

عنوان مقاله:

بررسی و مقایسه ژنتیکی مایکوباکتریوم پاراتوبرکلوزیس جدا شده از دام‌های استان‌های تهران و البرز توسط روش‌های PCR و SSR

محل انتشار:

مجله تازه های بیوتکنولوژی سلولی - مولکولی، دوره 8، شماره 31 (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

امید غفاری - Department of Biotechnology, Faculty of Advanced Sciences & Technology, Pharmaceutical Sciences Branch, Islamic Azad - (University, Tehran_Iran (IAUPS

فاطمه فروهی - Department of Microbiology, Shahr-e-Quds Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

فهیمة نعمتی - Department of Biotechnology, Faculty of Advanced Sciences & Technology, Pharmaceutical Sciences Branch, Islamic Azad - (University, Tehran_Iran (IAUPS

خلاصه مقاله:

سابقه و هدف: مایکوباکتریوم اویوم تحت گونه پاراتوبرکلوزیس (MAP) عامل بیماری یون است. این بیماری گستره جهانی داشته و از لحاظ ایجاد خسارت اقتصادی به صنعت دامپروری از اهمیت زیادی برخوردار است. مواد و روش‌ها: این مطالعه بر روی 30 جدایه که از لحاظ موقعیت جغرافیایی منطقه جداسازی (استان‌های تهران و البرز) و هم‌چنین میزبان (گاو، گوسفند و بز) متفاوت بودند، اجرا گردید. از روش PCR جهت تکثیر دو لوکوس SSR1 و SSR2 استفاده شد. یافته‌ها: نتایج مطالعه حاضر نشان داد که جدایه‌های مورد بررسی از نظر ساختار دو لوکوس SSR1 و SSR2 هم با یکدیگر و هم با سویه‌های استاندارد دارای تفاوت ژنتیکی است. در این لوکوس‌ها به علت وجود Insertion و یا Deletion توالی‌های تکرار شده پشت سر هم، الگوهای ژنتیکی متفاوتی مشاهده می‌شود که امکان تمایز بین سویه‌ها را میسر می‌سازد. نتیجه‌گیری: با در نظر گرفتن دو آلل مربوط به هر کدام از زن‌ها، باکتری‌های مورد مطالعه در دو تیپ ژنتیکی جای گرفتند.

کلمات کلیدی:

Mycobacterium avium subsp. Paratuberculosis, بیماری یون، مایکوباکتریوم اویوم تحت گونه
پاراتوبرکلوزیس، SSR1, SSR2

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1162492>

