

จากการสำรวจ และเก็บรวบรวมตัวอย่างเห็ดในวงศ์ Ganodermataceae ในเขตอุทยานแห่งชาติน้ำหนาว จังหวัดเพชรบูรณ์ และอุทยานแห่งชาติภูเรือ จังหวัดเลย พบเห็ดในวงศ์ Ganodermataceae จำนวน 69 ตัวอย่างจากทั้งหมด 78 ตัวอย่าง จัดจำแนกเบื้องต้นโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา และลักษณะภายใต้กล้องจุลทรรศน์ได้ 2 สกุล 12 ชนิด ได้แก่ *Amauroderma austrosinense* J.D. Zhao et L.W. Xu, *A. rugosum* (Blume & Nees: Fr.) Torrend, *A. subresinosum* (Murrill) Corner, *Ganoderma australe* (Fr.) Pat., *G. calidophilum* J.D. Zhao, L.W. Hsu et X. Q. Zhang, *G. capense* (Lloyd) D.A. Reid, *G. colossus* (Fr.) Baker., *G. donkii* Steyaert, *G. limushanense* J.D. Zhao et X.Q. Zhang, *G. lucidum* (W. Curtis: Fr.) P. Karst., *G. tropicum* (Jungh.) Bres., *G. valesiacum* Boud. และ *Ganoderma* spp. 2 ตัวอย่างที่ยังไม่สามารถจัดจำแนกในระดับชนิดได้ เมื่อวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis (ARDRA) โดยเพิ่มปริมาณ DNA ด้วยเทคนิค PCR โดยใช้ primer ที่มีความสามารถในการเพิ่มปริมาณ DNA ในส่วนของ ITS1, 5.8S rDNA และ ITS2 พบว่า primer ดังกล่าวสามารถเพิ่มปริมาณ DNA ได้ในตัวอย่างเห็ดทุกชนิด โดยมีขนาดประมาณ 600-650 bp ยกเว้นใน *A. austrosinense* ที่มีขนาดประมาณ 730 bp เมื่อนำ PCR product ไปตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HindIII*, *EcoRI* และ *AluI* นำรูปแบบชิ้นส่วน DNA ที่ได้จากการตัดไปหาความสัมพันธ์โดยสร้าง phylogenetic tree พบว่ารูปแบบ phylogenetic tree ของ DNA ที่ได้จากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HindIII* มีการจัดกลุ่ม และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมอย่างชัดเจนในระดับสกุล รูปแบบ phylogenetic tree ของ DNA ที่ได้จากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* และ *AluI* มีการจัดกลุ่มของตัวอย่างเห็ดที่เหมือนกัน แต่มีการจัดความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มเห็ดนั้นแตกต่างกัน phylogenetic tree ที่ได้จากการนำข้อมูลรูปแบบ DNA จากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 3 ชนิดรวมกัน มีการจัดกลุ่มแยกกันชัดเจนระหว่างสกุล *Amauroderma* และ *Ganoderma* โดยภายในสกุล *Ganoderma* แยกกลุ่มตัวอย่างเห็ดออกเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มเห็ดที่มีก้านงอกจากพื้นดิน และกลุ่มที่มีก้านสั้นงอกจากด้านข้างลำต้นพืชอาศัย phylogenetic tree ที่ได้จากการนำข้อมูลรูปแบบ DNA จากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้งสามชนิดรวมกันกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้แก่ สีของดอก ความมันวาวของดอก และขนาดของสปอร์ พบว่ามีการจัดกลุ่มแยกกันชัดเจนระหว่างสกุล *Amauroderma* และ *Ganoderma* ยกเว้น *A. austrosinense* และภายในสกุล *Ganoderma* มีการจัดกลุ่มตัวอย่างเห็ดออกเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มเห็ดที่มีก้านงอกจากพื้นดิน และกลุ่มที่มีก้านสั้นงอกจากด้านข้างลำต้นพืชอาศัย ซึ่งรูปแบบของ phylogenetic tree นี้มีความสอดคล้องกับการใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาในการจัดจำแนกมากยิ่งขึ้น ผลงานวิจัยครั้งนี้มีรายงานการค้นพบเห็ดในวงศ์ Ganodermataceae ครั้งแรกในประเทศไทย 8 ชนิด ได้แก่ *A. austrosinense*, *G. calidophilum*, *G. capense*, *G. colossus*, *G. donkii*, *G. limushanense*, *G. tropicum* และ *G. valesiacum* นอกจากนี้ยังช่วยเพิ่มข้อมูลทางด้านความหลากหลายของเห็ดในวงศ์ Ganodermataceae ที่พบในประเทศไทย รวมเป็น 16 ชนิด

Sixty nine specimens of fungi in the Family Ganodermataceae were collected from Nam Nao national park, Petchabun province and Phurua National Park, Loei province. They were identified morphologically using macroscopic and microscopic characteristics. The specimens were classified into 2 genera (*Amauroderma* and *Ganoderma*) and 12 species (3 species for *Amauroderma* and 9 species for *Ganoderma*) as following: *Amauroderma austrosinense* J.D. Zhao et L.W. Xu, *A. rugosum* (Blume & Nees: Fr.) Torrend, *A. subresinosum* (Murrill) Corner, *Ganoderma australe* (Fr.) Pat., *G. calidophilum* J.D. Zhao, L.W. Hsu et X. Q. Zhang, *G. capense* (Lloyd) D.A. Reid, *G. colossus* (Fr.) Baker., *G. donkii* Steyaert, *G. limushanense* J.D. Zhao et X.Q. Zhang, *G. lucidum* (W. Curtis: Fr.) P. Karst., *G. tropicum* (Jungh.) Bres., *G. valesiacum* Boud. Two *Ganoderma* spp. specimens could not be classified into species. The addition of molecular biological method, Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis technique (ARDRA) was used to perform DNA fingerprint in order to clarify their genetic relationship. The PCR product about 600-650 bp, were obtained from all mushrooms tested except from *A. austrosinense*, in which the product about 730 bp was shown. The PCR products of each mushroom were digested by restriction endonucleases; *Hind*III, *Eco*RI and *Alu*I to obtain DNA fingerprints. Phylogenetic trees were done based on DNA fingerprint patterns to express genetic relationship of the mushrooms. The pattern of phylogenetic tree using *Hind*III digestion could clarify groups and genetic relationship of the mushrooms while digestion with *Eco*RI and *Alu*I could not. The pattern of phylogenetic tree using combination of *Hind*III, *Eco*RI and *Alu*I digestion could groups into genera, *Amauroderma* and *Ganoderma*. Further more, pattern of phylogenetic tree using combination of *Hind*III, *Eco*RI and *Alu*I digestion and addition of some morphological characteristics could groups into genera and sub-genera except *A. austrosinense* are separated. This pattern was agree with results of morphological methods. This study reported 8 new records to Thailand, *A. austrosinense*, *G. calidophilum*, *G. capense*, *G. colossus*, *G. donkii*, *G. limushanense*, *G. tropicum* and *G. valesiacum* and brought up number of Ganodermataceous fungi in Thailand in total to 16 species.