

รายงานผลการจำแนกจุลินทรีย์ / IDENTIFICATION'S REPORT

ชื่อผู้ขอรับบริการ / Customer's name:	Aranya.Pinyorattanachot	เลขที่ / No. :	TBRC2017.-240
หน่วยงานและที่อยู่ / Institute and address:	Probiotic and Herbal Company 59 Moo 5 Tumbol Chamoung Pak Phanang Nakhon Si Thammarat 80330	วันที่ได้รับตัวอย่าง / Sample receive date :	14.-June.-2017
		วันที่รายงานผล/ Report date:	17.-Aug.-2017

ผู้ขอรับบริการส่งตัวอย่างเป็นเชื้อบริสุทธิ์เพื่อจำแนกชนิด/The customer sent pure isolate for identification

ผู้ขอรับบริการส่งเป็นตัวอย่างเพื่อคัดแยกจุลินทรีย์และได้คัดเลือกมาจำแนกชนิด/The customer sent specimen for isolation and chose isolate(s) identification

ลำดับที่ No.	รหัสตัวอย่าง Code	วิธีการจำแนกชนิด Method of identification	มีความใกล้เคียงกับ Closely related with	% ความเหมือน % similarity	หมายเหตุ Note
1	B1	Molecular method	<i>Aspergillus</i> sp.	100%	
2	B2	Molecular method	<i>Trichoderma reesei</i>	100%	
3	B3	Molecular method	<i>Nigrospora</i> sp.	99%	
4	B4	Molecular method	<i>Ganoderma</i> sp.	99%	

เอกสารแนบ / Attachment:

(1) วิธีการวิเคราะห์ / Analytical method

(2) ลำดับนิวคลีโอไทด์ / nucleotide sequence (s)

(3) ข้อมูลการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ / Sequence similarity

(4) ภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ / Phylogenetic relationship

(5) เอกสารแนบอื่นๆ / other document

ผู้จัดทำรายงาน

Reported by: Salilaporn Mankew.

(นางสาวสลิลพร นวลแก้ว)

(Ms.Salilaporn Nuankaew)

ผู้ตรวจรายงาน

Approved by: Nattawut Boonyuen.

(ดร.นัฐวุฒิ บุญยีน)

(Dr.Nattawut Boonyuen)

Disclaimer:

ผลการตรวจสอบจากงานบริการนี้เป็นผลจากการตรวจสอบสำหรับชิ้นตัวอย่างที่ได้รับภายใต้สภาวะที่ระบุไว้เท่านั้นไม่สามารถใช้คาดคะเนผลที่นอกเหนือจากนี้ได้ ทั้งนี้ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค) จะไม่รับผิดชอบต่อผลแห่งการกระทำหรือความเสียหายใดๆที่เกิดจากข้อมูลผลการวิเคราะห์ และโปรดทราบว่าศูนย์ฯไม่ใช่นายงามที่มีอำนาจในการรับรองผลการตรวจสอบใดๆ ทั้งสิ้นตลอดจนไม่อนุญาตให้ใช้ชื่อ ตราหรือสัญลักษณ์ของศูนย์ฯในการกล่าวอ้างใดๆเว้นแต่ได้รับอนุญาตเป็นลายลักษณ์อักษรจากศูนย์ฯ ก่อน
The results obtained from the service are for the test specimens and specified condition only and cannot be used to certify the goods not tested. National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC) will not take any responsibility for any consequence or damage, which may result from information obtained from the service. Please note that BIOTEC is not a certification body. Use of the Center name or symbol (Logo) in any case without written permission from BIOTEC is prohibited.

วิธีการจำแนกชนิดรา
Method of fungi identification

1. DNA extraction

Genomic DNA was extracted from fresh mycelia using E.Z.N.A. Forensic DNA Isolation Kit (Omega Bio-Tek), following the manufacturer's manual.

2. PCR: ITS

The internal transcribed spacer (ITS) region was amplified in a 50-ml reaction volume containing 1X buffer, 2.5 mM MgCl₂, 0.2 mM dNTPs, 0.2 μM of each primer (ITS1 and ITS4), and 1 U Taq DNA polymerase. The PCR temperature profile began with an initial denaturation at 96°C for 2 min, followed by 35 cycles of 96°C for 1 min, 53°C for 1 min and 72°C for 1:30 min. The final extension was carried out for 10 min at 72°C.

3. Gel Electrophoresis and Sequencing

PCR product was checked by 1% agarose gel electrophoresis, stained with ethidium bromide, and visualized under ultraviolet (UV) transilluminator. The PCR product was sent to be sequenced for both directions on an automated DNA sequencer (Macrogen Inc., Korea).

4. Sequence analyses

The nucleotide sequences obtained from all primers were assembled using Cap contig assembly program, an accessory application in BioEdit (Biological sequence alignment editor) Program (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/BioEdit.html>). The sequences were compared with nucleotide sequences databases on Genbank, CBS or suitable databases.

References

- Doyle JJ and Doyle JL (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytoch. Bull.* 19: 11-15.
- Hall TA (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids Symp. Ser.* 41: 95-98. Available at [<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>]. Accessed July 25, 2008.
- Omega Bio-Tek, Inc. (2013). E.Z.N.A. Forensic DNA Kit: Standard protocol.: 6-9.
- Techaprasarn J. (2010). Genetic variation of *Kaempferia* (Zingiberaceae) in Thailand based on chloroplast DNA (psbA-trnH and petA-psbJ) sequences. *Genetics and Molecular Research* 9 (4): 1957-1973.

Disclaimer:

ผลการตรวจสอบจากงานบริการนี้เป็นผลจากการตรวจสอบสำหรับชิ้นตัวอย่างที่ได้รับภายใต้สภาวะที่ระบุไว้เท่านั้นไม่สามารถใช้คาดคะเนผลที่นอกเหนือจากนี้ได้ ทั้งนี้ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค) จะไม่รับผิดชอบต่อผลแห่งการกระทำหรือความเสียหายใดๆที่เกิดจากข้อมูลผลการวิเคราะห์ และโปรดทราบว่าศูนย์ฯไม่ใช่นายงานที่มีอำนาจในการรับรองผลการตรวจสอบใดๆ ทั้งสิ้นตลอดจนไม่อนุญาตให้ใช้ชื่อ ตราหรือสัญลักษณ์ของศูนย์ฯในการกล่าวอ้างใดๆเว้นแต่ได้รับอนุญาตเป็นลายลักษณ์อักษรจากศูนย์ฯ ก่อน
The results obtained from the service are for the test specimens and specified condition only and cannot be used to certify the goods not tested. National Center for Genetic Engineering and Biotechnology (BIOTEC) will not take any responsibility for any consequence or damage, which may result from information obtained from the service. Please note that BIOTEC is not a certification body. Use of the Center name or symbol (Logo) in any case without written permission from BIOTEC is prohibited

ลำดับนิวคลีโอไทด์
Nucleotide sequence(s)

ลำดับที่ No.	รหัสตัวอย่าง Sample No.	บริเวณของลำดับนิวคลีโอไทด์ Nucleotide region of	ลำดับนิวคลีโอไทด์ (5' -> 3') Nucleotide sequence (5' -> 3')
1	B1	ITS rDNA	ACCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGCGGGTCTTTGGGCCAACCTCCCATCCGTGCTATTGTACCCCTGTGGCTTC GGCGGGCCCGCGCTTGTGCGGCCCGGGGGGGCGCCCTGTGCCCGCGGGCCCGTGCCTCCGGAGACCCCAACACGA ACACTGTCTGAAAGCGTGCAGTCTGAGTTGATTGAATGCAATCAGTTAAACTTTCAACAATGGATCTCTGGTTCCG GCATCGATGAAGAAGCGAGCGAAATGCGATAACTAATGTGAATGCGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC ACATTGCGCCCTGGTATTCCGGGGGCGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTGG GTCCCGTCCCCCTCTCCGGGGGACGGGCCGAAAGGAGCGGGCCGACCGGCTCCGATCCTCGAGCGTATGGGGCT TTGTCACATGCTCTGTAGGATTGGCCGGCGCTGCCGACGTTTTCCAACCATCTTTCAGGTTGACCTCGGATCAGG TAGGGATACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAA
2	B2	ITS rDNA	TGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACAACCTCCCAAACCCCAATGTGAACGTTACCAATCTGTTGCCTCGCGGGATTC TCTGCCCGGGCGCGTCCGAGCCCGGATCCCATGGCGCCCGCGGAGGACCAACTCAAACCTCTTTTTCTCTCCGTC GCGGCTTCCGTCGCGGCTCTGTTTACCTTTGCTCTGAGCCTTTCTCGCGGACCTAGCGGGGCTCTCGAAAATGAAT CAAAACTTTCAACAACGGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAAGCGAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTC AGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTC ATTTCAACCCCTCGAACCCCTCCGGGGGTGCGGCTTGGGGATCGGGCCCTCACCGGGCCGCCCCGAAAATACAGTGGC GGTCTCGCCGAGCCTCTCCTGCGCAGTAGTTTGCACTCGCACCGGGAGCGGGCGGGCCACAGCCGTAACAC CCCAAACCTCTGAAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAA
3	B3	ITS rDNA	TTCCGTAGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACAGAGTTATCCAACCTCCCAAACCCATGTGAACATATCTCTTTGTTC CTCGGCCAAGCTACCCGGGACCCCGGGCGCCCGCGGGGACACACAACTCTGTTATCTTCGTTGATTATCTG AGTGTCTTATTTAATAAGTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAAGCGAGCGAAATGC GATAAGTAATGTGAATGCGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCATTAGTATTTCTAGTGG GCATGCTGTTGAGCGTCACTTCAACCCCTAAGCAGCTTATTGTGGGAATCTACGGTCGTAGTTCCTCAAAGAC ATTGGCGGAGCGGAGCAGTCTCTGAGCGTAGTAATTTTTATCTCGCTTTTGTAGGCGCTGCCCGGGCGGCGTA AAACCCCCCTTTTTCTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCT
4	B4	ITS rDNA	GAGGCATGTGCACGCGCTGCTCATCCACTTACACCTGTGCACTTACTGTGGGTTCAAACGTCGTAAGCGGGTCTC TTCACCGAGCTTGTAGAGCGGCGTCTGTGCTCGGTTTATCACAACTCTATAAAGTATCAGAAATGTTGATTGCGATG TAACGCATCTATATACAACCTTTCAGCAACGGATCTCTGGCTCTCGCATCGATGAAGAAGCGAGCGAAATGCGATAAG TAATGTAATTGCAAAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGGCTCCTTGGTATTCGAGGAGCATGC CTGTTTGAGTGTATGAAATCTTCAACTTACAGACCTTTGCGGGTTTTGTAGGCTTGGACTTGGAGGCTGTGCGCC GTGTTT

ข้อมูลการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์
Comparison of nucleotide sequences with reference strain(s)

Strain: B1

	Description	Max score	Total score	Query cover	Ident	Accession
1	<i>Aspergillus niger</i> isolate 44 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KY318505.1
2	<i>Aspergillus</i> sp. strain SS3 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KX928746.1
3	<i>Aspergillus</i> sp. MR55 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KT374059.1
4	<i>Aspergillus welwitschiae</i> CBS 139.54 ITS region; from TYPE material	1072	1072	100%	100%	NR_137513.1
5	<i>Aspergillus niger</i> strain ATCC 9029 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KU729033.1
6	<i>Aspergillus niger</i> isolate LF13 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1137	100%	100%	KX011017.1
7	<i>Aspergillus niger</i> strain DZ-4-3-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KT192262.1
8	<i>Aspergillus</i> sp. XN-3-2-3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KR822140.1
9	<i>Aspergillus niger</i> strain WCPX-FS05 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KR296912.1
10	<i>Aspergillus niger</i> strain PHCT-FS11 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1072	1072	100%	100%	KR296882.1

หมายเหตุ เมื่อเปรียบเทียบลำดับเบสนิวคลีโอไทด์ ITS ของราตัวอย่างรหัส B1 กับฐานข้อมูล GenBank แล้วพบว่ามีความใกล้เคียงกับราในสกุล *Aspergillus* แต่ไม่สามารถระบุถึงระดับชนิดโดยใช้ข้อมูล ITS เพียงตำแหน่งเดียวได้ จึงจัดจำแนกรา B1 ให้เป็น *Aspergillus* sp.

ข้อมูลการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์
Comparison of nucleotide sequences with reference strain(s)

Strain: B2

	Description	Max score	Total score	Query cover	Ident	Accession
1	<i>Trichoderma reesei</i> strain CT005 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	KU377472.1
2	<i>Trichoderma reesei</i> strain RHa 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	KM246746.1
3	<i>Trichoderma reesei</i> isolate A1S3-D22 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	KJ767092.1
4	<i>Hypocrea jecorina</i> voucher HR241489.1 partial 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and partial 25S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	JN704346.1
5	<i>Hypocrea jecorina</i> strain GTXKohli-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	JF317195.1
6	<i>Hypocrea jecorina</i> isolate GITXKohli-2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1131	1131	100%	100%	GU048859.1
7	<i>Trichoderma reesei</i> QM6a chromosome VI, complete sequence	1129	10157	99%	100%	CP016237.1
8	<i>Trichoderma reesei</i> isolate CTCSSJ-ASD50040 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1129	1129	99%	100%	KU896305.1
9	<i>Trichoderma reesei</i> strain ATCC 26921 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	1129	1129	99%	100%	KU729028.1
10	<i>Trichoderma reesei</i> isolate M10 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	1129	1129	99%	100%	KT336514.1

หมายเหตุ รา *Hypocrea jecorina* เป็นราในระยะการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (sexual morph) ของรา *Trichoderma reesei*

ข้อมูลการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์
Comparison of nucleotide sequences with reference strain(s)

Strain: B3

	Description	Max score	Total score	Query cover	Ident	Accession
1	<i>Nigrospora</i> sp. GA 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	942	942	99%	99%	KX022499.1
2	Fungal sp. 57571 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	942	942	99%	99%	KP890598.1
3	Fungal sp. 57575 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	942	942	99%	99%	KP890597.1
4	Fungal sp. 51615 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	942	942	99%	99%	KP890596.1
5	Uncultured fungus clone L042883-122-063-B09 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	942	942	99%	99%	GQ999475.1
6	<i>Nigrospora</i> sp. KH00291 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	942	942	99%	99%	GU017506.1
7	<i>Nigrospora</i> sp. strain CAF046 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	937	937	99%	99%	KU821478.1
8	Uncultured fungus clone L042883-122-063-C01 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	937	937	99%	99%	GQ999478.1
9	Uncultured fungus clone L042882-122-062-A11 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	937	937	99%	99%	GQ999456.1
10	<i>Nigrospora oryzae</i> voucher CEQCA-M1323 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	928	928	97%	99%	KC771498.1

หมายเหตุ เมื่อเปรียบเทียบลำดับเบสนิวคลีโอไทด์ ITS ของราตัวอย่างรหัส B3 กับฐานข้อมูลสากล GenBank แล้วพบว่ามีความใกล้เคียงกับราในสกุล *Nigrospora* แต่ไม่สามารถระบุถึงระดับชนิดโดยใช้ข้อมูล ITS เพียงตำแหน่งเดียวได้ จึงจัดจำแนกให้เป็น *Nigrospora* sp.

ข้อมูลการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์
Comparison of nucleotide sequences with reference strain(s)

Strain: B4

	Description	Max score	Total score	Query cover	Ident	Accession
1	<i>Ganoderma weberianum</i> isolate SUT H2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 25S ribosomal RNA gene, partial sequence	725	725	100%	99%	AY569451.1
2	<i>Ganoderma sichuanense</i> voucher HMAS42798 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	717	717	100%	99%	JQ781877.1
3	<i>Ganoderma lucidum</i> isolate GL23 type 1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	717	717	100%	99%	DQ424975.1
4	<i>Ganoderma sichuanense</i> voucher Cui7691 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	713	713	100%	99%	JQ781878.1
5	<i>Ganoderma</i> sp. M2 T139 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	712	712	100%	99%	KJ654377.1
6	<i>Ganoderma lucidum</i> isolate GL23 type 2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	710	710	100%	99%	DQ424976.1
7	<i>Ganoderma weberianum</i> strain CBS 219.36 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	702	702	100%	99%	JQ520219.1
8	<i>Ganoderma weberianum</i> voucher HMAS97365 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	702	702	100%	99%	JF915411.1
9	<i>Ganoderma</i> cf. <i>weberianum</i> HKAS 76303 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence	697	697	100%	98%	KC222319.1
10	<i>Ganoderma weberianum</i> strain GanoTK17 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence	697	697	100%	98%	JN105705.1

หมายเหตุ เมื่อเปรียบเทียบลำดับเบสนิวคลีโอไทด์ ITS ของราตัวอย่างรหัส B4 กับฐานข้อมูลสากล GenBank แล้วพบว่ามีความใกล้เคียงกับราในสกุล *Ganoderma* แต่ไม่สามารถระบุถึงระดับชนิดโดยใช้ข้อมูล ITS เพียงตำแหน่งเดียวได้ จึงจัดจำแนกให้เป็น *Ganoderma* sp.