

Abstract

Project Code: TRG 5880021

Project Title: DNA barcode identification of cercariae from snails in family Bithyniidae, Thailand

Investigator: Miss Jutharat Kulsantiwong, Department Biology, Faculty of Science, Udon Thani Rajabhat University, 64 Tahan Road, Udon Thani, 41000 THAILAND

E-mail Address: Jutharat_kulsantiwong@yahoo.com

Project Period: 2 Years

The prevalence of trematode infection from snail in family Bithyniidae. Nine types of cercariae were identified as virgulate, monostome, furcocercous, amphistome, armatae, cystocercous, pleurolophocercous, *O. viverrini* and unknown. The highest prevalence of trematode infection was virgulate at 11.53% and following armatae about 1.35%. From Udon Thani Province, Piboonruk, Nong Wua So, and Kut Chap District were found the prevalence of *O. viverrini* infection as 0.22%, 0.08%, and 0.02%, respectively. The higher percentage of trematode infection was found in smaller sized snails (2-6 mm) by 73.54% (278/378) whereas medium-sized snails (6.1 to 10 mm) showed 26.46% (100/378). The average size of the PCR products obtained was 700 bp. The Study of mitochondrial DNA of cytochrome oxidase subunit I (COI) was used as a DNA barcode to identifying cercariae in Bithyniidae from Thailand. Analyses of 51 specimens indicated that the COI gene delivered types of cercaria identification for 7 from 9 currently recognized types. The majority of successful sequences analyzed were greater than 410 bp (mean 652.5±6.4 bp range = 410 - 895 bp), and no insertions, deletions, or stop codons were observed. Adenosine-Thyamine (AT) content was calculated for all sequences longer than 400bp (51 sequences) a strong AT content (total average=62.7% for all codons positions for all cercariae types) was observed. We present the first molecular and morphological characterization of the cercariae from snails in family Bithyniidae based on a phylogenetic analysis of partial fragments of COI.

Keywords: DNA Barcode, Bithyniid snail, Cercariae

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG 5880021

ชื่อโครงการ: การใช้ DNA barcode ในการจำแนกพยาธิตะยะเซอร์คาเรียในหอยวงศ์ Bithyniidae จากประเทศไทย

ชื่อนักวิจัย: นางสาวจุฑารัตน์ กุลสันติวงศ์ สาขาวิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรธานี เลขที่ 64 ถ.ทหาร ต.หมากแข้ง อ.เมือง จังหวัดอุดรธานี 41000 ประเทศไทย

E-mail Address: Jutharat_kulsantiwong@yahoo.com

ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี

ความชุกของการติดเชื้อพยาธิใบไม้ จากหอยวงศ์ Bithyniidae จากการศึกษาพบพยาธิตะยะเซอร์คาเรียทั้งหมด 9 types ได้แก่ virgulate, monostome, furcocercous, amphistome, armatae, cystocercous, pleurolophocercous, *Opisthorchis viverrini* และไม่สามารถจำแนกได้อีก 1 ชนิด นอกจากนี้ยังพบว่าความชุกของการติดเชื้อ virgulate มีมากที่สุดเท่ากับ 11.53% รองลงมาคือ armata เท่ากับ 1.35% ในจังหวัดอุดรธานี ได้แก่ อำเภอบึงสามพัน อำเภอนงนุช และอำเภอกุดจับ พบว่ามีความชุกของพยาธิ *O. viverrini* เท่ากับ 0.22%, 0.08% และ 0.02% ตามลำดับ จำนวนเปอร์เซ็นต์ของการติดเชื้อพยาธิใบไม้พบมากในหอยที่มีขนาดเล็ก (2-6 มิลลิเมตร) คิดเป็น 73.54% (278/378) ในขณะที่หอยขนาดกลาง (6.1-10 มิลลิเมตร) พบว่ามี 26.46% (100/378) ขนาดของ PCR product เฉลี่ยอยู่ที่ 700 คู่เบส การศึกษาดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรียยีน cytochrome oxidase subunit I (COI) เพื่อนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ด เพื่อจำแนกพยาธิใบไม้ระยะเซอร์คาเรียทั้งหมด 9 types ในหอยวงศ์ Bithyniidae จากประเทศไทย จาก 51 ตัวอย่าง ยีน COI สามารถระบุ types ได้ 7 types จาก 9 types และลำดับเบสที่ใช้ในการวิเคราะห์จะมีลำดับเบสมากกว่า 410 คู่เบส (เฉลี่ย 652.5 ± 6.4 คู่เบส, range = 410 - 895 คู่เบส) และจากการวิเคราะห์ลำดับเบส พบว่าไม่มี insertions, deletions หรือ stop codons (51 sequences) และพบเบสอะดีนีนและไทมีน (AT) ที่ยาวกว่า 400 คู่เบส (total average = 62.7% ทุกตำแหน่งใน cercariae ทั้งหมด) จากศึกษาครั้งนี้ถือเป็นครั้งแรกของการนำเทคนิคทางโมเลกุลประกอบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาใช้ในการจำแนก type ของ cercariae จากหอยในวงศ์ Bithyniidae โดยอาศัยการวิเคราะห์สายวิวัฒนาการเชิงวิวัฒนาการของชิ้นส่วนบางส่วนของยีน COI

คำหลัก: DNA Barcode, Bithyniid snail, Cercariae