

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : BGJ4580020

ชื่อโครงการ : การบ่งบอกระดับบอณของพยาธิใบไม้ *Stellantchasmus falcatus*

Onji & Nishino, 1916

ชื่อนักวิจัย : รศ.ดร.ชโลบล วงศ์สวัสดิ์

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

นายประลองยุทธ ศรีपालวิทย์

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Prof.Dr. Jong-Yil Chai

Department of Parasitology and Tropical
Medicine, College of Medicine,
Seoul National University

รศ.ดร.สมบูรณ์ อนันดลาโภชัย

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

E-mail Address : cwongsawd@yahoo.com

ระยะเวลาโครงการ : 1 ปี

การวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของพยาธิใบไม้ 6 ชนิด (*Stellantchasmus falcatus*, *Haplorchis taichui*, *Centrocestus caninus*, *Metagonimus yokogawai*, *Haplorchoides* sp. และ *Opisthorchis viverrini*) โดยเทคนิค high annealing temperature - random amplification of polymorphic DNA (HAT-RAPD) จากการใช้ arbitrary primer ความยาว 10 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 20 primers เพื่อเพิ่มปริมาณ DNA แบบสุ่ม ซึ่งใช้ genomic DNA ของพยาธิเป็นแท่นพิมพ์ ด้วยวิธี PCR พบว่ามี 19 primers สามารถสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ ซึ่งมีแบบแผนลายพิมพ์ที่แตกต่างกันระหว่างพยาธิ 6 ชนิดได้ และพบแถบดีเอ็นเอขนาด 382 คู่เบสในแบบแผนลายพิมพ์ดีเอ็นเอจาก primer OPA-08 (GTGACGTAGG) ซึ่งพบเฉพาะใน *S. falcatus* จึงนำไปหาลำดับเบส จากข้อมูลที่ได้นำไปออกแบบ specific primer 1 คู่ คือ 5'-GTGACGTAGGACCTTAAACAG-3' และ 5'-GTGACGTAGGTAGCCCAGGTAGCGCGT-3' ซึ่งสามารถสร้างดีเอ็นเอสายใหม่เฉพาะใน *S. falcatus*

คำหลัก : *Stellantchasmus falcatus*, heterophyidae, detection

Abstract

Project code : BGJ4580020

Projecti Title : Molecular identification of trematode, *Stellantchasmus falcatus*

Onji & Nishino, 1916

Investigater :

Assoc.Prof. Chalobol Wongsawad

Department of Biology, Faculty of
Scinece, Chaing Mai University

Mr. Pralongyut Sripalwit

Department of Biology, Faculty of
Scinece, Chaing Mai University

Prof.Dr. Jong-Yil Chai

Department of Parasitology and
Tropical Medicine, College of
Medicine, Seoul National University

Assoc.Prof. Somboon Anantalabhochai

Department of Biology, Faculty of
Scinece, Chaing Mai University

E-mail Address : cwongsawd@yahoo.com

Project Period : 1 year

Genomic DNA from four heterophyid flukes (*Stellantchasmus falcatus*, *Haplorchis taichui*, *Centrocestus caninus* and *Metagonimus yokogawai*) and two other flukes (*Haplorchoides* sp. and *Opisthorchis viverrini*) were amplified by the high annealing temperature random amplification of polymorphic DNA (HAT-RAPD) technique. Out of 20 random 10-mer oligonucleotide primers (Operon Technologies Inc.), 19 primers produced DNA polymorphism among those genomic DNA. A unique of 382-bp band generated by the OPA08 primer (GTGACGTAGG) was found in HAT-RAPD pattern of *S. falcatus*. Subsequently, this band was excised and sequenced. Based on sequence data, a pair of specific primers was designed to detect *S. falcatus*; 5'-GTGACGTAGGACCTTAAACAG-3' and 5'-GTGACGTAGGTAGCCCAGGTAGCGCGT-3'.

Keywords : *Stellantchasmus falcatus*, heterophyidae, detection