

เทคนิค multilocus enzyme electrophoresis (MEE) และเทคนิค DNA sequencing ของ mitochondrial cytochrome c oxidase subunit 1 (CO1) gene ถูกนำมาใช้ศึกษาเปรียบเทียบลักษณะทางพันธุกรรมของพยาธิตัวแบน *Echinostoma* ที่สำคัญทางการแพทย์ 4 ชนิด จากการศึกษาพบความแตกต่างทางพันธุกรรม (fixed genetic differences) ระหว่างพยาธิตัวแบน *Echinostoma revolutum*, *Echinostoma malayanum*, *Echinoparyphium recurvatum* และ *Hypoderma conoideum* ระหว่าง 51-75% ขณะที่ CO1 sequence พบความแตกต่างของลำดับ nucleotide เมื่อเปรียบเทียบระหว่างพยาธิตัวแบนแต่ละชนิดจำนวน 16-32 ตำแหน่ง (8-16 %) จากการเปรียบเทียบทั้งหมด 205 ตำแหน่ง จากผลการทดสอบโดยเทคนิค MEE ยังพบว่า *E. revolutum* จากประเทศไทยและประเทศลาวพบความแตกต่างทางพันธุกรรม 5 loci (19%) จากการทดสอบทั้งหมด 27 loci ซึ่งเป็นค่าที่บ่งบอกถึงความแตกต่างภายในประชากรของชนิดเดียวกันจากแหล่งระบาดต่างกัน หรือมีรูปร่างลักษณะที่คล้ายกันแต่ลักษณะทางพันธุกรรมแตกต่างกัน (cryptic species) อย่างไรก็ตาม ไม่พบว่ามี cryptic species ภายใน *E. revolutum* เมื่อใช้ CO1 sequence ในการวิเคราะห์ ตรวจพบการแปรผันทางพันธุกรรมใน CO1 sequence ในพยาธิตัวแบน *E. malayanum* จากหอยตัวกลาง 3 ชนิด ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่แสดงโดย phenogram และ phylogenetic tree โดยใช้ข้อมูลจาก MEE และ CO1 sequence ตามลำดับ พบว่าพยาธิตัวแบน 2 ชนิดของ genus *Echinostoma* ได้แก่ *E. revolutum* และ *E. malayanum* ไม่ได้ถูกจัดให้อยู่ในกลุ่มเดียวกัน จากผลการศึกษาครั้งนี้ รวมทั้งมีพยาธิตัวแบน *Echinostoma* จำนวนมากที่มีรูปร่างคล้ายคลึงกันและไม่สามารถใช้จำแนกชนิดได้อย่างชัดเจน ทำให้มีการจัดจำแนกและเรียกชื่อที่สับสน จึงควรที่จะมีการพิจารณาการจัดจำแนกพยาธิตัวแบน *Echinostoma* ที่ระบาดในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ โดยใช้รูปร่างลักษณะภายนอกให้มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น ตามลักษณะของชีววิทยา รูปร่างลักษณะ รวมทั้งการจัดจำแนกทางพันธุกรรม

Multilocus enzyme electrophoresis (MEE) and DNA sequencing of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit 1 (CO1) gene were used to genetically compare four species of echinostomes of human health importance. Fixed genetic differences among adults of *Echinostoma revolutum*, *Echinostoma malayanum*, *Echinoparyphium recurvatum* and *Hypoderaeum conoideum* were detected at 51-75% of the enzyme loci examined, while interspecific differences in CO1 sequence were detected at 16-32 (8-16 %) of the 205 alignment positions. The results of the MEE analyses also revealed fixed genetic differences between *E. revolutum* from Thailand and Lao PDR at five (19%) of 27 loci, which could either represent genetic variation between geographically separated populations of a single species, or the existence of a cryptic (i.e. genetically distinct but morphologically similar) species. However, there was no support for the existence of cryptic species within *E. revolutum* based on the CO1 sequence between the two geographical areas sampled. Genetic variation in CO1 sequence was also detected among *E. malayanum* from three different species of snail intermediate host. Separate phylogenetic analyses of the MEE and DNA sequence data revealed that the two species of *Echinostoma* (*E. revolutum* and *E. malayanum*) did not form a monophyletic clade. These results, together with the large number of morphologically similar species with inadequate descriptions, poor specific diagnoses and extensive synonymy, suggest that the morphological characters used for species taxonomy of echinostomes in South-East Asia should be reconsidered according to the concordance of biology, morphology and molecular classification.