



การใช้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อควบคุมคุณภาพสมุนไพร



เรือนแก้ว ประพฤติ

นักวิทยาศาสตร์ชำนาญการพิเศษ
สถาบันบริการตรวจสอบคุณภาพ
และมาตรฐานผลิตภัณฑ์
มหาวิทยาลัยแม่โจ้

สรรพคุณของพืชสมุนไพรเป็นที่ยอมรับมาตั้งแต่ครั้ง
อดีตกาล ปัจจุบันมีรายงานการศึกษาวิจัยฤทธิ์ของสารสกัด
จากพืชสมุนไพรด้วยวิธีทางวิทยาศาสตร์การแพทย์ซึ่งได้แสดง
ข้อบ่งชี้ถึงสรรพคุณของสมุนไพร อย่างไรก็ตามผู้บริโภคยังม
ีความกังวลใจในเรื่องความปลอดภัยและมาตรฐานการผลิต
เนื่องจากพืชสมุนไพรมีความแตกต่างหลากหลายของสายพันธุ์
บางสายพันธุ์มีลักษณะสัณฐานใกล้เคียงกันมากแต่มีสรรพคุณ
หรือปริมาณสารสำคัญต่างกันและอาจเกิดอันตรายขึ้นได้หาก
ใช้สมุนไพรผิดชนิดเช่น ชนิดที่เป็นพิษซึ่งมีสาเหตุจากความ
สับสนในการแยกชนิดหรือสายพันธุ์ ดังนั้นหากสามารถยืนยัน
ความถูกต้องของสายพันธุ์ได้จะช่วยให้การควบคุมคุณภาพ
ในกระบวนการผลิตมีประสิทธิภาพ สร้างความน่าเชื่อถือและ
ลดข้อกังวลใจของผู้บริโภคได้ บทความนี้จะกล่าวถึงเทคนิค
ทางชีวโมเลกุลที่นำมาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อใช้ยืนยัน
เอกลักษณ์พืชสมุนไพร อันจะนำไปสู่การยกระดับมาตรฐาน
สมุนไพรไทยต่อไป

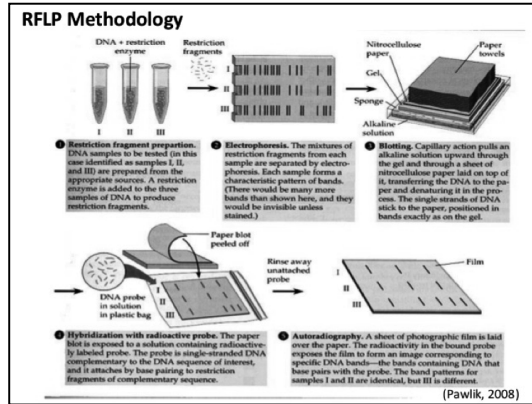
ดีเอ็นเอ หรือ กรดดีออกซีไรโบนิวคลีอิก (DNA;
Deoxyribonucleic acid) เป็นสารพันธุกรรมที่พบมากใน
นิวเคลียส มีหน่วยย่อยเรียกว่านิวคลีโอไทด์ (nucleotide)
ประกอบด้วย น้ำตาลดีออกซีไรโบส หมู่ฟอสเฟสและไนโตร
จีนัสเบส 4 ชนิด ได้แก่ อะดีนีน (Adenine, A), ไทมีน
(Thymine, T), ไซโตซีน (Cytosine, C) และ กัวนีน (Guanine,
G) โครงสร้างโมเลกุลเป็นสายคู่จับกันในทิศทางตรงข้าม
ลักษณะเป็นเกลียวคู่คล้ายบันไดวน (double helix) โดยเบส
A จับกับ T ด้วยพันธะไฮโดรเจนแบบพันธะคู่และเบส C จับกับ
G แบบสามพันธะ ลำดับการเรียงตัวของเบสในสายดีเอ็นเอจะถูก
ใช้เป็นรหัสสำหรับแปลข้อมูลเพื่อควบคุมลักษณะทางจີโนไทป์
และฟีโนไทป์ การแปรรหัสจากลำดับเบสนี้อาจเปรียบได้กับการ

นำตัวอักษรแต่ละตัวมาเรียงต่อกันอย่างถูกต้องก็จะเกิดเป็นคำ
และประโยคที่สมบูรณ์นั่นเอง

ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ คือ แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากรหัสเบส
บนสายดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตหรือพืชที่ศึกษา เนื่องจากพืช
แต่ละชนิดแต่ละสายพันธุ์มีการเรียงตัวลำดับเบสไม่ซ้ำแบบกัน
และมีเอกลักษณ์เฉพาะคล้ายกับรหัสบาร์โค้ดของสินค้า ดังนั้น
เราจึงใช้คุณสมบัตินี้มาสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อเป็นเครื่องมือ
สำหรับระบุชนิดของพืช วิธีการทำสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ใช้
กันแพร่หลายมี 3 วิธีได้แก่

1. วิธี Hybridization Based Method

วิธีนี้ใช้นิวคลีโอไทด์เบสสายสั้นๆเรียกว่าตัวตรวจสอบ
(probe) ที่ติดฉลากด้วยสารรังสี ตัวตรวจสอบนี้สามารถจับ
กับดีเอ็นเอเป้าหมายตรงบริเวณที่มีลำดับเบสที่เป็นคู่สมกัน
(complementary) เมื่อถูกกระตุ้นด้วยรังสี ชั้นดีเอ็นเอที่มีตัว
ตรวจสอบจับอยู่จะเปลี่ยนเป็นแถบสีตามฟิล์มเอกเรย์
เทคนิคการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ใช้หลักการนี้ ได้แก่ RFLP
(Restriction Fragment Length Polymorphisms) มีขั้นตอน
พอสังเขปดังนี้ สกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างพืชให้ได้สารละลาย
ดีเอ็นเอที่มีความบริสุทธิ์ จากนั้นตัดดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัด
จำเพาะ (restriction enzyme) สายดีเอ็นเอถูกตัดออก
เป็นชิ้นๆ มีขนาดแตกต่างกันแยกแถบดีเอ็นเอในแผ่นวุ้นด้วย
เทคนิคเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส ย้ายแถบดีเอ็นเอจากแผ่นเจลลงสู่
แผ่นเมมเบรน ดีเอ็นเอสายคู่ซึ่งติดอยู่บนแผ่นเมมเบรนเมื่อนำไป
แช่ในสายละลายต่างจะแยกเป็นสายเดี่ยวและสามารถจับคู่กับ
ชั้นดีเอ็นเอเป้าหมาย (hybridization) นำแผ่นเมมเบรนไป
ประกบกับฟิล์มเอกเรย์แล้วกระตุ้นด้วยรังสีเอกเรย์จะปรากฏ
เป็นแถบสีดำ ขั้นตอนวิธีทำดังแสดงในภาพที่ 1



ภาพที่ 1 ขั้นตอนการทำเทคนิค RFLP

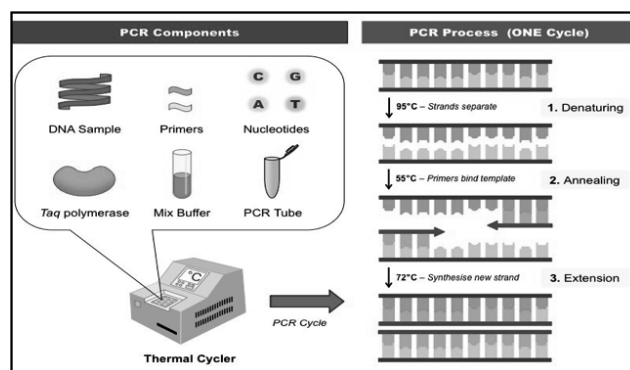
ที่มา : <http://www.slideshare.net/FAOoftheUN/application-of-genetic-analyzer-in-aflp-technique-55686801>

เทคนิค RFLP มีข้อจำกัดคือความไวของวิธีทดสอบค่อนข้างต่ำ (low sensitivity) ใช้ดีเอ็นเอที่มีคุณภาพและปริมาณสูง ซึ่งค่อนข้างทำได้ยากกับตัวอย่างสมุนไพรที่ผ่านการแปรรูปนอกจากนี้แล้วเทคนิคนี้ยังให้ผลการซ้ำไม่คงที่ (low reproducibility) เนื่องจากผลทดสอบขึ้นอยู่กับคุณภาพของดีเอ็นเอและทักษะความชำนาญของผู้ปฏิบัติการทดสอบ

2. วิธี PCR Based Method

PCR หรือ Polymerase Chain Reaction เป็นเทคนิคการเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอโดยอาศัยปฏิกิริยาแบบลูกโซ่ซึ่งเกิดขึ้นในหลอดทดลองต้องใช้เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR thermal cycler) โดยใช้ดีเอ็นเอของตัวอย่างเป็นดีเอ็นเอแม่แบบ ดีเอ็นเอชุดใหม่ที่ถูกจำลองขึ้นนั้นจะมีลำดับนิวคลีโอไทด์เบสเหมือนดีเอ็นเอแม่แบบทุกประการ ยีนหรือบริเวณที่จะถูกเพิ่มปริมาณนั้นขึ้นอยู่กับลำดับเบสของไพรเมอร์ไพรเมอร์ที่นิยมใช้มี 2 ชนิดคือ ไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสแบบสุ่ม (random sequence primer) และไพรเมอร์แบบจำเพาะ (specific primer) วิธี PCR bases method มีขั้นตอนพอสังเขปดังนี้ เตรียมสารเคมีสำหรับปฏิกิริยาพีซีอาร์ ซึ่งมีองค์

ประกอบหลักๆ ได้แก่ ดีเอ็นเอแม่แบบซึ่งสกัดจากสมุนไพรที่ต้องการศึกษา, ไพรเมอร์, เอนไซม์ Taq DNA polymerase, dNTPs, นำมาทำปฏิกิริยาในหลอดทดลองและเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม มีขั้นตอนการทำงาน 3 ขั้นตอนคือ 1) denaturation ดีเอ็นเอแม่แบบถูกทำให้เป็นสายเดี่ยวที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส 2) annealing เป็นการลดอุณหภูมิลงให้อยู่ในช่วง 35-60 องศาเซลเซียสเพื่อให้ไพรเมอร์สามารถจับกับดีเอ็นเอแม่แบบ 3) extension เอนไซม์ Taq DNA polymerase ทำหน้าที่นำนิวคลีโอไทด์เบสแต่ละชนิดมาต่อกับปลาย 3' ของไพรเมอร์ ได้เป็นดีเอ็นเอสายใหม่ซึ่งมีลำดับเบสเป็นคู่สมกับดีเอ็นเอแม่แบบทุกประการ เมื่อปฏิกิริยาดำเนินไปจนครบทั้ง 3 ขั้นตอน เรียกว่า 1 รอบของปฏิกิริยา จำนวนชิ้นส่วนดีเอ็นเอชุดใหม่ที่เกิดขึ้นมีการจำลองตัวแบบทวีคูณ (exponential) หรือจำนวนเท่ากับ 2^n เมื่อ n เป็นจำนวนรอบของการเกิดปฏิกิริยา โดยทั่วไปจะใช้จำนวนรอบของปฏิกิริยาประมาณ 35-45 รอบ สามารถเพิ่มสำเนาของชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้หลายล้านสำเนา เทคนิคการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีการนี้ ได้แก่

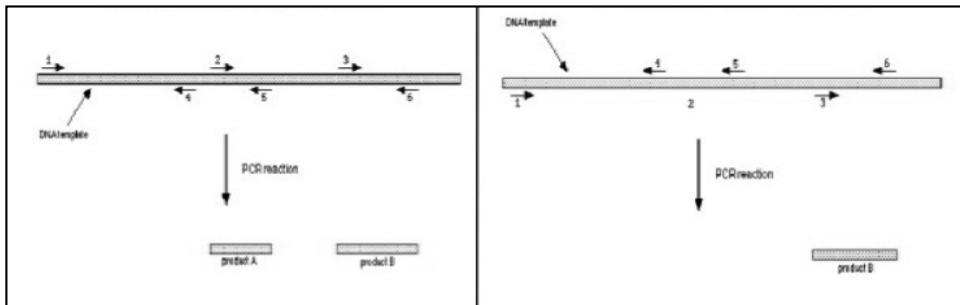


ภาพที่ 2 ขั้นตอนของปฏิกิริยาพีซีอาร์

ที่มา : <http://www.slideshare.net/FAOoftheUN/application-of-genetic-analyzer-in-aflp-technique-55686801>

2.1 เทคนิค Rapid Amplified Polymorphism DNA (RAPD)

เทคนิคนี้อาศัยหลักการเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาแบบลูกโซ่ที่เหมาะสมกับพืชที่ยังไม่ทราบข้อมูลพื้นฐานทางพันธุกรรม ไม่จำเป็นต้องใช้ข้อมูลลำดับเบสเพื่อออกแบบไพรเมอร์ สามารถใช้ไพรเมอร์ที่มีนิวคลีโอไทด์แบบสุ่มจำนวนตั้งแต่ 5-10 เบส การสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่จะเกิดได้ก็ต่อเมื่อไพรเมอร์จับกับดีเอ็นเอแม่แบบในตำแหน่งและทิศทางที่เหมาะสมเท่านั้น จำนวนชิ้นดีเอ็นเอสายใหม่ขึ้นอยู่กับตำแหน่งที่ไพรเมอร์สามารถจับกับดีเอ็นเอแม่แบบ พืชต่าง



ภาพที่ 3 ไพรเมอร์จับกับชิ้นดีเอ็นเอแม่แบบในตำแหน่งและทิศทางที่เหมาะสม

ที่มา : <http://www.slideshare.net/SaramitaDeChakravart/molecular-markers-major-applications-in-insects>

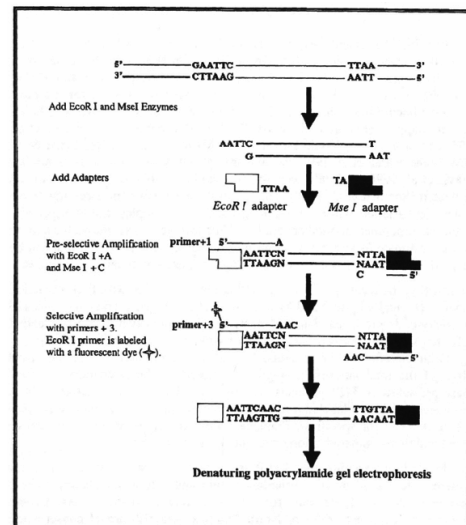
2.2 เทคนิค AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)

เทคนิคนี้เริ่มจากการตัดดีเอ็นเอแม่แบบด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) แล้วนำชิ้นดีเอ็นเอชิ้นมาเชื่อมต่อเข้ากับชิ้นดีเอ็นเออีกชิ้นหนึ่งเรียกว่า adaptor และใช้ไพรเมอร์ 2 ชนิดสำหรับเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาพีซีอาร์ ไพรเมอร์ชนิดแรกใช้เพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอเฉพาะชิ้นดีเอ็นเอที่เป็นเบสคู่สมกับ adaptor เท่านั้น เรียกขั้นตอนนี้ว่า preselective PCR จากนั้นจึงนำผลิตภัณฑ์จากขั้นตอน preselective มาเพิ่มปริมาณอีกครั้งในขั้นตอน selective PCR โดยใช้ไพรเมอร์ชนิดที่ 2 ซึ่งจะออกแบบโดยเพิ่มจำนวนเบสตัดเลือกเข้าไปที่ปลาย 3' จำนวน 1-3 เบส การทำพีซีอาร์ครั้งที่สองนี้จำนวนชิ้นและขนาดของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นอยู่กับบริเวณที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์และบริเวณที่มีเบสตัดเลือกเท่านั้น จากภาพที่ 4 แสดงการตัดดีเอ็นเอแม่แบบด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ EcoR I และ Mse I นำชิ้นดีเอ็นเอชิ้นมาเชื่อมกับชิ้นดีเอ็นเอ adaptor แล้วทำปฏิกิริยา preselective PCR ด้วยไพรเมอร์ที่มีเบสคู่สมกับลำดับเบสของเอนไซม์ตัดจำเพาะใส่เบสตัดเลือกเข้าไปอีกหนึ่งเบสคือ A ส่วนไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสของเอนไซม์ Mse I เพิ่มเบสตัดเลือก C ในขั้นตอน pre selective PCR นี้ชิ้นดีเอ็นเอที่ถูกเพิ่มปริมาณจะมีเพียงชิ้นดีเอ็นเอที่เป็นคู่สมกับลำดับเบสของเอนไซม์และเบสตัดเลือกเท่านั้น ในขั้นตอน

ชนิดกันจะมีลำดับเบสไม่เหมือนกันจึงทำให้ตำแหน่งที่ไพรเมอร์จับมีความแตกต่างกันเป็นผลให้ได้รูปแบบแถบดีเอ็นเอที่แสดงเอกลักษณ์เฉพาะ

ข้อดีของเทคนิค RAPD คือสามารถเพิ่มชิ้นดีเอ็นเอได้จำนวนมาก ไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับเบสเพื่อใช้ออกแบบไพรเมอร์ ไพรเมอร์แบบสุ่มสามารถใช้ได้กับพืชทุกชนิด ใช้ดีเอ็นเอแม่แบบปริมาณน้อย ค่าใช้จ่ายในการวิเคราะห์ที่สูง ขั้นตอนไม่ยุ่งยากซับซ้อน แต่มีข้อด้อยคือความเสถียรของผลการทำซ้ำค่อนข้างต่ำ (low reproducibility)

selective PCR ซึ่งใช้ไพรเมอร์ที่เพิ่มเบสตัดเลือกเข้าไปอีก 3 เบส ไพรเมอร์ที่ใช้หากไม่ติดผลด้วยสารเรืองแสงก็สามารถทำได้โดยย้อมเจลด้วย silver stain การเพิ่มจำนวนเบสตัดเลือกเข้าไปทำให้จำนวนชิ้นดีเอ็นเอมีจำนวนน้อยลงและง่ายต่อการอ่านผล



ภาพที่ 4 ขั้นตอนการทำเทคนิค AFLP

ที่มา : https://www.researchgate.net/figure/228092312_fig1_Figure-1-An-example-of-the-AFLP-procedure-using-one-primer-pair

เทคนิค AFLP แม้จะไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับเบสเพื่อใช้ออกแบบไพรเมอร์เช่นเดียวกับเทคนิค RAPD แต่เทคนิคนี้มีความเสถียรของผลการทำซ้ำสูง (high reproducibility) กว่าเทคนิค RAPD แต่เทคนิค RFLP มีขั้นตอนยุ่งยากซับซ้อน ใช้ระยะเวลาในการทดสอบและมีค่าใช้จ่ายสูง

2.3 เทคนิค Variable Number Tandem Repeat (VNTR)

เทคนิคนี้การเพิ่มจำนวนซันติเอ็นเอบริเวณที่มีเบสซ้ำกัน (tandem repeat) เป็นชุดๆ ลักษณะเบสที่ซ้ำกันนี้พบกระจายทั่วไปบนโครโมโซม ถ้ามีจำนวนเบสซ้ำกันตั้งแต่ 2-6 เบสเรียกว่า microsatellite เช่น ชุดซ้ำของเบส ACG ACG ACG ACG ACG หรือ (ACG)₆ จำนวนเบสซ้ำกันตั้งแต่ 10-100 เบสเรียกว่า minisatellite จำนวนชุดที่ซ้ำจะทำให้เกิดรูปแบบแถบดีเอ็นเอแตกต่างกัน

2.4 เทคนิค PCR-RFLP

การเพิ่มจำนวนซันติเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์แบบจำเพาะ (specific primer) ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ก่อนจากนั้นทำการตัดซันติเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ แถบดีเอ็นเอถูกตัดออกเป็นชิ้นเล็กๆ พีซีอาร์ชนิดกันลำดับเบสที่เป็นบริเวณตัดของเอนไซม์จะอยู่ในตำแหน่งที่ต่างกันจึงได้แถบดีเอ็นเอขนาดไม่เท่ากัน

นอกเหนือจากเทคนิคที่กล่าวมาแล้วยังมีอีกหลายเทคนิคที่ถูกพัฒนาขึ้น อาทิเช่น Cleaved Amplified

Polymorphic Sequences (CAPs), Terminal Restriction Patterns (TRFPs), Direct Amplification of Length Polymorphism (DALP) เป็นต้น ซึ่งเทคนิคเหล่านี้อาศัยหลักการเพิ่มปริมาณซันติเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ทั้งสิ้น

3. วิธี Sequencing Based Method

วิธีนี้ซันติเอ็นเอหรือยีนที่สนใจจะถูกเพิ่มจำนวนด้วยเทคนิคพีซีอาร์จากนั้นจึงนำไปวิเคราะห์หาลำดับเบสด้วยเครื่องวิเคราะห์หาลำดับเบส (DNA sequencing) แล้วเปรียบเทียบลำดับเบสที่เปลี่ยนแปลงไปเพียงหนึ่งเบสซึ่งอาจเกิดจากการแทนที่ของเบส (substitution), การเพิ่ม (insertion) หรือการหายขาดหายไป (deletion) การเปลี่ยนแปลงนี้อาจจะไม่แสดงออกทางฟีโนไทป์ แต่สามารถใช้เป็นหลักฐานแสดงเอกลักษณ์ของพืชได้ ยีนที่มักใช้วิเคราะห์หาลำดับเบส เช่น 5S rDNA, Internal Transcribed Spacer (ITS) และบริเวณ 16S และ 26S rDNA ซึ่งมีความผันแปรของลำดับเบสสูง เทคนิคที่นิยมนำมาใช้ยืนยันชนิดพืชสมุนไพร ได้แก่ Single nucleotide polymorphism (SNP) ความผันแปรทางพันธุกรรมของลำดับเบสบนจีโนมซึ่งเกิดจากการผันแปรของเบสจำนวน 1 เบส เทคนิค Short tandem repeat (STR) มีเบสซ้ำจำนวน 2-10 เบสซ้ำกันเป็นชุดๆ เช่น (CATG)_n เมื่อ n คือจำนวนชุดที่ซ้ำกัน จะพบลักษณะการเรียงตัวแบบนี้ในบริเวณที่เป็น non coding intron region จำนวนชุดที่ซ้ำกันนี้ใช้แสดงเอกลักษณ์ของพืชสมุนไพรแต่ละชนิด

SNPs	SNP	SNP	SNP
Chromosome 1	AACACGCCA... TTCGGGGTC... AGTCGACCG..		
Chromosome 2	AACACGCCA... TTCGAGGTC... AGTCAACCG..		
Chromosome 3	AACATGCCA... TTCGGGGTC... AGTCAACCG..		
Chromosome 4	AACAAGCCA... TTCGGGGTC... AGTCGACCG..		

ภาพที่ 5 การเปลี่ยนแปลงชนิดเบสบนโครโมโซมจาก C เป็น T, จากเบส G เป็น A และจากเบส G เป็น A ที่มา : http://www.nature.com/nature/journal/v426/n6968/fig_tab/nature02168_F1.html

การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อใช้ยืนยันเอกลักษณ์สายพันธุ์พืชสมุนไพรสามารถทำได้หลายวิธีแต่ละวิธีมีข้อดีและข้อจำกัดแตกต่างกัน การเลือกเทคนิคที่เหมาะสมต้องพิจารณาหลายปัจจัยประกอบกัน เช่น ชนิดพืช ลักษณะและคุณภาพของตัวอย่าง การแปลผลทดสอบรวมถึงค่าใช้จ่ายเรื่องสารเคมีและเครื่องมือทดสอบที่ต้องใช้ การใช้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อตรวจสอบความถูกต้องของชนิดพืชสมุนไพรถือว่ามีความถูกต้องสูง มีความน่าเชื่อถือและเป็นที่ยอมรับสามารถนำเนื้อเยื่อจากทุกส่วนของพืช ทุกระยะการเจริญ

เติบโตมาตรวจสอบได้ ใช้ปริมาณตัวอย่างเพียงเล็กน้อยระดับมิลลิกรัม เช่นตัวอย่างสมุนไพรอบแห้ง ผงเครื่องยาหรือผลิตภัณฑ์แปรรูป การตรวจหาชนิดและปริมาณสารสำคัญด้วยเทคนิคโครมาโตกราฟีก็เป็นอีกวิธีหนึ่งที่ถูกนำมาใช้ควบคุมคุณภาพสมุนไพรเนื่องจากปริมาณและชนิดของสารที่พืชสร้างขึ้นมักจะแปรปรวนตามสภาพแวดล้อมทำให้บางครั้งการแปลผลทดสอบทำได้ยาก การนำเทคนิคลายพิมพ์ดีเอ็นเอมาใช้ควบคู่กับเทคนิคทางเคมีจะช่วยให้การยืนยันสายพันธุ์พืชมีความถูกต้องและชัดเจนมากยิ่งขึ้น

เอกสารอ้างอิง

- สุชาดา สุขหรั่ง. (2548). ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ: หลักฐานทางพันธุกรรมในการพิสูจน์เอกลักษณ์สมุนไพร. **วารสารวิจัยวิทยาศาสตร์การแพทย์** 19(1): 75-85.
- Rydberg, A. (2010). DNA barcoding as a tool for the identification of unknown plant material. <https://uu.diva-portal.org/smash/get/diva2:386246/FULLTEXT01.pdf> (20 กุมภาพันธ์ 2016)
- Yan H., and Baolin, G. (2006). Utility of DNA profiling in quality control of medicinal herbs. **Alternative medicine**. 10(2): 102-105.
- Kirti, M.K., Leena, S.P., Vineeta, V.K. and Vilasrao, J.K. (2014). Fingerprinting techniques in herbal standardization. **Indo American Journal of Pharmaceutical Research**. 4(2): 1049-1062.
- Moom, B.C., Yunui, J., Young, M.L., Jin, M.C., Yeong, L., Byung, K.C. and Ho, K.K. (2011). Development of SCAR markers for the authentication of *Acori rhizoma* based on the analysis of RAPD and multiplex PCR. **J. Medicinal Crop Sci**. 19(3): 162-169.
- Shinde, V.M., K. Dhalwal, K., Mahadik, R.K., Joshi, K.S. and Patwardhan, B.K. (2007). RAPD analysis for determination of components in herbal medicine. **Evid Based Complement Alternat Med**. 4 (suppl1): 21-23.
- Swatantra, K.S.K., Neelottama, K., Neeleshwar, M. and Raj, A.K. (2010). Role of markers in the standardization of herbal drugs: A review. **Archives Applied Science Research**. 2(1): 225-229.