مجله علوم پزشکی خراسان شمالی
دوره ۹، شماره ۴، زمستان ۱۳۹۶

CrossMark

[DOI: 10.29252/nkjmd-09043]

Downloaded from journal.nkums.ac.ir at 4:38 IRST on Wednesday February 20th 2019

مقاله پژوهشی

تعیین ژنوتیپ و شناسایی فیلوژنتیکی اکینوکوکوس گرانولوزوس از بافت‌های پارافینی کیست هیداتید جراحی شده

فاطمه جعفرزاده حصاری [۱]، صابر رائقی [۲]، محسن آباد [۳]، فرهاد وفائی [۴]، سید جواد سید طبایی [۵،*]، مهسا جعفرزاده حصاری [۶]

[۱] دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه انگل شناسی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران
[۲] استادیار، گروه علوم آزمایشگاهی، دانشکده علوم پزشکی مراغه، مراغه، ایران
[۳] استادیار، گروه بیهوشی و مراقبت ویژه، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی، بجنورد، ایران
[۴] استادیار، گروه جراحی، بیمارستان امام علی (ع)، دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی، بجنورد، ایران
[۵] دانشیار، گروه انگل شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران
[۶] دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه اپیدمیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران
[*] **نویسنده مسئول:** سید جواد سید طبایی، دانشیار، گروه انگل شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران. ایمیل: seyyedtabaei@sbmu.ac.ir

DOI: 10.29252/nkjmd-09043

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۱/۱۵
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۸/۲۳

واژگان کلیدی:
اکینوکوکوس گرانولوزوس
کیست هیداتیک
فیلوژنتیک
بجنورد
اپیدمیولوژی

تمامی حقوق نشر برای دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی محفوظ است.

چکیده

مقدمه: هیداتیدوزیس از مهمترین بیماری‌های مشترک بین انسان و حیوان است که توسط مرحله لاروی انگل اکینوکوکوس گرانولوزوس ایجاد می‌گردد. تاکنون ۱۰ ژنوتیپ مجزا از این انگل (G1-10) گزارش شده است. مرحله کیستی در انسان به عنوان میزبان واسط اتفاق می افتد.

روش کار: این مطالعه گذشته نگر (۱۳۹۳-۱۳۸۶) بر روی ۹۰ بیمار، که با تشخیص قطعی کیست هیداتیک تحت عمل جراحی در بیمارستانها و مراکز آموزشی درمانی بجنورد قرار گرفته بودند، انجام گرفت. بررسی پاتولوژیکی نشان داد که ۶۰ نمونه در لایه زایای بافت کیست هیداتیک دارای پروتواسکولکس بودند. بعد از استخراج DNA از نمونه‌های پارافینه، PCR-RFLP با استفاده از آنزیم‌های محدود کننده Rsa I و Hep II بر روی ژن ITS1 انجام شد. در این مطالعه بررسی فیلوژنتیکی با استفاده از ژن میتوکندریایی COX1 مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج بدست آمده با الگوی برش آنزیمی ژن ITS1 و همچنین ترادف ژن COX1 و رسم درخت فیلوژنتیک نشان می‌دهد که تمامی ژنوتیپ ها G1 یا سویه گوسفندی است. ترادف ها در بانک ژن جهانی با شماره دستیابی KY485993 تا KY486007 قابل دسترسی است.

نتیجه گیری: با مطالعه دموگرافیکی و ویژگی ثبت شده بیماران و تعیین ژنوتیپ های انگل در استان بر اساس میزبان، الگوی انتقال گوسفندی مطرح است. که می‌توان الگوی پیشگیری مناسب را با توجه به زندگی روستایی ارائه داد.

مقدمه

هیداتیدوزیس یکی از مهمترین بیماری‌های انگلی از نظر اقتصادی و پزشکی در جهان است که توسط مرحله لاروی سستودهای متعلق به جنس اکینوکوکوس از خانواده تنیده ایجاد می‌شود. اکینوکوکوس گرانولوزوس بعنوان عامل بیماری کیست هیداتیک و اکینوکوکوس مولتی لوکولاریس نیز بعنوان عامل بیماری کیست هیداتیک حبابچه‌ای یا آلوئولار از نظر پزشکی مهم هستند [۱]. هیداتیدوزیس بیماری مشترک بین انسان و دام است. کرم بالغ در روده سگ و سگ سانان زندگی می‌کند، دو مرحله زندگی اهلی و وحشی برای این کرم شناخته شده است در چرخه اهلی میزبان واسط عمدتاً انسان و حیوان اهلی (نشخوار کنندگان) هستند. آلودگی انسان بیشتر درمناطقی که دامداری رواج دارد دیده می‌شود. ارتباط انسان با سگ زمینه ابتلا را فراهم می‌کند [۲]. فاکتورهایی مثل سن، شغل، مذهب ، آداب و رسوم و عادات مردم و ژنوتیپ انگل نقش زیادی در انتقال و ایجاد بیماری دارد [۳]. هزینه اقتصادی این بیماری در ایران در حدود ۲۳۲ میلیون دلار تخمین زده شده است [۴]. دوره کمون این بیماری در انسان ممکن است بین ۵ تا ۲۰ سال طول بکشد و در غالب موارد سالها طول می‌کشد تا بیماری علامت دار شود و گاهاً کیست خودبخود بهبودی پیدا می‌کند .امکان ابتلای همه ارگان‌ها در این بیماری وجود دارد ولی

[DOI: 10.29252/nkjmd-09043]
Downloaded from journal.nkums.ac.ir at 4:38 IRST on Wednesday February 20th 2019

شایعترین محل ابتلاء کبد (۶۰ تا ۷۰ درصد) و سپس ریه و مغز می‌باشد [۵]. تاکنون ۱۰ ژنوتیپ مجزا از اکینوکوکوس گرانولوزوس شامل G1 تا G10 گزارش شده است. از مهم‌ترین آن‌ها می‌توان به استرین های گوسفندی (G1)، گوسفند تاسمانیایی (G2)، بوفالویی (G3)، اسبی (G4)، استرین گاوی (G5)، استرین شتری (G6) اشاره کرد. قطعاً تنوع ژنتیکی در مشخصات مورفولوژیکی، اپیدمیولوژیکی، درمان و کنترل تأثیر گذار است. در میان ژنوتیپ های تعیین شده این انگل استرین گوسفندی (G1) در سراسر جهان بیشترین گستردگی را دارد. در ایران سویه‌های گوسفندی، شتری و گاوی از انسان گزارش شده است. ایران به عنوان یکی از مناطق آندمیک بیماری است که هر ساله افراد زیادی به عنوان میزبان واسط اتفاقی در معرض عوارض جدی و خطرناک و حتی مرگ ناشی از بیماری قرار می‌گیرند [۶]. این انگل در نقاط مختلف ایران از سگ، روباه، شغال و گرگ گزارش شده است [۷, ۸]. همچنین گزارش‌های زیادی از شیوع کیست هیداتیک در گوسفند، گاو و شتر وجود دارد [۹, ۱۰]. استان خراسان شمالی با توجه به شرایط اقلیمی خاص و داشتن جمعیت روستایی و دام بالا از مناطق پر خطر برای ابتلا به بیماری به شمار می‌رود. موارد بالای مراجعات بیماران با تشخیص کیست هیداتیک مؤید این نظر است. در بسیاری از موارد به صورت بجا یا نابجا درمان بواسطه جراحی انجام می‌گیرد. با این وجود گزارشی جهت تعیین وضعیت بیماری از نظر ژنتیکی و بالینی در این منطقه وجود ندارد. از این رو این مطالعه با رویکرد بررسی مولکولی و تعیین ژنوتیپ این انگل بر روی کیست‌های هیداتیک انسانی جراحی شده در شمال شرق ایران و در استان خراسان شمالی طراحی و به اجرا در آمده است.

روش کار

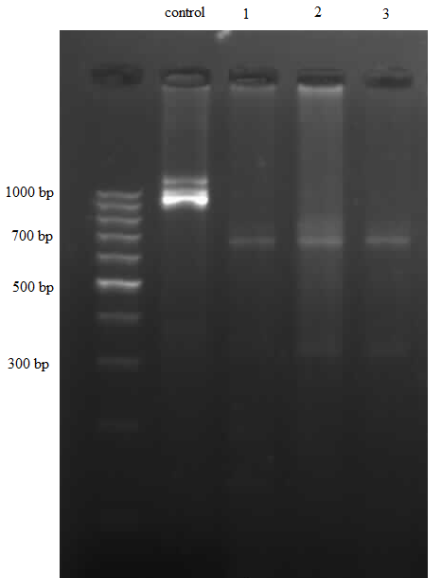
این مطالعه بصورت گذشته نگر در بین سالهای ۱۳۸۶ تا ابتدای سال ۱۳۹۳ در بیمارستانها و مراکز آموزشی درمانی دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی بر روی تمامی افرادی که با تشخیص قطعی کیست هیداتیک تحت عمل جراحی قرار گرفته بودند، انجام شد. شهرستان بجنورد، مرکز استان خراسان شمالی، در شمال شرق ایران است که بیش از ۵۱٪ از جمعیت استان روستایی و شغل آنها در بخش‌ها و روستاهای اطراف شهر بجنورد کشاورزی و دامپروری است. در این بررسی نمونه‌های بافت پارافینه ۹۰ بیمار جراحی شده که در بایگانی آزمایشگاه مراکز آموزشی درمانی قابل دسترسی بود، استفاده شد. نمونه‌ها بعد از جمع آوری و تعیین مشخصات آن به آزمایشگاه مولکولی گروه انگل شناسی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی انتقال پیدا کرد. برای استخراج DNA از نمونه‌های بافتی، ابتدا تعدادی برش از نمونه تهیه و با استفاده از گزیلل و الکل نمونه‌ها دفرمالینه شدند و سپس با استفاده از روش سنتی فنل کلروفرم DNA استخراج گردید. کمیت و کیفیت نمونه‌های استخراج شده با استفاده از الکتروفورز و دستگاه نانودراپ مورد سنجش انجام گرفت. واکنش PCR با بهره گیری از پرایمرهای JB3,4برای ژن Cox1 و S4, BD1 برای ژن ITS1 استفاده شد.

Forward, JB3: 5’-TTTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT-3’
Reverse, JB4: 5’-TAAAGAAAG AACATAATG AAAATG-3’ Forward, BD1: 5’-GTCGTAACAAGGTTTCCGTA-3’ Reverse, 4S: 5’-TCTAGATGCGTTCGAAGTGTCGATG-3’

محصول PCR ژن ITS1 با استفاده از آنزیم‌های محدود کننده *Rsa* I، *Hpa* II مطابق پروتکل و راهنمای استفاده مورد هضم آنزیمی قرار گرفت. پس از پایان PCR و هضم آنزیمی محصول PCR را با بافر نمونه مخلوط کرده و روی ژل آگارز ۱٪ الکتروفورز شد [۱۱]. با توجه به اینکه از محصول ژن COX1 برای تمایز ژنوتایپینگ نمی‌توان از هضم آنزیمی استفاده کرد. محصول برای تعیین ترادف به خارج کشور ارسال شد. که نتایج ترادف می‌تواند جهت انجام آنالیز فیلوژنتیکی استفاده گردد.

یافته ها

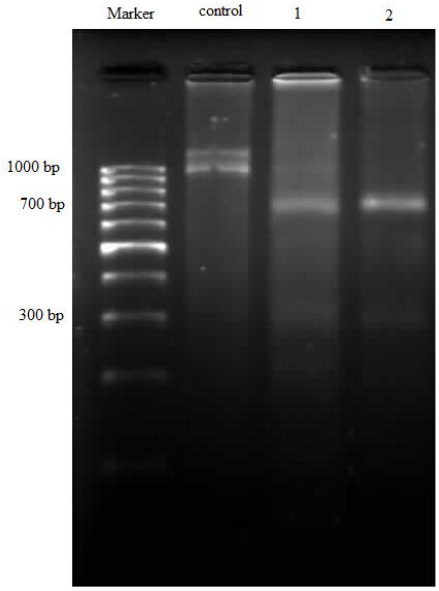
بررسی پاتولوژیکی لام های پارافینه از بافت جراحی شده ۹۰ بیمار تأیید شده کیست هیداتیک، ۶۰ نمونه از آنها در لایه زایای بافت کیست هیداتیک دارای پروتواسکولکس بودند. نتایج نشان داد که ۶۹/۲ درصد بیماران ساکن روستا و از نظر سطح تحصیلات ۶۷/۹ درصد سواد ابتدایی داشتند. در بررسی محل استقرار کیست نشان می‌دهد که ۷۳/۱ درصد از کیست‌های جراحی شده در کبد، ۳/۸ درصد ریه، ۱۶/۷ درصد در اندامهای دیگر شامل طحال، ران، امنتوم، کلیه، تخمدان، کیسه صفرا، آپاندیس، معده، مری و پریتوئن و ۵/۱ درصد در بیش از یک محل بود. نتایج الکتروفورز حاصل از تکثیر ژن هسته‌ای ITS1 نشان دهنده باند حدود ۱۰۰۰ جفت باز در تمام نمونه‌های مورد بررسی بود. با استفاده از روش هضم آنزیمی نمونه‌ها با استفاده از آنزیم *RsaI* بر روی ژن ITS1 دارای یک جایگاه برش و قطعات ۶۵۵ جفت باز و ۳۴۵ جفت باز دیده می‌شود (تصویر ۱).



تصویر ۱: نتایج الکتروفورز ژن ITS1 با روش PCR-RFLP با استفاده از آنزیم *RsaI*، Marker: 100 bp
ردیف شماره ۱ تا ۳ مربوط به نمونه‌های برش داده شده با آنزیم و ردیف control قبل از هضم آنزیمی.

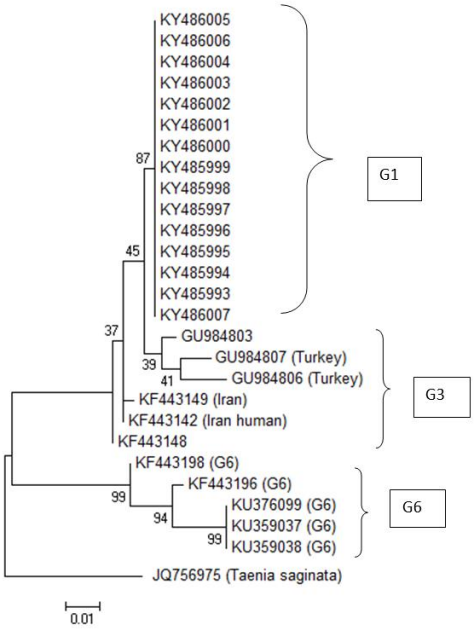
[DOI: 10.29252/nkjmd-09043]
Downloaded from journal.nkums.ac.ir at 4:38 IRST on Wednesday February 20th 2019

هضم آنزیمی با استفاده از آنزیم *HpaII* بر روی محصول این ژن نشان دهنده قطعات ۷۰۰ جفت باز و ۳۰۰ جفت باز است. نتایج بدست آمده از هضم آنزیمی این دو ژن نشان دهنده الگوی برش آنزیمی در سویه‌های گوسفندی (G1) است (تصویر ۲).



تصویر ۲: نتایج الکتروفورز ژن ITS1 با روش PCR-RFLP با استفاده از آنزیم *HpaII*، Marker: 100 bp، ردیف شماره ۱ و ۲ مربوط به نمونه‌های برش داده شده با آنزیم و ردیف control قبل از هضم آنزیمی.

تکثیر ژن COX1 با استفاده از روش PCR نشان دهنده محصول حدود ۴۳۰ جفت باز بود. ترادف به دست آمده از تعیین توالی ژن COX1 با استفاده از نرم افزار Choromas2.2 تصحیح پس از بلاست در بانک ژن جهانی با شماره دستیابی KY485993 تا KY486007 ثبت شد. همولوژی بین ژنوتیپ های G1 ایران و دنیا در این مطالعه ۹۹ تا ۱۰۰ درصدی را نشان می‌دهد. بر اساس ژن‌های COX1 در مقایسه با سایر ژنوتیپ های ثبت شده این انگل در بانک جهانی ژن، درخت فیلوژنتیک با مدل Kimura2-parameter بر پایه Maximum Likelihood، بوت استرپ رپلیکاسیون ۱۰۰۰ و مقیاس فاصله ۰/۱ با استفاده از نرم افزار MEGA6 ترسیم شد. ارزش اعتبار سنجی بالای ۷۰٪ با درجه اطمینان ۹۵٪ برای توپولوژی هر شاخه قابل قبول در نظر گرفته شد. تنیا ساژیناتا با شماره‌های دسترسی JQ756975 به عنوان خارج گروه در آنالیز فیلوژنتیکی ژن‌های میتوکندریایی در نظر گرفته شد (تصویر ۳). نتایج نشان می‌دهد نمونه‌ها مورد بررسی در این استان تماماً ژنوتیپ G1 یا سویه گوسفندی دارند.



تصویر ۳: درخت فیلوژنتیک بر اساس ژن‌های COX1 در مقایسه با سایر ژنوتیپ های ثبت شده اکینوکوکوس گرانولوزوس در بانک جهانی ژن، با مدل Kimura2-parameter بر پایه Maximum Likelihood، بوت استرپ رپلیکاسیون ۱۰۰۰ و مقیاس فاصله ۰/۰۱ با استفاده از نرم افزار MEGA6.

بحث

نتایج بدست آمده در این مطالعه نشان داد که الگوی برش آنزیمی در نمونه‌ها مورد بررسی مشابه سویه‌های گوسفندی (G1) است. در این مطالعه نیز ژنوتیپ G1 اکی نوکوکوس گرانولوزوس شایع‌ترین علت کیست هیداتیک بود که با نتایج جهانی آن مطابقت دارد [۱۲]. مطالعات نشان داده است که تمامی ژنوتیپ ها جز G10 و G4 می‌تواند در انسان بعنوان عامل بیماری زای این انگل در انسان دیده شود [۱۳]. مطالعات مولکولی مختلفی در دنیا و ایران با روش‌های مختلف، بر روی ژنوتیپ های مختلف این انگل انجام گرفته است. اساس این مطالعات با روش PCR-RFLP بوده، ولی جهت تکمیل این نتایج مشابه این مطالعات از سکانس ژن‌های میتوکندریای هم جهت تعیین ژنوتیپ استفاده شده است که غالب نتیجه آنها ژنوتیپ G1 را نشان داده است [۱۴]. مطالعات مختلفی در ایران بر روی ایزوله‌های کیست هیداتیک در میزبان‌های مختلف و با استفاده از روش PCR-RFLP ناحیه ITS1 انجام گرفته است که G1 عمده‌ترین ژنوتیپ جدا شده بوده است. در مطالعات شربتخوری، هرندی و احمدی در سالهای ۲۰۱۱، ۲۰۰۲ و ۲۰۰۵ که ایزوله شتری داشتند دو ژنوتیپ G1 و G6 شناسایی شدند که ژنوتیپ G1 به جز در شتر ژنوتیپ غالب بوده است ولی ژنوتیپ G6 جز یک مطالعه ژنوتیپ غالب در شتر بوده است. در مطالعه فصیحی با روش برش آنزیمی در ایزوله‌های مختلف، ژنوتیپ G1 در میزبان گوسفند، گاو، بز و انسان غالب‌ترین ژنوتیپ و زنوتیپ G6 از انسان هم شناسایی شد [۱۵]. در مطالعه‌ای ازاصفهان با روش

[DOI: 10.29252/nkjmd-09043]
Downloaded from journal.nkums.ac.ir at 4:38 IRST on Wednesday February 20th 2019

هضم آنزیمی بر روی ژن ITS1 و تعیین توالی ژنهای میتوکندریایی ND1 و COX1 نشان داده شد که ژنوتیپ G1 مشابه این مطالعه ژنوتیپ غالب نمونه‌های انسانی است [۱۶]. همچنین غالب بودن ژنوتیپ G1 درمطالعه کیا و همکاران در مرکز ایران در نمونه‌های انسانی اثبات شده است [۱۷]. وجود ژنوتیپ G3 در مرکز و شمال‌غرب ایران در مطالعه اسپوتین و همکاران در ۲۰۱۷ گزارش شده است. البته در این مطالعه ژنوتیپی غیر از G1 بدست نیامده است [۱۸]. استفاده از روش‌های مولکولی تعیین توالی در جهت شناسایی ژنوتیپ این انگل با استفاده از ژن‌های میتوکندریایی ND1 و COX1 توانسته است ژنوتیپ های ترکیبی G1 و G3 و حتی G2 را نسبت به روش هضم آنزیمی نشان دهد. بر همین اساس نیاز به شناسایی و جدا سازی ایزوله‌های مختلف انسانی و حیوانی در نقاط مختلف ایران جهت تعیین تفاوت و تشابهات ژنتیکی بر اساس ژن‌های میتوکندریایی با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی است.

نتیجه گیری

ژنوتیپ G1 در منطقه شمال شرق ایران بعنوان ژنوتیپ اصلی و عمده جدا شده در انسان است. با توجه به مطالعات قبلی انجام شده بر روی ایزوله‌های حیوانی در این منطقه تشابه ژنوتیپی در ایزوله‌های موجود دیده نشد. البته به نظر می‌رسد استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی جدید می‌تواند تفاوتهای استرین و ژنوتیپی در نقاط مختلف ایران را نشان داده و الگوی اصلی انتقال به انسان تبیین شود.

سپاسگزاری

این مطالعه با هزینه طرح مصوب پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی با کد طرح ۸۲۰ پ ۹۳ با همکاری گروه انگل‌شناسی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی انجام شده است. ازکارشناسان گروه انگل شناسی و کادر همکار آزمایشگاه‌های مراکز آموزشی و پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی خراسان شمالی کمال تشکر را داریم.

References

1. Eckert J, Deplazes P. Biological, epidemiological, and clinical aspects of echinococcosis, a zoonosis of increasing concern. Clin Microbiol Rev. 2004;17(1):107-35. PMID: 14726458
2. Garcia MB, Lledias JP, Perez IG, Tirado VV, Pardo LF, Bellvis LM, et al. Primary super-infection of hydatid cyst--clinical setting and microbiology in 37 cases. Am J Trop Med Hyg. 2010;82(3):376-8. DOI: 10.4269/ajtmh.2010.09-0375 PMID: 20207859
3. Carmena D, Sanchez-Serrano LP, Barbero-Martinez I. Echinococcus granulosus infection in Spain. Zoonoses Public Health. 2008;55(3):156-65. DOI: 10.1111/j.1863-2378.2007.01100.x PMID: 18331519
4. Tiaoying L, Jiamin Q, Wen Y, Craig PS, Xingwang C, Ning X, et al. Echinococcosis in Tibetan populations, western Sichuan Province, China. Emerg Infect Dis. 2005; 11(12):1866-73. DOI: 10.3201/eid1112.050079 PMID: 16485472
5. Belhassen-Garcia M, Romero-Alegria A, Velasco-Tirado V, Alonso-Sardon M, Lopez-Bernus A, Alvela-Suarez L, et al. Study of hydatidosis-attributed mortality in endemic area. PLoS One. 2014;9(3):e91342. DOI: 10.1371/journal.pone.0091342 PMID: 24632824
6. Sarkari B, Sadjjadi SM, Beheshtian MM, Aghaee M, Sedaghat F. Human cystic echinococcosis in Yasuj District in Southwest of Iran: an epidemiological study of seroprevalence and surgical cases over a ten-year period. Zoonoses Public Health. 2010;57(2):146-50. DOI: 10.1111/j.1863-2378.2008.01200.x PMID: 19175567
7. Davoodabadi A, Kashi EA, Soltani SAK, Rafiee MR, Sistani M, Valaei N. A clinical survey, diagnostic method, treatment and follow-up of hydatid disease in referred patients to Shahid Beheshti Hospital during (1996-2005). Feyz J Kashan Univ Med Sci. 2005;9(3).
8. Fasihi Harandi M, Budke CM, Rostami S. The monetary burden of cystic echinococcosis in Iran. PLoS Negl Trop Dis. 2012;6(11):e1915. DOI: 10.1371/journal.pntd.0001915 PMID: 23209857
9. Ahmadi N. Hydatidosis in camels (Camelus dromedarius) and their potential role in the epidemiology of Echinococcus granulosus in Iran. Journal of helminthology. 2005;79(02):119-25.
10. Sharbatkhori M, Mirhendi H, Jex AR, Pangasa A, Campbell BE, Kia EB, et al. Genetic categorization of Echinococcus granulosus from humans and herbivorous hosts in Iran using an integrated mutation scanning-phylogenetic approach. Electrophoresis. 2009;30(15):2648-55. DOI: 10.1002/elps.200900145 PMID: 19637222
11. Shahnazi M, Hejazi H, Salehi M, Andalib AR. Molecular characterization of human and animal Echinococcus granulosus isolates in Isfahan, Iran. Acta Trop. 2011;117(1):47-50. DOI: 10.1016/j.actatropica.2010.09.002 PMID: 20858453
12. Utuk AE, Simsek S, Koroglu E, McManus DP. Molecular genetic characterization of different isolates of Echinococcus granulosus in east and southeast regions of Turkey. Acta Trop. 2008;107(2):192-4. DOI: 10.1016/j.actatropica.2008.05.026 PMID: 18579101
13. Thompson RC. The taxonomy, phylogeny and transmission of Echinococcus. Exp Parasitol. 2008;119(4):439-46. DOI: 10.1016/j.exppara.2008.04.016 PMID: 18539274
14. McManus DP, Thompson RC. Molecular epidemiology of cystic echinococcosis. Parasitology. 2003;127 Suppl:S37-51. PMID: 15042999
15. Harandi MF, Hobbs RP, Adams PJ, Mobedi I, Morgan-Ryan UM, Thompson RC. Molecular and morphological characterization of Echinococcus granulosus of human and animal origin in Iran. Parasitology. 2002;125(Pt 4):367-73. PMID: 12403325
16. Ahmadi NA. Hydatidosis in camels (Camelus dromedarius) and their potential role in the epidemiology of Echinococcus granulosus in Iran. J Helminthol. 2005;79(2):119-25. DOI: 10.1007/s00436-010-1947-2 PMID: 15946390
17. Kia EB, Rahimi H, Sharbatkhori M, Talebi A, Fasihi Harandi M, Mirhendi H. Genotype identification of human cystic echinococcosis in Isfahan, central Iran. Parasitol Res. 2010;107(3):757-60. DOI: 10.1007/s00436-010-1947-2 PMID: 20549235
18. Spotin A, Mahami-Oskouei M, Harandi MF, Baratchian M, Bordbar A, Ahmadpour E, et al. Genetic variability of Echinococcus granulosus complex in various geographical populations of Iran inferred by mitochondrial DNA sequences. Acta Trop. 2017;165:10-6. DOI: 10.1016/j.actatropica.2016.03.002 PMID: 26948902

[DOI: 10.29252/nkjmd-09043]
Downloaded from journal.nkums.ac.ir at 4:38 IRST on Wednesday February 20th 2019

North Khorasan Journal of Medical Sciences
Volume 9, Issue 4, Winter 2018

Research Article

Molecular and Phylogenetic Analysis of Human Hydatid Cysts

Fatemeh Jafarzadeh [1], Saber Raeghi [2], Mohsen Abad [3], Farhad Vafaee [4], Seyed Javad Tabaei [5,*], Mahsa Jafarzadeh Hesari [6]

[1] MSc Student, Department of Parasitology and Mycology, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran,Iran
[2] Assistant Professor, Department of Laboratory Sciences, Maragheh University of Medical Sciences, Maragheh, Iran
[3] Assistant Professor, Department of Anesthesiology and Critical Care, Faculty of Medicine, North Khorasan,University of Medical Sciences, Bojnurd,Iran
[4] Assistant Professor, Department of Surgery, Imam Ali Hospital, North Khorasan University of Medical Sciences, Bojnurd, Iran
[5] Associate Professor, Department of Parasitology and Mycology, Faculty of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran,Iran
[6] MSc Student, Department of Epidemiology, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran
*** Corresponding author:** Seyed Javad Tabaei, Associate Professor, Department of Parasitology and Mycology, Faculty of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran,Iran. E-mail: seyyedtabaei@sbmu.ac.ir

DOI: 10.29252/nkjmd-09043

How to Cite this Article:
Jafarzadeh F, Raeghi S, Abad M, Vafaee F, Tabaei S J, Jafarzadeh Hesari M. Molecular and Phylogenetic Analysis of Human Hydatid Cysts. JNKUMS. 2018; 9 (4) :15-19
URL: http://journal.nkums.ac.ir/article-1-1308-fa.html

Received: 04 Apr 2017
Accepted: 14 Nov 2017

Keywords:
Hydatid Cyst
Phylogenetic
Bojnurd
Epidemiology

© 2018 North Khorasan Medical Sciences

Abstract

Introduction: Hydatidosis is one of the most common diseases in humans and livestocks caused by the larval stage of Echinococcus granulosus. The hydatid cyst are occurred in different organs of humans as the intermediate hosts. The economic burden of the disease in Iran is very high.

Methods: The current retrospective study was conducted from 2007 to the beginning of 2015 in hospitals and health centers of Bojnourd, Iran, on 90 people who underwent surgery for hydatid cyst. In 60 subjects protoscolex was observed in the germ layer tissue of hydatid cyst studied using DNA extraction and molecular phylogenetic methods.

Results: A total of 90 patients were enrolled in the current study and followed up for 6 years. Based on the results obtained from enzymatic restriction of ITS1, RsaI, and HpaII, and COX1 sequences, all species isolated in the current study were sheep strain (G1). The COX1 gene sequences were registered in GeneBank with accession numbers KY485993 to KY486007. Phylogenetic analysis of COXI sequences showed the highest likelihood with G1 sheep strain using the maximal likelihood method.

Conclusions: Based on the demographic characteristics of the patients, the genotype of the parasite, and host-parasite relationships, the apropriate treatment and tramsmisson pattern are easy to achieve; moreover, proper prevention programs can be performes for rural sectors.