

Characterization of aflatoxigenic *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* strain isolates from animal feedstuffs in northeastern Iran

Davari, E.¹; Mohsenzadeh, M.^{2*}; Mohammadi, Gh.³
and Rezaeian-Doloei, R.⁴

¹Graduated from Faculty of Veterinary Medicine, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran; ²Department of Food Hygiene and Aquaculture, Faculty of Veterinary Medicine, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran; ³Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran; ⁴Department of Agronomy and Plant Breeding, Mashhad Branch, Islamic Azad University, Mashhad, Iran

*Correspondence: M. Mohsenzadeh, Department of Food Hygiene and Aquaculture, Faculty of Veterinary Medicine, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran. E-mail: mohsenza@um.ac.ir

(Received 1 Mar 2014; revised version 7 Sept 2014; accepted 26 Nov 2014)

Summary

Aflatoxins are secondary toxic metabolites produced by some *Aspergillus* spp. particularly, *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* that contaminate food and feed. The objective of this study was to evaluate the contamination of feedstuffs with *Aspergillus* spp. and detect genes involved in the aflatoxin biosynthesis pathway of *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates. A total of 110 cow feed samples (comprised of silage, concentrate, hay and total mixed ration) from 30 industrial and semi-industrial dairy farms of Khorasan Razavi province, northeastern Iran, were examined using cultural and PCR methods. 68 (61.82%) *Aspergillus* spp. were isolated from 110 samples of feedstuff. The predominant *Aspergillus* isolates were *A. fumigates* (21.81%), followed by *A. flavus* (17.27%), *A. niger* (10%), *A. parasiticus* (8.18%), and *A. oryzae* (4.54%). Fungal contamination levels of industrial and semi-industrial dairy farm samples were not significantly different ($P > 0.05$). Using four sets of primers, a quadruplex PCR was developed to detect genes (*nor1*, *ver1*, *omtA* and *afIR*) at different loci coding enzymes in the aflatoxin biosynthesis pathway of *A. flavus* and *A. parasiticus* strains. Out of 28 strains of *A. flavus* and *A. parasiticus*, 10 isolates (35.71%) showed a quadruplet pattern indicating the important genes involved in the aflatoxin biosynthesis pathway, encoded for functional products. These isolates were confirmed to be aflatoxigenic by Thin Layer Chromatography. 18 isolates (64.29%) had three, two and single molecular patterns. The results obtained by this study show that rapid and specific detection of aflatoxigenic molds is important to ensure the microbiological safety of feedstuffs.

Key words: Aflatoxin, *Aspergillus* spp., Feedstuff, Multiplex PCR

Introduction

Mold and mycotoxin contamination of animal feedstuffs is largely a feed management problem. Most species of *Aspergillus* are able to grow on wide ranges of feed. They are essentially saprophytic and particularly associated with stored moldy plant products (Shapira *et al.*, 1996). *Aspergillus* genera is the most important aflatoxigenic fungi (Rodrigues *et al.*, 2009). Aflatoxins, are highly toxic secondary metabolites produced predominately by *A. flavus*, *A. parasiticus* and *A. nomius*. Food and feed commodities are usually contaminated by a range of different fungi during growth, harvesting and storage. Local weather conditions as well as environmental conditions in storage facilities, especially temperature and relative humidity, contribute to the growth of *A. flavus* and *A. parasiticus* and are, therefore, potential risks for aflatoxin production (Michael *et al.*, 1999; Rahimi *et al.*, 2008). *Aspergillus parasiticus* are able to produce aflatoxins B1, B2, G1 and G2, whereas *A. flavus* is only able to produce aflatoxin B1 and B2 (Yu, 2012). Only about 40-50% of *A. flavus* strains are able to produce these mycotoxins. Aflatoxin B1 is widely regarded as the most potent liver carcinogen, affecting a

large number of animal species and humans (Michael *et al.*, 1999). Aflatoxin M1 and M2 are hydroxylate derivatives of AFB1 and AFB2, which are formed and excreted in the milk of lactating animals and humans that have consumed aflatoxin-contaminated foods (Michael *et al.*, 1999). Aflatoxins are highly toxic and carcinogenic in animals and humans, leading to hepatotoxicity, immunotoxicity (Mehrzaad *et al.*, 2011), teratogenicity and even death (Erami *et al.*, 2007; Ghiasian and Maghsood, 2011).

Traditional culture techniques for monitoring foods and animal feed for fungal contaminations are extremely labor-intensive and require several days to complete. During the past years, a number of molecular based detection methods have been developed to characterize aflatoxigenic and non-aflatoxigenic *Aspergillus* spp. isolates in human foods and animal feeds (van der Vossen, 1996; Konietzny and Greiner, 2003). Aflatoxin biosynthesis is a complex process involving many intermediates and enzymes. The regulation of aflatoxin gene expression occurs at multiple levels and by multiple regulatory components. Twenty seven enzymatic steps are estimated for an aflatoxin biosynthesis (Ehrlich and Yu, 2010), and as many as 30 genes are potentially

involved in the process. The genes and corresponding enzymes have been extensively studied (Yu *et al.*, 2004a, b). In *A. flavus* and *A. parasiticus*, aflatoxin pathway genes are clustered within a 75-kb region of the fungal genome on chromosome III, roughly 80 kb away from the telomere (Yu *et al.*, 2004a, b; Chang *et al.*, 2005). *Nor-1*, *ver-1* and *omt-A* are three structural genes in the cluster genes of the biosynthesis aflatoxin pathway that are coded for key enzymes in the production of aflatoxin, thus they are essential for the production of aflatoxin (Erami *et al.*, 2007). Norsolorinic acid (NOR) was confirmed to be the first stable aflatoxin precursor (Yu *et al.*, 2004b). The *ver-1* gene was predicted to encode a ketoreductase, similar to *nor-1* (Keller *et al.*, 1994). Aflatoxin pathway genes were found to be clustered in the genome of *A. flavus* and *A. parasiticus* (Yu *et al.*, 2004a, b). These genes are expressed concurrently except for the regulatory gene *aflR*. In this gene cluster, a positive-acting regulatory gene, *aflR*, is located in the middle of the gene cluster. The *aflR* gene, encoding a 47 kDa sequence-specific zinc-finger DNA-binding protein, is required for transcriptional activation of most, if not all, structural genes of the aflatoxin gene cluster (Ehrlich *et al.*, 1998; Chang *et al.*, 1999a, b). Several studies were carried out regarding the use of genes involved in aflatoxin biosynthesis (Shapira *et al.*, 1996; Criseo *et al.*, 2001) for the identification of aflatoxin-producing *A. flavus* and *A. parasiticus*.

The aims of this study were to determine *Aspergillus* spp. contamination of animal feed samples and to specifically detect genes involved in aflatoxin biosynthesis in *A. flavus* and *A. parasiticus* isolated from feedstuffs of Khorasan dairy industries, Iran. To this end, a multiplex-PCR method was used to detect important genes involved in aflatoxin synthesis using four set of primers, namely *aflR*, *omtA*, *ver1*, *nor1*.

Materials and Methods

Feed samples

A total of 110 animal feed samples comprising silage (n=28), concentrate feed (n=30), total mixed ration (n=27) and hay (n=25) were randomly collected from 30 industrial and semi-industrial dairy farms of Khorasan Razavi province (Table 1). All samples were transported to the laboratory under cold (4°C) conditions. All samples were intended for animal consumption and none showed any visible sign of mold contamination.

Identification of *Aspergillus* spp.

Samples were homogenized and stored at 4°C and

protected against light until the day of analysis. A 10 g portion of each sample was homogenized in 90 ml of 0.1% peptone water solution for 30 min in an orbital shaker. Serial dilutions of up to 10^{-6} were made and 0.1 ml of each dilution was inoculated in duplicate onto potato dextrose agar (PDA, Merck). The plates were incubated at 25°C for 5-7 days. To identify *Aspergillus* species, the spores were transferred on the Czapek-Dox agar medium (CZA, Merck) after fungal colony formation and incubated for 5-7 days at 27°C. Wet mount smears and slide cultured colonies were stained with lactophenol cotton blue. Taxonomic fungi identification was made based on macroscopic and microscopic features according to appropriate keys proposed by Klich (2002).

Determination of aflatoxin production by chromatography

The isolates identified as *A. flavus* and *A. parasiticus* were tested for the production of aflatoxins based on the thin layer chromatography (TLC) method (Moubasher *et al.*, 2013). The spore suspension (100 µL) of each strain containing 10^7 spores/ml prepared in 0.1% (vol/vol) Tween 20 was added to a 250 ml Erlenmeyer flask containing 100 ml yeast extract sucrose broth (YES, Merck), incubated for 7 days at 26°C and shook at 150 rpm. To extract aflatoxin from the mycelium, the cells were lysed by adding 100 ml chloroform to each flask and transferring the lower transparent phase to a new tube. Chloroform was evaporated at 100°C in a water bath and the remaining pellets were dissolved in 1 ml methanol. Silica gel TLC plates (Sigma) were used for the aflatoxin analysis. From each sample, 50 µL was spotted onto the TLC sheets, developed in a toluene-ethyl acetate-acetic acid (50:30:4) solvent system. Pure aflatoxins (Sigma) were used as standards. Aflatoxins were visualized under a UV lamp at 365 nm and their presence was chemically confirmed by spraying 50% H₂SO₄, and heating to charring. An aflatoxigenic strain was used as positive control.

DNA extraction

The isolation of fungal DNA was performed according to the method described by Yelton *et al.* (1984) with some modifications. The strains were grown for 72 h under continuous shaking conditions (150 rpm) in the PDA Broth. The mycelium was then harvested by filtration, transferred to a mortar, frozen in liquid nitrogen and ground to a powder which was resuspended in a lysis buffer (50 mmol/L EDTA, 0.2% SDS, pH =

Table 1: The frequency of *Aspergillus* spp. isolated from feedstuffs of Khorasan dairy farms

Feedstuff sample	No of samples	<i>Aspergillus</i> spp.					Total (%)
		<i>A. flavus</i>	<i>A. parasiticus</i>	<i>A. fumigatus</i>	<i>A. niger</i>	<i>A. oryzae</i>	
Silage	28	1	2	3	2	0	8 (28.57%)
Concentrate	30	8	3	8	3	1	23 (76.66%)
TMR	27	5	2	5	0	2	14 (51.85%)
Hay	25	5	2	8	6	2	23 (92%)
Total (%)	110	19 (17.27%)	9 (8.18%)	24 (21.81%)	11 (10%)	5 (4.54%)	68 (61.82%)

Table 2: Primers used in this study, target gene, sequence and PCR product size

Primer name	Target gene	Primer sequence (5'-3')	PCR product size (bp)	Reference
NorF	<i>nor-1</i>	ACCGCTACGCCGGCACTCTCGGCAC	400 bp	Criseo <i>et al.</i> , 2001
NorR		GTTGGCCGCCAGCTTCGACACTCCG		
VerF	<i>ver-1</i>	GCCGACAGCCGCGGAGAAAGTGGT	537 bp	Criseo <i>et al.</i> , 2001
VerR		GGGGATATACTCCCGCAGACAGCC		
OmtF	<i>omt-A</i>	GTGGACGGACCTAGTCCGACATCAC	797 bp	Criseo <i>et al.</i> , 2001
OmtR		GTCGGCGCCACGCACTGGGTTGGGG		
AflrF	<i>aflR</i>	TATCTCCCCCGGGCATCTCCCGG	1032 bp	Criseo <i>et al.</i> , 2001
AflrR		CCGTCAGACAGCCACTGGACACGG		

8.5) and heated immediately at 68°C for 15 min. After centrifugation for 15 min at 15000 × g, a 7-10 ml volume of the supernatant fluid was transferred to a new centrifuge tube and 1 ml 4 mol/L sodium acetate was added. This solution was placed on ice for 1 h and centrifuged for 15 min at 15000 × g. After centrifugation, the supernatant fluid was transferred to a fresh tube and extracted by AccuPrep® Genomic DNA extraction Kit (Bioneer, Korea).

Multiplex PCR reaction

In the present study, multiplex PCR was performed according to the method described by Criseo *et al.* (2001). All of the isolated *A. flavus* and *A. parasiticus* were examined for the presence of four important aflatoxin genes (*aflR*, *omt-A*, *ver-1* and *nor-1*) enclosed in the aflatoxin biosynthesis pathway by multiplex PCR using four published primer sets (Table 2).

PCR reaction was performed in 25 µL containing 2.5 µL 1 X PCR buffer, 0.75 µL 50 mM MgCl₂, 0.5 µL 10 mM dNTPs, 2 µL of each primer, 0.2 µL *Taq* DNA polymerase (1 U/µL), 5 µL extracted DNA as template and 8.05 µL sterile distilled water. A total of 35 cycles was started with heating at 94°C for 5 min, and continued by denaturation for 30 s at 94°C, annealing for 30 s at 67°C, elongation for 30 s at 72°C and a final extension of 10 min at 72°C. Amplified products were visualized by UV illumination after electrophoresis on 1% agarose gel and ethidium bromide staining.

Genomic DNA of the following organisms was used to test the sensitivity of primers listed in Table 2: *A. parasiticus* ATCC 15517, *A. oryzae* IMI 126842, *Penicillium purpurogenome* PTCC 5212, *A. fumigates* PTCC 5009, *Fusarium oxysporum* PTCC 5115, *A. niger* ATCC 9142, *Alternaria alternata* PTCC 5224.

Statistical analysis

Statistical analysis was performed using SPSS version 19. Chi-square and Fisher exact tests were used to assess the possible differences between fungi incidence in feeds and types of dairy farm. The significance level was set at P<0.05 for all tests.

Results

Among 110 feed samples, 68 (61.82%) were contaminated with *Aspergillus* species. The predominant isolate was *A. fumigates* (21.81%), followed by *A. flavus* (17.27%), *A. niger* (10%), *A. parasiticus* (8.18%) and *A.*

oryzae (4.54%) (Table 1).

The most frequent isolated fungi were found in the hay samples (92%) and the lowest fungal contamination frequency was in the silage (28.57%). The incidence rates of fungal contamination in industrial and semi-industrial dairy farm samples were (62.5%) and (64.81%), respectively, with no significant differences between farm types (P>0.05).

The molecular patterns obtained for 28 examined *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates are shown in Fig. 1 and Table 3.

DNA fragments of *aflR*, *omt-A*, *ver-1* and *nor-1* genes were visualized at 1032, 797, 537 and 400 bp, respectively (Fig. 1). Five isolates (CAF1, CAF5, CAF7, CAP1 and CAP2) from the concentrate (Fig. 1a), 2 isolates (SAF1 and SAP2) from the silage (Fig. 1b), 2 isolates (TAF4 and TAP1) from the TMR (Fig. 1c) and 1 isolate (HAP2) from the hay (Fig. 1d) had a quadruplet pattern, indicating the presence of the four genes involved in the aflatoxin biosynthesis pathway. Other strains, however, showed different molecular patterns (Table 3). The results obtained by the TLC method indicated that all aflatoxigenic strains of *A. flavus* and *A. parasiticus* (10 strains) contained the four structural genes (Table 3).

No DNA amplification was observed with *A. niger* ATCC 9142, *Penicillium purpurogenome* PTCC 5212, *Fusarium oxysporum* PTCC 5115, *A. oryzae* IMI 126842, *A. fumigates* PTCC 5009 and *Alternaria alternata* PTCC 5224, even at the highest level, thus indicating the high specificity of the PCR. To determine the PCR's sensitivity, lower concentrations of spores were tested. The DNA was only amplified in *A. parasiticus* ATCC 15517, even at the lowest spore level.

Discussion

In this study, *A. fumigatus* (21.81%) and *A. flavus* (17.27%) were the predominant *Aspergillus* spp. isolated from feedstuffs. These results differ from reports describing *A. niger* as the most predominant followed by *A. flavus* (Saleemi *et al.*, 2010), and vice versa (Accensi *et al.*, 2004; Somashekar *et al.*, 2004). In a study conducted in Brazil on raw materials and finished cow feed samples by Rosa *et al.* (2008), eight fungal genera were isolated. The predominant *Aspergillus* isolated from finished cow feed samples were *A. flavus* (31.6%) followed by *A. niger* (22.4%). The predominance of *A. flavus* isolates showed that it can easily adapt itself to

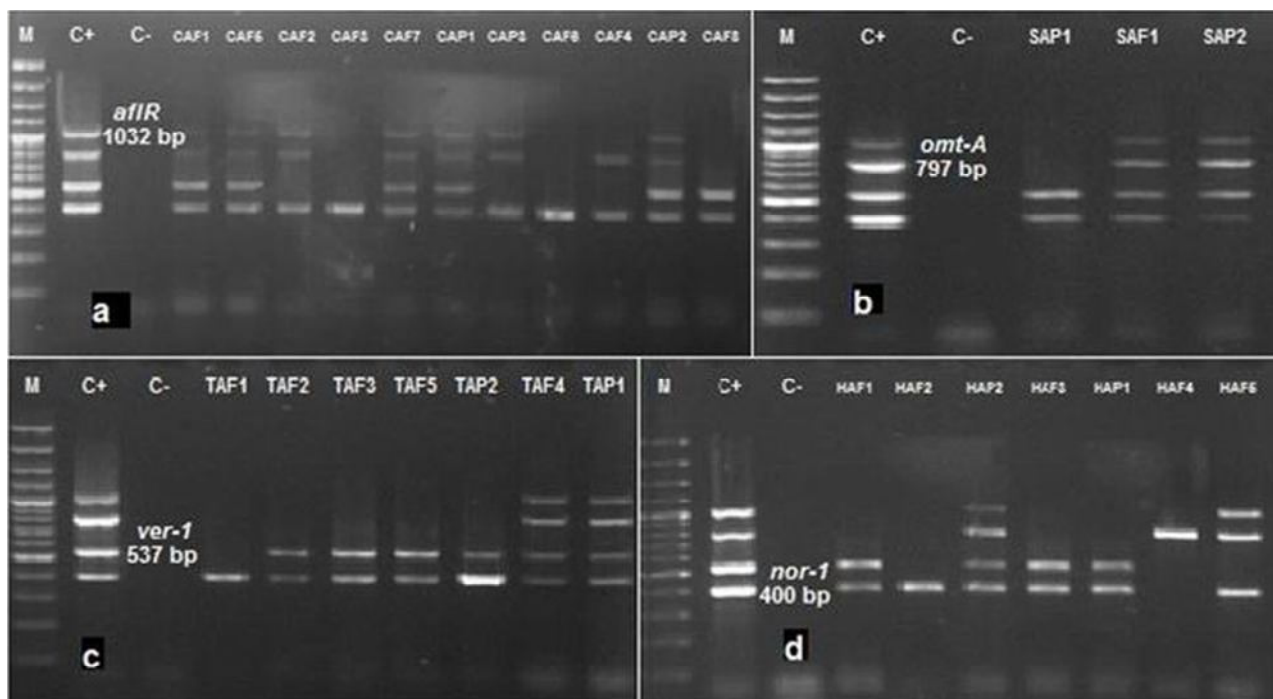


Fig. 1: Agarose gel electrophoresis of multiplex PCR products amplified from *A. flavus* and *A. parasiticus* isolated from feedstuffs. M: 100 bp DNA molecular size marker, C+: Positive control (*A. parasiticus* ATCC 15517), and C-: Negative control (without genomic DNA). (a): DNA banding patterns of *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates of concentrate samples, (b): DNA banding patterns of *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates of silage samples, (c): DNA banding patterns of *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates of TMR samples, and (d): DNA banding patterns of *A. flavus* and *A. parasiticus* isolates of hay samples

Table 3: Results obtained by multiplex PCR and conventional methods (TLC and PCR)

Isolate code	Aflatoxin biosynthesis gene				Aflatoxin production by TLC method	
	<i>aflR</i>	<i>omt-A</i>	<i>ver-1</i>	<i>nor-1</i>	Aflatoxin production	
SAF1	+	+	+	+	+	
SAP1	-	-	+	+	-	
SAP2	+	+	+	+	+	
CAF1	+	+	+	+	+	
CAF2	+	+	-	+	-	
CAF3	-	-	-	+	-	
CAF4	-	+	-	+	-	
CAF5	+	+	+	+	+	
CAF6	-	-	-	+	-	
CAF7	+	+	+	+	+	
CAF8	-	-	+	+	-	
CAP1	+	+	+	+	+	
CAP2	+	+	+	+	+	
CAP3	+	+	-	+	-	
TAF1	-	-	-	+	-	
TAF2	-	-	+	+	-	
TAF3	-	-	+	+	-	
TAF4	+	+	+	+	+	
TAF5	-	-	+	+	-	
TAP1	+	+	+	+	+	
TAP2	-	-	+	+	-	
HAF1	-	-	+	+	-	
HAF2	-	-	-	+	-	
HAF3	-	-	+	+	-	
HAF4	-	+	-	-	-	
HAF5	+	+	-	+	-	
HAP1	-	-	+	+	-	
HAP2	+	+	+	+	+	
<i>A. niger</i> ATCC 9142	-	-	-	-	-	
<i>F. oxysporum</i> PTCC 5115	-	-	-	-	-	
<i>A. parasiticus</i> ATCC15517	+	+	+	+	+	
<i>P. purporogenome</i> PTCC 5212	-	-	-	-	-	

S: Silage, C: Concentrate, T: TMR, H: Hay, AF: *A. flavus*, and AP: *A. parasiticus*

various geographical regions. Another important point to consider is that *A. flavus* can grow at low (11-14%) humidity levels (Pitt and Hocking, 1997; Macioro *et al.*, 2007).

In the present study, similar to Khosravi *et al.* (2004), the most frequent isolated fungi were found in concentrate samples rather than other feedstuffs. In another study carried out in Iran by Ghiasian and Maghsood (2011), concentrate feed was reported to be the most contaminated, with mean colony counts of 7.25×10^2 and 7.50×10^2 CFU/g for *A. flavus* and *A. parasiticus*, respectively.

In our study, similar to Khosravi *et al.* (2004), the lowest fungal contamination frequency was found in silage. The incidence rate of fungal contamination in both dairy farm samples were (63.31%) and (67.18%), respectively, and no significant difference was detected between farm types ($P > 0.05$). Similar results regarding Iranian farm types were reported by Ghiasian and Maghsood (2011).

PCR is a method of choice for the diagnosis of aflatoxigenic molds (Shapira *et al.*, 1996; Erami *et al.*, 2007). In the present work, using a set of four primers *afIR*, *omtA*, *ver1* and *nor1*, a multiplex PCR procedure was used to detect genes involved in the aflatoxin biosynthesis pathway. Primers *omt-1*, *nor-1*, *ver-1*, are three structural genes used for the biosynthesis of aflatoxin. The *afIR* gene, that codes for a regulatory factor, seemed to be involved in the activation of the transcript of pathway genes (Woloshuk *et al.*, 1994). It was also found to regulate aflatoxin biosynthesis. The *omt* gene was found to be involved in the conversion of sterigmatocystin to o-methylsterigmatocystin in the aflatoxin biosynthetic pathway. The results indicated that all aflatoxigenic strains of *A. flavus* (5 isolates) and *A. parasiticus* (5 isolates) contained the four tested: *nor-1*, *ver-1*, *omtA*, and *afIR* genes. In our study, 10 isolates (35.71%) of 28 strains of tested *A. flavus* and *A. parasiticus* showed a quadruplet pattern, indicating the presence of all genes which encode for functional products and their involvement in the aflatoxin biosynthetic pathway (Yu *et al.*, 2004a, b). These strains had a quadruplet DNA banding pattern, indicating the presence of the four genes in the aflatoxin biosynthetic pathway. In contrast, non-aflatoxigenic strains showed different band patterns comprising of 1, 2 and 3 bands. These results complement those of the TLC aflatoxin detection method, and were in agreement with the findings of Rashid *et al.* (2008), who concluded that aflatoxigenic isolates of *A. flavus* and *A. parasiticus* had all four *nor1*, *ver1*, *omtA*, and *afIR* genes.

In our study, we found that conventional methods of using cultural media for aflatoxin production distinguished perfectly between aflatoxin-producing and non-producing strains. Unfortunately, these methods are time-consuming and labor-intensive, and can fail to detect some aflatoxin-producing strains due to the fact that aflatoxin production instability may occur in certain aflatoxigenic strains growing in culture media (Criseo *et al.*, 2001). Using multiplex PCR utilizing primers

targeting the *afIR*, *nor-1*, *ver-1* and *omt-A* genes appears to offer some promise in detecting aflatoxigenic molds. This study confirms the importance of further surveillance of mycotoxigenic fungi and mycotoxin occurrence in feedstuffs in Iran.

Acknowledgements

The authors express their special thanks to Dr. J. Mehrzad for his kind comments on revising the paper and Mrs. S. Khajenasiri for technical help. Guidance and help on the aflatoxin measurement of the samples by TLC method and interpretation of the results in this study has been conducted by Dr. R. Rezaeian-Doloei. This research was supported by grant No. 16865 from the Research Council of the Ferdowsi University of Mashhad.

References

- Accensi, E; Abarca, ML and Cabanes, FJ (2004). Occurrence of *Aspergillus* species in mixed feeds and component raw materials and their ability to produce ochratoxin A. *Food Microb.*, 21: 623-627.
- Chang, PK; Horn, BW and Dorner, JW (2005). Sequence breakpoints in the aflatoxin biosynthesis gene cluster and flanking regions in nonaflatoxigenic *Aspergillus flavus* isolates. *Fungal Genet. Biol.*, 42: 914-923.
- Chang, PK; Yu, J; Bhatnagar, D and Cleveland, TE (1999a). The carboxy-terminal portion of the aflatoxin pathway regulatory protein AFLR of *Aspergillus parasiticus* activates GAL1:lacZ gene expression in *Saccharomyces cerevisiae*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 65: 2508-2512.
- Chang, PK; Yu, J; Bhatnagar, D and Cleveland, TE (1999b). Repressor-AFLR interaction modulates aflatoxin biosynthesis in *Aspergillus parasiticus*. *Mycopathologia*. 147: 105-112.
- Criseo, G; Bagnara, A and Bisignano, G (2001). Differentiation of aflatoxin-producing and non-producing strain of *Aspergillus flavus* group. *J. App. Microb.*, 33: 291-295.
- Ehrlich, KC; Montalbano, BG; Bhatnagar, D and Cleveland, TE (1998). Alteration of different domains in AFLR affects aflatoxin pathway metabolism in *Aspergillus parasiticus* transformants. *Fungal Genet. Biol.*, 23: 279-287.
- Ehrlich, KC and Yu, J (2010). Aflatoxin-like gene clusters and how they evolved. In: Rai, M and Varma, A (Eds.), *Mycotoxins in food, feed, and bioweapons*. New York, Springer. PP: 65-75.
- Erami, M; Hashemi, SJ; Pourbakhsh, SA; Shahsavandi, S; Mohammadi, S; Shooshtari, AH and Jahanshiri, Z (2007). Application of PCR on detection of aflatoxinogenic fungi. *Arch. Razi Inst.*, 62: 95-100.
- Ghiasian, SA and Maghsood, AH (2011). Occurrence of aflatoxigenic fungi in cow feeds during the summer and winter season in Hamadan, Iran. *Afr. J. Microbiol. Res.*, 5: 516-521.
- Keller, NP; Kantz, NJ and Adams, TH (1994). *Aspergillus nidulans* *verA* is required for production of the mycotoxin sterigmatocystin. *Appl. Environ. Microbiol.*, 60: 1444-1450.
- Khosravi, AR; Shokri, H; Yahyaraeyat, R and Soltani, M

- (2004). Isolation of toxigenic and nontoxigenic fungi from feedstuff referred to the center of mycology. *J. Vet. Res.*, 59: 221-226.
- Klich, MA** (2002). *Identification of common Aspergillus species*. Utrecht, Netherlands, CBS. P: 116.
- Konietzny, U and Greiner, R** (2003). The application of PCR in the detection of mycotoxigenic fungi in foods. *Braz. J. Microbiol.*, 34: 283-300.
- Maciore, KG; Herrera, P; Jones, FT; Pillai, SD and Rieke, SC** (2007). Effect on poultry and livestock of feed contamination with bacteria and fungi. *Anim. Feed Sci. Tech.*, 133: 109-136.
- Mehrzad, J; Klein, G; Kamphues, J; Wolf, P; Grabowski, N and Schuberth, HJ** (2011). *In vitro* effects of very low levels of aflatoxin B1 on free radicals production and bactericidal activity of bovine blood neutrophils. *Vet. Immunol. Immunopatol.*, 141: 16-25.
- Moubasher, H; Abutaleb, A and Senousy, HH** (2013). Molecular differentiation between aflatoxinogenic and non-aflatoxinogenic strains of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*. *Microbiology*. 82: 642-646.
- Pitt, JI and Hocking, AD** (2009). *Fungi and food spoilage*. 3rd Edn., New York, Springer-Verlag. PP: 3-9.
- Rahimi, P; Sharifnabi, B and Bahar, M** (2008). Detection of aflatoxin in *Aspergillus* species isolated from pistachio in Iran. *Phytopathology*. 156: 15-20.
- Rashid, M; Khalil, S; Ayub, N; Ahmed, W and Ghaffarkhan, A** (2008). Categorization of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* isolates of stored wheat grains in to aflatoxinogenics and non-aflatoxinogenics. *Pak. J. Bot.*, 40: 2177-2192.
- Rodrigues, P; Armando, V; Kozakiewicz, Z and Lima, N** (2009). A polyphasic approach to the identification of aflatoxinogenic and non-aflatoxinogenic strain of *Aspergillus* section flavi isolation from Portuguesa almond. *Food Microbiol.*, 129: 187-193.
- Rosa, CAR; Cavaglieri, LR; Ribeiro, JMM; Keller, KM; Alonso, VA; Chiacchiera, SM and Dalcero, AM** (2008). Mycobiota and naturally-occurring ochratoxin A in dairy cattle feed from Rio de Janeiro state, Brazil. *World Mycotoxin J.*, 1: 195-201.
- Saleemi, MK; Khan, MZ; Ahrar, K and Javed, I** (2010). Mycoflora of poultry feeds and mycotoxins producing potential of *Aspergillus* species. *Pak. J. Bot.*, 42: 427-434.
- Shapira, R; Paster, N; Eyal, O; Menashero, M; Mett, A and Salomon, R** (1996). Detection of aflatoxinogenic mold in grain by PCR. *App. Environ. Microbiol.*, 62: 3270-3273.
- Somashekar, D; Rati, ER; Anad, S and Chandrashekar, A** (2004). Isolation, enumeration and PCR characterization of aflatoxinogenic fungi from food and feed samples in India. *Food Microb.*, 21: 809-813.
- van der Vossen, JM and Hofstra, H** (1996). DNA based typing, identification and detection systems for food spoilage microorganisms: development and implementation. *Int. J. Food Microbiol.*, 33: 35-49.
- Woloshuk, CP; Foutz, KR; Brewer, JF; Bhatnagar, D; Cleveland, TE and Payne, GA** (1994). Molecular characterization of *aflR*, a regulatory locus for aflatoxin biosynthesis. *App. Environ. Microbiol.*, 60: 2408-2414.
- Yelton, MM; Hamer, JE and Timberlake, WE** (1984). Transformation of *Aspergillus nidulans* by using a *trpC* plasmid. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 81: 1470-1474.
- Yu, J** (2012). Current understanding on aflatoxin biosynthesis and future perspective in reducing aflatoxin contamination. *Toxins*. 4: 1024-1057.
- Yu, J; Bhatnagar, D and Cleveland, TE** (2004a). Completed sequence of aflatoxin pathway gene cluster in *Aspergillus parasiticus*. *FEBS Lett.*, 564: 126-130.
- Yu, J; Chang, PK; Ehrlich, KC; Cary, JW; Bhatnagar, D; Cleveland, TE; Payne, GA; Linz, JE; Woloshuk, CP and Bennett, JW** (2004b). Clustered pathway genes in aflatoxin biosynthesis. *Appl. Environ. Microbiol.*, 70: 1253-1262.

Summaries in Persian

خلاصه‌ی مقالات به زبان فارسی

مقاله کامل: تأثیر استرس گرمایی بر پروفایل بیان ژن‌های مربوط به آپوپتوز در سلول‌های تک هسته‌ای خون محیطی گاو دوره انتقالی نژاد ساهییوال

آنجلی سومال^۱، آنجلی آگاروال^۲ و رامش چاندرا یوپیادیوای^۲

^۱ دانشجوی دکترای تخصصی فیزیولوژی دامپزشکی، بخش فیزیولوژی و اقلیم‌شناسی (P&C)، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ ^۲ بخش فیزیولوژی گاو شیری، پژوهشکده ملی تحقیقات گاو شیری، کرنال-۱۳۲۰۰۱، هریانا، هند

(دریافت مقاله: ۱ دی ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۲۳ اسفند ۱۳۹۳)

این مطالعه به منظور بررسی اثر استرس گرمایی بر الگوی بیان ژن‌های مرتبط با آپوپتوز در حوالی زایمان گاوهای دوره انتقالی (فاز انتقالی قبل و بعد از زایمان) نژاد ساهییوال انجام گرفت. برای این منظور، ۱۲ گاو ساهییوال آبستن خشک از مرکز تحقیقات دام‌های اهلی در پژوهشکده ملی تحقیقات گاو شیری، کرنال انتخاب شدند. گاوها به دو گروه شامل شش گاو ساهییوال در هر گروه تقسیم شدند. گاوهای گروه I تحت شرایط دمایی معتدل ($THI = 67/3$) و گاوهای گروه II در فصل تابستان ($THI = 79/9$) زایمان کردند. نمونه‌های خونی در روزهای ۱۵-، ۰ و ۱۵+ نسبت به روز زایمان جمع‌آوری گردیدند. سلول‌های تک هسته‌ای خون محیطی (PBMC) مشخص شده و کل RNA برای بیان mRNAs مربوط به BCL-2 (لنفومای سلول B-۲)، BAX (کشنده آنتاگونیست BCL-2)، BAK (پروتئین X مرتبط با Bcl-2)، CASP-3 (سیستئین-آسپارتیک پروتئازهای-۳) و P53 (پروتئین توموری-۵۳) جدا شدند. اثر تنظیمی بالای CASP-3 بر روی روز زایمان در طی هر دو شرایط دمایی مشخص داشت. مقایسه بین دو شرایط دمایی نشان داد که بین CASP-3، BAK، P53 و نسبت BAX/BCL-2 در PBMC در فصل تابستان در مقایسه با وضعیت دمایی معتدل افزایش یافت که حساسیت این سلول‌ها به آپوپتوز را متبادر به ذهن می‌کند. بر اساس یافته‌های بالا می‌توان چنین نتیجه‌گیری کرد که هنگام زایمان PBMC نسبت به آپوپتوز حساس‌تر بوده و تابستان که استرس‌زاتر می‌باشد آپوپتوز PBMC در گاوهای ساهییوال را تشدید می‌کند.

واژه‌های کلیدی: آپوپتوز، PBMC، ساهییوال، استرس گرمایی، گاو دوره انتقالی

مقاله کامل: جداسازی اولیه گونه‌های مایکوباکتریوم در گونه‌های مولوس در ترکیه

پینار سویم^۱، سلمین اُزر^۲ و فریت راد^۳

^۱وزارت غذا، کشاورزی و دامداری، اداره کل استان کوروم، کوروم، ترکیه؛ ^۲گروه آبی‌پروری، دانشکده شیلات دانشگاه مرسین، مرسین ۳۳۱۶۹، ترکیه

(دریافت مقاله: ۲۸ اسفند ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۱۷ دی ۱۳۹۳)

گونه‌های مایکوباکتریوم اکتیوزئونوتیک خطرات بهداشتی در ماهی و انسان دارد. در این مطالعه، وجود گونه‌های مایکوباکتریوم اکتیوزئونوتیک در شاه ماهی (مولوس بارباتوس) و شاه ماهی قرمز (مولوس سورمولیتوس)، گونه‌های بسیار صید شده در دریای مدیترانه و ازه مورد بررسی قرار گرفت. تعداد ۲۰۸ نمونه ماهی تهیه شده از ماهیگیرهایی در شهرستان مرسین (ترکیه) مورد مطالعه قرار گرفتند. گونه‌های مایکوباکتریوم با استفاده از روش‌های قراردادی جداسازی شده و توسط واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در سطح جنس و به وسیله PCR-RFLP در سطح گونه شناسایی شده‌اند. ۱۳ گونه مایکوباکتریوم در ۱۳ نمونه ماهی (۶۱/۲۵٪) شناسایی شدند. چهار گونه مایکوباکتریوم به عنوان مایکوباکتریوم ژناونس، سه گونه به عنوان مایکوباکتریوم فورتوتوم، سه گونه به عنوان مایکوباکتریوم اسکروفلاستوم، یک گونه به عنوان مایکوباکتریوم مارینوم، یک گونه به عنوان مایکوباکتریوم واسه و یک گونه به عنوان مایکوباکتریوم اوروم شناسایی شدند. هیچ گونه‌ای از مایکوباکتریوم در نمونه‌های ماهی مشاهده نشد. یافته‌های این مطالعه می‌توانند به مطالعات بعدی بر روی گونه‌های مایکوباکتریوم اکتیوزئونوتیک در غذاهای دریایی کمک نمایند.

واژه‌های کلیدی: بیماری ماهی، ایمنی غذا، گونه‌های مایکوباکتریوم، شاه ماهی (مولوس بارباتوس)، شاه ماهی قرمز (مولوس سورمولیتوس)

مقاله کامل: تعیین خصوصیات گونه‌های توکسین‌زای اسپرژیلوس فلاوس و اسپرژیلوس پارازیتیکوس جدا شده از خوراک دام در شمال شرق ایران

الهام داوری^۱، محمد محسن‌زاده^۲، غلامرضا محمدی^۳
و رویا رضائیان دلویی^۴

^۱دانش‌آموخته دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ ^۲گروه بهداشت مواد غذایی و آبزیان، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ ^۳گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ ^۴گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد مشهد، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران

(دریافت مقاله: ۱۰ اسفند ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۵ آذر ۱۳۹۳)

آفلاتوکسین‌ها، متابولیت‌های ثانویه تولید شده به وسیله بعضی از گونه‌های اسپرژیلوس به ویژه اسپرژیلوس فلاوس و اسپرژیلوس پارازیتیکوس می‌باشند که باعث آلودگی مواد غذایی و یا خوراک دام می‌شوند. این مطالعه با هدف ارزیابی آلودگی خوراک دام به انواع اسپرژیلوس و تشخیص ژن‌های موثر در مسیر سنتز آفلاتوکسین در اسپرژیلوس فلاوس و اسپرژیلوس پارازیتیکوس جدا شده از خوراک دام انجام گرفت. تعداد ۱۱۰ نمونه خوراک دام شامل سیلو، کنسالتره، علوفه و خوراک آماده از ۳۰ گاوداری صنعتی و نیمه صنعتی استان خراسان رضوی جمع‌آوری و با استفاده از

روش کشت آزمایشگاهی و واکنش زنجیره‌ای پلیمرز مورد ارزیابی قرار گرفت. تعداد ۶۸ (۶۱/۸۲٪) سویه آسپرژیلوس از ۱۱۰ نمونه خوراک دام مورد بررسی، جداسازی گردید. بیشترین میزان آلودگی به انواع آسپرژیلوس فومیگاتوس (۲۱/۸۱٪)، سپس آسپرژیلوس فلاوس (۱۷/۲۷٪)، آسپرژیلوس نایجر (۱۰٪)، آسپرژیلوس پارازیتیکوس (۸/۱۸٪) و آسپرژیلوس اروزیه (۴/۵۴٪) تعلق داشت. از بابت میزان آلودگی قارچی بین گاو‌داری‌های صنعتی و نیمه صنعتی هیچگونه اختلاف معنی‌داری وجود نداشت ($P>0.05$). از آزمایش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز چندگانه برای تشخیص چهار ژن اصلی (*nor-1*, *ver-1*, *omtA*, *aflR*) مسؤول تولید آنزیم‌های کلیدی در چرخه بیوسنتز آفلاتوکسین در آسپرژیلوس فلاوس و آسپرژیلوس پارازیتیکوس استفاده گردید. از ۲۸ سویه آسپرژیلوس فلاوس و آسپرژیلوس پارازیتیکوس جدا شده تعداد ۱۰ جدایه (۳۵/۷۱٪) واجد چهار ژن اصلی با باندهای مشخص بودند. کلیه جدایه‌ها از بابت تولید آفلاتوکسین با استفاده از روش کروماتوگرافی لایه نازک مورد تایید قرار گرفتند. ۱۸ جدایه (۶۴/۲۹٪) دارای ۱، ۲ یا ۳ باند بودند. نتایج به دست آمده در این مطالعه نشان داد که تشخیص سریع و اختصاصی قارچ‌های توکسین‌زا برای اطمینان از سلامت میکروبیولوژیکی خوراک دام حائز اهمیت می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: آفلاتوکسین، گونه‌های آسپرژیلوس، خوراک دام، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز چندگانه

مقاله کامل: تاثیر افزودن امولسیون کننده به جیره‌های حاوی منابع مختلف چربی بر عملکرد اردک‌های خاکی کمپل

زُسانگپوای^۱، آملان کومار پاترا^۱ و گوتام سامانتا^۲

^۱ کارشناس ارشد، گروه تغذیه دام، دانشکده دامپزشکی و علوم دامی دانشگاه علوم دامی و شیلات بنگال غربی، سارانی، K. B. ۳۷، بلگاچیا، کلکته، ۷۰۰۰۳۷، بنگال غربی، هند؛ ^۲ گروه تغذیه دام، دانشکده دامپزشکی و علوم دامی دانشگاه علوم دامی و شیلات بنگال غربی، سارانی، K. B. ۳۷، بلگاچیا، کلکته، ۷۰۰۰۳۷، بنگال غربی، هند

(دریافت مقاله: ۸ بهمن ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۲۹ بهمن ۱۳۹۳)

یک آزمایش به منظور مطالعه اثرات یک امولسیون کننده (گلیسرول پلی اتیلن گلیکول رسینولات، GPGR) و منابع مختلف چربی بر روی عملکرد اردک‌های خاکی کمپل انجام گرفت. اردک‌ها به پنج گروه با سه تکرار (۱۰ اردک به ازای هر تکرار) در هر گروه تقسیم‌بندی شدند. درمان‌ها، جیره کنترل (C1)، بدون افزودن روغن و امولسیون کننده، جیره کنترل افزوده شده با ۲٪ روغن سویا (C2) بودند. برای سه گروه دیگر، بلال ذرت با سبوس برنج جایگزین و به ۲٪ روغن سویا به همراه امولسیون کننده (T1)، ۲٪ روغن خرما به اضافه امولسیون کننده (T2)، و ۲٪ چربی خوک به اضافه امولسیون کننده (T3) افزوده شد. مصرف خوراک تحت تأثیر هیچ یک از درمان‌های غذایی قرار نگرفت ($P>0.1$). همچنین اثری از درمان غذایی بر روی افزایش وزن بدن و بازدهی خوراک به استثنای گروه T3، که افزایش وزن بدن در مقایسه با سایر درمان‌ها کمتر و بازدهی خوراک کمتر از C2، T1 و T2 بود، وجود نداشت. قابلیت متابولیزه کردن ماده خشک در گروه‌های T1، T2 و T3 نسبت به گروه‌های C1 و C2 میل به کاهش داشت ($P=0.08$). مقادیر انرژی قابل متابولیزه به طور معنی‌داری در گروه C2 نسبت به گروه C1 بیشتر بوده ($P<0.05$)، ولی در میان گروه‌های C1، T1، T2 و T3 مشابه بودند. قابلیت متابولیزه کردن چربی و سایر مواد مغذی تحت تأثیر درمان‌های غذایی قرار نگرفتند ($P>0.10$). صفات اصلی لاشه در میان درمان‌ها تحت تأثیر قرار نگرفتند ($P>0.10$). به عنوان نتیجه‌گیری، روغن سویا و روغن خرما همراه با GPGR به عنوان امولسیون کننده می‌توانند به جیره‌های حاوی مقادیر زیاد سبوس برنج بدون اثر بر عملکرد افزوده شوند، در حالی که چربی خوک ممکن است عملکرد اردک‌ها را به طور معکوس تحت تأثیر قرار دهد.

واژه‌های کلیدی: امولسیون کننده، چربی‌ها، رشد، اردک‌های خاکی کمپل، مصرف مواد مغذی

مقاله کامل: آنالیز انسجام کروماتین و آسیب DNA اسپرمتوزوآی بوفالو

کریم غ. ام. محمود^۱، عبدالحامد ای. ای. السوکرى^۲، آلا ای. عبدالغفار^۳،
محمود ای. ای. ابو الروز^۳ و یوسف اف. احمد^۱

^۱ گروه تولید مثل دام و تلقیح مصنوعی، مرکز تحقیقات ملی، الدقی، الجیزه، مصر؛ اداره کل خدمات دامپزشکی، الدقی، الجیزه، مصر؛ ^۲ گروه مامایی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه بنها، الکالیوبیا، مصر

(دریافت مقاله: ۲۱ مرداد ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۱ آذر ۱۳۹۳)

این مطالعه به منظور تخمین انسجام کروماتین و آسیب DNA به وسیله الکتروفورز DNA و سنجش کامت در مایع منی تازه و منجمد بوفالو انجام گرفت. نمونه‌های مایع منی از چهار بوفالوی نر جمع‌آوری شدند، و مایع منی بعد از فریز از لحاظ تحرک اسپرم، زنده مانی، ناهنجاری‌های اسپرم، انسجام کروماتین و آسیب DNA بررسی شد. اختلاف معنی‌داری در پارامترهای مایع منی در میان گاوهای نر بعد از آب شدن پیدا شد. اختلاف‌های بسیار معنی‌داری ($P < 0.001$) در انسجام کروماتین بین مایع منی تازه و منجمد مشاهده شدند. اختلاف معنی‌داری بین گاوها از نظر انسجام کروماتین در مایع منی تازه وجود نداشت، اما در مایع منی منجمد در میان گاوها اختلاف معنی‌داری شناسایی شد ($P < 0.05$). قطعه قطعه شدن DNA به وسیله الکتروفورز ژل آگاروز دیده نشد. درصد اسپرم با DNA آسیب دیده با سنجش کامت به طور معنی‌داری بین مایع منی تازه و منجمد فرق می‌کرد. رابطه منفی معنی‌داری بین تحرک و آسیب به DNA ($r = -0.68, P < 0.05$) وجود داشت و ناهنجاری‌های اسپرم و قطعه قطعه شدن DNA به طور قابل توجهی به شکل مثبت در ارتباط بودند ($r = 0.59, P < 0.05$). در نتیجه، ارزیابی آسیب DNA ممکن است اطمینان از نرمال بودن ژنوم را میسر ساخته و بتواند تکامل روش‌های اصلاح شده انتخاب اسپرمتوزوآ با DNA سالم را به منظور استفاده در تلقیح مصنوعی هدایت نماید.

واژه‌های کلیدی: بوفالو نر، انسجام کروماتین، آسیب DNA، کیفیت مایع منی

مقاله کامل: تاثیر مایع آمنیون جنین جوجه بر روی بازسازی عصب سیاتیک موش صحرائی

غلامحسین فرجاه^۱ و فرزانه فضلی^۲

^۱ مرکز تحقیقاتی نوروفیزیولوژی، گروه آناتومی، دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران؛ ^۲ دانشجوی کارشناسی ارشد علوم تشریحی، گروه آناتومی، دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران

(دریافت مقاله: ۱۹ شهریور ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۲۰ دی ۱۳۹۳)

هدف از این مطالعه تجربی ارزیابی تاثیر مایع آمنیون جوجه بر برش عرضی عصب سیاتیک موش صحرائی است. ۳۰ سر موش نر صحرائی (اسپراگو-داولی) بالغ به وزن ۲۷۵ تا ۳۰۰ گرم به طور تصادفی به سه گروه شامل (۱) مایع آمنیون، (۲) نرمال سالین و (۳) شم جراحی تقسیم شدند. مایع آمنیون از حفره آمنیون جنین جوجه ۱۴ روزه کشیده شد. عصب سیاتیک نمایان شد و به طور عرضی قطع شد. بلافاصله ترمیم اپی نورئال انجام شد. به حیوانات تحت درمان با مایع آمنیون ۲ میلی لیتر بر کیلوگرم به صورت زیر جلدی و به طور روزانه، ۵ بار در هفته و به مدت دو هفته تزریق شد. همه حیوانات توسط شاخص حرکتی عصب سیاتیک، الکتروفیزیولوژی، بافت شناسی و ایمونوهیستوشیمی در ۲۸ و ۵۶ روز پس از

جراحی ارزیابی شدند. شاخص حرکتی عصب سیاتیک در روزهای ۲۱ و ۲۸ پس از جراحی در بین گروه‌های مایع آمنیون و نرمال سالین از لحاظ آماری معنی‌دار بود ($P < 0.05$). در روز ۲۸، تعداد آکسون‌های میلین‌دار در گروه مایع آمنیون از لحاظ آماری بیشتر از گروه نرمال سالین بود ($P < 0.05$). در روزهای ۲۸ و ۵۶ پس از جراحی، میانگین سرعت هدایت عصب در گروه مایع آمنیون نسبت به گروه نرمال سالین سریع‌تر بود، اما این اختلاف معنی‌دار نبود ($P > 0.05$). نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که مایع آمنیوتیک جنین جوجه، بازسازی عصب محیطی را تقویت می‌نماید.

واژه‌های کلیدی: مایع آمنیون، جنین جوجه، بازسازی عصب، موش صحرائی

مقاله کامل: شناسایی و تفریق سویه‌های وحشی و واکسن ویروس دیستمپر سگ سانان توسط واکنش زنجیره‌ای پلیمرز داپلکس با رونویسی معکوس

زیبا^۱-بینگ دونگ^{۱، ۲}، ون-هو لی^۳، جون-لینگ ژو^۴، ون-جون لیو^۱،
مینگ-کیو ژا^۵، یونگ-ون لوان^۱ و جین-دینگ چن^۱

^۱گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ ^۲گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی و مهندسی بینگ دونگ، دانشگاه شائگوان، شائگوان ۵۱۲۰۰۵، چین؛ ^۳آکاشناس ارشد ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ ^۴آکاشناس ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ ^۵آکاشناس ارشد واکسن، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین

(دریافت مقاله: ۲۳ دی ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۲۵ آذر ۱۳۹۳)

ویروس دیستمپر سگ سانان (CDV) عامل دیستمپر سگ سانان (CD) است که بیماری شدید و بسیار واگیری در سگ‌ها می‌باشد. در مطالعه حاضر، یک روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز داپلکس با رونویسی معکوس (RT-PCR) برای شناسایی و تمایز سویه‌های نوع وحشی و واکسن CDV تهیه شد. چهار پرایمر به منظور شناسایی و افتراق بین ویروس‌ها به ترتیب به وسیله تولید فراورده‌های ۶۳۸ و ۷۸۱ cDNA bp طراحی شدند. علاوه بر این، روش RT-PCR دو رشته‌ای برای شناسایی ۶۷ نمونه مزرعه مشکوک به CD از استان گوانگ دونگ در چین استفاده گردید. به عنوان نتیجه، ۳۳ نمونه مشابه نوع وحشی بودند. روی هم رفته، روش RT-PCR دو رشته‌ای ویژگی و حساسیت بالایی دارد که می‌تواند برای شناسایی و تفریق مؤثر واکسن CDV و سویه نوع وحشی مورد استفاده قرار گیرد و نشان دهنده آن است که می‌تواند در شناسایی بالینی و بررسی اپیدمیولوژیکی به کار رود.

واژه‌های کلیدی: ویروس دستمپر سگ سانان، تمایز، RT-PCR داپلکس، حساسیت، ویژگی

مقاله کامل:

جداسازی و شناسایی مولکولی مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم

از دستگاه تناسلی اسب سانان در شمال هند

کاپیل نهرا^۱، راجنیش رانا^۲، کوناساگارا ناگالیکار ویسواس^۳، ناچاپولی رمیش آرون^۱،
ویجنندرا پال سینگ^۴، آجی پراتاپ سینگ^۵ و شیاما نارایانا پرابهو^۶

^۱ دانش آموخته پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ ^۲ آزمایشگاه رفرا مایکوپلاسما، بخش باکتری شناسی و قارچ شناسی، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ ^۳ بخش باکتری شناسی و قارچ شناسی، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ ^۴ گروه میکروبیولوژی، دانشکده دامپزشکی و علوم دامی (COVs&AH) دانشگاه دامپزشکی پت دین دایال (DUVASU)، ماتورا، ۲۸۱۰۰۱، یوتر پردش، هند؛ ^۵ دانشجوی دکترای تخصصی آسیب شناسی دامپزشکی، بخش پاتولوژی، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند

(دریافت مقاله: ۴ دی ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۱ آذر ۱۳۹۳)

اگر چه به مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم در مشکلات تولید مثلی اسب سانان اشاره شده است، اما به دلیل فقدان آزمایش‌های تشخیصی، اختصاصی شیوع آن تا حد زیادی ناشناخته است. به منظور بر طرف کردن این محدودیت، جفت پرایمرهای اختصاصی گونه را تکامل بخشیده و بهینه‌سازی کرده‌ایم که توالی‌های ژن *rpoB* مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم (RNA پلیمرز تحت واحد B) را مورد هدف قرار می‌دهند. ویژگی روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز تکامل یافته در این مطالعه با استفاده از ۱۲ جدایه مزرعه‌ای شامل سویه مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم و دیگر گونه‌های مایکوپلاسما تعیین شد. در مطالعه مزرعه‌ای، تعداد ۱۲۲ نمونه شامل ۵۰ نمونه بالینی و ۷۲ نمونه تصادفی جمع‌آوری شده از مادیان و نریان به منظور شناسایی مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم در دستگاه تناسلی اسب سانان با آزمون واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه تحت بررسی قرار گرفتند. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم ۲۲/۱۳٪ از نمونه‌ها را مثبت شناسایی کرد، در حالی که ۹/۰۱٪ از نمونه‌ها با تکنیک قراردادی کشت مثبت بودند. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز فراهم شده در این مطالعه توانست برای تشخیص سریع، اختصاصی و دقیق سویه‌های مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم مورد استفاده قرار گیرد. طبق اطلاعات نویسندگان، این اولین گزارش راجع به تکامل و ارزیابی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه برای شناسایی مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: تشخیص، مایکوپلاسما کوئی جنیتالیوم، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، ژن *rpoB*

مقاله کامل: بررسی MMP-2 و MMP-9 در سرم سگ‌های مبتلا به بزرگ شدگی اتساعی قلب

سولماز چگینی^۱، زهره خاکی^۲، داریوش شیرانی^۳، علیرضا وجهی^۴،
محمد طاهری^۵، یارا تمرچی^۶ و عبدالرزاق رستمی^۷

^۱ رزیدنت کلینیکال پاتولوژی، بخش کلینیکال پاتولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۲ بخش کلینیکال پاتولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۳ بخش رادیولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۴ بخش داخلی دام کوچک، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۵ آزمایشگاه دکتر رستگار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۶ رزیدنت داخلی دام کوچک، بخش داخلی دام کوچک، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۷ دامپزشک خصوصی، تهران، ایران

(دریافت مقاله: ۲۲ شهریور ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۱۲ بهمن ۱۳۹۳)

بزرگ شدن اتساعی قلب (DCM) با تغییراتی در میوسیت‌ها و بافت همبندی قلب همراه است. ماتریکس متالوپروتئینازها (MMPs) نقش

مهمی در سازماندهی و بازسازی قلب ایفا می کنند. به نظر می رسد که ژلاتینازها (MMP-2 و MMP-9) آنزیم های مهمی در بروز کاردیومیوپاتی می باشند. در ۲۲ قلاده سگ (گروه بیمار) شامل ۱۱ نر و ۱۱ ماده وجود بزرگ شدگی اتساعی قلب با کمک معاینات بالینی، گوش کردن صدای قلب، رادیوگراف از قفسه سینه و اکوکاردیوگرافی تایید شد. همچنین ۱۷ قلاده سگ سالم (گروه کنترل) با وزن و نژاد مشابه با بیماران به عنوان گروه شاهد انتخاب شدند و کلیه روند تشخیصی در مورد آن ها نیز انجام گرفت. سپس MMP-2 و MMP-9 سرم گروه های کنترل و بیمار با روش زایموگرافی نیمه کمی اندازه گیری شد. بررسی ها نشان داد که میزان کلی MMP-9 در گروه بیمار بیشتر از گروه کنترل است و تفاوت معنی داری در میزان کلی MMP-2 بین ۲ گروه مشاهده نمی شود. pro-MMP-2 در گروه بیمار یافت نشد اما شکل فعال آن در هر دو گروه وجود داشت و فعالیت MMP-2 در بیماران از نظر آماری معنی دار بود. شکل فعال MMP-9 تنها در بیماران دیده شد. گرچه pro-MMP-9 در هر دو گروه مشاهده گردید اما میزان آن در گروه کنترل به صورت معنی داری بیشتر از بیماران بود. از نظر آماری تفاوت معنی داری در مقادیر شکل فعال MMP-2 و MMP-9 مابین گروه های مختلف بزرگ شدگی قلب (راست، چپ و هر دو سمت) و VHS (مقیاس اندازه قلب بر حسب اندازه مهره های کمر) در مقایسه با کنترل مشاهده نگردید. اگر چه تغییراتی در مقادیر MMP-2 و MMP-9 سرم سگ های مبتلا به DCM وجود دارد، اما به نظر آمده که افزایش MMP-9 مهم تر از MMP-2 می باشد و هیچکدام از آن ها تحت تاثیر بزرگ شدگی قلب یا درجه VHS نیستند.

واژه های کلیدی: DCM، ماتریکس متالوپروتئیناز، MMP-2، MMP-9، زایموگرافی

مقاله کامل: ارزیابی اسپرم های منجمد/آب شده از ناحیه دم اپیدیدیم و پتانسیل بارورسازی اسپرم گاوی جمع آوری شده از دم اپیدیدیم در محیط آزمایشگاه

آنتونیو چاویپرو^۱، کارلا سرکواپیرا^۲، جواو سیلوا^۳، جوآنا فرانکو^۴
و فرناندو موریارا دا سیلوا^۱

^۱گروه علوم مناطق بیابانی، مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ ^۲دانشجوی دوره کارشناسی، مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ ^۳دانش آموخته مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ ^۴کارشناس ارشد، گروه علوم مناطق بیابانی، مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال

(دریافت مقاله: ۹ تیر ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۲۳ اسفند ۱۳۹۳)

در مطالعه حاضر، پتانسیل بارورسازی مایع منی جمع آوری شده از اپیدیدیم گاوهای نر کشتار شده بعد از انجماد به وسیله تکنیک های قراردادی و روش های فلوسیتومتری مورد بررسی قرار گرفت. دم اپیدیدیم برش داده شد، و اسپرم ها جمع آوری شده و از نظر حجم، غلظت اسپرم و انسجام آکروزوم و غشا با استفاده از یک فلوسیتومتر ارزیابی شدند. پتانسیل بارورسازی اسپرم به وسیله لقاح داخل آزمایشگاهی (IVF) مورد آزمایش قرار گرفت. قبل از فریز کردن، غلظت متوسط اسپرم $1.0 \times 27/5 \pm 216$ sperm/ml بود. زنده مانی اسپرم به طور متوسط $86/5 \pm 4\%$ بود. درصد متوسط اسپرم با آکروزوم و غشای پلاسمایی سالم قبل و بعد از انجماد به ترتیب $90/7 \pm 2/9\%$ و $90/8 \pm 1/9\%$ ($P \geq 0.05$) بود. متوسط میزان بارورسازی، با استفاده از مایع منی منجمد/آب شده ناحیه اپیدیدیم $64/1 \pm 3/9\%$ بارورسازی بدون اختلاف معنی دار ($P > 0.05$) میان گاوها به دست آمد. در رابطه با گاوهای منظور شده به عنوان گروه کنترل، میزان بارورسازی $72/2 \pm 4/5\%$ بود، که به طور معنی داری با میزان بارورسازی مایع منی منجمد/آب شده اپیدیدیمی اختلاف داشت ($P > 0.05$). در نتیجه، امکان بهره گیری از تکنیک های آزمایشگاهی با اسپرماتوزوآهای منجمد جمع آوری شده از اپیدیدیم گاوها با استفاده از روش انجماد با سرعت تحت کنترل به همراه نمودار انجماد از قبل تعیین شده، و همراه با ارزیابی زنده مانی اسپرم با تکنیک های معمول و روش های فلوسیتومتری، با قابلیت بارورسازی اسپرماتوزوآهای اپیدیدیمی منجمد وجود دارد.

واژه های کلیدی: گاوی، روش انجماد، اپیدیدیم، لقاح داخل آزمایشگاهی، مایع منی

مقاله کامل: عفونت آئروموناس سوبریا در ماهی لوچ (*Misgurnus mizolepis*) پرورشی

در کره جنوبی، یک بررسی باکتریولوژیک

چینها یو^۱، بن هیونگ کو^۱، دا هیون کیم^۲، دونگ وان کیم^۴
و سونگ وو پارک^۳

^۱بخش قرنطینه و بازرسی، اداره خدمات ملی کیفیت فرآورده‌های شیلات، یانگدو-گو، بوسان، کره جنوبی؛ ^۲آکارسناس ارشد، گروه حیات آبریان، دانشگاه ملی کوسان، گانسان-سی، جئولابوک-دو، کره جنوبی؛ ^۳آگروه حیات آبریان، دانشگاه ملی کوسان، گانسان-سی، جئولابوک-دو، کره جنوبی؛ ^۴دوونگ ژیونگ میکروارگانسیم، ایکسان-سی، جئولابوک-دو، کره جنوبی

(دریافت مقاله: ۳ دی ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۲۳ اسفند ۱۳۹۳)

یک وقوع بیماری در ژوئن ۲۰۱۳ در میان ماهیان لوچ پرورش یافته در مزارع استخر پرورشی در شهر جانگ سئونگ-گان، جئولانام-دو، کره جنوبی رخ داد. میزان مرگ و میر روزانه به ۱/۲٪ در مزرعه رسید. علائم بالینی مشخص زخم خونریزی دهنده در قسمت میانی سر و آروزیون خونریزی دهنده سرپوش بودند. بر اساس خصوصیات بیوشیمیایی، باکتری مسبب جدا شده از ماهی بیمار به عنوان *آئروموناس سوبریا* شناسایی شد. جدایه، دو ژن همولیتیک، ژن‌های آئولیزین (*sob*) و همولیزین (*asal*) را بیان نمود. از لحاظ هیستوپاتولوژیک، کبد دژنراسانس واکوئولر هیپاتوسلولار و پر خونی غیر فعال در سینوزوئیدها را نشان داد. طحال اسپلنوسیت‌های نکروز شده و پولپ‌های خونریزی دهنده داشت. در کلیه، تخریب گلومرول‌ها، خونریزی و نکروز توبول‌های کلیوی مشاهده شدند. عفونت تجربی (دوز عفونی 10^6 cfu fish⁻¹ و 10^7 و 10^8) ماهی لوچ پرورشی سالم به همراه جدایه منجر به تکامل علائم بالینی مشابه علائم دیده شده در مزرعه گردید. در تزریق همراه با دوز عفونی 10^6 cfu fish⁻¹، نرخ مرگ و میر ۱/۳٪ در مدت هفت روز پس از عفونت بود. زمانی که دوز عفونی 10^7 cfu fish⁻¹ به ازای هر ماهی استفاده شد، نرخ مرگ و میر طی مدت زمان دو روز به ۶۰/۹٪ رسید. به شیوه دیگر، زمانی که با 10^8 cfu fish⁻¹ تزریق شدند، همه ماهی‌ها در مدت یک روز مردند. نتایج اثبات نمودند که *آئروموناس سوبریا* در شیوع و مرگ و میر ماهی لوچ پرورشی دخالت دارد.

واژه‌های کلیدی: *آئروموناس سوبریا*، همولیزین، میسگورنوس میزولپیس، ماهی لوچ

مقاله کوتاه: شناسایی مولکولی آلودگی پیروپلاسموز اسبی در الاغ‌های استان خراسان شمالی

ولی عابدی^۱، غلامرضا رزمی^۱، حسام سیفی^۲ و ابوالقاسم نقیبی^۱

^۱گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ ^۲آگروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

(دریافت مقاله: ۲۹ اردیبهشت ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۱۷ اسفند ۱۳۹۳)

پیروپلاسموز اسبی ناشی از *تیلریا اکویی* و *بازیا کابالی* یک بیماری انگلی داخل گلبول قرمزی در تک سمی‌های سراسر جهان می‌باشد. هدف این بررسی شناسایی مولکولی *تیلریا اکویی* و *بازیا کابالی* در الاغ‌های شمال شرق ایران بود و نیز ارتباط میزان آلودگی و فاکتورها خطر وابسته به میزان مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. در این مطالعه ۱۰۶ راس الاغ به ظاهر سالم در استان خراسان شمالی مورد خونگیری قرار گرفتند. از خون‌های جمع‌آوری شده گسترش خونی تهیه و با گیمسا رنگ آمیزی گردید. DNA نمونه‌های خون نیز استخراج شده و با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز چندگانه جهت تعیین آلودگی پیروپلاسمی مورد آزمایش قرار گرفتند. در چهار گسترش خونی *تیلریا اکویی* مشاهده شد، همچنین آلودگی *تیلریا اکویی* در ۵۴ نمونه خون (۵۴/۹۴٪) الاغ با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز چندگانه تعیین گردید. آلودگی *بازیا کابالی* در

نمونه‌های خون با دو روش میکروسکوپی و مولکولی تعیین نشد. اختلاف معنی‌داری در میزان آلودگی تیلریا اکویی در الاغ در ارتباط با فاکتورهای وابسته به میزان مشاهده نشد. این اولین گزارش مطالعه مولکولی درباره پیروپلاسموز اسبی در الاغ‌های ایران می‌باشد. نتایج نشان دادند که تیلریا اکویی در الاغ‌های خراسان شمالی شایع است.

واژه‌های کلیدی: بابزیا کابالی، الاغ، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، تیلریا اکویی

مقاله کوتاه: بازسازی سه بعدی ساعد خرگوش نیوزیلندی به وسیله توموگرافی کامپیوتری با آشکارسازهای متعدد

سماز کادیف^۱، امرالله اکن^۲، کمیل بشولوک^۳ و مصطفی اورهان دایان^۴

^۱گروه پرستاری، دانشکده بهداشت دانشگاه بتمن، بتمن، ترکیه؛ ^۲گروه آناتومی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سلجوق، کونیا، ترکیه

(دریافت مقاله: ۲۸ اسفند ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۲۹ بهمن ۱۳۹۳)

هدف از انجام این مطالعه تأیید خصوصیات بیومتریکی ساعد (درشت نی و نازک نی) خرگوش نیوزیلندی به وسیله بازسازی تصاویر سه بعدی (3D) حاصل از توموگرافی کامپیوتری با آشکارسازهای متعدد (MDCT) بود. تحت بیهوشی عمومی، ساعدهای تعداد ۱۶ خرگوش از هر دو جنس با استفاده از MDCT تشخیصی عمومی تصویربرداری شد. اندازه‌های بیومتریکی مدل‌های بازسازی شده از تصاویر MDCT با قدرت تفکیک بالا به طور آماری مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. در نتیجه، هنگامی که مقادیر اندازه بیومتریکی استخوان‌های مربوطه ساعد مقایسه شدند، تأیید شد که اهمیت آماری داخل دو جنس وجود ندارد، اما بین دو جنس تفاوت‌های مهم معنی‌داری از نظر برخی اندازه‌های بیومتریکی وجود داشت. پیشنهاد شده است که نتایج حاصل از مطالعه می‌توانند مطالعات بعدی بر روی سیستم اسکلتی را روشن ساخته و نظریه جدیدی در آموزش آناتومی شکل دهند.

واژه‌های کلیدی: توموگرافی کامپیوتری، پیش بازو، مورفومتری، خرگوش، بازسازی سه بعدی

مقاله کوتاه: اولین بررسی سرولوژیک تب کیو در گاومیش‌های آزاد در چین

مینگ-یانگ بین^{۱،۲}، کیوای-دونگ تان^۱، سی-یوان کیواین^۱، لینگ-یینگ هو^۱، گوآ-هوآ لیو^۳، دونگ-هوای ژو^{۳،۴} و زینگ-کیوان ژو^{۳،۴}

^۱کارشناس علوم دامپزشکی، آزمایشگاه زیست‌شناسی بر پایه علت‌شناسی دامپزشکی، موسسه تحقیقات دامپزشکی لانژو، آکادمی علوم کشاورزی چین، لانژو، استان گانسو، چین؛ ^۲گروه انگل‌شناسی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی هونان، چانگشا، استان هونان، چین؛ ^۳آزمایشگاه زیست‌شناسی بر پایه علت‌شناسی دامپزشکی، موسسه تحقیقات دامپزشکی لانژو، آکادمی علوم کشاورزی چین، لانژو، استان گانسو، چین؛ ^۴مرکز نوآوری جیانگسو جهت جلوگیری و کنترل بیماری‌های عفونی دام‌های مهم و بیماری‌های مشترک بین دام و انسان، دانشکده دامپزشکی دانشگاه زانگژو، زانگژو، جیانگسو، چین

(دریافت مقاله: ۴ آبان ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۱۴ دی ۱۳۹۳)

هدف از مطالعه حاضر بررسی شیوع سرمی عفونت کوکسیلا بورتنتی در گاومیش‌های آزاد در چین بود. تعداد ۵۵۲ نمونه سرمی از گاومیش‌های

استان گانسو، شمال غربی چین بین آوریل ۲۰۱۳ و ژانویه ۲۰۱۴ جمع‌آوری گردیده و آنتی بادی‌های ضد کوکسیلا بورتی با استفاده از روش ایمنوسوربنت متصل به آنزیم (ELISA) مورد ارزیابی قرار گرفتند. به طور کلی، ۱۳/۵۹٪ (۷۵/۵۵۲، ۱۰/۷۳-۱۶/۴۵، ۹۵٪ CI) از حیوانات بررسی شده برای آنتی بادی‌های کوکسیلا بورتی مثبت بودند. تفاوت معنی‌داری در شیوع سرمی کوکسیلا بورتی میان گاومیش‌های ماده (۱۳/۷۸٪، ۱۰/۳۶-۱۷/۱۹، ۹۵٪ CI) و نر (۱۳/۷۸٪، ۷/۸۹-۱۸/۳۶، ۹۵٪ CI) وجود نداشت. شیوع سرمی کوکسیلا بورتی در گاومیش‌ها در گروه‌های سنی مختلف در محدوده ۱۰/۸۸٪ تا ۱۵/۲۶٪ بود، ولی اختلاف از لحاظ آماری معنی‌دار نبود ($P>0.05$). شیوع سرمی کوکسیلا بورتی در گاومیش‌های نمونه‌برداری شده در فصل‌های مختلف در محدوده ۱۲/۰۶٪ (پاییز) تا ۱۸/۳۳٪ (تابستان) بودند، اما این اختلاف از لحاظ آماری معنی‌دار نبود ($P>0.05$). این اولین گزارش از شیوع سرمی کوکسیلا بورتی در گاومیش‌های آزاد در چین است که نمایانگر نیاز به اندازه‌گیری‌ها جهت کنترل عفونت کوکسیلا بورتی در گاومیش‌های آزاد در چین است.

واژه‌های کلیدی: چین، کوکسیلا بورتی، شیوع سرمی، گاومیش‌ها

مقاله کوتاه: اثر عصاره آبی گیاه گل میمون بر مدت زمان نگهداری و کیفیت ماهی قزل آلی رنگین کمان در حالت فوق سرد

اشکان جبلی جوان^۱، مرضیه بلندی^۲، زهره جدیدی^۲، مهنوش پارسایی مهر^۱
و عباس جواهری وایقان^۳

^۱گروه بهداشت و کنترل کیفی مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان، سمنان، ایران؛ ^۲گروه علوم و صنایع غذایی، واحد دامغان، دانشگاه آزاد اسلامی، دامغان، ایران؛ ^۳گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

(دریافت مقاله: ۲۵ اسفند ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۵ آبان ۱۳۹۳)

این مطالعه به منظور ارزیابی تاثیر غوطه‌وری در عصاره آبی گیاه گل میمون بر کیفیت و مدت زمان ماندگاری فیله ماهی قزل آلی رنگین کمان در شرایط فوق سرد انجام شده است. در این آزمایش، نمونه‌های ماهی پس از غوطه‌ور سازی در عصاره‌های ۱٪ و ۳٪ گیاه گل میمون به مدت ۲۰ روز در دمای ۲- درجه سانتیگراد نگهداری شدند. نمونه‌های تیمار شده و شاهد در فواصل معین از نظر ویژگی‌های شیمیایی، میکروبی و ارگانولپتیک مورد آزمایش قرار گرفتند. نتایج نشان داد که استفاده از عصاره آبی گل میمون در فیله ماهی قزل آلی به خوبی توانست پراکسیداسیون چربی و فساد هیدرولیتیک را در نمونه‌های تیمار شده با ۳٪ عصاره در مقایسه با کنترل در روز پایانی آزمایش به تاخیر بیندازد ($P<0.05$). همچنین فیله‌های ماهی حاوی ۳٪ عصاره آبی گل میمون از میزان شمارش میکروبی کمتری نسبت به نمونه‌های تیمار شده با ۱٪ عصاره آبی و شاهد در طول آزمایش برخوردار بودند ($P<0.05$). نتایج آزمون‌های حسی نیز نشان داد که نمونه‌های تیمار شده با ۳٪ عصاره حتی در روز بیستم نگهداری قابل قبول بودند. در مجموع، نتایج حاکی از آن بود که عصاره آبی گیاه گل میمون در حفظ کیفیت مطلوب نمونه‌های ماهی و افزایش مدت زمان نگهداری آن‌ها در حالت فوق سرد تاثیر بسزایی داشت که نتایج آزمون‌های میکروبی، شیمیایی و ارزیابی حسی به خوبی این مطلب را اثبات کردند.

واژه‌های کلیدی: کیفیت، قزل آلی رنگین کمان، گیاه گل میمون، شرایط فوق سرد، عصاره آبی

مقاله کوتاه: فیلوژنی مولکولی برخی گونه‌های پرندگان با استفاده از آنالیز توالی ژن سیتوکروم *b*

اشرف فاطمی سعید آواد^۱، سماح رمضان السید خلیل^۱ و یاسمینا محمد عبدالحکیم^۲

^۱ گروه توسعه فراوانی دام، دانشکده دامپزشکی دانشگاه الزقازیق، الزقازیق ۴۴۵۱۱، مصر؛ ^۲ گروه پزشکی قانونی و سم شناسی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه الزقازیق، الزقازیق ۴۴۵۱۱، مصر

(دریافت مقاله: ۱۹ بهمن ۱۳۹۲، پذیرش نهایی: ۶ آبان ۱۳۹۳)

شناسایی و تفریق واقعی گونه‌های پرندگان گام حیاتی در مداخلات محافظه کارانه، تاکسونومیک، قانونی، حقوقی، و سایر مداخلات مربوط به پرند شناسی است. از اینرو، این مطالعه کاربرد روش مولکولی جهت شناسایی برخی گونه‌های پرندگان از قبیل ماکیان (*Gallus gallus*)، اردک روسی (*Cairina moschata*)، بلدرچین ژاپنی (*Coturnix japonica*)، قمری خانگی (*Streptopelia senegalensis*) و کبوتر راک (*Columba livia*) را در بر داشت. DNA ژنومی از نمونه‌های خون استخراج شد و بخشی از توالی ژن سیتوکروم *b* میتوکندری (۳۵۸ bp) تقویت و با استفاده از پرایمرهای یونیورسال توالی یابی شدند. مسیر توالی‌ها و آنالیزهای فیلوژنی توسط برنامه *workbench* اصلی *CLC* انجام گرفت. پنج توالی به دست آمده در بانک ژن رسوب یافتند و با توالی‌های قبلاً ثبت شده در بانک ژن مقایسه شدند. درصد شباهت بین *Gallus gallus* و *Coturnix japonica* ۸۸/۶۰٪، بین *Gallus gallus* و *Columba livia* ۸۰/۴۶٪ بود. درصد شناسایی بین گونه‌های مورد مطالعه و گونه‌های بانک ژن در محدوده ۷۷/۲۰٪ (*Anas platyrhynchos* و *Columba oenas*) تا ۱۰۰٪ (*Gallus gallus* و *Gallus sonneratii*، *Coturnix coturnix*، *Coturnix japonica*، *Meleagris gallopavo* و *Columba livia*) بود. ثابت گردید که تقویت توالی جزیی ژن سیتوکروم *b* میتوکندری به طور مشخص برای شناسایی گونه‌های پرندگان قابل استفاده است.

واژه‌های کلیدی: گونه‌های پرندگان، ژن سیتوکروم *b*، آنالیز فیلوژنیک

گزارش علمی: هیپراستوز اسکلتی ایدیوپاتیک منتشر در یک سگ نژاد بولدگ:

گزارش موردی

عباس غضنفر، ام. ان. عاصی، ام. ان. موغال،

ام. سقیب و جی. محمد

گروه جراحی و طب بالینی، دانشکده علوم دامپزشکی دانشگاه کشاورزی، فیصل آباد، ۳۸۰۴۰، پاکستان

(دریافت مقاله: ۹ تیر ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۲۶ آبان ۱۳۹۳)

این گزارش موردی وجود هیپراستوز ایدیوپاتیک منتشر (DISH) در یک بولدگ جنگی را شرح می‌دهد. سگ به بیمارستان آموزشی دامپزشکی، دانشگاه کشاورزی فیصل آباد پاکستان، با ابراز شکایت از سختی در راه رفتن پیشرونده، ناتوانی در ایستادن بر روی اندام خلفی و سفتی عضله در ناحیه کمری-خاجی ارجاع داده شد. معاینات بالینی، هماتولوژی و سربووشیمیایی به استثنای تشکیل وسیع استخوان جدید در رادیوگرافون چهار مهره آخر پشت سر هم کمری (L4-L8) در ناحیه کمری که موازی با لیگامنت نوکال حرکت می‌کند، غیر معنی‌دار بودند.

تشخیص DISH بر اساس علایم بالینی و بررسی رادیوگرافیک که پیشنهاد کننده DISH بود، انجام شد. این گزارش اولین مورد DISH در بولداگ جنگی در پاکستان را ثبت می‌کند.

واژه‌های کلیدی: هیپراستوز اسکلتی ایدیوپاتیک منتشر، بولداگ جنگی، لیگامنت نوکال

گزارش علمی: آمفیزم عمومی زیر جلدی متعاقب شکستگی غضروف کریکوئید و جداشدگی آن از نای در یک قلاده سگ ژرمن شپرد

بهروز نیک احوال^۱، مهرزاد فرود^۲، علیرضا رعایت جهرمی^۱
و محمد سعید احراری خوافی^۱

^۱گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز، شیراز، ایران؛ ^۲دانشجوی دکترای تخصصی جراحی دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

(دریافت مقاله: ۱۳ مرداد ۱۳۹۳، پذیرش نهایی: ۴ بهمن ۱۳۹۳)

یک قلاده سگ نژاد ژرمن شپرد با سابقه آمفیزم زیر جلدی پیشرونده عمومی متعاقب درگیری با یک سگ دیگر به بیمارستان دامپزشکی ارجاع شد. ارزیابی رادیوگرافی نشان دهنده آمفیزم زیر جلدی، نومومد یاستینوم و نوموریتروپیریتونئوم بود. در بررسی جراحی شکستگی طولی غضروف کریکوئید و جدایی آن از نای واضح بود. شکستگی غضروف مورد بخیه قرار گرفت و نای توسط بخیه‌های ساده تکی به غضروف کریکوئید اتصال داده شد. وقوع همزمان شکستگی کریکوئید و جداشدگی آن از نای در منابع دامپزشکی گزارش نشده است. از این رو این نوع ضایعه به عنوان یکی از علت‌های آمفیزم زیر جلدی به دنبال ترومای خارجی ناحیه حنجره می‌تواند مد نظر قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: شکستگی غضروف کریکوئید، جداشدگی نای، آمفیزم زیر جلدی