



ภาคผนวก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved

ภาคผนวก ก

การเตรียมอาหารเลี้ยงเชื้อ

1. Luria Bertani Agar (LA)

Tryptone	10	กรัม
Yeast extract	5	กรัม
NaCl	5	กรัม
Agar	15	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

ปรับ pH 7.0

ละลายส่วนผสมทั้งหมดให้เข้ากัน แล้วนำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที รอจนอุณหภูมิของอาหารลดลง เหลือประมาณ 55 °C จึงนำมาเติมสารปฏิชีวนะ ampicillin ลงในอาหารให้ความเข้มข้นสุดท้ายเท่ากับ 100 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร ก่อนเท

2. Luria Bertani Broth (LB)

Tryptone	10	กรัม
Yeast extract	5	กรัม
NaCl	5	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

ปรับ pH 7.0

ละลายส่วนผสมทั้งหมดให้เข้ากัน แล้วนำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

3. Nutrient broth (NB)

Beef extract	3	กรัม
Peptone	5	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

ปรับ pH 7.0 ± 0.2

ละลายส่วนผสมให้เข้ากัน นำไปต้มจนละลายหมด วัด pH เทใส่ภาชนะปิดฝา ฆ่าเชื้อด้วย autoclave ที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

3. Nutreint Agar (NA)

Beef extract	3	กรัม
Peptone	5	กรัม
Agar	15	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

ปรับ pH 7.0 ± 0.2

ละลายส่วนผสมทั้งหมดให้เข้ากัน แล้วนำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

4. Potato dextrose agar (PDA)

มันฝรั่ง	300	กรัม
Dextrose	20	กรัม
Agar	20	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

ปรับ pH 7.0 ± 0.2

ทำการปอกเปลือกมันฝรั่ง หั่นเป็นชิ้นเล็กใส่ลงในหม้อน้ำกลั่นปริมาตร 500 มิลลิลิตร ต้มให้เดือดนาน 30 นาที จากนั้นกรองผ่านผ้าขาวบาง นำน้ำกรองที่ได้มาเติมน้ำกลั่นให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเป็น 1000 มิลลิลิตร จากนั้นเติมส่วนผสมที่เหลือ ผสมให้เข้ากันดี นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

5. Potato dextrose broth (PDB)

มันฝรั่ง	300	กรัม
Dextrose	20	กรัม
Distilled water	1000	มิลลิลิตร

วิธีการเหมือนข้อ 4 แต่ไม่ผสม Agar ลงไปในอาหาร ปรับ pH เป็น 7.0 ± 0.2 นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

6. Water agar (WA)

Distilled water	1000	มิลลิลิตร
Agar	15	กรัม

ผสม Agar ลงไปในน้ำกลั่น ปรับ pH เป็น 7.0 ± 0.2 นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

ภาคผนวก ข

การเตรียมสารเคมี

1. 50x TAE buffer (pH 8.0)

Tris-base	242	กรัม
Glacial acetic acid	57.1	มิลลิลิตร
0.5 M EDTA	100	มิลลิลิตร
Distilled water (filled up)	1,000	มิลลิลิตร

ละลาย Tris-base และ EDTA•2Na ในน้ำกลั่น จากนั้นเติม Glacial acetic acid ลงไป (ทำในตู้ควั่น) จนเข้ากัน แล้วนำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

2. TE buffer (100 mM Tris-HCL, 10 mM EDTA)

1 M Tris-Hcl (pH 8.0)	0.1	มิลลิลิตร
0.5 M EDTA (pH 8.0)	20	ไมโครลิตร

ผสมสารละลายให้เข้ากัน แล้วปรับปริมาตรเป็น 1 ลิตร นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

3. 2% CTAB

2 % w/v hexadecyltrimethylammonium bromide	20	กรัม
5 M NaCl	280	มิลลิลิตร
0.25 M EDTA (pH 8.0)	80	มิลลิลิตร
1 M Tris-HCl (pH 8.0)	100	มิลลิลิตร

ผสมสารละลายให้เข้ากัน แล้วปรับปริมาตรเป็น 1 ลิตร นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

4. 5 M NaCl

NaCl	292	กรัม
------	-----	------

ละลายในน้ำกลั่นปริมาตร 800 มิลลิลิตร คนจนละลาย แล้วปรับปริมาตรเป็น 1 ลิตรนำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

5. 1 M Tris-HCl buffer (pH 8.0)

Tris-base 121 กรัม

ค่อยๆละลายในน้ำกลั่นปริมาตร 800 มิลลิลิตรจากนั้นเติม conc. HCl ปริมาตร 42 มิลลิลิตรปรับ pH เป็น 8.0 แล้วปรับปริมาตรเป็น 1 ลิตร นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

6. 0.5 M Ethylenediaminetetra acetic acid (EDTA)

EDTA 186.1 กรัม

NaOH 20 กรัม

ละลายในน้ำกลั่นปริมาตร 800 มิลลิลิตร คนจนละลาย ปรับ pH เป็น 8.0 แล้วปรับปริมาตรเป็น 1 ลิตร นำไปนึ่งฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121°C ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

7. Ethyidium bromide

5 mM EtBr 60 ไมโครลิตร

TAE buffer 250 มิลลิลิตร

ละลาย EtBr ลงใน 1X TAE buffer ผสมให้เข้ากัน เก็บให้พ้นแสง

8. สารละลาย MaFarland NO.5

ผสม 0.5 มิลลิลิตร 0.048M BaCl₂ (1.175 g BaCl₂.2H₂O ในน้ำกลั่น 100 ml) และ 9.5 มิลลิลิตร 0.6 M H₂SO₄ (1 มิลลิลิตร concentrated H₂SO₄ ในน้ำกลั่น 100 มิลลิลิตร) เขย่าให้เข้ากัน เมื่อต้องการใช้ จะได้สารละลายที่มีความเข้มข้นเท่ากับสารละลายเซลล์ 1.5 x 10⁹ cells/ มิลลิลิตร

ภาคผนวก ค

สีและน้ำยาที่ใช้ย้อม

1. Gram' stain

1.1. Crystal violet

สารละลาย A

Crystal violet (85% dye) 2 กรัม

Ethyl alcohol 95 % 20 กรัม

ละลายสีในแอลกอฮอล์จนสีละลายหมด

สารละลาย B

Ammonium oxalate 0.8 กรัม

Distilled water 80 มิลลิลิตร

ผสมสารละลาย A กับสารละลาย B ถ้ามีตะกอน กรองก่อนการใช้ และถ้าสีเข้มเกินไปอาจเจือจางสารละลาย A 1:10 ก่อนผสมกับสารละลาย B

1.2. Safranin O counterstain (stock solution)

Safranin O 2.5 กรัม

Ethyl alcohol 95 % 100 มิลลิลิตร

ถ้าจะใช้สีในการย้อมให้เจือจางเป็น 1:10 (stock Safranin O 10 มิลลิลิตร ผสมกับน้ำกลั่น 90 มิลลิลิตร) ถ้ามีตะกอน กรองก่อนใช้ทุกครั้ง

1.3. Gram's iodine solution (mordant)

Iodine(Crystal) 1.0 กรัม

Potassium iodide (KI) 2.0 กรัม

Distilled water 300 มิลลิลิตร

ละลาย iodine และ KI ในน้ำกลั่นปริมาณน้อยๆ ก่อน แล้วเติมน้ำให้ครบ เก็บไว้ในขวดสีชา

1.4. Alcohol-acetone (decolorizer)

Ethyl alcohol 95 % 250.0 มิลลิลิตร

Acetone 250.0 มิลลิลิตร

2. Lactophenol cotton blue

สารละลาย A

Lactic acid	20	มิลลิลิตร
Phenol (melted crystal)	20	มิลลิลิตร
Glycerol	40	มิลลิลิตร
น้ำกลั่น	20	มิลลิลิตร

สารละลาย B

Cotton blue	0.05	กรัม
-------------	------	------

ละลาย phenol (หลอม phenol แล้วดูมา 20 มิลลิลิตร) ลงใน lactic acid, glycerol และน้ำกลั่น โดยผ่านความร้อนอ่อนๆ เติม cotton blue ลงไป (สำหรับ cotton blue อาจเตรียมเป็น 1% แล้วใช้ผสมในปริมาณ 2 มิลลิลิตรต่อสูตรที่เตรียมข้างบน)

ภาคผนวก ง

ข้อมูลผลการทดลอง

ตาราง ง1 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Staphylococcus epidermidis* ATCC12208

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	16.50	16.00	17.50	16.67
APK01	11.20	11.10	10.00	10.77
APK02	9.00	8.50	8.00	8.50
APK04	8.50	8.50	8.00	8.33
APK06	12.00	13.00	13.00	12.67
APK09	9.00	10.00	9.50	9.50
APK13	13.00	14.00	13.00	13.33
APK14	16.00	15.00	15.50	15.50
APK16	14.50	15.20	15.10	14.93
APK35	9.00	10.00	7.50	8.83
APK36	15.00	13.00	14.20	14.07

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

ตาราง ง2 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Staphylococcus aureus* TISTR517

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	14.00	14.50	14.70	14.40
APK01	16.00	14.00	14.50	14.83
APK02	9.00	8.50	9.00	8.83
APK04	10.00	10.00	10.00	10.00
APK06	10.00	10.00	9.50	9.83
APK09	9.50	9.00	8.50	9.00
APK13	11.00	12.50	10.00	11.17
APK14	16.00	15.00	15.00	15.33
APK16	12.00	13.00	12.00	12.33
APK35	11.00	9.00	10.00	10.00
APK36	13.00	12.00	12.50	12.50

ตาราง ง3 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Bacillus cereus* TISTR687

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	15.40	15.00	15.00	15.13
APK01	14.50	15.00	14.00	14.50
APK02	13.00	11.00	10.50	11.50
APK04	13.50	13.00	14.00	13.50
APK06	11.00	11.50	10.00	10.83
APK09	11.00	10.00	11.00	10.67
APK13	15.00	13.00	15.00	14.33
APK14	14.00	14.50	14.50	14.33
APK16	11.00	12.00	10.00	11.00
APK35	11.00	12.00	11.00	11.33
APK36	14.00	16.00	14.00	14.67

ตาราง ง4 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Escherichia coli* ATCC25922

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	15.00	14.30	14.70	14.67
APK01	11.00	10.50	10.00	10.50
APK02	7.00	7.50	6.50	7.00
APK04	13.00	14.00	12.50	13.17
APK06	16.00	12.00	12.00	13.33
APK09	8.50	8.50	7.00	8.00
APK13	12.00	12.00	12.00	12.00
APK14	7.00	7.50	6.50	7.00
APK16	10.00	11.00	9.00	10.00
APK35	9.00	9.00	9.00	9.00
APK36	12.50	13.00	14.00	13.17

ตาราง ง5 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Pseudomonas aeruginosa* ATCC9027

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	14.00	13.00	15.50	14.17
APK01	12.50	13.00	13.00	12.83
APK02	12.50	12.00	13.00	12.50
APK04	13.00	12.50	13.00	12.83
APK06	11.00	11.00	11.00	11.00
APK09	9.00	8.50	8.00	8.50
APK13	17.00	16.00	15.00	16.00
APK14	10.00	10.00	10.00	10.00
APK16	13.50	13.00	13.00	13.17
APK35	9.00	8.00	8.00	8.33
APK36	12.00	12.00	12.00	12.00

ตาราง ง6 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Salmonella weltevredens* DMST17375

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	13.00	13.00	13.00	13.00
APK01	11.50	11.00	9.50	10.67
APK02	12.00	11.00	10.00	11.00
APK04	11.00	11.00	11.00	11.00
APK06	10.00	11.00	10.50	10.50
APK09	6.50	7.00	6.50	6.67
APK13	12.00	11.00	13.00	12.00
APK14	7.50	7.50	7.50	7.50
APK16	11.50	11.00	11.00	11.17
APK35	9.00	10.00	10.00	9.67
APK36	13.00	12.00	11.00	12.00

ตาราง ง7 ผลของสารที่สกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อ *Listeria monocytogenes* DMST17303

ไอโซเลต	ขนาดวงใส (mm)			
	ซ้ำที่ 1	ซ้ำที่ 2	ซ้ำที่ 3	ค่าเฉลี่ย
DPK01	7.00	6.50	7.00	6.83
APK01	-	-	-	-
APK02	9.00	9.50	8.50	9.00
APK04	-	-	-	-
APK06	7.50	6.50	6.50	6.83
APK09	7.00	7.50	6.20	6.90
APK13	9.00	10.00	8.50	9.17
APK14	10.00	10.00	10.00	10.00
APK16	6.80	6.70	6.70	6.73
APK35	6.50	7.00	7.00	6.83
APK36	11.00	10.50	11.00	10.83

ภาคผนวก จ

ข้อมูลผลการทดสอบทางสถิติ

ตาราง จ1 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Staphylococcus epidermidis* ATCC12208

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	277.5267	27.7527	57.96	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	10.5333	0.4788				
Total	32	288.0600	9.0019				

GRAND MEAN = 12.1000000057798
CV = 5.7186 %

LSD .05 = 1.17174928550669
LSD .01 = 1.59265247629863

*
* DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST *
* PROBLEM IDENTIFICATION= *
* NUMBER OF MEANS= 11 *
* ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22 *
* ERROR MEAN SQUARE= .478787881677859 *
* STANDARD ERROR OF MEAN= .399494631452397 *

NAME ID MEAN RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01

DPK01		16.6667	A
APK14		15.5000	AB
APK16		14.9333	BC
APK36		14.0667	BCD
APK13		13.3333	CD
APK06		12.6667	D
APK01		10.7667	E
APK09		9.5000	EF
APK35		8.8333	F
APK02		8.5000	F
APK04		8.3333	F

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME ID MEAN RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05

DPK01		16.6667	A
APK14		15.5000	AB
APK16		14.9333	BC
APK36		14.0667	CD
APK13		13.3333	DE
APK06		12.6667	E
APK01		10.7667	F
APK09		9.5000	G
APK35		8.8333	G
APK02		8.5000	G
APK04		8.3333	G

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ตาราง จ2 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ
Staphylococcus aureus TISTR517

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	169.1606	16.9161	36.27	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	10.2600	0.4664				
Total	32	179.4206	5.6069				

GRAND MEAN = 11.6575757517959
CV = 5.8581 %

LSD .05 = 1.15644627104341
LSD .01 = 1.57185247737288

*
* DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST
*PROBLEM IDENTIFICATION=
*NUMBER OF MEANS= 11
*ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22
*ERROR MEAN SQUARE= .466363631161791
*STANDARD ERROR OF MEAN= .394277242204768
*

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
APK14		15.3333	A
APK01		14.8333	A
DPK01		14.4000	A
APK36		12.5000	B
APK16		12.3333	B
APK13		11.1667	BC
APK35		10.0000	CD
APK04		10.0000	CD
APK06		9.8333	CD
APK09		9.0000	D
APK02		8.8333	D

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
APK14		15.3333	A
APK01		14.8333	A
DPK01		14.4000	A
APK36		12.5000	B
APK16		12.3333	B
APK13		11.1667	C
APK35		10.0000	D
APK04		10.0000	D
APK06		9.8333	D
APK09		9.0000	D
APK02		8.8333	D

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ตาราง จ3 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Salmonella weltevedens* DMST17375

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	108.3030	10.8303	24.65	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	9.6667	0.4394				
Total	32	117.9697	3.6866				

GRAND MEAN = 10.4696969697
CV = 6.3313 %

LSD .05 = 1.12250983213168
LSD .01 = 1.52572575543839

*
* DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST *
* PROBLEM IDENTIFICATION= *
* NUMBER OF MEANS= 11 *
* ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22 *
* ERROR MEAN SQUARE= .4393939393933 *
* STANDARD ERROR OF MEAN= .382706998191363 *
*

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
DPK01		13.0000	A
APK36		12.0000	AB
APK13		12.0000	AB
APK16		11.1667	BC
APK04		11.0000	BC
APK02		11.0000	BC
APK01		10.6667	BC
APK06		10.5000	BC
APK35		9.6667	C
APK14		7.5000	D
APK09		6.6667	D

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
DPK01		13.0000	A
APK36		12.0000	AB
APK13		12.0000	AB
APK16		11.1667	BC
APK04		11.0000	BC
APK02		11.0000	BC
APK01		10.6667	CD
APK06		10.5000	CD
APK35		9.6667	D
APK14		7.5000	E
APK09		6.6667	E

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ลิขสิทธิ์สงวนโดย Chiang Mai University
All rights reserved

ตาราง จ4 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Pseudomonas aeruginosa* ATCC9027

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	163.0455	16.3045	48.91	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	7.3333	0.3333				
Total	32	170.3788	5.3243				

GRAND MEAN = 11.9393939393939
 CV = 4.8357 %

LSD .05 = .977692976120579
 LSD .01 = 1.32888934410989

 *
 * DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST *
 PROBLEM IDENTIFICATION=
 *NUMBER OF MEANS= 11 *
 *ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22 *
 *ERROR MEAN SQUARE= .3333333333332 *
 *STANDARD ERROR OF MEAN= .3333333333326 *
 *

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
APK13		16.0000	A
DPK01		14.1667	B
APK16		13.1667	BC
APK01		12.8333	BC
APK04		12.8333	BC
APK02		12.5000	C
APK36		12.0000	CD
APK06		11.0000	DE
APK14		10.0000	E
APK09		8.5000	F
APK35		8.3333	F

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
APK13		16.0000	A
DPK01		14.1667	B
APK16		13.1667	C
APK01		12.8333	CD
APK04		12.8333	CD
APK02		12.5000	CD
APK36		12.0000	D
APK06		11.0000	E
APK14		10.0000	F
APK09		8.5000	G
APK35		8.3333	G

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ลิขสิทธิ์ © by Chiang Mai University
 All rights reserved

ตาราง จ5 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Bacillus cereus*
TISTR687

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	97.2606	9.7261	14.65	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	14.6067	0.6639				
Total	32	111.8673	3.4959				

GRAND MEAN = 12.8909090793494
CV = 6.3209 %

LSD .05 = 1.37983557684865
LSD .01 = 1.87548528984395

*
* DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST *
PROBLEM IDENTIFICATION=
*NUMBER OF MEANS= 11 *
*ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22 *
*ERROR MEAN SQUARE= .663939384691647 *
*STANDARD ERROR OF MEAN= .470439292821666 *

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
DPK01		15.1333	A
APK36		14.6667	A
APK01		14.5000	A
APK14		14.3333	A
APK13		14.3333	A
APK04		13.5000	A
APK02		11.5000	B
APK35		11.3333	B
APK16		11.0000	B
APK06		10.8333	B
APK09		10.6667	B

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
DPK01		15.1333	A
APK36		14.6667	AB
APK01		14.5000	AB
APK14		14.3333	AB
APK13		14.3333	AB
APK04		13.5000	B
APK02		11.5000	C
APK35		11.3333	C
APK16		11.0000	C
APK06		10.8333	C
APK09		10.6667	C

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY
BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ลิขสิทธิ์ © by Chiang Mai University
All rights reserved

ตาราง จ6 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Escherichia coli* ATCC25922

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	223.8485	22.3848	26.99	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	18.2467	0.8294				
Total	32	242.0952	7.5655				

GRAND MEAN = 10.7121212121212
 CV = 8.5017 %

LSD .05 = 1.54221012295433
 LSD .01 = 2.09618627608885

 *
 * DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST
 *PROBLEM IDENTIFICATION=
 *NUMBER OF MEANS= 11
 *ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22
 *ERROR MEAN SQUARE= .829393932458123
 *STANDARD ERROR OF MEAN= .525799053016176
 *

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
DPK01		14.6667	A
APK06		13.3333	AB
APK36		13.1667	AB
APK04		13.1667	AB
APK13		12.0000	BC
APK01		10.5000	CD
APK16		10.0000	CDE
APK35		9.0000	DEF
APK09		8.0000	EF
APK14		7.0000	F
APK02		7.0000	F

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
DPK01		14.6667	A
APK06		13.3333	AB
APK36		13.1667	AB
APK04		13.1667	AB
APK13		12.0000	BC
APK01		10.5000	CD
APK16		10.0000	D
APK35		9.0000	DE
APK09		8.0000	EF
APK14		7.0000	F
APK02		7.0000	F

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
 Copyright © by Chiang Mai University
 All rights reserved

ตาราง จ7 ผลการทดสอบทางสถิติของสารสกัดจากเชื้อราปรสิตในแมลงต่อเชื้อ *Listeria monocytogenes* DMST17303

Problem Identification: Procedure : Analysis of Variance I

Table.... Analysis of Variance

Source	df	SS	MS	F	F.05	F.01	F-Prob
Treatment	10	387.5824	38.7582	230.45	2.30	3.26	0.0000
Ex.Error	22	3.7000	0.1682				
Total	32	391.2824	12.2276				

GRAND MEAN = 6.64848483692516
CV = 6.1683 %

LSD .05 = .694468677815468
LSD .01 = .943928255912153

*
* DUNCAN'S MULTIPLE-RANGE TEST *
* PROBLEM IDENTIFICATION= *
* NUMBER OF MEANS= 11 *
* ERROR DEGREE OF FREEDOM= 22 *
* ERROR MEAN SQUARE= .168181832631438 *
* STANDARD ERROR OF MEAN= .236771220542417 *

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .01
APK36		10.8333	A
APK14		10.0000	AB
APK13		9.1667	BC
APK02		9.0000	C
APK09		6.9000	D
APK35		6.8333	D
DPK01		6.8333	D
APK06		6.8333	D
APK16		6.7333	D
APK04		0.0000	E
APK01		0.0000	E

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

NAME	ID	MEAN	RANKED AT PROBABILITY LEVEL .05
APK36		10.8333	A
APK14		10.0000	B
APK13		9.1667	C
APK02		9.0000	C
APK09		6.9000	D
APK35		6.8333	D
DPK01		6.8333	D
APK06		6.8333	D
APK16		6.7333	D
APK04		0.0000	E
APK01		0.0000	E

MEANS NOT SHARING LETTER IN COMMON DIFFER SIGNIFICANTLY BY DUNCAN'S MULTIPLE RANGE TEST.

ภาคผนวก ฉ

รูปวิธานของเชื้อในกลุ่มปรสิตในแมลง

รูปวิธานสำหรับจัดจำแนกเชื้อราปรสิตในแมลงของ Richard A. Humber (Lacey, 1997)

- | | | | |
|---|---------------------|---|---------------------|
| 1. Spores and hyphae or other fungal structures visible on exterior of host or host body is obscured by fungus; few or no spores form inside host cadaver | 2 | 6. Conidiogenous cells clustered on more or less swollen vesicle on short to long, conidiophores projecting laterally from synnemata and/or the hyphal mat covering the host; conidia pale to yellow or violet in mass; affecting spiders | <i>Gibellula</i> |
| 1a. Fungal growth and sporulation wholly (or nearly wholly) confined to interior of host body | 30 | 6a. Conidiogenous cells borne at apices of broadly branched, densely intertwined conidiophores that form a compact hymenium; conidia borne in parallel chains and usually green in mass | <i>Metarhizium</i> |
| 2. Elongated macroscopic structures (synnemata or club-like to columnar stromata) project from host | 3 | 7. Conidiogenous cell with swollen base and elongated, narrow to spine-like neck; conidia formed singly (usually with a distinct slime coating) or small groups in a slime droplet | <i>Hirsutella</i> |
| 2a. Fungal growth may cover all or part of the host and may spread onto the substrate but large, projecting structures are absent | 10 | 7a. Conidiogenous cells producing several to many conidia, each formed singly on separate denticles | 8 |
| 3. Conidia form on synnemata and/or on mycelium on the host body | 4 | 8. Conidiogenous cell with an extended, denticulate apex (growing apex repeatedly forms a conidium and regrows [rebranches] just below the new conidium) | <i>Beauveria</i> |
| 3a. Flask-like to laterally flattened fruiting structures (perithecia) present whether on or submersed in an erect, dense to fleshy, club-like to columnar stroma or on body of host; if mature, containing elongated asci with thickened apical caps | 9 | 8a. Conidiogenous cell short and compact, cylindrical to broadly clavate, with apex studded by many denticles, each of which bears a single conidium | <i>Hymenostilbe</i> |
| 4. Conidia formed in short to long chains | 5 | 9. Erect stroma bears perithecia superficial to partially or fully immersed (with only small circular opening raised above stromatic surface); perithecia scattered or aggregated into more or less differentiated, apical or lateral fertile part; asci (if present) with thickened apical cap perforated by narrow canal and filiform ascospores (that usually dissociate into one-celled part spores); conidia, if simultaneously present, being formed on host body, on lower portion of stroma, or on separate synnemata | <i>Cordyceps</i> |
| 4a. Conidia produced singly on many separate denticles on each conidiogenous cell or, if in some sort of slime, singly (slime sometimes not evident) or in small groups in a slime droplet | 7 | | |
| 5. Conidiogenous cells flask-like, with swollen base and a distinct neck, borne singly or in loose clusters; chains of conidia often long and divergent (when borne on clusters of conidiogenous cells) | <i>Paecilomyces</i> | | |
| 5a. Conidiogenous cells short, with rounded to broadly conical apices (not having a distinctly narrowed and extended neck) | 6 | | |

- 9a. Perithecia occur *only* on or partially immersed in a cottony to woolly hyphal layer covering host *Torrubiella*
10. Fungus covering host is a stroma (fleshy to hard mass of intertwined hyphae); sporulation occurs in cavities below the stromatic surface 11
- 10a. Host partially to completely covered by wispy, cottony, woolly, or felt-like growth or by a dark-coloured, extensive patch having columns and chambers below its surface but *not* forming a dense stroma 12
11. Spores are fusoid, one-celled conidia discharged in a slime mass from fertile chambers immersed in the stroma but not set off by a differentiated wall *Aschersonia*
- 11a. Globose to flask-like perithecia delimited by a distinct wall are immersed in stroma and contain elongated asci with thickened apices or, at maturity, a (non-slimy) mass of globose, ovoid or rod-like spores formed by dissociation of multi-septate ascospores; *Aschersonia* conidial state often present on same stroma *Hypocrella*
12. Fungus a dark brown to black, sometimes extensive patch on woody plant parts; upper surface dense to felt-like, with elongated or clavate thick-walled cells (teleutospores) remaining attached; open chambers and vertical fungal columns underlie the more or less solid upper surface and shelter living scale insects, some of which contain prominently coiled haustorial hyphae *Septobasidium* (see Couch, 1938; not treated here)
- 12a. Fungal hyphae emerging from or covering host are colourless to light coloured, wispy to cottony, woolly, felt-like or waxy-looking mat 13
13. Flask-like to laterally compressed perithecia present, superficial to partially immersed in fungus covering the host; asci elongate, with thickened apex; when mature, filiform multiseptate ascospores tend to dissociate into 1-celled part-spores; conidial state(s) may occur simultaneously on host body or synnemata; especially on spiders or homopterans *Torrubiella*
- 13a. Spores form on external surfaces of the fungus; no sexual structures (perithecia) are present 14
14. Conidia form on cells with elongated denticulate necks bearing multiple conidia on awl- to flask-shaped or short blocky conidiogenous cells; conidia form singly or successively in dry chains or slime drops (Hyphomycetes) 15
- 14a. Conidia forcibly discharged and may rapidly form forcibly or passively dispersed secondary conidia (Entomophthorales) 22
15. Conidiogenous cell with an extended, denticulate apex (growing apex repeatedly forms a conidium and regrows (rebranches) just below the new conidium) *Beauveria*
- 15a. Conidiogenous cells are awl- to flask-shaped, with or without an obvious neck; conidia borne singly, in chains, or in slime drops 16
16. Conidia single or in chains on apices of conidiogenous cells 17
- 16a. Conidia aggregate in slime drops at apices of conidiogenous cells 20
17. Conidia borne singly on conidiogenous cell with swollen base and one or more narrow, elongated necks; conidia globose or, if not, usually having an obvious slime coat; especially on mites *Hirsutella*
- 17a. Conidia borne in chains, not covered by any obvious slime 18

18. Conidiophores much branched in a candelabrum-like manner but very densely intertwined, and forming nearly wax-like fertile areas; conidiogenous cells short, blocky, without apical necks; conidial chains long and, usually, laterally adherent in prismatic columns or continuous plates *Metarhizium*
- 18a. Conidiophores individually distinct and unbranched or with a main axis and short side branches bearing single or clustered conidiogenous cells 19
19. **Conidiogenous cells flask-like**, with swollen base and a distinct neck, borne singly or in loose clusters; chains of conidia often long and divergent (when borne on clusters of conidiogenous cells) *Paecilomyces*
- 19a. Conidiogenous cells short and blocky with little obvious neck, borne in small clusters on short branches grouped in dense whorls on (otherwise unbranched) conidiophores; conidial chains short; especially on Noctuidae (Lepidoptera) *Nomuraea*
20. Conidia aggregating in slime droplets with morphology either (1) macroconidia, elongated, gently to strongly curved with somewhat pointed ends, one or more transverse septa and usually a short (basal) bulge or bend ('foot') and/or (2) microconidia aseptate, with variable morphology; conidiogenous cells often distinctly thicker than vegetative hyphae; hyphae often with terminal or intercalary chlamydospores (thick-walled spore-like swellings of vegetative cells; surface smooth or decorated) *Fusarium*
- 20a. Conidiogenous cells little thicker than hyphae, occurring singly or grouped into regular clusters and/or whorls; conidia one-celled; mycelium highly uniform in diameter 21
21. Conidiogenous cells usually tapering uniformly from base to truncate apex, usually without a swollen base or distinct neck; occurring singly, in pairs or whorled along hyphae or in terminal clusters *Verticillium*
- 21a. Conidiogenous cells with a swollen to flask-like base and a (usually short) neck often bent out of axis of the conidiogenous cell; conidiogenous cells borne singly, clustered, or in whorls aggregating in loose 'heads' on erect apically branching conidiophores poorly differentiated from vegetative hyphae *Tolyposcladium*
22. In aceto-orcein, primary conidia obviously uninucleate and sometimes seen to be bitunicate (with outer wall layer lifting partially off of spores in liquid mounts) 23
- 22a. In aceto-orcein, primary conidia obviously multinucleate or nuclei not readily seen 26
23. Conidia long clavate to obviously elongated (length/width ratio usually ≥ 2.5), papilla broadly conical, often with a slight flaring or ridge at junction with basal papilla 24
- 23a. Conidia ovoid to clavate; papilla rounded and frequently laterally displaced from axis of conidium 25
24. Conidia readily forming elongate secondary capilliconidia attached laterally to and passively dispersed from capillary conidiophores: rhizoids and cystidia not thicker than hyphae; rhizoids numerous, often fasciculate or in columns *Zoophthora*

- 24a. Conidia never forming secondary capilliconidia; conidia often strongly curved and/or markedly elongated; rhizoids and/or cystidia 2–3× thicker than hyphae; especially on dipterans (or other insects) in wet habitats (on wetted rocks, in or near streams, etc.) *Erynia*
25. Conidia never producing secondary capilliconidia; rhizoids 2–3× thicker than hyphae, terminating with prominent discoid holdfast; cystidia at base 2–3× thicker than hyphae, tapering towards apex *Pandora*
- 25a. Conidia never producing secondary capilliconidia; rhizoids not thicker than hyphae, numerous, solitary to fasciculate, with weak terminal branching system or sucker-like holdfasts; cystidia as thick as hyphae, often only weakly tapered *Furia*
26. In aceto-orcein, nuclei staining readily, with obviously granular contents 27
- 26a. In aceto-orcein, nuclei not readily visible or not staining 29
27. Conidia with apical point and broad flat papilla; discharged by cannon-like expulsion of fluid from conidiogenous cell forming halo-like zone around conidia after discharge *Entomophthora*
- 27a. Conidia without apical projection and discharged by **ovulsion** of a rounded (not flat) papilla 28
28. Conidia pyriform with papilla merging smoothly into spore outline; formed by direct expansion of tip of conidiogenous cell (with no narrower connection between conidiogenous cell and conidium); rhizoids never formed *Entomophaga*
- 28a. Conidia globose with papilla emerging abruptly from spore outline; formed on conidiogenous cells with a narrowed neck below the conidium; if present, rhizoids 2–3× thicker than hyphae, with discoid terminal holdfast *Batkoa*
29. Conidia globose to pyriform, papilla rounded, with many (inconspicuous) nuclei; secondary conidia: (a) single, forcibly discharged and resembling primaries; (b) single, passively dispersed capilliconidia formed in axis of capillary conidiophore or (c) numerous on a primary conidium, small, forcibly discharged (microconidia) *Conidiobolus*
- 29a. Conidia globose to pyriform, papilla flattened, usually 4–nucleate; secondary conidia (a) forcibly discharged, resembling primary or (b) almond- to drop-shaped, laterally attached to a capillary conidiophore with a sharp subapical bend; especially on aphids or mites *Neozygites*
30. Affecting larval bees (Apidae and Megachilidae), causing chalkbrood; fungus in cadavers is white or black, organized as large spheres (spore cysts) containing smaller-walled spherical groups (asci) of (asco)spores *Ascospaera*
- 30a. Affecting insects other than bees; spores formed individually rather than in spherical groups of inside larger spheres 31
31. Spores formed *inside* a fungal cell, in a more or less loosely fitted outer (sporangial) wall 32
- 31a. Spores forming directly at apices of hyphae or hyphal bodies by budding or intercalary (thick-walled but not confined loosely inside remnant of another cell) 33
- Spores (oospores) thick-walled, smooth walled, colourless; formed inside irregularly shaped cell (oogonia); some cells in thick mycelium producing narrow tube through cuticle with evanescent terminal vesicle from which motile, biflagellate zoospores are released; affecting mosquitoes *Lagenidium*

- 32a. Spores (resistant sporangia) globose or subglobose, golden-brown with hexagonally reticulated surface; formed inside close fitting thin (but evanescent) outer wall *Myiophagus*
33. Affecting gregarious cicadas (Homoptera: Cicadidae); terminal segments of abdominal exoskeleton drop off to expose loose to compact, colourless to coloured fungal mass; spores thin-walled or, if thick-walled, with strongly sculptured surface *Massospora*
- 33a. Not affecting cicadas, with spores occurring throughout body (not confined to terminal abdominal segments) 34
34. Spores (zygospores or azygospores) with outer surfaces smooth or with surface irregularly roughened, warty, or spinose; colourless to pale or deeply coloured (various colours possible), brown, grey, or black 35
- 34a. Spores (thick-walled resistant sporangia) with surface regularly decorated with ridges, pits, punctations, striations, reticulations; yellow-brown to golden-brown 37
35. Resting spores grey, brown or black (outer wall is coloured; inner wall is hyaline), with smooth or rough surface; binucleate but nuclei often not staining strongly in aceto-orcein if spore wall is cracked; infected hosts from which conidia were discharged and then produced almond- to drop-shaped secondary capilliconidia should be evident in the infected population; affecting aphids, scales, or mites *Neozygites*
- 35a. Resting spores colourless, coloured, or dark, surfaces smooth or rough; infected host population may or may not include cadavers producing conidia but, if present, conidia not as above 36
36. When spores are gently crushed in aceto-orcein (to crack walls and partially extrude cytoplasm), nuclei are poorly stained (or unstained) and, if seen, do not have obviously granular contents (Ancylistaceae) *Conidiobolus*
- 36a. When spores are gently crushed in aceto-orcein (to crack walls and partially extrude cytoplasm), nuclei stain well and have obviously granular contents *Entomophthoraceae* (genus undetermined)
37. Sporangia ellipsoid (not globose), with a preformed dehiscence slit (may not be obvious); wall very thick, golden-brown, pitted to elaborately sculptured; affecting larvae/pupae of mosquitoes (or midges) *Coelomomyces*
- 37a. Sporangia globose or subglobose, with no visible dehiscence slit; wall relatively thin; surface with low (hexagonally) reticulated ridges; affecting terrestrial insects *Myiophagus*

ภาคผนวก ข

ข้อมูลผลการเปรียบเทียบลำดับเบสของเชื้อรา

ภาพ ข1 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต DPK01 (แถวบน) เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

```
>gb|EF411228.1| Beauveria amorpha strain BCC 1665 18S ribosomal RNA gene, parti.
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=571
Score = 861 bits (466), Expect = 0.0
Identities = 523/549 (95%), Gaps = 9/549 (1%)
Strand=Plus/Plus
Query 10 GCGGA-GGATC-TT-CCGAGTTTC-ACTCCCTAACCCCTTATGTGAACCTACCTATTGTT 65
Sbjct 27 GCGGAGGGATCATTACCGAGTTTCAACTCCCTAACCCCTTATGTGAACCTACCTATTGTT 86
Query 66 GCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCCGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCCTCA 125
Sbjct 87 GCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCCGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCCTCA 146
Query 126 AACTCTTGATTATCAGCATCTTCTGAATCCGCCGCAAGGCAAAACAATAAATCAAAAC 185
Sbjct 147 AACTCTTGATTATCAGCATCTTCTGAATCCGCCGCAAGGCAAAACAATAAATCAAAAC 206
Query 186 TTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAACGCGATAAGT 245
Sbjct 207 TTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAACGCGATAAGT 266
Query 246 AATGTGAATTGCACAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAG 305
Sbjct 267 AATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAG 326
Query 306 CATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTTTGGGGAAG 365
Sbjct 327 CATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTTTGGGGAAG 386
Query 366 TCGGCGTTGGGGACCGGCAACACACCGCCTGCCCTGAAATGGAAATGGCGGCCGTCGCGG 425
Sbjct 387 TCGGCGTTGGGGACCGGCAACACACCGCCTGCCCTGAAATGGAAATGGCGGCCGTCGCGG 446
Query 426 GCGACCTCTACGTAGTAATCCAACCTCGCCCCAGAACCAAGA-GAAGGCCACGCGGAAAA 484
Sbjct 447 GCGACCTCTGCGTAGTAATCCAACCTCGCACCG-GAACCCGACGT-GGCCACGCGGAAAA 504
Query 485 ACAACCCAACCTTCTGAACGATAACCACGAATCATGTACGACTACCCATCTGAACTTAAGC 544
Sbjct 505 ACA-CCCAACCTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCG-CTGAACTTAAGC 562
Query 545 ATATCAATA 553
Sbjct 563 ATATCAATA 571
```

ภาพ ข2 แสดงลำดับเบสเปรียบเทียบบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK01 (แถวบน) กับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

>emb|AM412779.1| Paecilomyces lilacinus partial 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and partial 28S rRNA gene
Length=575

Score = 396 bits (214), Expect = 9e-107
Identities = 324/376 (86%), Gaps = 12/376 (3%)
Strand=Plus/Plus

```

Query 12  GCGGA-GGATCA-TACCGAGTTATACAACCT-CCAAACCCACTGTGAACCTTACCTCAGTT 68
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 29  GCGGAGGATCATTACCGAGTTATACAACCTCCCAAACCCACTGTGAACCTTACCTCAGTT 88

Query 69  GCCTCGGCGGGAACGCCCCGGCCGCTGCCCGCGCCGGCTCCGGACCCAGGTGCCCGC 128
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 89  GCCTCGGCGGGAACGCCCCGGCCGCTGCCCGCGCCGGCGCCGGACCCAGGCGCCCGC 148

Query 129  CGCAGGGACCCCAAACCTCTCTTGCAATACGCCAGCGGGTGGAGTTTCTTCTCTGAGTAG 188
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 149  CGCAGGGACCCCAAACCTCTCTTGCAATACGCCAGCGGGCGGAATTTCTTCTCTGAGTTG 208

Query 189  CACAAGCAAGCAGAAATGAATCTAAACATTCAACCACGGAT-TAAATAAGTTCTGGCATC 247
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 209  CACAAGCAAAAACAAATGAATCAAAACTTTCAACAACGGATCTCT-TG-GTTCTGGCATC 266

Query 248  GATGAAGAACGAA-CACAAATGCGATAATTAATGTGAATTGTAGATTTAAGTGAAGCATC 306
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 267  GATGAAGAACGCAGCG-AAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAAATCAGTGAATCATC 325

Query 307  CAAACTTTCAAATCACATAGCACCAC-CCAACATACTAGAGAGTTTGCATGACCGAGCGT 365
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 326  GAATCTTTGAACGCACATTGCGCC-CGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGT 384

Query 366  C-TTGTGAACCTCTCGA 380
          ||||| ||||| |||||
Sbjct 385  CATT-TCAACCCTCGA 399

```

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

ภาพ ๗4 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK04 (แถวบน)
เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

>dbj|AB084138.1| Paecilomyces sp. BCMU IJ26 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete sequences
Length=2298

Score = 1042 bits (564), Expect = 0.0
Identities = 573/577 (99%), Gaps = 2/577 (0%)
Strand=Plus/Plus

```

Query 8   AGCGGA-GGATCATTACCAGAG-TTTTACAACCTCCCAACCCCTCTGTGAACCTACCTATC 65
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1721 AGCGGAGGGATCATTACCAGAGTTTACAACCTCCCAACCCCTCTGTGAACCTACCTATC 1780

Query 66  GTTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGGCCCGGACCTGGAC 125
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1781 GTTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGGCCCGGACCTGGAC 1840

Query 126 CCAGGCGGCCGCGGAGGCCCCACAACCCCTGTATCCATCAGTCTCTCTGAATCCGCCGCA 185
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1841 CCAGGCGGCCGCGGAGGCCCTACAACCCCTGTATCCATCAGTCTCTCTGAATCCGCCGCA 1900

Query 186 AGGCAAACAATGAATCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG 245
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1901 AGGCAAACAATGAATCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG 1960

Query 246 AACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTTAGTGAATCATCGAATCTTT 305
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 1961 AACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTTAGTGAATCATCGAATCTTT 2020

Query 306 GAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATCTGGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAAC 365
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2021 GAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATCTGGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAAC 2080

Query 366 CCTCGACGTCCCTGGGGACGTCCGGCTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAA 425
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2081 CCTCGACGTCCCTGGGGACGTCCGGCTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAA 2140

Query 426 TCGAGTGGCGGCCCGTCCGCGCGACCTCTGCGCAGTACTCCAGCTCGCACCGGGACCCC 485
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2141 TCGAGTGGCGGCCCGTCCGCGCGACCTCTGCGCAGTACTCCAGCTCGCACCGGGAACCC 2200

Query 486 GACGCGGCCACGCCGTAACCAACCCAACTCTGAACGTTGACCTCGGATCAGGTAGGACTA 545
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2201 GACGCGGCCACGCCGTAACCAACCCAACTCTGAACGTTGACCTCGGATCAGGTAGGACTA 2260

Query 546 CCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAA 582
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2261 CCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAA 2297

```

ภาพ ๗5 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK06 (แถวบน)
เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

>dbj|AB258367.1| Cordyceps brongniartii genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS
28S rRNA, partial and complete sequence, strain: BCMU BB06
Length=2678

Score = 983 bits (532), Expect = 0.0
Identities = 549/556 (98%), Gaps = 6/556 (1%)
Strand=Plus/Plus

```

Query 13   GCGGA-GGAT-ATT-CCGAGTTTTC-ACTCCTAACCCCTTATGTGAACCTACCTATTGTT 68
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2122  GCGGAGGGATCATTACCGAGTTTTC AACTCCTAACCCCTTATGTGAACCTACCTATTGTT 2181

Query 69   GCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCCTCA 128
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2182  GCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCCTCA 2241

Query 129  AACTCTTGATATTATCAGCATCTTCTGAATACGCCGCAAGGCAAAACAAATAAATCAAAAC 188
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2242  AACTCTTGATATTATCAGCATCTTCTGAATACGCCGCAAGGCAAAACAAATAAATCAAAAC 2301

Query 189  TTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAACGCGATAAGT 248
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2302  TTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGT 2361

Query 249  AATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAG 308
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2362  AATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAG 2421

Query 309  CATTCTGGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTTTGGGGAAG 368
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2422  CATTCTGGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTTTGGGGAAG 2481

Query 369  TCGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCGTCCGCG 428
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2482  TCGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCGTCCGCG 2541

Query 429  GCGACCTCTGCGTAGTAATCCAACCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCCGTAAAAC 488
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2542  GCGACCTCTGCGTAGTAATCCAACCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCCGTAAAAC 2601

Query 489  ACCCAACTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATAT 548
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2602  ACCCAACTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATAT 2661

Query 549  CAATA-GNCGGAGGAA 563
          ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 2662  CAATAAG-CGGAGGAA 2676

```


ภาพ ๗7 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK13 (แถวบน)
เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

>dbj|AB237657.1| Cordyceps bassiana genes for 18S rRNA, putative homing endonucl
ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete
sequence
Length=4537

Score = 968 bits (524), Expect = 0.0
Identities = 539/546 (98%), Gaps = 4/546 (0%)
Strand=Plus/Plus

```

Query 14 CGGA-GGATCATT-CCGAGTTTT-CTCCCTAACCCCTCTGTG-ACCTACCTATCGTTG 69
Sbjct 3983 CGGAGGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCTAACCCCTCTGTGAACCTACCTATCGTTG 4042

Query 70 CTTCCGGCGGACTCGCCCCAGCCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCCGCCGGGGACCTCA 129
Sbjct 4043 CTTCCGGCGGACTCGCCCCAGCCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCCGCCGGGGACCTCA 4102

Query 130 AACTCTTGATATCCAGCATCTTCTGAATACGCCGCAAGGCAAAACAAATGAATCAAAC 189
Sbjct 4103 AACTCTTGATATCCAGCATCTTCTGAATACGCCGCAAGGCAAAACAAATGAATCAAAC 4162

Query 190 TTCAACAACGGATCTCTTGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA 249
Sbjct 4163 TTCAACAACGGATCTCTTGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA 4222

Query 250 ATGTGAATTGCAGAAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGC 309
Sbjct 4223 ATGTGAATTGCAGAAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGC 4282

Query 310 ATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCCTTGGGGAGGT 369
Sbjct 4283 ATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCCTTGGGGAGGT 4342

Query 370 CGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCGNCCGCGG 429
Sbjct 4343 CGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCGTCCGCGG 4402

Query 430 CGACCTTCGCGTAGTAATACAGCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCGTAAACA 489
Sbjct 4403 CGACCTTCGCGTAGTAATACAGCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCGTAAACA 4462

Query 490 CCCAACTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACCTAAGCATATA 549
Sbjct 4463 CCCAACTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACCTAAGCATATA 4522

Query 550 AAAAAAG 555
Sbjct 4523 AATAAG 4528

```


ภาพ ข10 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK35 (แถวบน) เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

>gb|AF368802.1| Paecilomyces cateniannulatus 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
Length=577

Score = 893 bits (483), Expect = 0.0
Identities = 531/553 (96%), Gaps = 7/553 (1%)
Strand=Plus/Plus

```

Query 13  GCGGA-GGATC-TTACCAGAGTTTTTA-AACT-CCAACCCTTCTGTGAACCTACCTATCG 68
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 19  GCGGAGGGATCATTACCAGAGTTTTTACAACCTCCAACCCTTCTGTGAACCTACCTATCG 78

Query 69  TTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGCCGCGACCTGGACC 128
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 79  TTGCTTCTGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGCCGCGACCTGGACC 138

Query 129  CAGGCGGCCGCCGGAGACCCCCAAACCTGTATCCATCAGTCTTCTGAATCCGCCGCAA 188
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 139  CAGGCGGCCGCCGGAGACCCCCAAACCTGTATCCATCAGTCTTCTGAATCCGCCGCAA 198

Query 189  GGCAAACAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA 248
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 199  GGCAAACAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA 258

Query 249  ACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTCAGAAATTTAGTGAATCATCGAATCTTTG 308
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 259  ACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTCAGAAATCTAGTGAATCATCGAATCTTTG 318

Query 309  AACGCACATTGCGCCCCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACC 368
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 319  AACGCACATTGCGCCCCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACC 378

Query 369  CTCGACGTCCCCTGGGGACGTCGGCCTTGGGGACCGGCAGCCCACCGCCGGCCCTGAAAT 428
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 379  CTCGACGTCCCCTGGGGACGTCGGCCTTGGGGACCGGCAGCCCACCGCCGGCCCTGAAAT 438

Query 429  CGAGTGGCGGCCCGTCCGCGGCTACCTCTGCGCAGTAATCAAGCTCGCACCGGGAACCCC 488
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 439  CGAGTGGCGGCCCGTCCGCGGCTACCTCTGCGCAGTACTCCAGCTCGCACCGGGAACCCC 498

Query 489  ACGCGTCCACTTCGTAAAACACCCAATGTCTGAGCGTTGACCTACG-ATCATGTACGACT 547
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct 499  ACGCGCCACGTCGTAAAACACCCAAC-TCTGAACGTTGACCT-CGGATCAGGTAGGACT 556

Query 548  ACGCGGTAAACTT 560
          |||||  |||||
Sbjct 557  ACCCGCTGAACTT 569
          |||||  |||||

```

ภาพ ข11 แสดงลำดับเบสบริเวณที่เหมือนกันระหว่างเชื้อราไอโซเลต APK36 (แถวบน)
เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อจากฐานข้อมูล (แถวล่าง)

```
>gb|AY245641.1| Cordyceps sphingum strain CBS 114.22 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
Length=588

Score = 1018 bits (551), Expect = 0.0
Identities = 567/574 (98%), Gaps = 4/574 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query 8 AGCGGA-GGATCATTACCAGAGTTTTT-C-ACT-CCAACCCTTCTGTGAACCTACCTATC 63
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 15 AGCGGAGGGATCATTACCAGAGTTTTTACAACCTCCAACCCTTCTGTGAACCTACCTATC 74

Query 64 GTTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGGCCCCGGACCTGGAC 123
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 75 GTTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGTCCGGACGGCCCCGCGCCGGCCCCGGACCTGGAC 134

Query 124 CCAGGCGGCCGCGGAGACCCCCAAACTGTATCCATCAGTCTTTCTGAATCCGCCGCA 183
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 135 CCAGGCGGCCGCGGAGACCCCTTGAACCTGTATCCATCAGTCTTTCTGAATCCGCCGCA 194

Query 184 AGGCAACAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG 243
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 195 AGGCAACAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG 254

Query 244 AACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTTAGTGAATCATCGAATCTTT 303
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 255 AACGCAGCGAAACGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTTAGTGAATCATCGAATCTTT 314

Query 304 GAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAAC 363
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 315 GAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAAC 374

Query 364 CCTCGACGTCCCCTGGGGACGTCGGCCTTGGGGACCGGCAGCCACCGCCGGCCCTGAAA 423
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 375 CCTCGACGTCCCCTGGGGACGTCGGCCTTGGGGACCGGCAGCCACCGCCGGCCCTGAAA 434

Query 424 TCGAGTGGCGGCCGTCCGCGCGACCTCTGCGCAGTACTCCAGCTCGCACCGGGAACCC 483
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 435 TCGAGTGGCGGCCGTCCGCGCGACCTCTGCGCAGTACTCCAGCTCGCACCGGGAACCC 494

Query 484 GACGCGCCACGCGTAAAACACCCAACCTCTGAACGTTGACCTCGGATCAGGTAGGACTA 543
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 495 GACGCGCCACGCGTAAAACACCCAACCTCTGAACGTTGACCTCGGATCAGGTAGGACTA 554

Query 544 CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA 577
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 555 CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA 588
```

ประวัติผู้เขียน

ชื่อสกุล

นางสาวอภิรดี คำธิตี้อัสกุล

วัน เดือน ปีเกิด

3 มกราคม 2525

ประวัติการศึกษา

สำเร็จการศึกษาปริญญาตรี วิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาวิชาชีววิทยา
คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่
ปีการศึกษา 2546

สถานที่ติดต่อ

บ้านเลขที่ 10 หมู่ 6 ต.วังทรายคำ อ.วังเหนือ จ.ลำปาง 52140
โทรศัพท์ 081-6723549

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright © by Chiang Mai University

All rights reserved