خلاصه فارسی

مقدمه و اهداف:

تریکومونیازیس به عنوان یک بیماری منتقله از راه جنسی(STD)، با خصوصیات ژنوتایپی متنوع و تظاهرات بالینی گوناگون در زنان علامت دار و بدون علامت شناخته می شود.

شناسایی قطعی گونه های تریکوموناس واژینالیس با استفاده از روش‌های 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 تریکوموناس واژینالیس، به طور گسترده استفاده نمی‌شود. بنابراین طراحی الگوهای استاندارد،باید بصورت بومی در مناطق تحت مطالعه در نظر گرفته شود.

روش اجرا: نمونه ها از ۳۰ زن مبتلا به تریکوموناس واژینالیس مراجعه کننده به مراکز بهداشتی درمانی شهر تبریز جمع آوری شدند. از نمونه های بدست آمده اسمیر تهیه شد و کشت داده شدند. DNA ۳۰ نمونه استخراج شدند و پس از تکثیر، توسط تکنیک nested PCR وPCR- RFLP با استفاده از ۲ آنزیم اندونوکلئازی *M*se1 و *R*saI شناسایی شدند. متعاقبا، نقشه *In-Silico* مطابق با تکنیک مذبور به منظور شناسایی گونه‌های تریکوموناس واژینالیس طراحی و اجرا شد. نهایتا، آمپلیکون های ژن اکتین به طور مستقیم برای شناسایی استرین/ هاپلوتایپهای جدید تعیین توالی شدند.

یافته‌ها: : نتایجPCR-RFLP به همراه آنالیزهای ملکولی و تعیین توالی، حضور قطعی ژنوتایپ‌های G وE را بهمراه ۲ هاپلوتایپ جدید و ۲ جایگزینی اسیدآمینه در کدون های ۱۹۲ و ۲۱۱ در ژنوتایپ‌های تعیین شده آشکار ساختند. با این حال، ژنوتایپ پیش بینی شده دیگری براساس نقشه طراحی شده در این منطقه یافت نشد.

نتیجه گیری: یافته‌های این مقاله نشان داد که شناسایی دقیق گونه‌های تریکوموناس واژینالیس براساس پروفایل های طراحی شده همراه با تشخیص هاپلوتایپ‌های ناشناخته ، به خصوص آن هایی که ترجمه پروتئین را تحت تاثیر قرار می دهند، باید در تعیین وضعیت انگل، مقاومت داروئی، عفونت میکس با HIV و پایش تریکومونیازیس بدون علامت در مناطق تحت مطالعه در نظر گرفته شوند.

واژگان کلیدی: تریکوموناس واژینالیس، اکتین ژن، ژنوتایپ، PCR