

شناسایی مولکولی گونه‌های فاسیولا در استان آذربایجان غربی

حسین گلوانی^۱، صابر قلی‌زاده^۲، خسرو حضرتی تپه^{۳*}

تاریخ دریافت ۱۳۹۳/۰۵/۱۲ تاریخ پذیرش ۱۳۹۳/۰۷/۱۰

چکیده

پیش‌زمینه و هدف: فاسیولیازیس که توسط فاسیولا هیاتیکا و فاسیولا ژیگانتیکا ایجاد می‌شود، دارای اهمیت بهداشتی و اقتصادی در دنیاست. روش‌های رایج شناسایی عوامل انگلی آن دقیق و قابل‌اعتماد نیستند؛ بنابراین مطالعه حاضر با هدف شناسایی مولکولی گونه‌های فاسیولا در استان آذربایجان غربی طراحی شده است.

مواد و روش کار: در این مطالعه کرم‌های فاسیولا از کشتارگاه‌های پنج ناحیه استان آذربایجان غربی، شمال غرب ایران جمع‌آوری گردید. گونه‌های انگلی با استفاده از روش‌های مورفولوژیکی و مولکولی، توالی‌های ITS1، ITS2 و 5.8s ریبوزومال DNA شناسایی شد. تعداد ۵۸۰ کرم بالغ فاسیولا از ۹۰ کبد آلوده (۵۰ کبد گاو، ۴۰ کبد گوسفندی) جدا شد. از ۱۱۰ نمونه استخراج DNA شده، ۵۰ نمونه تعیین توالی گردید.

یافته‌ها: آنالیز توالی‌ها شباهت ۱۰۰ درصدی را در نواحی ITS1 (۴۲۸bp)، ITS2 (۳۶۶bp) و 5.8s (۱۵۸bp) همه نمونه‌های تعیین توالی شده نشان داد. شباهت بین فاسیولا هیاتیکا و فاسیولا ژیگانتیکا با ۱۱ Mismatch، ۹۸ درصد بود. بر اساس توالی‌های ITS1 و ITS2 ریبوزومال DNA تنها گونه فاسیولا هیاتیکا، در بین گاو و گوسفند‌های استان آذربایجان غربی، پخش شده است. در نهایت ۱۵۰ توالی فاسیولا هیاتیکا (۵۰ توالی از هر ناحیه ITS) از استان آذربایجان غربی در بانک جهانی ژن ثبت گردید.

بحث و نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج این مطالعه شواهدی از وجود فاسیولا ژیگانتیکا در گاو و گوسفند‌های استان آذربایجان غربی به دست نیامد و همه نمونه‌های موردبررسی فاسیولا هیاتیکا تشخیص داده شدند. مطالعات بیشتر با مارکرهای مولکولی جدید برای شناسایی دقیق گونه‌ها و در نهایت برای کنترل و پیشگیری از این بیماری انگلی مفید خواهد بود.

کلیدواژه‌ها: فاسیولا، ITS₁، ITS₂، PCR، 5.8s، و ریبوزومال DNA

مجله پزشکی ارومیه، دوره بیست و پنجم، شماره یازدهم، ص ۱۰۴۰-۱۰۳۳، بهمن ۱۳۹۳

آدرس مکاتبه: ارومیه، پردیس نازلو دانشکده پزشکی، مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، ۰۴۴۳۲۷۸۰۸۰۰

Email: Hazrati_tappeh@yahoo.co.nz

مقدمه

در گرمسیری یافت می‌شوند. از طرفی دو گونه ممکن در مناطق نیمه گرمسیری به‌صورت هیبرید وجود داشته باشند (۱،۳،۵،۶). فاسیولیازیس انسانی از اکثر نقاط دنیا گزارش می‌شود به‌طوری‌که بر اساس اعلام سازمان بهداشت جهانی در سال ۲۰۱۳، این بیماری از بیش از ۷۰ کشور دنیا گزارش شده است (۷). در طی سالیان گذشته این بیماری در ایران در بین دام‌ها شایع بوده و موارد انسانی به‌صورت تک‌گیر از نقاط مختلف گزارش شده است (۸). ولی در سال‌های اخیر موارد انسانی بیماری به‌طور قابل‌ملاحظه‌ای افزایش یافته است بطوریکه در طی سال‌های گذشته ۲ همه‌گیری بزرگ از فاسیولیازیس انسانی

فاسیولیازیسکه یکی از بیماری‌های مشترک بین انسان و حیوان است، دارای انتشار جهانی بوده و توسط ترماتودهایدای ژن فاسیولا هیاتیکا و فاسیولا ژیگانتیکا ایجاد می‌شود (۱). عفونت انسانی با خوردن گیاهان آبی نپخته و نوشیدن آب آلوده‌شده به لارو این کرم‌ها ظاهر می‌شود (۲). در موارد انسانی این ترماتودها می‌توانند باعث آسیب و التهاب کبد و مجاری صفراوی شوند (۳). همچنین ممکن است این کرم‌ها به‌صورت اکتویپیک در نقاط دیگر بدن نیز یافت شوند (۴). مطالعات قبلی نشان داده‌اند که فاسیولا هیاتیکا در مناطق معتدل و فاسیولا ژیگانتیکا

^۱ کارشناس ارشد انگل شناسی پزشکی، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارومیه

^۲ استادیار حشره شناسی پزشکی، گروه حشره شناسی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارومیه

^۳ استاد انگل شناسی پزشکی، مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی ارومیه (نویسنده مسئول)

۵۰ میکرو لیتر محلول لایز (6 μL NaCl, 10 μL Tris-HCl, 6 μL EDTA, 2.5 μL SDS, 16 μL sucrose, 7.5 μL deionized distilled water) در آن ریخته شده بود انتقال داده شد. بعد از هموژنیزاسیون با پستل به مدت ۶۰ دقیقه در دمای ۶۵ درجه انکوبه شد. سپس ۱۶،۶۸ میکرو لیتر استات سدیم ۳ مولار اضافه کرده و به مدت ۶۰ دقیقه روی یخ در دمای ۲۰- قرار گرفت. بعد از سانتریفوژ نمودن با دور ۱۲۰۰۰ محلول رویی به میکروتیوپ دیگر انتقال داده شد سپس روی آن ۱۰۰ میکرو لیتر الکل اتیلیک ۹۶ درصد ریخته شده و سانتریفوژ گردید. محلول رویی دور ریخته شده و ۱۰۰ میکرو لیتر الکل اتیلیک ۷۰ درصد به آن‌ها اضافه گردید بعد از اتمام این مرحله محلول رویی دوباره دور ریخته شد و رسوب آن در دمای اتاق قرار داده شد تا الکل آن تبخیر شود. بعد از خشک شدن رسوب، ۵۰ میکرو لیتر آب دو بار تقطیر به آن اضافه شد و در دمای ۲۰- تا زمان استخراج اسیدهای نوکلئیک انکوبه گردید. به دنبال بررسی‌های توالی‌های نوکلئوتیدی نواحی ITS1، 5.8s و ITS2 ریبوزومال DNA گونه‌های مختلف فاسیولا با استفاده از نرم‌افزارهای Gene Runner (version 3.05, 1994, Hastings software Inc.)

برای تکثیر قطعه (1081 bp ناحیه ITS) هر دو گونه فاسیولا هپاتیکا و ژینگانتیکا و فرم‌های حد واسط طراحی شدند. در نهایت پرایمر بالادست (5'GCTGAGAAGACGACCAAAC3') و پرایمر پایین دست به صورت (5'AGTTCAGCGGTAATCAC3') طراحی و جهت سنتز به شرکت سیناژن سفارش داده شدند. واکنش PCR با حجم کلی ۲۵μL که شامل ۱۲،۵μL محلول Mix کیت PCR، ۱μL از هر کدام از پرایمرها، ۱μL از نمونه DNA استخراج شده و ۹۵ μL آب دیونیزه بود، انجام گرفت. برنامه حرارتی ترموسایکلر شامل پیش و اسرشت در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه انجام شد. تکثیر در ۳ مرحله و ۳۵ تکرار شامل و اسرشت در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه، اتصال پرایمر در دمای ۵۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۷۵ ثانیه و پلیمریزاسیون در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه انجام شد. و نهایتاً مرحله پلیمریزاسیون نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه صورت گرفت. نمونه‌های تکثیر یافته در ژل آگاروز ۱،۵ درصد به مدت ۴۰ دقیقه بولتاژ ۸۰ الکتروفورز شدند. تعداد ۵۰ نمونه (۲۰ نمونه گوسفندی و ۳۰ نمونه گاوی) در حجم بالا (۱۲۵μL) تکثیر داده شدند و جهت تعیین توالی به شرکت سیناژن ارسال گردیدند. سکانس‌های به دست آمده از ۵۰ نمونه توسط نرم افزارهای BLAST و ClustalW (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/ClustalW>) توالی‌های نواحی ITS1، 5.8s و ITS2 گونه‌های مختلف فاسیولا، اثبات شده در بانک جهانی ژن مقایسه شدند.

در شمال ایران با چندین هزار مورد آلودگی رخ داده است (۹،۱۰). مطالعات اخیر نشان داده است که در ایران علاوه بر دو گونه رایج فاسیولا (فاسیولاهپاتیکا و فاسیولاژینگانتیکا) فرم‌های حد واسط نیز حضور دارند (۱۱،۶). با توجه به اهمیت بهداشتی و اقتصادی بیماری فاسیولیاژیس، شناسایی دقیق گونه‌های مسبب آن از جهت پیشگیری و اتخاذ روش‌های کنترل این بیماری ضروری به نظر می‌رسد. اگرچه گونه‌های فاسیولا بر اساس معیارهای مورفومتریک مثل طول و عرض کرم بالغ، طول و عرض مخروط رأسی، طول ناحیه‌ی پشت بیضه‌ها تا انتهای کرم، نسبت طول کرم به عرض آن و غیره قابل‌شناسایی هستند (۱۲،۸) اما به دلیل وجود فرم‌های هیبرید و حدواسط این روش‌ها نمی‌توانند دقیق و قابل‌اعتماد باشند. در روش‌های مولکولی با تکثیر ژنوم انگل، اختلافات آشکاری در نوع و ترتیب بازهای آلی ظاهر می‌شود که با این تفاوت‌ها می‌توان گونه‌های مورد مطالعه را از هم افتراق داد. ژن‌ها و روش‌های مولکولی بسیاری برای شناسایی گونه‌های فاسیولا بکار گرفته شده‌اند که در این میان مارکرهای ناحیه ITS ریبوزومال DNA بیشترین مورد استفاده را داشته‌اند (۱۷-۱۳،۱۱،۶،۵). علیرغم حضور کرم‌های فاسیولا در استان آذربایجان غربی مطالعه مولکولی اندکی روی این کرم‌ها انجام گرفته (۱۸) و اطلاعات دقیقی از توالی‌های گونه‌های فاسیولای استان آذربایجان غربی وجود ندارد بنابراین هدف اصلی این مطالعه شناسایی مولکولی گونه‌های فاسیولا، جداسازی از کبد گاو و گوسفندهای آلوده استان آذربایجان غربی و تعیین توالی نواحی ITS آن‌ها و مقایسه این توالی‌های با توالی‌های ثبت شده از فاسیولدر بانک جهانی ژن است.

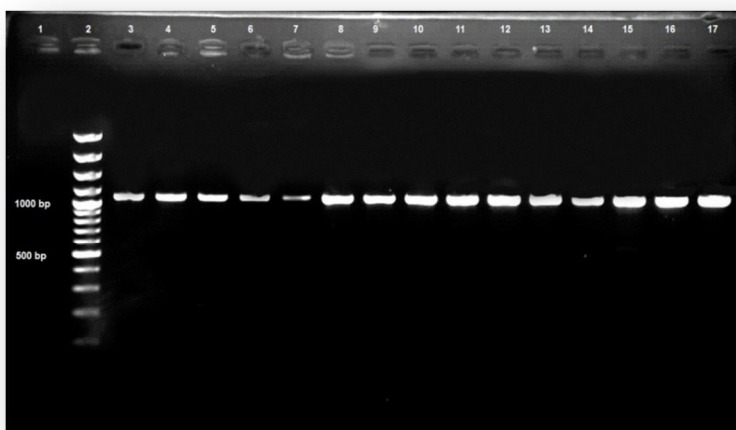
مواد و روش‌ها

پنج شهر از شمال، مرکز و جنوب استان آذربایجان غربی برای انجام این مطالعه انتخاب شد. تعداد ۵۸۰ کرم فاسیولا (۳۳۵ نمونه گاوی و ۲۴۵ نمونه گوسفندی) از ۹۰ کبد آلوده (۵۰ کبد گاو، ۴۰ کبد گوسفندی) از شهرهای ارومیه (۱۶۰ کرم بالغ فاسیولا)، سلماس (۱۱۰ کرم بالغ فاسیولا)، ماکو (۱۰۰ کرم بالغ فاسیولا)، بوکان (۸۰ کرم بالغ فاسیولا) و مهاباد (۱۳۰ کرم بالغ فاسیولا) جمع‌آوری و مجاری صفراوی آن‌ها با تیغ جراحی برش داده شد. بعد از بیرون آوردن کرم‌های بالغ فاسیولا، بار در نرمال سالین شستشو داده شدند. بعد از شناسایی مورفولوژیک با معیارهای مربوطه (۱۲،۸) همه کرم‌ها با الکل اتیلیک ۷۰ درصد فیکس شده و تا زمان استخراج اسیدهای نوکلئیک در دمای اتاق قرار داده شدند. اسیدهای نوکلئیک نمونه‌ها با روش کولینز با کمی تغییر (۱۹) استخراج شد. به‌طور خلاصه، یک قسمت از کرم با تیغ بیستوری جدا و به داخل میکروتیوپ ۱،۵ میکرو لیتری که از قبل

آنالیز توالی‌های استان آذربایجان غربی با توالی فاسیولا هپاتیکا به شماره دسترسی JF708027 و فاسیولا ژیگانتیکا به شماره دسترسی JF432073 نشان داد که نمونه‌ها ۱۰۰ درصد به فاسیولا هپاتیکا و ۹۸ درصد به فاسیولا ژیگانتیکا شباهت دارند؛ و تعداد ۱۱ سکانس اشتباهی (شامل ۵ سکانس اشتباهی در ناحیه ITS1 و ۶ سکانس اشتباهی در ناحیه ITS2) در موقعیت‌های ۲۴، ۱۱۴، ۲۰۸، ۲۸۶، ۳۰۶، ۸۲۱، ۸۶۰، ۸۶۶، ۹۱۸، ۹۲۴ و ۹۳۸ مشاهده گردید. درصد GC و AT ناحیه ITS1 نمونه‌های مورد مطالعه بترتیب ۵۱.۸۷ درصد و ۴۸.۱۳ درصد، ناحیه ۵S_۱ ۵۳.۱۷ درصد و ۴۶.۸۳ درصد و ناحیه ITS2، ۴۸.۶۳ درصد و ۵۱.۳۷ درصد تعیین گردید. همچنین توالی‌های هر سه ناحیه ۵۰ نمونه فاسیولا هپاتیکا (۱۵۰ توالی) از شماره KF531639 تا KF531784 در بانک جهانی ژن ثبت شد.

یافته‌ها

تعداد ۵۸۰ نمونه فاسیولای جمع‌آوری شده از ۹۰ کبد آلوده‌ی گاوی و گوسفندی به‌طور مورفولوژیکی شناسایی شدند. بر اساس معیارهای مورفولوژیک ۵۷۵ نمونه فاسیولا هپاتیکا و ۵ نمونه فاسیولا ژیگانتیکا تشخیص داده شدند. در بررسی مولکولی ناحیه ای بطول ۱۰۸۱ bp نمونه‌ها با موفقیت تکثیر داده شد (شکل ۱) با توجه به طول باند حاصله از PCR هیچ اختلاف سایزی در نمونه‌های گاوی و گوسفندی مشاهده نگردید. تعداد ۵۰ نمونه (۵ کرم که بر اساس معیارهای مورفولوژیک فاسیولا ژیگانتیکا تشخیص داده شده بودند و ۴۵ کرم به‌طور تصادفی از کرم‌های فاسیولا هپاتیکا) تعیین توالی شدند. آنالیز توالی‌ها با نرم افزار BLAST نشان داد که طول نواحی ITS1، 5.8s و ITS2 نمونه‌ها بترتیب ۴۲۸، ۱۵۸ و ۳۶۶ جفت باز است (شکل ۲). همچنین



شکل (۱): نتایج الکتروفورز محصول PCR قطعه ۱۰۸۱bp ITS1 نمونه‌های فاسیولا در استان آذربایجان غربی ۱ کنترل منفی، ستون ۲ سایز مارکر، ستون ۳ تا ۱۰ نمونه‌های گوسفندی، ستون ۱۱ تا ۱۷ نمونه‌های گاوی

```
F.hepatica.50X.present.study ATCATTACCTGAAAATCTACTCTCACACAAGCGATACACGTTGACCGTC 50
JF708027.hepatica.China-----ACCTGAAAATCTACTCTCACACAAGCGATACACGTTGACCGTC 44
JF432073.F.gigantica.Iran-----TACTCTTACACAAGCGATACACGTTGACCGTC 33
*****

F.hepatica.50X.present.study ATGTCATGCGATAAAAAATTTGCGGACGGCTATGCCTGGCTCATTGAGGTC 100
JF708027.hepatica.China ATGTCATGCGATAAAAAATTTGCGGACGGCTATGCCTGGCTCATTGAGGTC 94
JF432073.F.gigantica.Iran ATGTCATGCGATAAAAAATTTGCGGACGGCTATGCCTGGCTCATTGAGGTC 83
*****

F.hepatica.50X.present.study ACAGCATATCCGAACACTGATGGGGTGCCTACCTGTATGATACTCCGATG 150
JF708027.hepatica.China ACAGCATATCCGAACACTGATGGGGTGCCTACCTGTATGATACTCCGATG 144
JF432073.F.gigantica.Iran ACAGCATATCCGATCACTGATGGGGTGCCTACCTGTATGATACTCCGATG 133
*****

F.hepatica.50X.present.study GTATGCTTGCCTCTCTCGGGCGCTTGTCCAAGCCAGGAGAACGGGTTGT 200
JF708027.hepatica.China GTATGCTTGCCTCTCTCGGGCGCTTGTCCAAGCCAGGAGAACGGGTTGT 194
JF432073.F.gigantica.Iran GTATGCTTGCCTCTCTCGGGCGCTTGTCCAAGCCAGGAGAACGGGTTGT 183
*****

F.hepatica.50X.present.study ACTGCCACGATTGGTAGTGCTAGGCTTAAAGAGGAGATTTGGGCTACGGC 250
JF708027.hepatica.China ACTGCCACGATTGGTAGTGCTAGGCTTAAAGAGGAGATTTGGGCTACGGC 244
JF432073.F.gigantica.Iran ACTGCCATGATTGGTAGTGCTAGGCTTAAAGAGGAGATTTGGGCTACGGC 233
*****

F.hepatica.50X.present.study CCTGCTCCCGCCTATGAACGTTTCACTACTACATTACTGTTAAAG 300
```

JF708027.hepatica.China CCTGCTCCCGCCCTATGAACTGTTTCATTACTACATTTACTACTGTTAAAG 294
 JF432073.F.gigantica.Iran CCTGCTCCCGCCCTATGAACTGTTTCATTACTACAATTACTACTGTTAAAG 283
 *****.*****

F.hepatica.50X.present.study TGGTACTGAATGGCTTGCCATTCTTTGCCATTGCCCTCGCATGCACCCGG 350
 JF708027.hepatica.China TGGTACTGAATGGCTTGCCATTCTTTGCCATTGCCCTCGCATGCACCCGG 344
 JF432073.F.gigantica.Iran TGGTACTGAATGGCTTGCCATTCTTTGCCATTGCCCTCGCATGCACCCGG 333

F.hepatica.50X.present.study TCCTTGTGGCTGGACTGCACGTACGTGCGCCGGCGGTGCCTATCCCGGGT 400
 JF708027.hepatica.China TCCTTGTGGCTGGACTGCACGTACGTGCGCCGGCGGTGCCTATCCCGGGT 394
 JF432073.F.gigantica.Iran TCCTTGTGGCTGGACTGCACGTACGTGCGCCGGCGGTGCCTATCCCGGGT 383

F.hepatica.50X.present.study TGGACTGATAACCTGGTCTTTGACCATACGTACAACCTCTGAACGGTGGAT 450
 JF708027.hepatica.China TGGACTGATAACCTGGTCTTTGACCATACGTACAACCTCTGAACGGTGGAT 444
 JF432073.F.gigantica.Iran TGGACTGATAACCTGGTCTTTGACCATACGTACAACCTCTGAACGGTGGAT 433

F.hepatica.50X.present.study CACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGCGCAGCCAACCTGTGTGAATTAATG 500
 JF708027.hepatica.China CACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGCGCAGCCAACCTGTGTGAATTAATG 494
 JF432073.F.gigantica.Iran CACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGCGCAGCCAACCTGTGTGAATTAATG 483

F.hepatica.50X.present.study CAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCC 550
 JF708027.hepatica.China CAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCC 544
 JF432073.F.gigantica.Iran CAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCC 533

F.hepatica.50X.present.study ATGGGTTAGCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTATAAACTATC 600
 JF708027.hepatica.China ATGGGTTAGCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTATAAACTATC 594
 JF432073.F.gigantica.Iran ATGGGTTAGCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTATAAACTATC 583

F.hepatica.50X.present.study ACGACGCCCAAAAAGTCGTGGCTTGGGTTTTGCCAGCTGGCGTGATCTCC 650
 JF708027.hepatica.China ACGACGCCCAAAAAGTCGTGGCTTGGGTTTTGCCAGCTGGCGTGATCTCC 644
 JF432073.F.gigantica.Iran ACGACGCCCAAAAAGTCGTGGCTTGGGTTTTGCCAGCTGGCGTGATCTCC 633

F.hepatica.50X.present.study TCTATGAGTAATCATGTGAGGTGCCAGATCTATGGCGTTTCCCTAATGTA 700
 JF708027.hepatica.China TCTATGAGTAATCATGTGAGGTGCCAGATCTATGGCGTTTCCCTAATGTA 694
 JF432073.F.gigantica.Iran TCTATGAGTAATCATGTGAGGTGCCAGATCTATGGCGTTTCCCTAATGTA 683

F.hepatica.50X.present.study TCCGGATGCACCCTTGTCTTGGCAGAAAGCCGTGGTGAGGTGCAGTGGCG 750
 JF708027.hepatica.China TCCGGATGCACCCTTGTCTTGGCAGAAAGCCGTGGTGAGGTGCAGTGGCG 744
 JF432073.F.gigantica.Iran TCCGGATGCACCCTTGTCTTGGCAGAAAGCCGTGGTGAGGTGCAGTGGCG 733

F.hepatica.50X.present.study GAATCGTGGTTTAATAATCGGGTTGGTACTCAGTTGTGAGTGTGTTGGC 800
 JF708027.hepatica.China GAATCGTGGTTTAATAATCGGGTTGGTACTCAGTTGTGAGTGTGTTGGC 794
 JF432073.F.gigantica.Iran GAATCGTGGTTTAATAATCGGGTTGGTACTCAGTTGTGAGTGTGTTGGC 783

F.hepatica.50X.present.study GATCCCCTAGTCGGCACACTTATGATTTCTGGGATAATTCCATACCAGGC 850
 JF708027.hepatica.China GATCCCCTAGTCGGCACACTTATGATTTCTGGGATAATTCCATACCAGGC 844
 JF432073.F.gigantica.Iran GATCCCCTAGTCGGCACACTTATGATTTCTGGGATAATTCCATACCAGGC 833

F.hepatica.50X.present.study ACGTTCCGTCACCTGTCACTTTGTCATTGGTTTGATGCTGAACTTGGTCAT 900
 JF708027.hepatica.China ACGTTCCGTCACCTGTCACTTTGTCATTGGTTTGATGCTGAACTTGGTCAT 894
 JF432073.F.gigantica.Iran ACGTTCCGTCACCTGTCACTTTGTCATTGGTTTGATGCTGAACTTGGTCAT 883

F.hepatica.50X.present.study GTGTCTGATGCTATTTTCATATAGCGACGGTACCCTT-CGTGGTCTGTCT 949
 JF708027.hepatica.China GTGTCTGATGCTATTTTCATATAGCGACGGTACCCTT-CGTGGTCTGTCT 943
 JF432073.F.gigantica.Iran GTGTCTGATGCTATTTTCATATAGCGACGGTACCCTT-CGTGGTCTGTCT 932

F.hepatica.50X.present.study TCC----- 952
 JF708027.hepatica.China TCC----- 946
 JF432073.F.gigantica.Iran TCCTGACCTCGGTT 946

شکل (۲): آرایش توالی بازهای ناحیه ۱ (ITS1) (۳۶۶ تا ۵۲۴) و ناحیه ۲ (ITS2) (۵۲۵ تا ۹۵۲) از DNA ریبوزومی در ۵۰ نمونه از فاسیولاهای تعیین توالی شده استان آذربایجان غربی که با نمونه فاسیولا هپاتیکا با شماره دسترسی JF708027 و فاسیولا ژینگانتیکا با شماره دسترسی JF432073 از بانک جهانی ژن مقایسه شده‌اند.

بحث

بیماری فاسیولیا یس که توسط گونه‌های فاسیولا (فاسیولا هپاتیکا و فاسیولا ژینگانتیکا) ایجاد می‌شود یکی از مهم‌ترین بیماری‌های زئونوز محسوب شده و در هر پنج قاره دنیا پراکنده است (۱۰). افتراق گونه‌های فاسیولا به خاطر وجود فرم‌های هیبرید و حد واسط ضروری است (۳). از طرفی معیارها و شاخص‌های مورفولوژیکی و روش‌های روتین افتراق گونه‌های فاسیولا دقیق و قابل اعتماد نمی‌باشند (۵،۶،۲۰)

روش‌های مولکولی که در آن‌ها ژنوم کرم مورد بررسی قرار می‌گیرد در مقایسه با روش‌های روتین، از دقت و حساسیت بالایی برخوردار هستند (۲۲) به هر حال مارکرهای مولکولی متعددی برای شناسایی گونه‌های فاسیولا به کار برده شده‌اند مثل: ITS1، ITS2، COI، NDI... (۵،۱۳،۱۶،۱۷). با استفاده از روش PCR-RFLP و توالی‌های نواحی ITS1، ITS2 و 5.8s و ITS2 قطعه ITS ریپوزومال DNA هر دو گونه فاسیولا هپاتیکا و فاسیولا ژینگانتیکا در تبریز شناسایی شده‌اند (۱۶). قوامی و همکاران با معیارهای مورفولوژیکی در استان زنجان ۳۱ درصد فاسیولا هپاتیکا، ۷ درصد فاسیولا ژینگانتیکا و ۶۲ درصد فرم حدواسط تشخیص دادند ولی با مطالعه مولکولی با استفاده از تکنیک PCR-RFLP و تعیین توالی‌های ناحیه ITS2، همه نمونه‌ها فاسیولا هپاتیکا تشخیص داده شدند (۲۱). همچنین با استفاده از مارکرهای مولکولی مختلف علاوه بر دو گونه رایج فاسیولا فرم‌های حدواسط نیز در ایران شناسایی شده است (۵،۱۱). بررسی ۱۵۰ توالی (۵۰ توالی از هر ناحیه ITS) این مطالعه با استفاده از برنامه BLAST نشان داد که نمونه‌ها صد درصد به فاسیولا هپاتیکا شبیه هستند. همچنین آنالیز این توالی‌ها با یک توالی فاسیولا هپاتیکا و فاسیولا ژینگانتیکا از بانک جهانی ژن نشان داد که فاسیولا هپاتیکا و فاسیولا ژینگانتیکا بر اساس توالی‌های ITS1 و ITS2 گونه‌های بسیار نزدیکی به هم بوده و فقط در چند نوکلئوتید باهم دیگر اختلاف دارند. هر چند که یافته‌های مطالعه حاضر با یافته‌های رکنی و همکاران (۱۸) که قبلاً فاسیولا هپاتیکا را از یک بز و هشت بوفالو، از استان آذربایجان غربی گزارش کرده بود مطابقت دارد بلکه از آن‌ها جامع‌تر و کامل‌تر است زیرا اولاً تعداد نمونه‌های آن‌ها کم بوده و فقط از شهر ارومیه جمع‌آوری شده بودند ثانیاً فقط ناحیه ITS1 نمونه‌ها بررسی شده بود این در حالی است که در مطالعه حاضر هر سه ناحیه ITS1، ITS2 و 5.8s و ITS2 قطعه ITS ریپوزومال DNA مورد مطالعه قرار گرفته است. اگرچه در این مطالعه حاضر نیز کمتر از ۱ درصد نمونه‌های مورد بررسی بر اساس شاخص‌های مورفولوژیکی مانند طول و عرض کرم بالغ، طول و عرض مخروط راسی، نسبت طول کرم به عرض آن و... فاسیولا ژینگانتیکا تشخیص

داده شدند ولی با بررسی مولکولیمشخص گردید که همه نمونه‌ها ۱۰۰ درصد به فاسیولا شباهت دارند. لازم به ذکر است روش استخراج اسیدهای نوکلئیک بکار گرفته شده در این مطالعه با توجه به کیفیت باندهای حاصله، روش بسیار مطلوب و کم هزینه ای برای استخراج اسیدهای نوکلئیک کرم‌های فاسیولا می‌باشد. از طرفی به نظر می‌رسد پرایمرهای طراحی شده برای این مطالعه، پرایمرهای کامل تری نسبت به پرایمرهای مطالعات قبلی باشد چرا که با این پرایمرها ما توانستیم هر سه ناحیه ITS ریپوزومال DNA کرم‌های فاسیولا را تکثیر دهیم. اثبات وجود یا عدم وجود فاسیولا ژینگانتیکا در استان آذربایجان غربی نیاز به بررسی میزبان‌های دیگر از قبیل بوفالوی آبی، بز و... از شهرهای بیشتری نسبت به این مطالعه و فصول مختلف دارد.

مطابق نتایج این مطالعه، ۵۸۰ کرم فاسیولا از پنج ناحیه جغرافیایی استان آذربایجان غربی (شهرهای ارومیه، سلماس، ماکو، بوکانو مهاباد) در دو میزبان گاو و گوسفند با روش PCR و تعیین توالی‌های نواحی ITS1، ITS2 و 5.8s و ITS2 قطعه ITS ریپوزومال DNA مورد بررسی قرار گرفتند و فاسیولا هپاتیکا تشخیص داده شدند. در نتیجه این روش، یک روش حساس، ارزان و دقیقی برای مطالعه گونه‌های فاسیولا می‌باشد.

نتیجه‌گیری

بر اساس نتایج این مطالعه همه نمونه‌های مورد بررسی استان آذربایجان غربی فاسیولا هپاتیکا تشخیص داده شدند. برای اثبات وجود یا عدم وجود فاسیولا ژینگانتیکا و فرم‌های حدواسط، به مطالعه و بررسی‌های بیشتری با میزبان‌های دیگری از قبیل بوفالو، بز و... ضروری به نظر می‌رسد در نهایت پیشنهاد می‌شود به منظور اتخاذ برنامه‌های کنترل انگل فاسیولا، پژوهش‌های دیگری برای تعیین حلزون‌های ناقل فاسیولا هپاتیکا در استان آذربایجان غربی انجام پذیرد.

تقدیر و تشکر

این مقاله قسمتی از پایان نامه دانشجویی دوره کارشناسی ارشد رشته انگل شناسی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه به شماره قرارداد ۱۱۴۹ مورخه ۹۱/۷/۱۲ مصوبه شورای پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه می‌باشد که بدینوسیله مؤلفین این مقاله مراتب سپاس و قدردانی خود را از معاونت پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه و مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه به دلیل حمایت‌های مالی و اجرایی اعلام می‌نمایند.

References:

- Mas-Coma S, Valero MA, Bargues MD. Chapter 2. Fasciola, lymnaeids and human fascioliasis, with a global overview on disease transmission, epidemiology, evolutionary genetics, molecular epidemiology and control. *Adv Parasitol* 2009;69:41–146.
- Ashrafi K, Valero MA, Forghan-parast K, Rezaeian M, Shahtaheri SJ, Hadian MR. et al. Potential Transmission of Human Fascioliasis Through Traditional Local Foods, in Northern Iran. *Iranian J Pub Health* 2006;35(2):57-63.
- Mas-Coma S, Bargues MD, Valero MA. Fascioliasis and other plant-borne trematode zoonoses. *Int J Parasitol* 2005;35(11-12):1255–78.
- Dalimi A, Jabarvand M. Fasciola hepatica in the human eye. *Trans R Soc Trop Med Hyg* 2005;99:798.
- Amor N, Farjallah S, Salem M, Lamine DM, Merella P, Said K, et al. Molecular characterization of Fasciola gigantica from Mauritania based on mitochondrial and nuclear ribosomal DNA sequences. *Exp Parasitol* 2011;129(2):127–36.
- Amor N, Halajian A, Farjallah S, Merella P, Said K, Ben Slimane B. Molecular characterization of Fasciola spp. from the endemic area of northern Iran based on nuclear ribosomal DNA sequences. *Exp Parasitol* 2011;128(3):196–204.
- WHO. Foodborne trematode infections [Internet]. WHO. 2013 [cited 2015 Jan 21]. Available from: http://www.who.int/foodborne_trematode_infections/en/
- SahbaGH, Arfaa F, farahmandian I, Jalali H. Animal fascioliasis in Khuzestan, southwestern Iran. *J Parasitol* 1972;58:712-6.
- Massoud J. Fascioliasis outbreak in man and drug test (triclabendazole) in Caspian littoral, northern part of Iran. 1989. *Bull Soc Fran Parasitol* 1990;8:438.
- World Health Organization. Control of Foodborne trematode infections. World Health Organization, Technical reports Series 1995;849:1-157.
- Karimi A. Genetic diagnosis of Fasciola species based on 18s ribosomal DNA sequences. *J boil Sci* 2008 ;7:1166-73.
- Lotfy WM, El-Morshedy HN, Abou El-Hoda M, El-Tawila MM, Omar EA, Farag HF. Identification of the Egyptian species of Fasciola. *Vet Parasitol* 2002;103(4):323–32.
- Farjallah S, Sanna D, Amor N, Ben Mehel B, Piras MC, Merella P, et al. Genetic characterization of Fasciola hepatica from Tunisia and Algeria based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Parasitol Res* 2009;105(6):1617–21.
- Itagaki T, Sakaguchi K, Terasaki K, Sasaki O, Yoshihara S, Van Dung T. Occurrence of spermic diploid and aspermic triploid forms of Fasciola in Vietnam and their molecular characterization based on nuclear and mitochondrial DNA. *Parasitol Int* 2009;58(1):81–5.
- Shahbazi A, Akbarimoghaddam M, Izadi S, Ghazanchaii A, Jalali N, Bazmani A. Identification and genetic variation of fasciola species from tabriz, north- Western iran. *Iran J Parasitol* 2011;6(3):52–9.
- Mahami-Oskouei M, Dalimi A, Forouzandeh-Moghadam M, Rokni M. Molecular Identification and Differentiation of Fasciola Isolates Using PCR- RFLP Method Based on Internal Transcribed Spacer (ITS1, 5.8S rDNA, ITS2). *Iran J Parasitol* 2011;6(3):35–42.
- Nguyen S, Amer S, Ichikawa M, Itagaki T, FukudaY, NakaiY. Molecular identification of Fasciolasp. (Digenea: Platyhelminthes) in cattle from Vietnam. *Parasite* 2012;19(1):85-9.
- Rokni MB, Mirhendi H, Behnia M, Fasihi Harand M, Jalalizand N. Molecular Characterization of Fasciola hepatica isolates by RAPD-PCR and

- Ribosomal ITS1 sequencing. Iran Red Crescent Med J 2010; 12(1):27-32.
19. Collins FH, Petrarca V, Mpofu S, Brandling-Bennett AD, Were JB, Rasmussen MO, et al. Comparison of DNA probe and cytogenetic methods for identifying field collected *Anopheles gambiae* complex mosquitoes. Am J Trop Med Hyg 1988;39(6):545-50.
20. Moghaddam AS, Massoud J, Mahmoodi M, Mahvi AH, Periago MV, Artigas P, et al. Human and animal fascioliasis in Mazandaran province, northern Iran. Parasitol Res 2004;94(1):61-9.
21. Ghavami MB, Rahimi P, Haniloo A, Mosavinasab SN. Genotypic and Phenotypic Analysis of *Fasciola* Isolates. Iran J Parasitol 2009; 4: 61-70.
22. Marcilla A, Bargues MD, Mas-Coma S. A PCR-RFLP assay for the distinction between *Fasciola hepatica* and *Fasciola gigantica*. Mol Cell probes 2002;16:327-33.

MOLECULAR IDENTIFICATION OF *FASCIOLA* SPECIES IN WEST AZERBAIJAN PROVINCE

Hossein Galavani¹, Saber Gholizadeh², Khosrow Hazrati Tappeh^{3*}

Received: 3 Aug, 2014; Accepted: 2 Oct, 2014

Abstract

Background & Aims: Fascioliasis caused by *Fasciola hepatica* and *Fasciola gigantica* has medical and economic importance in the world. Traditional approaches are not accurate and reliable in identification of agent parasites. Thus the present study was designed to identify the *Fasciola spp* by molecular methods in West Azerbaijan province.

Materials & Methods: In current study *Fasciola* isolates were collected from slaughterhouses in five districts in West Azerbaijan province, Northwestern Iran. Parasite species were identified using morphological and molecular tools, ribosomal DNA ITS1, 5.8s and ITS2 sequences. A number of 580 adult *Fasciola* worms were isolated from 90 infected livers (50 liver of cattle, 40 liver of sheep). Out of 110 DNA extracted specimens, 50 specimens were subject to direct sequencing.

Results: Sequence analysis showed 100% similarity in ITS1 (428 bp), 5.8s (158 bp) and ITS2 (366 bp) regions of all sequences. The degree of identity between *F. hepatica* and *F. gigantica* sequences was 98% with 11 nucleotide mismatches. Based on rDNA-ITS1 and ITS2 sequences, only *F. hepatica* flukes are scattered among cattle and sheep population in West Azerbaijan province. Finally, 150 sequence of *F. hepatica* (50 sequences of each region of ITS) from West Azerbaijan province were recorded to GenBank.

Conclusion: The results of this study showed no evidence of *F. gigantica* in cattle and sheep in West Azerbaijan province. More studies are essential to design new molecular markers will be helpful in correct species identification and therefore, for control and prevention of this parasitic disease.

Keywords: *Fasciola*, ITS₁, ITS₂, 5.8s, PCR, Ribosomal DNA

Address: Cellular and Molecular Research Center, Urmia University of Medical Sciences, Urmia, Iran, Tel: +98 9143433134

Email: hazrati_tappeh@yahoo.co.nz

SOURCE: URMIA MED J 2015; 25(11): 1040 ISSN: 1027-3727

¹ MSc in Medical Parasitology, Faculty of Medicine, Urmia University of Medical Sciences, Urmia, Iran

² Assistant Professor, Medical Entomology Department, Faculty of Public Health, Urmia University of Medical Sciences, Urmia, Iran

³ Professor, Parasitology and Mycology, Department, Faculty of Medicine, Cellular and Molecular Research Center, Urmia University of Medical Sciences, Urmia, Iran (Corresponding Author)