Jurnal Biologi Tropis

Original Research Paper

Analysis of Phylogenetic Relationships Among Ganoderma Species Based on Internal Transcribed Spacer (ITS) Sequences

Zahra Mediana & Joshua H. L. Tobing*
Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Advent Indonesia, Bandung, Indonesia;

Article History
Received : November 16th, 2026
Revised : November 22th, 2026
Accepted : November 26th, 2026

*Corresponding Author: **Joshua H. L. Tobing**, Dosen Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Advent Indonesia, Bandung, Indonesia;
Email: jtobing@unai.edu

Abstract: This study aimed to analyze the phylogenetic relationships among *Ganoderma* species based on Internal Transcribed Spacer (ITS) sequences and identify species closely related to *Ganoderma lingzhi*, which is known for its diverse bioactive properties. A total of 85 ITS sequences of *Ganoderma* were retrieved from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank database in FASTA format. The sequences were aligned using the ClustalW method in Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) version 12. After alignment and trimming, 53 sequences were retained for phylogenetic analysis using the Neighbor-Joining method. The phylogenetic tree revealed several distinct groups, with bootstrap values ranging from 12 to 100. Relatively close phylogenetic relationships were observed between *G. artocarpicola* and *G. bubalinmarginatum*, *G. applanatum* and *G. obscuratum*, and *G. ellipsoideum* and *G. gibbosum*. Furthermore, *G. lingzhi* showed relatively close phylogenetic relationships with *G. ravenelii*, *G. curtisii*, *G. shanxiense*, *G. obscuratum*, and *G. applanatum*, with bootstrap values ranging from 57 to 97. These findings demonstrate that ITS sequences can be used to characterize genetic variation and infer phylogenetic relationships among *Ganoderma* species. The identified phylogenetic relationships provide a preliminary basis for further investigations into the bioactive potential of other *Ganoderma* species.

Keywords: Anticancer; Anti-inflammatory; Antibacterial; Ganoderma; Internal Transcribed Spacer.

Pendahuluan

Ganoderma merupakan salah satu genus fungi yang memiliki keragaman spesies dan tersebar luas, terutama di wilayah tropis dan subtropis. Berdasarkan taksonomi, genus ini mencakup sekitar 300 spesies yang tersebar di berbagai wilayah dunia (Petruzello, 2022). Sebagian besar spesies *Ganoderma* berasosiasi dengan kayu dan berperan sebagai jamur pelapuk yang membantu proses dekomposisi serta daur ulang nutrien dalam ekosistem (Mardones *et al*., 2023). Selain memiliki peran ekologis, genus ini juga penting dalam bidang ekonomi, medis, dan bioteknologi sehingga identifikasi spesies secara tepat diperlukan untuk mendukung berbagai kajian ilmiah (He *et al*., 2022).

Beberapa spesies *Ganoderma* diketahui memiliki potensi farmakologis karena mengandung senyawa bioaktif, seperti triterpenoid dan polisakarida, yang berkaitan dengan aktivitas antioksidan, antiinflamasi, antikanker, dan antibakteri. Aktivitas tersebut telah dilaporkan pada beberapa spesies, antara lain *G. lingzhi*, *G. tsugae*, *G. applanatum*, *G. curtisii*, *G. neo-japonicum*, dan *G. resinaceum* (Surahmaida, 2017; Thang *et al*., 2013; Shi *et al*., 2020; Yang *et al*., 2022; Lau *et al*., 2024). Di sisi lain, beberapa spesies *Ganoderma*, seperti *G. multipileum*, *G. boninense*, *G. bubalinmarginatum*, dan *G. brownii*, diketahui berasosiasi secara parasitik dengan tanaman (Thuy *et al*., 2023). Karunarathna *et al*. (2024) juga melaporkan sejumlah spesies *Ganoderma*,

This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.

© 2026 The Author(s). This article is open access

termasuk *G. australe*, *G. pfeifferi*, *G. resinaceum*, dan *G. ellipsoideum*, yang berasosiasi dengan akar tanaman teh. Keragaman karakter ekologis dan bioaktivitas tersebut menunjukkan pentingnya pengenalan serta identifikasi setiap spesies secara akurat.

Salah satu spesies yang banyak dikenal karena potensi farmakologisnya adalah *Ganoderma lingzhi*. Spesies ini telah dimanfaatkan dalam pengobatan tradisional Asia dan dilaporkan memiliki berbagai aktivitas biologis, antara lain antitumor, antikanker, antihipertensi, penurun kolesterol, serta aktivitas imunomodulator (Zhou *et al*., 2015). Karakteristik tersebut menjadikan *G. lingzhi* relevan sebagai spesies acuan dalam kajian hubungan kekerabatan untuk mengidentifikasi spesies lain yang memiliki kedekatan filogenetik. Namun, kedekatan hubungan filogenetik tidak secara langsung menunjukkan kesamaan kandungan senyawa maupun aktivitas farmakologis sehingga diperlukan pengujian lanjutan untuk membuktikan potensi biologis spesies yang berkerabat dekat.

Identifikasi dan klasifikasi spesies *Ganoderma* memiliki tantangan karena terdapat kemiripan karakter morfologi serta kompleksitas hubungan kekerabatan antarspesies. Oleh karena itu, identifikasi tidak cukup hanya didasarkan pada karakter morfologi, tetapi perlu didukung oleh pendekatan molekuler. Sejumlah penelitian menunjukkan bahwa penggunaan data sekuens DNA dapat membantu membedakan spesies dan memperjelas hubungan filogenetik dalam genus *Ganoderma* (Zhou *et al*., 2015; Xing *et al*., 2018; He *et al*., 2021; Sun *et al*., 2022; dan He *et al*., 2024). Salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan untuk identifikasi fungi adalah daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS). ITS direkomendasikan sebagai penanda DNA barcode utama untuk Kingdom Fungi karena memiliki tingkat keberhasilan identifikasi yang relatif tinggi. Daerah ini terdiri atas ITS1 dan ITS2 yang dipisahkan oleh gen 5.8S rRNA dalam unit DNA ribosomal nuklir (Schoch *et al.*, 2012 dan Fryssouli *et al*., 2020)**.** Penggunaan ITS juga memberikan informasi sekuens yang dapat dimanfaatkan untuk membandingkan dan mengidentifikasi taksa fungi (Raja *et al*., 2017).

Pemanfaatan penanda ITS telah diterapkan dalam analisis taksonomi dan hubungan kekerabatan *Ganoderma.* Mardones *et al*., (2023). misalnya, menggunakan data ITS untuk mendukung identifikasi dan penempatan filogenetik sejumlah spesies *Ganoderma* di Costa Rica. Meskipun demikian, analisis hubungan kekerabatan pada genus ini dapat diperkuat melalui penggunaan beberapa penanda genetik, seperti ITS, LSU, TEF1-α, dan RPB2, untuk memperoleh informasi filogenetik yang lebih komprehensif (He *et al*., 2022; Luangharn *et al*., 2021). Dengan demikian, analisis berbasis ITS dapat menjadi pendekatan awal untuk mengevaluasi kedekatan genetik antarspesies, meskipun hasilnya perlu ditafsirkan sesuai keterbatasan penggunaan satu penanda molekuler.

Analisis hubungan kekerabatan berdasarkan sekuens DNA memerlukan perangkat lunak bioinformatika untuk melakukan penyelarasan sekuens dan rekonstruksi pohon filogenetik. Salah satu perangkat lunak yang dapat digunakan adalah *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA) versi 12. Perangkat lunak ini menyediakan fasilitas untuk analisis data molekuler dan inferensi hubungan evolusioner berdasarkan sekuens DNA maupun protein (Kumar *et al*., 2024). Penggunaan MEGA 12 memungkinkan analisis hubungan kekerabatan antarspesies *Ganoderma* berdasarkan kesamaan dan perbedaan sekuens ITS.

Berdasarkan uraian tersebut, penelitian ini dilakukan untuk menganalisis hubungan kekerabatan antarspesies *Ganoderma* berdasarkan sekuens ITS dan mengidentifikasi spesies yang memiliki kedekatan filogenetik dengan *G. lingzhi*. Kebaruan penelitian ini terletak pada analisis komparatif sekuens ITS sejumlah spesies *Ganoderma* yang tersedia dalam basis data GenBank untuk mengidentifikasi kelompok spesies yang berkerabat dekat dengan *G. lingzhi*. Hasil penelitian diharapkan dapat memberikan informasi awal mengenai keragaman genetik dan hubungan filogenetik genus *Ganoderma*, sekaligus menjadi dasar bagi penelitian lanjutan untuk mengevaluasi potensi bioaktif spesies lain yang memiliki kedekatan kekerabatan dengan *G. lingzhi*.

Bahan dan Metode

Waktu dan tempat penelitian

Penelitian dilaksanakan pada Agustus–September 2026 di Laboratorium Biometrik, Universitas Advent Indonesia. Penelitian ini menggunakan pendekatan bioinformatika dengan menganalisis data sekuens DNA yang diperoleh dari basis data publik *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) GenBank.

Pengambilan data sekuens

Data yang digunakan berupa 85 sekuens *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari genus *Ganoderma* yang diperoleh melalui basis data NCBI GenBank (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/). Sekuens diunduh dalam format FASTA untuk selanjutnya digunakan dalam analisis filogenetik. Setiap sekuens diperiksa berdasarkan identitas spesies, nomor akses (*accession number*), dan kelengkapan informasi sekuens. Seluruh data yang diperoleh kemudian disimpan dalam satu folder dengan format FASTA untuk memudahkan proses pengelolaan dan penyelarasan sekuens.

Penyelarasan Sekuens (*Multiple Sequence Alignment*)

Sebanyak 85 sekuens ITS yang telah diperoleh selanjutnya diperiksa untuk memastikan bahwa data berupa sekuens nukleotida dan sesuai dengan objek penelitian. Penyelarasan sekuens dilakukan menggunakan perangkat lunak *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA) versi 12 dengan metode ClustalW. Proses ini bertujuan menyelaraskan posisi nukleotida homolog dari seluruh sekuens sehingga dapat dilakukan perbandingan berdasarkan kesamaan dan perbedaan susunan nukleotida. Hasil penyelarasan selanjutnya diperiksa untuk mengidentifikasi bagian sekuens yang tidak lengkap, memiliki celah (*gap*), atau menunjukkan perbedaan cakupan yang dapat memengaruhi analisis filogenetik.

Seleksi dan Pemotongan Sekuens Spesies

Setelah proses penyelarasan, dilakukan pemeriksaan terhadap kelengkapan dan keseragaman cakupan sekuens. Dari 85 sekuens awal, ditemukan 32 sekuens yang memiliki bagian terminal sebelah kanan tidak lengkap atau menunjukkan cakupan sekuens yang lebih pendek dibandingkan sekuens lainnya, dengan rentang posisi situs 537–678 pada hasil penyelarasan. Sekuens tersebut dievaluasi berdasarkan kelengkapan daerah yang dapat dibandingkan dan kesesuaiannya dengan cakupan sekuens lainnya.

Untuk menghindari perbandingan pada daerah yang tidak homolog atau memiliki terlalu banyak data yang hilang, dilakukan seleksi terhadap sekuens yang memenuhi kriteria kelengkapan dan keseragaman cakupan. Berdasarkan proses tersebut, sebanyak 53 sekuens dipertahankan untuk analisis filogenetik, sedangkan 32 sekuens tidak disertakan dalam analisis lanjutan. Hasil seleksi kemudian disimpan dalam format MEGA untuk digunakan dalam penelitian ini.

Pembuatan Pohon kekerabatan

Analisis hubungan kekerabatan dilakukan terhadap 53 sekuens ITS yang telah melalui proses penyelarasan dan seleksi. Rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan menggunakan perangkat lunak MEGA versi 12 dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ). Metode ini digunakan untuk merekonstruksi hubungan kekerabatan berdasarkan jarak genetik antarspesies yang dihitung dari perbedaan susunan nukleotida.

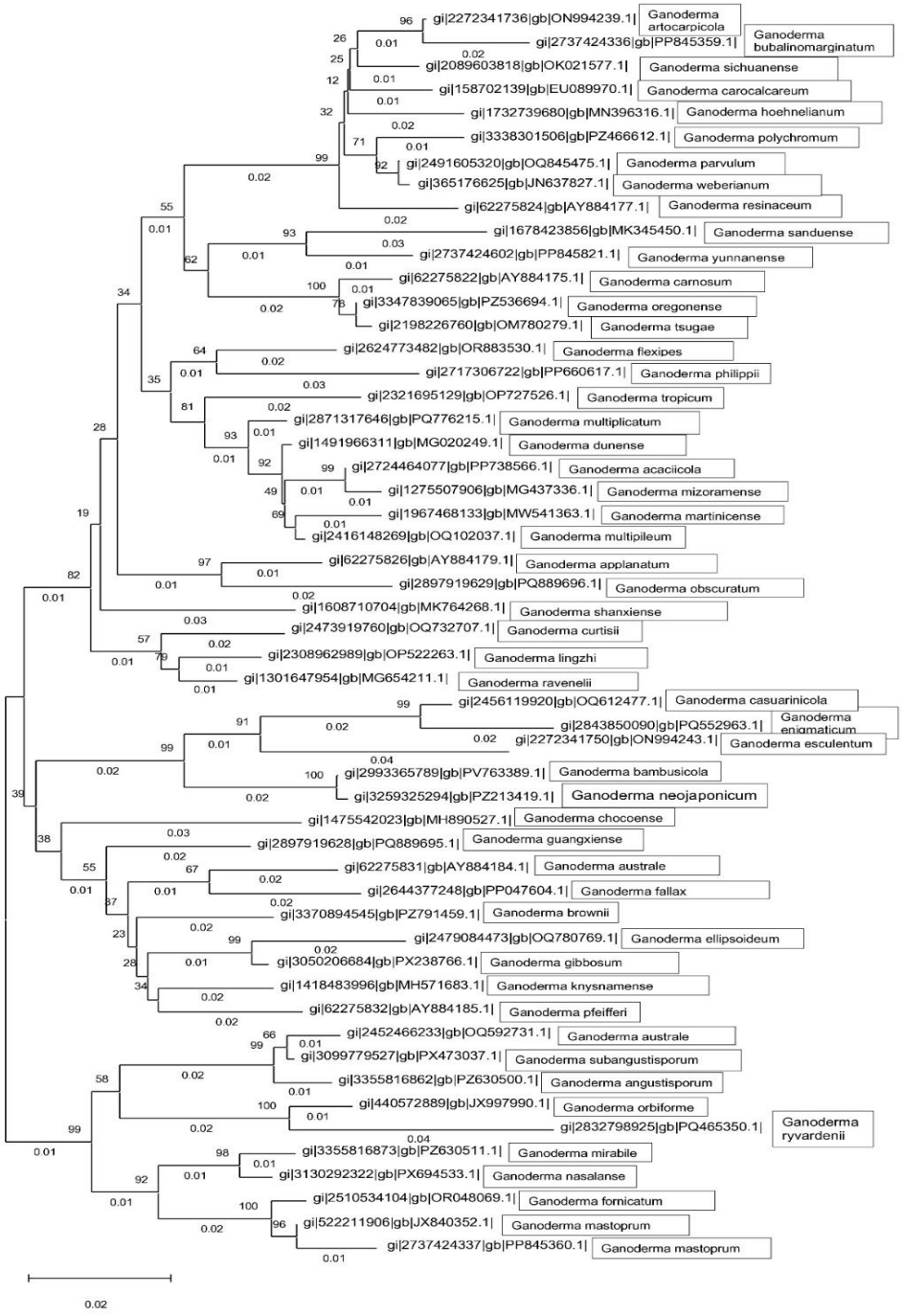
Keandalan percabangan pohon filogenetik dievaluasi menggunakan analisis *bootstrap* sebanyak 1.000 kali. Nilai *bootstrap* digunakan untuk menggambarkan tingkat dukungan terhadap setiap percabangan dalam pohon filogenetik. Hasil analisis selanjutnya digunakan untuk mengidentifikasi kelompok spesies yang memiliki kedekatan filogenetik dengan *Ganoderma lingzhi* berdasarkan pola pengelompokan dan nilai dukungan *bootstrap*.

Hasil dan Pembahasan

Analisis Filogenetik Sekuens ITS *Ganoderma*

Hasil analisis filogenetik terhadap 53 sekuens *Ganoderma* berdasarkan daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) menunjukkan terbentuknya beberapa kelompok kekerabatan dengan pola percabangan yang beragam

(Gambar 1). Nilai *bootstrap* berkisar antara 12–100. Percabangan dengan nilai 93–100 menunjukkan dukungan yang kuat, sedangkan nilai rendah, yaitu 12, 19, 23, 25, 26, 28, dan 34, menunjukkan dukungan yang lemah sehingga interpretasinya perlu dilakukan secara hati-hati.



Gambar 1. Hasil Analisis Berdasarkan Sekuens ITS Antarspesies Ganoderma dengan Menggunakan MEGA 12

Nilai *bootstrap* menggambarkan tingkat konsistensi suatu percabangan berdasarkan pengulangan pengambilan sampel data. Kondisi ini relevan karena genus *Ganoderma* memiliki kompleksitas taksonomi dan kemiripan karakter morfologi antarspesies. Fryssouli *et al.* (2020), melalui analisis terhadap 3.908 sekuens ITS, juga menemukan sejumlah sekuens *Ganoderma*

dalam basis data publik yang memiliki identitas kurang tepat atau belum terverifikasi. Temuan tersebut menunjukkan bahwa ITS bermanfaat untuk analisis kekerabatan, tetapi belum selalu mampu membedakan seluruh batas spesies secara jelas.

Berdasarkan topologi pohon filogenetik, beberapa spesies menunjukkan kedekatan kekerabatan, yaitu *G. artocarpicola* dengan *G. bubalinomarginatum*, *G. applanatum* dengan *G. obscuratum*, serta *G. ellipsoideum* dengan *G. gibbosum*. Kedekatan antara *G. artocarpicola* dan *G. bubalinomarginatum* sejalan dengan penelitian He *et al.* (2022), yang melaporkan bahwa kedua spesies tersebut membentuk kelompok saudara (*sister clade*) berdasarkan analisis gabungan penanda ITS, nrLSU, TEF1-α, dan RPB2. Meskipun demikian, penelitian ini hanya menggunakan penanda ITS sehingga pengelompokan yang diperoleh masih memberikan gambaran awal hubungan kekerabatan berdasarkan satu wilayah DNA. Oleh karena itu, kedekatan topologi antarspesies perlu dipertimbangkan bersama nilai *bootstrap* pada masing-masing percabangan.

Salah satu fokus penelitian ini adalah mengidentifikasi spesies yang memiliki kedekatan filogenetik dengan *G. lingzhi*. Hasil analisis menunjukkan bahwa *G. lingzhi* memiliki kedekatan hubungan filogenetik dengan *G. ravenelii*, *G. curtisii*, *G. shanxiense*, *G. obscuratum*, dan *G. applanatum*, dengan nilai *bootstrap* berkisar antara 57–97. Rentang nilai tersebut menunjukkan tingkat dukungan percabangan yang bervariasi, mulai dari sedang hingga kuat. Hasil ini memberikan informasi mengenai kelompok spesies yang memiliki kedekatan genetik dengan *G. lingzhi* berdasarkan sekuens ITS. Namun, kedekatan filogenetik tersebut belum dapat digunakan untuk menyimpulkan bahwa spesies-spesies tersebut memiliki kandungan senyawa bioaktif atau aktivitas farmakologis yang sama. Diperlukan penelitian lanjutan melalui analisis fitokimia dan pengujian aktivitas biologis untuk membuktikan potensi tersebut.

Kompleksitas hubungan filogenetik *Ganoderma* juga dilaporkan oleh Zhou *et al.* (2015), yang mengidentifikasi 13 spesies dalam kompleks *G. lucidum* dan menemukan tiga kelompok filogenetik dengan tingkat dukungan percabangan yang bervariasi. Penelitian Xing *et al.* (2018) serta He *et al.* (2021) menunjukkan bahwa kombinasi karakter morfologi dan beberapa penanda molekuler dapat membantu membedakan spesies yang memiliki kemiripan morfologi. Temuan tersebut diperkuat oleh Luangharn *et al.* (2021), yang mengidentifikasi 22 spesies *Ganoderma* menggunakan karakter morfologi dan gabungan penanda ITS, LSU, TEF1-α, serta RPB2. Sementara itu, Sun *et al.* (2022) dan He *et al.* (2024) menegaskan pentingnya penggabungan karakter morfologi dan data multilokus dalam penentuan posisi taksonomi serta hubungan kekerabatan spesies *Ganoderma*. Dengan demikian, hasil penelitian ini mendukung penggunaan ITS sebagai salah satu penanda untuk menggambarkan hubungan filogenetik, meskipun penggunaan penanda tambahan diperlukan untuk memperkuat identifikasi dan penentuan posisi taksonomi spesies.

Panjang cabang (*branch length*) pada pohon filogenetik berkisar antara 0,01–0,04. Perbedaan panjang cabang tersebut menunjukkan adanya variasi jarak genetik antarsekuens yang dianalisis. Cabang yang lebih pendek menunjukkan jarak genetik relatif lebih kecil, sedangkan cabang yang lebih panjang menunjukkan jarak genetik relatif lebih besar berdasarkan model perhitungan yang digunakan. Interpretasi jarak genetik tersebut perlu mempertimbangkan skala pohon, pola percabangan, dan nilai *bootstrap*. Zhou *et al.* (2015) serta Luangharn *et al.* (2021) juga melaporkan adanya variasi pola pengelompokan dan hubungan kekerabatan antarspesies *Ganoderma* melalui analisis molekuler. Dengan demikian, variasi panjang cabang dalam penelitian ini memberikan gambaran mengenai perbedaan tingkat kemiripan sekuens ITS antarspesies yang dianalisis.

Secara keseluruhan, analisis terhadap 53 sekuens ITS menunjukkan bahwa penanda ITS dapat memberikan informasi awal mengenai variasi genetik dan hubungan kekerabatan antarspesies *Ganoderma*. Hasil penelitian ini sejalan dengan berbagai penelitian terdahulu yang menunjukkan pentingnya pendekatan molekuler dalam identifikasi dan analisis filogenetik genus *Ganoderma* (Zhou *et al*., 2015; Xing *et al*., 2018; Fryssouli *et al*., 2020; He *et al*., 2021; Luangharn *et al*., 2021; Sun *et al*., 2022; He *et al*., 2022; He *et al*., 2024). Namun,

keberadaan beberapa percabangan dengan nilai *bootstrap* rendah menunjukkan bahwa dukungan terhadap sebagian kelompok masih terbatas. Oleh karena itu, hasil filogenetik berdasarkan ITS perlu dikonfirmasi melalui karakter morfologi dan analisis multilokus menggunakan penanda tambahan, seperti nrLSU, TEF1-α, dan RPB2. Hasil penelitian ini dapat menjadi dasar awal untuk menentukan spesies *Ganoderma* yang perlu dikaji lebih lanjut, khususnya dalam mengevaluasi potensi bioaktif spesies yang memiliki kedekatan filogenetik dengan *G. lingzhi*.

Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis filogenetik menggunakan sekuens ITS, diketahui bahwa *Ganoderma lingzhi* memiliki kedekatan hubungan kekerabatan dengan *G. ravenelii*, *G. curtisii*, *G. shanxiense*, *G. obscuratum*, dan *G. applanatum*, dengan nilai *bootstrap* berkisar antara 57–97. Selain itu, *G. applanatum* menunjukkan hubungan kekerabatan dengan *G. multipileum*, yang diketahui memiliki karakter ekologis sebagai jamur patogen. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa sekuens ITS dapat digunakan untuk memberikan gambaran awal mengenai variasi genetik dan hubungan kekerabatan antarspesies *Ganoderma*. Kedekatan filogenetik beberapa spesies dengan *G. lingzhi* memberikan dasar untuk penelitian lanjutan mengenai potensi bioaktif spesies tersebut melalui analisis fitokimia dan pengujian aktivitas biologis. Dengan demikian, spesies *Ganoderma* yang belum banyak diteliti, termasuk yang memiliki karakter ekologis sebagai patogen, dapat dipertimbangkan sebagai objek penelitian untuk mengeksplorasi potensi senyawa bioaktifnya.

Ucapan Terima Kasih

Terima kasih penulis ucapkan kepada semua pihak yang terlibat dalam penelitian ini, sehingga penelitian ini dapat diselesaikan dengan baik.

Referensi

Fryssouli, V., Zervakis, G. I., Polemis, E., & Typas, M. A. (2020). A global meta-analysis of ITS rDNA sequences from material belonging to the genus *Ganoderma* (Basidiomycota, Polyporales), including new data from selected taxa. *MycoKeys, 75*, 71–143. https://doi.org/10.3897/mycokeys.75.59872

He, J., Han, X., Luo, Z. L., Li, E. X., Tang, S. M., Luo, H. M., Niu, K. Y., Su, X. J., & Li, S. H. (2022). Species diversity of *Ganoderma* (Ganodermataceae, Polyporales) with three new species and a key to *Ganoderma* in Yunnan Province, China. *Frontiers in Microbiology, 13*, Article 1035434. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1035434

He, J., Li, X. J., Tan, W. Z., Wu, X. Q., Wu, D., Luo, Z. L., Zhou, Q. W., Li, E. X., & Li, S. H. (2024). Two new species of *Ganoderma* (Ganodermataceae, Basidiomycota) from Southwest China. *MycoKeys, 106*, 97–116. https://doi.org/10.3897/mycokeys.106.121526

He, J., Luo, Z. L., Tang, S. M., Li, Y. J., Li, S. H., & Su, H. Y. (2021). Phylogenetic analyses and morphological characters reveal two new species of *Ganoderma* from Yunnan Province, China. *MycoKeys, 84*, 141–162. https://doi.org/10.3897/mycokeys.84.69449

Karunarathna, S. C., Patabendige, N. M., Lu, W., Asad, S., & Hapuarachchi, K. K. (2024). An in-depth study of phytopathogenic *Ganoderma*: Pathogenicity, advanced detection techniques, control strategies, and sustainable management. *Journal of Fungi, 10*(6), Article 414. https://doi.org/10.3390/jof10060414

Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). MEGA12: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution, 41*(12), Article msae263. https://doi.org/10.1093/molbev/msae263

Lau, M. F., Phan, C. W., Sabaratnam, V., & Kuppusamy, U. R. (2024). Bibliometric, taxonomic, and medicinal perspectives of *Ganoderma neo-japonicum* Imazeki: A mini review. *Mycology, 15*(3), 360–373. https://doi.org/10.1080/21501203.2024.23

02028

Luangharn, T., Karunarathna, S. C., Dutta, A. K., Paloi, S., Promputtha, I., Hyde, K. D., & Xu, J. (2021). *Ganoderma* (Ganodermataceae, Basidiomycota) species from the Greater Mekong Subregion. *Journal of Fungi, 7*(10), Article 819. https://doi.org/10.3390/jof7100819

Mardones, M., Carranza-Velázquez, J., Mata-Hidalgo, M., Amador-Fernández, X., & Urbina, H. (2023). Taxonomy and phylogeny of the genus *Ganoderma* (Polyporales, Basidiomycota) in Costa Rica. *MycoKeys, 100*, 5–47. https://doi.org/10.3897/mycokeys.100.106810

Petruzzello, M. (2022, May 4). *Ganoderma*. Encyclopaedia Britannica. https://www.britannica.com/science/Ganoderma

Raja, H. A., Miller, A. N., Pearce, C. J., & Oberlies, N. H. (2017). Fungal identification using molecular tools: A primer for the natural products research community. *Journal of Natural Products, 80*(3), 756–770. https://doi.org/10.1021/acs.jnatprod.6b01085

Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., Chen, W., Bolchacova, E., Voigt, K., Crous, P. W., Miller, A. N., Wingfield, M. J., Aime, M. C., An, K. D., Bai, F. Y., Barreto, R. W., Begerow, D., Bergeron, M. J., Blackwell, M., ... Schindel, D. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 109*(16), 6241–6246. https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109

Shi, Q. Q., Huang, Y. J., Su, H. G., Gao, Y., Lu, S. Y., Peng, X. R., Li, X. N., Zhou, L., & Qiu, M. H. (2020). Structurally diverse lanostane triterpenoids from medicinal and edible mushroom *Ganoderma resinaceum* Boud. *Bioorganic Chemistry, 100*, Article 103871. https://doi.org/10.1016/j.bioorg.2020.103871

Sun, Y. F., Xing, J. H., He, X. L., Wu, D. M., Song, C. G., Liu, S., Vlasák, J., Gates, G., Gibertoni, T. B., & Cui, B. K. (2022). Species diversity, systematic revision and molecular phylogeny of Ganodermataceae (Polyporales, Basidiomycota) with an emphasis on Chinese collections. *Studies in Mycology, 101*, 287–415. https://doi.org/10.3114/sim.2022.101.05

Surahmaida. (2018). Review: Potensi berbagai spesies *Ganoderma* sebagai tanaman obat. *Journal Pharmasci (Journal of Pharmacy and Science), 2*(1), 17–21. https://doi.org/10.53342/pharmasci.v2i1.61

Thang, T. D., Kuo, P. C., Hwang, T. L., Yang, M. L., Ngoc, N. T. B., Han, T. T. N., Lin, C. W., & Wu, T. S. (2013). Triterpenoids and steroids from *Ganoderma mastoporum* and their inhibitory effects on superoxide anion generation and elastase release. *Molecules, 18*(11), 14285–14292. https://doi.org/10.3390/molecules181114285

Thuy, N. H. L., Tu, V. L., Thu, L. N. A., Giang, T. T., Huyen, D. T. K., Loc, D. H., Tam, D. N. H., Phat, N. T., Huynh, H. H., Truyen, T. T. T. T., Nguyen, Q. H., Do, U., Nguyen, D., Dat, T. V., & Minh, L. H. N. (2023). Pharmacological activities and safety of *Ganoderma lucidum* spores: A systematic review. *Cureus, 15*(9), Article e44574. https://doi.org/10.7759/cureus.44574

Xing, J. H., Sun, Y. F., Han, Y. L., Cui, B. K., & Dai, Y. C. (2018). Morphological and molecular identification of two new *Ganoderma* species on *Casuarina equisetifolia* from China. *MycoKeys, 34*, 93–108. https://doi.org/10.3897/mycokeys.34.22593

Yang, L., Kong, D. X., Xiao, N., Ma, Q. Y., Xie, Q. Y., Guo, J. C., Ying Deng, C., Ma, H. X., Hua, Y., Dai, H. F., & Zhao, Y. X. (2022). Antidiabetic lanostane triterpenoids from the fruiting bodies of *Ganoderma weberianum*. *Bioorganic Chemistry, 127*, Article 106025. https://doi.org/10.1016/j.bioorg.2022.106025

Zhou, L. W., Cao, Y., Wu, S. H., Vlasák, J., Li, D. W., Li, M. J., & Dai, Y. C. (2015).

Global diversity of the *Ganoderma lucidum* complex (Ganodermataceae, Polyporales) inferred from morphology and multilocus phylogeny. *Phytochemistry, 114*, 7–15. https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2014.09.023