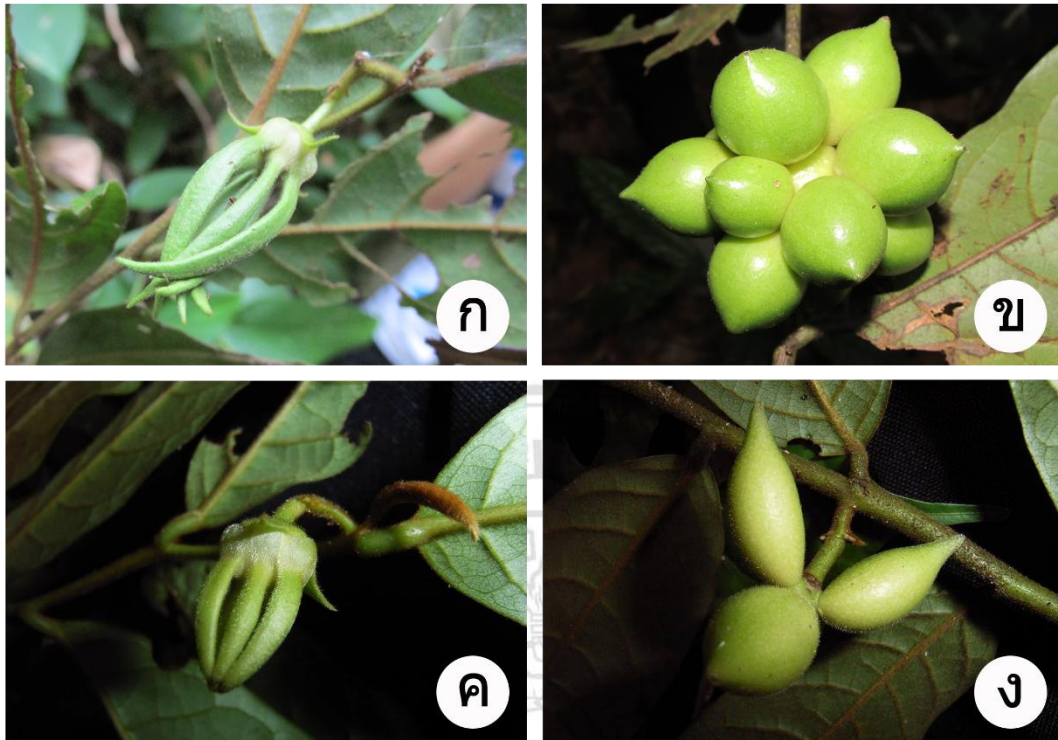
ผลการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส (ภาพที่ 4.2) พบว่าทุกตัวอย่างของ *A. siamensis* มีความสัมพันธ์แบบชาติพันธุ์เดียว แต่ความสัมพันธ์ดังกล่าวมีค่าสนับสนุนต่ำ นอกจากนี้เมื่อสังเกตจากแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์พบว่าความยาวกิ่งของตัวอย่าง *A. siamensis* 1 และความยาวกิ่งที่เชื่อม *A. siamensis* 2 และ *A. siamensis* 3

สอดคล้องการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแตกต่างไปจากบรรพบุรุษร่วมล่าสุดในระดับหนึ่ง ประกอบกับการสังเกตลักษณะทางสัณฐานวิทยาเบื้องต้นพบว่ามี ความแตกต่างกัน โดยตัวอย่าง *A. siamensis* 1 จากจังหวัดเพชรบุรีมีกลีบดอก และก้านดอกที่ยาว ในขณะที่ตัวอย่าง *A. siamensis* 3 จากจังหวัดกาญจนบุรีมีกลีบดอก และก้านดอกสั้นกว่าอย่างชัดเจน (ภาพที่ 5.8) จึงคาดว่า *A. siamensis* 1 จากจังหวัดเพชรบุรีอาจไม่ใช่ *A. siamensis* ทั้งนี้ควรมีการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพิ่มเติม เช่น เกสรเพศผู้ เกสรเพศเมีย และผล เป็นต้น



ภาพที่ 5.8 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกกระหว่าง *Artabotrys siamensis* จากจังหวัดเพชรบุรี (ก [จาก Kaitongsuk SK 226; BKF]) และ *A. siamensis* จากจังหวัดกาญจนบุรี (ข [จาก Damthongdee AD 3; BKF]) ถ่ายภาพโดย อานิสรา คำทองดี

สำหรับตัวอย่างพืช *Artabotrys* sp. 1 จากจังหวัดกาญจนบุรี (= *Artabotrys* sp. 3 ในภาพ 4.1) ในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ภาพที่ 4.2) พบว่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับ *A. uniflorus* และมีลักษณะใบคล้ายกัน อีกทั้งมีหนึ่งดอกต่อตะขอเหมือนกัน แต่เมื่อสังเกตจากความยาวกิ่งในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์จะพบว่ามีจำนวนการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแตกต่างไปจากบรรพบุรุษร่วมล่าสุดในระดับหนึ่ง ซึ่งสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันบางประการ กล่าวคือ *A. uniflorus* มีกลีบดอกที่สั้นและป้อม ผลเป็นรูปรี ในขณะที่ตัวอย่าง *Artabotrys* sp. 1 มีกลีบดอกที่ยาวกว่า และมีผลย่อยเป็นทรงกลมป้อมกว่า (ภาพที่ 5.9) ดังนั้น *Artabotrys* sp. 1 อาจจะเป็นพืชชนิดใหม่ ทั้งนี้ควรมีการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพิ่มเติม เช่น เกสรเพศผู้ เกสรเพศเมีย และสัณฐานวิทยาเรณู เป็นต้น



ภาพที่ 5.9 สัณฐานวิทยาเปรียบเทียบดอกและผลระหว่าง *Artabotrys* sp. จากจังหวัดกาญจนบุรี (ก และ ข): ดอก (ก [จาก Damthongdee AD 9; BKF]); ผลย่อย (ข [จาก Damthongdee AD 9; BKF]) และ *A. uniflorus* (ค และ ง): ดอก (ค [จาก Kaewjaroay I; CMUB]); ผลย่อย (ง [จาก Kaewjaroay I; CMUB]) ถ่ายภาพโดย อานิสรา คำทองดี (ก และ ข) และ ธนวัฒน์ เชาวสกุล (ค และ ง)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

บทที่ 6

สรุปผลการศึกษา

จากผลการทดลองและการอภิปราย สามารถสรุปผลการศึกษาได้ดังนี้

ผลจากการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกจำนวน 6 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK*, *ndhF* และ *rbcL*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *psbA-trnH* และ *trnL-trnF*) มีความยาวประมาณ 5486 นิวคลีโอไทด์ วิเคราะห์ด้วย 3 วิธี ได้แก่ วิธีพาร์ติโมนี วิธีความเป็นไปได้สูงสุด และวิธีเบย์เซียน โดยทำในพืช 41 ตัวอย่างในวงศ์ย่อย Ammonoideae แบ่งเป็นพืชกลุ่มใกล้เคียงกับกลุ่มที่สนใจศึกษา ซึ่งเป็นพืชในเผ่า Duguetieae จำนวน 2 ชนิด ได้แก่ *Pseudartabotrys letestui* และ *Letestudoxa bella* สำหรับพืชกลุ่มที่สนใจศึกษาเป็นพืชในเผ่า Xylopieae โดยเป็นพืชในสกุลสะท้าง (*Xylopia*) จำนวน 2 ตัวอย่าง และพืชในสกุลการเวก (*Artabotrys*) จำนวน 37 ตัวอย่าง พบว่าตัวอย่าง *Artabotrys* cf. *multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรีมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดมากที่สุดกับวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่าง *A. uniflorus* และ *Artabotrys* sp. ทั้งนี้ *Artabotrys* cf. *multiflorus* มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างไปจากวงศ์วานดังกล่าว คือมีจำนวนดอกมากกว่า 1 ดอกต่อหนึ่งตะขอ อีกทั้งตัวอย่าง *Artabotrys* cf. *multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรียังมีลักษณะแตกต่างไปจากตัวอย่างคู่ตัวอย่างต้นแบบแรกของ *A. multiflorus* หลายประการ ได้แก่ รูปร่างของกลีบดอก ขนาดของกลีบดอก จำนวนเกสรเพศเมียต่อหนึ่งดอก และจำนวนดอกต่อหนึ่งตะขอ จึงสรุปได้ว่าตัวอย่าง *Artabotrys* cf. *multiflorus* จากจังหวัดกาญจนบุรีเป็นพืชชนิดใหม่ชนิดที่ 1 (*Artabotrys* sp. nov. 1) ของงานวิจัยนี้

สำหรับตัวอย่าง *A. harmandii* แบ่งออกได้เป็น 2 วงศ์วาน ได้แก่ วงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดฉะเชิงเทรา และวงศ์วานที่เป็นตัวอย่างจากจังหวัดศรีสะเกษและอุบลราชธานี เช่นเดียวกับตัวอย่าง *A. spinosus* ที่แบ่งออกได้เป็น 2 วงศ์วาน ได้แก่ วงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำชี และแม่น้ำมูล และวงศ์วานที่ประกอบด้วยตัวอย่างจากแม่น้ำโขง แต่อย่างไรก็ตาม ผลการวิเคราะห์วิวัฒนาการชาติพันธุ์ดังกล่าวยังไม่สามารถสรุปได้ว่าตัวอย่างพืชแต่ละชนิดที่ปรากฏอยู่ในสอง

วงศ์วานเป็นพืชชนิดเดียวกัน ผู้วิจัยจึงเลือกตัวอย่างพืชที่เป็นตัวแทนของแต่ละวงศ์วานไปสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส

ผลจากการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดจำนวน 5 ตำแหน่ง (เอ็กซอน *matK* และ *ndhF*; อินทรอน *trnL*; ช่วงระหว่างยีน *psbA-trnH* และ *trnL-trnF*) และลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส จำนวน 8 ตำแหน่ง (เอ็กซอนและอินทรอน *AP3*, *AT2G32520*, *GI*, *HMGS*, *LFY*, *MAG1* และ *nepGS*; เอ็กซอน *PHYA*) มีความยาวประมาณ 12470 นิวคลีโอไทด์ วิเคราะห์ด้วย 3 วิธีเช่นเดิม โดยทำในพืชสกุลการเวก 61 ตัวอย่าง โดยเลือก *A. brachypetalus* และ *A. thomsonii* มาเป็นพืชกลุ่มใกล้เคียงกับกลุ่มที่สนใจศึกษา พบว่า ตัวอย่างพืช *A. harmandii* ที่เลือกมาเป็นตัวแทนแต่ละวงศ์วานมีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบกิ่งชาติพันธุ์เดียว ทำให้ไม่สามารถจัดจำแนกตัวอย่างทั้งสองเป็นพืชชนิดเดียวกันได้ โดยตัวอย่าง *A. harmandii* จากจังหวัดศรีสะเกษ มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกับตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบมากที่สุด จึงเป็น *A. harmandii* ที่แท้จริง เมื่อทำการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของตัวอย่าง *A. harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทรา พบว่ามีลักษณะที่แตกต่างไปจาก *A. harmandii* ได้แก่ รูปร่างใบ ปลายใบ รูปร่างของกลีบดอก ขนาดของกลีบดอก และรูปร่างผลย่อย จึงสรุปได้ว่าตัวอย่าง *A. harmandii* จากจังหวัดฉะเชิงเทราเป็นพืชชนิดใหม่ชนิดที่ 2 (*Artabotrys* sp. nov. 2) ของงานวิจัยนี้

สำหรับตัวอย่างพืช *A. spinosus* ที่เลือกมาเป็นตัวแทนแต่ละวงศ์วานมีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแบบชาติพันธุ์เดียว โดยความยาวกิ่งในแผนภูมิวิวัฒนาการชาติพันธุ์บ่งบอกว่าทั้งสองตัวอย่างมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแตกต่างกันไปจากบรรพบุรุษร่วมล่าสุดในระดับหนึ่ง ซึ่งตัวอย่างจากแม่น้ำชีและแม่น้ำมูลมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกับตัวอย่างเลือกเป็นตัวอย่างต้นแบบของพืชชนิด *A. spinosus* มากที่สุด จึงเป็น *A. spinosus* ที่แท้จริง แต่เมื่อทำการเปรียบเทียบลักษณะทางสัณฐานวิทยากับตัวอย่างจากแม่น้ำโขง พบว่ามีความคาบเกี่ยวกันในลักษณะของใบ ปลายใบ รูปร่างผลย่อย ถึงแม้ว่ารูปร่างและสีของกลีบดอกจะค่อนข้างต่างก็ตาม จึงควรมีการศึกษาลักษณะอื่น ๆ เพิ่มเติม เช่น กายวิภาค สัณฐานวิทยาเรณู เป็นต้น ก่อนที่จะสรุปว่าตัวอย่าง *A. spinosus* จากแม่น้ำชี แม่น้ำมูล และแม่น้ำโขง เป็นพืชชนิดเดียวกันหรือคนละชนิดกัน ทำให้สุดท้ายแล้วจากงานวิจัยนี้เราได้ค้นพบพืชชนิดใหม่ 2 ชนิด ผลจากการศึกษานี้จะเป็นการเพิ่มพูนฐานข้อมูล และแก้ไขการจัดจำแนกที่ผิดพลาด เพื่อนำข้อมูลที่ได้ออกไปต่อยอดในด้านต่าง ๆ ต่อไป

เอกสารอ้างอิง

- [ทวี อินสุระ, 2552] ทวี อินสุระ อนุกรมวิธานและลักษณะนิเวศบางประการของพรรณไม้สกุลการเวกในประเทศไทย วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาชีววิทยาป่าไม้ ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ คณะวนศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ 2552
- [ปิยะ เฉลิมกลิ่น, 2544] ปิยะ เฉลิมกลิ่น พรรณไม้วงศ์กระดังงา สำนักพิมพ์บ้านและสวน 2544
- [Aguilar, 2001] Aguilar, N. O., "Artabotrys R.Br. ex Ker Gawl. In: Van Valkenburg J. L. C. H., Bunyapraphatsara N. (eds.), Plant resources of SouthEast Asia no. 12 (2): medicinal and poisonous plants 2," Backhuys Publishers, 2001, pp. 85–89.
- [Akaike, 1974] Akaike, H., "A new look at the statistical model identification," IEEE transactions on automatic control, Vol. 19, 1974, pp. 716–723.
- [Chaowasku, 2020] Chaowasku, T., "Toward a phylogenetic reclassification of the subfamily Ambavioideae (Annonaceae): establishment of a new subfamily and a new tribe," Acta Botanica Brasilica, Website: <https://doi.org/10.1590/0102-33062020abb0051>, 05 October 2020.
- [Chaowasku *et al.*, 2018a] Chaowasku, T., Damthongdee, A., Jongsook, H., Ngo, D. T., Le, H. T., Tran, D. M. and Suddee, S., "Enlarging the monotypic Monocarpieae (Annonaceae, Malmeoideae): recognition of a second genus from Vietnam informed by morphology and molecular phylogenetics," Candollea, Vol. 73, 2018, pp. 261–275.
- [Chaowasku *et al.*, 2018b] Chaowasku, T., Damthongdee, A., Jongsook, H., Nuraliev, M. S., Ngo, D. T., Le, H. T., Lithanatudom, P., Osathanunkul, M., Deroin, T., Xue, B. and Wipasa, J., "Genus *Huberantha* (Annonaceae) revisited: Erection of *Polyalthiopsis*, a new genus for *H. floribunda*, with a new combination *H. luensis*," Annales Botanici Fennici, Vol. 55, 2018, pp. 121–136.

- [Chaowasku *et al.*, 2012] Chaowasku, T., Jonhson, D. M., Van der Ham, R. W. J. M. and Chatrou, L. W., “Characterization of *Hubera* (Annonaceae), a new genus segregated from *Polyalthia* and allied to *Miliusa*,” *Phytotaxa*, Vol. 69, 2012, pp. 33–56.
- [Chaowasku *et al.*, 2013a] Chaowasku, T., Keßler, P. J. A. and Chatrou L. W., “Phylogeny of *Miliusa* (Magnoliales : Annonaceae : Malmeoideae : Miliuseae), with descriptions of two new species from Malesia,” *European Journal of Taxonomy*, Vol. 54, 2013, pp. 1–21.
- [Chaowasku *et al.*, 2014] Chaowasku, T., Thomas, D. C., Van der Ham, R. W. J. M., Smets, E. F., Mols, J. B. and Chatrou, L. W., “A plastid DNA phylogeny of tribe Miliuseae :28 insights into relationships and character evolution in one of the most recalcitrant major clades of Annonaceae,” *American Journal of Botany*, Vol. 101, 2014, pp. 691–709.
- [Chaowasku *et al.*, 2013b] Chaowasku, T., Van der Ham, R. W. J. M. and Chatrou, L. W., “Integrative systematics supports the establishment of *Winitia*, a new genus of Annonaceae (Malmeoideae, Miliuseae) allied to *Stelechocarpus* and *Sageraea*,” *Systematics and Biodiversity*, Vol. 11, 2013, pp. 195–207.
- [Chatrou *et al.*, 2012] Chatrou, L. W., Pirie, M. D., Erkens, R. H. J., Couvreur, T. L. P., Neubig, K. M., Abbott, J. R., Mols, J. B., Maas, J. W., Saunders, R. M. K and Chase, M. W., “A new subfamilial and tribal classification of the pantropical flowering plant family Annonaceae informed by molecular phylogenetics,” *Botanical Journal of the Linnean Society*, Vol. 169, 2012, pp. 5–40.
- [Chen and Eiadthong, 2020] Chen, J. and Eiadthong, W., “New species and new records of *Artabotrys* (Annonaceae) from peninsular Thailand,” *PhytoKeys*, Vol. 151, 2020, pp. 67–81.
- [Chen *et al.*, 2018] Chen, J., Chalermglin, P. and Saunders, R. M. K., “Two new species and two new records of *Artabotrys* (Annonaceae) from Thailand,” *PhytoKeys*, Vol. 95, 2018, pp. 71–81.

- [Chen *et al.*, 2020a] Chen, J., Liu, M. F. and Saunders, R. M., “Contrasting floral biology of *Artabotrys* species (Annonaceae): Implications for the evolution of pollinator trapping,” *Plant Species Biology*, Vol. 35, 2020, pp. 210–223.
- [Chen *et al.*, 2020b] Chen, J., Thomas, D. C. and Saunders, R. M., “Correlated evolution of diaspore traits and potential frugivore-mediated selection in a fleshy-fruited tropical lineage (*Artabotrys*, Annonaceae),” *Evolution*, 2020.
- [Chen *et al.*, 2019] Chen, J., Thomas, D. C. and Saunders, R. M., “Geographic range and habitat reconstructions shed light on palaeotropical intercontinental disjunction and regional diversification patterns in *Artabotrys* (Annonaceae),” *Journal of Biogeography*, Vol. 46, 2019, pp. 2690–2705.
- [Chuakul and Soonthornchareonnon, 2003] Chuakul W., Soonthornchareonnon N., “Ethnomedical uses of Thai Annonaceous plant (1),” *Thai Journal of Phytopharmacy*, Vol. 10, 2003, pp. 25–32.
- [Clegg and Zurawski, 1992] Clegg, M. T. and Zurawski, G., “Chloroplast DNA and the study of plant phylogeny: present status and future prospects. In: Soltis P. S., Soltis D. E. and Doyle J. J. (eds.),” *Molecular systematics of plants*, Springer Science+Business Media, Dordrecht, 1992, pp. 1–13.
- [Couvreur *et al.*, 2019] Couvreur, T. L. P., Helmstetter, A. J., Koenen, E. J. M., Bethune, K., Brandão, R. D., Little, S. A., Sauquet, H. and Erkens, R. H. J., “Phylogenomics of the major tropical plant family Annonaceae using targeted enrichment of nuclear genes,” *Frontiers in Plant Science*, Vol. 9, 2019, 1941.
- [Cuénoud *et al.*, 2002] Cuénoud, P., Savolainen, V., Chatrou, L. W., Powell, M., Grayer, R. J. and Chase M. W., “Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid *rbcL*, *atpB*, and *matK* DNA sequences,” *American Journal of Botany*, Vol. 89, 2002, pp. 132–144.

- [Fay *et al.*, 1997] Fay, M. F., Swensen, S. M. and Chase, M. W., “Taxonomic affinities of *Medusagyne oppositifolia* (Medusagynaceae),” Kew Bulletin, Vol. 52, 1997, pp. 111–120.
- [Felsenstein, 1985] Felsenstein, J., “Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap,” Evolution, Vol. 39, 1985, pp. 783–791.
- [Fischer, 1937] Fischer, C. E. C., “Contributions to the Flora of Burma: XIII,” Bulletin of Miscellaneous Information (Royal Botanic Gardens, Kew), Vol. 1937, 1937, pp. 436–440.
- [Gielly and Taberlet, 1994] Gielly, L. and Taberlet, P., “The use of chloroplast DNA to resolve plant phylogenies: noncoding versus *rbcL* sequences,” Molecular biology and evolution, Vol. 11, 1994, pp. 769–777.
- [Goloboff and Catalano, 2016] Goloboff, P. A. and Catalano, S. A., “TNT version 1.5, including a full implementation of phylogenetic morphometrics,” Cladistics, Vol. 32, 2016, pp. 221–238.
- [Goloboff *et al.*, 2003] Goloboff, P. A., Farris, J. S., Källersjö, M., Oxelman, B., Ramirez, M. J. and Szumik, C. A., “Improvements to resampling measures of group support,” Cladistics, Vol. 19, 2003, pp. 324–332.
- [Guo *et al.*, 2017a] Guo, X., Hoekstra, P. H., Tang, C. C., Thomas, D. C., Wieringa, J. J., Chatrou, L. W. and Saunders, R. M. K., “Cutting up the climbers: evidence for extensive polyphyly in *Friesodielsia* (Annonaceae) necessitates generic realignment across the tribe Uvarieae,” Taxon, Vol. 66, 2017, pp. 3–19.
- [Guo *et al.*, 2017b] Guo, X., Tang, C. C., Thomas, D. C., Couvreur, T. L. and Saunders, R. M., “A mega-phylogeny of the Annonaceae: taxonomic placement of five enigmatic genera and support for a new tribe, Phoenicantheae,” Scientific Reports, Vol. 7, 2017, pp. 1–11.

- [Guo *et al.*, 2014] Guo, X., Wang, J., Xue, B., Thomas, D. C., Su, Y. C. F., Tan, Y. H. and Saunders, R. M. K., "Reassessing the taxonomic status of two enigmatic *Desmos* species (Annonaceae): morphological and molecular phylogenetic support for a new genus, *Wangia*," *Journal of Systematics and Evolution*, Vol. 52, 2014, pp. 1–15.
- [Hall, 1999] Hall, T. A., "BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT," *Nucleic acids symposium series*, Vol. 41, 1999, pp. 95–98.
- [Hamilton, 1999] Hamilton, M. B., "Four primer pairs for the amplification of chloroplast intergenic regions with intraspecific variation," *Molecular Ecology*, Vol. 8, 1999, pp. 521–523.
- [Hasegawa *et al.*, 1985] Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T., "Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA," *Journal of molecular evolution*, Vol. 22, 1985, pp. 160–174.
- [Huelsenbeck and Crandall, 1997] Huelsenbeck, J. P. and Crandall, K. A., "Phylogeny estimation and hypothesis testing using maximum likelihood," *Annual Review of Ecology and systematics*, Vol. 28, 1997, pp. 437–466.
- [Judd *et al.*, 2008] Judd, W. S., Campbell, C. S., Elizabeth, A. K., Steven, P. F. and Donoghue, M. J., *Plant systematics. A phylogenetic approach*, 3rd ed, Sinauer Associates, Inc., Sunderland, 2008.
- [Keßler, 1993] Keßler, P. J. A., "Annonaceae. In: Kubitzki K., Rohwer J. G. and Bittrich V. (eds.), *The families and genera of vascular plants*," Springer Verlag, Berlin, Vol. 2, 1993, pp. 93–129.
- [Lipscomb, 1998] Lipscomb D., *Basics of cladistic analysis*, George Washington University, Washington DC., 1998.
- [Mabberley, 2008] Mabberley, D. J., *The plant book: A portable dictionary of plants, their classification and uses*, Cambridge University Press, Cambridge, 2008.

- [Manjula *et al.*, 2011] Manjula, M., Kumuda, K. V., Anitha, S., Shashidhara, S., “Antioxidant and antimicrobial activities of various extracts of *Artabotrys hexapetalus* flowers,” *Pharma science Monitor*, Vol. 2, 2011, pp. 1027–1035.
- [Marshall, 2010] Marshall, D. C., “Cryptic failure of partitioned Bayesian phylogenetic analyses : lost in the land of long trees,” *Systematic Biology*, Vol. 59, 2010, pp. 108–117.
- [Miller *et al.*, 2010] Miller, M. A., Pfeiffer, W. and Schwartz, T., “Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In: Gateway Computing Environments Workshop (GCE),” IEEE, Piscataway, New Orleans, Louisiana, 14 November 2010, pp. 45–52.
- [Nguyen *et al.*, 2014] Nguyen, L. T., Schmidt, H. A., von Haeseler, A. and Minh, B. Q., “IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies,” *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 32, 2014, pp. 268–274.
- [Olmstead *et al.*, 1992] Olmstead, R. G, Michaels, H. J., Scott, K. M. and Palmer, J. D., “Monophyly of the Asteridae and identification of their major lineages inferred from DNA-sequences of *rbcL*,” *Annals of the Missouri Botanical Garden*, Vol. 79, 1992, pp. 249–265.
- [Olmstead and Sweere, 1994] Olmstead, R. G. and Sweere, J. A., “Combining data in phylogenetic systematics: An empirical approach using three molecular data sets in the Solanaceae,” *Systematic Biology*, Vol. 43, 1994, pp. 467–481.
- [Ortiz-Rodriguez *et al.*, 2016a] Ortiz-Rodriguez, A. E., Escobar-Castellanos, M. A. and Pérez-Farrera, M. A., “Phylogenetic analyses and morphological characteristics support the description of a second species of *Tridimeris* (Annonaceae),” *PhytoKeys*, Vol. 74, 2016, pp. 79–96.
- [Ortiz-Rodriguez *et al.*, 2016b] Ortiz-Rodriguez, A. E., Ruiz-Sanchez, E. and Ornelas, J. F., “Phylogenetic relationships among members of the Neotropical clade of Miliuseae (Annonaceae): generic non-monophyly of *Desmopsis* and *Stenanona*,” *Systematic Botany*, Vol. 41, 2016, pp. 815–822.

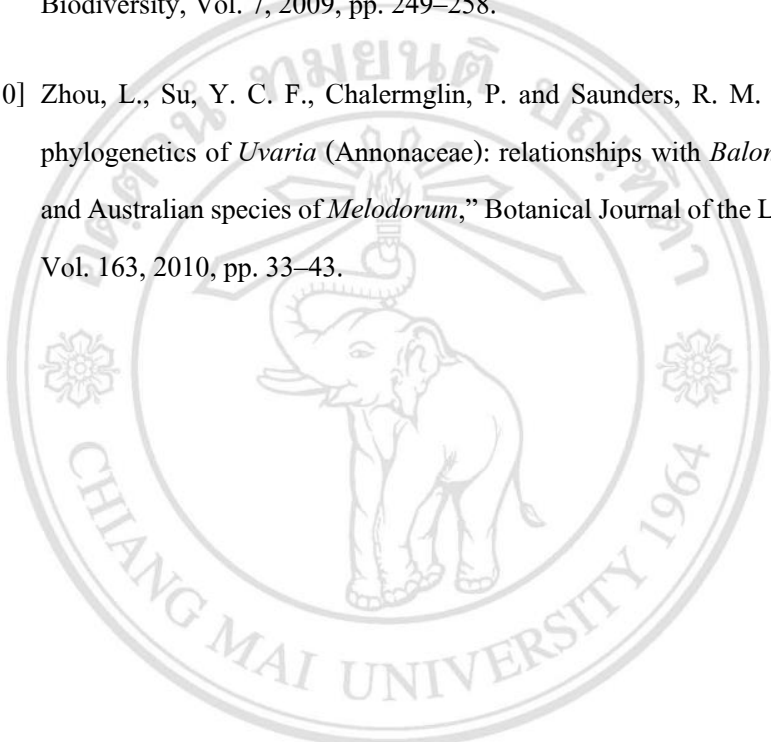
- [Pirie *et al.*, 2005] Pirie, M. D., Chatrou, L. W., Erkens, R. H., Maas, J. W., van der Niet, T., Mols, J. B. and Richardson, J. E., “Phylogeny reconstruction and molecular dating in four Neotropical genera of Annonaceae: the effect of taxon sampling in age estimations,” *Regnum Vegetabile*, Vol. 143, 2005, pp. 149.
- [Pirie *et al.*, 2006] Pirie, M. D., Chatrou, L. W., Mols, J. B., Erkens, R. H. J. and Oosterhof, J., “‘Andean-centred’ genera in the short-branch clade of Annonaceae: testing biogeographical hypotheses using phylogeny reconstruction and molecular dating,” *Journal of Biogeography*, Vol. 33, 2006, pp. 31–46.
- [Posada and Crandall, 1998] Posada, D. and Crandall, K. A., “Modeltest: testing the model of DNA substitution,” *Bioinformatics*, Vol. 14, 1998, pp. 817–818.
- [Rambaut *et al.*, 2013] Rambaut, A., Suchard, M. and Drummond, A., Tracer, v1.6., Website: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/tracer>, 26 June 2020.
- [Rampedi, 2010] Rampedi I. T. *Indigenous plants in the Limpopo province: potential for their commercial beverage production* PhD thesis, University of South Africa, 2010.
- [Ronquist *et al.*, 2012] Ronquist, F., Teslenko, M., Van der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A. and Huelsenbeck, J. P., “MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space,” *Systematic biology*, Vol. 61, 2012, pp. 539–542.
- [Saunders *et al.*, 2020] Saunders, R. M., Guo, X. and Tang, C. C., “*Friesodielsia* subaequalis (Annonaceae): a new nomenclatural combination following conservation of the generic name against *Schefferomitra*,” *Phytotaxa*, Vol. 464, 2020, pp. 183–184.
- [Seelanan *et al.*, 1997] Seelanan, T., Schnabel, A. and Wendel J. F., “Congruence and consensus in the cotton tribe (Malvaceae),” *Systematic Botany*, Vol. 22, 1997, pp. 259–290.
- [Simmons, 2004] Simmons, M. P., “Independence of alignment and tree search,” *Molecular Phylogenetics and Evolution*, Vol. 31, 2004, pp. 874–879.

- [Simmons and Ochoterena, 2000] Simmons, M. P. and Ochoterena, H., "Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses," *Systematic biology*, Vol. 49, 2000, pp. 369–381.
- [Small *et al.*, 2004] Small, R. L., Cronn, R. C. and Wendel, J. F., "Use of nuclear genes for phylogeny reconstruction in plants," *Australian Systematic Botany*, Vol. 17, 2004, pp. 145–170.
- [Small *et al.*, 1998] Small, R. L., Ryburn, J. A., Cronn, R. C., Seelanan, T. and Wendel, J. F., "The tortoise and the hare: choosing between noncoding plastome and nuclear *Adh* sequences for phylogeny reconstruction in a recently diverged plant group," *American Journal of Botany*, Vol. 85, 1998, pp. 1301–1315.
- [Staden *et al.*, 2000] Staden, R., Beal, K. F. and Bonfield, J. K., "The Staden Package, 1998. *In* Misener, S. and Krawetz, S.A. (eds.) : *Bioinformatics methods and protocols*," *Methods in Molecular Biology™*, Vol. 132, 2000, pp. 115–130. Humana Press. Totowa.
- [Su *et al.*, 2010] Su, Y. C. F., Chaowasku, T. and Saunders, R. M. K., "An extended phylogeny of *Pseuduvaria* (Annonaceae) with descriptions of three new species and a reassessment of the generic status of *Oreomitra*," *Systematic Botany*, Vol. 35, 2010, pp. 30–39.
- [Su *et al.*, 2008] Su, Y. C. F., Smith, G. J. and Saunders, R. M. K., "Phylogeny of the basal angiosperm genus *Pseuduvaria* (Annonaceae) inferred from five chloroplast DNA regions, with interpretation of morphological character evolution," *Molecular Phylogenetics and Evolution*, Vol. 48, 2008, pp. 188–206.
- [Taberlet *et al.*, 1991] Taberlet, P., Gielly, L., Pautou, G. and Bouvet, J., "Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA," *Plant Molecular Biology*, Vol.17, 1991, pp. 1105–1109.

- [Tamura and Nei, 1993] Tamura, K. and Nei, M., “Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees,” *Molecular biology and evolution*, Vol. 10, 1993, pp. 512–526.
- [Tan and Wiart, 2014] Tan, K. K. and Wiart, C., “Botanical descriptions, ethnomedicinal and non-medicinal uses of the genus *Artabotrys* R. BR,” *International Journal of Current Pharmaceutical Research*, Vol. 6, 2014, pp. 34–40.
- [Tavaré, 1986] Tavaré, S., “Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences,” *Lectures on mathematics in the life sciences*, Vol. 17, 1986, pp. 57–86.
- [Thomas *et al.*, 2015] Thomas, D. C., Chatrou, L. W., Stull, G. W., Johnson, D. M., Harris, D. J., Thongpaiboj, U. S. and Saunders, R. M., “The historical origins of palaeotropical intercontinental disjunctions in the pantropical flowering plant family Annonaceae,” *Perspectives in plant ecology, evolution and systematics*, Vol. 17, 2015, pp. 1–16.
- [Thompson *et al.*, 1994] Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J., “CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice,” *Nucleic acids research*, Vol. 22, 1994, pp. 4673–4680.
- [Thongpaiboj, 2008] Thongpaiboj, U. S. *Taxonomy and molecular phylogeny of Artabotrys R. Brown and palynology of tribe Unoneae (Annonaceae) in Thailand* Ph.D. Thesis, Chiang Mai University, 2008.
- [Turner, 2018] Turner, I. M., “Annonaceae of the Asia-Pacific region: names, types and distributions,” *Gardens’ Bulletin Singapore*, Vol. 70, 2018, pp. 409–744.
- [Turner and Utteridge, 2015] Turner, I. M. and Utteridge, T. M. A., “*Artabotrys byrsophyllus* and *A. tipuliferus* spp. nov. (Annonaceae) from Peninsular Malaysia and Thailand,” *Nordic Journal of Botany*, Vol. 33, 2015, pp. 562–566.

- [Wang *et al.*, 2012] Wang, J., Thomas, D. C., Su, Y. C. F., Meinke, S., Chatrou, L. W. and Saunders, R. M. K., "A plastid DNA phylogeny of *Dasymaschalon* (Annonaceae) and allied genera: evidence for generic non-monophyly and the parallel evolutionary loss of inner petals," *Taxon*, Vol. 61, 2012, pp. 545–558.
- [Wiens, 1998] Wiens, J. J., "Combining data sets with different phylogenetic histories," *Systematic Biology*, Vol. 47, 1998, pp. 568–581.
- [Wolfe and Sharp, 1988] Wolfe, K. H. and Sharp, P. M., "Identification of functional open reading frames in chloroplast genomes," *Gene*, Vol. 66, 1988, pp. 215–222.
- [Wolfe *et al.*, 1987] Wolfe, K. H., Li, W. H. and Sharp, P. M., "Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs," *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, Vol. 84, 1987, pp. 9054–9058.
- [Xue *et al.*, 2012] Xue, B., Su, Y. C. F., Thomas, D. C. and Saunders, R. M. K., "Pruning the polyphyletic genus *Polyalthia* (Annonaceae) and resurrecting the genus *Monoon*," *Axon*, Vol. 61, 2012, pp. 1021–1039.
- [Xue *et al.*, 2016] Xue, B., Tan, Y. H. and Ye, X. E., "The identity of *Polyalthia florulenta* (Annonaceae): a second species of *Wangia* in China," *Phytotaxa*, Vol. 283, 2016, pp. 163–171.
- [Xue *et al.*, 2018] Xue, B., Tan, Y. H., Thomas, D. C., Chaowasku, T., Hou, X. L. and Saunders, R. M. K., "A new Annonaceae genus, *Wuodendron*, provides support for a post-boreotropical origin of the Asian-Neotropical disjunction in the tribe Miliuseae," *Taxon*, Vol. 67, 2018, pp. 250–266.
- [Xue *et al.*, 2014] Xue, B., Thomas, D. C., Chaowasku, T., Johnson, D. M. and Saunders R. M. K., "Molecular phylogenetic support for the taxonomic merger of *Fitzalania* and *Meiogyne* (Annonaceae): new nomenclatural combinations under the conserved name *Meiogyne*," *Systematic Botany*, Vol. 39, 2014, pp. 396–404.

- [Yang and Rannala, 1997] Yang, Z. and Rannala, B., “Bayesian phylogenetic inference using DNA sequences: A Markov Chain Monte Carlo method,” *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 14, 1997, pp. 717–724.
- [Zhou *et al.*, 2009] Zhou, L., Su, Y. C. F. and Saunders, R. M. K., “Molecular phylogenetic support for a broader delimitation of *Uvaria* (Annonaceae), inclusive of *Anomianthus*, *Cyathostemma*, *Ellipeia*, *Ellipeiopsis* and *Rauwenhoffia*,” *Systematics and Biodiversity*, Vol. 7, 2009, pp. 249–258.
- [Zhou *et al.*, 2010] Zhou, L., Su, Y. C. F., Chalermglin, P. and Saunders, R. M. K., “Molecular phylogenetics of *Uvaria* (Annonaceae): relationships with *Balonga*, *Dasoclema* and Australian species of *Melodorum*,” *Botanical Journal of the Linnean Society*, Vol. 163, 2010, pp. 33–43.



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved



ภาคผนวก ก

ตัวอย่างพีชสำหรับการศึกษาพัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้

ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
1	<i>Artabotrys blumei</i> Hook.f. & Thomson	ฮ่องกง	<i>Thomas</i> 11-544 (HKU)	KM924839	KM924869	KM924909	KM924937	KM924970
2	<i>Artabotrys carnosipetalus</i> Jessup	ออสเตรเลีย	<i>Sankowsky</i> 3196 (BRI)	KM924835	KM924865	KM924905	KM924933	KM924966
3	<i>Artabotrys crassifolius</i> Hook.f. & Thomson	มาเลเซีย	<i>Teo</i> 843 (L)	KM924836	KM924866	KM924906	KM924934	KM924967
4	<i>Artabotrys gracilis</i> King	อินโดนีเซีย	<i>Puglisi</i> 262 (HKU)	KM924837	KM924867	KM924907	KM924935	KM924968
5	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [1]	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku</i> 81 (CMUB)	MW057938	MW057956	MW057992	MW058010	MW057974
6	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [2]	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku</i> 193a (CMUB)	MW057946	MW057964	MW058000	MW058018	MW057982

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
7	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [3]	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku 203</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
8	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [4]	ประเทศไทย (ฉะเชิงเทรา)	<i>Keßler et al.</i> <i>3213 (L)</i>	KM924838	KM924868	KM924908	KM924936	KM924969
9	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [5]	ประเทศไทย (ฉะเชิงเทรา)	<i>Rodphitak 1</i> (CMUB)	MW057953	MW057971	MW058007	MW058025	MW057989
10	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [1]	ปลูกเลี้ยง	<i>94GR01614 (U)</i>	AY238962	EF179284	AY238953	AY231286	AY841429
11	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [2]	ปลูกเลี้ยง	<i>Chaowasku 194</i> (CMUB)	MW057939	MW057957	MW057993	MW058011	MW057975
12	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [3]	ปลูกเลี้ยง	<i>Chaowasku 163</i> (CMUB)	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
13	<i>Artabotrys longipetalus</i> J.Chen & Eiadthong [1]	ประเทศไทย (นครศรี- ธรรมราช)	<i>Aongyong 18</i> (CMUB)	MW057950	MW057968	MW058004	MW058022	MW057986
14	<i>Artabotrys longipetalus</i> J.Chen & Eiadthong [2]	ประเทศไทย (นครศรี- ธรรมราช)	<i>Aongyong 17</i> (CMUB)	MW057940	MW057958	MW057994	MW058012	MW057976
15	<i>Artabotrys longistigmatus</i> Nurainas	อินโดนีเซีย	<i>Puglisi 194</i> (HKU)	KM924840	KM924870	KM924910	KM924938	KM924971
16	<i>Artabotrys cf. multiflorus</i> C.E.C.Fisch.	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Aongyong 16</i> (CMUB)	MW057941	MW057959	MW057995	MW058013	MW057977
17	<i>Artabotrys oblanceolatus</i> Craib	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku 195</i> (CMUB)	MW057943	MW057961	MW057997	MW058015	MW057979

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
18	<i>Artabotrys pierreanus</i> Engl. & Diels	กาบอง	<i>Wieringa 6132</i> (WAG)	KM924843	KM924874	KM924913	KM924942	KM924975
19	<i>Artabotrys punctulatus</i> C.Y.Wu ex S.H.Yuan	ประเทศไทย (เชียงใหม่)	<i>Chaowasku 196</i> (CMUB)	MW057955	MW057973	MW058009	MW058027	MW057991
20	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [1]	ประเทศไทย (เพชรบุรี)	<i>Kaitongsuk SK</i> 226 (BKF)	MW057954	MW057972	MW058008	MW058026	MW057990
21	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [2]	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Damthongdee</i> AD 3 (BKF)	MW057948	MW057966	MW058002	MW058020	MW057984
22	<i>Artabotrys</i> sp. 1	ปาปัวนิวกินี	<i>BRC & Weiblen</i> <i>WP5B1081</i> (BRC)	KM924844	KM924875	KM924914	KM924943	KM924976

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
23	<i>Artabotrys</i> sp. 2	อินโดนีเซีย	<i>Puglisi 164</i> (HKU)	KM924845	KM924876	KM924915	KM924944	KM924977
24	<i>Artabotrys</i> sp. 3	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Damthongdee</i> <i>AD 9 (BKF)</i>	MW057949	MW057967	MW058003	MW058021	MW057985
25	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [1]	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku 200</i> (CMUB)	MW057952	MW057970	MW058006	MW058024	MW057988
26	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [2]	ประเทศไทย (เชียงราย)	<i>Chaowasku 199</i> (CMUB)	MW057944	MW057962	MW057998	MW058016	MW057980
27	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [3]	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku 205</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
28	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [4]	ประเทศไทย (เลย)	<i>Chaowasku 204</i> (CMUB)	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
29	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [5]	ประเทศไทย (ขอนแก่น)	<i>Chaowasku 206</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
30	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [6]	ประเทศไทย (ชัยภูมิ)	<i>Chaowasku 198</i> (CMUB)	MW057945	MW057963	MW057999	MW058017	MW057981
31	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [7]	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku 207</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
32	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [8]	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku 208</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
33	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [9]	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku 209</i> (CMUB)	***	***	***	***	***
34	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [10]	ประเทศไทย (นครราชสีมา)	<i>Chaowasku 197</i> (CMUB)	MW057947	MW057965	MW058001	MW058019	MW057983

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
35	<i>Artabotrys stolzii</i> Diels	แทนซาเนีย	<i>Couvreur 72</i> (WAG)	KM924846	KM924877	KM924916	KM924945	KM924978
36	<i>Artabotrys suaveolens</i> (Blume) Blume	ประเทศไทย (ปลูกเลี้ยง)	<i>Chaowasku 201</i> (CMUB)	MW057942	MW057960	MW057996	MW058014	MW057978
37	<i>Artabotrys uniflorus</i> (Griff.) Craib	ประเทศไทย (ชุมพร)	<i>Kaewjaroay 1</i> (CMUB)	MW057951	MW057969	MW058005	MW058023	MW057987
38	<i>Letestudoxa bella</i> Pellegr.	กาบอง	<i>Wieringa 2797</i> (WAG)	DQ125059	EF179302	AY841629	AY841707	DQ125128
39	<i>Pseudartabotrys letestui</i> Pellegr.	กาบอง	<i>Wieringa 3273</i> (WAG)	DQ125061	EF179307	AY841650	AY841728	DQ125131

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ก ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส				
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
40	<i>Xylopia maccreae</i> (F.Muell.) L.S.Sm.	ออสเตรเลีย	<i>Sankowsky 3148</i> (BRI)	KM924860	KM924900	KM924928	KM924961	KM924998
41	<i>Xylopia vielana</i> Pierre	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 530725 (HKU)	KM924863	KM924903	KM924931	KM924964	KM925001

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank



ภาคผนวก ข

ตัวอย่างพีชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้
ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติกและนิวเคลียส

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
1	<i>Artabotrys aurantiacus</i> Engl. & Diels	สาธารณรัฐ ประชาธิปไตย คองโก	<i>Boyekoli Ebale</i> <i>Congo 2010</i> <i>Expedition 433</i> (BR)	MN207313	MN213181	MN207409	MN207360
2	<i>Artabotrys blumei</i> Hook.f. & Thomson	ฮ่องกง	<i>Chen 63</i> (HKU)	MN207314	MN213182	---	MN207361
3	<i>Artabotrys brachypetalus</i> Benth.	ซิมบับเว	<i>Maesen & Maroyi</i> <i>8564</i> (WAG)	MN207315	MN213183	MN207410	MN207362
4	<i>Artabotrys brevipes</i> Craib	ประเทศไทย	<i>Chen &</i> <i>Chalermglin 12</i> (HKU)	MN207316	MN213184	MN207411	MN207363
5	<i>Artabotrys byrsophyllus</i> I.M.Turner & Utteridge	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> <i>580117-2</i> (HKU)	MN207317	MN213185	MN207412	MN207364
6	<i>Artabotrys carnosipetalus</i> Jessup	ออสเตรเลีย	<i>Sankowsky 3196</i> (BRI)	KM924835	KM924865	KM924933	KM924966

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
7	<i>Artabotrys caudatus</i> Wall. ex Hook.f. & Thomson	ภูฏาน	Grierson & Long 3736 (E)	MN207318	MN213186	MN207413	MN207365
8	<i>Artabotrys congolensis</i> De Wild. & T.Durand	แกมเบอรูน	Chen et al. 25 (HKU)	MN207319	MN213187	MN207414	MN207366
9	<i>Artabotrys costatus</i> King	สิงคโปร์	Chen et al. 17 (SING)	MN207320	MN213188	MN207415	MN207367
10	<i>Artabotrys crassifolius</i> Hook.f. & Thomson	สิงคโปร์	Yeoh 13 (SING)	MN207321	MN213189	MN207416	MN207368
11	<i>Artabotrys darainensis</i> Derooin & L.Gaut.	มาดากัสการ์	Nusbaumer LN 903 (G)	---	MN213190	---	MN207369
12	<i>Artabotrys gracilis</i> King	มาเลเซีย	Couvreux et al. TC 828 (SAN, P)	MN207322	MN213191	MN207417	MN207370

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
13	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [1] (= <i>Artabotrys harmandii</i> [5] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (ฉะเชิงเทรา)	<i>Rodphitak 1</i> (CMUB)	MW057953	MW057971	MW058025	MW057989
14	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [2] (= <i>Artabotrys harmandii</i> [2] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku 193a</i> (CMUB)	MW057946	MW057964	MW058018	MW057982
15	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [1]	ปลูกเลี้ยง ฮ่องกง	<i>Chen 64</i> (HKU)	MN207323	MN213192	MN207418	MN207371
16	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [2] (= <i>Artabotrys hexapetalus</i> [2] ใน ภาคผนวก ก)	ปลูกเลี้ยง ประเทศไทย	<i>Chaowasku 194</i> (CMUB)	MW057939	MW057957	MW058011	MW057975
17	<i>Artabotrys hildebrandtii</i> O.Hoffm.	มาดากัสการ์	<i>Gautier & Chatelain LG 2749</i> (G)	MN207324	MN213193	MN207419	MN207372

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
18	<i>Artabotrys hirtipes</i> Ridl.	บรูไน	<i>Chen 44</i> (HKU, BRUN)	MN207325	MN213194	MN207420	MN207373
19	<i>Artabotrys insignis</i> Engl. & Diels	แกเมอรูน	<i>Chen & Ayol 29</i> (HKU)	MN207326	MN213195	MN207421	MN207374
20	<i>Artabotrys jollyanus</i> Pierre	ไลบีเรีย	<i>Jongkind et al.</i> 9279 (WAG)	MN207327	MN213196	MN207422	MN207375
21	<i>Artabotrys kinabaluensis</i> I.M.Turner	มาเลเซีย (ซาบะฮ์)	<i>Clemens &</i> <i>Clemens 28697</i> (L, A)	MN207328	MN213197	MN207423	MN207376
22	<i>Artabotrys likimensis</i> De Wild.	สาธารณรัฐ ประชาธิปไตย คองโก	<i>Boyekoli Ebale</i> <i>Congo 2010</i> <i>Expedition 1101</i> (BR)	MN207329	MN213198	MN207424	MN207377

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
23	<i>Artabotrys longipetalus</i> J.Chen & Eiadthong (= <i>Artabotrys longipetalus</i> [1] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (นครศรีธรรมราช)	<i>Aongyong 18</i> (CMUB)	MW057950	MW057968	MW058022	MW057986
24	<i>Artabotrys mabifolius</i> Diels	มาดากัสการ์	<i>Nusbaumer & Ranirison LN 1668</i> (G)	MN207330	MN213199	MN207425	MN207378
25	<i>Artabotrys macropodus</i> I.M.Turner	อินโดนีเซีย (กาลิมันตัน)	<i>Sidiyasa et al. Berau 1254 (L)</i>	MN207331	MN213200	MN207426	MN207379
26	<i>Artabotrys madagascariensis</i> Miq.	มาดากัสการ์	<i>Hanitrarivo et al. HRM 100 (G)</i>	MN207332	MN213201	MN207427	MN207380
27	<i>Artabotrys maingayi</i> Hook.f. & Thomson	สิงคโปร์	<i>Thomas DCT 1005</i> (SING)	MN207333	MN213202	MN207428	MN207381
28	<i>Artabotrys manoranjani</i> M. V. Ramana, J. Swamy & K. C. Mohan	อินเดีย	<i>Ramana BSI-DC 002965 (CAL)</i>	---	MN213203	---	MN207382

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
29	<i>Artabotrys modestus</i> Diels	แทนซาเนีย	<i>Couvreur TC 23</i> (WAG)	KM924841	KM924872	KM924940	KM924973
30	<i>Artabotrys monteiroae</i> Oliv.	แทนซาเนีย	<i>Couvreur TC 80</i> (WAG)	KM924842	KM924873	KM924941	KM924974
31	<i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i> (= <i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i> ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Aongyong 16</i> (CMUB)	MW057941	MW057959	MW058013	MW057977
32	<i>Artabotrys oblanceolatus</i> Craib	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580209 (HKU)	MN207335	MN213205	MN207430	MN207384
33	<i>Artabotrys ochropetalus</i> I.M.Turner	มาเลเซีย (ซาบะฮ์)	<i>Gregson &</i> <i>Bernadus Bala Ola</i> 72 (K)	MN207336	MN213206	MN207431	MN207385
34	<i>Artabotrys oliganthus</i> Engl. & Diels	กินี	<i>Haba & Bilivogui</i> 43 (WAG)	MN207337	MN213207	MN207432	MN207386

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
35	<i>Artabotrys pierreanus</i> Engl. & Diels	แกเมอรูน	<i>van Andel 4128</i> (WAG)	MN207338	MN213208	MN207433	MN207387
36	<i>Artabotrys pilosus</i> Merr. & Chun	จีน (ไห่หนาน)	<i>Lau 26357</i> (A)	MN207339	MN213209	MN207434	MN207388
37	<i>Artabotrys pleurocarpus</i> Maingay ex Hook.f. & Thomson	มาเลเซีย	<i>Teo KL 3471</i> (L)	MN207340	MN213210	MN207435	MN207389
38	<i>Artabotrys polygynus</i> Miq.	บรูไน	<i>Chen & Kalat 58</i> (HKU, BRUN)	MN207341	MN213211	MN207436	MN207390
39	<i>Artabotrys punctulatus</i> C.Y.Wu ex S.H.Yuan	ประเทศไทย	<i>Chen & Chalermglin 1</i> (HKU)	MN207342	MN213212	MN207437	MN207391
40	<i>Artabotrys roseus</i> Boerl.	บรูไน	<i>Chen & Azlan 50</i> (HKU, BRUN)	MN207343	MN213213	MN207438	MN207392
41	<i>Artabotrys rufus</i> De Wild.	กาบอง	<i>Couvreux TC 854</i> (WAG)	MN207344	MN213214	MN207439	MN207393

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
42	<i>Artabotrys scortechinii</i> King	สิงคโปร์	Chen et al. 19 (SING)	MN207345	MN213215	MN207440	MN207394
43	<i>Artabotrys scytophyllus</i> (Diels) Cavaco & Keraudren	มาดากัสการ์	Phillipson et al. 4068 (WAG)	MN207346	MN213216	MN207441	MN207395
44	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [1] (= <i>Artabotrys siamensis</i> [1] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (เพชรบุรี)	Kaitongsuk SK 226 (BKF)	MW057954	MW057972	MW058026	MW057990
45	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [2]	ประเทศไทย	Chen & Chalermglin 5 (HKU)	MN207347	MN213217	MN207442	MN207396
46	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [3] (= <i>Artabotrys siamensis</i> [2] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	Damthongdee AD 3 (BKF)	MW057948	MW057966	MW058020	MW057984

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
47	<i>Artabotrys</i> sp. 1 (= <i>Artabotrys</i> sp. 3 ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Damthongdee AD 9</i> (BKF)	MW057949	MW057967	MW058021	MW057985
48	<i>Artabotrys</i> sp. 2	ปาปัวนิวกินี	<i>BRC & Weiblen</i> <i>WP5B1081</i> (BRC)	KM924844	KM924875	KM924943	KM924976
49	<i>Artabotrys</i> sp. 3	ปาปัวนิวกินี (โมโรเบ)	<i>Takeuchi & Ama</i> <i>16279</i> (A)	MN207348	MN213218	MN207443	MN207397
50	<i>Artabotrys spathulatus</i> J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> <i>580315</i> (HKU)	MN207349	MN213219	MN207444	MN207398
51	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [1] (= <i>Artabotrys spinosus</i> [1] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (อุบลราชธานี)	<i>Chaowasku 200</i> (CMUB)	MW057952	MW057970	MW058024	MW057988
52	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [2] (= <i>Artabotrys spinosus</i> [10] ใน ภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (นครราชสีมา)	<i>Chaowasku 197</i> (CMUB)	MW057947	MW057965	MW058019	MW057983

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
53	<i>Artabotrys stenopetalus</i> Engl. & Diels	กินี	<i>Haba et al. 132</i> (WAG)	MN207351	MN213221	MN207446	MN207400
54	<i>Artabotrys suaveolens</i> (Blume) Blume	สิงคโปร์	<i>Chen et al. 18</i> (SING)	MN207352	MN213222	MN207447	MN207401
55	<i>Artabotrys tanaosriensis</i> J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580214 (BKF, HKU)	MN207353	MN213223	MN207448	MN207402
56	<i>Artabotrys thomsonii</i> Oliv.	แกเมอรูน	<i>Chen et al. 23</i> (HKU)	MN207354	MN213224	MN207449	MN207403
57	<i>Artabotrys uniflorus</i> (Griff.) Craib	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580418 (HKU)	MN207355	MN213225	MN207450	MN207404
58	<i>Artabotrys velutinus</i> Scott-Elliot	สาธารณรัฐ แอฟริกากลาง	<i>Harris 5065</i> (E)	KM924848	KM924879	KM924947	KM924980

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-1 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติด)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บตัวอย่าง	หมายเลขตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส			
				<i>matK</i>	<i>ndhF</i>	<i>trnL-trnF</i>	<i>psbA-trnH</i>
59	<i>Artabotrys venustus</i> King	ประเทศไทย	<i>Leeratiwong 17-950</i> (HKU)	MN207356	MN213226	MN207451	MN207405
60	<i>Artabotrys vidalianus</i> Elmer	ฟิลิปปินส์ (ปาลาวัน)	<i>Soejarto & Madulid 6068</i> (A)	MN207357	MN213227	MN207452	MN207406
61	<i>Artabotrys zeylanicus</i> Hook.f. & Thomson	ศรีลังกา	<i>Ratnayake 201601</i> (PDA)	MN207358	MN213228	MN207453	MN207407

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
1	<i>Artabotrys aurantiacus</i> Engl. & Diels	คลองโก	<i>Boyekoli Ebale</i> <i>Congo 2010</i> <i>Expedition 433</i> (BR)	MN 213288	MN 257284	MN 231410	MN 257204	MN 218470	MN 257244	MN 231303	MN 213230
2	<i>Artabotrys blumei</i> Hook.f. & Thomson	ฮ่องกง	<i>Chen 63</i> (HKU)	MN 213289	MN 257285	MN 231411	MN 257205	MN 218471	MN 257245	MN 231304	MN 213231
3	<i>Artabotrys brachypetalus</i> Benth.	ชิมบับเว	<i>Maesen &</i> <i>Maroyi 8564</i> (WAG)	MN 213290	MN 257286	MN 231412	MN 257206	MN 218472	MN 257246	MN 231305	MN 213232
4	<i>Artabotrys brevipes</i> Craib	ประเทศไทย	<i>Chen &</i> <i>Chalermglin 12</i> (HKU)	MN 213291	MN 257287	MN 231413	MN 257207	MN 218473	MN 257247	MN 231306	MN 213233

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
5	<i>Artabotrys byrsophyllus</i> I.M.Turner & Utteridge	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580117-2 (HKU)	MN 213292	MN 257288	MN 231414	MN 257208	MN 218474	MN 257248	MN 231307	MN 213234
6	<i>Artabotrys</i> <i>carnosipetalus</i> Jessup	ออสเตรเลีย	<i>Sankowsky</i> 3196 (BRI)	MN 213293	MN 257289	MN 231415	MN 257209	MN 218475	MN 257249	MN 231308	MN 213235
7	<i>Artabotrys caudatus</i> Wall. ex Hook.f. & Thomson	ภูฏาน	<i>Grierson &</i> <i>Long</i> 3736 (E)	MN 213294	MN 257290	MN 231416	--- ---	MN 218476	MN 257250	MN 231309	MN 213236
8	<i>Artabotrys congolensis</i> De Wild. & T.Durand	แอฟริกา	<i>Chen et al.</i> 25 (HKU)	MN 213295	MN 257291	MN 231417	MN 257210	MN 218477	MN 257251	MN 231310	MN 213237
9	<i>Artabotrys costatus</i> King	สิงคโปร์	<i>Chen et al.</i> 17 (SING)	MN 213296	MN 257292	MN 231418	MN 257211	MN 218478	MN 257252	MN 231311	MN 213238

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
10	<i>Artabotrys crassifolius</i> Hook.f. & Thomson	สิงคโปร์	<i>Yeoh 13</i> (SING)	MN 213297	MN 257293	MN 231419	MN 257212	MN 218479	MN 257253	MN 231312	MN 213239
11	<i>Artabotrys darainensis</i> Deroin & L.Gaut.	มาดากัสการ์	<i>Nusbaumer LN</i> 903 (G)	MN 213298	MN 257294	---	---	MN 218480	MN 257254	MN 231313	MN 213240
12	<i>Artabotrys gracilis</i> King	มาเลเซีย	<i>Couvreux et al.</i> <i>TC 828</i> (SAN, P)	MN 213299	MN 257295	MN 231420	MN 257213	MN 218481	---	MN 231314	MN 213241
13	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [1] (= <i>Artabotrys harmandii</i> [5] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (ฉะเชิงเทรา)	<i>Rodphitak 1</i> (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
14	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep. [2] (= <i>Artabotrys harmandii</i> [2] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (ศรีสะเกษ)	<i>Chaowasku</i> 193a (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***
15	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [1]	ปลูกเลี้ยง ฮ่องกง	<i>Chen 64</i> (HKU)	MN 213300	MN 257296	MN 231421	MN 257214	MN 218482	MN 257255	MN 231315	MN 213242
16	<i>Artabotrys hexapetalus</i> (L.f.) Bhandari [2] (= <i>Artabotrys hexapetalus</i> [2] ในภาคผนวก ก)	ปลูกเลี้ยง ประเทศไทย	<i>Chaowasku</i> 194 (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***
17	<i>Artabotrys</i> <i>hildebrandtii</i> O.Hoffm.	มาดากัสการ์	<i>Gautier &</i> <i>Chatelain LG</i> 2749 (G)	MN 213301	MN 257297	---	---	MN 218483	MN 257256	MN 231316	MN 213243

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสมิดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
18	<i>Artabotrys hirtipes</i> Ridl.	บรูไน	<i>Chen 44</i> (HKU, BRUN)	MN 213302	MN 257298	MN 231422	MN 257215	MN 218484	MN 257257	MN 231317	MN 213244
19	<i>Artabotrys insignis</i> Engl. & Diels	แคเมอรูน	<i>Chen & Ayol</i> 29 (HKU)	MN 213303	MN 257299	MN 231423	MN 257216	MN 218485	MN 257258	MN 231318	MN 213245
20	<i>Artabotrys jollyanus</i> Pierre	ไลบีเรีย	<i>Jongkind et al.</i> 9279 (WAG)	MN 213304	---	---	---	MN 218486	---	MN 231319	MN 213246
21	<i>Artabotrys kinabaluensis</i> I.M.Turner	มาเลเซีย (ซาบะฮ์)	<i>Clemens &</i> <i>Clemens 28697</i> (L, A)	MN 213305	MN 257300	---	---	MN 218487	---	MN 231320	MN 213247
22	<i>Artabotrys likimensis</i> De Wild.	สาธารณรัฐ ประชาธิปไตย คองโก	<i>Boyekoli Ebale</i> <i>Congo 2010</i> <i>Expedition</i> 1101 (BR)	MN 213306	MN 257301	MN 231424	MN 257217	MN 218488	MN 257259	MN 231321	MN 213248

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
23	<i>Artabotrys longipetalus</i> J.Chen & Eiadthong (= <i>Artabotrys longipetalus</i> ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (นครศรี- ธรรมราช)	<i>Aongyong 18</i> (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***
24	<i>Artabotrys mabifolius</i> Diels	มาดากัสการ์	<i>Nusbaumer & Ranirison LN</i> 1668 (G)	MN 213307	MN 257302	---	MN 257218	MN 218489	---	MN 231322	MN 213249
25	<i>Artabotrys macropodus</i> I.M.Turner	อินโดนีเซีย (กาลิมันตัน)	<i>Sidiyasa et al.</i> <i>Berau 1254 (L)</i>	MN 213308	MN 257303	---	---	MN 218490	---	---	MN 213250
26	<i>Artabotrys</i> <i>madagascariensis</i> Miq.	มาดากัสการ์	<i>Hanitrarivo et</i> <i>al. HRM 100</i> (G)	MN 213309	MN 257304	---	MN 257219	MN 218491	---	MN 231323	MN 213251

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
27	<i>Artabotrys maingayi</i> Hook.f. & Thomson	สิงคโปร์	<i>Thomas DCT</i> 1005 (SING)	MN 213310	MN 257305	MN 231425	MN 257220	MN 218492	MN 257260	MN 231324	MN 213252
28	<i>Artabotrys manoranjani</i> M. V. Ramana, J. Swamy & K. C. Mohan	อินเดีย	<i>Ramana BSI-</i> <i>DC 002965</i> (CAL)	MN 213311	MN 257306	---	---	MN 218493	---	---	MN 213253
29	<i>Artabotrys modestus</i> Diels	แทนซาเนีย	<i>Couvreur TC</i> 23 (WAG)	MN 213312	MN 257307	MN 231426	MN 257221	MN 218494	MN 257261	MN 231325	MN 213254
30	<i>Artabotrys monteiroae</i> Oliv.	แทนซาเนีย	<i>Couvreur TC</i> 80 (WAG)	MN 213313	MN 257308	MN 231427	MN 257222	---	MN 257262	MN 231326	MN 213255
31	<i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i> (= <i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i> ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	Aongyong 16 (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
32	<i>Artabotrys oblanceolatus</i> Craib	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580209 (HKU)	MN 213315	MN 257310	MN 231429	MN 257224	MN 218496	MN 257264	MN 231328	MN 213257
33	<i>Artabotrys ochropetalus</i> I.M.Turner	มาเลเซีย (ซาบะฮ์)	<i>Gregson &</i> <i>Bernadus Bala</i> <i>Ola 72 (K)</i>	MN 213316	MN 257311	MN 231430	MN 257225	MN 218497	MN 257265	MN 231329	MN 213258
34	<i>Artabotrys oliganthus</i> Engl. & Diels	กินี	<i>Haba &</i> <i>Bilivogui 43</i> (WAG)	MN 213317	MN 257312	---	MN 257226	MN 218498	---	MN 231330	MN 213259
35	<i>Artabotrys pierreanus</i> Engl. & Diels	แคเมอรูน	<i>Andel 4128</i> (WAG)	MN 213318	MN 257313	MN 231431	MN 257227	MN 218499	MN 257266	MN 231331	MN 213260
36	<i>Artabotrys pilosus</i> Merr. & Chun	จีน (ไห่หนาน)	<i>Lau 26357 (A)</i>	MN 213319	---	---	---	MN 218500	---	---	MN 213261

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
37	<i>Artabotrys pleurocarpus</i> Maingay ex Hook.f. & Thomson	มาเลเซีย	<i>Teo KL 3471</i> (L)	MN 213320	MN 257314	---	---	MN 218501	MN 257267	MN 231332	MN 213262
38	<i>Artabotrys polygynus</i> Miq.	บรูไน	<i>Chen & Kalat</i> 58 (HKU, BRUN)	MN 213321	MN 257315	MN 231432	MN 257228	MN 218502	MN 257268	MN 231333	MN 213263
39	<i>Artabotrys punctulatus</i> C.Y.Wu ex S.H.Yuan	ประเทศไทย	<i>Chen & Chalermglin 1</i> (HKU)	MN 213322	MN 257316	MN 231433	MN 257229	MN 218503	MN 257269	MN 231334	MN 213264
40	<i>Artabotrys roseus</i> Boerl.	บรูไน	<i>Chen & Azlan</i> 50 (HKU, BRUN)	MN 213323	MN 257317	MN 231434	---	MN 218504	MN 257270	MN 231335	MN 213265

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
41	<i>Artabotrys rufus</i> De Wild.	กาบอง	<i>Couvreux TC</i> 854 (WAG)	MN 213324	MN 257318	MN 231435	MN 257230	MN 218505	MN 257271	MN 231336	MN 213266
42	<i>Artabotrys scortechinii</i> King	สิงคโปร์	<i>Chen et al. 19</i> (SING)	MN 213325	MN 257319	MN 231436	---	MN 218506	MN 257272	MN 231337	MN 213267
43	<i>Artabotrys scytophyllus</i> (Diels) Cavaco & Keraudren	มาดากัสการ์	<i>Phillipson et</i> <i>al. 4068</i> (WAG)	MN 213326	MN 257320	---	MN 257231	MN 218507	---	MN 231338	MN 213268
44	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [1] (= <i>Artabotrys siamensis</i> [1] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (เพชรบุรี)	<i>Kaitongsuk SK</i> 226 (BKF)	***	***	***	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
45	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [2]	ประเทศไทย	<i>Chen &</i> <i>Chalermglin 5</i> (HKU)	MN 213327	MN 257321	MN 231437	MN 257232	MN 218508	MN 257273	MN 231339	MN 213269
46	<i>Artabotrys siamensis</i> Miq. [3] (= <i>Artabotrys siamensis</i> [2] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Damthongdee</i> <i>AD 3 (BKF)</i>	***	***	***	***	***	***	***	***
47	<i>Artabotrys</i> sp.1 (= <i>Artabotrys</i> sp.3 ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (กาญจนบุรี)	<i>Damthongdee</i> <i>AD 9 (BKF)</i>	***	***	***	***	***	***	***	***
48	<i>Artabotrys</i> sp. 2	ป่าบ้านนิวกินี	<i>BRC & Weiblen</i> <i>WP5B1081</i> (BRC)	MN 213329	MN 257323	MN 231439	MN 257233	MN 218510	MN 257274	MN 231341	MN 213271

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>ncp</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
49	<i>Artabotrys</i> sp. 3	ป่าป่านิวกินี (โมโรเบ)	<i>Takeuchi &</i> <i>Ama 16279 (A)</i>	MN 213328	MN 257322	MN 231438	---	MN 218509	---	MN 231340	MN 213270
50	<i>Artabotrys spathulatus</i> J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580315 (HKU)	MN 213330	MN 257324	MN 231440	MN 257234	MN 218511	MN 257275	MN 231342	MN 213272
51	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [1] (= <i>Artabotrys spinosus</i> [1] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (อุบล- ราชธานี)	<i>Chaowasku</i> 200 (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***
52	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib [2] (= <i>Artabotrys spinosus</i> [10] ในภาคผนวก ก)	ประเทศไทย (นคร- ราชสีมา)	<i>Chaowasku</i> 197 (CMUB)	***	***	***	***	***	***	***	***

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
53	<i>Artabotrys stenopetalus</i> Engl. & Diels	กีนี	<i>Haba et al. 132</i> (WAG)	MN 213332	MN 257326	---	MN 257236	MN 218513	---	MN 231344	MN 213274
54	<i>Artabotrys suaveolens</i> (Blume) Blume	สิงคโปร์	<i>Chen et al. 18</i> (SING)	MN 213333	MN 257327	MN 231442	MN 257237	MN 218514	MN 257277	MN 231345	MN 213275
55	<i>Artabotrys tanaosriensis</i> J.Chen, Chalermglin & R.M.K.Saunders	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580214 (BKF, HKU)	MN 213334	MN 257328	MN 231443	MN 257238	MN 218515	MN 257278	MN 231346	MN 213276
56	<i>Artabotrys thomsonii</i> Oliv.	แกเมอรูน	<i>Chen et al. 23</i> (HKU)	MN 213335	MN 257329	MN 231444	MN 257239	MN 218516	MN 257279	MN 231347	MN 213277
57	<i>Artabotrys uniflorus</i> (Griff.) Craib	ประเทศไทย	<i>Chalermglin</i> 580418 (HKU)	MN 213336	MN 257330	MN 231445	MN 257240	MN 218517	MN 257280	MN 231348	MN 213278

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank

ภาคผนวก ข-2 ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาวิวัฒนาการชาติพันธุ์โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในพลาสติดและนิวเคลียส (ข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอในนิวเคลียส)

ลำดับ ที่	ชนิด	แหล่งเก็บ ตัวอย่าง	หมายเลข ตัวอย่าง (หอพรรณไม้)	หมายเลข GenBankของแต่ละช่วงลำดับเบส							
				<i>AP3</i>	<i>AT2G</i> 32520	<i>GI</i>	<i>HMGS</i>	<i>LFY</i>	<i>MAG1</i>	<i>nep</i> <i>GS</i>	<i>PHYA</i>
58	<i>Artabotrys velutinus</i> Scott-Elliot	สาธารณรัฐ แอฟริกากลาง	<i>Harris 5065</i> (E)	MN 213337	MN 257331	MN 231446	MN 257241	MN 218518	MN 257281	MN 231349	MN 213279
59	<i>Artabotrys venustus</i> King	ประเทศไทย	<i>Leeratiwong</i> 17-950 (HKU)	MN 213338	MN 257332	MN 231447	MN 257242	MN 218519	MN 257282	MN 231350	MN 213280
60	<i>Artabotrys vidalianus</i> Elmer	ฟิลิปปินส์ (पालาวัน)	<i>Soejarto &</i> <i>Madulid 6068</i> (A)	MN 213339	MN 257333	---	---	MN 218520	---	MN 231351	MN 213281
61	<i>Artabotrys zeylanicus</i> Hook.f. & Thomson	ศรีลังกา	<i>Ratnayake</i> 201601 (PDA)	MN 213340	MN 257334	MN 231448	---	MN 218521	MN 257283	MN 231352	MN 213282

--- หมายถึง ไม่มีลำดับเบสดีเอ็นเอ, *** หมายถึง ลำดับเบสดีเอ็นเอรอส่งเข้าฐานข้อมูล GenBank



ภาคผนวก ค

ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ภาคผนวก ค ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา

ลำดับที่	ตัวอย่าง	แหล่งเก็บตัวอย่าง	ผู้เก็บ	หมายเลข	หอพรรณไม้
1	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ศรีสะเกษ	Chaowasku	193a	CMUB
2	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ศรีสะเกษ	Chaowasku	193b	CMUB
3	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ประเทศลาว	Harmand	1877	P
4	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ฉะเชิงเทรา	Keßler PK	3213	BKF, L
5	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ฉะเชิงเทรา	Rodphitak	1	CMUB
6	<i>Artabotrys harmandii</i> Finet & Gagnep.	ฉะเชิงเทรา	Rodphitak	2	CMUB
7	<i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i>	กาญจนบุรี	Aongyong	16	CMUB
8	<i>Artabotrys</i> cf. <i>multiflorus</i>	กาญจนบุรี	Keßler PK	3227	BKF, L
9	<i>Artabotrys multiflorus</i> C. E. C. Fischer	ประเทศพม่า	Parkinson	5220	E
10	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	นครราชสีมา (แม่น้ำมูล)	Chaowasku	197	CMUB
11	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	อุบลราชธานี (แม่น้ำโขง)	Chaowasku	200	CMUB
12	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	เลย (แม่น้ำโขง)	Chaowasku	204	CMUB
13	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	อุบลราชธานี (แม่น้ำโขง)	Chaowasku	205	CMUB
14	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	อุบลราชธานี (แม่น้ำมูล)	Chaowasku	207	CMUB
15	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	ศรีสะเกษ (แม่น้ำชี)	Chaowasku	208	CMUB

ภาคผนวก ค ตัวอย่างพืชสำหรับการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา

ลำดับที่	ตัวอย่าง	แหล่งเก็บตัวอย่าง	ผู้เก็บ	หมายเลข	หอพรรณไม้
16	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	อุบลราชธานี (แม่น้ำมูล)	<i>Chaowasku</i>	210	CMUB
17	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	มหาสารคาม (แม่น้ำชี)	<i>Chaowasku</i>	211	CMUB
18	<i>Artabotrys spinosus</i> Craib	อุบลราชธานี	<i>Kerr</i>	8338	K

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-นามสกุล	นาย เอกพล โพธิขวัณ
วัน เดือน ปี เกิด	5 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2538
ประวัติการศึกษา	มัธยมศึกษาตอนปลาย โรงเรียนสตรีอ่างทอง ปริญญาตรี การศึกษابัณฑิต สาขาชีววิทยา มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ
ทุนการศึกษา	ระหว่างปีการศึกษา 2561–2562 ได้รับทุนจากโครงการส่งเสริมการผลิตครูที่มี ความสามารถพิเศษทางวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์



มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved