خلاصه فارسی

مقدمه و اهداف:

در حال حاضر شناسایی قطعی گونه های اکینوکوکوس با استفاده از روش های مولکولی بویژه تعیین توالی و آنالیزهای فیلوژنتیکی انجام می‌شود. با این وجود، استفاده از الگوهای PCR-RFLP استاندارد به دلیل ویژگی‌های هتروژنیسیتی ژنوم گونه‌های مختلف اکینوکوکوس در مناطق مختلف جهان، به طور گسترده استفاده نمی‌شود. بنابراین طراحی و اجرای آنالیز مجازی به کمک نرم افزار (*In-Silico*)،باید بصورت بومی در مناطق تحت مطالعه در نظر گرفته شود. در این مطالعه براساس نواحی محافظت شده ژن ITS1-rDNAدر ایران و سایر نقاط دنیا، یک نقشه مجازی برای ۸ گونه از ژنوتایپ های اکینوکوکوس طراحی شد.

روش اجرا:تعداد ٦٠ ایزوله اکینوکوکوس از کبد و ریه انسان (۱۵نمونه) ، گوسفند (۱۵نمونه) ، گاو (۱۵نمونه) و شتر (۱۵نمونه) در استان سمنان جمع‌آوری شدند. DNA نمونه ها استخراج شدند و سپس توسط تکنیک PCR-RFLP ژن ریبوزومال ITS1-rDNA به وسیله ٤ آنزیم اندونوکلئازی (*Taq1*, *Alu1,Msp1,Rsa1*) مورد بررسی قرار گرفتند. سپس ۱۵ آمپلیکون از ژن سایتوکروم اکسیداز ۱ به طور مستقیم برای شناسایی استرین/ هاپلوتایپهای جدید و هم چنین تایید نهایی نتایجPCR-RFLPتعیین توالی شدند.

یافته ها:به علت تفاوت در الگوهای برشی آنزیم اندونوکلئازی*R*sa1 در مقایسه با آنزیمهای دیگر بکار رفته، از آن به منظور طراحی الگوهای *In-Silico*بهره گرفته شد. نتایجPCR-RFLP به همراه آنالیزهای ملکولی، حضور قطعی ژنوتایپ های G1 وG6 را بهمراه هتروژنیسیتی ژن سایتوکروم اکسیداز۱ در ژنوتایپ های تعیین شده آشکار ساختند. با این حال، ژنوتایپ پیش بینی شده دیگری براساس نقشه طراحی شده در این منطقه یافت نشد.

نتیجه گیری: یافته های این مقاله نشان داد که شناسایی هاپلوتایپ های جدید همراه با افتراق گونه های اکینوکوکوس، می تواند وضعیت تاکسونومیک واقعی این انگل را در مرکز ایران به تصویر بکشد.

واژگان کلیدی: گونه های اکینوکوکوس، *In-silico*، ITS1-rDNA،G1، G6