

## Short Paper

# Molecular phylogeny of some avian species using *Cytochrome b* gene sequence analysis

Awad, A.<sup>1\*</sup>; Khalil, S. R.<sup>2</sup> and Abd-Elhakim, Y. M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Animal Wealth Development Department, Faculty of Veterinary Medicine, Zagazig University, 44511 Zagazig, Egypt; <sup>2</sup>Department of Forensic Medicine and Toxicology, Faculty of Veterinary Medicine, Zagazig University, 44511 Zagazig, Egypt

\*Correspondence: A. Awad, Animal Wealth Development Department, Faculty of Veterinary Medicine, Zagazig University, 44511 Zagazig, Egypt. E-mail: ashrafgenetic20000@yahoo.com

(Received 8 Feb 2014; revised version 6 Oct 2014; accepted 28 Oct 2014)

## Summary

Veritable identification and differentiation of avian species is a vital step in conservative, taxonomic, forensic, legal and other ornithological interventions. Therefore, this study involved the application of molecular approach to identify some avian species i.e. Chicken (*Gallus gallus*), Muscovy duck (*Cairina moschata*), Japanese quail (*Coturnix japonica*), Laughing dove (*Streptopelia senegalensis*), and Rock pigeon (*Columba livia*). Genomic DNA was extracted from blood samples and partial sequence of the mitochondrial *cytochrome b* gene (358 bp) was amplified and sequenced using universal primers. Sequences alignment and phylogenetic analyses were performed by CLC main workbench program. The obtained five sequences were deposited in GenBank and compared with those previously registered in GenBank. The similarity percentage was 88.60% between *Gallus gallus* and *Coturnix japonica* and 80.46% between *Gallus gallus* and *Columba livia*. The percentage of identity between the studied species and GenBank species ranged from 77.20% (*Columba oenas* and *Anas platyrhynchos*) to 100% (*Gallus gallus* and *Gallus sonneratii*, *Coturnix coturnix* and *Coturnix japonica*, *Meleagris gallopavo* and *Columba livia*). Amplification of the partial sequence of mitochondrial *cytochrome b* gene proved to be practical for identification of an avian species unambiguously.

**Key words:** Avian species, *Cytochrome b* gene, Phylogenetic analysis

## Introduction

Veterinary and forensic science laboratories frequently encounter samples lacking any morphological details that make it impossible to identify them as meat, leather, bones, blood stains on clothes. Therefore, there is a need to determine the origin of anonymous biological traces. In addition, species identification represents a key aspect of biodiversity studies (Ardura *et al.*, 2011).

The molecular markers and DNA sequencing have been taken as good markers to classify the taxonomy and phylogenetic relationships among species. The application of PCR technique has significantly improved the efficiency of laboratorial diagnostic procedures by allowing the *in vitro* amplification of a large number of DNA copies using a specific genomic region as template, followed by complementary techniques (Fajardo *et al.*, 2007a). Since it only requires a small amount of template DNA, the PCR method has been particularly useful for the identification of species in suboptimal DNA samples like forensic samples and blood stains, also in archaeological remains and museum specimens owing to the highly degraded and fragmented nature of ancient DNA (Pereira *et al.*, 2008).

Analysis of mitochondrial DNA (mtDNA) sequences is useful for phylogenetic studies. The mtDNA is independent, simpler than genomic DNA, and is of

maternal inheritance and has no recombination in all vertebrates, so the sequence of mtDNA is more conservative (Rokas *et al.*, 2003). The rate of base substitution on mtDNA is 5-10 times relative to nuclear gene which resulted in an accumulation of base substitutions over a long period of time, and enabled discrimination of a wide variety of birds, even closely related species belonging to the same families and genera (Russell *et al.*, 2000).

Among mitochondrial genes, *cytochrome b* (mt *Cytb*) gene has been proved as an efficient tool with high power of discrimination for species identification and characterization in both taxonomy and forensic science (Kuwayama and Ozawa, 2000; Saif *et al.*, 2012), and is also used in studies of molecular evolution (Prusak *et al.*, 2004). The gene length is 1140 bp and has some stable sequences which were used for suggestion of universal primers for typical PCR-based methods (Parson *et al.*, 2000).

The aim of this study was to unambiguously identify some avian species through amplifying and sequencing of a partial sequence of mt *Cytb* gene.

## Materials and Methods

### Animals and blood samples

Five avian species (chicken -*Gallus gallus*, muscovy duck -*Cairina moschata*, Japanese quail -*Coturnix*

*japonica*, and rock pigeon (*Columba livia*) were obtained from retail markets while Laughing dove (*Streptopelia senegalensis*) was captured by hunters. Whole blood samples were collected aseptically in sterilized vacutainer tubes containing EDTA as anticoagulant, stored at -20°C until DNA extraction.

### DNA extraction

Genomic DNA was extracted using Gene JET whole blood genomic DNA purification mini kit (Fermentas, Thermo Fisher Scientific, USA) following the manufacturer's protocol. The quality and quantity of DNA were analyzed using 1% agarose gel electrophoresis and spectrophotometric method, respectively. The intact DNA was selected for further analysis.

### PCR amplification and gel electrophoresis

A pair of universal primers was used to amplify partial sequence of *mt Cytb* gene. Primers' sequences were as follow: L14816 (5'-CCA TCC AAC ATC TCA GCA TGA TGA AA-3'), H15173 (5'-CCC CTC AGA ATG ATA TTT GTC CTC A-3') (Kocher *et al.*, 1989). PCR amplification reactions were performed in a total volume of 25 µL. Each reaction mixture contained: 12.5 µL HotStar Taq<sup>®</sup> Master mix (Qiagen GmbH, Germany), 1 µL of each primer (10 µM), 8.5 µL RNase/DNase free water and 2 µL of DNA. PCR was carried out in a Tprofessional thermal cycler (Biometra, Germany). The cycling conditions included a single initial denaturation at 95°C for 11 min followed by 35 cycles of 94°C for 30 s (denaturation), 50°C for 45 s (annealing), 72°C for 45 s (extension) and a final extension step at 72°C for 7 min. PCR products (10 µL) were separated by 2% agarose gel electrophoresis at 120 V for 20 min. A 100 bp plus DNA ladder (Fermentas, Thermo Fisher Scientific, USA) was used to estimate sizes of the products. The resulting DNA fragments were visualized by UV transillumination and analyzed using Gel Documentation System (Bio Doc Analyse, Biometra, Germany).

### DNA purification and DNA sequencing

DNA fragment was excised from the gel using sterile, sharp cutter and purified using Gene JET PCR purification kit (Fermentas, Thermo Fisher Scientific, USA), according to the manufacturer's instructions. Purified products were directly sequenced using both the forward and reverse primers of PCR amplification. The sequencing process was performed by European Custom Sequencing Centre (GATC Biotech AG, Germany).

### Sequence alignment and phylogenetic analysis

Sequences were edited manually using Chromas Lite Ver. 2.1.1, (<http://technelysium.com.au>) and then imported into nucleotide BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) to retrieve similar sequences from NCBI GenBank (Table 1). Comparative alignment and phylogenetic analyses were performed by CLC main workbench program version. 6.9.1 (<http://www.clcbio.com>). The phylogenetic tree was generated by distance-based neighbor-joining method (N-J) and the liability of

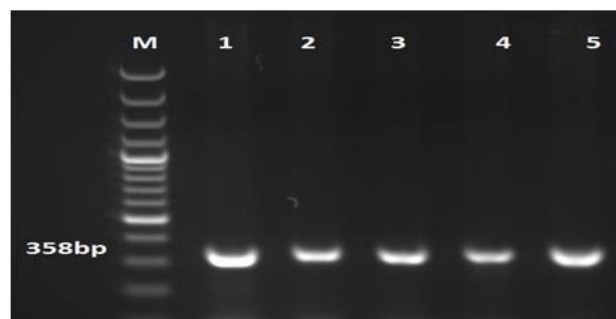
internal branches was assessed by 100 bootstrap replicates.

**Table 1:** Mitochondrial *cytochrome b* gene sequences of five studied avian species and sequences retrieved from GenBank for phylogenetic tree construction

Latin name	Common name	Accession No.
<i>Gallus gallus</i>	Chicken	KF964328
<i>Coturnix japonica</i>	Japanese quail	KF964327
<i>Cairina moschata</i>	Muscovy duck	KF964329
<i>Columba livia</i>	Rock pigeon	KF964326
<i>Streptopelia senegalensis</i>	Laughing dove	KF964325
<i>Gallus varius</i>	Green jungle fowl	AP003324.1
<i>Gallus sonneratii</i>	Grey jungle fowl	AB044989.1
<i>Francolinus erckelii</i>	Sudanin frankoliini	FR691589.1
<i>Coturnix coturnix</i>	Common quail	L08377.1
<i>Sarkidiornis melanotos</i>	Knob-billed duck	AF059111.1
<i>Chloephaga melanoptera</i>	Andean goose	AF173763.1
<i>Neochen jubatus</i>	Orinoco goose	AF173762.1
<i>Aix galericulata</i>	Mandarin duck	U46484.1
<i>Anas platyrhynchos</i>	Mallard or wild duck	EU755252.1
<i>Streptopelia mayeri</i>	Pink pigeon	AF483322.1
<i>Ectopistes migratorius</i>	Passenger pigeon	AF483351.1
<i>Meleagris gallopavo</i>	Wild turkey	FM205719.1
<i>Columba rupestris</i>	Turkestan hill dove	AF353410.1
<i>Columba oenas</i>	Stock dove	AF375961.1
<i>Columba palumbus</i>	Common wood pigeon	AF483335.1

### Results

The PCR amplification of partial *mt Cytb* gene using universal primers yielded a single amplification product, when separated on a 2% agarose gel, with the size being approximately 358 bp in the five avian species (Fig. 1).



**Fig. 1:** Electrophoretic analysis of PCR product amplified with *mt Cytb* universal primer. Lane M: 100 bp plus DNA marker, Lane 1: Chicken (*Gallus gallus*), Lane 2: Japanese quail (*Coturnix japonica*), Lane 3: Muscovy duck (*Cairina moschata*), Lane 4: Laughing dove (*Streptopelia senegalensis*), and Lane 5: Rock pigeon (*Columba livia*)

The *mt Cytb* gene sequences of chicken (*G. gallus*), Japanese quail (*C. japonica*), muscovy duck (*C. moschata*), laughing dove (*S. senegalensis*) and rock pigeon (*C. livia*) were deposited in GenBank with accession numbers KF964328, KF964327, KF964329, KF964325, KF964326, respectively and were aligned and compared with other species using CLC main workbench program Ver. 6.9.1 (Table 1). Excluding the primer region, the partial sequence analysis of the *mt Cytb* gene is based on a total of 307 bp Fig. 2.

Pair wise comparison of the *mt Cytb* gene sequences of five avian species revealed that, the nucleotide



**Fig. 2:** Alignment of the partial sequence of mitochondrial cytochrome *b* (mt *Cytb*) gene from chicken (*Gallus gallus*), Japanese quail (*Coturnix japonica*), muskovy duck (*Cairina moschata*), laughing dove (*Streptopelia senegalensis*) and rock pigeon (*Columba livia*). Sequences were aligned using CLC Main Workbench program. Dots indicate sequence identity

**Table 2:** Genetic distance (below diagonal) and percentage of identity (above diagonal) between five studied avian species and its comparison with other related species

Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 <i>Gallus gallus</i>		88.60	81.76	80.46	81.76	100.00	99.35	88.60	88.93	84.04	84.36	85.99	83.39	81.43	80.46	80.46	80.13	80.46	81.11	80.46
2 <i>Coturnix japonica</i>	0.12		83.71	82.41	83.71	88.60	88.93	100.00	90.55	82.74	83.06	85.99	83.71	82.41	82.41	82.41	82.41	80.78	81.11	82.08
3 <i>Cairina moschata</i>	0.21	0.18		80.78	82.08	81.76	83.71	83.06	85.99	91.86	88.27	89.90	91.86	80.78	81.43	79.80	80.13	80.78	79.48	82.08
4 <i>Columba livia</i>	0.23	0.20	0.22		86.64	80.46	80.46	82.41	80.78	79.48	79.48	80.78	78.83	80.78	100.00	98.05	92.18	87.95	89.25	87.30
5 <i>Streptopelia senegalensis</i>	0.21	0.18	0.20	0.15		81.76	82.08	83.71	81.43	83.06	83.06	82.74	81.76	80.46	86.64	86.64	87.95	88.93	88.93	88.60
6 <i>Gallus sonneratii</i>	0.00	0.12	0.21	0.23	0.21		99.35	88.60	88.93	84.04	84.36	85.99	83.39	81.43	80.46	80.46	80.13	80.46	81.11	80.46
7 <i>Gallus varius</i>	0.01	0.12	0.21	0.23	0.20	0.01		88.93	88.93	83.71	83.71	83.71	81.43	85.34	80.46	80.46	80.13	80.46	81.11	81.11
8 <i>Coturnix coturnix</i>	0.12	0.00	0.18	0.20	0.18	0.12	0.12		90.55	82.74	83.06	85.99	83.71	82.41	82.41	82.41	80.78	81.11	82.08	82.08
9 <i>Francoelinus ereketii</i>	0.10	0.08	0.17	0.20	0.19	0.10	0.10	0.08		81.76	82.08	84.36	83.39	82.74	80.78	80.78	79.80	82.84	79.15	80.53
10 <i>Neochen jubatus</i>	0.18	0.19	0.10	0.24	0.19	0.18	0.18	0.19	0.18		99.02	92.51	89.25	89.87	79.48	79.15	78.18	80.13	81.11	80.46
11 <i>Chloephaga melanoptera</i>	0.17	0.19	0.11	0.24	0.19	0.17	0.18	0.19	0.18	0.01		92.18	82.87	90.85	79.48	79.15	78.18	80.13	80.46	79.80
12 <i>Sarkidiornis melanotos</i>	0.16	0.16	0.09	0.22	0.20	0.16	0.16	0.16	0.15	0.08	0.08		90.23	90.23	80.78	80.78	79.80	80.78	81.11	80.78
13 <i>Anas platyrhynchos</i>	0.19	0.18	0.13	0.25	0.21	0.19	0.18	0.18	0.17	0.11	0.12	0.10		88.60	80.78	78.50	77.20	79.15	79.15	79.80
14 <i>Aix galericulata</i>	0.21	0.20	0.11	0.22	0.22	0.21	0.21	0.20	0.17	0.11	0.10	0.10	0.12		78.83	79.48	77.85	79.48	77.85	77.52
15 <i>Meleagris gallopavo</i>	0.23	0.20	0.22	0.00	0.15	0.23	0.23	0.20	0.20	0.24	0.24	0.22	0.25	0.22		98.05	92.18	87.95	89.25	87.30
16 <i>Columba rapensis</i>	0.23	0.20	0.21	0.02	0.15	0.23	0.23	0.20	0.20	0.24	0.24	0.22	0.25	0.24	0.02		92.83	87.95	90.55	87.30
17 <i>Columba oenas</i>	0.23	0.20	0.24	0.08	0.13	0.23	0.23	0.20	0.21	0.25	0.25	0.24	0.27	0.26	0.08	0.08		86.97	88.60	85.67
18 <i>Streptopelia mayeri</i>	0.21	0.21	0.22	0.12	0.11	0.21	0.21	0.21	0.19	0.21	0.21	0.21	0.23	0.22	0.12	0.12	0.12		89.90	90.43
19 <i>Columba palumbus</i>	0.22	0.22	0.22	0.12	0.12	0.22	0.22	0.22	0.22	0.21	0.22	0.22	0.24	0.26	0.12	0.10	0.12	0.09		87.30
20 <i>Ectopistes migratorius</i>	0.21	0.19	0.23	0.13	0.11	0.21	0.20	0.19	0.22	0.21	0.22	0.21	0.22	0.21	0.13	0.13	0.15	0.10	0.13	

similarities percentage was 88.60% between chicken (*G. gallus*) and Japanese quail (*C. japonica*) and 86.64% between laughing dove (*S. senegalensis*) and rock pigeon (*C. livia*), while muskovy duck (*C. moschata*) sequences showed less identity with those of other studied avian species (Table 2).

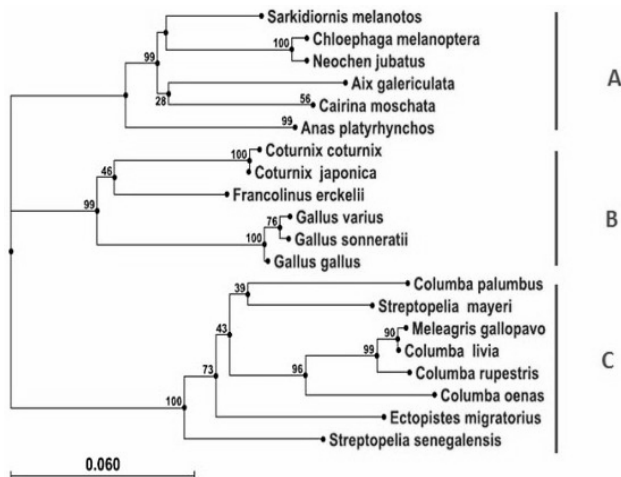
The comparison of the obtained mt *Cytb* gene sequences with those available in GenBank revealed nucleotide similarities percentage ranged from 77.20% (*Columba oenas* and *Anas platyrhynchos*) to 100% (*Gallus gallus* and *Gallus sonneratii*, *Coturnix coturnix* and *Coturnix japonica*, *Meleagris gallopavo* and *Columba livia*). The derived sequence of chicken (*G. gallus*) of this study was highly matched (100%) with *G. sonneratii*, while less similarity was seen with *Columba oenas* (80.13%). Moreover, the sequence of Japanese quail (*C. japonica*) was closely related to that of *C. coturnix* (100%), which showed less identity (80.78%) compared with that of *Columba palumbus*.

Also, muskovy duck (*C. moschata*) sequence displayed high similarity (91.86%) with that of *Sarkidiornis melanotos* but showed less similarity (79.48%) with *Ectopistes migratorius*. The sequence of rock pigeon (*Columba livia*) was closely related to those of *Meleagris gallopavo* (99.48%) but less identity (78.83%) with *Aix galericulata*. The sequence of laughing dove (*Streptopelia senegalensis*) showed slightly high similarity (88.93%) with those of *Streptopelia mayeri* and *Columba palumbus*, but showed less similarity (80.46%) with *Anas platyrhynchos*.

The genetic distance among different species ranged from 0.00 (*Gallus gallus* with *Gallus sonneratii*, *Coturnix japonica* with *Coturnix coturnix* and *Columba livia* with *Meleagris gallopavo*) to 0.27 (*Aix galericulata* and *Columba oenas*) as shown in Table 2 below the diagonal.

The phylogenetic tree revealed three major clusters referred to as A, B, and C. Each cluster was divided into

branches with highly supported relationships. Cluster A includes *Cairina moschata*, *Aix galericulata*, *Chloephaga melanoptera*, *Neochen jubatus*, *Sarkidiornis melanotos* and *Anas platyrhynchos*. Cluster B contains *Gallus gallus*, *Gallus varius*, *Gallus sonneratii*, *Coturnix japonica*, *Coturnix coturnix* and *Francolinus erckelii*. Cluster C contains *Columba livia*, *Meleagris gallopavo*, *Columba rupestris*, *Columba oenas*, *Ectopistes migratorius*, *Streptopelia senegalensis*, *Columba palumbus* and *Streptopelia mayeri* as shown in Table 2 and illustrated in Fig. 3.



**Fig. 3:** Phylogenetic analysis based on the *cytochrome b* gene sequences of five avian species and other related species. The tree was analyzed by neighbor-joining (N-J) analysis

## Discussion

Identification of avian species is a vital step in conservative, taxonomic, forensic, legal and other ornithological interferences. The obtained result is not only useful for taxonomic purposes and evolutionary analysis, but also has important inclusions for species conservation (Baling and Brunton, 2005).

DNA-based molecular techniques developed over the last two decades have increased the possibility of developing authentic and reliable methods for species identification, due to the stability of DNA at high temperatures and the fact that its structure is conserved within all tissues of an individual (Saini *et al.*, 2007). Many authors applied various DNA based methods to identify different animals and avian species, (Calvo *et al.*, 2001; Sasazaki *et al.*, 2004; Tanabe *et al.*, 2007; Asensio *et al.*, 2008; Gruszczynska and Michalska, 2013).

Identification of some avian species based on direct sequencing of mt *Cytb* gene was applied. Although, sequencing is more expensive than the other PCR-based methods, it provides information for all positions of a target sequence. For this reason direct sequencing can be successfully used for differentiation between taxonomically close species or determining the origin of anonymous samples that is of particular interest in veterinary control and animal (Budowle *et al.*, 2003).

The short length fragment of the mt *Cytb* gene was used because of its widest taxonomic representation in nucleotide databases. Despite the relatively short size of the fragment, it provides enough sequence divergence, which fulfills the objectives of the study. Furthermore, only one pair of primers was used in this study to amplify a 358 bp of the mt *Cytb* gene for all samples. This is in agreement with studies that reported the use of universal primers as complements to conserved region of mt *Cytb* gene in vertebrates (Kocher *et al.*, 1989).

In current study the obtained DNA sequence had been deposited in GenBank. Therefore, there is a high chance that the unknown sample will match a DNA sequence from a reference sample deposited on the database. Hence, these results will contribute to developing the GenBank database and can be applied for further phylogenetic and forensic studies on other avian and animal species.

Phylogenetic tree was constructed by N-J method which is based on distances between sequences revealing a variation between different avian species, even closely related ones. Such tree could identify the ancestors and closest relatives of the group and also have great practical value, where trees have helped solve criminal cases, and epidemiology. The phylogenetic analysis reflects the historical agreement on the point (Prager and Wilson, 1976) that the studied birds belong to different orders and families [chicken and Japanese quail; *Galliformes* (*Phasianidae*), rock pigeon and laughing dove; *Columbiformes* (*Columbidae*) and muskovee duck; *Anseriformes* (*Anatidae*)].

Chickens (*Gallus gallus*) and Japanese quail (*Coturnix japonica*) are species of considerable economic importance in a number of countries including Egypt. Moreover they are frequently used as a model laboratory animal (Kayang *et al.*, 2004). Our findings are consistent with the earlier results reported by Pang *et al.* (1999), Inoue-Murayama *et al.* (2001) and Kayang *et al.* (2006).

In cluster C, it is shown that pigeons and doves belong to a typical group within this group, *Streptopelia* (turtledoves including laughing dove) and *Columba* (old world pigeons including rock pigeon) are supported in a well-supported sister *Streptopelia-Columba* clade (Fulton *et al.*, 2012). To conclude, PCR amplification of the mt *Cytb* gene, amplicon sequencing and sequence analysis would help to solve the problem of identification of an avian species unambiguously.

## References

- Ardura, A; Planes, S and Garcia Vazquez, E (2011). Beyond biodiversity: fish metagenomes. *PLoS One*. 6(8): e22592. doi: 10.1371/journal.pone.0022592.
- Asensio, L; Gonzalez, I; Pavon, MA; Garcia, T and Martin, R (2008). An indirect ELISA and a PCR technique for the detection of grouper (*Epinephelus marginatus*) mislabeling. *Food Addit. Contam. Part A Chem. Anal. Control. Expo. Risk Assess.*, 25: 677-683.
- Baling, M and Brunton, D (2005). Conservation genetics of

- the New Zealand fairy tern. 32. Auckland, New Zealand: Department of Conservation (New Zealand).
- Budowle, B; Allard, MW; Wilson, RM and Chakraborty, R** (2003). Forensics and mitochondrial DNA: applications, debates, and foundations. *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* 4: 119-141.
- Calvo, JH; Zaragoza, P and Osta, R** (2001). Random amplified polymorphic DNA fingerprints for identification of special in poultry pate. *Poult. Sci.*, 80: 522-524.
- Fajardo, V; González, I; López-Calleja, I; Martín, I; Rojas, M; Pavón, MA; Hernández, PE; García, T and Martín, R** (2007a). Analysis of mitochondrial DNA for authentication of meats from chamois (*Rupicapra rupicapra*), pyrenean ibex (*Capra pyrenaica*), and mouflon (*Ovis ammon*) by polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism. *J. AOAC Int.*, 90: 179-186.
- Fulton, TL; Wagner, SM; Fisher, C and Shapiro, B** (2012). Nuclear DNA from the extinct Passenger Pigeon (*Ectopistes migratorius*) confirms a single origin of New World pigeons. *Ann. Anat.*, 194: 52-57.
- Gruszczyńska, J and Michalska, E** (2013). Application of chicken microsatellite markers to molecular monitoring of the experimental population of Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 31: 73-84.
- Inoue-Murayama, M; Kayang, BB; Kimura, K; Ide, H; Takahashi, H; Nagamine, Y; Takeda, T; Hanada, H; Tatsuda, K; Tsudzuki, M; Matsuda, Y; Mizutani, M; Murayama, Y and Ito, S** (2001). Chicken microsatellite primers are not efficient markers for Japanese quail. *Anim. Genet.* 32: 7-11.
- Kayang, BB; Fillon, V; Inoue-Murayama, M; Miwa, M; Leroux, S; Fève, K; Monvoisin, JL; Pitel, F; Vignoles, M; Mouilhayrat, C; Beaumont, C; Ito, S; Minvielle, F and Vignal, A** (2006). Integrated maps in quail (*Coturnix japonica*) confirm the high degree of synteny conservation with chicken (*Gallus gallus*) despite 35 million years of divergence. *BMC Genomics.* 7: 101-119.
- Kayang, BB; Vignal, A; Inoue-Murayama, M; Miwa, M; Monvoisin, L and Ito, S** (2004). A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Anim. Genet.* 35: 195-200.
- Kocher, TD; Thomas, WK; Meyer, A; Edwards, SV; Pääbo, S; Villablanca, FX and Wilson, AC** (1989). Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 86: 6196-6200.
- Kuwayama, R and Ozawa, T** (2000). Phylogenetic relationships among European red deer, wapiti, and sika deer inferred from mitochondrial DNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 15: 115-123.
- Pang, SWY; Ritland, C; Carlson, JE and Cheng, KM** (1999). Japanese quail microsatellite loci amplified with chicken-specific primers. *Anim. Genet.* 30: 195-199.
- Parson, W; Pegoraro, K; Niederstatter, H; Foger, M and Steinlechner, M** (2000). Species identification by means of the *cytochrome b* gene. *Int. J. Legal Med.*, 114: 23-28.
- Pereira, F; Carneiro, J and Amorim, A** (2008). Identification of species with DNA-based technology: current progress and challenges. *Recent Pat. DNA Gene. Seq.*, 2: 187-200.
- Prager, EM and Wilson, AC** (1976). Congruency of phylogenies derived from different proteins: a molecular analysis of the phylogenetic position of cracid birds. *J. Mol. Evol.*, 9: 45-57.
- Prusak, B; Grzybowski, G and Zięba, G** (2004). Taxonomic position of *Bison bison* (Linnaeus, 1758) and *Bison bonasus* (Linnaeus, 1758) based on analysis of *cytb* gene. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 22: 27-35.
- Rokas, A; Ladoukakis, E and Zouros, E** (2003). Animal mitochondrial DNA recombination revisited. *Trend Ecol. Evol.*, 18: 411-417.
- Russell, VJ; Hold, GL; Pryde, SE; Rehbein, H; Quinteiro, J; Rey-Mendez, M; Sotelo, CG; Pérez-Martin, RI; Santos, AT and Rosa, C** (2000). Use of restriction fragment length polymorphism to distinguish between salmon species. *J. Agric. Food Chem.*, 48: 2184-2188.
- Saif, R; Babar, ME; Awan, AR; Nadeem, A; Hashmi, AS and Hussain, T** (2012). DNA fingerprinting of Pakistani buffalo breeds (*Nili-Ravi, Kundi*) using microsatellite and *cytochrome b* gene markers. *Mol. Biol. Rep.*, 39: 851-856.
- Saini, M; Das, DK; Dhara, A; Swarup, D; Yadav, MP and Gupta, PK** (2007). Characterisation of peacock (*Pavo cristatus*) mitochondrial 12S rRNA sequence and its use in differentiation from closely related poultry species. *Bri. Poult. Sci.*, 48: 162-166.
- Sasazaki, S; Itoh, K; Arimitsu, S; Imada, T; Takasuga, A; Nagaishi, H; Takano, S; Mannen, H and Tsuji, S** (2004). Development of breed identification markers derived from AFLP in beef cattle. *Meat Sci.*, 67: 275-280.
- Tanabe, S; Miyauchi, E; Muneshige, A; Mio, K; Sato, C and Sato, M** (2007). PCR method of detecting pork in foods for verifying allergen labeling and for identifying hidden pork ingredients in processed foods. *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 71: 1663-1667.

# 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<sup>۱</sup>، آنجلی آگاروال<sup>۲</sup> و رامش چاندرا یوپیادیوای<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی دکترای تخصصی فیزیولوژی دامپزشکی، بخش فیزیولوژی و اقلیم‌شناسی (P&C)، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ <sup>۲</sup> 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= ۶۷/۳) و گاوهای گروه II در فصل تابستان (THI= ۷۹/۹) 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<sup>۱</sup>، سلمین اُزر<sup>۲</sup> و فریت راد<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>وزارت غذا، کشاورزی و دامداری، اداره کل استان کوروم، کوروم، ترکیه؛ <sup>۲</sup>گروه 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 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 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<sup>۱</sup>، محمد محسن‌زاده<sup>۲</sup>، غلامرضا محمدی<sup>۳</sup>  
و رویا رضائیان دلویی<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup>دانش‌آموخته دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ <sup>۲</sup>گروه بهداشت مواد غذایی و آبزیان، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ <sup>۳</sup>گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ <sup>۴</sup>گروه 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<sup>۱</sup>، آملان کومار پاترا<sup>۲</sup> و گوتام سامانتا<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> 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؛ <sup>۲</sup> 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<sup>۱</sup>، عبدالحامد ای. ای. السوکرى<sup>۲</sup>، آلا ای. عبدالغفار<sup>۳</sup>،  
محمود ای. ای. ابو الروز<sup>۳</sup> و یوسف اف. احمد<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup> گروه تولید مثل دام و تلقیح مصنوعی، مرکز تحقیقات ملی، الدقی، الجیزه، مصر؛ اداره کل خدمات دامپزشکی، الدقی، الجیزه، مصر؛ <sup>۲</sup> 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<sup>۱</sup> و فرزانه فضلی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> مرکز تحقیقاتی نوروفیزیولوژی، گروه آناتومی، دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران؛ <sup>۲</sup> 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 آمیون و نرمال سالین از لحاظ آماری معنی‌دار بود ( $P < 0.05$ ). در روز ۲۸، تعداد آکسون‌های میلین‌دار در گروه مایع آمیون 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 آمیون نسبت به گروه نرمال سالین سریع‌تر بود، اما این اختلاف معنی‌دار نبود ( $P > 0.05$ ). نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که مایع آمیونیتیک جنین جوجه، بازسازی عصب محیطی را تقویت می‌نماید.

واژه‌های کلیدی: مایع آمیون، 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<sup>۱</sup>-بینگ دونگ<sup>۱، ۲</sup>، ون-هو لی<sup>۳</sup>، جون-لینگ ژو<sup>۴</sup>، ون-جون لیو<sup>۱</sup>،  
مینگ-کیو ژا<sup>۵</sup>، یونگ-ون لوان<sup>۱</sup> و جین-دینگ چن<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup>گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ <sup>۲</sup>گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی و مهندسی بینگ دونگ، دانشگاه شائگوان، شائگوان ۵۱۲۰۰۵، چین؛ <sup>۳</sup>آکارشناس ارشد ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ <sup>۴</sup>آکارشناس ویروس، گروه طب پیشگیری دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی جنوب چین، منطقه تیان هی، گوانگژو ۵۱۰۶۴۲، چین؛ <sup>۵</sup>آکارشناس 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<sup>۱</sup>، راجنیش رانا<sup>۲</sup>، کوناساگارا ناگالیکار ویسواس<sup>۳</sup>، ناچاپولی رمیش آرون<sup>۱</sup>،  
ویجنندرا پال سینگ<sup>۴</sup>، آجی پراتاپ سینگ<sup>۵</sup> و شیاما نارایانا پرابهو<sup>۶</sup>

<sup>۱</sup> دانش آموخته پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ <sup>۲</sup> آزمایشگاه رفرا مایکوپلاسما، بخش باکتری شناسی و قارچ شناسی، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ <sup>۳</sup> بخش باکتری شناسی و قارچ شناسی، پژوهشکده تحقیقات دامپزشکی هند، ایزاتناگار، ۲۴۳۱۲۲، باریلی، یوتر پردش، هند؛ <sup>۴</sup> گروه میکروبیولوژی، دانشکده دامپزشکی و علوم دامی (COVs&AH) دانشگاه دامپزشکی پت دین دایال (DUVASU)، ماتورا، ۲۸۱۰۰۱، یوتر پردش، هند؛ <sup>۵</sup> 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<sup>۱</sup>، زهره خاکی<sup>۲</sup>، داریوش شیرانی<sup>۳</sup>، علیرضا وجهی<sup>۴</sup>،  
محمد طاهری<sup>۵</sup>، یارا تمرچی<sup>۶</sup> و عبدالرزاق رستمی<sup>۷</sup>

<sup>۱</sup> رزیدنت کلینیکال پاتولوژی، بخش کلینیکال پاتولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۲</sup> بخش کلینیکال پاتولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۳</sup> بخش داخلی دام کوچک، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۴</sup> بخش رادیولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۵</sup> آزمایشگاه دکتر رستگار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۶</sup> رزیدنت داخلی دام کوچک، بخش داخلی دام کوچک، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران، ایران؛ <sup>۷</sup> 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 آنها 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 آنها 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 چاویرو<sup>۱</sup>، کارلا سرکوا بیرا<sup>۲</sup>، جواو سیلوا<sup>۳</sup>، جوآنا فرانکو<sup>۴</sup>  
و فرناندو موریارا دا سیلوا<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup>گروه علوم مناطق بیابانی، مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ <sup>۲</sup>دانشجوی دوره کارشناسی، مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ <sup>۳</sup>دانش آموخته مرکز تحقیقات و فن آوری کشاورزی آژورس (CITA-A)، دانشگاه آژورس، آنگرا دو هروایسمو ۰۴۲-۹۷۰۰، پرتغال؛ <sup>۴</sup>کارشناس 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<sup>۱</sup>، بن هیونگ کو<sup>۱</sup>، دا هیون کیم<sup>۲</sup>، دونگ وان کیم<sup>۴</sup>  
و سونگ وو پارک<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>بخش قرنطینه و بازرسی، اداره خدمات ملی کیفیت فرآورده‌های شیلات، یانگدو-گو، بوسان، کره جنوبی؛ <sup>۲</sup>آکارسناس ارشد، گروه حیات آبریان، دانشگاه ملی کوسان، گانسان-سی، جئولابوک-دو، کره جنوبی؛ <sup>۳</sup>آگروه حیات آبریان، دانشگاه ملی کوسان، گانسان-سی، جئولابوک-دو، کره جنوبی؛ <sup>۴</sup>دوونگ 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<sup>-1</sup> 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<sup>-1</sup>، نرخ مرگ و میر ۱/۳٪ در مدت هفت روز پس از عفونت بود. زمانی که دوز عفونی  $10^7$  cfu fish<sup>-1</sup> 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<sup>-1</sup> 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<sup>۱</sup>، غلامرضا رزمی<sup>۱</sup>، حسام سیفی<sup>۲</sup> و ابوالقاسم نقیبی<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup>گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران؛ <sup>۲</sup>آگروه 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: بائریا کابالی، الاغ، واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، تیلریا اکویی

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

سماز کادیف<sup>۱</sup>، امرالله اکن<sup>۲</sup>، کمیل بشولوک<sup>۳</sup> و مصطفی اورهان دایان<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup>گروه پرستاری، دانشکده بهداشت دانشگاه بتمن، بتمن، ترکیه؛ <sup>۲</sup>گروه 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<sup>۱،۲</sup>، کیوای-دونگ تان<sup>۱</sup>، سی-یوان کیواین<sup>۱</sup>، لینگ-یینگ هو<sup>۱</sup>، گوآ-هوآ لیو<sup>۳</sup>، دونگ-هوای ژو<sup>۳،۴</sup> و زینگ-کیوان ژو<sup>۳،۴</sup>

<sup>۱</sup>کارشناس علوم دامپزشکی، آزمایشگاه زیست شناسی بر پایه علت شناسی دامپزشکی، موسسه تحقیقات دامپزشکی لانژو، آکادمی علوم کشاورزی چین، لانژو، استان گانسو، چین؛ <sup>۲</sup>گروه انگل شناسی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه کشاورزی هونان، چانگشا، استان هونان، چین؛ <sup>۳</sup>آزمایشگاه زیست شناسی بر پایه علت شناسی دامپزشکی، موسسه تحقیقات دامپزشکی لانژو، آکادمی علوم کشاورزی چین، لانژو، استان گانسو، چین؛ <sup>۴</sup>مرکز 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 آنتی‌بادی‌های 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 آنتی‌بادی‌های 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 قزل‌آلای رنگین‌کمان در حالت فوق سرد

اشکان جبلی جوان<sup>۱</sup>، مرضیه بلندی<sup>۲</sup>، زهره جدیدی<sup>۲</sup>، مهنوش پارسایی مهر<sup>۱</sup>  
و عباس جواهری وایقان<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>گروه بهداشت و کنترل کیفی مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان، سمنان، ایران؛ <sup>۲</sup>گروه علوم و صنایع غذایی، واحد دامغان، دانشگاه آزاد اسلامی، دامغان، ایران؛ <sup>۳</sup>گروه 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 قزل‌آلای رنگین‌کمان 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 قزل‌آلا 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، قزل‌آلای رنگین‌کمان، 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<sup>۱</sup>، سماح رمضان السید خلیل<sup>۱</sup> و یاسمینا محمد عبدالحکیم<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه توسعه فراوانی دام، دانشکده دامپزشکی دانشگاه الزقازیق، الزقازیق ۴۴۵۱۱، مصر؛ <sup>۲</sup> 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

بهرروز نیک احوال<sup>۱</sup>، مهرزاد فرود<sup>۲</sup>، علیرضا رعایت جهرمی<sup>۱</sup>  
و محمد سعید احراری خوافی<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup>گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز، شیراز، ایران؛ <sup>۲</sup>دانشجوی 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