

Isolation and molecular identification of *Mycoplasma equigenitalium* from equine genital tracts in northern India

Nehra, K.¹; Rana, R.²; Viswas, K. N.³; Arun, T. R.¹; Singh, V. P.⁴; Singh, A. P.^{5*} and Prabhu, S. N.⁶

¹Graduated from Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, 243122, Bareilly, Uttar Pradesh, India; ²Referral Lab on Mycoplasma, Division Bacteriology & Mycology, Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, 243122, Bareilly, Uttar Pradesh, India; ³Division Bacteriology & Mycology, Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, 243122, Bareilly, Uttar Pradesh, India; ⁴Division of Bacteriology, Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, 243122, Bareilly, Uttar Pradesh, India; ⁵Department of Microbiology, College of Veterinary & Animal Sciences (COVs&AH), Pt Deen Dayal Veterinary University (DUVASU), Mathura, 281001, Uttar Pradesh, India; ⁶Ph.D. Scholar in Veterinary Pathology, Division of Pathology, Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, 243122, Bareilly, Uttar Pradesh, India

*Correspondence: A. P. Singh, Department of Microbiology, College of Veterinary & Animal Sciences (COVs&AH), Pt Deen Dayal Veterinary University (DUVASU), Mathura, 281001, Uttar Pradesh, India. E-mail: drajay_vet@yahoo.co.in

(Received 25 Dec 2013; revised version 1 Nov 2014; accepted 22 Nov 2014)

Summary

Although *Mycoplasma equigenitalium* has been implicated in equine reproductive problems, its prevalence is largely unexplored due to the lack of specific diagnostic tests. To address this limitation, the authors developed and optimized species-specific primer pairs that target *M. equigenitalium* *rpoB* (RNA polymerase B subunit) gene sequences. The specificity of the PCR assay developed in this study was determined using 12 field isolates including the type strain of *M. equigenitalium* and other *Mycoplasma* species. In the field study, a total of 122 mare and stallion samples comprising of 50 clinical and 72 random samples were subjected to species-specific PCR assay to detect *M. equigenitalium* in equine genital tracts. *Mycoplasma equigenitalium* (MEG) species-specific PCR detected 22.13% positive samples; however, only 9.01% of the samples were found to be positive using the conventional culture technique. The PCR established in this study could be used for rapid, specific and accurate diagnosis of *M. equigenitalium* strains. To the authors' knowledge, this is the first report addressing the development and evaluation of species-specific PCR to detect *M. equigenitalium*.

Key words: Diagnosis, *Mycoplasma equigenitalium*, Polymerase chain reaction, *rpoB* gene

Introduction

Mycoplasma equigenitalium is associated with infertility, endometritis, vulvitis and abortions in mares, and reduced fertility and balanoposthitis in stallions (Moorthy *et al.*, 1977; Heitmann *et al.*, 1979; Kirchhoff *et al.*, 1979; Spergser *et al.*, 2002). The impact of *M. equigenitalium* on equine reproductive health is apparently inconsistent, largely because of strain differences in pathogenic potential, host factors and major roles played by other determinants (Bermúdez *et al.*, 1992). Nevertheless, *in vitro* studies of experimental infections have reported *M. equigenitalium* to cause ciliostasis and cell degeneration in chicken-embryo tracheal explants (Bermúdez *et al.*, 1988; Miller *et al.*, 1994).

Identification of *M. equigenitalium* in clinical samples by standard bacterial culture is time consuming and requires complex media, special handling and further testing for species determination. Confirmed identification of *M. equigenitalium* at the species level is then achieved by carrying out digitonin sensitivity tests followed by metabolic inhibition tests which cause growth inhibition with species specific anti-sera, (Taylor-Robinson and Furr, 1997). Presently, only few diagnostic laboratories have specialized facilities and the required

expertise to isolate and characterize Mycoplasmas. Therefore, the importance of *M. equigenitalium* infection in equine genital disorders may be underestimated.

PCR based detection of pathogens has recently gained momentum and emerged as an important tool for disease diagnosis. 16S rRNA based PCR targeting species-specific regions in the 16S rDNA and 16S/23S rDNA intergenic spacer (IGS) sequences were used for mollicute detection (Harasawa, 1999; Tang *et al.*, 2000; Kong *et al.*, 2001). Although 16S rDNA PCR is by far the most widely used technique, it is critically limited as a phylogenetic marker in *Mycoplasma*, because there are two or more 16S rRNA operons in many *Mycoplasma* species showing high interspecies variations (Woese *et al.*, 1980; Pettersson *et al.*, 1996; Konigsson *et al.*, 2002). The *rpoB* gene, or the DNA-dependent RNA polymerase gene, has been proposed as a genome similarity predictor, and an alternative to 16S rDNA gene sequencing for biodiversity studies (Helal *et al.*, 2008). A high degree of variation in terms of size and sequence was observed among species by the phylogenetic analysis of *rpoB* sequences of 26 *Mycoplasma* species. The *rpoB* gene was described as a useful target for bacterial identification and phylogenetic studies (Mollet *et al.*, 1997). The extreme sequence diversity of *rpoB* gene sequence in the *Mycoplasma* species can be viewed

as a good alternative molecular marker and an interesting choice to differentiate or identify wild types of *Mycoplasmas* (Kim *et al.*, 2003).

The present study aimed to develop a *M. equigenitalium* species-specific PCR for the identification of *M. equigenitalium* directly from clinical samples.

Materials and Methods

Sample collection

Samples were collected from different states in northern parts of India including Rajasthan, Punjab, Haryana, Jammu and Kashmir, Uttar Pradesh and Maharashtra (Fig. 1). Forty eight clinical samples comprising of preputial swabs and washings from stallion and fossa glandis swabs, vaginal discharge/swabs and clitoral fossa swabs were collected from mares subjected to various reproductive disorders, while 9 other samples were collected randomly. Another group of 63 samples (frozen and neat semen) was taken at random from stallions subjected to semen evaluation, while 2 clinical samples were from stallions with balanoposthitis. The swab samples were collected in duplicate, one kept for culture and the other for PCR.

Isolation of *M. equigenitalium*

All samples were cultured in modified PPLO broth media (Carmichael *et al.*, 1972). The swabs were squeezed in 2 ml of modified PPLO broth (pH = 7.6-7.8)

growth medium containing the following components per liter: 450 ml Hank's growth medium, 450 ml beef heart infusion, 100 ml horse serum, 2.5 ml (10% w/v) thallos acetate (Sigma) and 5 ml (2,00,000 IU/ml) penicillin (Glaxo Laboratories) and 4 ml 1% (w/v) phenol red. Hanks growth medium was prepared by mixing 225 ml Hank's buffered salt solution (HBSS), 5.0 g lactalbumin hydrolysate (LAH) and 1.0 g yeast extract (Difco) in a 1 L final volume.

After inoculating the suspected specimen in modified PPLO broth, 10 fold dilutions were made up to 10^{-4} with PPLO medium. The media were incubated at 37°C for about one week. In case of lack of growth, turbidity or any pH change in liquid media, it was further subcultured and observed for another week to 10 days. Likewise, frozen semen, neat semen and preputial washing samples were diluted and processed in modified PPLO broth (pH = 7.6-7.8). Cultures were observed daily for colour change. Suspected growth in the medium with a faint translucent turbidity was confirmed by transferring about 0.2 ml onto a solid PPLO agar medium and incubation in micro-aerophilic conditions at 37°C for one week to 10 days. The growth of *M. equigenitalium* isolates was confirmed using digitonin sensitivity and growth inhibition tests conducted with specific standard antiserum, glucose fermentation, phosphatase activity, arginine hydrolysis, liquification of coagulated serum, tetrazolium reduction and film and spot formation tests. Biochemical tests were performed according to the methods described by Aloutto *et al.* (1970).

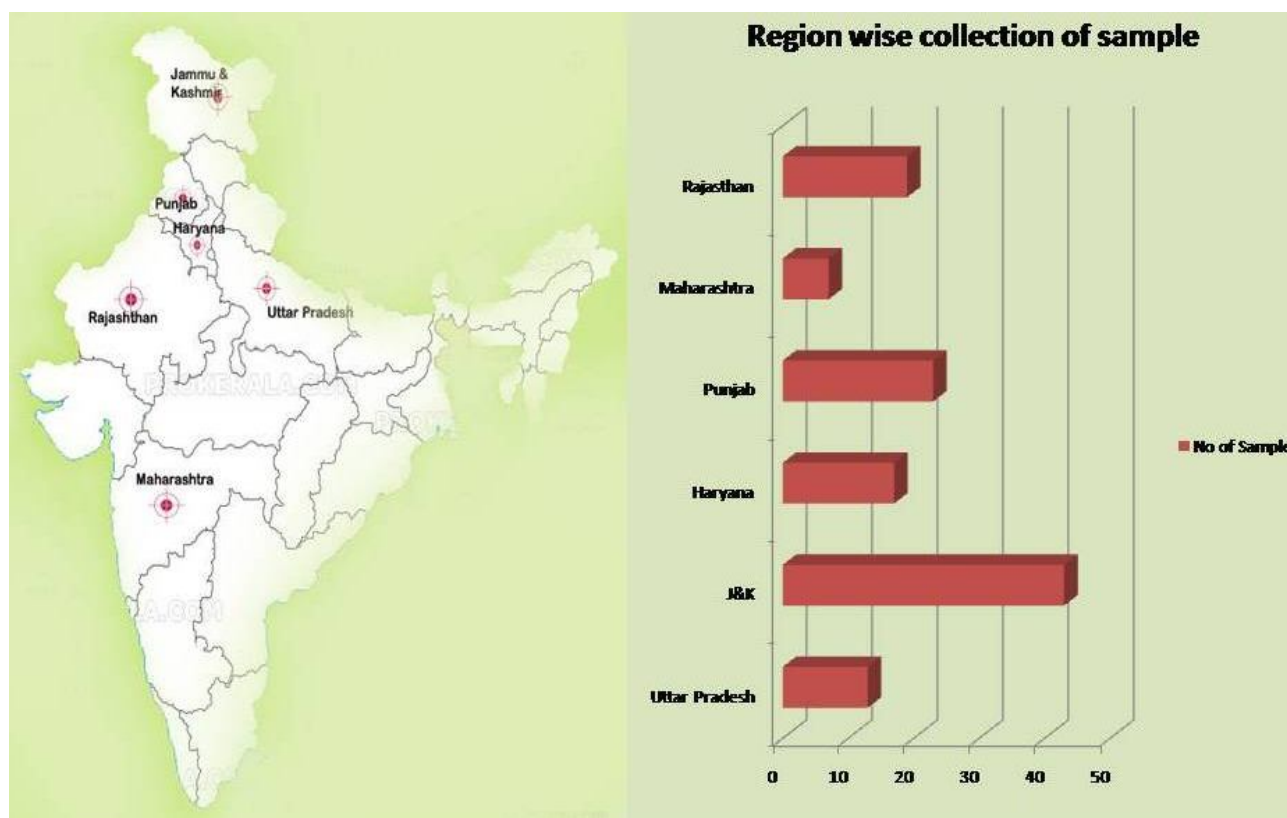


Fig. 1: Source and number of clinical and random samples collected from different states of India

Sample preparation for PCR analysis

Bacterial strains

Genomic DNAs from bacterial cultures were prepared as described by Garcia *et al.* (1988). Briefly, cells were suspended in 20 mM Tris-HCl (pH = 8.0) containing 10 mM EDTA, 50 mM glucose, and 2 mg lysozyme per ml. After the addition of sodium dodecyl sulfate (SDS) to a final concentration of 0.5%, the DNA was incubated with 0.1 mg of proteinase-K per ml at 55°C overnight. The DNA was phenol extracted, ethanol precipitated, and suspended in distilled water. Concentrations of genomic DNA isolated from different bacterial strains were measured using a NanoDrop-8000 spectrophotometer (Thermo Fisher scientific, USA) and estimated to be in the range of 1.8-4.6 µg/ml, with the average of 2.56 µg/ml.

Genital swabs

For sample preparation, swabs were suspended in 200 µL sterile phosphate buffered saline (PBS). The 200 µL suspensions and 100 µL semen or pre-ejaculatory fluid samples were centrifuged at 14,000 g for 20 min. Pellets were re-suspended in 385 µL of a lysis buffer containing 20 mM Tris-HCl (pH = 8.0), 1 mM ethylene diamine tetra acetate (EDTA), 30 mM dithiothreitol, 0.5% sodium dodecyl sulphate (SDS) and 0.4 mg proteinase K/ml. The mixture was incubated with agitation overnight at 55°C. DNA was isolated by cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) extraction as previously described by Kaltenböck *et al.* (1997). Phenol-chloroform extraction was followed by precipitation with 3 M sodium acetate and 96% ethanol. The DNA was pelleted, washed with 70% ethanol and re-suspended in 50 µL distilled water.

Primer design

Published *rpoB* gene sequences of Mollicutes were retrieved from GenBank (NIH, Bethesda, MD), and homology trees were generated using Lasergene® software (DNASTAR, Madison, Wis.). Multiple sequence alignments (MSA) were performed using the Clustal W algorithm. The alignments were visually scanned for unique non-homologous DNA sequences between clusters of highly conserved DNA sequences

representing *Mycoplasma* species (Fig. 2). PCR primers were developed based on these sequences while maximizing established primer design criteria. Potential primer sequences were checked for lack of sequence homology with other prokaryotic and eukaryotic DNA sequences using a BLAST (NCBI, Bethesda, MD) search.

M. equigenitalium species-specific PCR

Specific primers directed against the *rpoB* gene of *M. equigenitalium* were designed and used to amplify a 922 bp product. The oligonucleotide sequence for forward primer MEG-(F) was 5'-AGT GAG GGT GAG CTT TCG CTT GG-3' and the reverse primer was MEG-(R) 5'-ATG GCC CAA TGC TCC GTG CG-3'. The amplification reaction was performed in a 25 µL volume containing 0.2 mM dNTP's (Fermentas, GmbH, Germany), 15 pmol of each primer (GCC Biotech, India), 1 unit Taq polymerase (Fermentas) and 2 µl of the DNA template. The PCR program was performed for 30 cycles with denaturation (94°C for 1 min), annealing (55°C for 45 s) and extension (72°C for 1 min) in an automated DNA thermal cycler (Eppendorf Mastercycler®, USA). PCR products were analyzed by 1.5% agarose gel electrophoresis. A negative control (the PCR reagents excluding the DNA template) and a positive control, using DNA from *M. equigenitalium* (NCTC 10176), were also included.

Specificity and sensitivity of primers

To determine primer specificities, strains of *Mycoplasma* species widely associated with equine reproductive tract including *M. equigenitalium* T37 (NCTC 10176), *Acholeplasma laidlawi* (NCTC 10171) *Acholeplasma equifetale* (NCTC 10116), *M. subdolum*, as well as field isolates of nine *M. equigenitalium*, six *A. laidlawi* and two *A. equifetale* were used in the study. *M. agalactiae*, *M. Capri* and *M. felis* isolates obtained from the Referral Laboratory on Mycoplasma, Division of Bacteriology, Indian Veterinary Research Institute, India, were also used.

Genomic DNA from 12 *M. equigenitalium* strains and other *Mycoplasma* species belonging to equine,

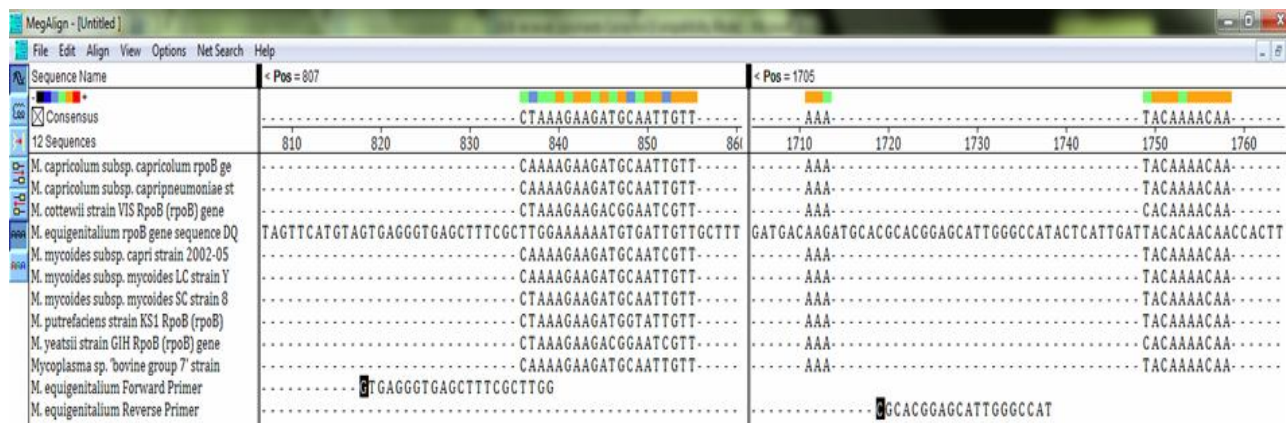


Fig. 2: Alignment report of *rpoB* genes in different *Mycoplasma* species

feline, and ruminant isolates were tested using the *M. equigenitalium* species specific primer (MESSP) pair. In addition, the specificity of the MESSP pair was tested with 122 clinical swabs. MESSP sensitivity was evaluated by qualitative PCR analysis. The genomic DNA of *M. equigenitalium* culture was isolated and quantified by NanoDrop 1000 Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, USA). Purified DNA was 10 fold serially diluted, each dilution being used as a template and tested by MESSP PCR to determine lower detection limits.

Results

Clinical evaluation

A total of 122 genital sample swabs were cultured to isolate the bacterium of 50 clinical and 72 random samples. The results are summarized in Table 1. *M. equigenitalium* was isolated from 11 clinical samples, whereas 27 others, including the culture-positive samples, were found to be positive using the direct PCR. The highest percentage of culture positive samples (16.66%) belonged to abortion cases, followed by 15.78%, 13.04%, and 5.55%, from metritis, repeat breeders and random samples respectively. Our results from the direct PCR showed the highest prevalence of *M. equigenitalium* (47.82%) in the repeat breeders, followed by, 36.84%, 16.66%, 11.11%, from, metritis, abortion and random samples respectively.

Primer specificity and sensitivity of the PCR assay

Specificities of the selected PCR primers were tested using DNA from one reference strain of *M. equigenitalium* and 11 *M. equigenitalium* field isolates. An amplified product of 922 base pairs was generated with all tested isolates (Fig. 3a). The 922 bp *rpoB* PCR product was sequenced by an automated DNA sequencer (Chromus Biotech, Bangalore), and the gene sequence was submitted to GenBank (GenBank accession No.: KC485074.1). DNA isolated from a variety of other *Mycoplasma* species (as explained in the previous section) was also subjected to PCR, but none amplified the specific target sequence (Fig. 3b). Lower limits required to detect the *M. equigenitalium* isolated DNA by PCR were examined. The results showed that 50 pg of

purified DNA in the reaction mixture was the minimum needed to obtain a detectable PCR product (Fig. 4).

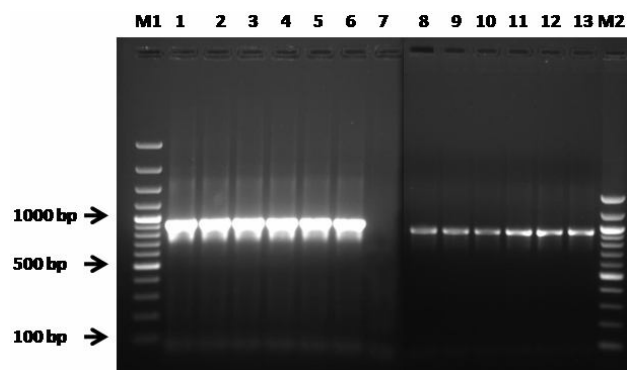


Fig. 3a: Species-specific PCR amplification for *Mycoplasma equigenitalium*. Lane M1 and M2: 100 bp DNA ladder marker, Lane 1-5 and 8-13: DNA of 11 *M. equigenitalium* isolates from clinical samples, Lane 6: Reference *M. equigenitalium* DNA, and Lane 7: Negative control

Discussion

Mycoplasmas have been isolated from uterus, cervix and vaginas of mares, the clitoral fossa being most likely the “ecological niche”. In stallions, the preferred isolation site is the fossa glandis, apart from other common sources like urethra, prepuce, penis, and fresh or frozen semen (Lemcke and Kirchhoff, 1979; Bermúdez *et al.*, 1987; Spergser *et al.*, 2002). Hence, clitoral fossa and fossa glandis swabs from mares and stallions were chosen in this study as preferred clinical samples for obvious reasons. The impending pathogenic role of *M. equigenitalium* in reproductive dysfunctions is yet to be recognized clearly, and further studies are required to ascertain its pathogenic potential (Bermúdez *et al.*, 1988; Miller *et al.*, 1994). Information regarding the occurrence and significance of *M. equigenitalium* in equine reproductive disorders is scarce in scientific veterinary literature, largely because the isolation of the organisms is very tedious, laborious, and time consuming. At the same time, serological tests are not very sensitive and specific. PCR based diagnoses can thus be used as effective tools for detecting pathogens in clinical samples, either directly or in conjunction with culture techniques. The aim of this study was to develop

Table 1: Percentage of culture and PCR positive samples and distribution of *M. equigenitalium* among samples collected from clinically affected and random animals

Sample	Sex	Clinical condition	No of sample	Culture positive sample	PCR positive sample
Clinical	Female	Abortion	6	N=1 (% 16.66)	N=1 (% 16.66)
		Repeat breeder, infertility	23	N=3 (% 13.04)	N=11 (% 47.82)
		Metritis	19	N=3 (% 15.78)	N=7 (% 36.84)
	Male	Balanoposthitis	2	0	0
	Total		50	N=7 (% 14.00)	N=19 (% 38.00)
Random	Female	Apparently normal	9	0	N=4 (% 44.45)
	Male	Apparently normal	63	N=4 (% 6.35)	N=4 (% 6.35)
	Total		72	N=4 (% 5.56)	N=8 (% 11.11)
Grand total			122	N=11 (% 9.01)	N=27 (% 22.13)

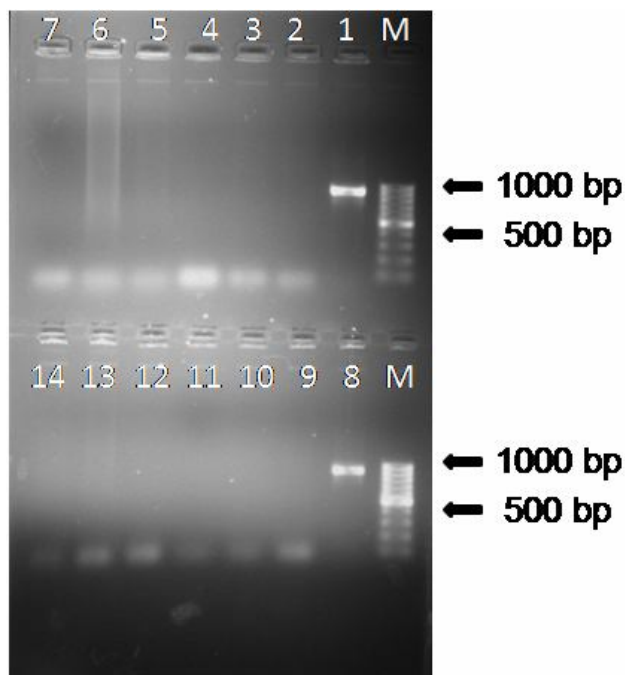


Fig. 3b: Specificity of *Mycoplasma equigenitalium* species specific PCR. Lane M: 100 bp ladder, Lane 1 and 8: *Mycoplasma equigenitalium*, Lane 2: *Acholeplasma equifetale*, Lane 3: *Acholeplasma laidlawi*, Lane 4: *Mycoplasma bovis*, Lane 5: *Mycoplasma mycoides* subsp. *capri*, Lane 6: *Mycoplasma agalactiae*, Lane 7: *Mycoplasma bovirhinis*, Lane 9: *Brucella abortus*, Lane 10: *E. coli*, Lane 11: *Pasteurella multocida*, Lane 12: *Arcobacter butzleri*, Lane 13: *Listeria monocytogens*, and Lane 14: *Leptospira interrogans*

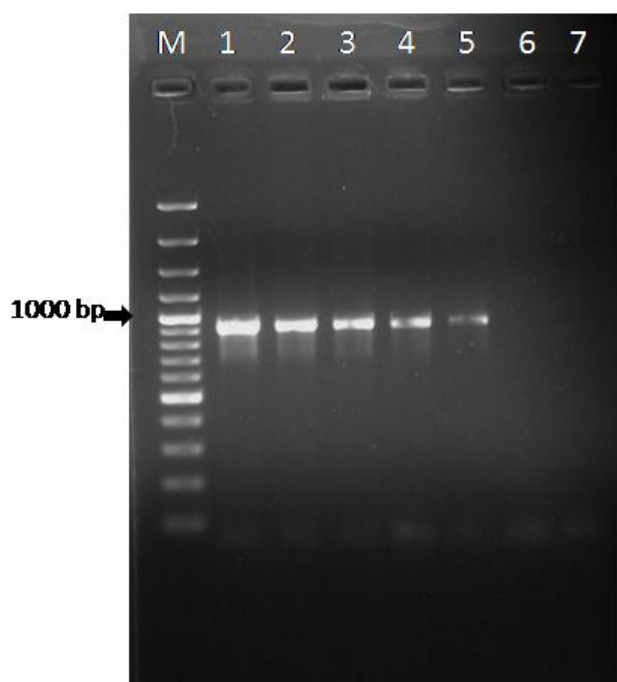


Fig. 4: Gel electrophoresis of PCR products amplified from serial dilutions of *Mycoplasma equigenitalium* DNA. Lane M: 100 bp ladder, Lane 1: 500 ng, Lane 2: 50 ng, Lane 3: 5 ng, Lane 4: 500 pg, Lane 5: 50 pg, Lane 6: 5 pg, and Lane 7: 500 fg

a novel PCR assay specific to *M. equigenitalium* and to apply it to detect *M. equigenitalium* DNA taken directly from clinical samples.

In an attempt to develop a species-specific PCR for *M. equigenitalium*, the *rpoB* gene was targeted for the construction of specific primers. The PCR reaction using the *rpoB* gene-based primer set described here was found to be very specific since a precise amplification of 922 bp fragments was obtained using the 12 *M. equigenitalium* isolates tested. The same test gave negative results with phylogenetically related *Mycoplasma* species other than *M. equigenitalium*, some of which are known to be present in the genital tracts of horses.

As evident from the results presented in Table 1, the sensitivity of the PCR assay is superior to that of the conventional *Mycoplasma* culture technique. However, a combination of culture and PCR is to date the most sensitive approach. Of the tested samples, 9.01% are positive as shown by the conventional culture technique, while 22.13% resulted positively using the *M. equigenitalium* species specific PCR. The results clearly indicate that a considerable number of horses carrying *M. equigenitalium* remain unidentified by current culturing techniques, meaning that *M. equigenitalium* infection is more prevalent and that its importance has probably been underestimated.

Both culture- and PCR-based studies show the maximum number of positive clinical samples to belong to cases of metritis and repeat breeders, highlighting the subclinical involvement of these pathogens. Khurana *et al.* (2004) report an occurrence of 15.9% seroprevalence of antibodies to *M. equigenitalium* amongst repeat breeder and 41.2% seroprevalence in cases of metritis by *M. equigenitalium* specific ELISA, which is in close agreement with the results of the present study.

A significant number (6.35%) of apparently healthy stallions without any sperm abnormalities were found to be positive for *M. equigenitalium*, hence its clinical relevance in semen should not be over-interpreted. This may be due to the colonisation of *M. equigenitalium* in non-testicular tissues, which serves as a source of contamination during ejaculation. This is in agreement with reports on the lack of correlation between sperm abnormalities and isolation of *Mycoplasmas* or other potentially pathogenic bacteria in stallions and bulls (Malmgren *et al.*, 1998; Spersger *et al.*, 2002).

The analysis of the findings from the present study implies that there is indeed a prevalence of *M. equigenitalium* infections in India. The use of the *rpoB* gene-based species-specific *M. equigenitalium* PCR described here can help increase the number of laboratories detecting *M. equigenitalium* in equine genital infections and enhance current knowledge on the importance and distribution of *M. equigenitalium*.

Conflict of interest

The authors declare that they do not have any conflict of interest.

Acknowledgements

We sincerely acknowledge the help extended to us by Dr. R. A. J. Nicholas, VLA Weybridge, UK for providing the standard genomic DNA and/or equine origin culture. We also wish to acknowledge the help given to us by Dr. R. K. Singh, Director of the National Research Centre on Equines and VTCC, Hisar, India for his valuable guidance and suggestions. We also thank the Director of the Indian Veterinary Research Institute, Izatnagar, India for financial assistance to carry out this work.

References

- Aloutto, BB; Wittler, RG; Williams, CO and Faber, JE** (1970). Standardized bacteriological techniques for characterization of *Mycoplasma* species. *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 20: 35-38.
- Bermúdez, VM; Miller, RB; Johnson, WH; Rosendal, S and Ruhnke, L** (1987). The prevalence of *Mycoplasma* spp. and their relationship to reproductive performance in selected equine herds in southern Ontario. *J. Reprod. Fertil. Suppl.*, 35: 671-673.
- Bermúdez, VM; Miller, RB; Rosendal, S; Fernando, MA; Johnson, WH and O'Brien, PJ** (1992). Measurement of the cytotoxic effects of different strains of *Mycoplasma equigenitalium* on the equine uterine tube using a calmodulin assay. *Can. J. Vet. Res.*, 56: 331-338.
- Bermúdez, VM; Miller, RB; Rosendal, S and Johnson, WH** (1988). *In vitro* cytopathic effect of *Mycoplasma equigenitalium* on the equine uterine tube. In: Stanek, G; Cassell, GH; Tully, JH and Whitcomb, RF (Eds.), *Recent advances in mycoplasmaology. Proceedings of the Seventh Congress of the International Organisation of Mycoplasmaology*. Baden, near Vienna, 1988. Suppl. 20: 419-428.
- Carmichael, LE; George, TD; Sulliva, MD and Horsfall, N** (1972). Isolation and characterization studies on an ovine *Mycoplasma* responsible for proliferative interstitial pneumonia. *Cornell. Vet.*, 62: 654-679.
- Garcia-Arribas, ML; Plaza, CJ; de la Rosa, MC and Mosso, MA** (1988). Characterization of *Bacillus cereus* strains isolated from drugs and evaluation of their toxins. *J. Appl. Bacteriol.*, 64: 251-264.
- Harasawa, R** (1999). Genetic relationships among *Mycoplasmas* based on the 16S/23S rRNA spacer sequence. *Microbiol. Immunol.*, 43: 127-132.
- Heitmann, J; Kirchhoff, H; Petzoldt, K and Sonnenschein, B** (1979). Isolation of *Acholeplasmas* and *Mycoplasmas* from aborted horse fetuses. *Vet. Rec.*, 104: 350.
- Helal, M; El-Gindy, H; Gaeta, G and Sintchenko, V** (2008). High performance multiple sequence alignment algorithms for comparison of microbial genomes. In: *Proceedings of 19th International Conference on Genome Informatics (GIW 2008)*. Gold Coast, Australia, 2008.
- Kaltenböck, B; Schmeer, N and Schneider, R** (1997). Evidence for numerous *omp1* alleles of porcine *Chlamydia trachomatis* and novel *Chlamydial* species obtained by PCR. *J. Clin. Microbiol.*, 35: 1835-1841.
- Khurana, SK; Garg, DN and Kumar, A** (2004). Seroprevalence of *Mycoplasma equigenitalium* antibodies in equines by indirect ELISA. *J. Immunol. Immunopathol.*, 6: 77-78.
- Kim, KS; Ko, KS; Chang, MW; Hahn, TW; Hong, SK and Kook, YH** (2003). Use of *rpoB* sequences for phylogenetic study of *Mycoplasma* species. *FEMS Microbiol. Lett.*, 226: 299-305.
- Kirchhoff, H; Naglić, T and Heitmann, J** (1979). Isolation of *Acholeplasma laidlawii* and *Mycoplasma equigenitalium* from stallion semen. *Vet. Microbiol.*, 4: 177-179.
- Kong, F; James, G; Gordon, S; Zelynski, A and Gilbert, GL** (2001). Species-specific PCR for identification of common contaminant mollicutes in cell culture. *Appl. Environ. Microbiol.*, 67: 3195-3200.
- Konigsson, MH; Bolske, G and Johansson, KE** (2002). Intraspecific variation in the 16S rRNA gene sequences of *Mycoplasma agalactiae* and *Mycoplasma bovis* strains. *Vet. Microbiol.*, 85: 209-220.
- Lemeke, MR and Kirchhoff, H** (1979). *Mycoplasma subdolum*, a new species isolated from horses. *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 29: 42-50.
- Malmgren, L; Engvall, EO; Engvall, A and Albihn, A** (1998). Aerobic bacterial flora of semen and stallion reproductive tract and its relation to fertility under field conditions. *Acta Vet. Scand.*, 39: 173-182.
- Miller, R; Chelmonska-Soyta, A; Smits, B; Foster, R and Rosendal, S** (1994). *Ureaplasma diversum* as a cause of reproductive disease in cattle. *Vet. Clin. N. Am. Food A.*, 10: 479-490.
- Mollet, C; Drancourt, M and Raoul, D** (1997). *rpoB* sequence analysis as a novel basis for bacterial identification. *Mol. Microbiol.*, 26: 1005-1011.
- Moorthy, ARS; Spradbrow, PB and Eisler, MED** (1977). Isolation of *Mycoplasmas* from the genital tract of horses. *Aust. Vet. J.*, 53: 167-169.
- Pettersson, B; Leitner, T; Ronaghi, M; Bolske, G; Uhlen, M and Johansson, KE** (1996). Phylogeny of the *Mycoplasma mycoides* cluster as determined by sequence analysis of the 16S rRNA genes from the two rRNA operons. *J. Bacteriol.*, 178: 4131-4142.
- Spargser, J; Aurich, C; Aurich, JE and Rosengarten, R** (2002). High prevalence of *Mycoplasmas* in the genital tract of asymptomatic stallions in Austria. *Vet. Microbiol.*, 87: 119-129.
- Tang, J; Hu, M; Lee, S and Roblin, R** (2000). A polymerase chain reaction based method for detecting *Mycoplasma/Acholeplasma* contaminants in cell culture. *J. Microbiol. Methods*. 39: 121-126.
- Taylor-Robinson, D and Furr, PM** (1997). Genital *Mycoplasma* infections. *Mid. Eur. J. Med.*, 109: 578-583.
- Woese, CR; Maniloff, J and Zablen, LB** (1980). Phylogenetic analysis of the *Mycoplasmas*. *P. Natl. Acad. Sci.*, 77: 494-498.

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 (۶/۲۵٪) 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 اسپرما توزوآی بوفالو

کریم غ. ام. محمود^۱، عبدالحامد ای. ای. السوگری^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 اسپرما توزوآی 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 صحرایی

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 صحرایی است. ۳۰ سر موش نر صحرایی (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 صحرایی

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؛ ^۳آکارسناس ارشد ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ ^۴آکارسناس ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ ^۵آکارسناس 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 اکوئی 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 اکوئی 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 اکوئی 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 اکوئی 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 اکوئی جنیتالیوم در دستگاه تناسلی اسب سانان با آزمون واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه تحت بررسی قرار گرفتند. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه مایکوپلاسما اکوئی 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 اکوئی جنیتالیوم مورد استفاده قرار گیرد. طبق اطلاعات نویسندگان، این اولین گزارش راجع به تکامل و ارزیابی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز اختصاصی گونه برای شناسایی مایکوپلاسما اکوئی جنیتالیوم می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: تشخیص، مایکوپلاسما اکوئی 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 داخلی دام کوچک، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ ^۴ بخش رادیولوژی، 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 آئرولیزین (*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 زیست شناسی بر پایه علت شناسی دامپزشکی، موسسه تحقیقات دامپزشکی لانژو، آکادمی علوم کشاورزی چین، لانژو، استان گانسو، چین؛ ^۲گروه انگل شناسی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی هونان، چانگشا، استان هونان، چین؛ ^۳آزمایشگاه زیست شناسی بر پایه علت شناسی 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 ایمونوسوربنت 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 سروبیوشیمیایی 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