

عنوان مقاله:

بررسی مولکولی سویه های سالمونلا با استفاده از BOXAIR-PCR

محل انتشار:

دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

نویسندگان:

عطیه هاشمی - بخش هیاتیت و ایدز، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران

فهیمة باغبانی آرائی - گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد رامین- پیشوا، ورامین، ایران

مرسده تاج بخش - مرکز تحقیقت گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

خلاصه مقاله:

سالمونلا به عنوان یک پاتوژن مهم در ایجاد بیماری های ناشی از غذا در انسان و عامل بیماریزایی در حیوان مطرح می باشد. این میکروارگانیزم مسئول بسیاری از اپیدمی های عفونی گوارشی و نیز عفونت های روده ای تک گیر دخیل است به طوریکه بررسی تنوع ژنتیکی این سیه ها در یک جمعیت می تواند مدیریت اپیدمی ها و موارد تک گیر عفونت های ناشی از سالمونلا را تسهیل کند. در این مطالعه، برای تمایز دهی بین 74 سویه سالمونلا جدا شده از بیماران ایرانی، نواحی تکراری ژنوم با روش BOXAIR-PCR مورد آنالیز قرار رفت. سپس به منظور گروه بندی نمونه های مورد مطالعه بر اساس پروفایل های حاصل از BOXAIR-PCR، در ابتدا ماتریکس تشابه بین نمونه ها با استفاده از ضریب تشابه جاکارد محاسبه و دندروگرام مربوطه با متد کلاستری UPGMA رسم گردید. دندروگرام حاصل، 74 سویه سالمونلا را در 7 گروه کلاستری دسته بندی می کند که به نوعی نشان دهنده ناهمگونی ژنتیکی بالای سویه های مورد مطالعه می باشند. این در حالی است که ارتباطی بین گروه های کلاستری و سروتایپ سویه ها دیده نشد. در مجموع یافته های مطالعه حاضر بیانگر این مطلب است که روش های مولکولی مورد استفاده در این مطالعه برای تمایز دهی و شناسایی سویه های سالمونلا مناسب می باشد.

کلمات کلیدی:

سالمونلا، تنوع، BOXAIR-PCR

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/226950>

