



موسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی

چکیده نامه مقالات موسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷)

معاونت تحقیقات و فناوری

مدیریت تحقیق، توسعه و فناوری



به نام خدایی که آفرید؛
جهان را، انسان را، عقل را، علم را و معرفت را

موفقیت آکادمیک وابسته به تحقیق و نشر است.

فیلیپ زیملاردو



موسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی

چکیده‌نامه مقالات موسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷)

معاونت تحقیقات و فناوری

مدیریت تحقیق، توسعه و فناوری

موسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی

کرج ۱۳۹۷



شابک	978-964-5653-08-6
شماره کتابشناسی ملی	۵۴۹۶۹۰۴
عنوان و نام پدیدآور	چکیده‌نامه مقالات موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷)/گردآوری و تدوین (به ترتیب الفبا): علی اسحاقی ... [و دیگران].
مشخصات نشر	کرج: موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی، ۱۳۹۷.
مشخصات ظاهری	۲۷۰ص: جدول، نمودار.
فروست	موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی؛ ۱۳.
یادداشت	گردآوری و تدوین (به ترتیب الفبا): علی اسحاقی، نوید داداشپوردواجی، محمدحسین فلاح‌مهرآبادی، مجتبی محرمی، سیمین‌السادات میرهاشمی، احمد یوسفی.
موضوع	موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی -- چکیده‌ها
موضوع	واکسن‌سازی -- ایران -- چکیده‌ها
موضوع	Iran -- Abstracts -- Vaccines industry
موضوع	سرم -- چکیده‌ها
موضوع	Serum -- Abstracts
رده بندی دیویی	۴۷۶۱۵۳۷۲۰۹۵۵/۲۸۱
رده بندی کنگره	۹۶۷۵HDD ۹۱۳۹۷ الف۲۳/و
شناسه افزوده	اسحاقی، علی، ۱۳۵۲-، گردآورنده
شناسه افزوده	موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی
وضعیت فهرست نویسی	فیبا

شناسنامه کتاب

عنوان: چکیده‌نامه مقالات موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷)

گردآوری و تدوین (به ترتیب الفبا): دکتر علی اسحاقی، دکتر نوید داداشپوردواجی، دکتر محمدحسین فلاح‌مهرآبادی، دکتر مجتبی محرمی، سیمین‌السادات میرهاشمی، احمد یوسفی

گرافیک و صفحه‌بندی: یاسمن یوسفی

سال انتشار: ۱۳۹۷

محل انتشار: کرج

ناشر: موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی

فروست: موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی، ۱۳

شابک: ۹۷۸-۹۶۴-۵۶۵۳-۰۸-۶

تیراژ: ۵۰۰

این کتاب در وزارت فرهنگ و ارشاد اسلامی به ثبت رسیده است.

در مرکز فناوری اطلاعات و اطلاع‌رسانی کشاورزی سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی با شمار K97-25 در تاریخ ۹۷/۱۰/۱۱ به ثبت رسیده است.

فهرست مندرجات

۳	مقدمه.....
۳	روش شناسایی و گردآوری اطلاعات.....
۴	منابع استخراج ضریب تاثیر، SJR و Q نشریات.....
۴	ترتیب چیدمان مقالات.....
۸	بررسی مقالات بر اساس شاخص‌های کمی و کیفی علم‌سنجی.....
۸	بررسی کلی مقالات.....
۱۲	بررسی کلی مقالات بر اساس شاخص Q.....
۱۴	بررسی کلی مقالات بر اساس شاخص ضریب تاثیر.....
۱۶	بررسی مقالات بر اساس میزان همکاری‌های ملی و بین‌المللی و گرایش موضوعی.....
۲۱	چند پیشنهاد به نویسندگان و مدیریت پژوهشی موسسه.....
۲۳	مقالات انگلیسی.....
۱۹۷	مقالات فارسی.....
۲۶۵	نمایه نام نویسندگان موسسه رازی در مقالات انگلیسی.....
۲۶۹	نمایه نام نویسندگان موسسه رازی در مقالات فارسی.....
۲۷۳	نمایه نام مجلات انگلیسی.....
۲۷۷	نمایه نام مجلات فارسی.....

فهرست نمودارها

- نمودار ۱. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده موسسه رازی در نشریات برحسب کشور ۹
- نمودار ۲. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب زبان ۹
- نمودار ۳. فراوانی نسبی مقالات بر حسب پایگاه‌های اطلاعاتی ۱۰
- نمودار ۴. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISI بر حسب شاخص Q ۱۳
- نمودار ۵. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی Scopus بر حسب شاخص Q ۱۳
- نمودار ۶. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISC بر حسب شاخص Q ۱۴
- نمودار ۷. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISI بر حسب شاخص ضریب تاثیر ۱۴
- نمودار ۸. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی Scopus بر حسب شاخص ضریب تاثیر ۱۵
- نمودار ۹. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISC بر حسب شاخص ضریب تاثیر ۱۵
- نمودار ۱۰. میانگین ضریب تاثیر مقالات موسسه رازی در پایگاه‌های مختلف ۱۶
- نمودار ۱۱. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی بر حسب کشور در پایگاه ISI ۱۶
- نمودار ۱۲. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با هم‌تایان خود بر حسب کشور در پایگاه Scopus ۱۷
- نمودار ۱۳. فراوانی نسبی همکاری‌های ملی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه ISI ۱۷
- نمودار ۱۴. فراوانی نسبی همکاری‌های ملی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه Scopus ۱۸
- نمودار ۱۵. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با دانشگاه‌های خارجی در پایگاه ISI ۱۸
- نمودار ۱۶. فراوانی نسبی تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات در پایگاه ISI ۱۹
- نمودار ۱۷. فراوانی نسبی تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات در پایگاه Scopus ۲۰
- نمودار ۱۸. فراوانی نسبی گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه ISI ۲۰
- نمودار ۱۹. فراوانی نسبی گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه Scopus ۲۱

فهرست جدول‌ها

- جدول ۱. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه ISI ۱۱
- جدول ۲. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه Scopus ۱۱
- جدول ۳. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه ISC ۱۲

مقدمه

موسسه رازی با بیش از ۹۰ سال قدمت، به عنوان یکی از مهمترین مراکز تحقیقاتی و تولیدی کشور در حوزه واکسن و فراورده‌های بیولوژیک در طول سال‌های متمادی خدمات ارزنده‌ای به سلامت جامعه و امنیت غذایی جامعه هدیه نموده است. بیشترین مردم ایران در طول زندگی خود به طور مستقیم و یا غیر مستقیم از تولیدات موسسه رازی بهره‌مند شده‌اند. محققین موسسه رازی در تاریخ یکصدساله موسسه در زمینه‌های مختلف تحقیقات فراوانی انجام داده‌اند که در اکثر آنها در قالب طرح‌های تحقیقاتی و گزارش‌های مربوطه مستندسازی شده است. نتایج بیشتر این تحقیقات برای استفاده سایر محققین در قالب مقالات پژوهشی در مجلات معتبر علمی و پژوهشی داخلی و خارجی منتشر شده است. مقالات منتشر شده در مجلات علمی و پژوهشی مورد تأیید داخلی و خارجی به دلیل دآوری‌های دقیق و گاهی سختگیرانه در مورد محتوای علمی مقالات، از نظر علمی و محتوایی ارزشمند بوده و می‌تواند مورد استناد برای استفاده سایر محققین قرار گیرد. هدف از تهیه این مستند جمع‌آوری و یکپارچه‌سازی خلاصه مقالات علمی و پژوهشی منتشر شده پژوهشگران موسسه رازی در مجلات معتبر داخلی و بین‌المللی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷) می‌باشد. با توجه به طیف وسیع فعالیت‌های تحقیقاتی محققین موسسه رازی، این مجموعه می‌تواند ضمن بیان حوزه‌های فعالیتی قابل انتشار محققین موسسه، از نظر محتوایی نیز دستاوردهای علمی محققین موسسه را نیز به تصویر بکشد و به مخاطبین این مجموعه، دیدگاهی از طیف فعالیت‌های تحقیقاتی و محتوای علمی محققین موسسه را ارائه نماید. محققین موسسه نیز می‌توانند با مراجعه به مقالات منتشر شده و نشریاتی که سایر همکاران خود مقالات خود را منتشر کرده‌اند، از تجربه آنها جهت بهبود و ارتقاء فعالیت‌های تحقیقاتی و انتخاب مجلات مناسب جهت انتشار یافته‌های علمی خود بهره‌مند گردند.

روش شناسایی و گردآوری اطلاعات

به منظور گردآوری چکیده مقالات منتشر شده اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی در سال ۱۳۹۶، و با کمی اغماض معادل زمانی آن در سال ۲۰۱۷ میلادی، به ۲ شیوه عمده زیر عمل شد:

۱. بر اساس نام انگلیسی و فارسی موسسه رازی در پایگاه‌های اطلاعاتی زیر در فیلد وابستگی سازمانی نویسنده^۱ جستجو و بازیابی اطلاعات صورت پذیرفت:

(۱) پایگاه اطلاعاتی ISI Web of Science.

(۲) پایگاه اطلاعاتی Scopus.

(۳) پایگاه اطلاعاتی PubMed.

۴) پایگاه اطلاعاتی استنادی علوم جهان اسلام (ISC^۱).

۲. ارسال خلاصه مقالات بازبایی شده از پایگاه‌های اطلاعاتی فوق برای تمامی اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی از طریق اتوماسیون اداری و پست الکترونیکی، به منظور تایید و اضافه نمودن مقالاتی که ممکن است در پایگاه‌های اطلاعاتی یادشده وارد نشده باشند.

منابع استخراج ضریب تاثیر، SJR^۲ و Q نشریات

۱. برای استخراج ضریب تاثیر و Q نشریات پایگاه اطلاعاتی ISI Web of Science، از پایگاه اطلاعاتی گزارش‌های استنادی نشریات 2017 JCR^۳ استفاده شده است.

۲. برای استخراج SJR و Q نشریات پایگاه اطلاعاتی Scopus، از پایگاه اطلاعاتی ScimagoJR 2017 استفاده شده است.

۳. برای استخراج ضریب تاثیر و Q نشریات پایگاه استنادی جهان اسلام (ISC) از پایگاه اطلاعاتی گزارش‌های استنادی نشریات ISC 2015 استفاده شده است.

ترتیب چیدمان مقالات

اولویت‌بندی و روش ترتیب مقالات

۱. ISI Web of Science

Q1 (۱)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم، **bold**)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر

Q2 (۲)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر

Q3 (۳)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

1 . Islamic Science Citation database (ISC)

2 . Scimago Journal Ranking

3 . Journal Citation Reports

- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر
- Q4 (۴)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر
- (۵) بدون Q و IF
۲. Scopus
- Q1 (۱)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. SJR بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. SJR بالاتر
- Q2 (۲)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. SJR بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. SJR بالاتر
- Q3 (۳)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. SJR بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. SJR بالاتر
- Q4 (۴)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. SJR بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. SJR بالاتر
۳. PubMed
۴. ISC (انگلیسی)
- Q1 (۱)
- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

Q2 (۲)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

Q3 (۳)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

Q4 (۴)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

۵) بدون Q و IF

۵. سایر (انگلیسی)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

۶. ISC (فارسی)

Q1 (۱)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

Q2 (۲)

i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)

ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)

iii. IF بالاتر

iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

v. IF بالاتر

Q3 (۳)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر

Q4 (۴)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. IF بالاتر
- iv. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)
- v. IF بالاتر

(۵) بدون Q و IF

۷. سایر (فارسی)

- i. نویسنده نخست از موسسه رازی (فونت ضخیم)
- ii. نویسنده مسئول از موسسه رازی (زیر خط دار)
- iii. نویسنده مسئول خارج از موسسه رازی (زیر خط دار)

شایان توجه است در مواردی که بر اساس هر یک از معیارهای یاد شده، مقالات شرایط کاملاً یکسانی داشتند، ترتیب چیدمان بر اساس الفبای عنوان مقالات صورت گرفته است.

نویسندگانی که وابستگی سازمانی آنان موسسه رازی بوده است، نامشان به صورت **ضخیم** مشخص شده است. همچنین، نویسنده یا نویسندگانی که نویسنده مسئول بوده‌اند نامشان به صورت زیر خط‌دار مشخص شده است. در مواردی که ۲ یا چند نویسنده از موسسه رازی بوده است، ولی یک یا برخی از آنها نام موسسه رازی را به عنوان محل کار خود درج ننموده بودند، نامشان به صورت ضخیم درج نشده است.

در زمانی که شماره صفحات درج نشده بود یا اینکه نشریه هنوز ضریب تاثیر دریافت ننموده است و Q هم ندارد، در جلوی هر یک علامت "--" درج شده است.

به سبب این که گاهی اوقات نام و نام خانوادگی نویسندگان موسسه رازی به شیوه‌های مختلف درج شده بود، نام آنان مستندسازی شده و یکسان‌سازی صورت گرفته است.

بررسی مقالات بر اساس شاخص‌های کمی و کیفی علم‌سنجی

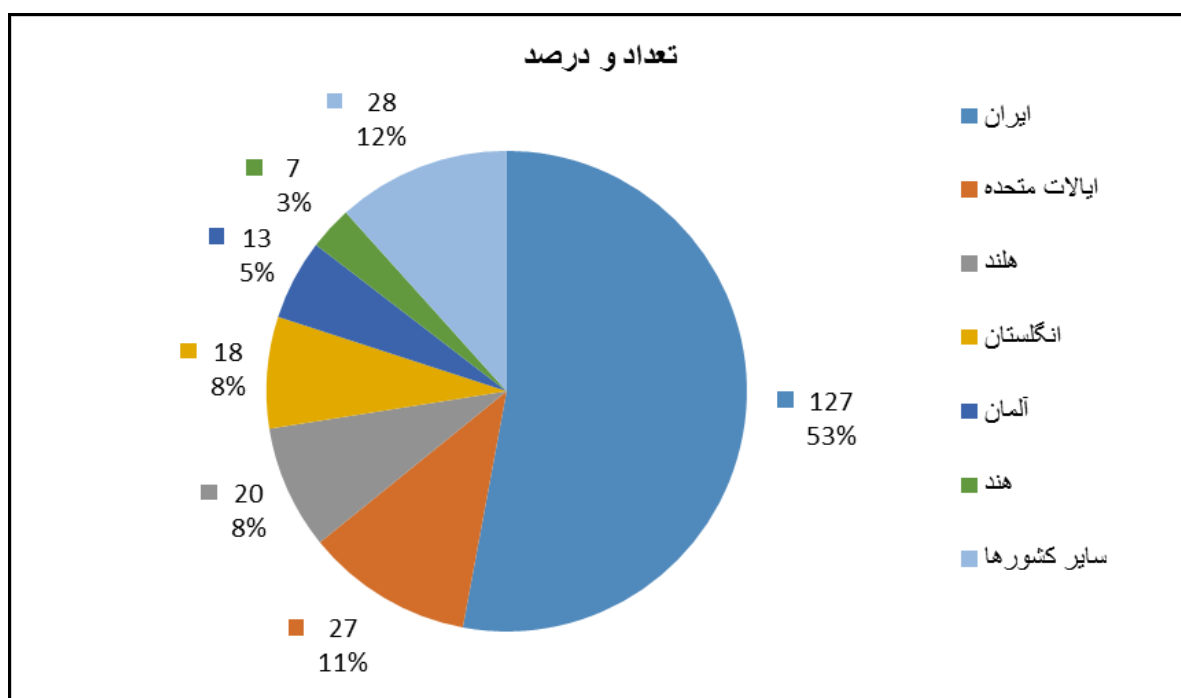
احمد یوسفی

(عضو هیئت علمی و رئیس کتابخانه و مرکز اسناد علمی موسسه رازی)

در مجموع، در سال ۱۳۹۶ و سال ۲۰۱۷ میلادی، ۲۴۰ مقاله توسط اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی به عنوان نویسنده مسئول و نویسنده همکار در نشریات مختلف تخصصی داخلی و خارجی منتشر شده است. بررسی مقالات بر اساس شاخص‌های کمی و کیفی علم‌سنجی می‌تواند این امکان را برای مدیران پژوهشی و پژوهشگران فراهم نماید تا وضعیت مقالات را مشاهده نمایند. بدین‌وسیله می‌توانند از نقاط قوت و ضعف وضعیت انتشار مقالات آگاه شده و در صورت نیاز برای انتشار مقالات بعدی، تصمیم‌های بهتری بگیرند تا بر اساس شاخص‌های کمی و کیفی علم‌سنجی وضعیت بهتری را کسب نمایند. لذا، در این نوشتار، مقالات بر اساس شاخص‌های کمی علم‌سنجی شامل: تعداد مقالات، زبان مقالات، انتشار مقالات در نشریات ایرانی و خارجی، نمایه شدن مقالات در پایگاه‌های اطلاعاتی استنادی و تخصصی بین‌المللی، میزان همکاری‌های ملی و بین‌المللی با هم‌تایان خود در داخل کشور و کشورهای خارجی، گرایش موضوعی مقالات، میزان هم‌تالیفی با دانشگاه‌ها و موسسات داخلی و خارجی، و میزان تامین هزینه توسط دانشگاه‌ها و موسسات داخلی و خارجی بررسی شده است. همچنین، مقالات بر اساس شاخص‌های کیفی علم‌سنجی از جمله Q و ضریب تاثیر نیز تجزیه و تحلیل شده‌اند.

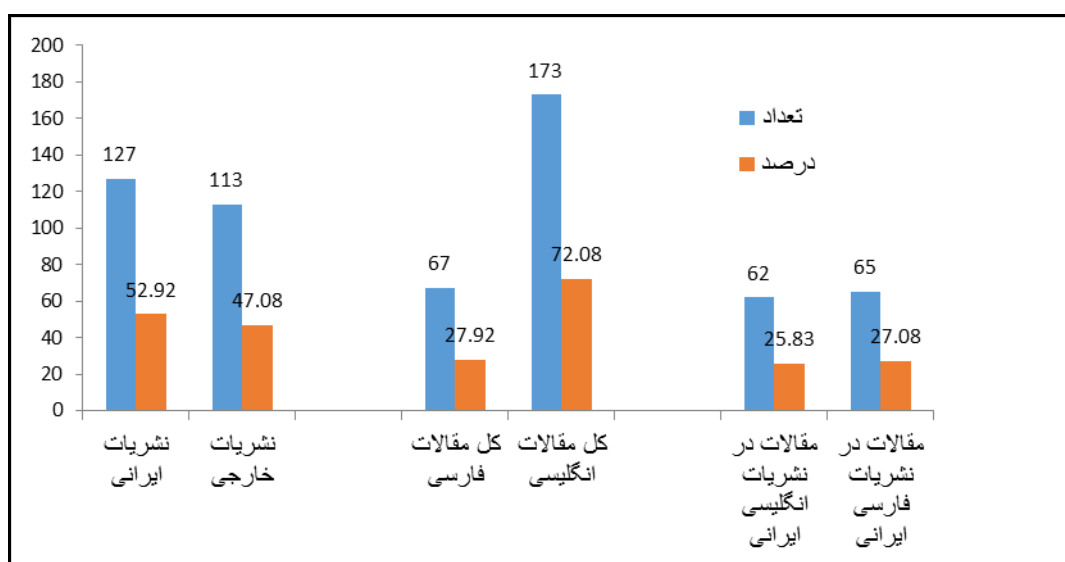
بررسی کلی مقالات

از مجموع ۲۴۰ مقاله، ۱۲۷ مقاله (۵۳ درصد) در نشریات فارسی و انگلیسی ایرانی و مابقی در نشریات خارجی منتشر شده‌اند. پس از ایران، بیشترین مقالات به ترتیب در نشریات کشورهای ایالات متحده با ۲۷ مقاله (۱۱ درصد) و هلند با ۲۰ مقاله (۸ درصد) منتشر شده‌اند. در نمودار ۱، انتشار مقالات موسسه رازی بر اساس اینکه نشریات منتشرکننده مقالات متعلق به کدام کشور هستند نشان داده شده است.



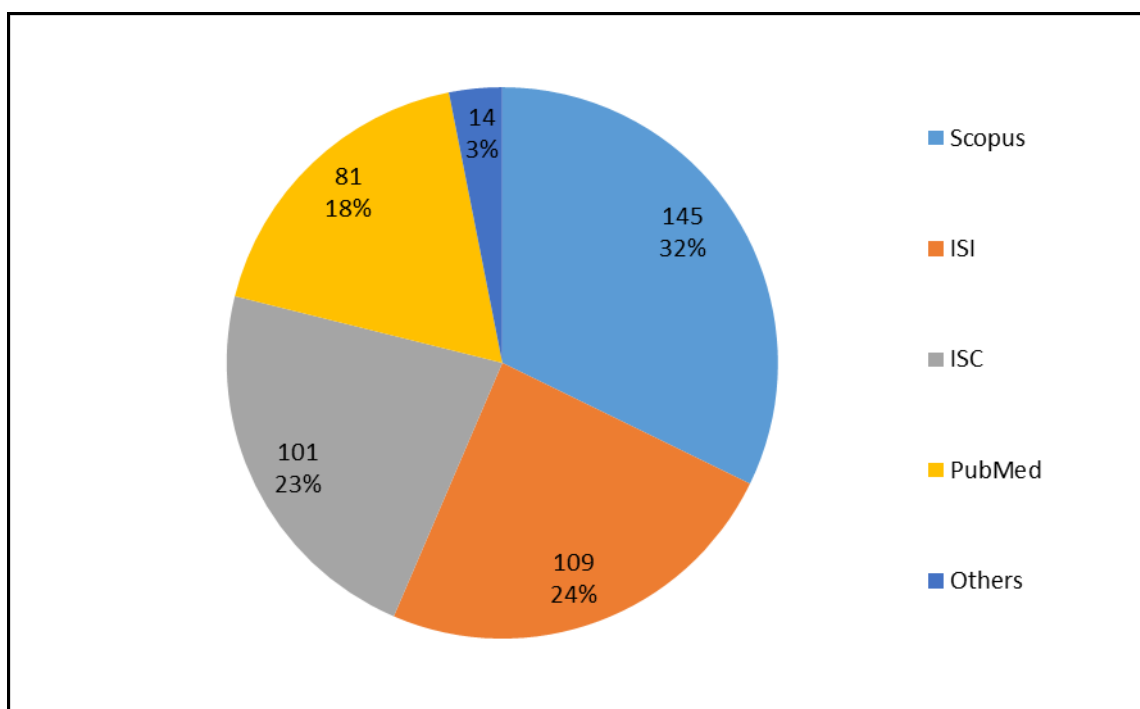
نمودار ۱. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده موسسه رازی در نشریات برحسب کشور

در نمودار ۲، میزان انتشار مقالات موسسه رازی به تفکیک زبان و انتشار در نشریات ایرانی فارسی و انگلیسی زبان نشان داده شده است. تقریباً نیمی از مقالات منتشر شده در نشریات ایرانی به زبان انگلیسی و نیمی دیگر نیز به زبان فارسی بوده است. در مجموع، ۷۲ درصد از مقالات به زبان انگلیسی منتشر شده است که حاکی از گرایش و ترجیح اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی به نگارش مقالات به زبان انگلیسی است.



نمودار ۲. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب زبان

در نمودار ۳، تعداد مقالات در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف به تصویر کشیده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود بیشترین تعداد مقالات به ترتیب در پایگاه‌های اطلاعاتی Scopus ۱۴۵ مقاله، ISI ۱۰۹ مقاله و ISC ۱۰۱ مقاله منتشر شده‌اند. شایان توجه است که در مجموع ۲۴۰ مقاله در این کتاب چکیده و نمایه شده‌اند، ولی مجموع مقالات موجود در پایگاه‌های اطلاعاتی به تصویر کشیده شده بسیار بیش از این تعداد است. این اختلاف تعداد طبیعی بوده و به سبب هم‌پوشانی پایگاه‌های اطلاعاتی در نمایه نمودن مقالات و نشریات مختلف است. به عبارت دیگر، برخی از مقالات و نشریات به طور همزمان در چندین پایگاه اطلاعاتی نمایه می‌شوند. در مجموع، ۲۱۰ مقاله بین پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف مشترک بوده و به طور همزمان در ۲ یا چند پایگاه اطلاعاتی نمایه شده‌اند.



نمودار ۳. فراوانی نسبی مقالات بر حسب پایگاه‌های اطلاعاتی

بر اساس پایگاه اطلاعاتی ISI، بیشترین مقالات موسسه رازی به ترتیب در نشریات Archives of Virology ۶ مقاله، Iranian Journal of Pharmaceutical Research ۴ مقاله و Jundishapur Journal of Microbiology ۴ مقاله منتشر شده‌اند. نشریاتی که در ردیف ضریب تاثیر و Q آنها علامت "--" قرار داده شده است، مواردی هستند که پایگاه اطلاعاتی ISI هنوز برای آنها ضریب تاثیر و Q محاسبه ننموده است. فهرست نشریاتی که بیشترین تعداد مقالات ISI موسسه رازی در آن منتشر شده در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه ISI

کشور	Q	ضریب تاثیر	%	مقالات	نشریه
Germany	3	2.16	5.08	6	ARCHIVES OF VIROLOGY
Iran	4	1.372	3.39	4	IRANIAN JOURNAL OF PHARMACEUTICAL RESEARCH
Iran	4	1.233	3.39	4	JUNDISHAPUR JOURNAL OF MICROBIOLOGY
Iran	3	1.231	2.54	3	JOURNAL OF ARTHROPOD BORNE DISEASES
Netherlands	2	0.975	2.54	3	TROPICAL ANIMAL HEALTH AND PRODUCTION
Iran	4	0.549	2.54	3	VETERINARY RESEARCH FORUM
Slovalia	4	0.696	1.69	2	ACTA VIROLOGICA
UK	3	1.475	1.69	2	AQUACULTURE RESEARCH
USA	2	3.026	1.69	2	ARTIFICIAL CELLS NANOMEDICINE AND BIOTECHNOLOGY
USA	3	1.872	1.69	2	Biologicals
USA	1	3.185	1.69	2	FISH & SHELLFISH IMMUNOLOGY
Iran	--	--	1.69	2	IRANIAN JOURNAL OF MEDICAL SCIENCES
USA	--	--	1.69	2	JOURNAL OF EVIDENCE BASED INTEGRATIVE MEDICINE
Netherlands	3	2.332	1.69	2	Microbial Pathogenesis
UK	3	1.887	1.69	2	TOXIN REVIEWS
Netherlands	4	1.542	1.69	2	VIRUS GeneS
--	--	--	60.55	66	Others
--	--	--	100	109	Total

بر اساس پایگاه اطلاعاتی Scopus، بیشترین مقالات موسسه رازی به ترتیب در نشریات Archives Of Razi Institute

(۱۹ مقاله) و Archives Of Virology (۶ مقاله) منتشر شده‌اند. از ۴ نشریه نخست، ۳ نشریه‌ای که بیشترین تعداد مقالات را منتشر

نموده‌اند ایرانی هستند. فهرست نشریاتی که بیشترین تعداد مقالات Scopus موسسه رازی در آن منتشر شده در جدول ۲ نشان داده

شده است.

جدول ۲. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه Scopus

Title	Articles	%	IF	Q	Country
Archives Of Razi Institute	19	13.5	1.182	3	Iran
Archives Of Virology	6	5.5	0.973	1	Germany
Iranian Journal Of Pharmaceutical Research	4	3.6	0.502	2	Iran
Jundishapur Journal Of Microbiology	4	3.6	0.543	3	Iran
Artificial Cells Nanomedicine And Biotechnology	3	2.7	0.495	2	USA
Comparative Clinical Pathology	3	2.7	0.224	3	Germany
Journal Of Arthropod Borne Diseases	3	2.7	0.72	2	Iran
Tropical Animal Health And Production	3	2.7	0.511	2	Netherlands
Aquaculture Research	2	1.8	0.586	2	UK
Others	98	67.6	--	--	--
Total	145	100	--	--	--

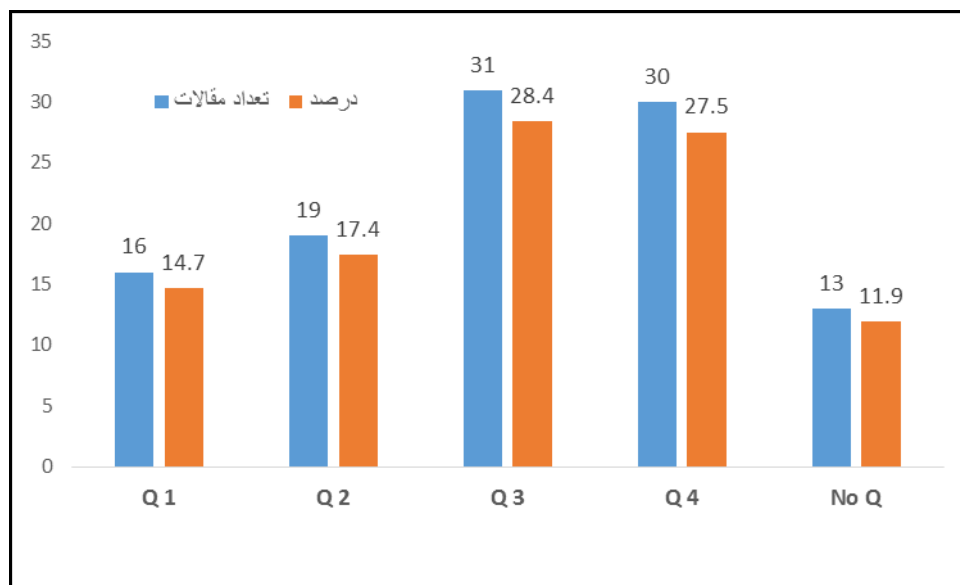
بر اساس پایگاه اطلاعاتی ISC، بیشترین مقالات موسسه رازی با اختلاف بسیار زیاد نسبت به سایر نشریات، به ترتیب در نشریات تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک (۲۹ مقاله) و Archives Of Razi Institute (۱۹ مقاله) منتشر شده‌اند. این دو نشریه که هر دو متعلق به موسسه رازی هستند، ۴۸ مقاله (حدود ۴۷ درصد) از ۱۰۱ مقاله ISC، را منتشر نموده‌اند. فهرست نشریاتی که بیشترین تعداد مقالات ISC موسسه رازی در آن منتشر شده در جدول ۳ نشان داده شده است.

جدول ۳. فراوانی نسبی مقالات منتشر شده بر حسب نشریات مختلف تخصصی در پایگاه ISC

Title	Articles	%	IF	Q	Country
تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک	29	28.7	0.013	4	Iran
Archives of Razi Institute	19	18.8	0.135	1	Iran
IRANIAN JOURNAL OF PHARMACEUTICAL RESEARCH	4	4.0	0.618	4	Iran
JUNDISHAPUR JOURNAL OF MICROBIOLOGY	4	4.0	0.333	4	Iran
پژوهش‌های تولیدات دامی	3	3.0	0.119	1	Iran
میکروبیولوژی دامپزشکی	3	3.0	0.031	3	Iran
JOURNAL OF ARTHROPOD-BORNE DISEASES	3	3.0	0.34	3	Iran
Others	36	35.64	--	--	--
Total	101	100	--	--	--

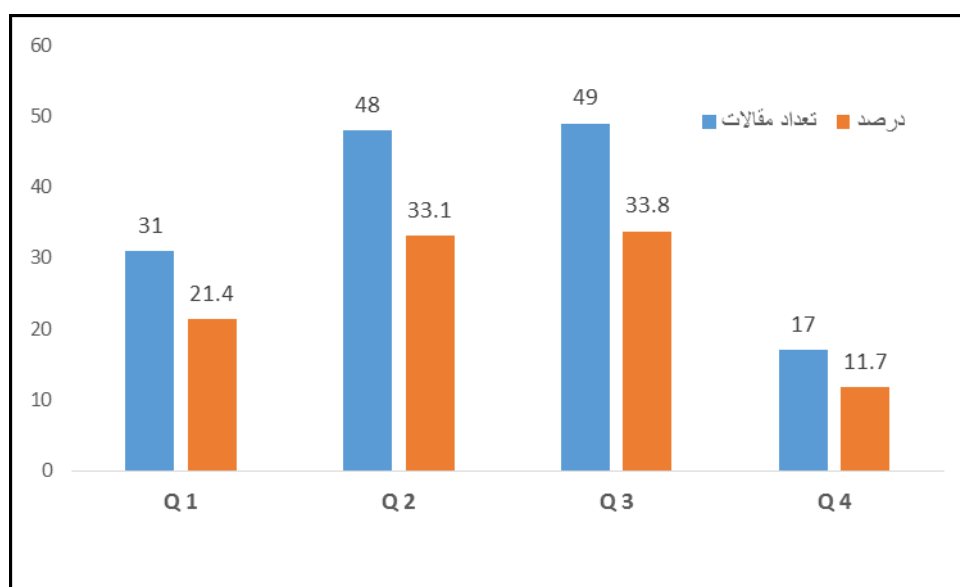
بررسی کلی مقالات بر اساس شاخص Q

شاخص Q، یکی از شاخص‌های کیفی علم‌سنجی است. برای محاسبه شاخص Q، ابتدا تمامی نشریات یک حوزه موضوعی را بر اساس ضریب تاثیر و از بالاترین به پایین‌ترین منظم می‌نمایند. پس از آن، نشریات را به ۴ قسمت مساوی تقسیم می‌کنند. چارک نخست، که دارای بالاترین ضریب تاثیر هستند، در رده Q 1 قرار می‌گیرند. به همین ترتیب، Q 2 تا Q 4 نیز مشخص می‌شوند. در مورد نشریاتی که تازه وارد پایگاه‌های اطلاعاتی علم‌سنجی می‌شوند، معمولاً چند سالی طول می‌کشد تا ضریب تاثیر و متعاقب آن Q دریافت نمایند. لذا، همواره تعدادی از نشریات بدون ضریب تاثیر و Q در این پایگاه‌های اطلاعاتی وجود دارد. این گونه موارد در نمودار ۴ با "No Q" نشان داده شده است. در نمودار ۴، فراوانی نسبی مقالات موسسه رازی بر اساس شاخص Q در پایگاه اطلاعاتی ISI نشان داده شده است. همان‌طور که در این نمودار مشاهده می‌شود، اغلب مقالات موسسه رازی در رده Q3 و Q4 قرار دارند. با توجه به این‌که نشریاتی که هنوز Q دریافت نکرده‌اند نیز از نظر شاخص کیفی در سطح پایینی محسوب می‌شوند، در مجموع حدود ۶۶ درصد از مقالات در نشریات Q3 و پایین‌تر منتشر شده‌اند. بنابراین، اغلب مقالات از نظر شاخص کیفی Q، در رده پایین‌تر از متوسط قرار دارند.



نمودار ۴. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISI بر حسب شاخص Q

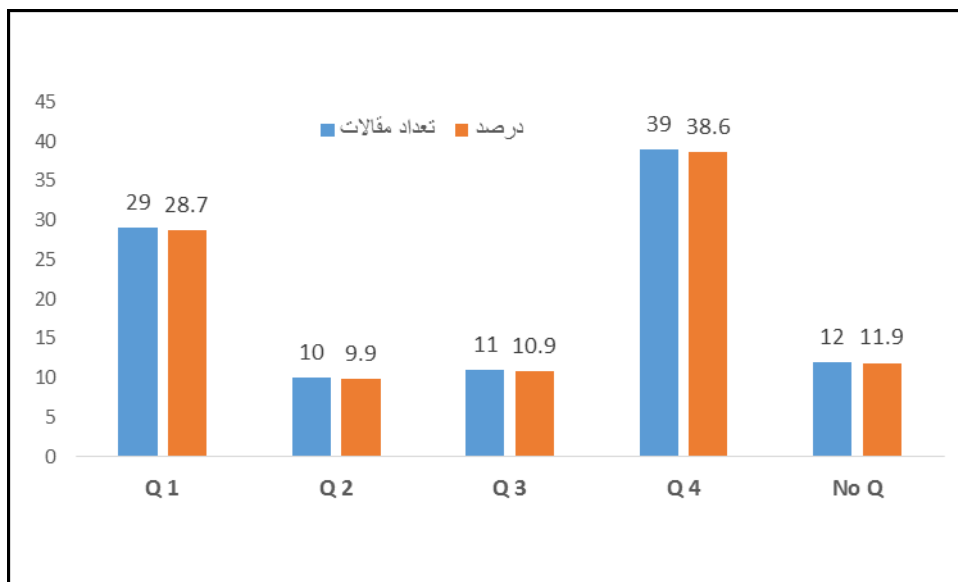
در نمودار ۵، وضعیت پراکندگی مقالات موسسه رازی بر اساس شاخص Q در پایگاه اطلاعاتی Scopus نشان داده شده است. وضعیت مقالات موسسه رازی در این پایگاه اطلاعاتی، در مقایسه با نمودار بالا در پایگاه ISI، از نظر شاخص کیفی Q بهتر است و متوسط رو به بالا محسوب می‌شود.



نمودار ۵. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی Scopus بر حسب شاخص Q

در نمودار ۶، وضعیت پراکندگی مقالات موسسه رازی بر اساس شاخص Q در پایگاه استنادی علوم جهان اسلام (ISC) نشان

داده شده است. با توجه به این که حدود ۵۰ درصد از نشریاتی که مقالات موسسه رازی در آن منتشر شده است در رتبه 4 Q و No Q منتشر شده‌اند، وضعیت مقالات موسسه رازی در سطح خوبی قرار ندارد.

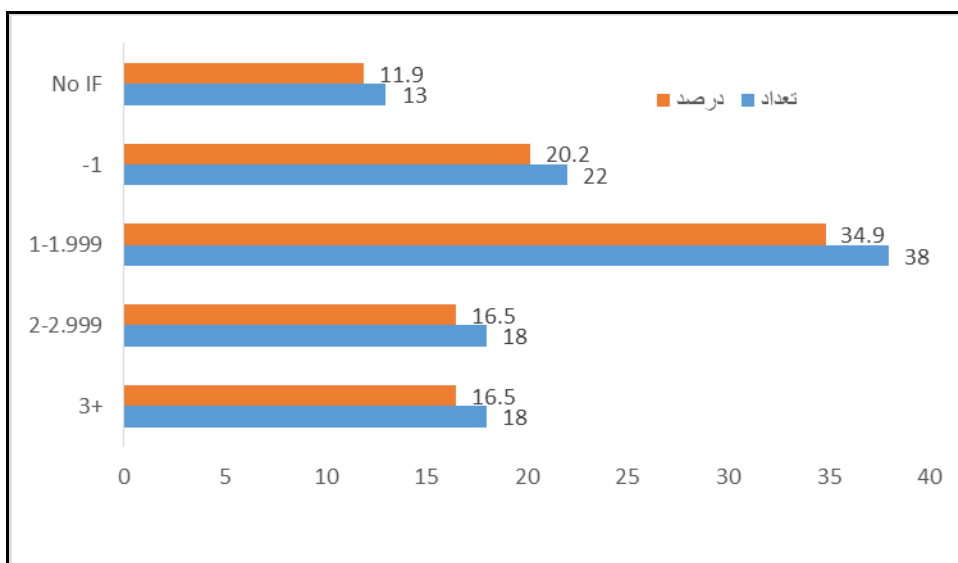


نمودار ۶. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISC بر حسب شاخص Q

بررسی کلی مقالات بر اساس شاخص ضریب تاثیر

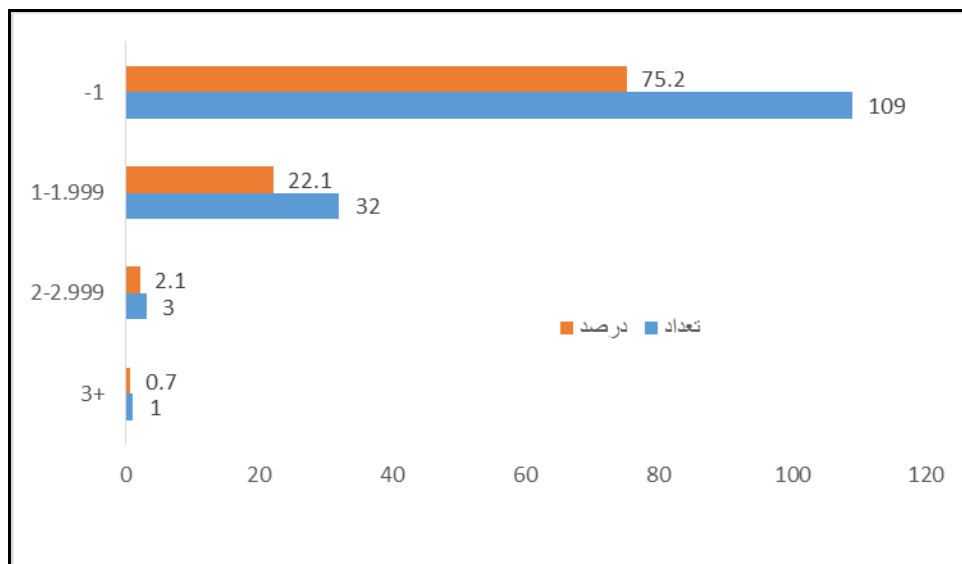
در نمودار ۷، پراکندگی مقالات موسسه رازی بر اساس ضریب تاثیر نشریات منتشرکننده مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISI

مشخص شده است. همان‌طور که مشاهده می‌کنید، بیشتر مقالات در نشریات با ضریب تاثیر بین ۱-۱/۹۹۹ منتشر شده‌اند.



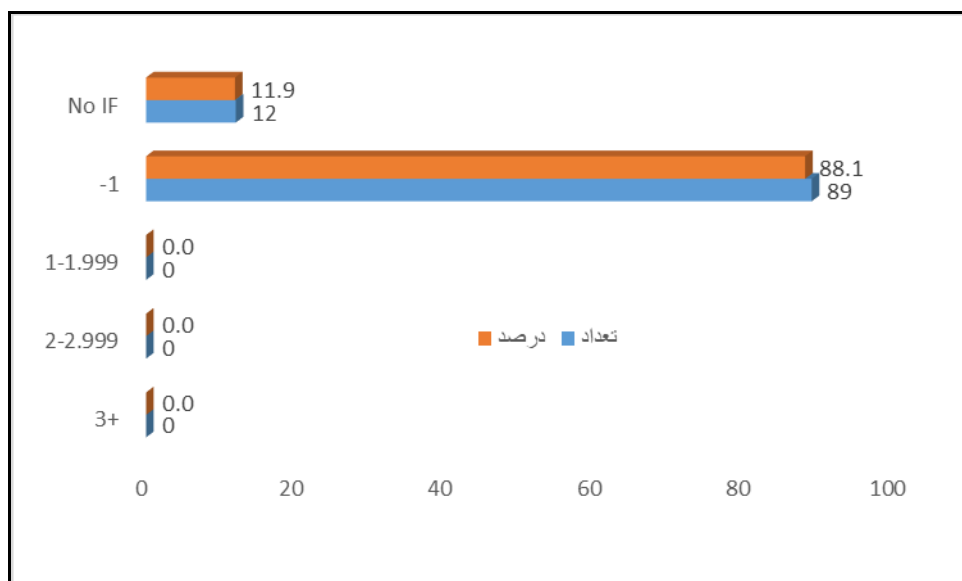
نمودار ۷. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISI بر حسب شاخص ضریب تاثیر

در نمودار ۸، پراکندگی مقالات موسسه رازی بر اساس ضریب تاثیر نشریات منتشرکننده مقالات در پایگاه اطلاعاتی Scopus مشخص شده است. همان‌طور که مشاهده می‌کنید، بیشتر مقالات (حدود ۷۵ درصد) در نشریات با ضریب تاثیر کمتر از ۱ منتشر شده‌اند. لذا، وضعیت کلی مقالات بر اساس شاخص ضریب تاثیر در این پایگاه اطلاعاتی ضعیف است.



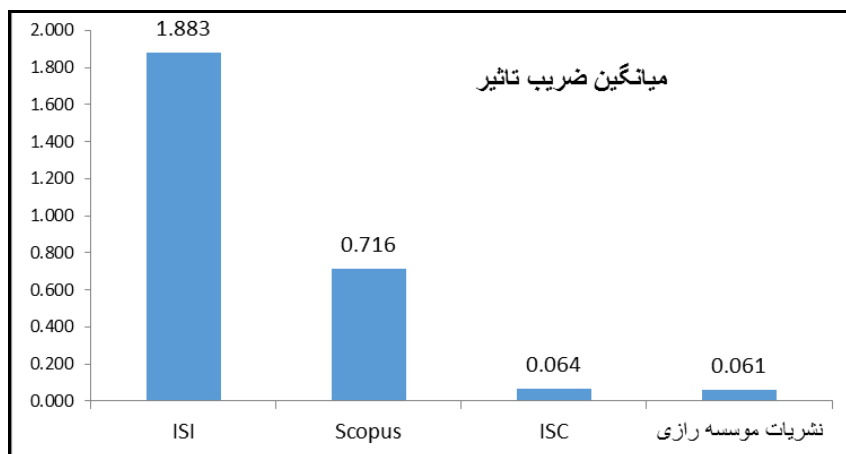
نمودار ۸. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی Scopus بر حسب شاخص ضریب تاثیر

در نمودار ۹، پراکندگی مقالات موسسه رازی بر اساس ضریب تاثیر نشریات منتشرکننده مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISC مشخص شده است. همان‌طور که مشاهده می‌کنید، بیشتر مقالات (حدود ۸۸ درصد) در نشریات با ضریب تاثیر کمتر از ۱ منتشر شده‌اند. لذا، وضعیت کلی مقالات بر اساس شاخص ضریب تاثیر در این پایگاه اطلاعاتی نیز ضعیف است.



نمودار ۹. فراوانی نسبی مقالات در پایگاه اطلاعاتی ISC بر حسب شاخص ضریب تاثیر

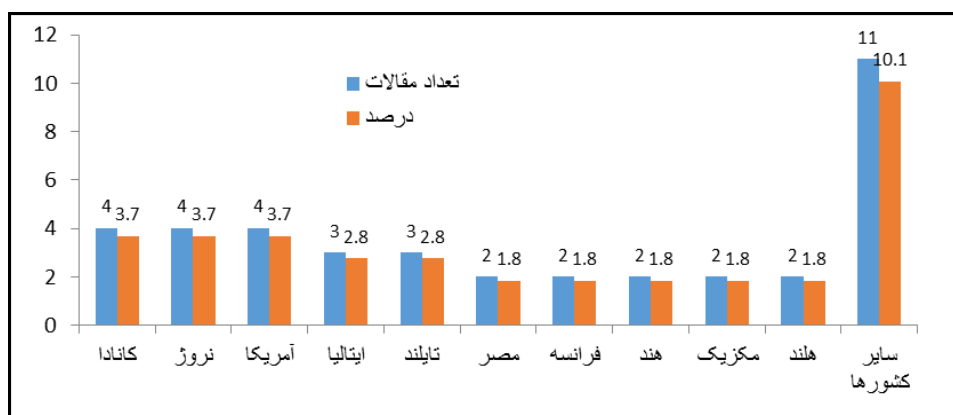
در نمودار ۱۰، میانگین ضریب تاثیر مقالات موسسه رازی در پایگاه‌های استنادی ISI، scopus، ISC و نشریات موسسه رازی ارائه شده است. همان‌طور که مشاهده می‌کنید میانگین ضریب تاثیر نشریات ISI که مقالات موسسه رازی را منتشر کرده‌اند با اختلاف زیادی نسبت به میانگین سایر پایگاه‌های استنادی بالاتر است.



نمودار ۱۰. میانگین ضریب تاثیر مقالات موسسه رازی در پایگاه‌های مختلف

بررسی مقالات بر اساس میزان همکاری‌های ملی و بین‌المللی و گرایش موضوعی

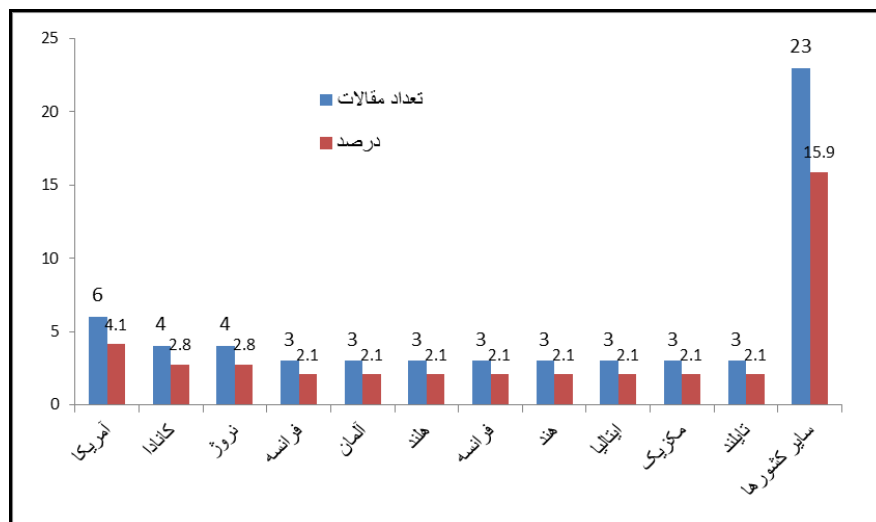
به علل مختلف، از جمله ادامه تحصیل در خارج از کشور، فرصت‌های مطالعاتی و مانند آن، ممکن است بین اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی و هم‌تایان خارجی خود، فعالیت‌های پژوهشی مشترک صورت پذیرد. معمولاً نتایج این پژوهش‌های مشترک در غالب مقالات و به صورت هم‌تالیفی در نشریات مختلف منتشر می‌شوند. در مجموعه، از ۱۰۹ مقاله ISI، ۳۹ مقاله (۳۵/۸ درصد) با همکاری نویسندگان سایر کشورها به نگارش در آمده است. در نمودار ۱۱، فراوانی نسبی هم‌تالیفی نویسندگان موسسه رازی با هم‌تایان خارجی خود در انتشار مقالات ISI مشاهده می‌شود. همان‌طور که مشاهده می‌کنید، نویسندگان موسسه رازی بیشترین هم‌تالیفی را با ۴ مقاله مشترک با هم‌تایان خود در کشورهای کانادا، نروژ و آمریکا داشته‌اند.



نمودار ۱۱. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی بر حسب کشور در پایگاه ISI

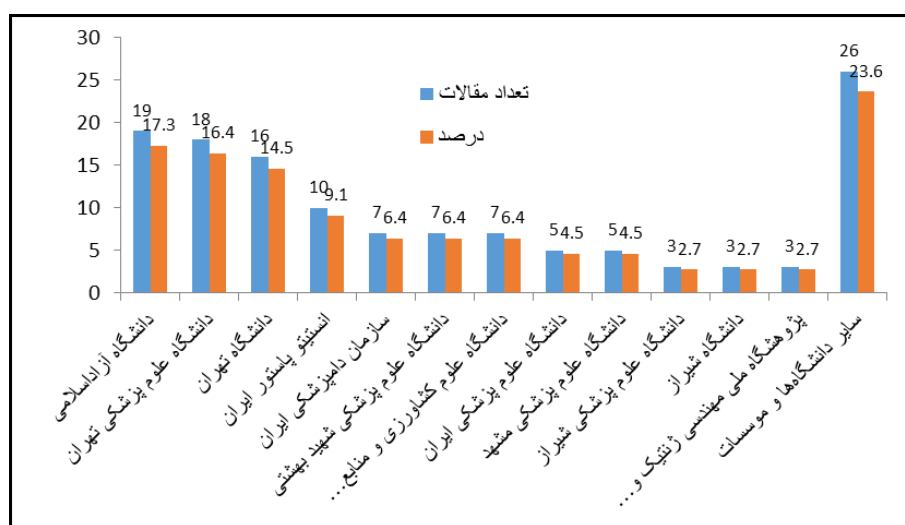
بیشترین میزان همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه Scopus به ترتیب با همتایان خود در کشورهای

آمریکا با ۶ مقاله، کانادا و نروژ هر یک با ۴ مقاله بوده است. در نمودار ۱۲، میزان همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با همتایان خود بر حسب کشور در پایگاه Scopus نشان داده شده است.



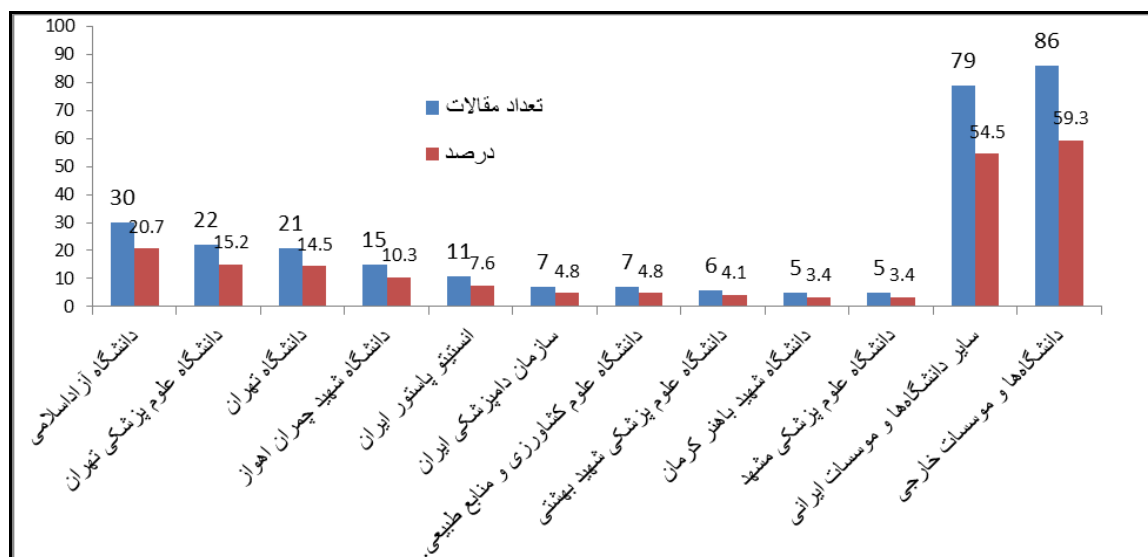
نمودار ۱۲. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با همتایان خود بر حسب کشور در پایگاه Scopus

اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی به سبب ادامه تحصیل در دانشگاه‌های داخلی، پذیرش دانشجوی، همکاری‌های بین‌سازمانی با دانشگاه‌ها و موسسات ایرانی، طرح‌های پژوهشی مشترک و پایان‌نامه انجام می‌دهند. مقالات استخراج شده از این طرح‌های پژوهشی مشترک و پایان‌نامه نیز به صورت هم‌تالیفی در نشریات متعدد داخلی و خارجی منتشر می‌شوند. بیشترین هم‌تالیفی به ترتیب با دانشگاه آزاد اسلامی با ۱۹ مقاله، دانشگاه علوم پزشکی تهران با ۱۸ مقاله و دانشگاه تهران با ۱۶ مقاله صورت گرفته است. در نمودار ۱۳، میزان همکاری ملی نویسندگان موسسه رازی با دانشگاه‌ها و موسسات داخلی در نگارش مقالات ISI به تصویر کشیده شده است.



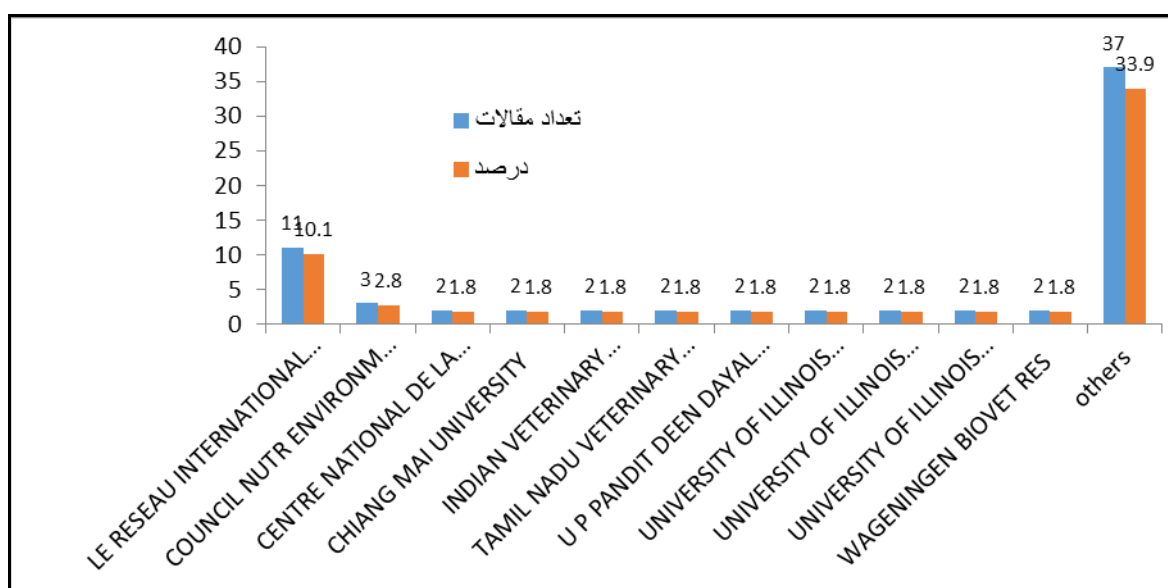
نمودار ۱۳. فراوانی نسبی همکاری‌های ملی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه ISI

در پایگاه Scopus، بیشترین هم‌تالیفی نویسندگان موسسه رازی به ترتیب با دانشگاه آزاد اسلامی ۳۰ مقاله، دانشگاه علوم پزشکی تهران ۲۲ مقاله و دانشگاه تهران ۲۱ مقاله بوده است. در نمودار ۱۴، بیشترین میزان همکاری‌های ملی و بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه Scopus به تصویر کشیده شده است.



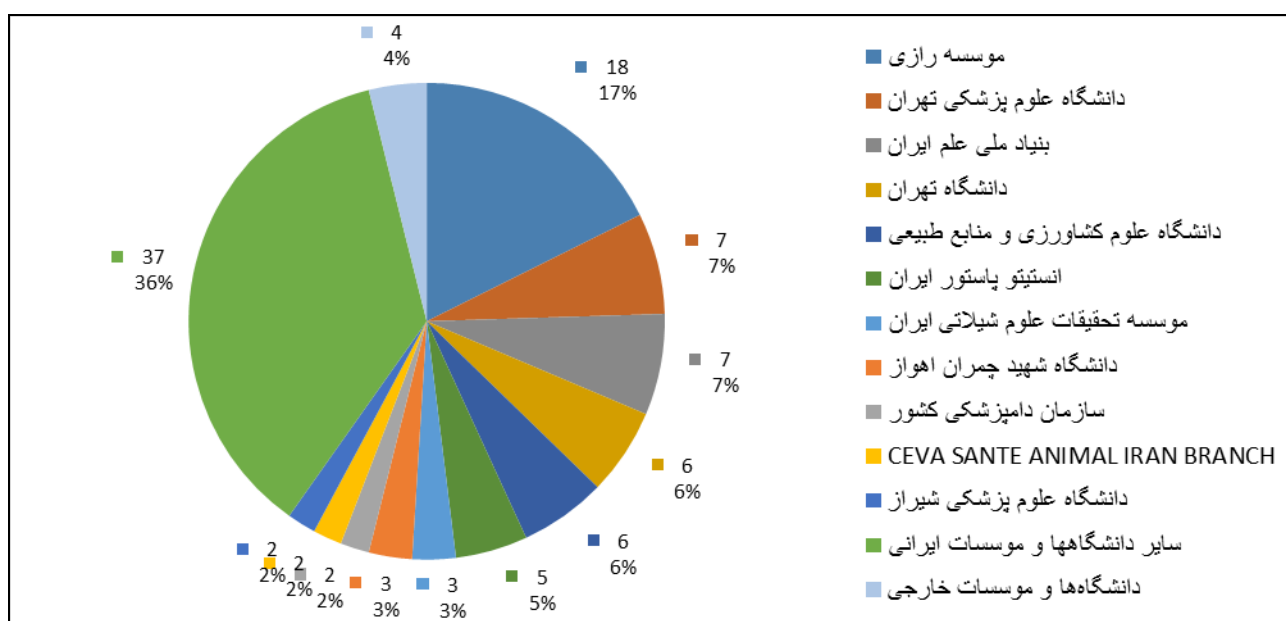
نمودار ۱۳. فراوانی نسبی همکاری‌های ملی نویسندگان موسسه رازی در پایگاه Scopus

نویسندگان موسسه رازی بیشترین هم‌تالیفی را به ترتیب با موسسه LE RESEAU INTERNATIONAL DES INSTITUTS PASTEUR با ۱۱ مقاله مشترک و COUNCIL NUTR ENVIRONM MED با ۳ مقاله مشترک داشته‌اند. در نمودار ۱۵، بیشترین میزان هم‌نویسندگی بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با دانشگاه‌های خارجی در پایگاه ISI نشان شده است.



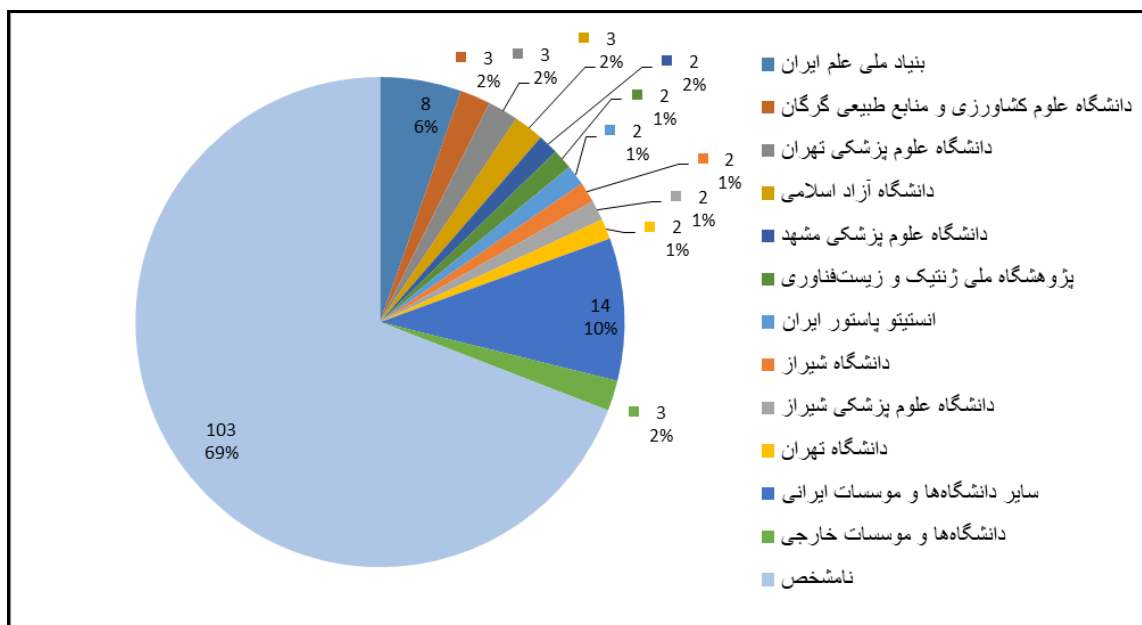
نمودار ۱۴. فراوانی نسبی همکاری‌های بین‌المللی نویسندگان موسسه رازی با دانشگاه‌های خارجی در پایگاه ISI

نویسندگان مقالات باید در قسمت "تشکر و قدردانی" مقالات نام موسسه یا دانشگاهی که از پژوهش آنان حمایت مالی نموده است را درج کنند. پایگاه اطلاعاتی ISI نیز بر اساس اطلاعات مستخرج از این قسمت، دانشگاه‌ها و موسسات تامین‌کننده هزینه پژوهش و مقاله را مشخص می‌کنند. موسسه رازی با ۱۸ مقاله، دانشگاه علوم پزشکی ایران با ۷ مقاله و بنیاد ملی علم ایران با ۷ مقاله به ترتیب بیشترین نقش را در تامین هزینه پژوهش مقالات منتشر شده محققین موسسه رازی در سال ۱۳۹۶ (۲۰۱۷) به عهده داشته‌اند. در نمودار ۱۶، بیشترین میزان تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات ایرانی و خارجی در پایگاه ISI نشان داده شده است.



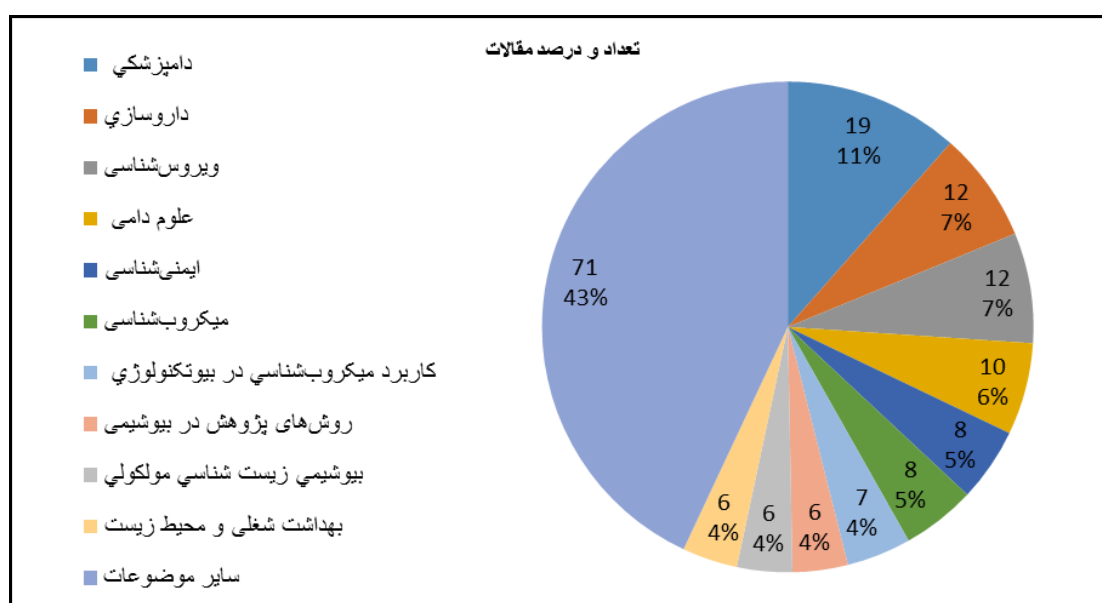
نمودار ۱۵. فروانی نسبی تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات در پایگاه ISI

در پایگاه Scopus، به ترتیب بنیاد ملی علم ایران ۸ مقاله، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، دانشگاه علوم پزشکی تهران و دانشگاه آزاد اسلامی هریک با ۳ مقاله بیشترین نقش را در تامین منابع مالی در پژوهش و نگارش مقالات داشته‌اند. در نمودار ۱۷، بیشترین میزان تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات داخلی و خارجی در پایگاه Scopus نشان داده شده است.



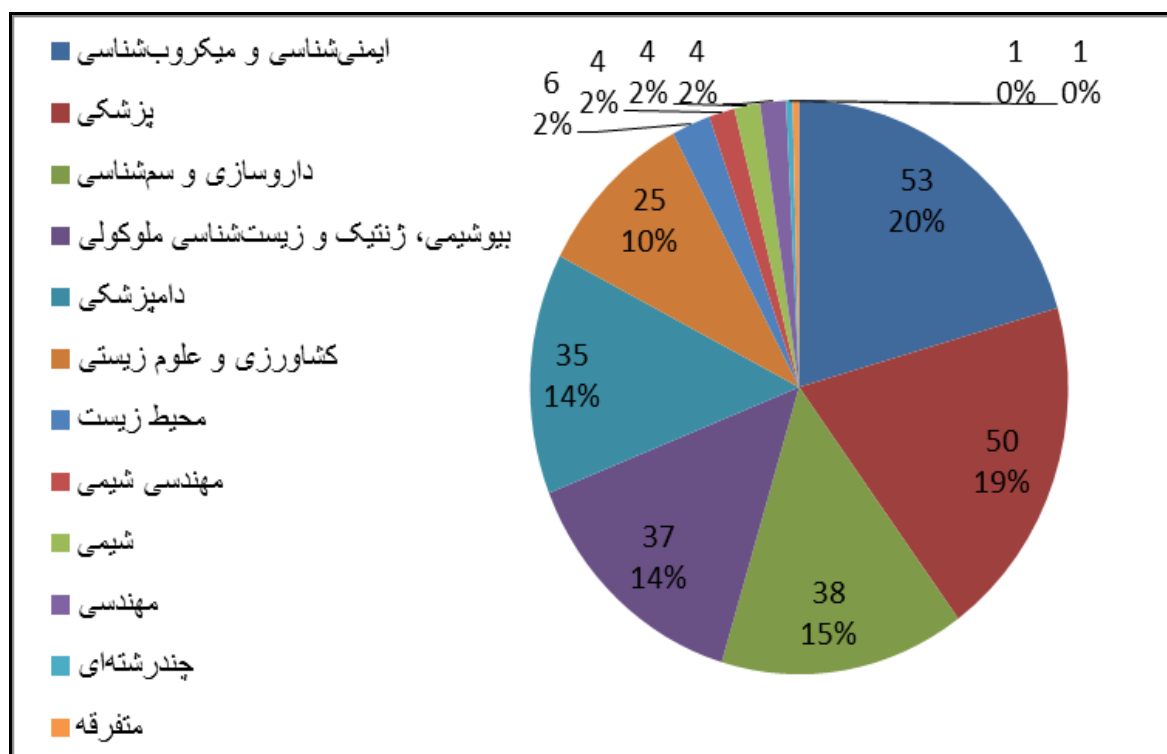
نمودار ۱۶. فراوانی نسبی تامین هزینه پژوهش توسط دانشگاه‌ها و موسسات در پایگاه Scopus

موسسه رازی به علت متنوع بودن محصولاتی که تولید می‌کند، دارای بخش‌های بسیار گسترده و متفاوتی است. به همین سبب، دامنه موضوعی پژوهش‌هایی که در این موسسه انجام می‌شود نیز پراکندگی و گستردگی زیادی دارد. بیشترین مقالات موسسه رازی به ترتیب در حوزه‌های دامپزشکی با ۱۹ مقاله، داروسازی با ۱۲ مقاله، و ویروس‌شناسی با ۱۲ مقاله نگارش یافته است. شایان توجه است که برخی از مقالات در بیش از یک گروه موضوعی قرار می‌گیرند. به همین سبب، جمع تعداد و درصد مقالات، بیش از تعداد کل مقالات در پایگاه ISI است. در نمودار ۱۸، بیشترین میزان گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه ISI نشان داده شده است.



نمودار ۱۷. فراوانی نسبی گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه ISI

در پایگاه Scopus، بیشترین گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی به ترتیب در حوزه‌های "ایمنی‌شناسی و میکروبی‌شناسی" ۵۳ مقاله، "پزشکی" ۵۰ مقاله و "داروسازی" ۳۸ مقاله بوده است. مجدداً شایان توجه است که برخی از مقالات در بیش از یک گروه موضوعی قرار می‌گیرند. به همین سبب، جمع تعداد و درصد مقالات، بیش از تعداد کل مقالات در پایگاه Scopus است. لازم به ذکر است که ساختار و گروه‌بندی موضوعی در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف با یکدیگر متفاوت است. به همین علت نمی‌توان گرایش موضوعی پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف را با یکدیگر مقایسه نمود. در نمودار ۱۹، بیشترین گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه Scopus نشان داده شده است.



نمودار ۱۸. فراوانی نسبی گرایش موضوعی مقالات موسسه رازی در پایگاه Scopus

چند پیشنهاد به نویسندگان و مدیریت پژوهشی موسسه

بیش از نیمی از مقالات موسسه رازی در نشریات ایرانی منتشر شده است. به سبب این که اغلب نشریات ایرانی از نظر شاخص‌های ضریب تاثیر و Q در سطح نسبتاً پایینی قرار دارند، باعث شده است تا در مجموع مقالات موسسه رازی بر اساس شاخص‌های کیفی علم‌سنجی در سطح نسبتاً پایینی قرار گیرند (نمودار ۱۰). لذا، به اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی پیشنهاد می‌شود ضمن ارتقای محتوای علمی، مقالات خود را به جای انتشار در نشریات داخلی و به ویژه نشریات موسسه رازی (نمودار ۱۰)، بیشتر در نشریات با ضریب تاثیر و Q بالاتر خارجی منتشر نمایند.

دست‌اندرکاران نشریه Archives of Razi Institute در ارتقای جایگاه کیفی نشریه گامی بلند و موثر برداشتند و این نشریه، علاوه بر پایگاه استنادی Scopus، در پایگاه اطلاعاتی PubMed نیز نمایه شد. با توجه به قدمت نشریه، پیشنهاد می‌شود تا علاوه بر توسعه کیفی و محتوایی نشریه، با تلاشی بیشتر راه را برای نمایه شدن این نشریه در پایگاه اطلاعاتی ISI هموارتر نمایند. همچنین، به دست‌اندرکاران نشریه "تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک" پیشنهاد می‌شود تا با تلاشی بیشتر نشریه را با معیارهای پایگاه اطلاعاتی Scopus منطبق نمایند تا این نشریه نیز با توجه به قدمت نسبتاً زیادی که دارد در پایگاه Scopus نیز نمایه شود.

معمولاً اغلب مقالاتی که توسط اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی به نگارش درمی‌آید، یا از گزارش نهایی طرح پژوهشی اجرا شده در موسسه رازی و یا از پایان‌نامه‌های دانشجویانی که موضوع آنها در راستای اولویت‌های پژوهشی و مورد نیاز موسسه رازی است استخراج می‌شود. لذا، به اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی پیشنهاد می‌شود که در قسمت "تشکر و قدردانی" مقالات حتماً نام موسسه رازی را به عنوان تامین‌کننده هزینه پژوهش و کد مصوب طرح را درج نمایند. در این صورت، هنگامی که از پایگاه‌های اطلاعاتی استنادی و علم‌سنجی بر اساس موسسات تامین‌کننده هزینه پژوهش (Funding Agency) جستجو و رتبه‌بندی می‌شود، موسسه رازی از جایگاه بهتری برخوردار خواهد شد.

در بین همکاری‌های ملی و بین‌المللی و همچنین حوزه موضوعی برخی از نشریاتی که نویسندگان موسسه رازی در آنها مقاله منتشر نموده‌اند، دانشگاه‌ها یا موسسات و نشریاتی دیده می‌شوند که شاید ارتباط خیلی مستقیمی با فعالیت‌های موسسه رازی نداشته باشد. لذا، به نویسندگان محترم پیشنهاد می‌شوند که حوزه موضوعی خود را با فعالیت‌های جاری موسسه رازی بیشتر منطبق نمایند.

همچنین، از اعضای هیئت علمی و پژوهشگران موسسه رازی تقاضا می‌شود تا همواره نام موسسه و سازمان و نام خود را در مقالات به صورت یکسان و طبق ساختار اعلام شده درج نمایند تا در جستجو و بازیابی اطلاعات و بررسی‌ها نیز به جامعیت بهتری دست یابیم و مقاله‌ای از قلم نیفتد. رعایت این نکته هم در مورد مقالاتی که نویسندگان موسسه رازی به عنوان نویسنده مسئول هستند و هم در مقالاتی که به عنوان نویسنده همکار هستند ضروری است.

نکته مهم و قابل تامل در مورد مقالات منتشر شده، کم‌رنگ بودن همکاری مشترک با سازمان دامپزشکی کشور و وزارت بهداشت، درمان و آموزش پزشکی کشور می‌باشد. با توجه به اینکه رسالت اصلی موسسه رازی تحقیق و تولید فرآورده‌های بیولوژیک انسانی و دامی و تحقیقات دامپزشکی است، انتظار می‌رود فعالیت‌های تحقیقاتی مشترک با این دو سازمان حاکمیتی و اجرایی پررنگ تر باشد و فعالیت‌های پژوهشی محققین موسسه با این دو سازمان پررنگ تر باشد.

مقالات انگلیسی

Article Code: 17001

Title: **Identification of a polygalacturonase (Cup s 2) as the major CCD-bearing allergen in Cupressus sempervirens pollen**

Author(s): **Shahali, Youcef**; Sutra, J. -P.; Hilger, C.; Swiontek, K.; Haddad, I.; Vinh, J.; Guilloux, L.; Charpin, D.; Senechal, H.; Poncet, P.

Journal: **Allergy: European Journal of Allergy and Clinical Immunology**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 11

PP.: 1806-1810

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 6.048

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 2.702

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

As IgE glyco-epitopes, also referred to as cross-reactive carbohydrate determinants (CCDs), can share significant structural homologies between different plants, they are prone to extensive cross-reactivity among allergen pollen extracts. Here, cypress pollen allergens, especially a polygalacturonase (PG), were further characterized using double one-dimensional electrophoresis (D1-DE). The presence of specific IgE directed against CCDs was investigated by bromelain IgE inhibition and concanavalin A binding assays using sera of cypress pollen-sensitized patients. Our results showed that IgE reactivity to CCDs in Cupressus sempervirens pollen extracts is mainly related to bromelain-type epitopes of a newly identified cypress PG. This glycoprotein has been further characterized through an immunoproteomic approach and officially indexed as Cup s 2 by the WHO/IUIS allergen nomenclature. Cup s 2 could thus be associated with the increased prevalence of IgE reactivity to cypress pollen extracts because of CCD interference.

Keywords: bromelain, cross-reactive carbohydrate determinant, Cupressus sempervirens, cypress pollen allergens, polygalacturonase

Article Code: 17002

Title: **Advances in Aquaculture Vaccines Against Fish Pathogens: Global Status and Current Trends**

Author(s): **Dadar, Maryam**; Dhama, Kuldeep; Vakharia, Vikram N.; Hoseinifar, Seyed Hossein; Karthik, Kumaragurubaran; Tiwari, Ruchi; Khandia, Rekha; Munjal, Ashok; Salgado-Miranda, Celene; Joshi, Sunil K.

Journal: **Reviews in Fisheries Science and Aquaculture**

Year: 2017

Vol.: 25

No/Issue: 3

PP.: 184-217

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 1 IF: 4.750

☒ Scopus Q: 1 SJR: 1.182

☐ ISC Q: IF:

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

In recent years, aquaculture has attained a major economic revolution, however, infectious diseases of bacterial, viral, mycotic and parasitic origin are the most significant restrictive agents in the improvement of intensified aquaculture, which has become a fast blooming seafood industry. For environment-friendly aquaculture and human health concerns owing to the rise in incidences of antimicrobial resistant microbes and food safety hazards, the immunoprophylaxis or vaccination strategies are highly effective and economical in protecting the health of fish and aquaculture animals from various infectious agents. Advancements in science have paved newer avenues in both basic and applied research areas for developing and designing novel and effective vaccines, as well as improving existing vaccines for rendering protection from various types of infectious diseases. Current advances in vaccines and vaccinology offer valuable opportunities to discover new vaccine candidates to combat fish pathogens, including mycotic and parasitic agents, for which vaccines are still lacking. This review focuses on the current knowledge, recent advances and future perspectives of vaccines and vaccination in the aquaculture industry, from traditional inactivated and attenuated vaccines to new generation vaccines comprising of recombinant, subunit, vectored, genetically engineered, DNA and peptide vaccines, reverse vaccinology and plant-based edible vaccines, and nanovaccines.

Keywords: aquaculture, Fish, infectious diseases, vaccine

Article Code: 17003

Title: **Sol-gel-based SPME fiber as a reliable sampling technique for studying biogenic volatile organic compounds released from Clostridium tetani**

Author(s): **Ghader, Masoud**; Shokoufi, Nader; **Es-haghi, Ali**; Kargosha, Kazem

Journal: **Analytical and Bioanalytical Chemistry**

Year: 2017

Vol.: 409

No/Issue: 29

PP.: 6739-6744

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.307

☒ Scopus

Q: 1

SJR :0.978

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

A novel and efficient headspace solid-phase microextraction (HS-SPME) method, followed by gas chromatography mass spectrometry (GC-MS), was developed to study volatile organic compounds (VOCs) emerging from microorganisms. Two homemade SPME fibers, a semi-polar poly (dimethylsiloxane) (PDMS) fiber, and a polar polyethylene glycol (PEG) fiber, along with two commercial fibers (PDMS and PDMS/DVB) were used to collect VOCs emerging from Clostridium tetani which was cultured in different media. The adsorbed VOCs were desorbed and identified, in vitro, using GC-MS. The adsorption efficiency was improved by optimizing the time duration of adsorption and desorption. About 50 components were identified by the proposed method. The main detected compounds appeared to be sulfur containing compounds such as butanethioic acid S-methyl ester, dimethyl trisulfide, and dimethyl tetrasulfide. These volatile sulfur containing compounds are derived from amino acids containing the sulfur element, which probably coexist in the mentioned bacterium or are added to the culture media. The developed HS-SPME-GC-MS method allowed the determination of the chemical fingerprint of Clostridium tetani volatile constituents, and thus provides a new, simple, and reliable tool for studying the growth of microorganisms.

Keywords: Clostridium tetani1, GC-MS, HS-SPME, Sol-gel, Volatile organic compounds

Article Code: 17004

Title: The effect of conspecific ampulla oviductal epithelial cells during in vitro maturation on oocyte developmental competence and maturation-promoting factor (MPF) activity in sheep

Author(s): Dadashpour Davachi, Navid; Kohram, Hamid; Shahneh, Ahmad Zare; Zhandi, Mandi; Goudarzi, Abbas; **Fallahi, Roozbeh**; Masoudi, Reza; **Yousefi, Ali Reza**; Bartlewski, Pawel M.

Journal: **Theriogenology**

Year: 2017

Vol.: 88

No/Issue:

PP.: 207-214

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 2.136

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.936

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The acquisition of fertilization ability by oocytes is one of the prerequisites for successful in vitro embryo production. In the present study, we examined the influence of conspecific ampulla oviductal epithelial cells incubated with cumulus-oocyte complexes (COCs) throughout the IVM phase on the developmental competence and maturation-promoting factor (MPF) activity of sheep oocytes. There were six experimental groups in this study, namely four groups with and two groups without oviductal epithelial cells added to IVM media: adult COCs matured in vitro with the ampulla oviductal epithelial cells obtained from adult (AAE; G1) or prepubertal donors (prepubertal sheep ampulla oviductal epithelial cells [PAE]; G4), COCs obtained from prepubertal animals cocultured with AAE (G2) or PAE (G3), and adult (C1) and prepubertal sheep COCs (C2) matured without oviductal epithelial cells. Coincubation of oocytes retrieved from both adult and sexually immature donors with AAE (G1 and G2) resulted in significantly improved rates of metaphase-II (M-II) attainment (G1: 85.1 +/- 2.0 and G2: 40.2 +/- 1.3) and blastocyst formation (G1: 42.2 +/- 1.1 and G2: 21.2 +/- 1.0) as well as blastocyst development (total cell count; G1: 130.3 +/- 7.8, G2: 70.2 +/- 3.5) compared with their respective controls (C1: 94.3 +/- 4.1 and C2: 49.7 +/- 2.0). Prior to IVM, the activity of MPF was greater ($P < 0.05$) for oocytes obtained from ewes (G1, G4, and C1) compared with those from ewe lambs (G2, G3, and C2). The greatest increment in MPF activity was recorded in G2 (MPF activity before IVM/MPF activity after IVM = 3.62) followed by C2 and G3 (2.22 and 2.20, respectively), and then all remaining groups of oocytes (C1: 1.89, G1: 1.87, and G4: 1.86). In summary, coincubation with AAE during the 24-hour IVM had a positive impact on ovine oocyte competence and ensuing in vitro embryo production efficiency. A significant increase in MPF activity following IVM of G2 oocytes could be responsible, at least partly, for the improved rate of blastocyst formation after IVF of prepubertal sheep oocytes.

Keywords: In vitro maturation, Maturation-promoting factor, Oviductal epithelial cells, Sheep

Article Code: 17005

Title: **Orally administered recombinant *Lactobacillus casei* vector vaccine expressing beta-toxoid of *Clostridium perfringens* that induced protective immunity responses**Author(s): **Alimolaei, Mojtaba; Golchin, Mehdi; Ezatkhah, Majid**Journal: **Research in Veterinary Science**

Year: 2017

Vol.: 115

No/Issue:

PP.: 332-339

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 1.616

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.593

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Clostridium perfringens types B and C cause enteritis and enterotoxemia in animals. The conventional vaccine production systems need time-consuming detoxification and difficult quality control steps. In this study, a modified beta-toxoid gene was synthesized, cloned into the pT1NX vector, and electroporated into *Lactobacillus casei* competent cells to yield *L. casei*-beta recombinant strain. Surface expression of the recombinant beta-toxoid was evaluated by ELISA and confirmed by immunofluorescence microscopy. Vaccinated BALB/c mice with *L. casei*-beta induced potent humoral and cell-mediated immune responses that were protective against lethal challenges with 100 MLD/mL of the beta-toxin. Safety and efficacy of the recombinant clone was evaluated and the presumptive toxicity of *L. casei*-beta was studied by toxicity test and histopathological findings, which were the same as negative controls. Our results support the use of *L. casei* as a live oral vector vaccine, and that the recombinant *L. casei*-beta is a potential candidate for being used in the control of enterotoxemia diseases caused by *C. perfringens* types B and C.

Keywords: *Clostridium perfringens*, *Lactobacillus casei*, Vaccine, β -toxoid

Article Code: 17006

Title: **Immunoproteomics of tree of heaven (*Ailanthus altissima*) pollen allergens**Author(s): Mousavi, Fateme; Majd, Ahmad; **Shahali, Youcef**; Ghahremaninejad, Farrokh; Shoormasti, Raheleh Shokouhi; Pourpak, ZahraJournal: **Journal of Proteomics**

Year: 2017

Vol.: 154

No/Issue:

PP.: 94-101

Indexed in: ☒ ISI

Q: 1

IF: 3.722

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.43

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Ailanthus altissima pollen (AAP) is considered as an emerging cause of respiratory allergy in United States, Italy and Iran. However, the allergenic composition of AAP is still unknown and has yet to be characterized. The present study aimed to identify AAP allergens using a proteomics-based approach. For this purpose, optimized AAP protein extracts were analyzed using 1D- and 2D- gel electrophoresis and confronted to twenty sera from individuals with respiratory allergy during the AAP season. Candidate allergens were detected using the serum from an allergic patient with clinical history of AAP pollinosis. IgE-binding spots were identified using MALDI-TOF/OF mass spectrometry and database searching. According to our results, AAP extracts were rich in proteins (up to 16.25 mg/ml) with a molecular-weight distribution ranging from 10 to 175 kDa. Two-D electrophoresis of AAP extracts revealed 125 protein spots from which 13 were IgE reactive. These IgE-binding proteins were identified as enolase, calreticulin, probable pectate lyase 6, conserved hypothetical protein and ras-related protein RHN1-like. By our knowledge, this study is the first report identifying AAP allergens. These findings will open up further avenues for the diagnosis and immunotherapy of the AAP allergy as well as for the cloning and molecular characterization of relevant allergens.

Biological significance: *Ailanthus altissima* colonizes new areas every year in Iran and is spreading aggressively worldwide. According to USDA, the tree of heaven is now present as an invasive plant in 30 states in US (www.invasivespeciesinfo.gov/plants/treeheaven.shtml) and come to dominate large areas in many regions. Up to now, several cases of allergy to *A. altissima* pollen have been reported in United States, Italy and Iran [14]. However, there is still no information on the sensitizing allergens and the molecular origin of these clinical symptoms, which constitutes a serious threat to patients suffering from respiratory allergies in these regions. To our knowledge, the current study describes, therefore, the first panel of proteins responsible for IgE-mediated *A. altissima* pollinosis by using a gel-based proteomic approach. This work represents the pioneer proteomic investigation on Simaroubaceae spp. and provides useful insights for further studies on the allergens of this widely distributed plant family.

Keywords: 2D electrophoresis; *Ailanthus*; Allergen; Enolase; IgE immunoblotting; Mass spectrometry; Pectate lyase; Pollen; Proteomics; Tree of heaven

Article Code: 17007

Title: Is there a relationship between intestinal microbiota, dietary compounds, and obesity?

Author(s): Kaluzna-Czaplinska, Joanna; Gatarek, Paulina; Chartrand, Max Stanley; **Dadar, Maryam**; Bjorklund, Geir

Journal: Trends in Food Science and Technology

Year: 2017

Vol.: 70

No/Issue:

PP.: 105-113

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 6.609

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 2.344

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: The links between gut microbiota and obesity are complex and multidirectional. A large number of studies have demonstrated the provoking effect of microbiota as the main environmental factor on the metabolic, and physiology status of its human host, as well as energy harvest. Dietary compounds are a source of energy and metabolites for gut bacteria. Dietary compounds also change the composition of gut microbiota and can influence the production of their metabolites. Impact of intestinal microbiota composition and metabolic interaction, including interaction with dietary components are the key issue in human health and obesity.

Scope and approach: Gut microecology could help fulfill the gap between obesity and energy intake throughout altering the processing of nutrients and energy storage in the body, revealing diet-related and age-related changes in the human intestinal microbiome and their consequences. Therefore, it is of critical importance in the prevention of obesity to understand how different types of food can influence gut mucosal integrity.

Key findings and conclusions: The association between gut microbiota and host metabolism could help explain promising therapeutic approaches throughout gut microbiota regulation in preventing and treating obesity.

Keywords: Dietary compounds, Lifespan, Metabolic, Microbiota, Obesity

Article Code: 17008

Title: Scale up and pharmacokinetic study of a novel mutated chimeric tissue plasminogen activator (mt-PA) in rats

Author(s): Raigani, Mozghan; Rouini, Mohammad-Reza; **Golabchifar, Ali-Akbar**; Mirabzadeh, Esmat; Vaziri, Behrouz; Barkhordari, Farzaneh; Davami, Fatemeh; Mahboudi, Fereidoun

Journal: **Scientific Reports**

Year: 2017

Vol.: 7

No/Issue:

PP.:

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 4.122

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.533

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Because of high mortality caused by cardiovascular diseases, various fibrinolytic agents with diverse pharmacokinetic and pharmacodynamic properties have been developed. A novel mutated chimeric tissue plasminogen activator (mt-PA) was developed by the removal of first three domains of t-PA, insertion of GHRP sequence and mutation towards resistance to plasminogen activator inhibitor-1 (PAI-1). Mt-PA protein was expressed in Expi293F cells. The expression level of mt-PA was found to be 5000 IU/ mL. Following purification, the pharmacokinetic properties of mt-PA were evaluated in three doses in rats. Data related to mt-PA were best fitted to two compartment model. With the increase in dose, the Area Under the plasma concentration-time Curve (AUC(0 ->infinity)) increased. The elimination half-life ($t_{1/2}$) of mt-PA was in the range of 19.1-26.1 min in three doses while that of Alteplase was 8.3 min. The plasma clearance (CL_p) of mt-PA ranged from 3.8 to 5.9 mL/ min in three doses, which was several times lower than that of Alteplase (142.6 mL/ min). The mean residence time (MRT) of mt-PA ranged from 23.3-31.8 min in three doses, which was 4-5 times greater than that of Alteplase (6 min). Mt-PA showed extended half-life and mean residence time and is a good candidate for further clinical studies.

Keywords: Rats, Plasminogen activator, Pharmacokinetic properties, Mutated chimeric tissue

Article Code: 17009

Title: **Flavonoids as detoxifying and pro-survival agents: What's new?**Author(s): Bjorklund, Geir; **Dadar, Maryam**; Chirumbolo, Salvatore; Lysiuk, RomanJournal: **Food and Chemical Toxicology**

Year: 2017

Vol.: 110

No/Issue:

PP.: 240-250

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.977

☒ Scopus

Q: 1

SJR :1.144

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

The role of flavonoids in the survival machinery of cells has come in the spotlight due to the recent evidence of their effect on the relationship mitochondria-ER stress-proteasome, including the intracellular mechanisms of autophagy and apoptosis. Numerous experimental animal investigations and even human clinical studies have highlighted the major role of these natural compounds in the economy of life and their deep relationship with autotrophic organisms in the evolutionary space. Their role as anti-oxidant and oxidative stress preventive molecules has to date been investigated extensively in the literature. Despite this great amount of promising evidence, many concerns, however, remain, most of which dealing with biochemistry, bioavailability, pharmacokinetics, and interaction of flavonoids with gut microbiome, issues that make difficult any good attempt to introduce these molecules in the human healthcare systems as possible, encouraging therapeutic substances. This review tries to address and elucidate these items.

Keywords: Anti-oxidants, Detoxification, Flavonoids, Oxidative stress response, Plant extracts

Article Code: 17010

Title: **Application of whey protein-pectin nano-complex carriers for loading of lactoferrin**Author(s): Raei, Masoomah; Shahidi, Fakhri; **Farhoodi, Majid**; Jafari, Seid Mandi; Rafe, AliJournal: **International Journal of Biological Macromolecules**

Year: 2017

Vol.: 105

No/Issue:

PP.: 281-291

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.909

☒ Scopus

Q: 1

SJR :0.917

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Our aim was to entrap lactoferrin (LF) in complex nano-particles of whey protein isolate (WPI)-high methoxyl pectin (HMP) with the ratios of 2:1, 1:1, and 1:2 through acidification at pH values of 3, 3.5, and 4. The zeta-potential, size, sedimentable-complex yield, LF content, encapsulation efficiency, SEM, AFM, FTIR, and DSC of nano-particles were investigated. Our results revealed that almost all analyzed parameters of the final nano-particles were related to preparation pH value, WPI/HMP ratios, and acidification methods. In both methods of pre- and post-acidification, the zeta potential was decreased via decreasing of pH from 4 to 3 and particle size was increased at higher HMP ratios to WPI. In general, the pre-blending acidification provided a larger mass of complexes compared with post-blending counterparts. Also, the nano-particles produced by WPI/HMP with the ratio of 2:1 at pH = 3.5 had the smallest sizes. The highest LF content of the complexes as well as the optimal entrapment efficiency was observed at pH = 3.5, in both methods of post and pre-blending. Finally, the pre-blending by a ratio of 2:1 for WPI/HMP was chosen as the optimal treatment for producing nano-particles containing LF. This was confirmed by SEM, AFM, FTIR, and DSC studies.

Keywords: Complexation, Lactoferrin, Nano-particles

Article Code: 17011

Title: An imprinted interpenetrating polymer network for microextraction in packed syringe of carbamazepineAuthor(s): Asgari, Sara; Bagheri, Habib; Es-haghi, Ali; AminiTabrizi, RoyaJournal: **Journal of Chromatography A**

Year: 2017

Vol.: 1491

No/Issue:

PP.: 1-8

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 3.716

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.378

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

An imprinted interpenetrating polymer network (IPN) was synthesized and used as a medium for isolation of carbamazepine from urine samples. The polymer network consisted of a homogeneous polystyrene-sol gel hybrid constructed by in-situ radical polymerization method. In this process, within the sol-gel reaction duration, styrene monomer could penetrate into the reaction mixture and after the polymerization initiation, a monolithic IPN structure was prepared. The scanning electron microscopy (SEM) image and energy dispersive spectroscopy (EDX) are indications of the polystyrene dispersion at nano-to micrometer level in the sol gel matrix. Eventually, the synthesized IPN was used as a sorbent in microextraction in packed syringe (MEPS) combined with high performance liquid chromatography (HPLC) for isolation of carbamazepine, naproxen and dexamethasone from urine samples. The molecularly imprinted IPN showed some degree of selectivity towards carbamazepine. To assess the important parameters influencing the extraction and desorption processes, an experimental design strategy was used. By the current method, low limits of detection ($1.3-1.5 \mu\text{g L}^{-1}$) and quantification ($4.2-5 \mu\text{g L}^{-1}$) were achieved (hydrocortisone as the internal standard). The intra-and inter-day precision data at 50 and $300 \mu\text{g L}^{-1}$ were 1.3-7.4%, while the working linear dynamic range was from 4.2 to $500 \mu\text{g L}^{-1}$.

Keywords: Carbamazepine, High performance liquid chromatography, Interpenetrating polymer network, Microextraction in packed syringe, Molecularly imprinted polymer

Article Code: 17012

Title: Enrichment of common carp (*Cyprinus carpio*) diet with medlar (*Mespilus germanica*) leaf extract: Effects on skin mucosal immunity and growth performance

Author(s): Hoseinifar, Seyed Hossein; Zou, Hassan Khodadadian; Miandare, Hamed Kolangi; Van Doan, Hien; Romano, Nicholas; **Dadar, Maryam**

Journal: Fish and Shellfish Immunology

Year: 2017

Vol.: 67

No/Issue:

PP.: 346-352

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.185

☒ Scopus

Q: 1

SJR :1.126

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

A feeding trial was performed to assess the effects of dietary Medlar (*Mespilus germanica*) leaf extract (MLE) on the growth performance, skin mucus non-specific immune parameters as well as mRNA levels of immune and antioxidant related genes in the skin of common carp (*Cyprinus carpio*) fingerlings. Fish were fed diets supplemented with graded levels (0, 0.25, 0.50, and 1.00%) of MLE for 49 days. The results revealed an improvement to the growth performance and feed conversion ratio in MLE fed carps ($P < 0.05$), regardless of the inclusion level. The immunoglobulin levels and interleukin 8 levels in the skin mucous and skin, respectively, revealed significant increment in fish fed 1% MLE ($P < 0.05$) in comparison with the other MLE treatments and control group. Also, feeding on 0.25% and 0.50% MLE remarkably increased skin mucus lysozyme activity ($P < 0.05$). However, there were no significant difference between MLE treated groups and control ($P > 0.05$) in case protease activity in the skin mucous or tumor necrosis factor alpha and interleukin 1 beta gene expression in the skin of carps ($P > 0.05$). The expression of genes encoding glutathione reductase and glutathione S-transferase alpha were remarkably increased in MLE fed carps compared to the control group ($P < 0.05$) while carp fed 0.50% or 1.00% MLE had significantly increased glutathione peroxidase expression in their skin ($P < 0.05$). The present results revealed the potentially beneficial effects of MLE on the mucosal immune system and growth performance in common carp fingerlings.

Keywords: Antioxidant enzymes, Common carp, Herb extract, Immunostimulant, Medlar, Mucosal immune response

Article Code: 17013

Title: The effects of dietary Myrtle (*Myrtus communis*) on skin mucus immune parameters and mRNA levels of growth, antioxidant and immune related genes in zebrafish (*Danio rerio*)

Author(s): Safari, Roghieh; Hoseinifar, Seyed Hossein; Van Doan, Hien; **Dadar, Maryam**

Journal: **Fish and Shellfish Immunology**

Year: 2017

Vol.: 66

No/Issue:

PP.: 264-269

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.185

☒ Scopus

Q: 1

SJR :1.126

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Myrtle (*Myrtus communis* L., Myrtaceae) is a significant plant which naturally distributed around the globe. Although numerous studies have demonstrated the benefits of myrtle in different species, studies using the oral route are rare in the literature. In the present study, we evaluated the effect of myrtle intake on the antioxidant, immune, appetite and growth related genes as well as mucosal immune responses in zebrafish (*Danio rerio*) model. Zebrafish were fed control or myrtle (5, 10 and 20 g kg⁻¹ myrtle) supplemented diets for sixty days. The results showed that, oral administration of Myrtle significantly improved mucosal immune responses (the activity of lysozyme, total Ig and protease). Furthermore, fish fed 20 g kg⁻¹ showed remarkably higher antioxidant (sod and cat) enzymes gene expression compared other treatment. There were significant difference between myrtle fed fish and control group regarding tnfr-alpha and lyz expression. Also, evaluation of growth (gh and igfl) related genes revealed remarkable upregulation in 20 g kg⁻¹ myrtle treatment compared other myrtle treatments and control group. Similar results was observed regarding the mRNA levels of appetite related genes (ghrl) in zebrafish fed 20 g kg⁻¹ myrtle. The present results indicated that dietary administration of myrtle improved mucosal immune parameters and altered mRNA levels of selected genes. These results on zebrafish model also highlights the potential use of Myrtle supplements as additive in human diets.

Keywords: Appetite, Growth hormone, Mucosal immunity, Myrtle, Physiological responses

Article Code: 17014

Title: **The toxicology of mercury: Current research and emerging trends**Author(s): Bjorklund, Geir; **Dadar, Maryam**; Mutter, Joachim; Aaseth, JanJournal: **Environmental Research**

Year: 2017

Vol.: 159

No/Issue:

PP.: 545-554

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :1

IF :3.159

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.735

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Mercury (Hg) is a persistent bio-accumulative toxic metal with unique physicochemical properties of public health concern since their natural and anthropogenic diffusions still induce high risk to human and environmental health. The goal of this review was to analyze scientific literature evaluating the role of global concerns over Hg exposure due to human exposure to ingestion of contaminated seafood (methyl-Hg) as well as elemental Hg levels of dental amalgam fillings (metallic Hg), vaccines (ethyl-Hg) and contaminated water and air (Hg chloride). Mercury has been recognized as a neurotoxicant as well as immunotoxic and designated by the World Health Organization as one of the ten most dangerous chemicals to public health. It has been shown that the halflife of inorganic Hg in human brains is several years to several decades. Mercury occurs in the environment under different chemical forms as elemental Hg (metallic), inorganic and organic Hg. Despite the raising understanding of the Hg toxicokinetics, there is still fully justified to further explore th emergin theories about its bioavailability and adverse effects in humans. In this review, we describe current research and emerging trends in Hg toxicity with the purpose of providing up-to-date information for a better understanding of the kinetics of this metal, presenting comprehensive knowledge on published data analyzing its metabolism, interaction with other metals, distribution, internal doses and targets, and reservoir organs.

Keywords: Copper, Mercury, Selenium, Thiols, Toxicology, Zinc

Article Code: 17015

Title: Co-circulation of genetically distinct groups of avian paramyxovirus type 1 in pigeon Newcastle disease in Iran

Author(s): Far, A. Rezaei; Peighambari, S. M.; Pourbakhsh, Seyed Ali; Ashtari, Abbas; Soltani, M.

Journal: Avian Pathology

Year: 2017

Vol.: 46

No/Issue: 1

PP.: 36-43

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 1

IF: 2.054

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.871

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Pigeons are considered as one of the major natural reservoirs in the epidemiology of Newcastle disease (ND). In this study, the partial sequence of fusion protein gene of 17 pigeon-origin ND viruses (NDVs) isolated during 2012-2013 in Iran was analysed. Since the studied isolates showed F0 protein cleavage sites compatible with velogenic NDVs, all were considered as virulent NDVs. Two isolates carried 112RRQKRF117 as the cleavage site motif, whereas the rest demonstrated 112KRQKRF117 motif which just recently has been reported among Iranian virulent NDVs. Phylogenetic analysis divided all these diverse isolates in two distinct clusters within class II genotype VI. Based on the partial fusion protein gene sequence, 15 out of 17 isolates showed the highest genetic identity to subgenotype VIb/2 and the other two isolates were placed in a distinct genetic group of genotype VI. Based on recent findings, at least two different sublineages of genotype VI are causing the ND outbreaks in the pigeon population and are circulating simultaneously along with virulent NDVs of genotype VII in various species in Iran. The continuing circulation of a diverse group of virulent NDVs as an enzootic in widespread species such as pigeon can cause outbreaks in commercial poultry flocks and also failure in controlling programmes. Therefore, the constant monitoring and awareness of the virus characteristics should be considered in controlling programmes against ND in Iran.

Keywords: APMV-1, F gene, Iran, Newcastle disease virus, pigeon

Article Code: 17016

Title: A New Vaccine Delivery Vehicle and Adjuvant Candidate: Bordetella pertussis Inactivated Whole Cells Entrapped in Alginate Microspheres

Author(s): Mohammadpour Dounighi, Naser; Shahcheraghi, Fereshteh; Razzaghi-Abyaneh, Mehdi; Nofeli, Mojtaba; Zolfagharian, Hossein

Journal: Current Pharmaceutical Design

Year: 2017

Vol.: 23

No/Issue: 18

PP.: 2665-2672

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 2	IF: 2.757
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.158
■ ISC	Q: 2	IF: 0.883
■ PubMed	□ Others	

Abstract:

There is no doubt about the whole cell pertussis vaccine efficacy, but it is necessary to improve the vaccine quality specially to decrease its toxicity by obtaining good immunogenicity with low bacterial content. In this work, under optimum condition inactivated B. pertussis bacteria cells entrapped with alginate microparticles were fabricated and in vivo immunogenicity and potency of new microparticle based vaccine were evaluated in mice.

Microspheres loaded with inactive B. pertussis bacterium cells were prepared via an emulsification method and analyzed for morphology, size, polydispersity index, loading efficiency, loading capacity, release profile and in vivo potency.

The inactivated bacterial suspension mixture prepared in this work was nontoxic and showed potent ED₅₀ (1: 333 of human dose) and preserved agglutinins 1, 2, 3. The optimum conditions for the preparation of microparticles were achieved at alginate concentration 3.8% (w/v), CaCl₂ 8% (w/v), PLL 0.1% (w/v), lipophilic surfactant 0.22 (% w/v), hydrophilic surfactant 3.6 (% w/v), cross linking time 3min, homogenization rate 600 rpm, and alginate to CaCl₂ solution ratio 4. Both empty and B. pertussis loaded microparticles exhibited smooth surface texture and relatively spherical shape. The B. pertussis encapsulated microspheres fabricated under optimized conditions showed mean particle size 151.1 ae m, polydispersity index 0.43, loading efficiency 89.6%, loading capacity 36.3%, and relatively constant release rate lasted to 15 days. In vivo immunogenicity and protection study against wild type challenge showed strongly higher potency (approximately 2.5 fold) of encapsulated B. pertussis organisms than non-encapsulated conventional aluminum hydroxide adsorbed vaccine. It can be concluded that microencapsulation of inactive B. pertussis cells appears to be a suitable approach for improving the wP vaccine quality, specially by obtaining good immunogenicity with low bacterial content.

Keywords: Bordetella pertussis, bacteria, immunogenicity, microparticle, potency, whole cell vaccine

Article Code: 17017

Title: **Efficiency of different methods of estrus synchronization followed by fixed time artificial insemination in Persian downy does**

Author(s): **Hashemi, Majid**; Safdarian, Mazaher

Journal: **Animal Reproduction**

Year: 2017

Vol.: 14

No/Issue: 2

PP.: 413-417

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 1.647

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.308

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

For evaluating different methods of long term estrous synchronization followed by fixed time artificial insemination and to select the most efficient method, during the breeding season 160 Persian downy does were equally allocated to groups (n = 20/group). Estrus was synchronized using controlled internal drug release devices alone (CIDR) or with equine chorionic gonadotropin (CIDR-eCG), intravaginal sponge impregnated with 45 mg fluorgestone acetate alone (Sponge) or with eCG (Sponge-eCG), subcutaneous auricular implant of 2 mg norgestomet alone (Implant) or with eCG (Implant-eCG) or two intramuscular injections of 10 mg prostaglandin F2 alpha 10 days apart alone (PGF) or accompany with eCG (PGF-eCG). The dose of eCG was 400 IU and injected intramuscularly at the end of treatments. Heat detection and fixed time artificial insemination were done 12 and 48 hours after the end of the treatments, respectively. The estrus was detected in 94.7-100% of the does who received different forms of progestagens and estrus response was not affected by eCG. Estrus response in PGF-based groups was significantly lower ($P < 0.05$) than progesterone-based groups. Injection of eCG did not affect fertility, fecundity and prolificacy rates in CIDR, Sponge and Implant groups. It also did not affect parturition rate in implant group. Finally, with respect to estrus response, fertility rate, costs and the simplicity of methods it can be concluded that the use of intravaginal CIDR for 16 days without administration of eCG may be a more efficient method for estrus synchronization in fixed-time artificial insemination programs in Persian downy does.

Keywords: Ai, Breeding season, Estrus synchronization, Goat, Introduction, Progesterone, Prostaglandin

Article Code: 17018

Title: **Correlations between serum mineral content and cashmere traits in Raeini goats**

Author(s): **Shamsaddini Bafti, Mehrdad**; Salehi, M.; Moumen, S. M. Seyed; Ezatkah, Majid

Journal: **Animal Production Science**

Year: 2017

Vol.: 57

No/Issue: 8

PP.: 1665-1673

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 2 IF: 1.371

☐ Scopus Q: SJR:

☐ ISC Q: IF:

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

It has been long established that the right balance in trace elements is required to ensure animal health and optimal growth. Hair is particularly rich in trace elements such as sulfur and it has been proposed that the quality of fibres derived from hair may be influenced by the amount of trace elements present. In this study, we evaluated the quality and mineral content of Raeini goat cashmere over the course of 1 year. Potential factors that can influence the mineral content of cashmere were further considered, including sex, age, seasons, herd variables and serum trace elements. Twenty-four male and 48 female Raeini goats were selected and a total of 216 fibre samples were taken during two 6-month intervals of annual fibre growth from nomadic, rural and breeding station flocks. In addition, samples of blood, soil, range forage, animal ration (hand feeding), and surface and deep water from four seasons were also obtained. The results indicate a positive correlation between cashmere percentage and zinc content. In addition, we also observed a negative correlation between cashmere tenacity and its zinc, sulfur and serum copper content. These results provide new insights into the factors affecting cashmere quality, and will aid in designing new studies for determining the best combination of factors that lead to optimal cashmere quality.

Keywords: herd, mineral elements, physical characteristics, staple length, strength

Article Code: 17019

Title: Comparative assessment of humoral immune responses of aluminum hydroxide and oil-emulsion adjuvants in Influenza (H9N2) and Newcastle inactive vaccines to chickens

Author(s): Jafari, Mahdie; Moghaddampour, Masoud; Taghizadeh, Morteza; Masoudi, Shahin; Bayat, Zahra

Journal: Artificial Cells, Nanomedicine and Biotechnology

Year: 2017

Vol.: 45

No/Issue: 1

PP.: 84-89

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 3.026

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.495

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Context Adjuvants are compounds used in the preparation of inactive vaccines to enhance the immune response. Aluminum hydroxide (alum) is one of the first compounds approved by the Food and Drug Administration, which is used as adjuvants in vaccine products for humans. Montanide ISA 70 is an oil-emulsion adjuvant and is used in poultry inactive vaccines. **Objective** In this study, the effects of alum adjuvant on the efficiency and induction of immune response in inactive vaccines of Influenza and Newcastle are compared with those of ISA 70. **Materials and methods** Six groups of 7-d-old specific-pathogen-free chickens were inoculated with 0.3ml of the prepared vaccines via the subcutaneous route in the neck. Immune response in each group after 7, 14, 21, 31, 41, and 45 d was evaluated using the technique of hemagglutination inhibition. **Results** The results were compared using SPSS software. Results showed that vaccines containing adjuvant ISA 70 depicted a higher increase in the immune response and adjuvant of 20% alum is similar to adjuvant of ISA 70 in boosting the immune system. There was no statistically significant difference between 10% and 20% alum, but these adjuvants are visibly different from ISA 70. **Conclusion** In conclusion, alum can be used as an easily accessible, harmless, and effective adjuvant; however, to increase the immune period using the inactive vaccines for poultry, more research would be necessary.

Keywords: Adjuvant, aluminum hydroxide, humoral immune responses, influenza (H9N2) and Newcastle vaccines, montanide ISA70

Article Code: 17020

Title: Development and physicochemical, toxicity and immunogenicity assessments of recombinant hepatitis B surface antigen (rHBsAg) entrapped in chitosan and mannosylated chitosan nanoparticles: as a novel vaccine delivery system and adjuvant

Author(s): Mehrabi, M.; Mohammadpour Dounighi, Naser; Rezayat Sorkhabadi, S.M.;

Doroud, D.; Amani, A.; Khoobi, M.; Ajdary, S.; Pilehvar-Soltanahmadi, Y.

Journal: **Artificial Cells, Nanomedicine and Biotechnology**

Year: 2017

Vol.:

No/Issue:

PP.: 1-11

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 3.026

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.495

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

In this study chitosan nanoparticles (CS NPs) and mannosylated chitosan nanoparticles (MCH NPs) loaded with recombinant hepatitis B surface antigen (rHBsAg) was synthesized as a vaccine delivery system and assessed toxically and immunologically. The physicochemical properties of the nanoparticles (NPs) were determined by methods including scanning electron microscope (SEM) and dynamic light scattering (DLS). The morphology of the NPs was semi spherical and the average diameter of the loaded CS and MCH NPs was found to be 189 and 239 nm, respectively. The release studies showed that after the initial burst, both of the loaded NPs provided a continuous and slow release of the antigens. 3-(4,5-dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium bromide (MTT) assay showed concentration and time dependent toxicity profile for both formulations, but rHBsAg loaded CS nanoparticle showed higher toxicity due to smaller particle size and larger zeta potential. Abnormal toxicity test (ATT) results showed no signs of toxicity in mice and guinea-pigs treated with loaded MCHNPs. Stability test for six months showed acceptable changes in size, surface charge, and antigenicity for loaded MCH nanoparticles. Finally, in vivo immunogenicity study revealed greater adjuvant capability of MCH nanoparticles than others formulations. Our results showed MCH NPs can be used as a controlled and targeted vaccine delivery system.

Keywords: immunogenicity, Mannosylated chitosan nanoparticles, rHBsAg, targeted vaccine delivery, toxicity

Article Code: 17021

Title: Green tea (*Camellia sinensis*) and L-theanine: Medicinal values and beneficial applications in humans-A comprehensive review

Author(s): Saeed, Muhammad; Naveed, Muhammad; Arif, Muhammad; Kakar, MohibUllah; Manzoor, Robina; Abd El-Hack, Mohamed Ezzat; Alagawany, Mahmoud; Tiwari, Ruchi; Khandia, Rekha; Munjal, Ashok; Karthik, Kumaragurubaran; Dhama, Kuldeep; Iqbal, Hafiz M. N.; **Dadar, Maryam**; Sun, Chao

Journal: **Biomedicine and Pharmacotherapy**

Year: 2017

Vol.: 95

No/Issue:

PP.: 1260-1275

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 2 IF: 3.457

☒ Scopus Q: 1 SJR: 0.951

☐ ISC Q: IF:

☒ PubMed ☐ Others

Abstract:

Green tea (*Camellia sinensis*) is a famous herb, and its extract has been extensively used in traditional Chinese medicinal system. In this context, several studies have revealed its health benefits and medicinal potentialities for several ailments. With ever increasing scientific knowledge, search for safer, potential and novel type of health-related supplements quest, scientists are re-directing their research interests to explore natural resources i.e. medicinal herbs/plant derived compounds. Green tea consumption has gained a special attention and popularity in the modern era of changing lifestyle. The present review is aimed to extend the current knowledge by highlighting the importance and beneficial applications of green tea in humans for safeguarding various health issues. Herein, we have extensively reviewed, analyzed, and compiled salient information on green tea from the authentic published literature available in PubMed and other scientific databases. Scientific literature evidenced that owing to the bioactive constituents including caffeine, L-theanine, polyphenols/flavonoids and other potent molecules, green tea has many pharmacological and physiological functions. It possesses multi-beneficial applications in treating various disorders of humans. This review also provides in-depth insights on the medicinal values of green tea which will be useful for researchers, medical professionals, veterinarians, nutritionists, pharmacists and pharmaceutical industry. Future research emphasis and promotional avenues are needed to explore its potential therapeutic applications for designing appropriate pharmaceuticals, complementary medicines, and effective drugs as well as popularize and propagate its multidimensional health benefits.

Keywords: Beneficial uses, Green tea, Human, L-theanine, Medicinal importance, Therapy

Article Code: 17022

Title: **Enhanced sublingual immunotherapy by TAT-fused recombinant allergen in a murine rhinitis model**

Author(s): Salari, Farhad; **Vahedi, Fatemeh**; Varasteh, Abdol-Reza; Ketabdar, Hanieh; Chamani, Jamshidkhan; Sankian, Mojtaba

Journal: **International Immunopharmacology**

Year: 2017

Vol.: 48

No/Issue:

PP.: 118-125

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 3.118

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 1.051

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Allergen-specific sublingual immunotherapy (SLIT) is well known as an effective and non-invasive route to induce allergy desensitization. The goal of this study was to investigate whether a TAT-fused recombinant allergen could enhance SLIT efficacy. BALB/c mice sensitized to the main allergen (Che a 3) of *Chenopodium album* pollen were treated sublingually either with rChe a 3 (100 µg/dose) or rTAT-Che a 3 (100 µg/dose), two times per week for eight weeks. SLIT with rTAT-Che a 3 led to significantly greater allergen-specific IgG2a than rChe a 3; however, neither rTAT-Che a 3 nor rChe a 3 affected allergen-specific IgE or IgG1 antibody levels. In addition, interleukin 4 (IL-4) levels in re-stimulated splenocytes from the rTAT-Che a 3 mice were significantly lower than in those from the rChe a 3 mice, while interferon-gamma (IFN-γ) was significantly greater in the rChe a 3 mice than in the rTAT-Che a 3 mice. Furthermore, sublingual administration of rTAT-Che a 3 induced significantly greater TGF-β secretion in re-stimulated splenocytes than administration of rChe a 3. Accordingly, SLIT with rTAT-Che a 3 led to significantly greater expression of TGF-β- and Foxp3-specific mRNAs in the splenocytes than in those from the rChe a 3 mice. Our findings demonstrate that TAT-fused rChe a 3 suppressed the allergic response through preferential enhancement of systemic regulatory T-cell (Treg)-mediated immunity responses, likely by facilitating allergen capture and presentation by sublingual Langerhans-like dendritic cells.

Keywords: IgE, Recombinant allergen, Sublingual immunotherapy (SLIT), TAT protein transduction domain (TAT-PTD)

Article Code: 17023

Title: Development of an effective delivery system for intranasal immunization against *Mycobacterium tuberculosis* ESAT-6 antigenAuthor(s): Amini, Yousef; **Tebianian, Majid**; **Mosavari, Nader**; Ramandi, Mahdi Fasihi; Ebrahimi, Seyyid Mahmoud; Najminejad, Hamid; Dabaghian, Mehran; Abdollahpour, MeghdadJournal: **Artificial Cells, Nanomedicine and Biotechnology**

Year: 2017

Vol.: 45

No/Issue: 2

PP.: 291-296

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 2 IF: 3.026☒ Scopus Q: 2 SJR: 0.495☐ ISC Q: IF:☒ PubMed ☐ Others**Abstract:**

Introduction The early secreted antigenic target 6-kDa protein (ESAT-6) plays an important role in immune protection against Tuberculosis. Owing to its great potential to increase immune response, chitosan can be considered as a suitable biodegradable polymer for intranasal administration. **Methods** The physiochemical properties of the nanoparticle were measured in vitro. Two weeks after the last intranasal administration, blood samples were collected and specific IgG, IFN-gama, and IL-4 levels were measured by ELISA. **Results** Chitosan nanoparticles containing ESAT-6 demonstrated stronger ability to induce IFN-gama, IL-4, and IgG antibody level than the control groups. **Conclusion** Administration of chitosan nanoparticles can be a suitable method to induce more appropriate immune responses against low inherent immunogenic tuberculosis proteins through intranasal routs.

Keywords: Chitosan, cytokines, ESAT-6, immune responses, *Mycobacterium tuberculosis*

Article Code: 17024

Title: **A comparative study of inorganic elements in the blood of male and female Caspian pond turtles (*Mauremys caspica*) from the southern basin of the Caspian Sea**

Author(s): Adel, Milad; Cortes-Gomez, Adriana A.; **Dadar, Maryam**; Riyahi, Hossein; Girondot, Marc

Journal: **Environmental Science and Pollution Research**

Year: 2017

Vol.: 24

No/Issue: 32

PP.: 24965-24979

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 2.800

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.858

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Due to their bioaccumulation and biomagnification pathways, inorganic elements can accumulate in high-level aquatic organisms in the food web. Then, this species can be used to monitor the quality of the environment. Blood concentration of nine inorganic elements, including possible toxic metals (An, Cu, Mn, Se, As, Ni, Cd, Pb, and Hg), in 20 males and 20 females from eight different locations with high industry and agriculture activities in Iran were evaluated in this work. Additionally, size, sex, condition index, and locations were also included and analyzed. Among the essential elements, Zn and Se presented very high concentrations (56.14 ± 2.66 and $8.44 \pm 0.77 \mu\text{g/g ww}$, respectively) in all locations. Regarding possible toxic elements, Pb and Cd presented concerning concentrations as well (0.52 and $0.58 \mu\text{g/g ww}$); this is especially true for Pb, an element found in very high concentrations in tissues of turtles from the same area in a previous study. The sex and the size of the individuals also had significant differences in concentration of Pb, Cd, As, and Hg.

Keywords: Blood, Caspian pond turtle, Inorganic elements

Article Code: 17025

Title: Effect of Potential Probiotic *Lactococcus lactis* Subsp *lactis* on Growth Performance, Intestinal Microbiota, Digestive Enzyme Activities, and Disease Resistance of *Litopenaeus vannamei*

Author(s): Adel, Milad; El-Sayed, Abdel-Fattah M.; Yeganeh, Sakineh; **Dadar, Maryam**; Giri, Sib Sankar

Journal: **Probiotics and Antimicrobial Proteins**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 2

PP.: 150-156

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 2.345

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.692

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The aims of this study were to evaluate the effects of *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* on the growth, intestinal microbiota, digestive enzyme activity, and disease resistance of *Litopenaeus vannamei*. Diets containing four different concentrations of *L. lactis* (0 [basal diet], 106, 107, and 108 CFU g⁽⁻¹⁾) were fed to white shrimps *L. vannamei* (average weight 5.89 +/- 0.36 g) for 8 weeks. At the end of the feeding trial, shrimps were immersed in Caspian Seawater (10.8 ppt) contaminated with 106 CFU ml⁽⁻¹⁾ pathogenic *V. anguillarum* for 2 h. Results revealed that growth rate, survival, and body protein level were increased with dietary supplementation of *L. lactis*. The activities of digestive enzymes (cellulose, lipase, amylase, and protease) were significantly higher in the groups fed with diets containing 10(7) or 10(8) CFU g⁽⁻¹⁾ *L. lactis* than those in the control. The *Lactobacillus* and *Bacillus* counts were higher ($P < 0.05$) in the intestine of shrimps fed with *L. lactis*-supplemented diets. In addition, higher level of *L. lactis* supplementation decreased the *Vibrio* counts. Moreover, *L. vannamei* fed diet supplemented with 108 CFU g⁽⁻¹⁾ of *L. lactis* exhibited significantly the highest hematocyte count and post-challenge survival rate (79.2 %). Collectively, these results suggest that dietary supplementation of *L. lactis* subsp. *lactis* at 108 CFU g⁽⁻¹⁾ can promote growth performance, digestive enzyme activity, and disease resistance of *L. vannamei*.

Keywords: Digestive enzyme, Disease resistance, Growth performance, Intestinal microbiota, *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*

Article Code: 17026

Title: *Mycobacterium avium* subsp *paratuberculosis* and associated risk factors for inflammatory bowel disease in Iranian patients

Author(s): Zamani, Samin; Zali, Mohammad Reza; Aghdaei, Hamid Asadzadeh; Sechi, Leonardo Antonio; Niegowska, Magdalena; Caggiu, Elisa; **Keshavarz, Rouhollah; Mosavari, Nader; Feizabadi, Mohammad Mehdi**

Journal: **Gut Pathogens**

Year: 2017 Vol.: 9 No/Issue: -- PP.: --

Indexed in: <input checked="" type="checkbox"/> ISI Web of Science	Q: 2	IF: 2.134
<input checked="" type="checkbox"/> Scopus	Q: 2	SJR: 1.066
<input type="checkbox"/> ISC	Q:	IF:
<input checked="" type="checkbox"/> PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Background: Inflammatory bowel disease (IBD) is described as a relapsing condition with high morbidity and uncertain complex pathogenesis. The association of *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* (MAP) with Crohn's disease (CD) in human has been debated for decades, however there is no confirmed data to verify such relations in Iran. The aim of this study was to investigate risk factors and a possible role of MAP in Iranian patients with CD.

Methods: Anti-MAP antibodies were detected in serum of IBD patients and subjects without IBD (nIBD) through ELISA; MAP DNA and viable MAP cells were identified in patients' biopsies through nested PCR and direct culture methods, respectively. Principal component analysis (PCA) was used to investigate the risk factors in relation to IBD and MAP infection.

Results: Positivity for IS900 PCR was detected in 64% (n = 18) of CD, 33% (n = 10) of ulcerative colitis (UC) and 9.7% (n = 6) of nIBD samples. Live MAP cells were isolated from biopsies of 2 CD patients only. Among 28 patients with CD, 46% (n = 13) and 39% (n = 11) were positive for antibodies against MAP3865c(133-141) and MAP3865c(125-133) peptides, respectively, whereas much lower seroreactivity was detected in UC subjects accounting for 3% (n = 1) for MAP3865c(133-141) and 16.7% (n = 5) for MAP3865c(125-133). A high immune reactivity to MAP epitopes among CD patients was positively correlated with consumption of fast food meals and IBD familiarity. For both CD and UC, breastfeeding period and consumption of fruit/vegetables presented negative correlation with the presence of antiMAP antibodies.

Conclusions: This study provided evidences that high prevalence of MAP DNA and anti-MAP antibodies in CD patients is significantly associated with the development of CD. Despite the role of several factors contributing to IBD, the presence of MAP DNA and anti-MAP antibodies in Iranian CD patients highlights a possible transmission of MAP from animal-derived products to humans.

Keywords: Crohn's disease, ELISA, IS900 nested PCR, Inflammatory bowel disease, Iran, *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*

Article Code: 17027

Title: **Embryonated pigeon eggs as a model to investigate *Neospora caninum* infection**Author(s): Bahrami, Somayeh; Rezaie, Annahita; Boroomand, Zahra; **Namavari, Mohammad Mehdi**; Ghavami, SepidehJournal: **Laboratory Animals**

Year: 2017

Vol.: 51

No/Issue: 2

PP.: 191-203

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 1.450

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.297

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

It has been shown that embryonated chicken eggs can be used as animal models for experimental infections. The aim of the present study was to investigate pigeon embryonated eggs as animal models for experimental neosporosis. An infection with *Neospora caninum* Nc1 isolate was conducted in chicken and pigeon embryonated eggs to evaluate LD50. After calculation of LD50, 2LD50 of tachyzoites were injected into the eggs. Macroscopic changes of each embryo were observed, and immunohistochemistry (IHC) and molecular methods were used to investigate the parasitic distribution in the tissues. In the present study, histopathological changes were considered, and sections of those used for histopathological examination including the heart, liver, brain and chorioallantoic (CA) membrane were also subjected to IHC. Pigeon embryos showed more macroscopic changes than chicken embryos. A hemorrhage of the CA membrane was the main gross lesion. Microscopic examination of tissues revealed acute neosporosis due to hemorrhage, necrosis and infiltration of mononuclear inflammatory cells. Based on IHC and molecular results, the parasite DNA was detected in the liver, heart and CA membrane. As with chicken embryonated eggs, these results reinforce the susceptibility of pigeon embryonated eggs to *N. caninum*, and provide new insights into using an inexpensive and available animal model for *N. caninum* research. The results of the present study suggest that pigeon embryos may be a good choice for studying the biology of *N. caninum* in living organisms.

Keywords: Chicken embryonated egg, *Neospora caninum*, Pigeon embryonated egg

Article Code: 17028

Title: Association between Poultry Density and Salmonella Infection in Commercial Laying Flocks in Iran using a Kernel Density

Author(s): Ansari, Fereshteh; Pourjafar, Hadi; Bokaie, Saeed; Peighambari, Seyed Mostafa; Mahmoudi, Mahmood; **Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein**; Tehrani, Farshad; Rajab, Abolfazl; Ghafouri, Seyed Ali; Shabani, Maryam

Journal: **Pakistan Veterinary Journal**

Year: 2017

Vol.: 37

No/Issue: 3

PP.: 299-304

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 1.217

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.365

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.519

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Salmonellosis in laying flocks is one of the major health concerns worldwide and the size of the flock has been introduced as an important risk-factor associated with increased risk of Salmonella. In this study a total of 113 holdings was selected using simple random sampling, stratified by active layer holdings in each province of Iran. Two pooled fecal samples were obtained from each flock of holding and information of sampled holdings was acquired from Geographic Information System (GIS). The prevalence of Salmonella contamination in laying hen holdings was 3.5% and the risk of Salmonella contamination was associated with the size of the poultryholding (OR=5.6; CI95%= 1.35, 23.57; P=0.018). None of the positive farms were in high density surface at farm level. Two of the positive farms were at the density surface of more than 13 flocks per square kilometer and all the positive farms were in the regions with poultry density of more than 319,000 per square kilometer. According statistical and spatial analysis keeping large number of poultries in a certain area is an important risk factor for Salmonella contamination.

Keywords: Kernel density, Laying farms, Salmonella infection, Spatial analysis

Article Code: 17029

Title: Annual activity pattern of *Pseudocerastes urarachnoides* BOSTANCHI, ANDERSON, KAMI & PAPENFUSS, 2006, with notes on its natural history (Squamata: Serpentes: Viperidae)

Author(s): Fathinia, Behzad; Rastegar-Pouyani, Nasrullah; Rastegar-Pouyani, Eskandar; **Todehdehghan, Fatemeh**; Mansouri, Mahmood

Journal: Herpetozoa

Year: 2017

Vol.: 29

No/Issue: 3-4

PP.: 135-142

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 2 IF: 1.125

☐ Scopus Q: SJR:

☐ ISC Q: IF:

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

The Spider-tailed Viper, *Pseudocerastes urarachnoides* BOSTANCHI, ANDERSON, KAMI & PAPENFUSS, 2006, is an endemic snake of western Iran that uses an elaborate caudal structure for luring avian prey. As many as 30 individuals of *P. urarachnoides* were detected in the field, their habitat associations were revealed and the annual activity pattern of 10 individuals was monitored for 13 months. The annual above-ground activity of this viper begins with the emergence from hibernation in early April and ends with the entry into the hibernaculum in late November. The activity pattern is bimodal with peaks in spring and late summer / early autumn. For ambush, *P. urarachnoides* favors the concealment by trees over bushes; it prefers ambushing in holes of steep slopes, such as vertical limestone rocks, to flat substrates. Above-ground presence is significantly correlated with temperature and humidity only during some months. These findings contribute fundamental knowledge for future biological and ecological studies, such as population estimation, conservation programs, tourism, and habitat management decisions.

Keywords: squamata, serpentes, Viperidae, *Pseudocerastes urarachnoides*, ecology, behavior, annual activity pattern, natural history, habitat, Zagros mountains, iran

Article Code: 17030

Title: **Identification and phylogenetic analysis of contagious ecthyma virus from camels (*Camelus dromedarius*) in Iran**

Author(s): Oryan, Ahmad; Mosadeghhesari, Mahboobe; **Zibae, Saeid**; Mohammadi, Ali

Journal: **Onderstepoort Journal of Veterinary Research**

Year: 2017

Vol.: 84

No/Issue: 1

PP.: --

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 1.017

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.473

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Contagious ecthyma is a highly contagious disease affecting domestic and wild ruminants such as sheep, goats and camels. The identification and characterisation of a parapoxvirus (PPV) infecting camels is described here. The virus was detected in dromedary camels (*Camelus dromedarius*) from Kerman and Shiraz in Iran. PPV-specific amplification by polymerase chain reaction (PCR) further confirmed that the disease was associated with PPV infection. Phylogenetic analysis of ORF011 (B2L) gene sequences showed 99.79% and 82.13% similarity of the PPV identified in this study with the Jodhpur isolate and the bovine papular stomatitis virus (BPSV) isolates (CE41), respectively. Moreover, phylogenetic analysis of the ORF045 gene indicated that the Shiraz sample was in all probability closely related to VR634 and to F00.120R and PCPV776. In conclusion, the results suggest that camel PPV (CPPV) is a likely cause of contagious ecthyma in dromedary camels in Iran.

Keywords: Camel Parapoxvirus, Orf virus, ORF011 gene, ORF045 gene, Phylogenetic analysis, Real-time PCR

Article Code: 17031

Title: Clade 2.3.4.4 avian influenza A (H5N8) outbreak in commercial poultry, Iran, 2016: the first report and update dataAuthor(s): Ghafouri, Seyed Ali; GhalyanchiLangeroudi, Arash; Maghsoudloo, Hossein; Farahani, Reza K.H.; Abdollahi, Hamed; Tehrani, Farshad; **Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein**Journal: **Tropical Animal Health and Production**

Year: 2017

Vol.: 49

No/Issue: 5

PP.: 1089-1093

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 2 IF: 0.975☒ Scopus Q: 2 SJR: 0.511☐ ISC Q: IF:☒ PubMed ☐ Others**Abstract:**

In 2010, H5N8 highly pathogenic avian influenza (HPAI) viruses of the A/Goose/Guangdong/1/1996 lineage dramatically affected poultry and wild birds in Asia, Europe, and North America. In November 2016, HPAI H5N8 was detected in a commercial layer farm in Tehran province. The diagnosis was based on real-time reverse transcriptase PCR (RRT-PCR) and sequencing of haemagglutinin (HA) and neuraminidase (NA) genes from suspected samples. Genetic and phylogenetic analysis of the HA gene demonstrated that the Iranian HPAI H5N8 viruses belong to the HPAI H5 virus clade 2.3.4.4 and cluster within group B (Gochang-like). In particular, the highest similarity was found with the sequences of the HPAI H5N8 identified in Russia in 2016. To our knowledge, this clade has not been previously detected in Iran. Previous HPAI A (H5) epidemic in Iran occurred in 2015 and involved exclusively viruses of clade 2.3.2.1c. These findings indicate that Iran is at high risk of introduction of HPAI H5 of the A/Goose/Guangdong/1/1996 lineage from East Asia and highlight the need to maintain adequate monitoring activities in target wild and domestic bird species for HPAI early detection. This study is useful for better understanding the genetic and antigenic evolution of H5 HPAI viruses in the region and the world.

Keywords: Avian influenza, H5N8, Haemagglutinin, Iran, Molecular characterization, Neuraminidase

Article Code: 17032

Title: **Comparison of rapid diagnostic tests to detect Mycobacterium avium subsp paratuberculosis disseminated infection in bovine liver**

Author(s): Zarei, Mehdi; Ghorbanpour, Masoud; Tajbakhsh, Samaneh; **Mosavari, Nader**

Journal: **Tropical Animal Health And Production**

Year: 2017

Vol.: 49

No/Issue: 6

PP.: 1195-1200

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 0.975

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.511

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis (MAP) causes Johne's disease, a chronic enteritis in cattle and other domestic and wild ruminants. The presence of MAP in tissues other than intestines and associated lymph nodes, such as meat and liver, is a potential public health concern. In the present study, the relationship between the results of rapid diagnostic tests of the Johne's disease, such as serum ELISA, rectal scraping PCR, and acid-fast staining, and the presence of MAP in liver was evaluated. Blood, liver, and rectal scraping samples were collected from 200 slaughtered cattle with unknown Johne's disease status. ELISA was performed to determine the MAP antibody activity in the serum. Acid-fast staining was performed on rectal scraping samples, and PCR was performed on rectal scraping and liver samples. PCR-positive liver samples were used for mycobacterial culture. Overall, the results of this study demonstrated that MAP can be detected and cultured from liver of slaughtered cattle and rapid diagnostic tests of Johne's disease have limited value in detecting cattle with MAP infection in liver. These findings show that the presence of MAP in liver tissue may occur in cows with negative results for rapid diagnostic tests and vice versa. Hence, liver might represent another possible risk of human exposure to MAP. Given concerns about a potential zoonotic role for MAP, these results show the necessity to find new methods for detecting cattle with MAP disseminated infection.

Keywords: Disseminated infection, Johne's disease, Liver, Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis

Article Code: 17033

Title: Genotypic analysis of virulence genes and antimicrobial profile of diarrheagenic Escherichia coli isolated from diseased lambs in Iran

Author(s): Ghanbarpour, Reza; Askari, Nasrin; Ghorbanpour, Masoud; **Tahamtan, Yahya**; Mashayekhi, Khoobyar; Afsharipour, Narjes; Darijani, Nasim

Journal: **Tropical Animal Health and Production**

Year: 2017

Vol.: 49

No/Issue: 3

PP.: 591-597

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 2

IF: 0.975

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.511

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The aim of the present study was to determine the analysis of virulence genes and antimicrobial profile of diarrheagenic Escherichia coli isolated from diseased lambs. Two hundred ninety E. coli isolates were recovered from 300 rectal swabs of diarrheic lambs and were confirmed by biochemical tests. The pathotype determination was done according to the presence of genes including f5, f41, LTI, STI, bfp, ipaH, stx (1), stx (2), eae, ehlyA, cnf (1), cnf (2), cdIII, cdIV, and f17 by PCR method. Sixty-six isolates (23.72%) possessed the STI gene and categorized into enterotoxigenic E. coli (ETEC). Nine isolates (3.1%) and five isolates (1.72%) were positive for the cnf1 and cnf2 genes which categorized into necrotoxic E. coli (NTEC). Hundred and seventeen isolates (40.34%) harbored stx (1) and/or stx (2) and classified as Shiga toxin-producing E. coli (STEC). Thirteen isolates (4.48%) were assigned to atypical enteropathogenic E. coli (aEPEC) and possessed eae gene. Two isolates (0.68%) were positive for ipaH gene and were assigned to enteroinvasive E. coli (EIEC). Statistical analysis showed a specific association between eae gene and STEC pathotype ($P < 0.0001$). The most prevalent resistance was observed against lincomycin (96.5%) and the lowest resistance was against kanamycine (56.02%), respectively. The high prevalence of STEC and ETEC indicates that diarrheic lambs represent an important reservoir for humans. ETEC may play an important role for frequent occurrence of diarrhea in lambs observed in this region. Due to high antibiotic resistance, appropriate control should be implemented in veterinary medicine to curb the development of novel resistant isolates.

Keywords: Antibiotic resistance, Diarrheic lambs, Escherichia coli, Virulence genes

Article Code: 17034

Title: Transient Expression of HA1 Antigen of H5N1 Influenza Virus in Tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) via Agro-infiltration

Author(s): Farsad, A. S.; Malekzadeh-Shafaroudi, S.; Moshtaghi, N.; Fotouhi, F.; Zibae, Saeid

Journal: **Journal of Agricultural Science and Technology**

Year: 2017

Vol.: 19

No/Issue: 2

PP.: 439-451

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 2	IF: 0.890
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.468
■ ISC	Q: 1	IF: 0.373
□ PubMed	□ Others	

Abstract:

The influenza A virus is of global concern for the poultry industry, especially the H5 subtype as it has the potential to become highly pathogenic for poultry and mankind. Recently, plant expression systems have gained interest as an alternative for the production of vaccine antigens. The goal of the present study was to investigate the possibility of expressing the HA1 protein in *Nicotiana tabacum* via agroinfiltration. In this study, the Hemagglutinin type 1 (HA1) of a high pathogenic avian influenza virus of the H5N1 subtype was synthesized and transiently expressed in *Nicotiana tabacum*. To examine the possibility of expressing the HA1 protein in *N. tabacum*, a cDNA fragment encoding the HA1 gene was synthesized de novo, modified with a Kozak sequence, a C-terminal hexa-Histidine (6His) tag, and an endoplasmic retention signal (KDEL). The construct was cloned into vector and the resulting - HA1 plasmid was agro-infiltrated into *N. tabacum*. The relative gene expression of recombinant plant-produced HA1 was measured by quantitative real-time PCR. Guided by the gene expression profile, HA1 protein was extracted at 3 dpi and subsequently purified utilizing the 6His tag. A recombinant HA1 protein was immunogenically detected by conjugated polyhistidine antibody in western blot, dot blot and ELISA assay. In order to verify the right conformation of HA1 produced in plants, western blot was also done using mouse monoclonal anti-influenza A virus (H5N1/HA1) [2B7]. The results of Real Time PCR assay indicated that the foreign gene was transcribed in transfected leaves. Migration size of protein was detected at 45 kD by Western blotting and demonstrated no discrepancy compared to the positive control (HA1). ELISA results showed that the HA1 was expressed in the transfected leaves in high level as the yield of recombinant protein was 8.8 % of TSP and the yield of purified HA1 was 0.16 g purified protein per kg fresh weight of leaves. This is the first research about the transient expression of the tobacco-made HA1 protein where a synthetic sequence was used for its expression. Here, the efficacy of agro-infiltration for expression of HA1 antigen in tobacco was illustrated. Agro-infiltration expedites the process of recombinant antigens expression in plant tissues. Accordingly, our results provide great opportunity for the exploration of transiently plant-manufactured HA1 as vaccine candidate.

Keywords: Avian influenza, Gene expression, Plant-manufactured HA1, Recombinant protein

Article Code: 17035

Title: **Identification of novel Newcastle disease virus sub-genotype VII-(j) based on the fusion protein**Author(s): **Esmaelizad, Majid; Mayahi, Vafa; Pashaei, Maryam; Goudarzi, Hossein**Journal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 4

PP.: 971-978

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.973

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Newcastle disease virus (NDV) is believed to be the cause of fatal poultry disease worldwide. The fusion (F) protein plays a key role in virus pathogenesis, and it is also used for Newcastle disease virus classification. In this study, we determined the complete coding sequence of the F gene in new velogenic NDV isolates with an intravenous pathogenicity index (IVPI) of 1.8 and a mean death time (MDT) of 72 or 48 h. Complete sequences of the F genes of new Iranian isolates were amplified and sequenced in both directions. These isolates were compared to 195 nucleotide sequences from GenBank (available as of 07/17/2016). A phylogenetic tree was constructed for the F gene, using MEGA6 software with statistical analysis based on 500 bootstrap replicates. Evolutionary distances revealed that the new virulent isolates from Iran belonged to genotype VII in a new distinct sub-genotype named VII-(j). This new sub-genotype showed 3% divergence from genotype VIId. Recombination analysis showed that these new isolates were not recombinant NDVs.

Keywords: virus fusion protein, animal, bird disease, chicken, classification, genetics, genotype, Iran, isolation and purification, Newcastle disease, Newcastle disease virus, phylogeny, virology, Animals, Chickens, Genotype, Iran, Newcastle Disease, Newcastle disease virus, Phylogeny, Poultry Diseases, Viral Fusion Proteins

Article Code: 17036

Title: **Molecular evolution and epidemiological links study of Newcastle disease virus isolates from 1995 to 2016 in Iran**

Author(s): Mayahi, Vafa; Esmaelizad, Majid

Journal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 12

PP.: 3727-3743

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.973

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

In the case of Newcastle disease virus, multiple factors such as host adaptation, immune response evasion, and selective pressures have been suggested to result in evolution of viruses and the emergence of genetic variants. Multiple studies on virus classification and global epidemiological links have yielded consistent data. Here, we have performed a molecular analysis study of circulating Newcastle disease viruses in Iran (1995-2016). According to evolutionary divergences, subgenotype VIg, VIj, VIIj, VIId, XIIIa and XIIId isolates have been circulating in the country during a 21-year period. Based on data analysis, VIg isolates shared highest sequence identity with Russian and Polish isolates of the VIg subgenotype, while VIj subgenotype isolates (2012) were most similar to a virus isolated in 2015 in India. Analysis of the evolutionary divergence of subgenotype VIIj suggests that Chinese and Ukrainian viruses may have played a crucial role in the emergence of VIIj isolates. Evolutionary difference studies also indicated that XIIIa isolates circulating in Iran may have caused the emergence of adapted variants of subgenotype XIIId. Therefore, we propose that the evolutionary and epidemiological study of virulent Newcastle disease viruses could help to provide accurate molecular data about variants circulating in the region, thus aiding in the design of more efficient recombinant vaccine.

Keywords: animal, classification, genetic variation, genetics, genotype, Iran, isolation and purification, molecular epidemiology, molecular evolution, Newcastle disease, Newcastle disease virus, phylogeny, poultry, sequence homology, virology, Animals, Evolution, Molecular, Genetic Variation, Genotype, Iran, Molecular Epidemiology, Newcastle Disease, Newcastle disease virus, Phylogeny, Poultry, Sequence Homology

Article Code: 17037

Title: **Rescue of recombinant Newcastle disease virus: a short history of how it all started**Author(s): **Molouki, Aidin**; Peeters, BenJournal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 7

PP.: 1845-1854

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.973

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Reverse genetics of viruses has come a long way, and many recombinant viruses have been generated since the first successful "rescues" were reported in the late 1970s. Recombinant Newcastle disease virus (rNDV), a non-segmented negative-sense RNA virus (NSNSV), was first rescued in 1999 using a reverse genetics approach similar to that reported for other recombinant viruses of the order Mononegavirales a few years before. The route from an original NDV isolate to the generation of its recombinant counterpart requires many steps that have to be sequentially and carefully completed. Background knowledge of each of these steps is essential because it allows one to make the best choices for fulfilling the specific requirements of the final recombinant virus. We have previously reviewed the latest strategies in cloning the NDV full-length cDNA into transcription vectors and the use of different RNA polymerase systems for the generation of viral RNA from plasmid DNA. In this article, we review a number of discoveries on the mechanism of transcription and replication of NDV, including a brief history behind the discovery of its RNP complex. This includes the generation of artificial and functional RNP constructs, in combination with the smart use of available knowledge and technologies that ultimately resulted in rescue of the first rNDV.

Keywords: virus RNA, genetic recombination, genetics, Newcastle disease virus, procedures, reverse genetics, Newcastle disease virus, Recombination, Genetic, Reverse Genetics, RNA, Viral

Article Code: 17038

Title: **Rescue of recombinant Newcastle disease virus: current cloning strategies and RNA polymerase provision systems**

Author(s): Molouki, Aidin; Peeters, Ben

Journal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 1

PP.: 1-12

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :3

IF :2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR :0.973

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Since the first rescue of a recombinant Newcastle disease virus (rNDV) in the late 1990s, many more rNDVs have been rescued by researchers around the world. Regardless of methodology, the main principle behind rescue of the virus has remained the same, i.e., the formation of a functional replication complex by simultaneously providing the full-length viral RNA and the viral NP, P and L proteins. However, different strategies have been reported for the insertion of the full-length genome into a suitable transcription vector, which remains the most challenging step of the rescue. Moreover, several systems have been published for provision of the DNA-dependent RNA polymerase, which is needed for transcription of viral RNA (vRNA) from the transfected plasmid DNA. The aim of this article is to consolidate all of the current cDNA assembly strategies and transcription systems used in rescue of rNDV in order to attain a better understanding of the advantages and disadvantages of each approach.

Keywords: genetic recombination, genetics, Newcastle disease virus, physiology, procedures, reverse

Article Code: 17039

Title: Trace element concentration and its risk assessment in common kilka (*Clupeonella cultriventris caspia Bordin, 1904*) from southern basin of Caspian Sea

Author(s): Dadar, Maryam; Adel, Milad; Saravi, Hasan Nasrollahzadeh; Fakhri, Yadolah

Journal: Toxin Reviews

Year: 2017

Vol.: 36

No/Issue: 3

PP.: 222-227

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.887

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.424

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

This study evaluated the extent of metal levels of zinc (Zn), copper (Cu), manganese (Mn), chromium (Cr), nickel (Ni), lead (Pb), cadmium (Cd), and mercury (Hg) in edible muscles of common kilka at Babolsar and Amirabad coastal regions from the southern basin of Caspian Sea. These values were compared with the WHO and the UNFAO safety standards regarding the amount of the abovementioned heavy metals in fish tissues (mg/kg w.w.). Results showed that Zn concentrations were highest among the trace elements examined, while concentrations of Hg were generally the lowest in the analyzed tissues. In the other hand, the accumulation of these elements was not significantly different between coastal regions ($p>0.05$). While accumulation of Cu and Mn at edible muscles of *Clupeonella cultriventris* were significant difference between two coastal regions ($p<0.05$). The distribution patterns of trace element concentration follows the order: $Zn>Cu>Cr>Cd>Ni>Mn>Pb>Hg$. Furthermore, Pearson correlation revealed that Zn, Cu, Mn, Ni, Cr, Pb, Cd and Hg in edible muscles of *C. cultriventris* were not significantly correlated in length ($R^2<0.50$; $p>0.05$), but it was significantly correlated in weight ($p<0.05$). The calculated target hazard quotients (THQ) of all trace elements were less than 1. Consequently, there was no obvious public risk from the intake of these trace elements through *C. cultriventris* consumption.

Keywords: bioaccumulation, *Clupeonella cultriventris*, EDI, risk assessment, THQ, trace metals

Article Code: 17040

Title: **A comparison of methods for extracting plasmids from a difficult to lyse bacterium: *Lactobacillus casei***

Author(s): **Alimolaei, Mojtaba; Golchin, Mehdi**

Journal: **Biologicals**

Year: 2017

Vol.: 45

No/Issue: --

PP.: 47-51

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.872

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.121

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

There are few practical protocols to extract efficient plasmid DNA from the difficult-to-lyse bacterium, *Lactobacillus casei*. This is related to production of a large amount of exopolysaccharide coat and its special physiological characteristics. In this study, we optimized a protocol to extract efficient plasmid DNA from a recombinant *L. casei* strain. Different extraction methods were evaluated in three classes of conventional, kit-based, and combined protocols. The quantity and quality of the extracted plasmid DNA were determined by spectrophotometry, agarose gel electrophoresis, and PCR. Results revealed that the yield of the extracted plasmids differed for each protocol and conventional protocols showed higher plasmid yields. We suggested an effective, inexpensive protocol to extract plasmid DNA from the recombinant *L. casei* for downstream biological processes.

Keywords: Extraction, *Lactobacillus casei*, PCR, Plasmid

Article Code: 17041

Title: **Improvement influenza HA2 DNA vaccine cellular and humoral immune responses with Mx bio adjuvant**Author(s): **Soleimani, Sina; Shahsavandi, Shahla**; Maddadgar, OmidJournal: **Biologicals**

Year: 2017

Vol.: 46

No/Issue: --

PP.: 6-10

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.872

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.636

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Immunization with DNA vaccines as a novel alternative to conventional vaccination strategy requires adjuvant for improving vaccine efficacy. The conserved immunogenic HA2 subunit, which harbors neutralizing epitopes is a promising vaccine candidate against influenza viruses. In this study, for the first time we explore the idea of using host interferon inducible Mx protein to increase the immunogenicity of HA2 H9N2 influenza DNA vaccine. The potency and safety of the Mx adjuvanted-HA2 vaccine was evaluated in BALB/c mice by different prime-boost strategies. To assess the effect of the vaccination on the virus clearance rate, mice were challenged with homologous influenza virus. Administration of the adjuvanted vaccine and boosting with the same regimen could effectively enhance both humoral and cellular immune responses in treated mice. These data demonstrated that Mx as host defense peptide can be potentiated for improving influenza vaccine efficacy.

Keywords: Bio adjuvant, HA2 subunit, Immune responses, Influenza, Mx

Article Code: 17042

Title: **Cell-Mediated and Humoral Immune Responses to Bordetella pertussis Inactivated Whole-Cells Encapsulated Alginate Microspheres as a New Vaccine Candidate**

Author(s): **Mohammadpour Dounighi, Naser; Shahcheraghi, Fereshteh; Razzaghi-Abyaneh, Mehdi; Nofeli, Mojtaba; Zolfagharian, Hossein**

Journal: **Current Pharmaceutical Biotechnology**

Year: 2017

Vol.: 18

No/Issue: 7

PP.: 585-593

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 3	IF: 1.819
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.574
■ ISC	Q: 3	IF: 0.131
■ PubMed	□ Others	

Abstract:

Background: Effectiveness of the whole-cell pertussis vaccine is apparent, but improvement in the quality of the vaccine is necessary to achieve strong immunogenicity with a low bacterial number content.

Method: Inactivated Bordetella pertussis (B. pertussis) cells entrapped microspheres were prepared via an emulsification method and analyzed for morphology, size, size distribution, loading efficiency, loading capacity, release kinetic, in vivo cytokines and antigen specific antibody subclasses.

Results: Bordetella pertussis encapsulated microspheres exhibited a smooth surface and spherical shape, mean particle size 151.1 μ m, size distribution index 0.43, loading efficiency 89.6%, loading capacity 36.3% and release kinetic similar to the Korsmeyer-Peppas model. Splenocytes of animals immunized with new microsphere-based whole-cell vaccine produced greater quantities of IFN-gamma and higher amounts of IL-4 and IL-5 cytokines compared to conventional adjuvant-adsorbed vaccines. Conventional adjuvant-adsorbed vaccines produced smaller quantities of IL-4 and IL-5. Bordetella pertussis entrapped microspheres induced both cell-mediated and humoral antibody in mice, evidenced by high levels of IgG2a and IgG1. IgG2a levels in mice were enhanced using the common aluminum phosphate-adsorbed B. pertussis whole-cell vaccine, and IgG1 levels did not increase significantly. Bordetella pertussis entrapped microspheres and common B. pertussis whole-cell vaccine samples enhanced total IgG levels in mice; however, B. pertussis-entrapped microspheres produced significantly higher levels of total IgG than other test samples.

Conclusion: Encapsulation of inactive B. pertussis cells in microspheres appears to be a suitable approach for improving the wP vaccine quality, in particular by decreasing its toxicity to obtain good cell-mediated and humoral immunogenicity with a low bacterial number content.

Keywords: Alginate microspheres, Bordetella pertussis, Cytokines, Humoral immunity, Microparticle, Whole-cell vaccine

Article Code: 17043

Title: Determination of trace amounts of nystatin in water and vaccine samples using sodium dodecyl sulfate-coated iron oxide magnetic nanoparticles followed by high-performance liquid chromatography–ultraviolet detection

Author(s): Hematyar, M.; Es-haghi, Ali; Soleimani, M.; **Rezaei Mokarram, Ali**

Journal: **Journal of the Iranian Chemical Society**

Year: 2017

Vol.: 14

No/Issue: 22

PP.: 2665-2671

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.593

☒ Scopus Q: 3 SJR: 0.31

☒ ISC Q: 2 IF: 0.110

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

In this work, magnetic solid-phase extraction based on sodium dodecyl sulfate-coated Fe₃O₄ nanoparticles has been successfully applied for extraction and preconcentration of trace amounts of nystatin from water and vaccine samples prior to high-performance liquid chromatography–ultraviolet detection. Various experimental parameters affecting extraction and recovery of the analyte, such as the amount of sodium dodecyl sulfate, pH of the sample solution, salt concentration, extraction time, sample volume and desorption conditions, were systematically studied and optimized. Under optimized conditions, nystatin was quantitatively extracted. Proper linear range with good coefficient of determination, ($R^2 > 0.99$) and limit of detection and quantification (based on signal-to-noise ratios of 3 and 10) of 2.0 and 5.0 $\mu\text{g L}^{-1}$, over the investigated concentration range (5–700 $\mu\text{g L}^{-1}$), were obtained, respectively. The intra-day and inter-day relative standard deviations at 50 $\mu\text{g L}^{-1}$ level of NYS were 1.4 and 4.5% based on six replicate determinations. The accuracy of the method was evaluated by recovery measurements on spiked samples. Suitable recoveries of 96–102 and 26–44% were achieved (at spiked levels of 50, 300 and 500 $\mu\text{g L}^{-1}$) for water and vaccine samples, respectively.

Keywords: Magnetic solid-phase extraction, Mixed hemi/ad-micelles, Nystatin, Vaccine

Article Code: 17044

Title: Genotyping of Avian infectious bronchitis viruses in Iran (2015-2017) reveals domination of IS-1494 like virus

Author(s): Hamadan, Amir Modiri; Ghalyanchilangeroudi, Arash; Hashemzadeh, Masoud; Hosseini, Hossein; Karimi, Vahid; Yahyaraeyat, Ramak; Najafi, Hamideh

Journal: **Virus Research**

Year: 2017

Vol.: 240

No/Issue:

PP.: 101-106

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 5.636

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 2.262

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Avian infectious bronchitis virus (IBV) is causing major economic losses to the poultry industry. The analysis of the S1 gene has been used to determine IBV genotype. The aim of this study was genotyping of IBVs circulating among the Iranian broiler flocks in the period between 2015 to 2017. Trachea samples from 278 broiler flocks were collected from broiler farms in eight provinces of Iran. After Real-time RT-PCR, IBV-positive samples were further characterized based on Si gene. The results of the Real-time RT-PCR showed that 52.16% of flocks were IBV positive. Four genotypes were detected and the frequency of occurrence rates of IS-1494-like, 793/B, QX and Massachusetts IBV genotypes were 70.34%, 19.31%, 7.58% and 2.75%, respectively. Sequence analysis revealed that nucleotide identities within IS-1494-like group ranged between 98.86-100%, while each of the QX, Massachusetts and 793/B groups were 98.05-100%, 98.20-100% and 93.29-100% respectively. These results show that the IS-1494-like IBV is the dominant IBV genotype in Iran. Proper control strategies are essential to overcoming the high frequency of occurrence of IS-1494-like IBV. The phylogenetic relationship of the strains with respect to different sequences and geographical regions displayed complexity and diversity. Further studies are needed and should include the isolation and full-length molecular characterization of IBV in Iran.

Keywords: Avian infectious bronchitis, Genotyping, Iran, Phylogenetic analysis, Spike

Article Code: 17045

Title: Dietary sodium propionate affects mucosal immune parameters, growth and appetite related genes expression: Insights from zebrafish modelAuthor(s): Hoseinifar, Seyed Hossein; Safari, Roghieh; **Dadar, Maryam**Journal: **General and Comparative Endocrinology**

Year: 2017

Vol.: 243

No/Issue:

PP.: 78-83

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.564

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.101

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Propionate is a short-chain fatty acid (SCFA) that improves physiological and pathophysiological properties. However, there is limited information available about the effects of SCFAs on mucosal immune parameters as well as growth and appetite related genes expression. The aim of the present study was to evaluate the effect of sodium propionate (SP) intake on the mucosal immune parameters, growth and appetite related genes expression using zebrafish (*Danio rerio*) as model organism. Zebrafish fed control or diet supplemented with different levels (0.5, 1 and 2%) of SP for 8 weeks. At the end of feeding trial, the expression of the key genes related to growth and appetite (GH, IGF1, MYSTN and Ghrl) was evaluated. Also, mucosal immune parameters (Total Ig, lysozyme and protease activity) were studied in skin mucus of zebrafish. The results showed that dietary administration of SP significantly ($P < 0.05$) up regulated the expression of GH, IGF1 and down-regulated MYSTN gene. Also, feeding zebrafish with SP supplemented diet significantly increased appetite related gene expression ($P < 0.05$) with a more pronounced effect in higher inclusion levels. Compared with control group, the expression of appetite related gene (Ghrl) was remarkably ($P < 0.05$) higher in SP fed zebrafish. Also, elevated mucosal immune parameters was observed in zebrafish fed SP supplemented diet. The present results revealed beneficial effects of dietary SP on mucosal immune response and growth and appetite related genes expression. These results also highlighted the potential use of SP as additive in human diets.

Keywords: Appetite, Growth hormone, Mucosal immunity, Myostatin, Physiological response, Short-chain fatty acids

Article Code: 17046

Title: Effect of IL15 rs10833 and SCARB1 rs10846744 on virologic responses in chronic hepatitis C patients treated with pegylated interferon-alpha and ribavirin

Author(s): Sadeghi, Sahar; Davari, Mehdi; **Asli, Esmail**; Gharibzadeh, Safoora; Vaziri, Farzam; Jamnani, Fatemeh Rahimi; Fateh, Abolfazl; Siadat, Seyed Davar

Journal: **Gene**

Year: 2017

Vol.: 630

No/Issue: --

PP.: 28-34

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.498

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.019

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

The scavenger receptor type B class I (SCARB1) is known to be involved in the entry of hepatitis C virus (HCV) into the host, while interleukin-15 (IL15) is an important cytokine in both the innate and acquired immune responses against HCV infection. We investigated the association of IL15 rs10833 or SCARB1 rs10846744 polymorphisms with treatment responses in patients with chronic HCV (CHC). SCARB1 rs10846744 and IL15 rs10833 were identified in 365 treatment-naïve CHC patients through genotyping by TaqMan (R) Real-Time PCR and PCR-restriction fragment length polymorphism (RFLP), respectively. Of these 365 CHC treatment-naïve patients, rapid virological response (RVR), complete early virological response (cEVR), and sustained virological response (SVR) were observed in 53.2%, 76.4%, and 66.0% of the patients, respectively. Multivariate logistic regression analysis revealed that RVR was associated with sex ($P = 0.016$), aspartate aminotransferase (AST) ($P = 0.026$), IL15 rs10833 (AA) genotype ($P < 0.001$), and SCARB1 rs10846744 (CC) genotype ($P < 0.001$), while there was a relationship between alanine aminotransferase (ALT) ($P = 0.013$) and IL15 rs10833 (AA) genotype ($P < 0.001$) with cEVR. Age (< 40 years) ($P = 0.001$), AST ($P = 0.029$), ALP ($P = 0.028$), HCV genotypes ($P = 0.005$), HCV viral load ($P = 0.026$), IL15 rs10833 (AA) genotype ($P < 0.001$), and SCARB1 rs10846744 (CC) genotype ($P = 0.001$) were strongly associated with SVR. In conclusion, the SCARB1 rs10846744 (CC) and IL15 rs10833 (AA) genotypes can be considered as powerful predictors of treatment responses in CHC patients treated with an interferon-based therapy.

Keywords: Early virologic response, Interleukin-15, Rapid virologic response, Scavenger receptor type B class I, Sustained virologic response

Article Code: 17047

Title: **FAT4 hypermethylation and grade dependent downregulation in gastric adenocarcinoma**Author(s): Pilehchian Langroudi, Maryam; Nikbakhsh, Novin; Samadani, Ali Akbar; Fattahi, Sadegh; Taheri, Hassan; Shafaei, Shahryar; Amirbozorgi, Galia; **Pilehchian Langroudi, Reza;** Akhavan-Niaki, HalehJournal: **Journal of cell Communication and Signaling**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 1

PP.: 69-75

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 3 IF: 2.516☒ Scopus Q: 2 SJR: 0.836☐ ISC Q: IF:☒ PubMed ☐ Others**Abstract:**

Gastric cancer is one of the major causes of death due to cancer in the world. It is a multi-factorial disease with epigenetic factors being also involved in its development. FAT4 is a tumor suppressor gene exerting an important role in cell adhesion. This study aimed at analyzing FAT4 expression and promoter methylation in gastric cancer. FAT4 expression was studied in 30 tumoral tissues and their non-tumoral counterparts using Taqman real time PCR method. Promoter methylation was assessed using bisulfite conversion method followed by sequencing. Tumor tissues showed reduced FAT4 expression ($P = 0.04$). FAT4 downregulation was associated with tumor grade, with higher repression at advanced grades. Significant increase of promoter methylation was observed in tumoral tissues. Reduced expression of FAT4 and increased methylation of its promoter may be one of the effective processes in turning a healthy stomach tissue into a tumor tissue.

Keywords: FAT4, Gastric cancer, Gene expression, Promoter methylation

Article Code: 17048

Title: **Structural pierce into molecular mechanism underlying Clostridium perfringens Epsilon toxin function**

Author(s): Khalili, Saeed; Jahangiri, Abolfazl; Hashemi, Zahra Sadat; **Khalesi, Bahman**; Mard-Soltani, Maysam; Amani, Jafar

Journal: **Toxicon**

Year: 2017

Vol.: 127

No/Issue:

PP.: 90-99

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.352

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.692

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Epsilon toxin of the Clostridium perfringens garnered a lot of attention due to its potential for toxicity in humans, extreme potency for cytotoxicity in mice and lack of any approved therapeutics prescribed for human. However, the intricacies of the Epsilon toxin action mechanism are yet to be understood. In this regard, various in silico tools have been exploited to model and refine the 3D structure of the toxin and its two receptors. The receptor proteins were embedded into designed lipid membranes within an aqueous and ionized environment. Thereafter, the modeled structures subjected to series of consecutive molecular dynamics runs to achieve the most natural like coordination for each model. Ultimately, protein-protein interaction analyses were performed to understand the probable action mechanism. The obtained results successfully confirmed the accuracy of employed methods to achieve high quality models for the toxin and its receptors within their lipid bilayers. Molecular dynamics analyses lead the structures to a more native like coordination. Moreover, the results of previous empirical studies were confirmed, while new insights for action mechanisms including the detailed roles of Hepatitis A virus cellular receptor 1 (HAVCR1) and Myelin and lymphocyte protein (MAL) proteins were achieved. In light of previous and our observations, we suggested novel models which elucidated the existing interplay between potential players of Epsilon toxin action mechanism with detailed structural evidences. These models would pave the way to have more robust understanding of the Epsilon toxin biology, more precise vaccine construction and more successful drug (inhibitor) design.

Keywords: Clostridium perfringens, Epsilon toxin, Molecular dynamics, Protein docking, Structure modeling

Article Code: 17049

Title: **Bactericidal impact of Ag, ZnO and mixed AgZnO colloidal nanoparticles on H(37)Rv Mycobacterium tuberculosis phagocytized by THP-1 cell lines**

Author(s): Jafari, Alireza; **Mosavari, Nader**; Movahedzadeh, Farahnaz; Nodooshan, Saeedeh Jafari; Safarkar, Roya; Moro, Rossella; **Kamalzadeh, Morteza**; Majidpour, Ali; Boustanshenas, Mina; Mosavi, Tahereh

Journal: **Microbial Pathogenesis**

Year: 2017

Vol.: 110

No/Issue:

PP.: 335-344

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.332

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.751

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The purpose of this research project was to infection of human macrophages (THP-1) cell lines by H(37)Rv strain of Mycobacterium tuberculosis (H(37)RvMTB) and find out the ratio/dilution of mixture silver (Ag NPs) and zinc oxide nanoparticles (ZnO NPs) whose ability to eliminate phagocytized bacteria compared to rifampicin. The colloidal Ag NPs and ZnO NPs were synthesized and their characteristics were evaluated. The THP-1 cell lines were infected with different concentration of H(37)RvMTB. Next, the infected cells were treated with different ratios/dilutions of Ag NPs, ZnO NPs and rifampicin. The THP-1 were lysed and were cultured in Lowenstein-Jensen agar medium, for eight weeks. The TEM and AFM images of NPs and H37RvMTB were supplied. It is observed that Ag NPs, 2(Ag):8(zno) and 8(Ag):2(zno) did not have any anti tubercular effects on phagocytized H(37)RvMTB. Conversely, ZnO NPs somehow eliminated $18.7 \times 10(4)$ CFU ml⁻¹ of H(37)RvMTB in concentration of similar to 0.468 ppm. To compare with 40 ppm of rifampicin, similar to 0.663 ppm of 5(Ag):5(zno) had the ability to kill of H(37)RvMTB, too. Based on previous research, ZnO NPs had strong anti-tubercular impact against H37RvMTB to in -vitro condition, but it was toxic in concentration of similar to 0.468 ppm to both of THP-1 and normal lung (MRC-5) cell lines. It also seems that 5(Ag):5(zno) is justified because in concentration of similar to 0.663 ppm of 5(Ag):5(zno), phagocytized H(37)RvMTB into the THP-1 had died without any toxicity effects against THP-1 and also MRC-5 cell lines. It is obvious that the mixture of colloidal silver and zinc oxide NPs with ratio of 5(Ag):5(zno) would be trustworthy options as anti -tubercular nano-drugs in future researches.

Keywords: Antimicrobials, Cytotoxicity, Infection, Mycobacteria, Resistance

Article Code: 17050

Title: **In vitro evaluation of cross-strain inhibitory effects of IgY polyclonal antibody against H. pylori**

Author(s): Solhi, Roya; Alebouyeh, Masoud; **Khafri, Abolfazl**; Rezaeifard, Morteza; Aminian, Mandi

Journal: **Microbial Pathogenesis**

Year: 2017

Vol.: 110

No/Issue:

PP.: 682-687

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.332

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.751

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The present study aimed to evaluate in vitro cross-strain inhibitory effects of IgY polyclonal antibody on both growth and urease enzyme of four local strains of H. pylori. Leghorn chickens were immunized with whole cells of four different strains of H. pylori, separately. Rising of specific IgY was detected by ELISA. The IgY purified using polyethylene glycol method and the purity was evaluated by SDS-PAGE and Western blotting. Each strain was treated with its own-specific and also other strain-specific IgYs. The strain-specific IgY could inhibit the growth of specific strains by 49-72% and also other different strains of H. pylori by 29-86%. Our findings revealed that strain-specific IgY could inhibit urease activity of its own by 64-72% and other different strains by 49-79%. These findings confirmed strain-specific and also cross-strain inhibitory effects of the IgY polyclonal antibody on both growth and urease activity of H. pylori.

Keywords: Growth inhibition, H. pylori, IgY polyclonal antibody, Urease inhibition

Article Code: 17051

Title: **Co-circulation of three clusters of 793/B-like avian infectious bronchitis virus genotypes in Iranian chicken flocks**

Author(s): Kalokhoran, Ali Yousefzadeh; Ghalyanchilangeroudi, Arash; Hosseini, Hossein; Madadgar, Omid; Karimi, Vahid; **Hashemzadeh, Masoud**; Hesari, Parvaneh; Petroudi, Mohammad Taha Zabihi; Najafi, Hamideh

Journal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 11

PP.: 3183-3189

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.973

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Avian infectious bronchitis (IB) is an acute and highly contagious viral disease causing severe economic losses in the poultry industry. The 793/B IB virus is an important infectious bronchitis virus (IBV) genotype currently circulating in several countries, including Iran. One hundred confirmed IBV samples (between 2014 and 2015; from 15 provinces in Iran) were selected for genotyping based on S1 sequencing. After phylogenetic analysis, it was found that 30% of the IBV isolates belonged to the 793/B genotype. Results showed that the Iranian 793/B-like IBV isolates could be divided in to three clusters: 4/91-like (50%), 1/96-like (40%), and IB88-like (10%). The sequence similarity between Iranian 793/B-like IBV isolates is 87.69%-100%. The highest identity is between the 4/91 and IB88 clusters (96.38%), and the lowest similarity is between the 1/96 and IB88 clusters (87.62%). This study provides a comprehensive analysis of 793/B-type IBV in Iran and characterization of IBV molecular epidemiology in the country.

Keywords: Avian infectious bronchitis virus, Genotyping, Iran, Phylogenetic analysis

Article Code: 17052

Title: **Phylogenetic analysis of H9N2 avian influenza viruses in Afghanistan (2016-2017)**

Author(s): Hosseini, Hossein; Ghalyanchilangeroudi, Arash; **Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein**; Sediqian, Mohammad Saeed; Shayeganmehr, Arzhang; Ghafouri, Seyed Ali; Maghsoudloo, Hossein; Abdollahi, Hamed; Farahani, Reza K. H.;

Journal: **Archives of Virology**

Year: 2017

Vol.: 162

No/Issue: 10

PP.: 3161-3165

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 2.160

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.973

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Avian influenza A virus (AIV) subtype H9N2 is the most prevalent subtype found in terrestrial poultry throughout Eurasia and has been isolated from poultry outbreaks worldwide. Tracheal tissue specimens from 100 commercial broiler flocks in Afghanistan were collected between 2016 and 2017. After real-time RT-PCR, AI-positive samples were further characterized. A part of the HA gene was amplified using RT-PCR and sequenced. The results of real-time RT-PCR showed that 40 percent of the flocks were AI positive. Phylogenetic studies showed that these H9N2 AIVs grouped within the Eurasian-lineage G1 AIVs and had a correlation with H9N2 AIV circulating in the poultry population of the neighboring countries over the past decade. Analysis of the amino acid sequence of HA revealed that the detected H9N2 viruses possessed molecular profiles suggestive of low pathogenicity and specificity for the avian-like SA alpha 2,3 receptor, demonstrating their specificity for and adaptation to domestic poultry. The results of the current study provide great insights into H9N2 viruses circulating in Afghanistan's poultry industry and demonstrate the necessity of planning an applied policy aimed at controlling and managing H9N2 infection in Afghan poultry.

Keywords: Afghanistan, Avian influenza, H9N2, Phylogenetic study

Article Code: 17053

Title: **Hematological, biochemical and histopathological changes in Caspian brown trout (*Salmo trutta caspius* Kessler, 1877) following exposure to sublethal concentrations of chlorpyrifos**

Author(s): Adel, Milad; **Dadar, Maryam**; Khajavi, Shabnam Haghighat; Pourgholam, Reza; Karimi, Behnaz; Velisek, Josef

Journal: **Toxin Reviews**

Year: 2017

Vol.: 36

No/Issue: 1

PP.: 73-79

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.887

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.424

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

The main objective of this study was to survey the acute and sublethal effect of chlorpyrifos (CPF) on Caspian brown trout (*Salmo trutta caspius*). Toxicity tests were performed for the determination of 96 h median lethal concentration (96hLC50). For this purpose, nominal concentrations of CPF including 0.0125, 0.025, 0.05, 0.1, 0.2 and 0.3 mgL⁻¹. The 96hLC50 value of CPF was 0.026 mgL⁻¹. The sublethal effect was determined on the basis of acute toxicity, hematological effects, biochemical plasma profile, behavioral and histopathological changes. The experimental group exposed to CPF at nominal concentration of 0.0026 mgL⁻¹ (10% 96hLC50) for 30 days showed significant changes in hematological and biochemical profiles and caused histopathological changes in liver, gill and kidney. Based on these data, CPF is acute toxic for Caspian trout.

Keywords: biochemical plasma profile, Caspian trout, hematology, histology

Article Code: 17054

Title: **Design and expression of a chimeric vaccine candidate for avian necrotic enteritis**Author(s): Rostami, Amin; Goshadrour, Fatemeh; **Pilehchian Langroudi, Reza**; Bathaie, S. Zahra; Riazi, Ali; Amani, Jafar; Ahmadian, GholamrezaJournal: **Protein Engineering, Design and Selection**

Year: 2017

Vol.: 30

No/Issue: 1

PP.: 39-45

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.881

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.063

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Necrotic enteritis is an economically important disease of poultry mainly caused by *Clostridium perfringens*. The bacteria release multiple toxins of which NetB, alpha toxin and TpeL have been reported to play important roles in pathogenicity and/or severity of the disease. In this study, the sequence of clostridial toxins NetB, alpha toxin and TpeL were analyzed using bioinformatics tools to determine protein domains with high immunogenicity factor. Several chimeric trivalent proteins consisting of the immunogenic regions of the three toxins were designed and evaluated. The separate regions were fused together using rigid linkers. Based on a modeled tertiary structure, a proper combination was selected and expressed in a bacterial host (*Escherichia coli*) and successfully purified. The expression of the chimeric protein was further verified by western blotting. The ability of the immunized serum in recognizing each individual subunit of the chimeric protein was also examined. Circular dichroism was used to evaluate the predicted secondary structure of the chimeric protein. In vitro potency test demonstrated that the serum from a rabbit immunized with the chimeric protein is able to partially neutralize Alpha toxin, hence the construct can potentially be used as a vaccine against *C. perfringens*.

Keywords: Alpha toxin, chimeric protein, necrotic enteritis, NetB, TpeL

Article Code: 17055

Title: Effect of dietary supplementation of palm fruit extracts on the transcriptomes of growth, antioxidant enzyme and immune-related genes in common carp (*Cyprinus carpio*) fingerlings

Author(s): Hoseinifar, Seyed Hossein; **Dadar, Maryam**; Khalili, Mohsen; Cerezuela, Rebeca; Angeles Esteban, Maria

Journal: **Aquaculture Research**

Year: 2017

Vol.: 48

No/Issue: 7

PP.: 3684-3692

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.475

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.586

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

This study investigates the effects of date palm extracts [DPE] (*Phoenix dactylifera* L. *Arecaceae*) on growth, immune function and antioxidant system in common carp fingerlings (*Cyprinus carpio*). One hundred and twenty fish (4.06 \pm 0.13g) were divided into six groups fed on control diet or diets containing 200mLkg⁻¹ DPE for 8weeks. At the end of feeding trial, the expression of different genes was measured. Selected genes were grouped into three categories: growth factor genes in brain and liver [growth hormone (GH), insulin-like growth factors I and II (IGF-I and IGF-II)], antioxidant-related genes in liver [glutathione S-transferase-alpha (GST-), glutathione reductase (GR) and glutathione peroxidase genes (GPX)] and immune-related genes in head kidney [interleukin-8 (IL-8), interleukin-10 (IL-10) and transforming growth factor-beta (TGF-) genes]. The relative expression of the growth-related genes in fish fed DPE showed no significant increase compared to control group ($P > 0.05$). On the other hand, DPE altered the expression of genes encoding antioxidants enzymes in liver of fingerlings which was statistically significant with respect to the control samples in case GPX ($P < 0.05$). Also, DPE caused remarkable increases in the expression of the immune-related genes (IL-8, IL-10 and TGF-) analysed on head kidney of common carp fingerlings compared to the control group ($P < 0.05$). In conclusion, it can be suggested that administration of DPE in early stages of common carp culture can promote immune efficacy and increase the antioxidant activity.

Keywords: antioxidant-related gene, common carp, date palm extracts (*Phoenix dactylifera* L. *Arecaceae*), growth-related gene, immune-related gene

Article Code: 17056

Title: **Modulation of nutrient digestibility and digestive enzyme activities in aquatic animals: The functional feed additives scenario**

Author(s): Hoseinifar, Seyed Hossein; Dadar, Maryam; Ringo, Einar

Journal: **Aquaculture Research**

Year: 2017

Vol.: 48

No/Issue: 8

PP.: 3987-4000

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 1.475

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.586

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Considering the costs of feed costs (nearly 60% of production cost), nutrition, feeding and feed utilization are among the most important factors in commercial aquaculture. During the last decade, administration of functional feed additives has been practiced for enhancing nutrient digestibility and digestive enzyme activities of cultured fish and shellfish. Traditionally, antibiotics were used for boosting growth performance and nutrient digestibility in commercial aquaculture. However, emergence of resistance pathogens and possible risk to human health resulted in limitation or prohibition of prophylactic administration of antibiotics. Recently, there was increasing attentions towards dietary administration of functional feed additives that include probiotics, prebiotics and synbiotics for elevation of digestive enzyme activity and nutrient digestibility. The results of those studies revealed contradictory effects of different pro-, pre- or synbiotics on various fish species. It seems that the effects are species specific and related to modulation of the intestinal microbiota. In view of this issue, the present review provides a comprehensive sight on the effects of different pro-, pre- and synbiotics on digestive enzyme activity and nutrient digestibility in different species with special focus on the mode of action. In addition, the present review highlighted the gaps of existing knowledge as well as suggesting the subjects which needs additional studies.

Keywords: digestive enzymes, functional feed additives, nutrient digestibility, prebiotics, probiotics, synbiotics

Article Code: 17057

Title: Traumatic rupture of liver hydatid cysts into the peritoneal cavity of an 11-year-old boy: a case report from Iran

Author(s): Sabzevari, Sadaf; Badirzadeh, Alireza; Shahkaram, Reza; Seyyedin, Mohammad

Journal: **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**

Year: 2017

Vol.: 50

No/Issue: 6

PP.: 864-867

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.358

☒ Scopus Q: 2 SJR: 0.658

☐ ISC Q: IF:

☒ PubMed ☐ Others

Abstract:

This is the first published case report of an 11-year-old patient with a rupture of a liver hydatid cyst (HC) into the peritoneal cavity after an abdominal trauma in Iran. The disease was diagnosed using focused abdominal sonography for trauma. To date, no cases of traumatic ruptures of liver HCs in children have been reported in Iran. In the endemic regions of the world, where patients suffer from a history of trauma and constant abdominal symptoms or anaphylactic shock, early diagnosis of HC is crucial as it may disseminate to other organs. The condition needs conservative surgery and follow-up.

Keywords: Echinococcus granulosus, Hydatid cyst, Trauma

Article Code: 17058

Title: **Anti-Plasmodial Assessment of Four Different Iranian Propolis Extracts**

Author(s): Afrouzan, Houshang; Zakeri, Sedigheh; Mehrizi, Akram Abouie; Molasalehi, Sara; Tahghighi, Azar; Shokrgozar, Mohamad Ali; **Es-haghi, Ali**; Djadid, Navid Dinparast

Journal: **Journal of Arthropod-Borne Diseases**

Year: 2017

Vol.: 20

No/Issue: 5

PP.: 270-281

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.254

☒ Scopus Q: 2 SJR: 0.61

☐ ISC Q: IF:

☒ PubMed ☐ Others

Abstract:

Background: Eradication of malaria will depend on discovery of new intervention tools such as anti-malarial drugs. Due to the increasing interest in the application of propolis against significant clinical pathogenic agents, the aim of the present investigation was to evaluate the anti-plasmodial effect of Iranian propolis extracts against chloroquine (CQ)-sensitive *Plasmodium falciparum* 3D7 and *Plasmodium berghei* (ANKA strain).

Methods: Crude samples of honeybee (*Apis mellifera*) propolis were collected from four provinces in northern (Kalaleh, Golestan), northeastern (Chenaran, Razavi Khorasan), central (Taleghan, Alborz) and western (Morad Beyg, Hamedan) areas of Iran with different types of flora. The dried propolis samples were extracted with three different solvents, including ethanol 70% (EtOH), ethyl acetate (EA) and dichloromethane (DCM).

Results: All extracts were shown to have in vitro anti-plasmodial activity with IC₅₀ ranging from 16.263 to 80.012 μ g/mL using parasite lactate dehydrogenase (pLDH) assay. The DCM extract of Morad Beyg propolis indicated the highest anti-plasmodial activity (IC₅₀: 16.263 μ g/mL; $P = 0.027$, Kruskal-Wallis H-test). The samples were also evaluated in mice for their in vivo anti-plasmodial effect. The curative effect against established infection (Rane test) showed that both extracts at all doses (50, 100, and 200 mg/kgBW) produced anti-plasmodial activity against the parasite. Furthermore, using gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS), the quantity of flavonoids in DCM and EtOH 70% extracts were found to be 7.42% and 3.10%, respectively.

Conclusion: The potent anti-plasmodial activity of both EtOH 70% and DCM extracts of the propolis of Morad Beyg, Hamedan suggests further analyses of individual components to assess its utilization as anti-malarial drugs.

Keywords: Anti-plasmodial activity, Iran, Malaria, *P. berghei* ANKA, *P. falciparum* 3D7, Propolis

Article Code: 17059

Title: **Antivenom Efficacy in Neutralizing Histopathological Complications Following Latrodectus dahli Envenomation**

Author(s): Valikhanfard-Zanjani, Elham; Zare Mirakabadi, Abbas; Zayerzadeh, Ehsan

Journal: **Journal of Arthropod-Borne Diseases**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 1

PP.: 42-49

Indexed in: ■ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.231

■ Scopus Q: 2 SJR: 0.72

■ ISC Q: 1 IF: 0.340

■ PubMed □ Others

Abstract:

Background: Nowadays use of specific antivenin for latrodectism is considered as the most effective treatment in the world. This study was undertaken to investigate the efficacy of specific antivenom against histopathological complications caused by *Latrodectus dahli* venom on liver, heart and kidneys tissues within 72h.

Methods: Two groups were selected, each one contained 6 male New Zealand rabbits weighing 2 +/- 0.5kg. The animals were anesthetized with 0.5ml ketamine and 0.5ml xylazine by intramuscular route. The *L. dahli* venom (0.5mg/kg) was injected subcutaneously to both the groups. The second group of rabbits 24h after the venom injection received specific antivenom by intravenous route. Seventy-two hours after the venom and antivenom injections, the rabbits were dissected to obtain heart, liver and kidney tissues. The tissues were stained by hematoxylin and eosin stains and histopathological studies were examined by optical microscope.

Results: In group one, the venom induced myocytolysis, myocarditis, coagulation necrosis in the heart tissue and the liver tissue showed central vein congestion, congested vessels, dilated sinusoids and inflammation. However, no significant histopathological complications were observed in kidney tissues. In the second group, antivenom injection greatly prevented escalation of the complications on foresaid tissues.

Conclusion: *Latrodectus dahli* venom induces histopathological complications on vital organs. Specific antivenom injection, 24h after the venom injection, could protect the tissues from incidence and intensification of histopathological complications. Future studies in human beings should be conducted to assess the protection against the specific-*Latrodectus* antivenin.

Keywords: Antivenom, Histopathological complication, *Latrodectus*

Article Code: 17060

Title: **Spatial Distribution of Medically Important Scorpions in North West of Iran**

Author(s): Bavani, Mulood Mohammadi; Rafinejad, Javad; Hanafi-Bojd, Ahmad Ali; Oshaghi, Mohammad Ali; **Navidpour, Shahrokh**; Dabiri, Farrokh; Badakhshan, Mehdi; Ghorbani, Esmaeil; Bagheri, Masoomeh

Journal: **Journal of Arthropod-Borne Diseases**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 3

PP.: 371-382

Indexed in: ■ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.231

■ Scopus Q: 2 SJR: 0.72

■ ISC Q: 1 IF: 0.340

■ PubMed □ Others

Abstract:

Background: Scorpions are one of the most important medical arthropods in Iran. This study aimed to determine the fauna, spatial distribution and some morphological characteristics of these venomous arthropods in the study area.

Methods: Scorpions were collected using Ultra Violet light, rock rolling and digging methods in West Azerbaijan, East Azerbaijan, and Ardabil Provinces during 2015-2016. The specimens were preserved in 75% ethyl alcohol and transferred to the laboratory for species identification and morphological studies.

Results: Distribution maps were produced using ArcGIS 10.3. Totally, 368 specimens from two families of Buthidae (97.1%) and Scorpionidae (2.99%) were collected and identified as *Mesobuthus eupeus* (80.16%), *Androctonus crassicauda* (10.60%), *M. caucasicus* (4.89%), *Hottentotta saulcyi* (1.35%) and *Scorpio maurus* (2.99%).

Conclusion: The presence of medically important species, including the deadly black one in northwestern Iran requires health educational and control programs for reduction of these public health problems.

Keywords: Distribution, GIS, Iran, Morphology, Scorpions

Article Code: 17061

Title: The Effects of Isolated Fractions of Mesobuthus eupeus Scorpion Venom on Humoral Immune ResponseAuthor(s): Khosravi, Mohammad; Mayahi, Mansour; Kaviani, Farnoosh; **Nemati, Mohammad**Journal: **Journal of Arthropod-Borne Diseases**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 4

PP.: 497-503

Indexed in: ■ ISI Web of Science Q: 3 IF: 1.231

■ Scopus Q: 2 SJR: 0.72

■ ISC Q: 1 IF: 0.340

■ PubMed □ Others

Abstract:

Background: Many elements such as immunosuppressive, chemotactic and anti-inflammatory peptide that could effect on human and animals physiologic system were determined in venom. This study evaluated the use of Mesobuthus eupeus scorpion venom fractions as an immunomodulator.

Methods: The venom fractions collected from Khuzestan Province in South West of Iran were purified by ion exchange chromatography. Elution of the bounded elements was done by using a linear gradient of sodium chloride (0.1, 0.25, 0.5, 0.75, 1, 1.25, 1.5 and 2 molar). The fractions were analyzed by Bradford spectrophotometric and SDS-PAGE method. After treatments of chicken with venom fractions and sheep red blood cell (SRBC), direct haemagglutination test in microtiter plate was used for the determination of the chicken SRBC antibody titer.

Results: The fraction released by NaCl 1.25M had the highest protein concentration. The highest and lowest antibody titer was determined at the fifth (NaCl 0.75 molar) and seventh fraction (NaCl 1.25 molar), respectively.

Conclusion: Different protein profile of isolated fractions, were associated with various effect on immune response. Both enhancing and suppressing of the chicken humoral immune response to SRBC were observed after M. eupeus faction's venom treatment. It is due to biological functions of venom components. Purification of these elements would provide the new agents for immune responses manipulation.

Keywords: Immune response, Mesobuthus eupeus, Venom

Article Code: 17062

Title: Association of the calpastatin genotypes, haplotypes, and SNPs with meat quality and fatty acid composition in two Iranian fat- and thin-tailed sheep breeds

Author(s): Aali, Mohsen; Moradi-Shahrbabak, Hosein; Moradi-Shahrbabak, Mohammad; Sadeghi, Mostafa; **Yousefi, Ali Reza**

Journal: **Small Ruminant Research**

Year: 2017

Vol.: 149

No/Issue:

PP.: 40-51

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 0.974

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.485

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

This study was conducted to investigate the relationship between variation within Calpastatin (CAST) gene and meat quality and fatty acid profiles in fat-tailed (Chall) and thin-tailed (Zel) Iranian sheep breeds using PCR SSCP, DNA sequence, and genotype, haplotype, and SNP effect analyses. Six previously identified SNPs including C24T, G62A, G65T, and T69- located in intron 5 and c.197A>T and c.282G>T localized in exon 6 were observed. These SNPs constituted six haplotypes of CAST-1, CAST-2, CAST-6, CAST-8, CAST-10, and CAST-11, corresponding to six genotypes of "B", "C", "D", "F", "I", and "J". Animals inheriting genotype "I" had lower value of shear force ($P<0.03$), concentration of palmitic acid ($P<0.05$), cholesterol ($P<0.05$), and n-6:n-3 ratio ($P<0.02$), and higher content of palmitoleic acid ($P<0.04$) compared to those inheriting the other genotypes. Also, animals containing one copy of CAST-10 haplotype showed lower value of shear force ($P<0.005$), lower n-6:n-3 ratio ($P<0.02$), higher concentration of palmitoleic acid ($P<0.04$) and total mono-unsaturated fatty acid ($P<0.02$) than those containing the other haplotypes. SNP effect analyses showed that three SNPs including G62A, G65T, and c.197A>T had significant effects on the content of some fatty acids and their selected ratios ($P<0.05$ to $P<0.001$), shear force ($P=0.006$ and $P<0.001$), and the cholesterol content of longissimus dorsi muscle ($P<0.05$). Overall, it seems that genotype "I", haplotype CAST-10, the "AA" genotype of SNP G62A, and the "GT" genotype of G65T SNP were the most desirable genotypes and haplotype when selecting lambs in terms of both tenderness and fatty acid composition of meat, because selecting these genotypes and this haplotype would increase tenderness and proportion of healthy fatty acids, and also decrease proportion of harmful fatty acids of meat.

Keywords: Calpastatin (CAST) gene, Fatty acid composition, Meat quality, Sheep, Single nucleotide polymorphism (SNP), Single strand conformational polymorphism (SSCP)

Article Code: 17063

Title: Effects of low-protein diets supplemented with antioxidants on histopathology of testis and testosterone and performance of male Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*)

Author(s): Mahmoodpour, Hamid; Vahdatpour, Sina; Jafargholipour, Mohamadali; Vahdatpour, Tohid

Journal: **Revista Brasileira de Zootecnia-Brazilian Journal of Animal Science**

Year: 2017

Vol.: 46

No/Issue: 2

PP.: 123-129

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 3 IF: 0.735

☒ Scopus Q: 3 SJR: 0.337

☐ ISC Q: IF:

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

The present study sought to examine the effects of low-protein diets supplemented with natural and synthetic antioxidants on reproductive traits and performance of male Japanese quail. A total of 144 one-day-old quail chicks were randomly assigned to receive four different treatments, including a control diet (a basal diet) without antioxidant supplementation, low-protein diet without antioxidant supplementation, low-protein diet supplemented with the E-selenium antioxidant (a combination of vitamin E and selenium), and low-protein diet supplemented with the antioxidant Loxidan (a combination of propyl galat, ethoxyquin, and citric acid). Throughout the study, feed and water were provided ad libitum from one to 45 days of age. Performance values were calculated at the end of the experimental period. Blood samples were collected from the wing vein of six male birds randomly selected from each treatment group. Subsequently, blood samples were used to measure serum testosterone levels by ELISA. A total of 36 slides were prepared from testes of 12 adult quail for histological studies. Results from this study showed that there was a significant increase in blood testosterone levels of quail fed the antioxidant Loxidan. An increased number of spermatogonia was found in quail fed both antioxidants. In addition, a significant increase was found in the number of spermatid cells in quail fed a low-protein diet with antioxidants. Surprisingly, spermatozoa cells showed a significant elevation in quail fed antioxidants as compared with those fed low-protein diets. Interestingly, a significant increase was observed in the final body weight of the quail fed antioxidants. Therefore, it can be deduced that antioxidant intake not only can improve reproductive indices, such as testosterone levels and testicular tissue in Japanese quail, but is also useful for performance of quail fed low-protein diets.

Keywords: E-selenium, Loxidan, Performance, Protein, Quail, Testis, Testosterone

Article Code: 17064

Title: **An uncommon clinical form of foot-and-mouth disease in beef cattle presented with cornual skin lesions**

Author(s): Mohebbi, M. R.; Barani, S. M.; **Mahravani, Homayoon**

Journal: **Iranian Journal of Veterinary Research**

Year: 2017

Vol.: 18

No/Issue: 4

PP.: 291-293

Indexed in: ■ ISI Web of Science Q: 3 IF: 0.526

■ Scopus Q: 2 SJR: 0.083

■ ISC Q: 2 IF: 0.083

■ PubMed □ Others

Abstract:

Foot-and-mouth disease (FMD) is a major infectious disease in livestock. The common clinical signs in cattle include epidermal vesicles that are majorly distributed around oronasal cavity, feet and teats. The aim of this report is to document an uncommon clinical form of the disease which comprises the occurrence of classic vesicular lesion in a rarely observed location of the horn vegetative tissue. During Iran's outbreak of FMD in 2013, field investigation, clinical examination and sampling from the affected herds in Qom province were performed. Specimens of mouth epithelium and horn vegetative tissue were collected for virology and histopathologic study. All the samples collected from horns were positive for foot-and-mouth disease virus (FMDV) in both enzyme linked immunosorbent assay (ELISA) and polymerase chain reaction (PCR) tests, and the strain of the virus was identified as A05. Surprisingly, all the animals with horn lesion came from beef herds, were less than 12 months old and had more severe signs of the systemic disease. Since the same strain of virus did not cause similar lesions in surrounding dairy cows, it was concluded that occurrence of horn lesions may be more associated with host factors rather than virus strain.

Keywords: Cattle, FMD, Horn lesion

Article Code: 17065

Title: Characteristics of pelt follicles and their relationship with pelt quality in fat-tailed Gray Shirazy sheepAuthor(s): Safdarian, Mazaher; Hashemi, Majid; Hashemi, Mohammad RezaJournal: **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**

Year: 2017

Vol.: 41

No/Issue: 4

PP.: 514-520

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 3

IF: 0.489

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.253

☒ ISC

Q: 2

IF: 0.116

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

The purpose of the present investigation was to measure pelt follicle characters after birth and to determine the relationship among pelt and follicle characters in fat-tailed Gray Shirazy sheep. Skin samples were taken from 150 lambs at 1 and at 120 days of age and from their parents (18 rams and 150 ewes) using a biopsy punch (8 mm in diameter) from the right mid-side of the body. Several sections of 8 μ m were then prepared, mounted, and stained on glass slides to determine follicle characteristics. The least square means of primary (P) follicle density/mm² in skin of 1- and 120-day-old lambs were 14.6 and 7.1 for males and 15.4 and 7.0 for females, respectively. The least square means of secondary (S) follicle density/mm² in skin of male and female lambs were 33.3 and 34.7 for 1-day-old and 21.7 and 20 for 120-day-old lambs, respectively. S/P ratios in 1- and 120-day-old lambs were 2.9 and 3.6 in males and 2.7 and 3.4 in females, respectively. There was no significant difference between sex of lambs for follicle density/mm² of skin and S/P ratio in lambs of 1 and 120 days old. The correlation coefficient between 1-day-old follicle characters and final score of pelt was not significant, but for 120-day-old follicles it was moderate and significant. Correlation coefficients between pelt traits in newborn lambs were significant. Results indicate that although the density of follicles and the S/P ratio were moderate in fat-tailed pelt lambs, there was no correlation between them and the final score of pelt. Further studies are needed to determine whether other follicle characters like follicle curvature, follicle depth, and follicle group size would have a high correlation with final score of pelt to assess skin characters objectively.

Keywords: Correlation, Follicle characters, Gray Shirazy sheep, Pelt traits

Article Code: 17066

Title: **Full-length infectious clone of an Iranian isolate of chicken anemia virus**

Author(s): **Kaffashi, Amir; Eshratyabadi, Fatemeh; Shoushtari, Abdolhamid**

Journal: **Virus Genes**

Year: 2017

Vol.: 53

No/Issue: 2

PP.: 312-316

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.542

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.711

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

An Iranian field strain of chicken anemia virus (CAV), designated IR CAV, was isolated in the Marek's disease virus-transformed lymphoblastoid cell line MDCC-MSB1 (MSB1) culture for the first time. The full-length CAV DNA of this strain was cloned in the bacterial plasmid pTZ57R/T to create the molecular clone pTZ-CAV. The nucleotide and deduced amino acid sequences of viral proteins of IR CAV were compared with those of representative CAV sequences including reference and commercial vaccine strains. IR CAV was not related to vaccine strains and also found to have glutamine at positions 139 and 144 confirming previous studies in which such mutations were associated with a slow rate of virus spread in cell culture. pTZ-CAV was digested with PstI to release IR CAV DNA and then transfected into MSB1 cell by electroporation. The transfected cells showed cytopathic effect similar to virion-initiated infection. One-day old specific pathogen-free chicks were inoculated with the regenerated virus, which had been obtained from transfected MSB1 cells, and compared with the chicks inoculated with IR CAV. Gross lesions in the birds inoculated with the regenerated virus illustrated the infectious nature of the regenerated virus from the cloned IR CAV DNA.

Keywords: Anelloviridae, CAV, Gyrovirus, Phylogenetic analysis, Regenerated virus

Article Code: 17067

Title: **Interfering With Lipid Raft Association: A Mechanism to Control Influenza Virus Infection By Sambucus Nigra**Author(s): **Shahsavandi, Shahla; Ebrahimi, Mohammad Majid; Farahani, Ameneh Hasaninejad**Journal: **Iranian Journal of Pharmaceutical Research**

Year: 2017

Vol.: 16

No/Issue: 3

PP.: 1147-1154

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 1.372
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.502
■ ISC	Q: 1	IF: 0.618
■ PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Sambucus nigra (elder) are broadly used species to treat microbial infections. The potential antiviral activity and mechanism action of elder fruit (EF) in human epithelium cell (A549) cultures infected with H9N2 influenza virus were determined. The effect of various concentrations of EF on influenza virus replication was examined by using virus titration, quantitative real time RT-PCR, fusion and lipid raft assays following two treatment procedures: A) pre-treated H9N2 virus with each concentration of EF extract and transfection of A549 cell cultures, and B) each concentrations of EF was added to H9N2 virus infected-cell cultures following virus adsorption. In both treatments with lower doses of EF increased viral titer as well as synthesized viral nucleoprotein as indicating the herb had no inhibitory effects on virus replication. In (B) trial with higher doses, 40 and 80 μ g/mL of EF, a significant decrease in virus titer and viral protein synthesis were shown in EF treated cells indicating the herb affect either entry of viruses or inhibition virus particle release. The results suggest that EF treatment of the influenza virus infected-human epithelial cells may involve in lipid raft association which function as platform for formation of viral membrane fusion and budding. Differences in treatment time and dose of EF extract in infected cells with influenza virus have a marked effect on the efficacy of the herb.

Keywords: Antiviral activity, Hemagglutinin, Influenza virus, Lipid raft, *Sambucus nigra*

Article Code: 17068

Title: **Immune Response to the Mumps Virus in Iranian Unvaccinated Young Adults**

Author(s): **Keshavarz, Maryam; Shafiee, Abbass; Nicknam, Mohammad Hossein; Khosravani, Pardis; Yousefi, Ahmad; Izad, Maryam**

Journal: **Japanese Journal of Infectious Diseases**

Year: 2017

Vol.: 70

No/Issue: 2

PP.: 127-131

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.014

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.595

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Although the first mumps vaccine was licensed more than 50 years ago, the vaccine was added to Iran's Expanded Program on Immunization in 2003. Therefore, the majority of Iranians born before 2003 are unvaccinated, and their immunity is the result of natural infection. In order to evaluate cellular responses against the mumps virus following natural infection, we investigated 90 Iranian unvaccinated adults aged 20-30 years. Mumps specific memory CD4 + and CD8 + proliferation and frequency of cytotoxic lymphocyte CD8 + CD107a were evaluated using flow cytometry. Our results showed that 33 subjects were seronegative, but 28 of them showed degranulation of CD8 + T lymphocytes and expression of CD 107a, as well as proliferation of CD4 and CD8 T cells, in response to mumps antigen stimulation. In all seropositive subjects, degranulation of cytotoxic T lymphocytes and proliferation of CD4 + and CD8 + T lymphocytes was detected. Proliferation of T cells and degranulation of CD8 T cells in seropositive subjects was higher than in seronegative subjects. We conclude that natural mumps infection and subclinical reinfection could induce good protection, but the severe complications associated with mumps infections suggest the need for mumps vaccination. Natural boosters because of the prevalence of the wild-type virus may help with maintenance of immunity in populations with high vaccine coverage.

Keywords: CD107a, Cellular immunity, Lymphoproliferation, Mumps

Article Code: 17069

Title: **Identification of novel E347Q and G362K amino acid substitutions in HN neutralization epitope and major antigenic difference in novel sub-genotype VIIj isolates**

Author(s): **Mayahi, Vafa; Esmaelizad, Majid**

Journal: **Acta Virologica**

Year: 2017

Vol.: 61

No/Issue: 4

PP.: 438-444

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.696

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.309

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Hemagglutinin-neuraminidase (HN) protein of Newcastle disease virus (NDV) plays a crucial role in induction of immune response against Newcastle disease infection. Mutation in residues 347 and 362 of HN linear antigenic site has been identified to be responsible for antigenic variations. Hence we studied antigenic difference between sub-genotypeA VIIj isolates and vaccine strains by the use of polyclonal serum against LaSota strain in hemagglutination inhibition test. Furthermore, epitope patterns of the isolates under study were analyzed and compared to HN sequences in GenBank. The results demonstrated that new Newcastle disease isolates (Mazandaran and Behshahr) had hemagglutination inhibition (HI) titer three and five, respectively while LaSota strain titer was eight. In addition, observation of sequences and epitope patterns revealed three unique amino acid substitutions (D144N, E347Q and G362K) in HN protein. E347Q and G362K mutations were located in neutralization antigenic site. Thus, we suggest that, these two novel amino acid substitutions in major linear epitope might be responsible for antigenic variation and decrease of HI activity.

Keywords: Amino acid substitution, Epitope, Hemagglutinin-neuraminidase, Mutation, Newcastle disease virus

Article Code: 17070

Title: **Evaluation of *Pasteurella multocida* serotype B:2 resistance to immune serum and complement system**

Author(s): **Ataei Kachooei, Saeed; Ranjbar, Mohammad Mehdi; Ataei Kachooei, Saba**

Journal: **Veterinary Research Forum**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue: 3

PP.: 179-184

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.549

☐ Scopus

Q:

SJR:

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.229

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Members of gram-negative bacteria family Pasteurellaceae, include a large number of important economically human and veterinary pathogens. Organisms belonging to the family can colonize in mucosal surfaces of the respiratory, alimentary, genital tracts and cause diseases in various mammals, birds, and reptiles. Hemorrhagic septicemia is an acute disease of cattle and buffaloes in tropical countries caused by *Pasteurella multocida* serotype B:2. In the present study, the possible bactericidal activity of immune calf sera in the presence and absence of complement system was investigated. The results showed that *P. multocida* B:2 is highly resistant to positive serum, containing high levels of IgG and IgM obtained from calves after vaccination, and complement activity in normal fresh calf serum. This organism also grew rapidly in the normal fresh calf serum and the mixture of positive serum as well as normal fresh calf serum. As a control test an *E. coli* strain was subjected to the same experiment and found completely sensitive to the bactericidal activity of complement in calf and guinea pig fresh sera. Results were indicative of the presence of inhibitory mechanism(s) in *P. multocida* B:2 against bactericidal activity of immune calf serum and complement system.

Keywords: Cattle, Complement, Hemorrhagic septicemia, *Pasteurella*

Article Code: 17071

Title: Expression of G1-epitope of bovine ephemeral fever virus in E. coli: A novel candidate to develop ELISA kit**Author(s): Yazdani, Fereshteh; Bakhshesh, Mehran; Esmaelizad, Majid; Sadigh, Zohreh-Azita****Journal: Veterinary Research Forum**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue: 3

PP.: 209-213

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.549

☐ Scopus

Q:

SJR:

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.229

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Bovine ephemeral fever is an acute and arthropod-borne viral disease of cattle and water buffalo which occurs seasonally in most of the world tropical and subtropical regions. The epizootic feature of the disease has been reported in Iran with serious economic consequences. The surface glycoprotein G of bovine ephemeral fever virus (BEFV) is composed of 4 antigenic sites (G1-G4) and plays the main role for eliciting neutralizing antibodies and protective immunity. The G1 - epitope is a linear antigenic site and conserved among BEFV strains. In order to develop an ELISA test based on G1-epitope as coating antigen, this study was carried out to express the recombinant G1-epitope of BEFV in prokaryotic system. Using PCR and specific primers, a length of 88 amino acid of the G glycoprotein of BEFV including G1-epitope was amplified and cloned into the expression vector pGEX-4T-1, with the GST moiety. The recombinant plasmid (pGEX-4T-1-G1) was then transformed into Escherichia coli BL21 and expression of fusion protein was induced by 0.10 mM IPTG. The maximum expression of the fusion protein was obtained at 16 hr post induction as verified by SDS-PAGE electrophoresis, and it was also confirmed that this protein bearing G1-epitope is sufficiently biologically active to bind to anti-BEFV serum in western blot experiment.

Keywords: BEFV, *Escherichia coli*, ELISA, G1- Epitope

Article Code: 17072

Title: **An overview of the recent findings in the cultivation of *Leishmania***

Author(s): **Nasiri, Vahid**

Journal: **Reviews in Medical Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 2

No/Issue: 1

PP.: 34-42

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.517

☒ Scopus

Q: 4

SJR :0.127

☐ ISC

Q:

IF :

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

The cultivation of parasites of the genus *Leishmania* has been a subject of much interest due to the necessity of performing biochemical and immunological studies with isolated parasites in an effort to develop future therapeutic and preventive tools. Foetal calf serum (FCS) as the main part of *Leishmania* spp. cultivation media is highly expensive, and reliable supply of it is very difficult to obtain. Here, we take an overview of the new replacements for FCS in the cultivation process of *Leishmania* spp. and probability of optimizing them for parasites culture procedure. A precise review was conducted based on the database resources, and no restrictions were placed on date, design or language of publications and literature search was performed using Cochrane library, Pub Med, Scopus, Google scholar and IranMedex. All considerable information about new replacements for FCS in the cultivation process of *Leishmania* parasites was searched, evaluated and discussed. The aim of this article was to introduce and discuss new replacements for FCS in the cultivation process of *Leishmania* parasites to give an overview about these candidates. According to this review, several novel replacements such as human and animal urine, animals' milk, hydatid cyst fluid, chicken, sheep and lyophilized rabbit serum have been evaluated for cultivation of *Leishmania* spp., and efficiency of some of them were confirmed and established and resulted in new formulation of media. We could conclude that future research will be done to study about effective elements of those suitable replacements to find new commercial culture media.

Keywords: *Leishmania* culture, foetal calf serum, in-vitro cultivation

Article Code: 17073

Title: **Dominance effects estimation of TLR4 and CACNA2D1 genes for health and production traits using logistic regression**Author(s): **Bagheri, Masoumeh; Zahmatkesh, Azadeh**Journal: **Journal of Genetics**

Year: 2017

Vol.: 96

No/Issue: 6

PP.: 1027-1031

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.505

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.357

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Knowledge of nonadditive variance and genetic effects can be helpful in explaining the total genetic variation for most of the traits. The objective of this study was to estimate dominance effects of several single-nucleotide polymorphism (SNP) genotypes for the production traits and clinical mastitis residual (CMR), in Holstein dairy cattle in a case-control study. Records of 305 days lactation were obtained for production traits and CMR. Animals were selected based on extreme values for CMR from mixed model analyses. Samples were genotyped for four SNP-single genotypes and their associations with production traits (breeding values for protein and fat yield, and protein and fat percentage) were estimated by applying logistic regression analyses. Calculation of contrast between both homozygous and heterozygous genotypes permitted to estimate dominance effects, which ranged from to 0.35 standard deviation units for the production traits and clinical mastitis (CM), respectively. Results showed that the dominance effects may be important in contribution of total genetic effects for production traits and CM. Therefore, evaluation of animals based on additive variance alone and disregarding nonadditive effects may lead to failure in selection programmes and exactly estimating the genetic variation. The method that we used would help breeders in accurately estimation of genotypic values in a new genomic selection scenario including dominance effects.

Keywords: dairy cattle, dominance effects, production traits, selective genotyping

Article Code: 17074

Title: **Seroprevalence of bluetongue virus infection and associated risk factors in domestic ruminants in the south of Iran**

Author(s): **Manavian, Mohsen; Hashemi, Majid; Nikoo, Davood; Tavan, Farhang; Hosseini, Seyed Mohammad Hossein; Bakhshesh, Mehran; Marhamatizadeh, Mohammad Hossein**

Journal: **Thai Journal of Veterinary Medicine**

Year: 2017

Vol.: 47

No/Issue: 2

PP.: 225-231

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.274

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.162

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

A cross-sectional study was designed and 3,872 blood samples were collected from apparently healthy sheep, goats and cows in Fars province, the south of Iran. The sera were screened for detection of bluetongue virus (BTV) antibodies using a commercially competitive enzyme-linked immunosorbent assay kit. Overall prevalence rate of BTV antibodies among the domestic ruminants was 57.64% (70.93%, 55.70% and 19.77% for sheep, goat and cow, respectively). Associations between each independent variable, including ruminant type, age, sex, region, farming system and breed, and BTV infection were statistically significant ($p < 0.05$). Females were 1.32 times more likely to exhibit seropositivity. Odds ratio for BTV infection was higher in older animals and traditional farming. The results revealed a wide spread of BTV infection in the domestic ruminants, especially in sheep and goat. Further studies of the distribution of *Culicoides* vectors in the region, virus isolation and genome sequencing of the isolated viruses are suggested.

Keywords: Bluetongue virus, Fars province, Iran, Risk factors, Seroprevalence

Article Code: 17075

Title: A New Approach to Antivenom Preparation Using Chitosan Nanoparticles Containing EchisCarinatus Venom as A Novel Antigen Delivery SystemAuthor(s): Mirzaei, Farya; Mohammadpour Dounighi, Naser; Avadi, Mohammad Reza; Rezayat, MehdiJournal: **Iranian Journal of Pharmaceutical Research**

Year: 2017

Vol.: 16

No/Issue: 3

PP.: 858-867

Indexed in: ■ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.372

■ Scopus

Q: 2

SJR: 0.502

■ ISC

Q: 1

IF: 0.618

■ PubMed

□ Others

Abstract:

In recent years, use of biodegradable polymers based nanoparticles has received high interest in the development of vaccines delivery vehicles. The aim of study was to prepare chitosan nanoparticles (CS NPs) for loading Echis carinatus (EC) venom and evaluate their potential as an adjuvant and antigen delivery system on a pilot scale. CS NPs were prepared using ionic gelation method, and their characteristics were optimized. Venom-loaded CS NPs prepared under optimum conditions and traditional venom-loaded adjuvants were used to hyperimmunization of horse. Under optimum conditions, particle size, polydispersity index (PDI), and zeta potential of CS NPs were 127.9 +/- 15 nm, 0.29, and + 19.8 +/- 1.92 mV, while those of venom-loaded CS NPs were 182.4 +/- 20 nm, 0.35, + 26.8 +/- 1.98 mv, respectively. All CS NPs had integrated surface and good morphology. Optimum loading concentration of EC venom was 500 µg/mL. The loading capacity (LC) and loading efficiency (LE) were 87% and 94%, respectively, and release profile of venom-loaded CS NPs showed suitable correlation with Higuchi kinetics. Stability test showed good stability of the venom encapsulated in CS NPs. Furthermore, antivenom plasma obtained using the new antigen delivery system had significantly higher potency ($P < 0.05$) for neutralizing the venom than that obtained using conventional system. These results suggested that venom-loaded CS NPs could be a suitable alternative to conventional adjuvant for development antivenom.

Keywords: Adjuvant, Chitosan, Echiscarinatus venom, Hyperimmune plasma, Nanoparticles

Article Code: 17076

Title: **Characterization of Candidate probionts isolated from human breast milk**

Author(s): Khalkhali, S.; **Moigani, Naheed**

Journal: **Cellular and Molecular Biology**

Year: 2017

Vol.: 63

No/Issue: 5

PP.: 82-88

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: 4 IF: 1.372

☒ Scopus Q: 3 SJR: 0.51

☐ ISC Q: IF:

☒ PubMed ☐ Others

Abstract:

This study was designed to isolate and identify the potential probionts present in 32 healthy mothers' breast milk. Microbial culture media and 16SrRNA sequencing were used to isolate and identify the bacteria and all isolates were analyzed for their antagonistic potential, resistance to acidic pH, bile salts and survival under simulated gastric and intestinal conditions. The colonization potential was further assessed based on adherence to human enterocyte-like Caco-2 cell lines. The breast milk samples harbored significant numbers of Gram positive and catalase negative (85%) bacteria. Based on 16SrRNA sequencing, these isolates were identified as *Lactobacillus casei*, *L.gasseri*, *L.fermentum*, *L. plantarum*, *Pediococcus acidilactici*, and *Enterococcus facieum*. Among the isolates, *P. acidilactici* was the most frequent species (71%) present in these samples. Few Gram and catalase positive isolates, *Staphylococcus aureus* and *S.hominiis* were also observed. The isolates were viable and unviable in pH 3 and 1.5, respectively, while all isolates survived in 1.0% bile salt. As putative probionts, *P. acidilactici* 1C showed a significantly higher percentage of adhesion to Caco-2 cells ($p < 0.05$) than the other two isolates *L. plantarum* 7A and *E.facieum* 2C. Bacterial strains isolated from human breast milk were shown to have probiotic properties including anti-infective protection and may be considered as future therapeutics for infants.

Keywords: 16SrRNA sequencing, Breast milk, Caco-2 cell adhesion, Probiotic

Article Code: 17077

Title: Toxicity effects of AgZnO nanoparticles and rifampicin on Mycobacterium tuberculosis into the macrophage.

Author(s): Jafari, A.; Jafari Nodooshan, S.; Safarkar, R.; Movahedzadeh, F.; **Mosavari, Nader**; Novin Kashani, A.; **Dehghanpour, Mahdi**; **Kamalzadeh, Morteza**; Rasouli Koohi, S.; Fathizadeh, S.; Majidpour, A.

Journal: **Journal of Basic Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 58

No/Issue: 1

PP.: 41-51

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.580

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.545

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

The World Health Organization acknowledges tuberculosis as a global threat. Tuberculosis infection is one of the top 10 causes of death worldwide. Nanotechnology and microbiology researchers are looking for new and safe nano drugs for eliminating Mycobacterium tuberculosis, the causative agent of tuberculosis. In this study, AgZnO nano-crystals (AgZnONCs) is synthesized via the decomposition of the precursor of oxalate method. Characterization of AgZnONCs were evaluated. Next, various concentrations of AgZnONCs, as well AgZnONCs+Rifampicin, were prepared. The MTT assay was employed to study the viability of human macrophage cell lines (THP-1) exposed to AgZnONCs. The bactericidal effects of AgZnONCs and AgZnONCs+Rifampicin were studied by Minimum Bactericidal Concentration (MBC) test. Subsequently, THP-1 were infected by H37 Rv strain of M. tuberculosis (H37 RvMtb). Also, bactericidal effects of AgZnONCs and AgZnONCs+Rifampicin were compared with ex-vivo conditions. The MBC of AgZnONCs and AgZnONCs+Rifampicin were ratios of 1:4 and 1:32 respectively (p-value <0.05). Also, more than 50% and 80% of THP-1 were alive in ratios of 1:4 and 1:32 in the presence of AgZnONCs, respectively. All phagocytic H37 RvMtb were killed in the presence of AgZnONCs+Rifampicin (p-value <0.05), while AgZnONCs were not able to kill all the H37 RvMtb (p-value >0.05). This study showed that, AgZnONCs+Rifampicin has the most anti-tubercular behavior with respect to the macrophages.

Keywords: AgZnO nano-crystals, Mycobacterium tuberculosis, bactericidal, macrophage, phagocytosis, rifampicin

Article Code: 17078

Title: **Overproduction of Erythromycin by Ultraviolet Mutagenesis and Expression of ermE Gene in *Saccharopolyspora erythraea***

Author(s): Fallahpour, Nargis; Adnani, Sanam; Rassi, Hossein; **Asli, Esmaeil**

Journal: **Assay and Drug Development Technologies**

Year: 2017

Vol.: 15

No/Issue: 7

PP.: 314-319

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.593

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 1.033

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Erythromycin is a macrolide antibiotic with broad-spectrum activity against gram-positive bacteria that stops protein synthesis by binding to 50s ribosomal subunit. Classical and recombinant strain improvement, such as application of ultraviolet (UV) mutagenesis and selection of overproduction mutant, is the most important and convenient method in enhancement of antibiotic production. In the present study, *Saccharopolyspora erythraea* was mutagenized using UV lights and selection by tylosin resistance mutant to improve yield of erythromycin. In other sides, to improve the erythromycin yield in mutant, effects of various parameters such as carbon concentration and ermE gene expression were analyzed. In primary selection, high erythromycin producing strains and high erythromycin producer mutant were isolated by plaque agar, and an increase of 87% was observed in tylosin resistance mutant compared to wild-type strain. In secondary selection, a mutant strain (RHU233) with a production of 1.39mg erythromycin per mL was isolated in fermentation process, which was 20 times more productive than the wild type. In contrast, it was found that glycerol can be used as an alternate carbon source in enhancement of erythromycin production. Comparison of ermE gene expression in mutants RHU233 high producer mutant RHU233 and wild type in *Escherichia coli* detected in accumulation of soluble hexahistidine-ermE was up to 45% of total cell protein after 18h in mutants RHU233. Metal-chelation chromatography yielded 126mg of hexahistidine-ermE per liter of culture with a purity slightly >95% in mutants RHU233. Finally, these optimized conditions could be used for the commercial production of this unique antibiotic.

Keywords: erythromycin, *Saccharopolyspora erythraea*, tylosin resistance mutant, UV mutagenesis

Article Code: 17079

Title: Phylogenetic study-based hemagglutinin (HA) gene of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) detected from backyard chickens in Iran, 2015

Author(s): Ghafouri, Syed Ali; Langeroudi, Arash Ghalyanchi; Maghsoudloo, Hossein; Tehrani, Farshad; Khaltabadifarahani, Reza; Abdollahi, Hamed; **Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein**

Journal: **Virus Genes**

Year: 2017

Vol.: 53

No/Issue: 1

PP.: 117-120

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.542

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.711

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Highly pathogenic avian influenza (HPAI) viruses of the H5N1 subtype have been diversified into multiple phylogenetic clades over the past decade and are highly genetically variable. In June 2015, one outbreak of HPAI H5N1 in backyard chickens was reported in the Nogardan village of the Mazandaran Province. Tracheal tissues were taken from the dead domestic chickens (n = 10) and processed for RT-PCR. The positive samples (n = 10) were characterized as HPAI H5N1 by sequencing analysis for the hemagglutinin and neuraminidase genes. Phylogenetic analysis of the samples revealed that the viruses belonged to clade 2.3.2.1c, and cluster with the HPAI H5N1 viruses isolated from different avian species in Bulgaria, Romania, and Nigeria in 2015. They were not closely related to other H5N1 isolates detected in previous years in Iran. Our study provides new insights into the evolution and genesis of H5N1 influenza in Iran and has important implications for targeting surveillance efforts to rapidly identify the spread of the virus into and within Iran.

Keywords: Avian influenza, H5N1, Iran, Phylogenetic analysis

Article Code: 17080

Title: In Silico Analysis of L1/L2 Sequences of Human Papillomaviruses: Implication for Universal Vaccine Design

Author(s): Hosseini, Nazila Ghorban; **Tebianian, Majid**; Farhadi, Ayoub; Khani, Ali Hossein; Rahimi, Arian; Mortazavi, Mojtaba; Hosseini, Seyed Younes; **Taghizadeh, Morteza**; Rezaei, Mahsa; Mahdavi, Mehdi

Journal: **Viral Immunology**

Year: 2017

Vol.: 30

No/Issue: 3

PP.: 210-223

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.531

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.677

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

The aim of this study was to design a multiepitope universal vaccine for major human papillomavirus (HPV) structural proteins, L1/L2, by bioinformatics models. For this purpose, we predicted the most probable immunogenic epitopes of L1 and L2 from common high-risk HPV 16, 18, 31, and 45 beside high prevalent type 6 and 11 based on BCPREDS defaulted model, while solvent accessibility of structure was extrapolated. The three-dimensional molecular model of L1 protein was constructed by Swiss Model server, whereas sequence alignment provided model for prediction of L2 protein epitopes. After that, N-glycosylation sites were excluded from estimated epitope regions. Then, by other bioinformatics analyses, 20 epitopes were selected and fused in tandem repeats, reverse translated, and codon optimized to relevant sequence. The final protein parameters such as antigenicity were analyzed by protean program. Evaluation of new recombinant protein sequence indicated a molecular weight of 41.8 kDa with 400 amino acids beside positive charge. The computed isoelectric point (pI) value indicated the acidic nature of final product. The aliphatic index showed low thermal stability of this construct and the Grand Average Hydropathicity value was negative (-0.494). Analyzed plot showed that major parts of new protein construct had hydrophilic property, thus harboring antigenic potency. After all, sequence of final construct reverse translated to DNA and this codon-optimized sequence showed Codon Adaptation Index (CAI) of >0.8 for expression in Escherichia coli. Finally, this sequence ligated into pET28a bacterial expression vector. The new recombinant proteins harboring 20 B cell epitope seem to be suitable antigens based on computational methods as a universal vaccine candidate for HPVs.

Keywords: HPVs, in silico analysis, L1/L2 proteins, universal vaccine

Article Code: 17081

Title: Antibacterial Activity of Isolated Immunodominant Proteins of Naja Naja (Oxiana) Venom**Author(s):** Mehrdar, Mahboobeh Talebi; **Madani, Rasool;** Hajihosseini, Reza; **Moradi Bidhendi, Soheila****Journal: Iranian Journal of Pharmaceutical Research****Year: 2017****Vol.: 16****No/Issue: 1****PP.: 297-305**

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 1.372
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.502
■ ISC	Q: 1	IF: 0.618
■ PubMed	□ Others	

Abstract:

The aim of this study is to investigate antibacterial effects of immunodominant proteins isolated from the venom of Naja Naja Oxiana snake against Staphylococcus aureus, Escherichia coli, Bacillus subtilis and Pseudomonas aeruginosa. The innate immune system is an important line of defense against bacterial diseases. Antibacterial peptides and proteins produced by snake venoms have recently attracted significant attention due to their relevance to bacterial diseases and the potential of being converted into new therapeutic agents. Identification of immunodominant proteins of the venom of Naja Naja Oxiana snake was performed by SDS-PAGE and western blot analysis. Identified proteins were isolated directly from preparative gel electrophoresis by Electro-elution. In the next step, antibacterial effects of immunodominant proteins were tested against several strains of clinical isolates, including S. aureus, B. subtilis (Gram-positive bacteria) P. aeruginosa and E. coli (Gram-negative bacteria) using broth microdilution and disc-diffusion assays. In order to compare the results of the discdiffusion assay, antibacterial effects of several antibiotics (Gentamicin, Ampicillin, Penicillin, Amoxicillin and Ciprofloxacin) were also examined using the same conditions.

Results showed that immunodominant proteins of (14, and 65kDa) with high immunogenicity were very effective in inhibiting the growth of two Gram-positive bacteria (S. aureus, B. sub) that were tested. However, they were only moderately effective in inhibiting the growth of the two tested Gram-negative bacteria (P. aeruginosa and E. coli). However, immunodominant proteins of 22 kDa and 32kDa with high immunogenicity, showed slight effectiveness in inhibiting the growth of two; the Gram-positive and Gram-negative bacteria that were tested. To the best of our knowledge, these immunodominant proteins are novel antigens for potent antimicrobial effects against two gram-positive bacteria (S. aureus, B. subtilis) and less antimicrobial effect against two gram-negative bacteria (E. coli, P. aeruginosa) that were prepared.

Keywords: Antibacterial effect, Electroelution, Immunodominant protein, Naja Naja

Article Code: 17082

Title: Effect of Crude Venom of *Odonthobuthus doriae* Scorpion in Cell Culture using Ion Channel ModulatorsAuthor(s): Ghasemi, Sainaz; Salarian, Amir Ahmad; **Zare Mirakabadi, Abbas**; Jafarinejad, Somayeh; Ghazi-Khansari, MahmoudJournal: **Iranian Journal of Pharmaceutical Research**

Year: 2017

Vol.: 16

No/Issue: 2

PP.: 648-652

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 1.372
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.502
■ ISC	Q: 1	IF: 0.618
■ PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Scorpion venom toxicity is one of the major medical concerns from old years, due to its influence on human activities and health. From many years ago a lot of researches established to examine different aspects of venom toxicity and its effects on different organs. During these years researchers are doing more specific studies on the cytotoxicity of scorpion venom. In Iran, *Odonthobuthus doriae*, the yellow scorpion is one of the major threats based on its neuro toxicity and severe pathophysiologic effects and researchers tried to find the mechanism of these neuro toxic effects. The previous studies have shown that in isolated organs the yellow scorpion venom is affecting the ion channels. Also some studies showed that this venom has severe cytotoxic effects on the cell lines with many ion channels like nerve cell lines.

In this study, the cytotoxic effect of the crude venom of *O. doriae* on the 1321N1 cell line (cancerous nerve cells) was studied. Primary cell cultured investigated in the presence of different ion channel blockers: Ouabain (1mmol as Na channel blocker), Nifedipin (100 mu mol as Ca channel blocker), and TEA (40 mmol as K channel blocker) by MTT method. The result showed that the *O. doriae* crude venom has cytotoxic effect via Na channels.

Keywords: 1321N1, Cell culture, Channel blocker, *Odonthobuthus doriae*, Scorpion

Article Code: 17083

Title: **Variation of Housekeeping Genes in Clinical Isolates and Vaccine Strains of *Bordetella pertussis***Author(s): Fathi, Masoumeh; Haghighi, Faezeh; Shahcheraghi, Fereshteh; **Abbasi, Ebrahim**; Eshraghi, Seyed Saeed; Ghourchian, Sedighe; Zeraati, Hojjat; Yaseri, Mehdi; Douraghi, Masoumeh; Shokri, FazelJournal: **Clinical Laboratory**

Year: 2017

Vol.: 63

No/Issue: 4

PP.: 809-815

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.303

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.448

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Background: *Bordetella pertussis* causes serious contagious infections, primarily in childhood. A whole-cell vaccine, diphtheria-tetanus-whole cell pertussis (DTwP), has been used to protect against pertussis in children in Iran, but the pertussis cases have been increasing during recent years. We determined the allelic variation level of housekeeping genes in isolates recovered from pertussis patients and vaccine strains used in national vaccination program.

Methods: Five clinical isolates, 2 vaccine strains and a Tohama I strain were studied through multilocus sequence typing (MLST) of housekeeping genes. The relatedness between STs, the founder, single- and double-locus variants (SLVs, DLVs) was determined using eBURST algorithm. The concordance between the type assignments by MLST and PFGE was determined.

Results: In the 5 clinical isolates, 2 STs were identified, ST2 and ST79. The vaccine strains displayed two distinct allelic profiles assigned to ST1 and ST2. ST2 was predicted as founder and the remaining STs were SLVs of ST2. MLST and PFGE type assignments were 86.6% concordant.

Conclusions: The clinical isolates of *B. pertussis* were different from vaccine strains used in the national vaccination program. This study confirms the low level of variation in housekeeping genes of *B. pertussis*. MLST of virulent antigenic genes needs to be applied as a complementary method for the characterization of new ST-harboring isolates that may predominate periodically. The combination of these data allows rapid and efficient surveillance of currently circulating isolates. These data might elucidate the future trends and considerations for vaccine formulation and design.

Keywords: *Bordetella pertussis*, Housekeeping genes, MLST, PFGE, Vaccination

Article Code: 17084

Title: A Bioinformatics Study of Complete Amino Acid Sequences' Changes of Hemagglutinin Antigen of H1N1 Influenza Viruses in GenBank From Year 2006 to 2013 in Iran

Author(s): Farhangi, Ali; Goliaei, Bahram; Kavousi, Kaveh; **Ashtari, Abbas; Bayatzadeh, Mohammad Ali; Pourbakhsh, Seyed Ali**

Journal: Jundishapur Journal of Microbiology

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 8

PP.: ---

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.233

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.543

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.333

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Influenza is a major cause of morbidity and mortality worldwide. Each year, influenza viruses cause epidemics by evading pre-existing immunity through mutations in major surface glycoprotein hemagglutinin, which helps in attachment of the viral strain on the host cell surface. Due to high mutation rate, only currently circulating strains should be used in the vaccines.

Objectives: The present study aimed at analyzing a dataset of complete amino acid sequences of HA to assess the extent of diversity among circulating strains of Iran, during years 2006 to 2013, and studying important amino acid changes as well as changes in predicted ligand binding sites that could enhance viral performance.

Methods: 110 sequences from 17 provinces were downloaded, edited, and classified. The alignment of sequences and creation of phylogenetic trees and similarity matrices were done using bioinformatics software, such as MEGA6.0, BioEdit, DNAsisMAX, and DNASTar. Web-based analyses including SWISS-MODEL, Phyre2, and 3DLigandSite were used for evaluation of the second and third protein structures and prediction of ligand binding sites.

Results: The results showed that 2009 was an important transition year, which classified the selected isolates into two different distinct groups. This shows the importance of changes made during possible mutations in the genomic structure of the virus, which have made it antigenically different from the previous years. This pandemic strain became dominant in the next years, and has been used as a standard vaccine strain from 2010 onwards.

Conclusions: The results of this study can shed further light on better understanding of the antigenic evolution of H1N1 influenza viruses and can be useful for epidemiological studies.

Keywords: Antigenic variation, Computational biology, Hemagglutinins, Influenza A virus H1N1 subtype, Phylogeny, Point mutation, Sequence alignment

Article Code: 17085

Title: Designing a Novel Multi-epitope DNA-Based Vaccine Against Tuberculosis: In Silico ApproachAuthor(s): Moradi, Jale; Tabrizi, Mina; Izad, Maryam; **Mosavari, Nader**; Feizabadi, Mohammad MehdiJournal: **Jundishapur Journal of Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 3

PP.: 1-10

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 1.233
■ Scopus	Q: 3	SJR: 0.543
■ ISC	Q: 1	IF: 0.333
<input type="checkbox"/> PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Background: Tuberculosis remains a major global threat. Two billion of the world's population is latently infected with Mycobacterium tuberculosis and is at the risk of progression to active disease. Bacillus Calmette-Guerin (BCG), as the only licensed vaccine, has prophylaxis strategy, which protects children from disseminated form of tuberculosis. Therefore, postexposure vaccine strategy, which targets individuals with latent tuberculosis infection, is an important strategy to control this disease globally. Objectives: In the present study, we designed a novel postexposure multi-epitope DNA construct based on 3 latency-associated antigens of Rv2029c, Rv2031c, and Rv2627c and microtubule-associated protein light chain 3 (LC3) as a hallmark protein of the autophagy system.

Methods: A mouse construct was designed based on predicted MHC class I-and class II-restricted T-cell epitopes that fused together tandemly. MHC class I-and class II-restricted epitopes were linked by AAY and GPGPG motifs, respectively. LC3 directly fused to the MHC class II-restricted epitopes at the C-terminus of the peptide. The varieties of expressed construct features were analyzed by bioinformatics tools. Finally, construct codons were optimized and mRNA structure of optimized construct was analyzed.

Results: MHC class I-and class II-predicted epitopes showed a high potential to binding to human HLAs alleles, with global broad-spectrum population coverage. The construct had no allergenicity, and the analysis indicated a desirable antigenicity of the construct. The construct had several posttranslational modifications, no signal peptide, and cytoplasmic localization with high score. Also, mRNA analysis showed low Delta G which demonstrated high stability and efficient translation.

Conclusions: The results revealed that the novel multi-epitope DNA construct could be an effective candidate in tuberculosis vaccine development, and it is qualified to investigate its potential to induce CD4 and CD8 T-cell immune response in the experimental animal model.

Keywords: Bioinformatics, DNA vaccine, Latency-associated antigen, LC3, T-cell epitope

Article Code: 17086

Title: **Establishment of MDCK/FX Cell for Efficient Replication of Influenza Viruses**

Author(s): Fazel, Hadi; **Shahsavandi, Shahla**; **Mahravani, Homayoon**; Rezaei, Farhad; Yavarian, Jila; Shafiiei-Jandaghi, Nazanin Zahra; Azad, Talat Mokhtari

Journal: **Jundishapur Journal of Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 5

PP.: 1-6

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.233

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.543

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.333

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Replication of influenza virus to high titer is a prerequisite for successful cell-based vaccine production. Entry of virus into the cell depends on the cleavage of the hemagglutinin precursor (HA0) protein mediated by trypsin.

Objectives: The aim of the present study was to apply a technique to establish MDCK/FX manipulated cell, which may provide a new platform for developing influenza vaccine based on the cell culture approaches.

Methods: Chicken embryo FX expressed into the pCDNA3.1 vector was transfected into the MDCK cell line. The longevity of the generated cell and the viable cell density were evaluated for 17 passages prior to virus inoculation. Then, the ability of MDCK/FX cell for efficient replication of H9N2 influenza virus was evaluated by viral titration and quantitative RT-PCR.

Results: RT-PCR data revealed that FX was stably expressed in the cell after the subsequent passages without any change in the rate of culture's confluency. Growth kinetic of H9N2 virus analysis demonstrated that MDCK/FX cell supported high-titer growth of the virus in which the viral titer is comparable to the virus grown in MDCK cells supplemented with TPCK-trypsin. Quantification of influenza infectious particles in the cell culture revealed the equivalents viral RNA copies and viral titers.

Conclusions: The results indicated a potential application for the MDCK/FX in influenza virus replication procedure and related studies.

Keywords: Factor X, Hemagglutinin, Influenza virus, MDCK cell

Article Code: 17087

Title: Genetic Diversity of Mycobacterium tuberculosis Complex Isolated from Patients in the Northeast of Iran by MIRU-VNTR and Spoligotyping

Author(s): Ravansalar, Hassan; **Tadayon, Keyvan; Mosavari, Nader;** Derakhshan, Mohamad; Ghazvini, Kiarash

Journal: Jundishapur Journal of Microbiology

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 4

PP.: 1-10

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 1.233

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.543

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.333

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Molecular typing techniques are reliable tools for epidemiological study of tuberculosis because of their power in detecting recent transmission and differentiating reinfection and relapses. **Objectives:** The present study investigated epidemiological diversity among Mycobacterium tuberculosis strains circulating in three Khorasan provinces, Iran, using 12-loci MIRU-VNTR and spoligotyping.

Methods: This study was performed on 140 M. tuberculosis strains selected from the sputum of new cases of pulmonary tuberculosis patients in three Khorasan provinces, Iran. 12 loci MIRU-VNTR and Spoligotyping were performed on all isolates.

Results: By MIRU-VNTR analysis, 76 distinct patterns comprising 19 clusters and 57 unique patterns were identified. Based on the results, MIRU10, MIRU26, and ETRF were highly discriminative, ETRD was poorly discriminative and other loci were designated as moderately discriminative. Spoligotyping of isolates revealed 51 distinct patterns: 26 patterns containing 33 strains (23.6%) corresponding to orphan strains and 14 patterns containing 107 strains (76.4%) corresponding to shared-types in the SITVIT2 database. Totally, 103 isolates (73.6%) were classified into 14 clusters containing 2 - 56 isolates; the remaining 37 isolates (26.4%) were unique patterns. By combining two techniques, 94 distinct patterns (15 clusters) contained 61 isolates (43.6%), and 79 unique patterns were identified. The discriminatory power (HGDI) of combination of two techniques was 0.962, which was higher than that of each technique alone. Based on the trees designed by Bionumerics software, we differentiated isolates with similar genetic patterns and grouped them together. Two great clusters were Haarlem and CAS lineage. All strains with combined drug resistance related to Beijing strains. Also, all mono drug-resistant strains related to Haarlem family; other strains were susceptible to the first-line antituberculosis drugs. Also, homoplasmy was observed in a number of patterns.

Conclusions: In MIRU-VNTR typing method, according to the genotype of each area, the loci with high discriminatory power (such as miru10, miru26, and ETRF in Iran) are recommended to be used and the loci with poor discrimination (such as ETRD in Iran) are not.

Keywords: Genotyping method, Mycobacterium tuberculosis, Spoligotyping, VNTR

Article Code: 17088

Title: Human Leukocyte Antigen (HLA) Class I and II Polymorphism in Iranian Healthy Population from Yazd Province

Author(s): Nikbin, Behrouz; Nicknam, Mohammad Hossein; Hadinedoushan, Hossein; Ansaripour, Bitā; Moradi, Batol; Yekaninejad, Mirsaeed; Aminikhah, Mahdi; **Ranjbar, Mohammad Mehdi**; Amirzargar, Ali Akbar

Journal: **Iranian Journal of Allergy, Asthma and Immunology**

Year: 2017

Vol.: 16

No/Issue: 1

PP.: 1-13

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 1.049
■ Scopus	Q: 4	SJR: 0.326
■ ISC	Q: 1	IF: 0.200
■ PubMed	□ Others	

Abstract:

The major histocompatibility complex (MHC) genes are the most polymorphic loci in the human genome and have been widely studied in various populations and ethnic groups. Investigations into the HLA genes and proteins have been useful tool for anthropological, transplantation and disease association studies. The polymorphism of the HLA class I (A, B, C) and class II (DRB1, DQA1, DQB1) genes were investigated in 90 unrelated Iranian individuals from Yazd province located in the center of Iran using sequence-specific primers (PCR-SSP). Allele and haplotype frequencies, expected/observed heterozygosity, unbiased expected heterozygosity, number of effective alleles, deviations from Hardy-Weinberg (HW) equilibrium and genetic diversity were computed.

A total of 23, 48, 23, 24, 13 and 16 alleles for HLA-A,-B,-C,-DRB1,-DQA and-DQB loci were determined, respectively in the population study. The most frequent allele identified in this study were A*02: 01 (18.889%), HLA-B*51: 01 (12.778%), HLA -C*12: 03 (17.033%), HLADRB*11 (24.4%), HLA-DQA*05: 05 (20.55%) and HLA-DQB*03: 01 (22.8%).

Furthermore, the most frequent 3-locus haplotypes were DRB*11-DQA*05: 01-DQB*03: 01 (21.1%), HLAA*02: 01-B *50: 01-DRB*07: 01 (4.9%) and A*26: 01-B*38: 01-C*12: 03(5%). The most 4-locus haplotype were A*11: 01-B*52: 01-C*12: 03-DRB!*15(2.5%) and A*02: 01-B*50: 01 DRB1*07: 01-DQB1*02: 01(4.5%). The heterozygosity of the study population was confirmed the expected value and not deviated from Hardy-Weinberg equilibrium for all loci ($p > 0.05$).

Our study shows a close relatedness between Yazd population and other ethnic group of Iran despite some differences, which may be due to admixture of each one of these groups with each other or foreigner subpopulations during centuries. Moreover, the results of this study suggest that the Iranian population from Yazd province is in close vicinity with the Caucasians populations and far from the Korean and Japanese populations.

Keywords: Class I and II, Human leukocyte antigen (HLA), Polymorphism, Yazd province

Article Code: 17089

Title: Camel Milk with Pegylated Interferon Alfa-2a and Ribavirin for Treatment-Naive Chronic Hepatitis C Genotype 2/3: An Open-Label, Randomized Controlled Trial

Author(s): Hosseini, Seyyd Musa al-Reza; **Zibaee, Saeid**; Yousefi, Mahdi; Taghipour, Ali; Ghanaei, Omid; Noras, Mohammadreza

Journal: **Iranian Red Crescent Medical Journal**

Year: 2017

Vol.: 19

No/Issue: 9

PP.:

Indexed in: ■ ISI Web of Science Q: 4 IF: 0.786

■ Scopus Q: 3 SJR: 0.42

■ ISC Q: 1 IF: 0.275

□ PubMed □ Others

Abstract:

Background: Chronic hepatitis C is one of the most important causes of cirrhosis and hepatocellular carcinoma (HCC). Camel milk (CM) is a new candidate therapy for chronic hepatitis C (CHC).

Objectives: The present study assessed the safety and efficacy of pegylated interferon alfa-2a and ribavirin with CM (CM + Peg IFN/RBV) and without CM (Peg IFN/RBV) in CHC genotype 2/3 infections.

Methods: This study was an open-label, randomized, phase 2 trial. Sampling strategy and date was computer-generated randomization. The researchers randomly selected 45 adult patients (ages > 18 years), who were treatment-naive with CHC infection (non-cirrhotic) to receive Peg IFN/RBV with standard-dose alone (group A, n = 23), CM + Peg IFN/RBV: 500 cc orally per day (group B, n = 22) for 24 weeks in Iran. The primary efficacy outcomes were early virological response (EVR12) and end-of-treatment response (ETR24), the secondary efficacy outcome was sustained virological response (SVR24), and the safety outcomes were adverse events and laboratory tests at end-treatment to assess.

Results: The EVR12 was 60% (12/20), ETR24 90% (18/20), and SVR24 100% (18/18) of CM + Peg IFN/RBV therapy. The EVR12 was 15% (3/20), ETR24 70% (14/20), and SVR24 rates were 71% (10/14) in Peg IFN/RBV therapy ($P < 0.05$). Rates of discontinuation due to adverse events were 8.6% (2/23) in control and no discontinuation in intervention group. The most common adverse events were fatigue, anemia, and insomnia. **Conclusions:** Combination of CM with Peg IFN/RBV for 48 weeks showed significant improvements in the viral response and decreased adverse effects in CHC genotype 2/3 ($P < 0.05$). The data of the study supported the CM synergistic antiviral activity of Peg IFN/RBV. Large clinical trials are needed to confirm the results.

Keywords: Camel milk, Chronic hepatitis C, HCV genotype 2/ 3, Iran

Article Code: 17090

Title: Combination of H120 and 1/96 avian infectious bronchitis virus vaccine strains protect chickens against challenge with IS/1494/06 (variant 2)-like infectious bronchitis virus

Author(s): Habibi, M.; Karimi, V.; Langeroudi, A. G.; Ghafouri, S. A.; Hashemzadeh, Masoud; Farahani, R. K.; Maghsoudloo, H.; Abdollahi, H.; Seifouri, P.

Journal: *Acta Virologica*

Year: 2017

Vol.: 61

No/Issue: 2

PP.: 150-160

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.696

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.309

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Avian infectious bronchitis (IB) is a worldwide chicken disease, caused by avian infectious bronchitis virus (IBV) which infects all commercial poultry lines. The present study was done to evaluate protection caused by two different serotype vaccines (Massachusetts and 793/B) in order to evaluate protection against challenge with IS/1494/06-like virus (variant 2-like virus), which is prevalent in the Middle East. SPF chickens were divided into four groups (n = 20). First and second group as negative control group and non-vaccinated-challenged group received no vaccine. Groups 3 and 4 received H120-H120 and H120-1/96 IBV vaccine strains at the 1st and 14th day, respectively. Twenty one days after last vaccination, non-vaccinated challenged group and vaccinated group were challenged using variant 2-like IBV. Serum samples were collected before challenge to measure humoral immune response of chickens. Five days after challenge, the tissue samples from the trachea, lungs and kidneys were taken to evaluate ciliary activity, viral load (quantitative real-time RT-PCR), and histopathological evaluation. Clinical sign scores were also recorded after challenge. Overall, the results showed a protective efficacy of the used vaccination program. Best cross protection (69.2%) was obtained in the H120-1/96 vaccinated group. Virus replication of the challenged virus in H120-1/96 group compared with H120-H120 group showed a significant reduction of viral load in trachea (1.5×10^3) compared to 503) and kidneys. Clinical sign scores of the challenged groups showed significant effect of the vaccination program to reduce clinical signs. The trachea pathological scores and histopathological findings in the lungs and kidneys also confirmed better protective efficacy of vaccinated groups. In conclusion, using combination of heterologous IBV vaccine serotypes (Massachusetts and 793/B) would be a better strategy to control variant 2-like viruses, but more evaluation is needed using other circulating isolates to find the best combination of vaccines.

Keywords: 1/96 strain, Avian infectious bronchitis, Cross protection, Vaccination

Article Code: 17091

Title: Antioxidative Activitiy of Protein Hydrolysate from the Muscle of Common Kilka (*Clupeonella cultriventris caspia*) Prepared Using the Purified Trypsin from Common Kilka Intestine

Author(s): Zamani, Abbas; **Madani, Rasool**; Rezaei, Masoud; Benjakul, Soottawat;

Journal: **Journal of Aquatic Food Product Technology**

Year: 2017

Vol.: 26

No/Issue: 1

PP.: 2-16

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.682

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.309

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Trypsin from the intestine of common kilka (*Clupeonella cultriventris caspia*) was purified using ammonium sulfate precipitation (30-50% saturation), Sephadex G-75, and DEAE-cellulose chromatography with the purity of 30-fold and the yield of 12%. The molecular weight of trypsin was estimated to be 23.2 kDa based on sodium dodecyl sulphate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE). The trypsin had optimal activity at pH 8.0 and 60 degrees C using N-abenzoyl-DL-arginine-rho-nitroanilide hydrochloride (BAPNA) as a substrate and showed high stability in the pH range of 7.0-10.0. It was stable up to 50 degrees C. Soybean trypsin inhibitor (SBTI) and N-rho-tosyl-L-lysine-chloromethylketone (TLCK) significantly inhibited trypsin activity ($p < 0.05$). Protein hydrolysate from common kilka muscle with different degrees of hydrolysis (DHs; 20, 30, and 40%) was prepared using the purified trypsin, and antioxidative activities were determined. 1,1-Diphenyl-2-picrylhydrazyl (DPPH), 2,2'-azinobis(3-ethylbenzothiazoline-6-sulfonic acid) (ABTS) radical scavenging activities, ferric reducing antioxidant power, and ferrous chelating activity of hydrolysate increased with increasing DH up to 40% ($p < 0.05$). Therefore, trypsin from intestine of common kilka could be used as a processing aid for production of fish protein hydrolysate with antioxidative activity.

Keywords: antioxidative activity, *Clupeonella cultriventris caspia*, protein hydrolysate, Trypsin

Article Code: 17092

Title: **Asymptomatic Herpes Simplex Virus Infection in Iranian Mothers and Their Newborns**

Author(s): Tavakoli, Ahmad; Monavari, Seyed Hamidreza; Bokharaei-Salim, Farah; Mollaei, Hamidreza; **Abedi-Kiasari, Bahman**; Fallah, Fatemeh Hoda; Mortazavi, Helya Sadat

Journal: **Fetal and Pediatric Pathology**

Year: 2017

Vol.: 36

No/Issue: 1

PP.: 27-32

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.590

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.277

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

This study aims to determine the prevalence of herpes simplex virus (HSV) infection among pregnant women as well as congenital infection of their newborns in Tehran. One hundred samples of blood sera from pregnant women were analyzed for the presence of HSV specific antibodies. Umbilical cord blood samples from the newborns were analyzed for the presence of HSV DNA using real-time PCR. HSV IgG and IgM antibodies were found in 97% and 2% of pregnant women, respectively. Of all the 100 cord blood samples, 6 were positive for HSV DNA in which 2 cases were from mothers who had detectable IgM. It was notable that all corresponding mothers of six HSV positive infants had detectable IgG antibodies in their sera. It was demonstrated that the presence of HSV DNA in cord blood of newborns could be a risk marker for maternal-fetal transmission of the virus in asymptomatic pregnant women.

Keywords: antibodies, congenital disease, cord blood, Herpes simplex virus, real-time PCR

Article Code: 17093

Title: **Differential diagnosis between ts-11 vaccine strain and field *Mycoplasma gallisepticum* isolates in clinical samples by PCR-RFLP**

Author(s): Zakeri, A.; Pourbakhsh, Seyed Ali

Journal: **European Poultry Science**

Year: 2017

Vol.: 81

No/Issue:

PP.:

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.568

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Mycoplasma gallisepticum (MG) is an important avian pathogen causing significant economic losses within the poultry industry. The aim of the present study was to investigate the prevalence of MG in poultry by PCR of *mgc2* and 16S rRNA and to set a differential diagnosis between vaccine strain and field MG. We examined the differentiating potential of diagnostic polymerase chain reaction (PCR) primers targeted to the 16S rRNA and *mgc2* genes present in MG. For the 16S rRNA and *mgc2* PCR assays, 109 samples were taken from 10 RSAT positive farms, including: lung, air sacs and tracheal swabs. For differential diagnosis between the ts-11 vaccine strain and other field isolates, PCR-RFLP with *Hae*III restricted enzyme was applied. PCR products of 530 bp and 300 bp, respectively, appeared on electrophoresis gel with 16S rRNA and *mgc2* PCR diagnostic primers specific for MG. Differential diagnosis of MG can be achieved within 1 day of submission of tracheal swab samples by application of the *mgc2*-PCR-restriction fragment length polymorphism (*mgc2*-PCR-RFLP) assay with *Hae*III, giving a 270-bp fragment for ts-11 or no restriction for other MG strains. The test was successfully applied in vivo for detection of MG, and RFLP-PCR can be used for rapid differentiation of the ts-11 vaccine strain from field isolates by direct amplification from clinical samples without the need for isolation by culture.

Keywords: *Mycoplasma gallisepticum*, 16S rRNA, ts-11 vaccine, *mgc2*, PCR – RFLP

Article Code: 17094

Title: **Pathogenicity study of Iranian genotype of avian infectious bronchitis virus (IR-1)**

Author(s): Najafi, Hamideh; Langeroudi, Arash Ghalyanchi; Hashemzadeh, Masoud; Karimi, Vahid; Madadgar, Omid; Farahani, Reza Khaltabadi; Ghafouri, Seyed Ali; Maghsoudloo, Hossein; Seifouri, Parvaneh; Madhi, Ali;

Journal: **Veterinary Research Forum**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue: 1

PP.: 35-41

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.549

☐ Scopus

Q:

SJR:

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.229

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Avian infectious bronchitis (IB) is a major cause of economic losses in poultry industry. The IB virus primarily affects respiratory tract, but various strains differ in their tropism for other target organs such as kidney and alimentary tract. The objective of this study was to estimate the pathogenicity of Iranian IBV variant (IR-1), which is limited exclusively to Iran. Specific pathogen free chicks were inoculated intranasally. Sera, fecal swabs and different tissue samples were collected on different days post infection (DPI). Clinical signs, gross pathology and histological changes were recorded. The viral load was quantified in the RNA extractions from different tissue samples using real-time PCR. Anti-IBV antibodies were detected in serum samples. The IgG antibody were found on 21 and 28 DPI. Severe histological lesions were observed in the trachea and lung while the lesions in kidney were appeared to be milder. Viral RNA was detected in all tested tissues from 1 DPI to the last day of the experiment. The highest viral load was measured in the trachea and feces on 1st and 5th DPI, respectively. It can be concluded the IR-1 had broad tropism for respiratory tract, digestive system, and renal tissue, reflecting its epitheliotropic nature, but it caused the most severe lesions in the respiratory tract. This was the first pathogenicity study of Iranian IR-1 IBV. Further knowledge of IBV pathogenesis provides the groundwork to inform more effective prevention practices.

Keywords: Avian infectious bronchitis, Biochemical analysis, Histopathology, Pathogenesis, Real-time PCR

Article Code: 17095

Title: Isolation and biotyping of Brucella spp. from sheep and goats raw milk in southeastern IranAuthor(s): Ashrafganjooyi, S. H.; Saedadeli, N.; **Alamian, Saeed**; Khalili, M.; Shirazi, ZJournal: **Tropical Biomedicine**

Year: 2017

Vol.: 34

No/Issue: 3

PP.: 507-511

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.393

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.491

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.134

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Brucellosis is known as an important public health problem for humans around the world and is one of the most prevalent zoonotic disease as well. *Brucella* spp. is a Gram negative rod, facultative intracellular pathogenic and non motile bacteria. The aim of this study were to determine the frequency and biotyping of *Brucella* spp. isolated from sheep and goats from south eastern part of Iran. 700 samples (raw milk) from sheep and goats (90) flocks were collected randomly, from January to July 2015, samples were transferred packed in ice to microbiology lab in Kerman University, immediately. Samples were inoculated on *Brucella* agar which contains antibiotic and inactivated horse serum and incubate for 5 days. Gram smears were prepared from suspected colonies followed by oxidize and biochemical tests. Polymerase Chain Reaction (PCR) were used for confirmation. All positive samples were biotyped by phage typing. Nine milk samples out of 700 (1.28%) collected were positive by bacteriological method and all of them were *Brucella melitensis* Biotype 1 and one out of 700 samples was *Brucella ovis*. In relation to the National vaccination program in these areas the most contaminated region was Rabor, Rayen, Bardsir and Baft, respectively.

Keywords: *Brucella*, Sheep, Goat, Raw milk, Iran, Isolation, Biotyping

Article Code: 17096

Title: **Experimental Nerium oleander poisoning in Balb/c mice and Wistar rat: comparative hepatotoxicity and nephrotoxicity effects based on biochemical and pathological studies**

Author(s): Khordadmehr, Monire; Nazifi, Saeed; **Mansourian, Maryam**; Basiri, Sara; Kolahian, Saeed

Journal: **Turkish Journal of Biochemistry-Turk Biyokimya Dergisi**

Year: 2017

Vol.: 42

No/Issue: 4

PP.: 427-434

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: 4	IF: 0.248
■ Scopus	Q: 3	SJR: 0.149
■ ISC	Q: 3	IF: 0.082
<input type="checkbox"/> PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Objective: Nerium oleander is a member of the Apocynaceae family. All parts of the plant are considered toxic and can poison livestock and humans.

Method: The present paper was carried out to compare the toxic effect of oral administration of N. oleander extract at single doses of 10, 12.5, 15 and 25 mg/kg body weight in Balb/c mice and Wistar rat. The toxicity of this plant was determined by measuring serum levels of ALT, AST, total protein, albumin, BUN and creatinine. Histopathological examination was performed on the liver and kidney.

Results: Significant differences were observed in the level of the ALT, AST, BUN and creatinine. Interestingly, the biochemical changes were more severe in AST in rats compared with mice (15-16 and 4-5 times compared to control, respectively). In comparison, the values of BUN in rats were higher compared with mice (2-2.5 and 1-1.5 times, respectively). In mice and in rat more sever toxic lesions were observed in the liver and kidney, respectively.

Conclusion: In conclusion, the biochemical and pathological results of the current study suggested that mice have more susceptibility to hepatotoxicity of N. oleander intoxication. But, rats show more susceptibility to nephrotoxicity of N. oleander poisoning.

Keywords: Biochemical parameters, Experimental poisoning, Hepatotoxicity, Histopathological examination, Nephrotoxicity, Nerium oleander

Article Code: 17097

Title: Site-directed mutagenesis in *Brucella abortus* S19 by overlap extension PCR-based procedure**Author(s): Fasaee Nayeri, B.; Salehi, Zahraei T.; Naserli, S.; Saeedinia, A. R.; Behroozikhah, Ali Mohammad****Journal: Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society**

Year: 2017

Vol.: 68

No/Issue: 3

PP.: 273-378

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: 4

IF: 0.069

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.132

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Introduction of a site-directed mutation can be effective method to evaluate properties of various genes. Brucellosis is one of the most common zoonotic infectious diseases, which causes great economic losses. Thus, determination of pathogenicity factors in the genus *Brucella* can lead to the control of this health problem. Due to the importance of site-directed mutations in identification of genomic structure, overlap extension polymerase chain reaction (PCR) has been introduced as an improved technique for the removal and replacement of gene targets. In this study, three DNA fragments were amplified and combined using a two-step PCR with specific primers. The resulting fusion PCR product, obtained without any change in the nucleotide sequence, was cloned in a specific position in the pBluescript II SK (-) plasmid using restriction enzymes. Finally, the construct was transferred into cells of *Brucella abortus* S19 by electroporation and replaced the target gene (*wbkA*) in the genome of the bacterium. PCR analysis was performed on kanamycin-resistant colonies to provide genetic evidence that the *B. abortus wbkA* gene was interrupted by the kanamycin cassette. The results of this study show that the optimized modified technique, splicing by overlap extension PCR, is effective in creating mutations in the bacterial genome and can easily be used in *Brucella* spp.

Keywords: *Brucella abortus* S19, Mutation, Overlap extension polymerase chain reaction

Article Code: 17098

Title: **The Effect of Various Stabilizers on Preserving Immunogenicity of Lyophilized Mumps Vaccines**

Author(s): **Kamali-Jamil, Razieh; Shayestehpour, Mohammad; Sadigh, Zohreh-Azita; Taqavian, Mohammad; Shahkarami, Mohammad-Kazem; Esna-Ashari, Fatemeh; Shahbazi, Reza; Mohammadi, Ashraf; Foroughi, Abolhasan; Romani, Bizhan**

Journal: **Journal of Research in Health Sciences**

Year: 2017

Vol.: 17

No/Issue: 4

PP.: 1-3

Indexed in: ■ ISI Web of Science	Q: --	IF: --
■ Scopus	Q: 2	SJR: 0.643
■ ISC	Q: 1	IF: 0.541
■ PubMed	<input type="checkbox"/> Others	

Abstract:

Background: Chemical stabilizers are added to live attenuated vaccines for enhancing the virus stability. The aim of this study was to evaluate the effect of various stabilizers on preserving immunogenicity of lyophilized mumps vaccines.

Study design: An experimental study. Methods: Three mumps vaccines with different formulations were inoculated to three groups of Guinea pigs. Sterile water was injected to eight Guinea pigs as a control group. Blood samples were collected before inoculation and on 14, 28 and 42 d after vaccine injection. Mumps antibodies in the sera were measured using hemagglutination inhibition assay (HAI).

Results: All three formulated mumps vaccines induced antibody in Guinea pigs after two weeks. Formulation 1 containing trehalose dihydrate and formulation 2 comprised human serum albumin stimulated antibodies in the higher level than Razi routine formulation.

Conclusions: Various stabilizers have different preservation potencies that differently affect immune response against virus. More stable and more immunogenic vaccines can be produced using stabilizers containing trehalose dihydrate.

Keywords: Immunogenicity, Mumps Virus, Vaccine

Article Code: 17099

Title: **SURVEY ON HELMINTHIC AND PROTOZOAN CONTAMINATIONS IN ALIMENTARY CANAL OF OSTRICH AT TEHRAN PROVINCE SLAUGHTERHOUSES**

Author(s): **Mirian, Seyed Jalal; Mohammadi, Ahmad Reza; Karimi, Gholamreza.; Esmail Nia, Kasra; Motamedi, Gholamreza; Hamidiyeh, Hormoz; Ghadiri Abyaneh, Mohammad**

Journal: **Journal of Fundamental and Applied Sciences**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: Supp. 1

PP.: 808-813

Indexed in: ☒ ISI Web of Science Q: -- IF: --

☐ Scopus Q: SJR:

☐ ISC Q: IF:

☐ PubMed ☐ Others

Abstract:

Ostrich-farming has been prevalent in South Africa as the main habitat of this bird since several centuries ago and the flocks of ostrich have been reared similar to other herds or tame animals and flocks of birds. It can be also possibly reared in other countries of the world. At present, whereas skin, flesh, and other organs of this bird are consumed thus farming of this bird is vitally important in the world.

With respect to growing population of ostrich flocks in Tehran Province and the affiliated towns and importance of this issue in terms of providing meat and protein for the consuming market and in order to improve production yield it requires for diagnosis of and prophylaxis of the related common diseases for this animal particularly the parasitic diseases. It was tried to study by referring to 16 ostrich farming centers and visiting and sample from 55 carcasses of and or fatalities of the animal for this purpose. Then, after washing the contents of intestine of this bird and passing of those through screen (100) and staining with loop they were analyzed. Also lamella was prepared from intestinal wall and after staining the probability of existing protozoans was explored. No helminthic parasite was observed in the samples and Emerica oocyte was seen in three cases

Keywords: Helminthic and protozoan parasites, Ostrich, Tehran Province

Article Code: 17100

Title: Epidemiological distribution of rodents as potent reservoirs for infectious diseases in the provinces of Mazandaran, Gilan and Golestan, northern Iran

Author(s): Esfandiari, Behzad; Nahrevanian, Hossein; Pourshafie, Mohammad Reza; Gouya, Mohammad Mehdi; **Khaki, Pejvak**; Mostafavi, Ehsan; Darvish, Jamshid; Hanifi, Hamed

Journal: **Infectious Disease Reports**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 2

PP.: 62-65

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.825

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Rodents are mammals that comprise more than 2000 species and approximately 30 families. There are many morphological and ecological differences among them as variations in their shape, size, weight and habitat. In addition to significant economic losses, rodents have a major role in the dissemination of infectious diseases caused by viruses, bacteria, parasites or other micro-organisms. Rodents are important reservoirs of diseases which have been observed in many cities of Iran provinces especially along Caspian Sea border to Alborz Mountain. The aim of this study is to assess the geographical distribution of rodents in three provinces of northern part of Iran as reservoir of potential endemic infectious diseases. Rodents in 10 major parts of each of the three provinces of Mazandaran, Gilan and Golestan, northern Iran were collected and a total of 404 rodents were trapped alive. They were determined by the key characteristics such as gender, genus, species, different locations and topological situation. Statistical analysis was performed to characterize the study sample and to correlate all variables and parameters. The distribution frequencies of three, five and six genera of rodents were identified in Mazandaran, Gilan and Golestan provinces respectively. The overall distribution frequency of eight genera of rodents in the three provinces were identified as *Rattus (R.) norvegicus* (67.3%), *R. rattus* (13.6%), *Apodemus sylvaticus* (13.9%), *Arvicola* (1%), *Mus musculus* (0.3%), *Nesokia indica* (2.5%), *Cricetulus migrates* (0.7%) and *Rhombomys opimus* (0.7%). The results of this study determined the geographic distribution of the rodents in the three northern provinces of Iran. It is indicated the association of various distribution and diversity of rodents with provincial location. The overall distribution frequency of eight genera of rodents was recognized in the above three provinces geographical locations. This study confirms epidemiological distribution of various rodents as potent reservoirs for infectious diseases, such as leptospirosis, salmonellosis, tularemia, leishmaniasis, etc. in the three provinces.

Keywords: Gilan, Golestan, Infectious disease, Iran, Mazandaran, Reservoir, Rodents

Article Code: 17101

Title: Selective Cytotoxicity and Apoptosis-Induction of Cyrtopodion scabrum Extract Against Digestive Cancer Cell Lines

Author(s): Rashidi, Mojtaba; Seghatoleslam, Atefeh; **Namavari, Mohammad Mehdi**; Amiri, Ahmad; Fahmidehkar, Mohammad Ali; Ramezani, Amin; Eftekhari, Ebrahim; Hosseini, Ahmad; Erfani, Nasrollah; Fakher, Shima

Journal: **International Journal of Cancer Management**

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 5

PP.: 1-7

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.402

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.154

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Cancer is one of the major threatening factors of human health worldwide. Unfortunately, chemotherapy, the powerful arm of cancer therapy, is accompanied with many side effects, so alternative treatments with greater specificities and fewer side effects are highly required.

Methods: Human cancer cell lines including SW-742, HCT116, HepG2, Hep2, MKN45 and LNCap were selected and the anti-cancer potential of Cyrtopodion scabrum extract (CsE) on their growth was studied. Vero cells were used to study the potential cytotoxicity on the normal cells. Cell cycle analysis and DNA fragmentation assay were also performed.

Results: CsE was toxic (30% - 78%) to all the cell lines, with the highest cytotoxicity on SW742, MKN45 and HepG2, respectively. A high selectivity index (> 2) was observed for the extract on SW742 and MKN45 cell lines. DNA laddering pattern, as well as a significant increase in the number of the cells accumulated in sub-G1 and G2-phase of the cell cycle compared to the control untreated cells, was also observed.

Conclusions: CsE suppressed the human cancer cells selectively and probably through apoptosis and G2 arrest mechanism. It could suggest a promising alternative/complementary treatment for cancer patients, especially those who suffer from digestive tract cancer.

Keywords: Cyrtopodion scabrum, DNA fragmentation assay, Flow cytometry, Gecko (gekko) extract, MTT assay

Article Code: 17102

Title: Isolation and Identification of an Indigenous Probiotic Lactobacillus Strain: Its Encapsulation with Natural Branched Polysaccharids to Improve Bacterial Viability

Author(s): Foroutan, Nafiseh Sadat; Tabandeh, Fatemeh; Khodabandeh, Mahvash; **Mojgani, Naheed**; Maghsoudi, Amir; Moradi, Meisam

Journal: Applied Food Biotechnology

Year: 2017

Vol.: 4

No/Issue: 3

PP.: 133-141

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.268

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background and Objective: Probiotics have to reach their site of action in certain numbers in order to exhibit positive health effects. Encapsulation has shown remarkable enhancing effects on probiotic survival in simulated gastric conditions compared to free bacteria. The purpose of this study was identification and evaluation of a potential probiotic strain using encapsulation process by new carriers in order to improve probiotic viability during in vitro simulated conditions.

Material and Methods: A native Lactobacillus was isolated from yogurt, identified as Lactobacillus casei PM01 (NCBI registered) and analyzed for probiotic properties alongside established probiotic strains of Lactobacillus acidophilus ATCC 43556, and Lactobacillus rhamnosus ATCC 7469. Acid and bile resistance, adhesion to Caco-2 cells and antibiotic resistance were evaluated. Lactobacillus casei PM01 was encapsulated with alginate, chitosan and natural branched polysaccharides (pectin, tragacanth gum and gum Arabic) by using extrusion technique. Encapsulation efficiency, acidification activity and viability of entrapped Lactobacillus casei PM01 in simulated gastric pH were determined.

Results and Conclusion: Based on the results, all the three strains could be considered as potential probiotics, and are good candidates for further in vitro and in vivo evaluation. The results showed that the survival of encapsulated Lactobacillus casei PM01 was significantly ($p \leq 0.05$) increased when it was incubated in simulated gastric pH. It can be concluded that indigenous Lactobacillus casei PM01 in encapsulated form is introduced as an efficient probiotic strain for using in dairy products.

Keywords: Encapsulation, Extrusion, Lactobacillus, Probiotic

Article Code: 17103

Title: **Seasonal distribution and faunistic of ticks in the Alashtar county (Lorestan Province), Iran**Author(s): Davari, Behroz; Alam, Firoz Nazari; Nasirian, Hassan; Nazari, Mansour; **Abdigoudarzi, Mohammad**; Salehzadeh, ArefJournal: **Pan African Medical Journal**

Year: 2017

Vol.: 27

No/Issue:

PP.:

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.243

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Introduction: Ticks are non-permanent obligate parasites that have considerable medical-veterinary and zoonosis importance. In this regard a study designed to investigate the distribution and fauna of ticks in the Alashtar county in Iran from April and March 2014.

Methods: Ticks were collected from livestock farms and facilities from selected rural and geographically location in the Alashtar county. Based morphological characteristics and reference identification keys, ticks were identified.

Results: A total of 549 ticks including 411 hard and 138 soft ticks were found. Ten tick species including *Haemaphysalis concinna* (0.36%), *Haemaphysalis sulcata* (0.36%), *Hyalomma anatolicum* (0.18%), *Hyalomma dromedarii* (0.18%), *Hyalomma marginatum* (1.45 %), *Hyalomma schulzei* (0.36%), *Rhipicephalus annulatus* (0.18%), *Rhipicephalus bursa* (28.1%), *Rhipicephalus sanguineus* (43.63%) and *Argas persicus* (25.2%) were identified. Tick seasonal distribution were 47.26%, 22.63%, 14.96% and 15.15% in the spring, summer, autumn and winter, respectively. The tick distribution was more from plain areas (64.96%) than the mountainous areas (35.04%). The rates of the tick contamination were 97.3% and 2.7% in the traditional and industrial livestock's, respectively. The livestock contamination ranks to the hard ticks were cattle (39.51%), sheep (34.15%) and goats (26.34 %), respectively. Chi-square analysis showed a significant difference among the seasonal distribution of the ticks in the spring, summer and autumn or winter; between the tick distribution in the plain and mountainous areas; and between the traditional and industrial livestock's tick contamination ($P < 0.05$).

Conclusion: Present study proves to change the traditional livestock's to the industrial livestock's. These findings highlight the importance of ticks and shows need to their control and tick pest management.

Keywords: CCHF, Faunistic, Hard tick, Seasonal distribution, Soft tick

Article Code: 17104

Title: Synthesis of Mixed Metal oxides Nano-Colloidal Particles and Investigation of the Cytotoxicity Effects on the Human Pulmonary cell lines: A prospective Approach in Anti-Tuberculosis Inhaled Nanoparticles

Author(s): Jafari, Alireza; Kharrazi, Sharmin; **Mosavari, Nader**; Movahedzadeh, Farahnaz; **Tebianian, Majid**; Nodooshan, Saeedeh Jafari; Bostanshenas, Mina; Majidpour, Ali; Mosavi, Tahereh

Journal: **Oriental Journal of Chemistry**

Year: 2017

Vol.: 33

No/Issue: 3

PP.: 1529-1544

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.205

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

In today's world, Nano-science in association with synthesis of effective anti-tuberculosis nanoparticles (NPs) is expanding day by day. Also, personalized medicine in the field of Mycobacteriology; will play a significant role in the diagnosis, control, and even treatment of infectious diseases, especially tuberculosis in the next future. In this study, the colloidal Ag & ZnO NPs were synthesized with chemical reduction and deposition method. The SEM, TEM, DLS, UV-visible, and ICP-MS were used to identify of characteristics, structure, and estimate of NPS size, as well as the dispersion. Next, NPs were mixed together with 2(Ag): 8(ZnO), 5(Ag): 5(ZnO) and 8(Ag): 2(ZnO) ratios. The toxicity effects of different ratios of NPs in contrast to human macrophage (THP-1) and normal human lung fibroblast (MRC-5) cell lines were evaluated using MTT method. The average size of NPs were estimated about 13 +/- 3.14 nm and 4 +/- 0.88 nm, respectively. The NPs were spherical in shape with a smooth surface morphology, as well as agglomerates. The results of UV-visible spectrums shows two peak in 420 nm and 350 nm for NPs, respectively. The intensity distribution spectrum indicate that mid-range of hydrodynamic diameter of the NPs were about 28.91 nm and 57 nm. The PDI and zeta potential of NPs were 1.00 and 0.545, also -20.7 mV and 3.13 mV, respectively. The results showed that the 5(Ag): 5(ZnO) ratio of mixed NPs in the dilution of 1: 64 (similar to 0.663 ppm), did not have any toxicity effects against THP-1 and MRC-5 cells. The ZnO NPs have had strongly toxic effects on THP-1 and MRC-5. Also, in the dilution of 1: 64 of Ag NPs (similar to 0.390 ppm), we did not find any evidence case of toxicity against normal lung and THP-1 cell lines. We are looking for exclusive ratio : dilution of NPs that used in the next future as a safety anti-tuberculosis agent in the personalized medicine and treatment process of respiratory disease; spatially "tuberculosis". We discovered, if the NPs are mixed with a ratio of 5: 5 in dilution of 1: 64(similar to 0.663 ppm) of initial concentration, we will not see any toxic effects on the human respiratory cells.

Keywords: Anti-tuberculosis, Cytotoxicity, Mixed nano-colloidal metal oxides, MRC-5, Personalized medicine, THP-1

Article Code: 17105

Title: **COLLAGEN TYPE II Gene EXPRESSION IN MESENCHYMAL STEM CELLS DELIVERED FROM RATS FEEDING WITH LEAD ACETATE II**

Author(s): Rafiei, Hossein; Shariati, Mehrdad; Khayatzaheh, Jina; Afsharnezhad, Sima; **Farhoodi, Majid**

Journal: **Indo American Journal of Pharmaceutical Sciences**

Year: 2017

Vol.: 4

No/Issue: 6

PP.:

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background and Objectives: One of the most harmful heavy metals with deleterious effects on tissues is lead (Pb). In this project, the effects of lead acetate II oral doses on Collagen type II gene expression in mesenchymal stem cells (MSCs) in chondrogenic media were studied. Collagen type II is one of the most plentiful differentiated proteins of the in extracellular matrix (ECM) in cartilage.

Methods: Twelve male Wistar rats were randomly divided into 3 groups. Except libitum feed, the first group were fed orally by 50 ppm lead acetate II, the second group were fed orally by 100 ppm lead acetate II while the control group was fed by distilled water for 2 months. After killing, the femoral bone marrow mesenchymal stem cells (BMMSCs) were isolated then cultured in chondrogenic medium. Finally the gene expression of Collagen type II was evaluated by real time PCR.

Results: After 2 passages, Population Doubling Time of MSCs in the second group was more than the first while the control group was the least. Real time PCR demonstrated that after feeding rats bone marrow with lead acetate II, Collagen type II gene expression in MSCs in chondrogenic medium decreased significantly in the second group compared with the first, while Collagen type II gene expression in the control group was the most.

Conclusion: It seems that accumulation of lead acetate II with the doses 50 and 100 ppm in rat bone marrow in femur lead to reduce Collagen type II gene expression in MSCs in chondrogenic medium thus, public health is a priority.

Keywords: Bone Marrow, lead acetate, Mesenchymal Stem Cells, Real-Time PCR, Collagen type II

Article Code: 17106

Title: Effect of feed restriction with or without betaine supplementation on immune response, blood cation-anion balance, body temperature and bone characteristics of broiler chickens under heat stress

Author(s): Maddahian, A.; Morovat, M.; Dadvar, P.; **Shamsaddini Bafti, Mehrdad**

Journal: **Journal of Livestock Science**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue:

PP.: 179-186

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

This experiment was conducted to determine the effects of feed restriction and betaine supplementation on immune response, blood cation-anion balance, bone characteristics and body temperature of broiler chickens under heat stress. A total of 160 one-day old chicks (Ross 308) in a 2x2 factorial experiment within a completely randomized design were divided into 4 treatments with 4 replicates in each. The treatments included two levels of feed restriction (none and 80% of ad libitum diet from day 7 to day 21) and two levels of dietary betaine (0 and 1 g/kg). The results indicated that betaine supplementation had no effects on antibody titer against Newcastle disease vaccine, but it caused an increase in bursa ($P<0.01$) and spleen ($P<0.05$) weights, as well as the antibody titer against Infectious bursal disease ($P<0.05$). Feed restriction levels had no effects on immune responses of broilers. Using betaine caused blood cation-anion balance to decrease significantly ($P<0.01$). Blood cation-anion balance was also decreased at day 42 by feed restriction ($P<0.05$). Only on day 14 of age and under stress, feed restriction caused a meaningful reduction ($P<0.01$) in cloacal temperature, but no significant difference was observed at days 21 and 28. Betaine supplementation reduced the cloacal temperature under heat stress at days 14 and 21 ($P<0.01$) and day 28 ($P<0.05$), but there was not any meaningful differences before heat stress at these days. Feed restriction led to a decrease in tibia length of broilers at days 28 ($P<0.01$) and 42 ($P<0.05$). Tibia ash showed no significant difference among treatments, but betaine supplementation increased tibia length ($P<0.01$) and tibia ash percentage ($P<0.05$). Interaction between these factors indicated that supplementing betaine and applying feed restriction together can be used as management strategy against heat stress.

Keywords: Feed restriction, Betaine, Immune response, Cation-Anion Balance, broiler

Article Code: 17107

Title: IFN-gamma and IL-2 Responses to Recombinant AlaDH against ESAT-6/CFP-10 Fusion Antigens in the Diagnosis of Latent versus Active Tuberculosis Infection

Author(s): Movahedi, Bahram; Mokarram, Pooneh; Hemmati, Mina; **Mosavari, Nader**; Zare, Razie; Ardekani, Leila Safaee; Mostafavi-Pour, Zohreh

Journal: **Iranian Journal of Medical Sciences**

Year: 2017

Vol.: 42

No/Issue: 3

PP.: 275-283

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q :--

IF :--

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.3

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Discriminating latent tuberculosis infection (LTBI) from active TBI may be challenging. The objective of this study was to produce the recombinant L-alanine dehydrogenase (AlaDH) antigen and evaluate individuals with LTBI, those with active TBI, and uninfected individuals by enzyme-linked immunospot assay (ELISPOT) in order to distinguish LTBI from active TBI.

Methods: This exploratory study was performed in the Iranian city of Shiraz from 2014 to 2015. The study population (N=99) was divided into 3 groups: individuals with newly diagnosed active TBI (n=33), their household contacts (n=33), and controls (n=33). AlaDH was produced through PCR and cloning methods. The diagnostic characteristics of AlaDH vs. ESAT-6/CFP-10 were evaluated in responses to interferon-gamma (IFN-gamma) and interleukin-2 (IL-2) with ELISPOT. Differences between the groups were assessed with the Kruskal-Wallis and Mann-Whitney tests for nonparametric data analysis. The statistical analyses were performed with SPSS, version 16.

Results: IFN-gamma responses to both ESAT-6/CFP-10 ($P=0.81$) and AlaDH ($P=0.18$) revealed that there were no significant differences between the individuals with LTBI and those with active TBI. The same results were determined for IL-2 responses to ESAT-6/CFP-10 between the 2 groups, while significantly higher IL-2 responses to AlaDH were observed in LTBI than in active TBI. According to the ROC curve analysis, a cutoff value of 275 SFC showed sensitivity of 75.8% and specificity of 78.8% for distinguishing LTBI from active TBI by IL-2 responses to AlaDH.

Conclusion: The current study suggests that it may be possible to discriminate LTBI from active TBI by IL-2 responses to AlaDH.

Keywords: Enzyme-linked immunospot assay, Interferon-gamma, Interleukin-2, Mycobacterium tuberculosis

Article Code: 17108

Title: Low hepatitis B virus–specific T-cell response in males correlates with high regulatory T-cell numbers in murine modelsAuthor(s): Kosinska, A.D.; **Pishraft-Sabet, Leila**; Wu, W.; Fang, Z.; Lenart, M.; Chen, J.; Dietze, K.K.; Wang, C.; Kemper, T.; Lin, Y.; Yeh, S.-H.; Liu, J.; Dittmer, U.; Yuan, Z.; Roggendorf, M.; Lu, M.Journal: **Hepatology**

Year: 2017

Vol.: 66

No/Issue: 1

PP.: 69-83

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 1

SJR : 5.541

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Hepatitis B virus (HBV) infection shows significant gender-related differences in pathogenesis, disease progression, and development of hepatocellular carcinoma. The gender-associated differences in HBV replication and viral protein levels may be associated with distinct HBV-specific immune responses in the host. In the present study, we examined the impact of gender on HBV-specific immune responses in two different mouse models representing transient and persistent hepadnaviral infection; hydrodynamic injection with the HBV genome mimicked acute HBV infection, whereas the efficacy of therapeutic vaccination was studied in the woodchuck hepatitis virus transgenic mouse model. Consistent with previous reports, significantly higher HBV DNA and protein levels were detected in male compared to female mice. Although hydrodynamic injection with the HBV genome resulted in similar numbers of intrahepatic HBV-specific cluster of differentiation 8–positive (CD8+) T cells, their functionality was significantly reduced in males and correlated with higher numbers of intrahepatic regulatory T cells (Tregs). Similar effects were observed in woodchuck hepatitis virus transgenic mice immunized with a DNA prime-recombinant adenovirus boost vaccination protocol. Male mice showed functionally suppressed woodchuck hepatitis virus–specific CD8+ T-cell responses in the liver and significantly higher numbers of intrahepatic Tregs compared to females. Blockade of Treg responses in male mice led to augmented effector functions of specific CD8+ T cells and subsequently improved virus control in both models of transient and persistent hepadnaviral infection. Conclusion: The functionality of virus-specific CD8+ T cells in male mice was suppressed by intrahepatic Tregs and inversely correlated with levels of hepadnaviral DNA and viral protein; the induction of intrahepatic Tregs by viral replication and/or protein levels may explain the gender-related differences in the outcomes of HBV infection and limit the success of immunotherapeutic strategies in male patients.

Keywords: Hepatitis B virus, T-cell response, Males, Immune responses, Mice

Article Code: 17109

Title: **Cypress Pollinosis: from Tree to Clinic**Author(s): Charpin, D.; Pichot, C.; Belmonte, J.; Sutra, J.-P.; Zidkova, J.; Chanez, P.; **Shahali, Youcef**; Sénéchal, H.; Poncet, P.Journal: **Clinical Reviews in Allergy and Immunology**

Year: 2017

Vol.: ---

No/Issue: ---

PP.: 1-22

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 1

SJR: 0.967

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Cypress (*Cupressus* sp.pl) is a genus within the Cupressaceae family. This family covers all of the Earth's continents except for Antarctica, and it includes about 160 species. The most important taxa for allergic diseases belong to five different genera: *Cupressus*, *Hesperocyparis*, *Juniperus*, *Cryptomeria*, and *Chamaecyparis*. Cupressaceae species share a common pollen type that can even include the genus *Taxus* (Taxaceae) when this plant is also present. As *Juniperus oxycedrus* pollinates in October, *Cupressus sempervirens* in January and February, *Hesperocyparis arizonica* (prev. *Cupressus arizonica*) in February and March, and *Juniperus communis* in April, the symptomatic period is long-lasting. Due to global warming, the pollination period tends to last longer, and there is a trend for Cupressaceae bioclimate niches to migrate north. In Mediterranean areas, *C. sempervirens* (Italian cypress or Mediterranean cypress) is by far the most common pollinating species. It accounts for half of the total pollination level. The group 1 major allergens belong to the pectate-lyase family, and members share 70 to 97% sequence homology within the different Cupressaceae. Group 2 allergens correspond to the polygalacturonase protein family, while group 3, a minor allergen, belongs to the family of "thaumatin-like proteins," a pathogenesis-related protein 5. Group 4 allergens are Ca⁺⁺-binding protein (4 EF-hands). Aside from these four groups, about 15 other allergens have been reported. Prominent among these is a basic low-molecular mass cross-reactive allergen that was identified recently, and which is suspected to be involved in pollen food syndromes which are common with peach and citrus. The prevalence of cypress allergy in the general population ranges from 0.6 to 3%, depending on the degree of exposure to the pollen. Depending on the geographic area and the studied population, 9 to 65% of outpatients consulting an allergist may have sensitization to cypress pollen. Repeated cross-sectional studies performed at different time intervals have demonstrated a threefold increase in the percentage of cypress allergy around the Mediterranean area. Risk factors include a genetic predisposition and/or a strong exposure to pollen, and the natural history of cypress allergy allows identification of a subgroup of patients as allergic rather than atopic. Concerning the clinical expression, rhinitis is the most prevalent symptom, while conjunctivitis is the most disabling. Pharmacological treatment of cypress allergies is not different from that of other seasonal allergies. Immunotherapy has been used, initially by subcutaneous injections, but currently mostly through the sublingual route. Although clinical trials have included only a limited number of patients, it has proven effective and safe. Avoidance can be implemented at the individual level, as well as at the community level, through the use of alternative plants, low-pollinating cypresses, or by trimming hedges before pollination.

Keywords: Aerobiology, Allergens, Botanic, clinic, Cypress pollen, Epidemiology

Article Code: 17110

Title: **Fauna of ticks (Acari: Ixodidae) and their seasonal infestation rate on Camelus dromedarius (Mammalia: Camelidae) in Masileh region, Qom province, Iran**

Author(s): Pasalary, M.; Arbabi, M.; Pashei, S.; **Abdigoudarzi, Mohammad**

Journal: **Persian Journal of Acarology**

Year: 2017

Vol.: 6

No/Issue: 1

PP.: 31-37

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 1

SJR : 0.364

☐ ISC

Q:

IF :

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Ticks (Acari: Ixodidae) are obligatory blood feeders and important external parasites of wildlife, domestic animals and humans in tropical and subtropical areas. Ticks primarily transmit different pathogenic organisms to livestock and humans, and secondly harm their animal hosts by decreasing blood protein content and nutrients due to partial exsanguinations, induce allergic reaction and sometimes cause tick paralysis or toxicosis. In this study, ticks have been collected from different body parts of stable kept male and female camels (*Camelus dromedarius*) in monthly intervals from late April 2012 to late March 2013 in Masileh region of Qom province, Iran. All tick have been collected and identified according to male individual characters. Totally, 1265 ticks (42.5% and 57.4% from stable male and female camels respectively) have been collected. Tick identification based on male characters revealed *Hyalomma dromedarii* (40.7%), *H. schulzei* (40.3%) and *H. marginatum* (18.8%). Heavy camel infestation by *H. schulzei* was recorded for the first time from central part of Iran. Different tick infestation rates were recorded during June and January, from zero to 254 ticks. The highest mean number of collected ticks was 9.6 under tail of female camels among five body places during August. Statistical analysis showed a significant correlation between the number of collected ticks and sampling intervals, sex of camels and place of camel bodies. Out of five camel body places, ticks were collected regularly from four body parts. Periodical infestation by *H. dromedarii* under tail, belly, thigh and neck of both camel sexes was found to be longer than for *H. schulzei* and *H. marginatum*. It could be concluded that any control measure for camel tick infestation should be planned before March-April in Masileh region of Qom, Iran.

Keywords: Body parts, Camel, Ectoparasite, Hard ticks, *Hyalomma* spp

Article Code: 17111

Title: **Human papilloma virus genotype distribution in cervical lesions in Zanjan, Iran**Author(s): **Ahmadi, Shahrzad**; Goudarzi, H.; Jalilvand, A.; Esmailzadeh, A.Journal: **Asian Pacific Journal of Cancer Prevention**

Year: 2017

Vol.: 18

No/Issue: 12

PP.: 3373-3377

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 2

SJR :0.616

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Objective: Cervical cancer is one of the most common cancers among women all over the world, and main cause is persistent infection with high risk human papillomavirus (HPV) strains. It has been reported that the distribution and prevalence of HPV types varies by geographical region, so that this is important for prevention by type-specific vaccines. The aim of current study was to determine the genotype distribution of HPV using the INNO-LiPA genotyping assay in Zanjan province, North West Iran.

Methods: A total of 112 formalin-fixed paraffin embedded (FFPE) tissue samples from cases of low-grade intraepithelial lesion (LSIL), high-grade intraepithelial lesion (HSIL) and squamous cell carcinoma (SCC) were collected. The polymerase chain reaction (PCR) was used to amplify DNA for genotyping.

Results: Among the 112 samples from females (ranging from 20 to 69 years, mean age 43.8 ± 10.1) tested for HPV DNA, 50 samples were positive. Based on results of genotyping, most common HPV genotypes were HPV18 (48%) followed by HPV-6 (24%), HPV73 (16%), HPV-51(8%), HPV-31(8%), HPV-16 (8%), HPV-56 (4%), HPV-44 (4%).

Conclusion: While HPV infection is the major etiological factor for cervical cancer, presence was relatively low in our survey. In the positive cases, however, HPV18 was the most common in line with many other populations. The fact that types vary among different populations must clearly be taken into account in design of vaccines for our country.

Keywords: Cervical cancer, Human papilloma virus, INNO-LiPA, Iran, Zanjan

Article Code: 17112

Title: **A novel PCR assay for detecting *Brucella abortus* and *Brucella melitensis***Author(s): **Alamian, Saeed**; **Esmaelizad, Majid**; Zahraei, T.; **Etemadi, Afshar**; Mohammadi, M.; Afshar, D.; **Ghaderi, Soheila**.Journal: **Osong Public Health and Research Perspectives**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue: 1

PP.: 65-70

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 2

SJR : 0.57

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Objectives: Brucellosis is a major zoonotic disease that poses a significant public health threat worldwide. The classical bacteriological detection process used to identify *Brucella* spp. is difficult and time-consuming. This study aimed to develop a novel molecular assay for detecting brucellosis. Methods: All complete sequences of chromosome 1 with 2.1-Mbp lengths were compared among all available *Brucella* sequences. A unique repeat sequence (URS) locus on chromosome 1 could differentiate *Brucella abortus* from *Brucella melitensis*. A primer set was designed to flank the unique locus. A total of 136 lymph nodes and blood samples were evaluated and classified by the URS-polymerase chain reaction (PCR) method in 2013-2014. Results: Biochemical tests and bacteriophage typing as the golden standard indicated that all *Brucella* spp. isolates were *B. melitensis* biovar 1 and *B. abortus* biovar 3. The PCR results were the same as the bacteriological method for detecting *Brucella* spp. The sensitivity and specificity of the URS-PCR method make it suitable for detecting *B. abortus* and *B. melitensis*. Conclusion: Quick detection of *B. abortus* and *B. melitensis* can provide the most effective strategies for control of these bacteria. The advantage of this method over other presented methods is that both *B. abortus* and *B. melitensis* are detectable in a single test tube. Furthermore, this method covered 100% of all *B. melitensis* and *B. abortus* biotypes. The development of this URS-PCR method is the first step toward the development of a novel kit for the molecular identification of *B. abortus* and *B. melitensis*.

Keywords: *Brucella abortus*, *Brucella melitensis*, Brucellosis, Polymerase chain reaction

Article Code: 17113

Title: **Lactococcus lactis: A new strategy for vaccination**

Author(s): Azizpour, M.; **Hosseini, Seyed Davood**; Jafari, P.; Akbary, N.

Journal: **Avicenna Journal of Medical Biotechnology**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 4

PP.: 163-168

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.441

☒ ISC

Q: 2

IF: 0.174

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Needle free vaccines have a several advantages and very attractive way for vaccination. In a body, mucosal surfaces provide a universal entry portal for all the known and emerging infectious pathogenic microbes. Therefore, it seems, vaccination strategies need to be reorganized for vaccines that are hindering the entry capability of pathogenic microbes through mucosal surfaces. Lactic acid Bacteria (LAB) are widely used in the food industry and at the present, used as delivery vehicles for biological investigations. In this review, we summarized the Results of several studies which *Lactococcus lactis* (*L. lactis*) used as a live vector for vaccines. These bacteria are considered as promising candidates for heterologous expression of proteins and biotechnological usage. LAB are considered as promising candidates for heterologous expression of proteins and biotechnological usage. The results showed that these bacteria have an ability to deliver antigen to immune system. Therefore, developing mucosal live vaccines using lactic acid bacterium, *L. lactis*, as an antigen delivery vector, is an attractive alternative choice and a safer vaccination strategy against pathogens.

Keywords: DNA, *Lactococcus lactis*, Vaccines

Article Code: 17114

Title: Topical propolis improves wound healing in patients with diabetic foot ulcer: a randomized controlled trial

Author(s): Afkhamizadeh, M.; Aboutorabi, R.; Ravari, H.; **Fathi Najafi, Mohsen**; Ataei Azimi, S.; Javadian Langaroodi, A.; Yaghoubi, M.A.; Sahebkar, A.

Journal: **Natural Product Research**

Year: 2017

Vol.:

No/Issue:

PP.: 1-4

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.671

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

In this randomized controlled trial, diabetic patients with foot ulcers (Wagner grades 1 and 2) were randomly assigned to conventional therapies for diabetic foot ulcer plus topical propolis ointment (5%; twice daily) or conventional therapies alone. The process of ulcer healing was observed during 4 weeks and compared between the two groups regarding the size, erythema, exudates, white blood cell (WBC) count and erythrocyte sedimentation rate (ESR). The process of ulcer size reduction during the four-week period of study was significantly different between the groups. However, this difference was not significant between the third and fourth weeks. There was no significant difference between two groups regarding erythema and exudate reduction as well as WBC count and ESR. Administration of topical propolis ointment in addition to the conventional treatments of diabetic foot ulcer could reduce the size of ulcers with Wagner grades 1 and 2.

Keywords: diabetic foot, erythema, Propolis, ulcer, wound healing

Article Code: 17115

Title: Exploring Hepatitis From the Perspective of Iranian Traditional Medicine: Using a Qualitative ApproachAuthor(s): Yousefi, M.; Hosseini, S.M.A.-R.; Taghipour, A.; **Zibae, Saeid**; Noras, M.R.Journal: **Journal of Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine**

Year: 2017

Vol.: 22

No/Issue: 2

PP.: 317-323

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.482

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed☐ Others**Abstract:**

Hepatitis is a global health problem, with significant adverse impacts on patients' quality of life. In this study, we aimed to review major resources of Iranian traditional medicine and determine whether the etiology and semiology of hepatitis, in particular chronic hepatitis, in traditional and conventional medicine might be aligned. Through such studies, we might be able to develop new approaches for clinical research to improve our current knowledge on the etiology and treatment of this condition. In this qualitative study, recently published studies, scientific databases, and reliable Iranian traditional medicine resources, including the Canon of Medicine, were searched. The integrative use of conventional and traditional medicine for diagnostic and therapeutic purposes could be evaluated to develop new modalities for dealing with this condition. An integrated approach is recommended in clinical research in order to find more efficient and safer treatment.

Keywords: Avicenna, hepatitis, Iranian traditional medicine, O'ram, temperament, waram, Waram-e kabad

Article Code: 17116

Title: **Performance of Broilers Supplemented With Peppermint (*Mentha piperita* L.) Powder**

Author(s): Asadi, N.; **Hosseini, Seyed Davood**; Tohidian, M.-T.; Abdali, N.; Mimandipoure, A.; Rafieian-Kopaei, M.; Bahmani, M.

Journal: **Journal of Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine**

Year: 2017

Vol.: 22

No/Issue: 4

PP.: 703-706

Indexed in: ☒ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 2

SJR: 0.482

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

This study was conducted to determine the effects of dietary supplementation of peppermint (*Mentha piperita* L.) on the performance of broiler chicks. 500 Ross broiler chicks were divided into 5 treatment groups of 4 replications in a completely randomized design format. The diets were ISO-caloric and ISO-nitrogenous ones and contained 1.5, 3, 4.5, and 6 g/kg of peppermint powder. At start, growing, and end periods, the effects of peppermint powder on average daily weight gain, feed conversation ratio, and mortality rate were studied. The results of the present study showed that over a production period of 42 days peppermint had a significant effect on average daily weight gain and feed conversation ratio when compared with the control group ($P < .05$). The level of 4.5 g/kg had the highest average daily weight gain (52.78 g), and control treatment with 46.98 g had the least average daily weight gain among different levels of peppermint. The level of 4.5 g/kg and 6 g/kg of peppermint had the least mortality compared to control treatment during training period ($P < .05$). From this experiment, we can conclude that treatment with 4.5 g/kg peppermint powder has better performance and carcass characteristics in broilers.

Keywords: medicinal plants, *Mentha piperita* L., performance of broilers

Article Code: 17117

Title: Evaluation of cytotoxic effect and antioxidant activity of grape seed extract, crocin, and phenytoinAuthor(s): **Razmaraii, Naser**; Babaei, H.; Mohajjel Nayeibi, A.; Ahadi Khosroshahi, S.; Farajnia, S.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 3

PP.: 181-187

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 3

SJR : 1.182

☒ ISC

Q :1

IF : 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Antioxidant compounds inhibit formation of free radicals, chelate catalytic metals, and scavenge free radicals in biological systems. In addition, antioxidants play a decisive role in prevention of numerous physiological dysfunctions, cancers, and metabolic disorders. This study sought to evaluate the antioxidant capacity and cytotoxic effect of grape seed extract (GSE), crocin (CRO), and phenytoin (PHEN) on a human breast cancer cell line (MCF-7). Methanol extracts of the three mentioned agents were prepared and their antioxidant activity was evaluated by diphenyl-1-picrylhydrazyl method, using Quercetine (QUER) as positive control. The 3-(4, 5-dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyl tetrazolium bromide (MTT) assay was used to evaluate the cytotoxic effect of the extracts on Michigan Cancer Foundation-7MCF-7 cell line, using doxorubicin hydrochloride (DOX) as the positive control. Given the results, greater scavenging activity was achieved by using GSE in comparison to CRO and PHEN. Further, a significant correlation was found between the antioxidant activity and cytotoxic effects of these agents, and GSE had the highest antioxidant capacity and cytotoxic effect in comparison to CRO and PHEN.

Keywords: antioxidant activity, Crocin, Cytotoxicity, Grape seed extract, Phenytoin

Article Code: 17118

Title: **Effects of fostriecin on β 2-adrenoceptor-driven responses in human mast cells**

Author(s): **Bastan, Reza**; Eskandari, N.; Ardakani, H.J.; Peachell, P.T.

Journal: **Journal of Immunotoxicology**

Year: 2017

Vol.: 14

No/Issue: 1

PP.: 60-65

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.62

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

As part of the intracellular processes leading to mast cell and basophil activation, phosphorylation of key substrates is likely to be important. These processes, mediated by phosphatases, are responsible for regulating phosphorylation. The aim of the present study was to determine effects fostriecin - a selective inhibitor of PP2A (protein phosphatase-2) - on β 2-adrenoceptor-driven responses in human mast cells. Here, the effects of fostriecin (PP inhibitors) on the inhibition of histamine release from HLMC, on b-adrenoceptor-driven responses in mast cells and on desensitization were investigated. Long-term incubation (24 h) of mast cells with fostriecin (10-6M) resulted in a significant ($p < 0.001$) reduction in the maximal response (from 41.2 \pm 3.0 to 29.9 \pm 4.2 %) to salbutamol following fostriecin treatment. The results showed that fostriecin pretreatment significantly attenuated the inhibitory effects of salbutamol. Overall, the present study suggested that PP2A has an important role in regulating mast cell b2-adrenoceptors.

Keywords: Desensitization, Fostriecin, Histamine, Mast cell

Article Code: 17119

Title: **Examining responses of chicken embryonic neural stem cell to infectious laryngotracheitis virus infections**Author(s): **Shahsavandi, Shahla; Jamshidi-Navroud, Zahra; Firouzi, M.; Ebrahimi, Mohammad Majid**Journal: **Comparative Clinical Pathology**

Year: 2017

Vol.: 26

No/Issue: 2

PP.: 493-498

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.224

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Infectious laryngotracheitis virus (ILTV) infection causes economic losses in the poultry industry. Outbreaks of the infection in commercial poultry are controlled by using attenuated live vaccines. The genomic and antigenic characteristics between virulent and vaccine strains of ILTV are very similar, thus the differential diagnosis of ILTV strains is targeted in controlling programs. Here, the chicken embryonic neural stem (cENS) cell serves as a host model to study virulence characteristics of ILTVs. The susceptibility of cENS cells to different ILTV strains infection was investigated by analyzing the impact of infection on cell death, virus latency, and determining the host cell responses. We found that cENS cells are highly susceptible to vaccine strain ILTV infection. Upon infection, the strain showed faster replication kinetics in cell culture and marked cytopathic effects with affecting the expression of cellular neuropeptide Y (NPY). Virulent strain was able to enter cENS cells, but no infectious virus was produced at third passage. The establishment of latency state was confirmed by molecular detection of viral ICP4 gene and virus reactivation assay. In contrast to vaccine strain, transcription level of cellular NPY was also upregulated significantly following virulent strain infection. The difference expression pattern of NPY in ILTV strains-infected cells is most closely with the presence of CPE in culture. The neural stem cell system may provide the most relevant tool for differential diagnosis of ILTV strains.

Keywords: Cell response, Chicken neural stem cell, Infectious laryngotracheitis, Neuropeptide Y

Article Code: 17120

Title: **Plaque formation of Quesland V4 lentogenic strain of Newcastle disease virus adapted in chick embryo fibroblast cells**Author(s): **Mehrabanpour, Mohammad Javad**Journal: **Comparative Clinical Pathology**

Year: 2017

Vol.: 26

No/Issue: 1

PP.: 135-141

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.224

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Vaccination is one of the important methods for preventing and controlling of the Newcastle disease in Iran. Inactivated Newcastle disease vaccine is produced in the Razi Vaccine and Serum Research Institute, Iran, and is mainly used for vaccination against Newcastle disease. Clone vaccines are used in many countries nowadays. One of the ways for cloning a virus is propagation of the virus on cell cultures to obtain discrete plaques. In this study, monolayer chick embryo fibroblast (CEF) cell cultures were prepared by a standard method. Monolayer CEF cells were used for plaque production trial. Confluent monolayer CEF cells were in tissue culture plates and inoculated with avian paramyxovirus-1/chicken/Australia/Queensland/V4/1966 (QV4) (V4 seed of Newcastle vaccine) with 109.7 50 % egg infection dose. Various dilutions of the viruses were inoculated into monolayer CEF cell cultures that were supplemented with magnesium sulfate and trypsin and agar overlay medium. No plaques were observed on CEF tissue culture plates inoculated with V4 strain without adaptation. Eight discrete large and small plaques were obtained in the 10-5 dilution of adapted viruses (titer 3×10^7 plaque-forming units (PFU)/ml) with 2-4 mm diameter at 80 h post inoculation, and in the 10-7-10-10 dilution, there was no any plaque obtained. A dilution of 10-4 produced 28 plaques (1.75×10^8 PFU/ml) but not discrete plaque, and at 10-1-10-3 dilution, plaques were too much that they were not countable. Eight various plaques at 10-5 were collected and propagated for further investigations. The present assay is a useful tool for demonstration of discrete plaques using the adapted v4 of Newcastle disease virus within 3 days on monolayer CEF cell cultures covered with modified overlay media containing magnesium ions, diethylaminoethyl dextran, and ionoagar to ascertain the purity. This technique for plaque formation by v4 of Newcastle disease virus provides a method for establishing the purity of seed stock used in the production of vaccine.

Keywords: Chick embryo fibroblast, Newcastle disease virus, Plaque

Article Code: 17121

Title: Analysis of variations, structures, and phylogenic characteristics of bovine leukocyte antigen DRB3 exon2Author(s): **Ranjbar, Mohammad Mehdi; Ataei Kachooei, Saeed**; Nikbakht, G.; Golabdar, S.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 3

PP.: 147-157

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Bovine leukocyte antigen (BoLA) DRB3 is a highly polymorphic gene in major histocompatibility complex (MHC) class II that plays a central role in immune responses and production factors. As of yet, molecular and evolutionary characteristics of BoLA-DRB3.2* have not been as fully understood as human and mouse. Therefore, we attempted to analyze variability and phylogeny of BoLA-DRB3.2* and illustrate some novel practical evidence on interspecies diversity, the resistance /susceptibility points in cattle breeding, and vaccine design. Initially, BoLA-DRB3.2* alleles and orthologous exons in the selected livestock were retrieved and checked. In the next step, the secondary/tertiary structure of BoLA-DRB3.2*24 gene product was modeled and validated. Then, hypervariable regions (HVRs) of alleles were identified by hybrid approaches. In the last step, interspecies relationship, allele's phylogeny/grouping, and estimate of average evolutionary divergence were explored. Shannon entropy variation analysis showed eight HVRs and three semi-variable regions in BoLADRB3.2* alleles. These HVRs were present in all the three sub-structures and dominantly existed in alpha helix. In addition, strong relationships and little diversity were noted in phylogenetic trees of cattle, buffaloes, sheep, and goats. Furthermore, there was some evidence on divergence of DRB3 before speciation among the mentioned species and possibility of cross prediction resistance/susceptibility alleles. Finally, DRB3 alleles were grouped into seven clusters, and older and newer alleles were identified. The results show that similar studies should be done in other animals to better understand the nature of the DRB3 attributes.

Keywords: BoLA-DRB3.2, Cattle, Modeling, Phylogeny, Variation

Article Code: 17122

Title: **Detection of mycoplasma agalactiae in small ruminants of Southeast Iran**

Author(s): **Shamsaddini Bafti, Mehrdad; Pourbakhsh, Seyed Ali; Ezatkah, Majid; Ashtari, Abbas**

Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 4

PP.: 237-242

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Agalactia is an infectious and contagious disease of small ruminants caused by *Mycoplasma agalactiae* (*M. agalactiae*). Although different microorganism strains contribute to this disease, *M. agalactiae* is known as the most prominent causative agent. Therefore, this study aimed to investigate the rate of *M. agalactiae* involvement in contagious agalactia in the southeast region of Iran. Sampling was performed from milk, conjunctiva, ear lesions, and joints exudate of suspicious sheep and goat flocks according to the reports of Iran Veterinary Organization. The presence of *Mycoplasma* and its species, namely *M. agalactiae*, was evaluated through microbial culture and polymerase chain reaction (PCR) techniques. The detected microorganisms were confirmed to be *Mycoplasma* and *M. agalactiae* by the PCR amplification of 16S rRNA and lipoprotein target genes. According to the findings of present study, 14.8% and 36.0% of the samples were diagnosed as positive for *Mycoplasma* by culture and PCR, respectively. Moreover, the incidence of *M. agalactiae* was determined as 6.1% using the specific PCR method. Therefore, it is recommended to identify the other species of *Mycoplasma* in small ruminant samples involved with contagious agalactiae disease.

Keywords: Agalactia, *Mycoplasma agalactiae*, PCR, Southeast of Iran

Article Code: 17123

Title: Detection of three virulence genes in E.coli isolates from commercial broilers with colibacillosis and their antibiotic resistance profiles in Tabriz area, Iran

Author(s): Hasani, Bahram; Banani, Mansour; Nouri, Abbas; Goudarzi, Hossein; Akhijahani, Mohsen

Journal: Archives of Razi Institute

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 1-8

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Colibacillosis caused by E.coli is one of the most common illnesses in commercial chickens and induce high financial losses in the poultry industry due to morbidity, mortality and antibiotic expenses because of overuses. E.coli can mostly cause disease as a secondary or opportunistic pathogen, while certain strains with specific virulence factors even as primary pathogen can cause colibacillosis. The aim of this study was to detect the three virulence genes including irp2, papC, and tsh in E.coli bacteria isolated from diseased broilers in Tabriz area using by multiplex polymerase chain reaction (PCR) method. The other purpose of this study was to do the in vitro drug sensitivity of the isolates using by disk diffusion method. 38 (53.5%), 25 (35.2%) and 35 (49.3%) isolates out of total 71 isolates, showed, irp2, papC and tsh genes respectively. In 16 isolates only irp2 gene, 8 isolates only papC gene, and in 13 isolates only tsh gene were detected and 12 isolates were without all these genes. In 39 isolates 2 or 3 gene were identified simultaneously. In this study most of the isolates were resistant against enrofloxacin, doxycycline, sultrim, erythromycin and danofloxacin and most of them were sensitive only to colistin and the percentage of sensitive isolates against fosfomycin, neomycin and florfenicol were 45.9%, 45.2% and 48.3% respectively. High resistance rate to most antibiotics and prevalence of some important virulence genes in APEC (avian pathogenic Escherichia coli) isolates might be a serious hazard for both poultry industry and public health.

Keywords: Antibiotic resistance, Broiler chickens, Colibacillosis, Escherchia coli virulence genes, Iran

Article Code: 17124

Title: Effects of estradiol and oxytocin injection on the efficiency of artificial insemination in Iranian Zel ewes during the breeding seasonAuthor(s): **Kohram, Hamid**; Seifi-Jamadi, Masoudi, R.; Sharafi, M.; Moein Aledavood, S.D.; Sadeghpanah, A.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 33-41

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

In sheep industry, pregnancy rate after artificial insemination (AI) declines due to the complex anatomy of the cervix in ewes, such that it might prevent effective intrauterine insemination. At estrus, cervical relaxation occurs to some degree in ewes, which is regulated by the changes in the levels of reproductive hormones. This study aimed to evaluate the effects of estradiol and intravenous (IV) or intramuscular (IM) oxytocin injection at different doses on the cervical opening and pregnancy rate of Iranian Zel ewes during the breeding season. For this purpose, three experiments were conducted on 120 ewes (3-4 years old, weighing 47 ± 2.5 kg). In the first experiment, ewes were equally assigned to two groups to receive estradiol (100-200 μ g). After 12 h, each group was equally divided into six subgroups ($n=20$) and received 50, 100 and 150 IU oxytocin via IV and IM injection. Cervical opening was measured before and 15 min and 12 h after estradiol injection and 20 min after oxytocin administration. In the second experiment, we only assessed the effect of oxytocin administration on cervical opening similar to the first experiment. In the third experiment, controlled internal drug release (CIDR) was used in all the ewes for 12 days to induce estrus synchronization. Afterwards, the ewes received 550 IU intrauterine equine chorionic gonadotropin at the time of CIDR removal. Before AI, ewes were equally categorized into three groups ($n=40$); the first group was considered as control, and the other two groups received 100 IU oxytocin via IM or IV injection. At 54 h after CIDR removal, all ewes were inseminated transcervically using diluted fresh semen. Pregnancy was detected via ultrasound 50 days after insemination, and lambing and twinning rates were measured after parturition. Results of the first and second experiment indicated that estradiol injection had no effect on cervical opening ($P>0.05$), while the administration of 100 or 150 IU oxytocin (IV or IM) could dilate the cervix with or without estradiol ($P<0.05$). Furthermore, administration of 100 IU oxytocin (IV or IM) in the third experiment improved pregnancy and lambing rates compared to the control group ($P<0.05$); however, it had no effect on the twinning rate of the ewes ($P>0.05$). According to the results, IV or IM injection of oxytocin could improve the pregnancy rate in Iranian Zel ewes through the dilation of cervical canal. Therefore, it is suggested that this method be applied to enhance the pregnancy rate of ewes during the breeding season.

Keywords: Artificial insemination, Cervical dilation, Estradiol, Oxytocin, Pregnancy rate

Article Code: 17125

Title: **First report of Gallibacterium isolation from layer chickens in Iran**Author(s): **Ataei Kachooei, Saeed**; Bojesen, A.M.; Amininajafi, F.; **Ranjbar, Mohammad Mehdi**; **Banani, Mansour**; **Afkhamnia, Mohammad Reza**; **Abtin, Alireza**; **Goudarzi, Hossein**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 2

PP.: 123-128

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Gallibacterium, a gram-negative coccobacillus, is a genus of the Pasteurellaceae family with capability of infecting a wide range of avian host species. In 2003, Gallibacterium was selected instead of different previous names. Four different species has been recognized in Gallibacterium genus so far. Members of the genus can cause a wide range of pathological lesions, from upper respiratory tract lesions, follicle degeneration, enteritis, pericarditis, hepatitis, oophoritis, septicemia to more important problems such as salpingitis and peritonitis. Salpingitis and peritonitis of layer farms caused by Gallibacterium result in decreased egg-production and increased mortality. Gallibacterium is the most common single bacterial infection in egg-laying farms with reproductive disorders. During a microbiological survey on bacterial infectious agents of reproductive tract of layers, some isolates from salpingitis cases were suspicious of Gallibacterium. According to culture and biochemical properties, the primary identification was in support of genus Gallibacterium. A polymerase chain reaction (PCR) test using primers specific for the genus identification was carried out. The suspected isolate showed bands of 970 and 1080 bp, which are specific for Gallibacterium. To confirm the identification, a positive sample was sent to University of Copenhagen for repeating the PCR test. To our knowledge, this is the first report of isolation and identification of Gallibacterium in Iran. This study shows the possibility of a role for Gallibacterium in poultry industry of Iran. This study also shows the need for further investigations on epidemiological situation of the infection, as well as the isolation and identification of different species of the genus Gallibacterium.

Keywords: Chicken, Gallibacterium, Isolation, Polymerase chain reaction (PCR), Salpinigitis

Article Code: 17126

Title: **Isolation and detection of Mycoplasma agalactiae from semen samples of goats**Author(s): **Pourbakhsh, Seyed Ali; Abtin, Alireza; Ashtari, Abbas; Kheirkhah, B.; Bayatzadeh, Mohammad Ali; Ahangaran, Salimeh**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 3

PP.: 159-164

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Contagious agalactia (CA) is a highly infectious disease of goats and sheep, and is a form of Mycoplasmosis, which is usually enzootic. Since Mycoplasma agalactiae (M. agalactiae) is the main cause of this disease in goats, the aim of this study was to isolate and detect M. agalactiae from semen of goat bucks. Thirty-nine semen samples were collected from goat bulks, and all samples were cultured in PPLO broth medium supplemented for M. agalactiae isolation. The bacteria DNAs were extracted from clinical samples and the PCR assay was applied to detect Mycoplasma genus and M. agalactiae species using specific primers, which amplified a 163bp fragment in 16SrRNA gene and a 375bp fragment in lipoprotein gene. The PCR evaluations were performed for both the clinical samples and the cultures. Out of the 39 samples, 29 (74.3%) of the cultures were shown positive and typical Mycoplasma colonies grew on PPLO agar, which could be considered as the diagnostic method. In addition, 38 (97.4%) samples had positive PCR results for Mycoplasma genus and six (15.3%) of the samples were shown to be positive using PCR for M. agalactiae as the diagnostic method. In the present study, M. agalactiae was detected in semen of goat bulks for the first time in Iran. Therefore, it is recommended to concern semen as one of the significant sources for this pathogen and the possibility for transmission to the female goats through semen is highlighted. Moreover, presence of this microorganism in semen could be involved in infertility of goat population.

Keywords: 16SrRNA, Goat buck, Lipoprotein gene, Mycoplasma agalactiae, Semen

Article Code: 17127

Title: **LPS-PCR typing of ovine *Pasteurella multocida* isolates from Iran based on (L1 to L8) outer core biosynthesis loci**Author(s): **Mirhaghgoye Jalali, Fahimeh; Jabbari, Ahmad Reza; Esmaelizad, Majid**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 3

PP.: 165-171

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Pasteurella multocida is a gram-negative bacterial pathogen that is causative agent of a wide range of diseases in many animal species and humans. Lipopolysaccharides (LPS) are an important virulence factor, minor changes to structure of which can exert dramatic effects on pathogenicity of *P. multocida* in its host. LPS can be used for the identification and classification of strains with somatic typing systems. The aim of this study was to identify the LPS genotypes of the ovine *P. multocida* isolates obtained from pneumonia cases in Iran. The LPS genotype of the isolates was determined using eight specific primers for LPS outer core biosynthesis loci. The LPS genes were amplified by polymerase chain reaction (PCR), then they were sequenced and compared to the sequences registered in the GenBank. Of the 32 ovine *P. multocida* isolates tested, 21 (65.62%) isolates belonged to genotype L6, 9 (28.12%) isolates contained genotype L3, 1 (3.12%) isolate had both L3 and L6 loci, and 1 (3.12%) isolate remained untypeable. The LPS-PCR was able to type 31 of 32 field ovine isolates from Iran. According to the phylogenetic analysis, L3 genotype isolates were grouped into two distinct lineages. LPS gene sequences among L6 genotypes of ovine *P. multocida* isolates from Iran and the related sequences in the GenBank were highly similar (>99.5%). LPS-PCR is an accurate genotyping method that was able to classify *P. multocida* strains into one of the eight distinct LPS genotypes.

Keywords: LPS outer core, *P. multocida*, PCR-typing, Sheep

Article Code: 17128

Title: **Prognosis of hepatic amyloidosis status and insufficiency in snake antivenom producing horses**

Author(s): **Hablolvarid, Mohammad Hassan; Eslampanah, Mohammad; Akbari, Abolfazl**

Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 2

PP.: 115-124

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Hyperimmunization of horses with specific antigens to harvest antisera is associated with high incidence of liver amyloidosis. The histopathologic examination is the gold standard method for diagnosis of the hepatic amyloidosis. The aim of the present study was to determine whether the clinical manifestations and serum values of appropriate chemical constituents due to liver injury, provide the prognostic criteria for liver amyloidosis and insufficiency. It was endeavored to determine the usage duration and survival in the horses, applied for polyvalent snake antivenom products. Thirty-seven Iranian, mixed breed male horses used for snake antivenom production were recruited in this study. All of the clinical characteristics of liver disease were assessed and the appropriate serum biochemical parameters were screened between two hyperimmunization stages. The results revealed that weakness, progressive weight-loss and chronic diarrhea were the warning signs for end of the period of using a horse in snake antivenom production. However, moderate to severe colic, often, was the sign of imminent death due to acute hepatic swelling and rupture. However, Serum biochemical findings were not suitable and useful for the assessment of outcome compared with the clinical manifestations. In this study, the authors have attempted to introduce the clinical and serum biochemical findings that are useful for prediction of the liver amyloidosis and insufficiency and, to determine the usage duration and survival in these horses. Consequently, a preliminary scoring guideline for assessing the issue was suggested.

Keywords: Biochemical parameters, Clinical signs, Hepatic amyloidosis, Horse, Hyperimmunization

Article Code: 17129

Title: **The Phenotypic variation of *Candida albicans* and susceptibility to fluconazole and voriconazole**Author(s): **Nemati Shirzi, Leila**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 2

PP.: 101-105

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 3

SJR :0.182

☒ ISC

Q :1

IF :0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Candida albicans is the most frequent opportunistic fungal agent in human being. One of its virulence factors is phenotypic switching. In this study, we investigated the susceptibility of different phenotypes of *C. albicans*, obtained from clinical specimens, to fluconazole (FLZ) and voriconazole (VRZ) with microdilution reference method. In this study, 281 *C. albicans* of six different phenotypes including 66.19% smooth, 11.38% stipple, 8.89% fuzzy, 6.40% star, 4.27% irregular and 2.84% ring form were collected. Among these specimens, 75.80% and 88.61% of the phenotypes were susceptible (s), 13.52% and 5.96% were susceptible, but dose dependent and finally 10.67% and 1.77% were resistant (r) to FLZ and VRZ, respectively. Most of (s) samples were smooth form and most (r) forms were stipple. The mean minimum inhibitory concentration of FLZ was higher than VRZ. In general, two antifungal medicines were effective on different phenotypes of *C. albicans*. Samples of (s) group had a significant difference with (r) group ($p < 0.05$). The raising prevalence of candidiasis and more probability of susceptibility pattern in *C. albicans* phenotypes are the reasons to use the susceptibility tests on the antifungal drugs in clinical laboratory.

Keywords: *Candida albicans*, Fluconazole, Microdilution, Phenotypic switching, Voriconazole

Article Code: 17130

Title: **Determinants of bovine ephemeral fever outbreak during 2013, in Qazvin Province, Iran**

Author(s): Mirzaie, K.; Bahonar, A.; Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein; Hajilu, G.; Yaghoubi, M.

Journal: **Asian Pacific Journal of Tropical Disease**

Year: 2017

Vol.: 7

No/Issue: 12

PP.: 744-747

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 3

SJR :0.23

☐ ISC

Q:

IF :

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Objective: To investigate the first outbreak of bovine ephemeral fever (BEF) in the province of Qazvin in 2013, explore the potential associations that exist between disease occurrence and meteorological data, and identify risk factors associated with BEF.

Methods: This study was conducted using case-control design in Qazvin Province during June to October of 2013. The questionnaire for independent variables was designed for detecting risk factors of BEF and was completed through a direct interview with the owners. The weather data was taken from meteorological centers.

Results: Totally 1 800 cattle out of 25 000 were affected [within-herd incidence rate was 7.20% and 95% confidence interval (CI) for incidence rate was 6.88%-7.52%] and 464 cattle died (mortality rate was 1.86% and 95% CI for mortality rate was 1.69%-2.02% and case fatality rate was 25.78% and 95% CI for case fatality rate was 23.76%-27.80%). The results of this study showed that among the variables studied, inappropriate management of collecting manure and communication between farm workers were detected as risk factors.

Conclusions: Because of the role of biological vectors in the incidence of this disease, when an outbreak happened it is necessary to monitor weather situation to evaluate the effect of weather on vectors activities to apply effective control measures. In addition, early detection and subsequent treatment of identified cases are the golden key to controlling this disease.

Keywords: Bovine ephemeral fever, Industrial dairy farms, Iran, Qazvin, Risk factors

Article Code: 17131

Title: Prevalence of adhesion Virulence factor genes, antibiogram, and pathogenicity of avian *Pasteurella multocida* isolate from IranAuthor(s): Haghazari, S.; **Jabbari, Ahmad Reza**; Tadayon, KeyvanJournal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 2

PP.: 83-91

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Pasteurella multocida possesses various virulence factors, including capsule, lipopolysaccharide, fimbriae, toxins, outer membrane proteins, and adhesins. Adhesins have a crucial role in mediating colonization and invasion of the host. The aim of the present study was to identify the prevalence of adhesion factor genes and resistance/sensitivity patterns among the avian *P. multocida* isolates from Iran. A total of 30 isolates of *P. multocida* were used for this study. All isolates were obtained from the poultry cases dead from fowl cholera in the northern parts of Iran. The results of the polymerase chain reaction analysis for the frequency of virulence-associated genes showed that the genes encoding adhesins (i.e., *ptfA*, *fimA*, *hsf-1*, *pfhA*, and *ompH*) were found in all (100%) of the isolates. However, the frequency of two genes including *tadD* and *toxA* were 50% and 70%, respectively. The genotyping patterns were classified into four groups according to the virulence factors in *P. multocida* isolates. Genotype pattern I, which included the isolates harbouring all of the examined virulence factor genes showed the highest frequency (43.3%). Pathogenicity test showed that all of the isolates classified as genotype I were pathogen or highly pathogen in the mice model. The sensitivity of the isolates to penicillin, ampicillin, lincospectin, florfenicol, tylosin, and tiamulin was 100%. However, the sensitivity rates to flumequin, enrofloxacin, and nalidixic acid were 96.6% and 80%, respectively. The findings of the current study will be helpful to elucidate the disease process and develop an efficient multivalent local vaccine.

Keywords: Adhesion factors, Antibiogram, Fowl cholera, *Pasteurella multocida*, Pathogenicity

Article Code: 17132

Title: **The characteristics of an ovine lymphoid Cell-Line sensitive to vaccinal infectious bursal disease virus strain**

Author(s): Zandieh, S.; **Lotfi, Mohsen**; Kamalzadeh, Morteza; Shiri, Nadieh; Parmour, Effat; Eshaghi, Ali; Masoudi, Shahin; Hablolvarid, Mohammad Hassan; Shoushtari, Abdolhamid; Goudarzi, Hossein; Taher Mofrad, S.M.J.; Amanpour, S.

Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 3

PP.: 173-179

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Infectious bursal disease (IBD), also known as Gumboro disease, is a globally well-known disease with a significant socio-economic effect. For control of IBD, several commercial egg- and cell-based vaccines are prepared. The cell-based IBD vaccines are significantly cost-effective; however, it is essential to confirm their safety and efficacy. The main cell line used to product the cell-based IBD vaccines, is a primary chicken embryo fibroblast (CEF). Nevertheless, manipulation of CEF is extremely challenging and time-consuming. This study aimed to characterize a sensitive suspension cell culture from ovine lymphoid, according to WHO technical report series; No. 978, Annex III. This authentication covered the growth curves, sensitivity, stability, karyotyping and identifying the adventitious agents. This cell line passed all defined tests and was considered as a suitable one for IBD vaccine preparation in a large scale.

Keywords: Cell characterization, Chicken embryo fibroblast, Gumboro disease, Infectious bursal disease, Ovine lymphoid origin cell line

Article Code: 17133

Title: **Genome sequence of Pasteurella multocida Razi 0002 of avian origin**

Author(s): Sprague, L.D.; Tadayon, Keyvan

Journal: **Genome Announcements**

Year: 2017

Vol.: 5

No/Issue: 15

PP.: e0016117

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.553

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

We report here on the genome sequence of *Pasteurella multocida* Razi 0002 of avian origin, isolated in Iran. The genome has a size of 2,289,036 bp, a G+C content of 40.3%, and is predicted to contain 2,079 coding sequences.

Keywords: *Pasteurella multocida*, Genome sequence, Razi 0002, Iran

Article Code: 17134

Title: **Genome sequence of Pasteurella multocida strain Razi_Pm0001**

Author(s): Sprague, L.D.; Tadayon, Keyvan

Journal: **Genome Announcements**

Year: 2017

Vol.: 5

No/Issue: 5

PP.: e01532-16

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.553

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

We report here the genome sequence of *Pasteurella multocida* Razi_Pm0001 from bovine origin, isolated in Iran in 1936. The genome has a size of 2,360,663 bp, a G+C content of 40.4%, and is predicted to contain 2,052 coding sequences.

Keywords: *Pasteurella multocida*, Genome sequence, Razi 0002, Iran

Article Code: 17135

Title: IFN- γ and IL-2 responses to recombinant aladh against ESAT-6/CFP-10 fusion antigens in the diagnosis of latent versus active tuberculosis infection

Author(s): Movahedi, B.; Mokarram, P.; Hemmati, M.; **Mosavari, Nader**; Zare, R.; Ardekani, L.S.; Mostafavi-Pour, Z.

Journal: Iranian Journal of Medical Sciences

Year: 2017

Vol.: 42

No/Issue: 3

PP.: 275-283

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q: --

IF: --

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.3

☐ ISC

Q:

IF:

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: Discriminating latent tuberculosis infection (LTBI) from active TBI may be challenging. The objective of this study was to produce the recombinant L-alanine dehydrogenase (AlaDH) antigen and evaluate individuals with LTBI, those with active TBI, and uninfected individuals by enzyme-linked immunospot assay (ELISPOT) in order to distinguish LTBI from active TBI.

Methods: This exploratory study was performed in the Iranian city of Shiraz from 2014 to 2015. The study population (N=99) was divided into 3 groups: individuals with newly diagnosed active TBI (n=33), their household contacts (n=33), and controls (n=33). AlaDH was produced through PCR and cloning methods. The diagnostic characteristics of AlaDH vs. ESAT-6/ CFP-10 were evaluated in responses to interferon- γ (IFN- γ) and interleukin-2 (IL-2) with ELISPOT. Differences between the groups were assessed with the Kruskal–Wallis and Mann–Whitney tests for nonparametric data analysis. The statistical analyses were performed with SPSS, version 16.

Results: IFN- γ responses to both ESAT-6/CFP-10 ($P=0.81$) and AlaDH ($P=0.18$) revealed that there were no significant differences between the individuals with LTBI and those with active TBI. The same results were determined for IL-2 responses to ESAT-6/CFP-10 between the 2 groups, while significantly higher IL-2 responses to AlaDH were observed in LTBI than in active TBI. According to the ROC curve analysis, a cutoff value of 275 SFC showed sensitivity of 75.8% and specificity of 78.8% for distinguishing LTBI from active TBI by IL-2 responses to AlaDH.

Conclusion: The current study suggests that it may be possible to discriminate LTBI from active TBI by IL-2 responses to AlaDH.

Keywords: Enzyme-linked immunospot assay, Interferon-gamma, Interleukin-2, Mycobacterium tuberculosis

Article Code: 17136

Title: Detection of Clostridium perfringens bacterium in the clinical specimens from blackleg calves: a report of two cases

Author(s): Askari, N.; Ghanbarpour, R.; Kheirandish, R.; Tajik, J.; **Alimolaei, Mojtaba**

Journal: **Comparative Clinical Pathology**

Year: 2017

Vol.: 26

No/Issue: 2

PP.: 255-259

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.224

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

This paper describes the first report involving two cases of blackleg caused by Clostridium perfringens Type D as a main causative agent with an emphasis on clinical symptoms, the bacteriological and pathological analyses, and molecular detection of the pathogens by PCR method. Two calves of a flock were presented to the veterinary hospital of Shahid Bahonar University of Kerman, Iran. Both calves died suddenly and showed considerable muscle crepitation in the posterior limb. Severe necrosis of thigh muscles in both hind legs, which had caused dark discoloration of tissue with metallic sheen, large amount of thin sanguineous exudates, and numerous gas bubbles in the underlying tissues were evident during necropsy. Histopathological examination revealed extensive degeneration, coagulative necrosis of muscle fibers, severe edema, and small to large cavities due to emphysema between myofibers. Based on these findings, a definitive diagnosis of blackleg was supported. In bacteriological examination, C. perfringens was isolated from muscle and liver samples, which was reconfirmed through morphological and biochemical studies of the isolated strains. Molecular typing of isolated bacteria by multiplex PCR showed that the C. perfringens belongs to Type D of this bacterium. Overall, based on these observations, we propose that the C. perfringens Type D's toxins are not only able to target the alimentary tract; they can also produce the lesions in other body parts especially in muscles. Whereas the blackleg outbreaks have been commonly reported sporadically in the endemic regions of Iran, identification of C. perfringens Type D, as a main causative agent of blackleg, is a novel finding in veterinary medicine.

Keywords: Blackleg, Calves, Clostridium perfringens Type D, Iran, PCR

Article Code: 17137

Title: Evaluation of prebiotic and probiotic in diets comprising rice bran on heat stressed broilersAuthor(s): Seifi, S.; Khoshbakht, R.; Sayrafi, R.; Hashemi, A.; Gilani, A.; Goudarzi, Bahman; Mehdinezhad, H.Journal: **Revue de Medecine Veterinaire**

Year: 2017

Vol.: 168

No/Issue: 1-3

PP.: 30-37

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.21

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

An experiment has been conducted to evaluate the combination of a prebiotic and a probiotic on gut microflora and productive traits of broiler chickens during heat stress. A total 144 day-old Ross 308 male chicks were randomly divided into 3 treatments. Each treatment consisted 48 birds with four replicates of 12 birds each. The first treatment (positive control) contained a standard recommended diet with no probiotic or prebiotic. The second treatment (negative control) was a diluted diet (90% of recommended nutrient levels) including rice bran without probiotic or prebiotic. The third treatment was the basal diet similar to the second diet plus a prebiotic (A-Max Ultra) and a probiotic (Multibehsil). Concurrent use of the probiotic and the prebiotic significantly increased body weight gain of broilers as compared to the negative control ($P < 0.01$). These additives caused to more feed intake even compared to positive control during 0-10 days. The feed conversion ratio (FCR) of chickens fed positive control and additives group was significantly improved as compared with negative control in starter phase. The FCR was not influenced by dietary treatments during grower phase. However, positive control had better FCR as compared to other treatments in finisher phase under heat stress. Populations of Lactobacilli, coliforms, and total aerobic bacteria in ileal digesta of broilers were not significantly influenced by dietary treatments. Dilution of diets caused to hypertrophy and more weight of heart and liver. The additives significantly diminished this negative impact on the liver. In conclusion, the prebiotic in concert with probiotic had profound impacts on productive traits and internal organs of heat stressed broiler.

Keywords: Diluted diets, Heat stress, Prebiotic, Probiotic, Ross 308 chicks

Article Code: 17138

Title: **Expression of the G1 epitope of bovine ephemeral fever virus G glycoprotein in eukaryotic cells**

Author(s): Pasandideh, R.; Beigi Nassiri, M. T.; Seyfi Abad Shapouri, M. R.; Fayazi, J.; Roshanfekar, H.; **Lotfi, Mohsen**

Journal: **Bulgarian Journal of Veterinary Medicine**

Year: 2017

Vol.: 21

No/Issue: 2

PP.: 176-185

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR : 0.207

☐ ISC

Q:

IF :

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

The envelope glycoprotein (protein G) of bovine ephemeral fever virus (BEFV) has been identified as a plausible vaccine candidate against the BEF disease. In the present study, G1 epitope of the G glycoprotein gene was cloned in an eukaryotic expression vector, pcDNA3.1(+), under the control of the human cytomegalovirus (CMV) promoter. The pcDNA3.1-G1 construct was transfected into human embryonic kidney 293 (HEK 293) cell line and the expression efficiency was verified by immunofluorescence staining of transfected cells and Western blot analysis. The results indicated that G1 protein was expressed by the recombinant pcDNA3.1-G1 construct in the transfected cells. The recombinant plasmid constructed in this study can be used as a DNA vaccine to evaluate its potential for immunogenicity and protection against BEF virus in animal models.

Keywords: bovine ephemeral fever virus, DNA vaccine, eukaryotic expression, HEK 293 cell line, recombinant G1 protein

Article Code: 17139

Title: **Abundance, diversity and seasonal dynamics of hard ticks infesting cattle in Isfahan province, central Iran**Author(s): Noaman, V.; **Abdigoudarzi, Mohammad**; Nabinejad, A.R.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 15-21

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

The objectives of this study were to determine the diversity, seasonal dynamics and abundance of ticks infesting cattle in Isfahan zone, Iran. The study was conducted in three traditional cattle farms. No acaricides had been applied to cattle at the selected farms. Adult ticks were collected twice per month from different parts of the cattle's body. Environmental data, including relative humidity, temperature and rainfall data were recorded in each sampling. A total of 1206 ticks (56% male and 44% female) were collected in the selected farms: *Hyalomma anatolicum anatolicum* was the most abundant species (85.5%), followed by *Hyalomma marginatum marginatum* (8.7%) and *Rhipicephalus sanguinus* (6.5%), respectively. Ixodid tick abundance showed a dramatic increase, which led to remarkable abundance peaks during the spring (April, May and June), mainly due to the *H. anatolicum anatolicum* activity. The highest number of *H. marginatum marginatum* belonged to the end of the spring, and early summer. *R. sanguinus* was only collected in March (end of the winter) and June (end of the spring). The maximum density of the collected hard ticks was belonged to the spring (68.4%). About 27.1%, 3.5% and 1% of the whole tick samples were collected in summer, fall and winter, respectively. The maximum number of ticks were collected from udders (63.2%) followed by 36.1% from under the tail and 0.7% between the legs, while no ticks were found on the other parts of the animal's body. Significant correlation was detected between tick number and mean temperature ($P < 0.05$).

Keywords: Abundance, Cattle, Diversity, Hard tick, Seasonal dynamics

Article Code: 17140

Title: **Detection and isolation of *Mycoplasma capricolum* subspecies *capricolum* from East Azerbaijan sheep flocks**

Author(s): Jafarizadeh, A.; Pourbakhsh, Seyed Ali; **Tadayon, Keyvan**; Jamshidian, M.

Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 4

PP.: 243-248

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Mycoplasma capricolum subspecies *capricolum* (Mcc) is one of the causative agents of contagious agalactia (CA), which is an important disease in sheep and goats in the Mediterranean and Middle East countries. *Mycoplasma agalactiae* is the classic agent of CA in sheep and goats. *Mycoplasma mycoides* subspecies *Capri* (Mmc), *Mycoplasma capricolum* subspecies *capricolum* (Mcc), and *Mycoplasma putrefaciens* (Mp) produce a clinically similar disease, more often in goats. The aim of the present study was to detect Mcc in sheep flocks in East Azerbaijan Province of Iran. Milk, ear canal, and eye swab samples were collected from 49 sheep flocks with clinical signs of CA or a history of a disease. All the samples were examined using both culture and molecular methods. In the molecular method, positive samples for the *Mycoplasma* genus were tested for *M. mycoides* cluster and Mcc. From 272 samples, 67, 87, and 62 samples were shown to be positive using the culture method, polymerase chain reaction (PCR) method, and both culture and PCR methods, respectively. Mcc was detected in all the four *M. mycoides* cluster positive samples, including milk, ear canal, and eye swab samples. This is the first report of Mcc detection from East Azerbaijan. Our results showed that eye, milk, and ear canal samples could be suitable sources for Mcc detection in sheep flocks.

Keywords: Culture, East Azerbaijan Province, *Mycoplasma capricolum* subspecies *capricolum*, PCR, Sheep

Article Code: 17141

Title: **Effects of experimental *Mesobuthus eupeus* scorpion envenomation on chicken**Author(s): Khosravi, M.; Mayahi, M.; Jalali, S.M.; Rezaei, A.; **Taghavi Moghadam, Ahmad**; Hosseini, Z.; Barzegar, S.K.; Azadmanesh, S.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 23-31

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

This study aimed to evaluate the clinical, histopathological and hematological effects of *Mesobuthus eupeus* venom on chicken organs. Adult chickens were subcutaneously injected with five doses of *M. eupeus* venom (0.5, 2, 5, 10 and 20 mg/kg; four chickens per each dose). Symptoms were recorded during the experiment and blood samples were collected for hematological analysis. Moreover, a complete necropsy was performed. After macroscopic examination, tissue samples were obtained from the liver, kidneys, heart, lungs, intestines and brain of the chickens three days after venom administration. In intravenous injection, lethal dose of the venom was determined at 15 mg/kg. The first clinical, pathological and hematological symptoms in envenomated chickens were observed at *M. eupeus* doses of 2, 5 and 0.5 mg/kg, respectively. Hematological examination revealed a reduction in lymphocyte count following experimental envenomation, which returned to the pre-experiment level in almost all the cases. On the other hand, heterophil count was found to increase during the experimental period. In addition, erythrocyte count and hematocrit level were stable at all the intervals. Pathological examination was indicative of severe pulmonary hemorrhage, pulmonary and cerebral edema, tubular necrosis of the kidneys, hemorrhage in kidneys and heart, hyaline thrombus and congestion of the liver. According to the results of this study, poultry are resistant to the toxic effects of *M. eupeus* venom.

Keywords: Chicken, Hematology, *Mesobuthus eupeus*, Pathology, Venom

Article Code: 17142

Title: **Identification and isolation of immunodominant proteins of Naja naja (Oxiana) snake venom**Author(s): Talebi Mehrdar, M.; Hajihosseini, H.; **Madani, Rasool**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 2

PP.: 131-137

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Snake venom is a complex mixture of proteins, peptides, enzymes, carbohydrates, and minerals. They contain a variety of chemicals with pharmacological and toxicological properties. The innate immune system is the first line of defense against toxins and microbes. Antibacterial and anticancer proteins produced by snake venom have recently attracted significant attention due to their relevance to bacterial diseases and the potential of being converted into new therapeutic agents. However, the production of anti-snake venom from large mammals is proven to be low-yielding and arduous. The aim of the present study was to investigate and isolate immunodominant proteins of Naja oxiana snake venom. Identification was performed by 15% sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) and Western blot analysis. Subsequently, four sharp protein bands of 14, 22, 32, 65 kDa were appeared in nitrocellulose paper. In the next step, the identified proteins were isolated directly by electro-elution from preparative gel electrophoresis. Results showed that immunodominant proteins of (14, 22, 32, and 65 kDa) with high immunogenicity had high immunoreactivity with antiserum. To the best of our knowledge, these proteins can be candidates for preparing a specific anti-venom against Naja oxiana and antimicrobial immunodominant proteins, as well as designing antimicrobial peptides.

Keywords: Antivenom, Electro-elution, Immunodominant protein, Naja naja

Article Code: 17143

Title: Isolation and identification of mycoplasma agalactiae by culture and polymerase chain reaction methods in the sheep herds in Guilan province, IranAuthor(s): Rahimabadi, E.; Asadpour, Y.; **Pourbakhsh, Seyed Ali**; Sayeban, P.Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 4

PP.: 219-223

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Contagious agalactia is an infectious syndrome of sheep that is characterized by mastitis with reduction of milk production, arthritis, abortion, and keratoconjunctivitis. The disease is rapidly spread by the contact of the infected animals with the healthy ones. Domestic sheep and goats of both sexes can be infected at an equivalent frequency. Most of the researchers use culture and molecular methods for the isolation and identification of Mycoplasma. Mycoplasma agalactiae is the main cause of the disease in sheep. The aim of this study was to isolate and identify M. agalactiae by using culture and polymerase chain reaction (PCR) assay in the sheep herds in Guilan province, Iran. A total of 71 specimens were collected from seven sheep herds with clinical signs of agalactia disease. All of the seven sheep herds (100%) were positive either in PPLO agar or Mycoplasma PCR test. Out of the 71 specimens, 50 (70.4%) cases were positive; however, 21 (29.6%) samples were negative. Furthermore, 40 (80%) cases of the positive samples were detected for the presence of Mycoplasma by the PCR method; nonetheless, 34 (68%) samples were positive in culture. Additionally, out of the 40 positive samples in Mycoplasma PCR, 11 (27.5%) samples were detected in M. agalactiae-specific PCR. The samples that were positive for Mycoplasma were mostly detected in the ear/vaginal, milk, and ear swab samples, respectively, by culture and PCR methods. The most positive samples of Mycoplasma / M. agalactiae were obtained from the ear and vaginal samples. Our findings demonstrated that Mycoplasma was one of the main etiological agents of the contagious agalactia in Guilan province. In addition, PCR was found to be more successful than the culture method in the detection of Mycoplasma.

Keywords: Guilan, Mycoplasma agalactiae, PCR, Sheep

Article Code: 17144

Title: **Molecular and microscopic detection of Theileria equi and Babesia caballi in horses in Kurdistan Province, Iran**

Author(s): Kakekhani, S.; Rahbari, S.; **Madani, Rasool**; Bokaei, S.

Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 51-55

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Equine piroplasmosis is a tick-borne disease caused by intra-erythrocyte protozoa, *Theileria equi* and *Babesia caballi*. The present study aimed to detect piroplasm infection in horses in Kurdistan Province, Iran, through molecular and microscopic approaches. In this study, 186 blood samples were randomly collected from horses of five regions of Kurdistan Province. The Tbs-S/Tbs-A primer set was used for amplification of *Theileria equi* and *Babesia caballi* DNA through polymerase chain reaction. Blood smears of each case were also examined by Giemsa staining method. During microscopic examination of Giemsa-stained blood smears, 3 out of 186 (1.61%) blood samples were positive for piroplasm infection. The product of only one blood sample yielded 426-430 bp-sized fragments on a 1.5% agarose gel electrophoresis, and BLAST analysis of the sequenced sample indicated a 100% similarity with *T. equi* 18S rRNA gene sequences in GenBank. The results indicated that one out of 186 blood sample was positive (0.54%) for *Theileria equi* and none of them was positive for *Babesia caballi*.

Keywords: *Babesia caballi*, Horse, Iran, PCR, *Theileria equi*

Article Code: 17145

Title: Optimizing the process of inactivating influenza virus subtype H9N2 by formalin in the production of killed avian influenza vaccineAuthor(s): Raie Jadidi, B.; Erfan-Niya, H.; **Ameghi, Ali**Journal: **Archives of Razi Institute**

Year: 2017

Vol.: 72

No/Issue: 1

PP.: 43-49

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 3

SJR: 0.182

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.135

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Avian influenza is one of the most important diseases in avian industry, which also threatens human population. Thus, vaccination is necessary for controlling this viral disease. In this study, killed vaccine of avian influenza subtype H9N2 and formalin solution (for virus inactivation) were used. It is necessary to study the effect of different factors such as formalin concentration, as well as incubation temperature and duration on inactivation process. For this purpose, after preparation and measurement of antibody titers of vaccinal strains of avian influenza, 27 experimental samples of H9N2 avian influenza virus were prepared at different formalin concentrations (0.1%, 0.05%, and 0.025%), at different incubation temperatures (4 °C, 25 °C, and 37 °C), and in different incubation durations (12, 18, and 24 h). In addition, three control samples were prepared at three different test temperatures without adding formalin. All the samples were evaluated by inactivation test, hemagglutination assay, and measurement of free formaldehyde. All the experiments were repeated within three consecutive periods. Considering the findings and destructive effects of long incubation durations at 37°C on antigens, the temperature of 25 °C was more suitable. Furthermore, the free formaldehyde amounts at different concentrations at 25 °C were slightly different in comparison with 37 °C. Therefore, formalin concentration of 0.1% at 25 °C completely inactivated the virus within 24 h and was proposed as the optimal condition.

Keywords: Avian influenza vaccine, Formalin, Inactivation, Influenza virus H9N2

Article Code: 17146

Title: **LB broth-lyophilized Rabbit serum (LLR) as a new and suitable culture medium for cultivation of promastigotes of Leishmania major**

Author(s): **Nasiri, Vahid**; Dalimi, A.; Ghaffarifar, F.

Journal: **Journal of Parasitic Diseases**

Year: 2017

Vol.: 41

No/Issue: 1

PP.: 247-251

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 4

SJR : 0.356

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Fetal calf serum is the major part and the most expensive ingredient of the Leishmania culture media. Here, the efficacy of the LB broth-lyophilized Rabbit serum medium (LLR) was evaluated in cultivation of Leishmaniamajor. Conventional Luria–Bertani (LB) broth medium was prepared and autoclaved for 15 min at 121 °C and then lyophilized Rabbit serum was added at the 1, 2.5, 5 and 10 % final concentrations. The efficacy of medium was evaluated by assessing the growth ability and replication pattern of the promastigotes of L. major. According to our finding, the LLR medium with 5–10 % lyophilized Rabbit serum supported the growth of the parasites and can be used for cultivation of Leishmanian parasites with acceptable In vivo infectivity for research purpose. The ability of the parasites to survive and proliferating in the presence of lyophilized Rabbit serum indicating that this serum is a good nutritional source. This study opens a new way to make low-cost medium that could be used in cultivation of Leishmanian parasites.

Keywords: Fetal calf serum, Leishmania major, Lyophilized Rabbit serum, Promastigote

Article Code: 17147

Title: Analyzing Temperature Dependence of Diphtheria Toxin Structure and Stability Using Molecular Dynamics SimulationsAuthor(s): **Ghaderi, Soheila**; Bozorgmehr, Mohammad Reza; Morsali, AliJournal: **Der Pharma Chemica**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 18

PP.: 1-5

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 4

SJR : 0.142

☐ ISC

Q :

IF :

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

The protein denaturation due to the temperature variation and the free energy difference provided useful information on the protein stability. This study was performed to evaluation of the thermodynamic stability of Diphtheria Toxin (DT) and its mutant (E349K). The free energy differences ($\Delta\Delta G$) were computed between DT and E349K at the different temperature levels using molecular dynamic simulations. Results showed that the thermodynamic stability of DT was decreased at higher temperature (320 K) in comparison with lower temperature (310 K). Results showed that the thermodynamic stability of DT was lower than that of E349K at 320 K. Secondary structures and coils were analyzed by Kabsch-Sander method. The significant increase of the β -sheet, turn and the helix content of mutant observed in comparison with DT at 320 K. The root mean square fluctuation (RMSF) of Ala187 of E349K (RMSF=0.5034) was much more than that of DT (RMSF=0.2746) at 320 K. The disulfide bridge (Cys186–Cys201) was observed in the E349K structure but was not present in the DT structure at 320 K. In the final trajectories reported the radius of gyration (Rg) and the Root Mean Square Deviation (RMSD) of DT were more than those of E349 at 320 K. Accordant to the Rg, results found that the molecular hydrophobicity of DT decreased at 320 K in comparison with E349K. These results demonstrated that the DT stability was affected by the temperature shift due to the protein structural variation.

Keywords: Diphtheria toxin, Free energy difference, Molecular dynamics simulation, Hydrophobicity

Article Code: 17148

Title: Extracellular loops are essential for the assembly and function of polycystin receptor-ion channel complexes

Author(s): **Salehi-Najafabadi, Zahra**; Li, B.; Valentino, V.; Ng, C.; Martin, H.; Yu, Y.; Wang, Z.; Kashyap, P.; Yu, Y.

Journal: **Journal of Biological Chemistry**

Year: 2017

Vol.: 292

No/Issue: 10

PP.: 4210-4221

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☒ Scopus

Q: 4

SJR : 0.152

☐ ISC

Q:

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Polycystin complexes, or TRPP-PKD complexes, made of transient receptor potential channel polycystin (TRPP) and polycystic kidney disease (PKD) proteins, play key roles in coupling extracellular stimuli with intracellular Ca^{2+} signals. For example, the TRPP2-PKD1 complex has a crucial function in renal physiology, with mutations in either protein causing autosomal dominant polycystic kidney disease. In contrast, the TRPP3-PKD1L3 complex responds to low pH and was proposed to be a sour taste receptor candidate. It has been shown previously that the protein partners interact via association of the C-terminal or transmembrane segments, with consequences for the assembly, surface expression, and function of the polycystin complexes. However, the roles of extracellular components, especially the loops that connect the transmembrane segments, in the assembly and function of the polycystin complex are largely unknown. Here, with an immunoprecipitation method, we found that extracellular loops between the first and second transmembrane segments of TRPP2 and TRPP3 associate with the extracellular loops between the sixth and seventh transmembrane segments of PKD1 and PKD1L3, respectively. Immunofluorescence and electrophysiology data further confirm that the associations between these loops are essential for the trafficking and function of the complexes. Interestingly, most of the extracellular loops are also found to be involved in homomeric assembly. Furthermore, autosomal dominant polycystic kidney disease-associated TRPP2 mutant T448K significantly weakened TRPP2 homomeric assembly but had no obvious effect on TRPP2-PKD1 heteromeric assembly. Our results demonstrate a crucial role of these functionally underexplored extracellular loops in the assembly and function of the polycystin complexes.

Keywords: cell surface receptor, ion channel, protein assembly, protein-protein interaction, transient receptor potential channels (TRP channels), PKD, TRPP, autosomal dominant polycystic kidney disease, extracellular loop, polycystin

Article Code: 17149

Title: **An evolutionary and phylogenetic study of the BMP15 gene**Author(s): **Mahdavi, Morteza; Dashab, G.R.**Journal: **Iranian Journal of Applied Animal Science**

Year: 2017

Vol.: 7

No/Issue: 2

PP.: 197-209

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.136

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.108

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

DNA sequence data contains a wealth of biologically useful information. Recent innovations in DNA se-quencing technology have greatly increased our capacity to determine massive amounts of nucleotide se-quences. These sequences can be used to specify the characteristics of different regions, interpret the evolu-tionary relationships between categorized groups, likelihood of performing multiple comparisons between an unidentified sequence and millions of specified sequences existing in DNA information gene banks. This study focuses on bioinformatics analysis of molecular genetic variation of the BMP15 gene of some se-lected mammalian species with a view to providing relevant genetic information for breeding and selection programs in the studied species using computational methods. A total of twenty-three BMP15 nucleotide sequences and amino acids sequences were retrieved from the NCBI gene bank. Sequence alignment, pair and multi-alignment comparison of the BMP15 gene of the various species were done with MEGA6. High degree of polymorphism of the BMP15 gene was observed among the studied species. Despite high poly-morphism in BMP15 similarity between sequences was greater than 98% and differences existing in fertility rates among species may be species-specific due to differences in the processing of BMP15. The mean di-versity among populations and the scattering coefficient of evolution in the BMP15 position were calculated to be 2.15 and 1.25 bp, respectively and the mean divergence was calculated to be 1.7 bp. Also, the mean divergence within the species was 4.1, 0.4 and 2.1 bp in sheep, cows and goats, respectively. Bases substitu-tion rate and pattern in BMP15 showed that cows and goats have the minimum genetic distance and human has the maximum genetic distance with sheep. In addition to existing variation in DNA and amino acids sequences between BMP15 in different species, this study highlighted specific segments significantly more conserved in BMP15 from mono-ovulating as compared to super-ovulating species.

Keywords: BMP15, Phylogenetic, Transition, Transversion

Article Code: 17150

Title: **Estimation of dominance effects related to mastitis and production traits for CXCR1 gene using logistic regression analysis in dairy cattle**

Author(s): **Bagheri, Masoumeh; Zahmatkesh, Azadeh**

Journal: **Agri Gene**

Year: 2017

Vol.: 3

No/Issue: ---

PP.: 63-66

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.13

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

The dominance effect is important for mastitis, which is the major source of economic loss in dairy herds. The objective of this study was to evaluate dominance effects of CXCR1 gene for clinical mastitis and production traits in Holstein dairy cattle using the selective genotyping method. Records of 305-day lactation were obtained for production traits and for the number of cases of clinical mastitis per lactation. Cows were selected based on extreme values (highest and lowest CMR values) for clinical mastitis residuals (CMR) from mixed model analyses. Each of the two extreme groups of cows was genotyped for CXCR1 gene and then, associations between genotypes and CMR and also breeding values for traits of interest were estimated by applying logistic regression analyses. Allele G of CXCR1 gene was associated with fewer cases for clinical mastitis (CM), and showed desired effects on production traits, especially on milk, protein and fat yield. Effects of dominance ranged from - 0.03 SD to 0.55 SD for the production traits and CM. For milk production traits, positive values for dominance indicated a surplus in these traits. Result showed that CXCR1 gene may be a valuable candidate gene for improvement of mastitis resistance as well as production traits in dairy cattle herds and the dominance effects may not be negligible.

Keywords: CXCR1, Dominance effect, Logistic regression, Mastitis

Article Code: 17151

Title: Serum level of thyroid stimulating hormone, triiodothyronine, thyroxin and weight rate in caucasian pit viper (viperidae: Gloydius halys caucasicus) of Iran during different seasons

Author(s): Fani, S.; Vaezi, Q.H.; Todehdeghan, Fatemeh

Journal: Annual Research and Review in Biology

Year: 2017

Vol.: 14

No/Issue: 1

PP.: 1-9

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.121

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

In this research, concentration of thyroid-stimulating hormone (TSH), triiodothyronine (T3), thyroxin (T4) and their relationship with body weight in Caucasian viper have been studied. The female Caucasian pitviper (n=26) were collected from Lar in Tehran province, the animal's body weight and length, and serum TSH, T3 and T4 levels were measured by electrochemiluminescence method during autumn, winter and summer in year 2014. The results showed T3 hormone concentration in autumn was 0.74 ± 0.06 nmol/Lt that was higher than its level in winter, 0.46 ± 0.8 nmol/Lt ($P \leq 0.05$) and no significant different with its concentration in summer 0.76 ± 0.05 nmol/Lt. The concentration of T4 hormone in autumn, 0.84 ± 0.28 nmol/Lt was higher than winter 0.76 ± 0.033 nmol/Lt ($P \leq 0.19$) and also summer 0.64 ± 0.018 nmol/Lt ($P \leq 0.001$). TSH concentration was 0.005 nmol/Lt in autumn; reach to 0.013 ± 0.008 nmol/Lt in winter and again 0.005 nmol/Lt in summer that shows relative increase in winter ($P \leq 0.05$). Mean body length and weight of female Caucasian vipers were 47.50 ± 0.69 cm and 50.80 ± 2.53 gram in autumn and 34.33 ± 2.33 cm, 43.33 ± 2.40 gram in winter and 51.64 ± 1.26 cm and 64.78 ± 3.47 gram in summer, respectively. This is indicated that Caucasian vipers' body weight is decreased in winter could be because of body fat consumption, inaccessibility to food and beginning of reduction of nutritional activity at the end of autumn compare to summer that may result to lower body weight in winter. Concentration of T3 and TSH hormone is decreased in summer and increased in winter. It seems by decreasing temperature in winter serum concentration of TSH is increased and vipers body weight reduced (Fat consumption) to provide required energy and heat for Iranian Caucasian viper survival. So, seasonal and temperature variation has significant effect on Iran Caucasian vipers thyroid hormones that is important for animal maintenance. Although further study is needed.

Keywords: Electrochemiluminescence, Seasonal variation, Thyroid hormone, TSH, Viper body weight

Article Code: 17152

Title: **Tissue engineering and regenerative medicine potentialities of materials - Based novel constructs - A review**

Author(s): Iqbal, H.M.N.; Dhama, K.; Munjal, A.; Khandia, R.; Karthik, K.; **Dadar, Maryam**; Sachan, S.; Latheef, S.K.; Joshi, S.K.

Journal: **Current Regenerative Medicine**

Year: 2017

Vol.: 6

No/Issue: 1

PP.: 29-40

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.162

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background: In recent years, tissue engineering (TE) and regenerative medicine (RM) are rapidly evolving fields. TE and RM are part of the biomedical field, and both are emergent research areas with a high impact on medical issues. The development of new types of novel, effective and highly reliable engineering constructs is essential to tackle many human health-related diseases. To this end, materials science technology offers an excellent engineering exploitability.

Objective: The objective of this review is to extend the current knowledge in the field of biomaterials for TE and RM including human-made novel constructs though using different materials and strategies.

Methods: We extensively reviewed, analyzed and compiled salient information from the authentic published literature available in PubMed and other scientific databases.

Results: The multi-shape novel constructs have been fabricated for a variety of applications in bio and non-bio sectors of the modern world. As compared to the natural bulk material, engineering of their constructs particularly at the micro and nano-level impart unique characteristics including surface area and surface functionality enhancement, improved thermo-mechanical and electrical conductivity, etc. The materials-based engineered constructs have been exploited in biotechnology at large and biomedical in particular.

Conclusion: The most promising applications include their utilization as a vehicle to deliver therapeutic agents, as scaffolds for engineering various tissues and also serve as an integrated part of biomedical implants, etc. Herein, we reviewed bio-nano-technological advancements from a TE and RM perspective in particular and envision directions of future developments.

Keywords: Biomaterials, Bone tissue engineering, Heart tissue engineering, Novel constructs, Organs, Regeneration, Skin tissue engineering, Tissue engineering

Article Code: 17153

Title: **The Incidence of *Acarapis woodi* and *Varroa destructor* in Kurdistan Apiaries, Iran**

Author(s): Khezri, Mohammad; **Moharrami, Mojtaba**

Journal: **Animal and Veterinary Sciences**

Year: 2017

Vol.: 5

No/Issue: 6

PP.: 97-101

Indexed in: ☐ ISI

Q:

IF:

☒ Scopus

Q: 4

SJR: 0.129

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Parasitic mites such as *Acarapis woodi* and *Varroa destructor* mite are examples of such threats that can cause a great deal of damage to honey bee populations. The present study was aimed to evaluate the infestation level and prevalence of apiaries and bees colonies with *Acarapis woodi* and *Varroa destructor* in Kurdistan province. A total of 100 apiaries were sampled from April to September 2014 and April to September 2015. Samplings were performed and samples were examined to detect the presence of *Varroa destructor* and *Acarapis woodi*. The prevalence of *Acarapis woodi* infestation in apiaries of this region 1% was calculated. In addition, *Acarapis woodi* infestation rate of hives was 0.26%. Among 100 apiaries, 61% (95% CI, 45.9-76.1) apiculture was infected by varroa mite and 39% not infected. The average value of *Varroa destructor* in adult bees colonies of Kurdistan apiaries was 7.5% (95% CI, 5.9-9.1). Regarding high rate of infestation and incidence of mites in the apiaries of Kurdistan province, it seems necessary to have a regular control program in order to decrease the rate of infestation in this region.

Keywords: *Acarapis woodi*, *Varroa destructor*, Prevalence, Kurdistan, Iran

Article Code: 17154

Title: **Bacteriocinogenic potential and virulence traits of Enterococcus faecium and E. faecalis isolated from human milk**

Author(s): Khalkhali, S.; Moigani, Naheed

Journal: **Iranian Journal of Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 4

PP.: 224-233

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☐ Scopus

Q:

SJR:

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.397

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background and Objectives: Human milk is a continuous supply of Lactic Acid bacteria (LAB), including enterococci with probiotic potentials. The aim of this study was to analyze two Enterococcus species, isolated from human milk for their probiotic potential, bacteriocin producing ability and virulence traits.

Materials and Methods: Enterococcus faecium TA0033 and E. faecalis TA102 were tested for acid and bile tolerance, survival in simulated gastric and intestinal conditions. The antibacterial spectrum of the isolates was tested by agar well diffusion assay. The antagonistic agent was characterized by physico-chemical methods. The enterocin structural genes, virulence determinants, vancomycin resistance and biogenic amine genes, such as hdc1, hdc2, tdc, ldc and odc were also determined.

Results: The tested isolates survived acidic conditions, high bile salt (1%), simulated gastric and intestinal conditions. The culture supernatant fluids of the two isolates inhibited the growth of Escherichia coli, Listeria monocytogenes, Salmonella typhi, Staphylococcus aureus, Shigella dysenteriae and Streptococcus agalactiae. The antagonistic activity was lost in the presence of proteolytic enzymes but tolerated the action of catalase, lysozyme and lipase. In contrast to enterocin TA102, enterocin TA0033 possessed bactericidal mode of action. Bacteriocin structural genes, entA and entB were present in the genome of the two isolates, while E. faecalis TA102 additionally harboured entP and bac31 genes. The phenotypic and genotypic virulence assessment studies indicated hyaluronidase (hyl) production and vancomycin resistance in E. faecalis TA102 while, none of the isolates harboured the biogenic amine genes.

Conclusion: The presence of virulence genes in E. faecalis TA102 calls for careful monitoring of Enterococcus isolates for their safety parameters.

Keywords: Bacteriocins, Biogenic amines, Enterococcus, Human milk, Vancomycin, Virulence genes

Article Code: 17155

Title: **Designing of Indirect ELISA system using secreted antigens of *Mycobacterium avium* subsp. paratuberculosis for Diagnosis of paratuberculosis.**

Author(s): Hatamifar, Mona; Mosavari, Nader; Kazemi, Javad

Journal: **Iranian Journal of Medical Microbiology**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 2

PP.: 26-33

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☐ ISC

Q :

IF :

☒ PubMed

☐ Others

Abstract:

Background and Aims: *Mycobacterium avium* subsp. paratuberculosis (MAP) is the causative agent of paratuberculosis, also called as Johne's disease and is considered as the cause of irrecoverable economic losses in livestock industry. For the detection of the paratuberculosis, indirect ELISA has been highly considered as a simple method with high sensitivity and specificity. Accordingly, this study aims at designing a system of indirect ELISA for the detection of paratuberculosis.

Materials and Methods: A total of 100 serum samples from 10 herds, in Tehran and Alborz provinces in 2015, in which paratuberculosis has been proven by culture, were selected and surveyed using the standard kit and the internal system was designed according to the standard kit. To design ELISA system, by using secretory antigens and confirmed positive and negative serum samples were used and checkerboard titration was performed. To determine the cutoff point, the results of the commercial kit were used as gold standard.

Results: According to the commercial ELISA kit results (15 positive samples and 85 negative samples), the best concentration of antigen and antibody dilution were evaluated as 1.2 µg and 1:100 per well, respectively. Furthermore, the cutoff point was determined as 0.44. The sensitivity and specificity were evaluated as 70% and 100%, respectively.

Conclusions: Secreted antigens in *M. avium* subsp. paratuberculosis are sensitive to detect the infected animals but it is difficult to detect bacteria from feces in the early stages of disease. Therefore, by using indirect designed ELISA, it can be detected antibodies in the early stages of the disease.

Keywords: *Mycobacterium avium*, Paratuberculosis, Indirect ELISA, Secreted Antigens

Article Code: 17156

Title: Medicinal and Beneficial Health Applications of *Tinospora cordifolia* (Guduchi): A Miraculous Herb Countering Various Diseases/Disorders and its Immunomodulatory Effects

Author(s): Dhama, K.; Sachan, S.; Khandia, R.; Munjal, A.; Iqbal, HMN.; Latheef, SK.; Karthik, K.; Samad, HA.; Tiwari, R.; **Dadar, Maryam**

Journal: Recent Patents on Endocrine, Metabolic and Immune Drug Discovery

Year: 2017

Vol.: 10

No/Issue: 2

PP.: 96-111

Indexed in: ☐ ISI Web of Science Q: IF :

☐ Scopus Q: SJR :

☐ ISC Q: IF :

☒ PubMed ☐ Others

Abstract:

BACKGROUND: Plants have been known as an integral part of traditional medicine because of their phytoconstituents with their miraculous substances. *Tinospora cordifolia* (Guduchi/ Giloy) is one such plant having pharmacological functions and medicinal values due to its several constituents such as terpenes, glycosides, alkaloids, steroids and flavonoids. Thus, it has been rightly mentioned in old texts as "Amrita".

OBJECTIVE: The objective of the present review is to extend the current knowledge, importance and beneficial pharmacological applications of guduchi in humans for safeguarding various health issues.

METHODS: We extensively reviewed, analyzed and compiled salient information from the published literature available in PubMed and other scientific databases.

RESULTS: The present review describes medicinal applications of *T. cordifolia* in countering various disorders and usages as anti-oxidant, anti-hyperglycemic, antihyperlipidemic, hepatoprotective, cardiovascular protective, neuroprotective, osteoprotective, radioprotective, anti-anxiety, adaptogenic agent, analgesic, anti-inflammatory, antipyretic, a thrombolytic agent, anti-diarrheal, anti-ulcer, anti-microbial and anti-cancer agent. The plant is also a source of micronutrients viz. copper, calcium, phosphorus, iron, zinc and manganese. A special focus has been made on its health benefits in treating endocrine and metabolic disorders and its potential as an immune booster. Several patents have been filed and granted to inventions encompassing *T. cordifolia* as a major component of therapeutics for ameliorating metabolic, endocrinal and several other ailments, aiding in the betterment of human life expectancy.

CONCLUSION: The information presented would be beneficial for researchers, medical professionals and pharmaceutical companies to design and develop effective medicines, drugs and healthical products exploiting the multiple as well as specific modes of actions of *T. cordifolia*, and also help in promoting and popularizing this rich herb having promising potentials to prevent and treat various ailments.

Keywords: Animals, Humans, Immunologic Factors/isolation & purification, Immunologic Factors/pharmacology, Medicine, Traditional, Patents as Topic, Phytochemicals/chemistry, Phytochemicals/pharmacology, Plant Extracts/chemistry, Plant Extracts/pharmacology, *Tinospora*/chemistry

Article Code: 17157

Title: Evaluation of cell-mediated immune response in pbmcs of calves vaccinated by capri pox vaccines using elisa and real-time rt-pcrAuthor(s): Norian, Reza; Afzal Ahangaran, Nahideh; Varshovi, Hamid Reza; Azadmehr, AbbasJournal: **Research in Molecular Medicine**

Year: 2017

Vol.: 5

No/Issue: 2

PP.: 3-8

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☐ Scopus

Q:

SJR:

☒ ISC

Q: 1

IF: 0.154

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Background: The analysis of antigen-specific cytokine expression has been considered to evaluate the immune responses and vaccines efficacy in recent years. The aim of this study was to compare the cell-mediated immune response characteristics of two Capri pox virus (CaPV) vaccines against lumpy skin disease in cattle.

Materials and Methods: Two Capri pox virus vaccines were administered to dairy cows of two farms and followed up to 5 weeks post vaccination. These vaccines were live attenuated Goat pox virus (GTP) Gorgan strain (n=20) and Sheep pox virus (SPP) Romanian strain (n=20). Cell-mediated immune response of vaccinated calves was evaluated using in vitro lymphocyte proliferation and IFN-g and IL-4 release assay after stimulation with recall vaccine strains, and in vivo cytokine expression in PBMCs by real-time PCR.

Results: Lymphocyte proliferation in GTP- and SPP-vaccinated groups began to increase till reached to its peak at third week post vaccination and then decreased in the weeks thereafter. Stimulation index in stimulated PBMCs in GTP-vaccinated calves was higher than SPP-vaccinated calves in all weeks, which indicated higher levels of immunogenicity produced by the GTP-vaccine in cattle. Also, in both vaccinated groups the peak release of IFN-g and IL-4 proteins in cultured PBMCs in response to recall antigen was detected at week 3 post vaccination. Although the mean of the cytokine release in GTP-vaccinated calves was higher than SPP-vaccinated calves in all weeks of experiment, a significant difference was only observed at week 3 post vaccination ($P<0.05$). In contrast, the IFN-g mRNA expression in PBMCs of vaccinated groups was induced early, peaked at week 1 post vaccination and decreased in the weeks thereafter, and this rate was higher in GTP-vaccinated calves compared with SPP-vaccinated calves in all weeks, but the significant difference was only found at week 3 post vaccination ($P<0.05$). However, the IL-4 mRNA expression showed delayed induction and peaked at week 3, and unlike the SPP group, it remained at this level in GTP group, until the end of experiment. Also this rate of expression in GTP-vaccinated calves was higher than SPP-vaccinated calves in all weeks and had a significant increase at week 5 post vaccination ($P<0.05$).

Conclusion: The findings show that due to induction of high level cell-mediated immune response in live attenuated GTP vaccine compared to SPP vaccine, GTP vaccine has a good immunogenic response, and therefore can be a better choice for vaccination against lumpy skin disease.

Keywords: Capri pox Virus, Immune Response, Real-time PCR, ELISA

Article Code: 17158

Title: **Isolation and molecular diagnosis of peste des petits ruminants (ppr) virus from contaminated areas in iran**

Author(s): **Fallahi, Roozbeh**

Journal: **Iranian Journal of Science and Technology**

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 1

PP.: 17-21

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☒ ISC

Q :--

IF : --

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Due to the numerous reports concerning the Peste des petits ruminants (PPR) in different regions of Iran, the isolation and genetic characterization of native isolates is very important. During 2013-2014, 168 samples were collected from whole blood, eye, nasal and oral swabs, and lymph nodes of sheep and goats with clinical signs in nine provinces with infected focal zones in Iran. Vero cell line and primary Lamb Kidney cells were inoculated with isolates and observed at least in 5 consecutive passages for cytopathic effects (CPE). The sheep samples from two provinces, created CPE in both kinds of cell cultures. Observation by electron microscopy and confirmation by RT-PCR was used to confirm PPR.

Keywords: PPR, isolation, diagnosis, Iran

Article Code: 17159

Title: Immune response characteristics of capri pox virus vaccines following emergency vaccination of cattle against lumpy skin disease virus

Author(s): Varshovi, Hamid Reza; Norian, Reza; Azadmehr, Abbas; Afzal Ahangaran, Nahideh

Journal: Iranian Journal of Veterinary Science and Technology

Year: 2017

Vol.: 9

No/Issue: 2

PP.: 33-40

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☒ ISC

Q : --

IF : --

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

In this research immune response characteristics of two available heterologous vaccines including Gorgan goat pox virus (GPV) and Romanian sheep pox virus (SPV) vaccines against lumpy skin disease have been examined, by using the monitoring of humoral and cell-mediated immune responses in vaccinated calves in the field. The evaluation of humoral immune response showed that the neutralizing antibody titers in both vaccinated groups started at day 7 post-vaccination, then reached to the protective level at day 21 post-vaccination and persisted till 35 day post-vaccination. The neutralizing antibody titers in GPV-vaccinated calves (GVC) the ratio was higher than SPV-vaccinated calves (RVC), and on days 21 and 35 post-vaccination were significantly different ($p < 0.05$). Also, in vitro evaluation of cellular immune responses showed that the lymphocyte proliferation index and IFN- γ and IL-4 production levels in both vaccinated groups began to increase at day 7 post-vaccination until reached to its peak at day 21 post-vaccination and decreased in the period thereafter. So that, in GVC this ratio was higher than that in RVC and was significant at day 21 post-vaccination ($p < 0.05$). The findings show that the live attenuated GPV vaccine due to induction of high level of antibody titer and higher lymphocyte proliferation and IFN- γ and IL-4 production has a good immunogenic response, so it is considered a suitable vaccine to control lumpy skin disease.

Keywords: Goat Pox Virus, Sheep Pox Virus, Lumpy skin disease, IL-4, IFN- γ

Article Code: 17160

Title: **Enterococcus faecium; a suitable probiotic candidate for modulation of immune responses against pathogens**

Author(s): Khalkhali, Soodabeh; **Moigani, Naheed**

Journal: **International Journal of Basic Science in Medicine**

Year: 2017

Vol.: 2

No/Issue: 2

PP.: 77-82

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☒ ISC

Q : --

IF : --

☐ PubMed

☐ Others

Abstract:

Probiotics are sets of nonpathogenic microorganisms without virulence which inhibit pathogen growth in animals. Enterococcus faecium has been introduced as a probiotic and its probiotic characteristics have been evaluated in several investigations. Evidence suggests that probiotics may modulate the immune system of the host to improve responses against pathogens. Thus, this review aimed to present recent studies regarding the effects of the E. faecium probiotic strains on the host immune responses. It seems that E. faecium AL41, CGMCC, NCIMB, SF68, Strain 26, JWS 833 and EF55 strains improve beneficially the immune responses of the host. However, most studies have been performed on animal models, therefore, clinical trials on humans are required to understand the beneficial mechanisms of E. faecium on the human immune system.

Keywords: Probiotics, Enterococcus faecium, Immune responses

Article Code: 17161

Title: Purification of 146s antigen of foot-and-mouth disease (fmd) virus serotypes aby using the sucrose gradient procedureAuthor(s): Shojaee, Maryam; Zibae, SaeidJournal: **International Journal of Infection**

Year: 2017

Vol.: 4

No/Issue: 1

PP.: 1-5

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☒ ISC

Q : --

IF : --

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Background: Foot-and-Mouth disease (FMD) is an acute and contagious disease in domestic ruminants, which is currently the most economical viral disease that threatens the livestock industry. The virus that causes disease belongs to the Aphthovirus genus from the family of picornaviridae. This family contains seven serotypes and is about 30 nanometers in diameter and has no external membrane, similar to other picornaviruses.

Objectives: In this study, we aimed to introduce the sucrose gradient procedure as a convenient method for purification of 146s antigens.

Methods: Sucrose gradient procedure (20% - 50%) was used for purification of 146s antigen of foot-and-mouth disease virus serotypes A. Then, preparation steps of the virus including concentration by polyethylene glycol, degreasing using trichloroethylene, centrifugation (30000 g for three hours) and washing the pellet using Tris (0.05 M) were performed. Spectrophotometer and nano-drop were used to measure the amount of the purified protein and purity evaluation, respectively. Moreover, dot blot assay was used for the confirmation of 146s antigen.

Results: The pellet of the 146s antigen of FMD virus serotype A was developed at a concentration of sucrose 50%. Absorbance rate of the Foot-and-Mouth Disease virus serotypes A at wavelengths of 240, 259 and 280 nm was 1.238, 1.573 and 1.157, respectively. Moreover, the amount of 146s antigen at the same wavelengths was 163.416, 207.636 and 152.724 µg/mL, respectively. The amount of purified protein by nanodrop (ND-1000, the United States) was 0.275 mg/mL. The 146s antigen was observed with 26, 29 and 64 kDa by sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) and was confirmed by the dot blot assay.

Conclusions: The results exhibited that sucrose gradient procedure is a good method for purification of virus.

Keywords: 146s Antigen, Foot-and-Mouth Disease Virus, Serotypes A, Sucrose Gradient

Article Code: 17162

Title: **Purification of the specific antibody of foot-and-mouth disease virus serotype a by ion exchange chromatography**Author(s): Shojaee, Maryam; **Zibae, Saeid**Journal: **International Journal of Infection**

Year: 2017

Vol.: 4

No/Issue: 2

PP.: 1-5

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☒ ISC

Q :--

IF :--

☐ PubMed☐ Others**Abstract:**

Background: Foot-and-mouth disease (FMD) is an acute and contagious disease in domestic ruminants, which is currently the most economical viral disease that threatens livestock industry. The virus that causes the disease is belongs to Aphthovirus genus from the picornaviridae family. This family contains seven serotypes and is about 30 nanometers in diameter and no external membrane similar to other picornaviruses.

Objectives: The current study aimed to introduce ion exchange chromatography as a convenient method to purify specific antibody against 146S antigen.

Methods: The study was performed in vaccine and serum research of Razi institute, Tehran, Iran, after purification of 146S antigen of foot-and-mouth disease virus serotypes A using sucrose gradient procedure; two Guinea pigs were immunized with 30 µg 146S antigen combined with complete Freund's adjuvant (CFA) and booster with incomplete Freund's adjuvant (IFA) according to the protocol. After bleeding and serum obtaining, agglutination assay, dot blot and the enzyme linked immunosorbent assay (ELISA) were used to confirm specific antibody against 146S. Ion exchange chromatography was used to purify specific antibody against 146S antigen. Finally, sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) electrophoresis was used to evaluate the purification.

Results: The interaction of 146S antigen with the immunized rabbit resulted in agglutination reaction. Assaying with the heterologous antigen showed negative result that confirmed the production of specific antibody in the rabbit. In dot blot, presence of brown spots was confirmed by binding specific antibody with 146S antigen. The result of ELISA showed that each antigen of different serotypes reacted better with homolog antibody. Since IgG containing positive charge and 25, 2-diethylaminoethyl (DEAE) Cephadex gel in ion exchange chromatography also had positive charge, IgG was eluted at the first step by buffer (pH = 9) and the other proteins were eluted by buffer at different pH levels. The absorbance amount of IgG was 0.197 that showed IgG = 0.725 mg/mL.

Conclusions: With respect to the results as well as the speed of ion exchange chromatography, this method is advised to purify antibodies.

Keywords: Specific Antibody, S146 Antigen, Foot-and-Mouth Disease Virus, Serotype A, Ion Exchange Chromatography

Article Code: 17163

Title: **Biochemical and Molecular Analysis of the Antilisterial Peptides Produced by *Enterococcus hirae* Strains Isolated from Raw Ewe Milk**

Author(s): **Moigani, Naheed**; Vaseji, Narges; Khalkhali, Soodabeh; Naz Baloch, Muneera

Journal: **Journal of Advances in Biology and Biotechnology**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 3

PP.: 1-11

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☐ ISC

Q :

IF :

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Aims: This study was conducted to identify and characterize the anti-listerial bacteriocins produced by *Enterococcus hirae* strains isolated from ewe milk.

Study Design: Bacteriocins produced by *E. hirae* strains were identified and characterized by physio-chemical methods. Bacteriocin structural genes were evaluated by molecular methods.

Place and Duration of Study: Biotechnology Department, Razi vaccine and Serum Research institute, and National institute of Animal Science, Iran, between January 2013 and March 2015.

Methodology: Two *E. hirae* were isolated from raw ewe milk samples collected from Yengi Esperan (Sfeedan) village located in East Azerbaijan Province, Iran. The isolates demonstrating antilisterial activity were identified by 16S rRNA genes sequencing. The bacteriocinogenic potential of the isolates was evaluated using biochemical tests. The proteinaceous compounds were purified using Ammonium sulphate precipitation (40%), cation-exchange chromatography followed by SDSPAGE analysis. Occurrence of enterocin structural genes was evaluated using a set of primers in a PCR reaction.

Results: The antilisterial compounds produced by the two *E. hirae* strains were sensitive to the proteolytic enzymes, while catalase and lipase had no effect on the activity. In contrast to the bacteriocin Eh512, enterocin Eh514 showed partial sensitivity to the enzyme lysozyme. The proteinaceous agent from the two producer isolates; Eh512 and Eh514 were single peptides of approximately 6.5 and 5.8 KDa, respectively. The enterocins in study appeared heat stable and resistant to acidic pH values. Analysis of the enterocin structural genes, showed the presence of entA, and entB genes in both the isolates whereas, *E. hirae* Eh512 additionally harbored entP and entQ genes. Sequence analysis of entA genes in both isolates indicated 95% homology with other entA genes in NCBI library.

Conclusion: The studied enterocins might be suitable replacement for chemical additives used in food preservations. However, further studies are required to validate these findings.

Keywords: *Enterococcus hirea*, anti-listerial bacteriocin, structural genes, ewe milk

Article Code: 17164

Title: **Challenges and Perspectives toward Development of more Effective Influenza Vaccine**

Author(s): **Ahmadi, Maryam; Shahsavandi, Shahla.**

Journal: **Iranian Journal of Virology**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 3

PP.: 33-40

Indexed in: ☐ ISI Web of Science Q: IF :
☐ Scopus Q: SJR :
☐ ISC Q : IF :
☐ PubMed ■ Others

Abstract:

Influenza viruses continue to be a major health threat in human and bird populations. The improvements in formulation and production level of the current influenza vaccines are not sufficient to afford complete protection. The continuous antigenic drifts and emergence of endemic and zoonotic strains make influenza vaccine planning difficult. Concern about the emergence of new influenza pandemic provides subject for developing a universal influenza vaccine to be most effective in preventing influenza A either by targeting the HA or other viral proteins. The recombinant and synthetic antigens used in influenza vaccine research and development are generally less immunogenic and need to incorporate novel adjuvants with modified delivery carriers to develop broad-protective vaccines.

Keywords: Influenza virus, vaccine, adjuvant, delivery system

Article Code: 17165

Title: **Layered Double Hydroxides (LDHs): An Efficient Catalyst System for the Synthesis of Chiral Aminonitriles**

Author(s): **Tahoori, Fatemeh**; Moradinejad, Mona; Tondfekr, Reza; Karbasi, Farnaz

Journal: **Organic Chemistry Research**

Year: 2017

Vol.: 3

No/Issue: 1

PP.: 95-102

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Strecker reaction is one of the simplest multicomponent reactions. It used for synthesis of chiral α -amino nitriles. This reaction was carried out in the presence of catalytic amount of layered double hydroxides (LDHs). In this study, simple and practical method for the synthesis of this class of catalysts is provided. The results shown that LDH is the good heterogen catalyst for synthesis of chiral α -amino nitriles.

Keywords: Layered double hydroxide (LDHs), Strecker reaction, α -Amino acids, Diastereoselectivity

Article Code: 17166

Title: **Novel Vaccines against Streptococcus pneumoniae Based on the Immunoprotective B-cell Epitope Region of Pneumococcal Choline Binding Protein D and Salmonella Enteritidis Flagellin**

Author(s): **Tarahomjoo, Shirin; Ghaderi, Soheila**

Journal: **American Journal of Microbiological Research**

Year: 2017

Vol.: 5

No/Issue: 6

PP.: 118-123

Indexed in: ☐ ISI Web of Science Q: IF :

☐ Scopus Q: SJR :

☐ ISC Q: IF :

☐ PubMed ☒ Others

Abstract:

Pneumococcal conjugate vaccines (PCVs) were constructed through chemical conjugation of pneumococcal capsules to immunogenic carrier proteins. The PCVs implementation in developing countries was prevented by their high manufacturing costs. This issue can be overcome by development of protein based vaccines against pneumococci. Antibody responses are necessary for protection against *S. pneumoniae*. Choline binding protein D (CBPD) was already identified as a pneumococcal surface protein able to elicit protection against *S. pneumoniae* and its most protective B-cell epitope region (MIBR) was determined. MIBR was highly conserved in common pneumococcal serotypes. Whole antigens are not as potent as epitope based vaccines and B-cell epitope based vaccines are more effective than whole antigen based vaccines in the prevention of infections. Bacterial flagellins are effective adjuvants that signal via Toll like receptor 5 (TLR5). The TLR5 binding site of flagellin located in the D1 domain and its proper conformation is critical for TLR5 recognition of flagellin. In the present study, therefore, we aim to design effective chimeric vaccines against pneumococci based on MIBR and flagellin of *Salmonella Enteritidis* (FliC) using bioinformatics tools. FliC was joined to MIBR at N-terminus (CFH), C-terminus (FCH) and the D3 domain (D3Gly202, D3Thr275). All of the constructs were immunoprotective regarding the VaxiJen score (0.8). The codon optimization for constructs was done using OPTIMIZER. Analysis of the mRNA secondary structures using Mfold tool revealed no stable hairpins at 5' ends of constructs and thus the antigens can be expressed appropriately. SCRATCH results indicated that the antigens can be expressed in the soluble form in *Escherichia coli* at more than 80% probability. The 3D models of antigens resulted from I-TASSER indicated the presence of alpha helix, beta sheet, turn, coil, and 310 helix as the protein structural elements. Superimposing 3D models of D1 domains of antigens with the D1 domain of FliC using FATCAT indicated no change in the D1 conformation. Therefore, FliC can exert its adjuvant effects in these constructs through TLR5 signaling. Inserting MIBR in Gly202 of FliC enhanced the protein beta sheet content remarkably, which can result in appropriate thermostability of the antigen. Our results, therefore, demonstrated that D3Gly202 is a suitable vaccine candidate, which can elicit protection against common *S. pneumoniae* serotypes causing invasive pneumococcal disease in children less than 5 years of age.

Keywords: Computational design, Flagellin, Pneumococcal conjugate vaccines, Protective epitope, Protein based vaccines, *Streptococcus pneumoniae*

Article Code: 17167

Title: **Perspective on Possible Recombination Event in Fusion Protein Gene of Newcastle Disease Viruses Isolated in Iran**

Author(s): **Shahsavandi, Shahla; Ebrahimi, Mohammad Majid; Ghodsian, Naser.**

Journal: **Iranian Journal of Virology**

Year: 2017

Vol.: 11

No/Issue: 2

PP.: 1-7

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☐ ISC

Q :

IF :

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Background and Aims: Newcastle disease (ND), caused by the virulent Newcastle disease virus (NDV), is one of the most important viral diseases in birds. In recent years recombination occurring throughout the NDVs genome isolated in China and Indonesia has been reported. This study was focused to investigate the recombination events in the F gene of the Iranian NDVs to generate useful data that can be applied in controlling programs.

Materials and Methods: Sequences of 1200 base pairs of the F gene of Iranian NDVs were analyzed compared with the isolates from other reference strains. Divergence between the gene sequences and the influence of natural selection were estimated. The neutralizing epitopes and potential N-glycosylation sites within F proteins were determined. Possible recombination within the sequences was analyzed using RDP3 software.

Results: Alignment and phylogenetic analysis based on the F gene revealed that Iranian NDVs share a higher nucleotide identity with NDVs representing genotype VII and further clustered into two sub-genotypes. The calculated Ka/Ks and negative Tajima's D test indicate purifying/stabilizing selection. No recombination events were detected in F gene of Iranian NDV sequences deposited in GenBank.

Conclusions: While no recombination event was identified for the gene, constant molecular and pathological characterization of circulating NDVs are needed to detect an evolutionary feature of the viruses.

Keywords: Newcastle disease virus, fusion protein gene, recombination, evolution

Article Code: 17168

Title: **Prevalence of avian influenza (H9N2) in commercial quail, partridge, and turkey farms in Iran, 2014–2015**

Author(s): **Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein**; Bahonar, Alireza; Mirzaei, Kamran; **Molouki, Aidin**; Ghalyanchilangeroudi, Arash; Ghafouri, Seyed Ali; Tehrani, Farshad; Erin Lim, Swee Hua

Journal: **Tropical Animal Health Production**

Year: 2017

Vol.: 50

No/Issue: 3

PP.: 677-682

Indexed in: ☐ ISI Web of Science Q: IF :
☐ Scopus Q: SJR :
☐ ISC Q : IF :
☐ PubMed ■ Others

Abstract:

Abstract Avian influenza virus (AIV) H9N2 subtype is endemic in Iran and causes substantial economic loss to the growing poultry industry within the country. In this study, a cross-sectional analysis was carried out to determine the sero-prevalence of H9N2 in several commercial farms between the years 2014 and 2015. The comparison of the mean of serum titers and the ratio of sero-positive birds between all units were analyzed using one-way ANOVA test. In 2014, a total of 77 farms (58 turkey farms, 14 quail farms, and 5 partridge farms) and 894 birds (682 turkeys, 154 quails, and 58 partridges) were sampled while in 2015, a total of 69 farms (54 turkey farms, 8 quail farms, and 7 partridge farms) and 856 birds (675 turkeys, 105 quails, and 76 partridges) were sampled. Of that, 52 of 77 sampled farms (67.5%) and 437 of 894 samples (48.9%) were positive for H9N2 in 2014 while. Forty-one of 69 farms (59.4%) and 307 of 856 sera (35.9%) were positive in 2015. Furthermore, the mean titer of partridge farms was significantly lower than that of turkey farms ($p < 0.01$) and the mean percentage of sero-positive turkey farms was significantly higher than partridge farms ($p < 0.01$) in 2014. In 2015, no significant difference was observed between the mean sera titer amongst farms and percentage of sero-positive birds ($p > 0.05$). Our results indicated that H9N2 is circulating in these farms. Since many more such farms are being established for operations, in addition to the threat of emergence and continuous reemergence of the disease in these farms, enhanced veterinary biosecurity measures on farms are required for mitigation.

Keywords: Quail, Partridge, Turkey, Sero-prevalence, Avian influenza H9N2, Iran

Article Code: 17169

Title: **Using molecular dynamic simulations to compare pH effects on the diphtheria toxin and its mutant (E349K)**

Author(s): **Ghaderi, Soheila**; Bozorgmehr, Mohammad Reza; **Tarahomjoo, Shirin**; Esmaelizad, **Majid**; Nofeli, Mojtaba

Journal: **International Journal of Scientific and Engineering Research**

Year: 2017

Vol.: 8

No/Issue: 10

PP.:

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Mutagenesis of amino acid is a powerful tool to investigate the molecular structure and the protein function. The mutation of E349 of diphtheria toxin (DT) to K inhibits the molecular cytotoxicity in mammalian cells. In addition, protein conformations and structures are affected by pH. In this work, we therefore aim to investigate the effect of mutation on the structural stability and conformation of DT at different pH levels (acidic, neutral, basic) using molecular dynamics (MD) simulations. Our results indicated that fluctuations of amino acid residues in the catalytic domain(C) and the receptor-binding domain (R) of DT are more than those of the mutant protein (E349K) at all studied pHs. The secondary structure analysis showed that the β -sheet content of E349K was lower than that of DT. The radius of gyration (Rg) and the root mean square deviation (RMSD) of E349K were more than those of DT regardless of pH. The conformational stability and compactness of DT were more than those of E349K. In conclusion, MD simulations predicted the lack of the receptor binding and the catalytic activities of E349K at all pHs. These results can be used for stability studies in the produce recombinant vaccine based on bacteria toxins.

Keywords: Variable pH, Secondary structure, Targeted mutagens, Molecular dynamics simulations

Article Code: 17170

Title: **Cloning, sequencing and expression of L-Asparaginase II gene from *Citrobacter freundii* 1101**

Author(s): Bahreini, Elham; **Sabaghi, Azam; Aghaiypour, Khosrow**

Journal: **International Journal of Biology Research**

Year: 2017

Vol.: 2

No/Issue: 2

PP.: 7-12

Indexed in: ☐ ISI Web of Science Q: IF :

☐ Scopus Q: SJR :

☐ ISC Q : IF :

☐ PubMed ☒ Others

Abstract:

L-Asparaginase II from bacteria has been used in treatment of acute lymphoblastic leukemia. In this study, ASNase II gene from *Citrobacter freundii*1101 was sequenced and cloned in *E.coli* DH5 α . For this purpose, three pairs of primers were designed to amplify different fragments of the gene. After sequencing ansB by DNAMAN software, the full length of the gene was amplified by PCR. ASNase II gene was cloned into the pET22b plasmid and transformed into *E. coli* BL21pLysS (DE3)-competent cells by the heat shock method. The expression of periplasmic recombinant ASNase II was induced via IPTG (1mM) in transformed *E.coli* cells. Periplasmic ASNase II was extracted using an alkaline lysis method. The extracted protein was purified by one-step DEAEsepharose fast-flow chromatography. ASNase II activity was considered as an index for the protein expression. Bioinformatics analysis of *Citrobacter freundii*1101- ASNase II gene showed some similarity with the therapeutic enzyme from *E.coli* K12 and *Erwinia*. BLAST analysis showed more than 91% and 99% similarity in nucleotide and amino acid sequences, respectively, with other strains of *Citrobacters*; and also a similarity of 82.52% and 92.82% in nucleotide sequence and amino acid sequences, respectively, with *E.coli* K12. The antigenicity of the protein was predicted and compared with the therapeutic enzyme using semiempirical method. These results indicated other potent bacteria source of ASNase II as a candidate for anticancer consideration.

Keywords: L-Asparaginase II, acute lymphoblastic leukemia, *Citrobacter freundii* 1101, pET22b, gene expression, heat shock method, *E.coli* BL21

Article Code: 17171

Title: **Identification of Mycoplasma Muris Isolated from Vaginal Samples of NIH Mice**Author(s): Zinatizadeh, Mohammad Reza; **Abedini, Fatemeh**; Jafarpour, Mostafa;

Masoumalinejad, Zahra

Journal: **Modern Medical Laboratory Journal**

Year: 2017

Vol.: 1

No/Issue: 3

PP.: 100-106

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☐ ISC

Q :

IF :

☐ PubMed☒ Others**Abstract:**

Mycoplasma muris (M.M) is a small pathogenic bacterium that lives in the female mouse genital tract. Mycoplasma muris may have harmful effects on the reproductive health of female. This research was performed to optimize the detection of M. muris in NIH mice in the Department of Animal Breeding, Razi Vaccine and Research Institute, Iran. In this cross-sectional study, 29 vaginal samples of NIH mice were selected through simple random sampling. For detection of the mycoplasma, the vaginal tissue removal of samples was done. First, samples were crushed using mortar and pestle with PBS 1ml, then were cultured in the PPLO broth and incubated at 37°C for 24h, they were passed through 0.45 µm pore-size filters and inoculated into specific PPLO broth and agar media for 3-4 weeks. In the next section, the PCR test was used with primers of 16S rRNA gene of M. muris. From 29 tested samples, 17.24% samples were positive for M. muris by PCR method, while 35.93% cultures showed positive. The phylogenetic analysis indicated a new strain of M. muris. The results of culture and PCR methods displayed the contamination in NIH mice. Therefore, more researches are needed regarding the presence of mycoplasma for treatment and clinical signs.

Keywords: Mycoplasma muris, PCR, New strain, 16S rRNA sequences, NIH Mice

Article Code: 17172

Title: **Capsid Modified Bluetongue Virus 16 (BTV16) as a Virulytic Oncotherapy Agent**

Author(s): Naserpour Farivar, Taghi; Najafipour, Reza; Alizadeh, Safar; **Azimi, Seyyed**

Mahmoud; Johari, Pouran

Journal: **Biotechnology and Health Sciences**

Year: 2017

Vol.: S

No/Issue: 1

PP.: 41-46

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF :

☐ Scopus

Q:

SJR :

☐ ISC

Q :

IF :

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Background: Objective: Using potential viruses to destroy cancer cells has a long history, but recent advances in molecular biology raised hopes for successful use of these viruses again. Methods: Octreotate sequence was inserted into the neutralization region (R1& R2) in vp2 protein of capsid segment in 10 segmented genome of BTV in 304 - 368 position. T7 BTV RNA transcripts were extracted. Cancerous cultured cells were transfected with wild and modified BTV to recover BTV with cDNA-derived genome segments. Results: The results of all the performed experiments revealed that treatment of AGS cell lines with VP2 modified BTV16, which targeted cell surface of cancerous cells, significantly increased apoptosis in cancer infected cells. Conclusions: Modified VP2 BTV16 may be used as a potential virulytic oncotherapy agent in AGS cells.

Keywords: Bluetongue Virus, Oncotherapy, Virulytic, AGS

Article Code: 17173

Title: **Solubility investigation of ether and ester essential oils in water using spectrometry and GCMS**

Author(s): Khodabandeloo, B.; Kahrizi, F.; **Es-haghi, Ali**; Goodarzi, S.; Niknam, S.; Yassa, N.; Tofighi, Z.

Journal: **Research Journal of Pharmacognosy**

Year: 2017

Vol.: 4

No/Issue: Supplement

PP.: 12-12

Indexed in: ☐ ISI Web of Science

Q:

IF:

☐ Scopus

Q:

SJR:

☐ ISC

Q:

IF:

☐ PubMed

☒ Others

Abstract:

Background and objectives: Essential oils (volatiles) are aromatic oily liquids prepared from different parts of plants and demonstrate various therapeutic and cosmetic properties. The dissolution of essential oils are not desirable in water, therefore the aim of this research was evaluation and selection the best co-solvents for increasing their solubility and bio availability.

Methods: The solubility of six plants essential oils were investigated in presence of propylene glycol (PG), polyethylene glycol 300 (PEG), glycerin and ethanol as solvent and tween 80 or lecithin as co-solvent by observation and spectrophotometric assay. Chemical composition of the essential oils and supersaturated 50% ethanol (SSE) and 50% PG or PEG (SSP) solutions were analyzed by GC/MS, too.

Results: Ester (*Lavandula dentata*, *Heracleum persicum* and, *Elettaria cardamomum*) essential oils showed the best solubility in ethanol and PG, respectively. Ether (*Foeniculum vulgare*, *Pimpinella anisum* and *Petroselinum crispum*) essential oils had the best solubility in ethanol and PEG, respectively. In ester class, mixture of ethanol/water was the best solvent according to solubility and total amounts of major compounds of the essential oils. In ether class, all samples had better solubility in mixtures of ethanol/water than PEG, but the amounts of total phenols or ethers in SSP of some samples were higher than SSE. Therefore selecting the best solvent for these class need more experiments.

Conclusion: Selecting the solvent for essential oils changes their chemical composition; therefore the best solvent was different for various purposes.

Keywords: Chemical composition, Dissolution, ester volatile oil, ether volatile oil, photometry

مقالات فارسی

کُد مقاله: 96001

عنوان مقاله: ارزیابی کارایی پروتئین a60 باکتری مایکوباکتریوم بویس سویه bcg به عنوان پادگن تشخیصی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): شکیبامهر، نفیسه؛ مصورى، نادر؛ بابائی، مهدی؛ تبرایی، بهمن؛ عسکری، ابوذر؛ رشادی، سامرند

عنوان نشریه: پژوهش‌های تولیدات دامی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۸ شماره: ۱۶ صفحه: ۱۳۷-۱۴۴

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ Q: ۱ ضریب تاثیر: ۰/۱۱۹

☐ سایر

چکیده:

بیماری سل یکی از شایع‌ترین بیماری‌های عفونی است. روش‌های رایج تشخیص سل یا زمان‌گیر است یا از حساسیت و ویژگی کافی برخوردار نمی‌باشند. پادگن‌های مختلف مایکوباکتریایی در واکنش با سامانه ایمنی میزبان دخیل هستند و می‌توان از آنها برای تشخیص بیماری سل بهره‌جست. پادگن ۶۰، درشت مولکول و مقاوم به حرارت است که در مایکوباکتریوم بویس و مایکوباکتریوم توبرکلوزیس وجود دارد. این پادگن در طراحی سیستم‌های الایزا برای تشخیص بیماری سل استفاده می‌شود. هدف از این مطالعه خالص سازی پادگن ۶۰ از سیتوپلاسم باکتری و ارزیابی و مقایسه کارایی آن با توبرکولین انسانی و استاندارد است. با کروماتوگرافی ژل فیلتراسیون، پادگن ۶۰ از دیگر اجزاء باکتری خالص گردید و در آگار ژل با استفاده از Anti A60, BCG، ایمنودیفیوژن و باند رسوبی، تشخیص داده شد. وزن مولکولی اجزاء پادگن ۶۰ با الکتروفورز بدست آمد. با انجام کروماتوگرافی، هفت فراکسیون حاصل شد. در بررسی بلات نقطه ای، مشخص گردید که سیتوپلاسم و دیواره سلولی دارای پادگن ۶۰ می‌باشند. این تست نشان داد که فراکسیون یک، بیشترین شدت رنگی را ایجاد و در نتیجه بالاترین مقدار پادگن ۶۰ در این فراکسیون بود. در آگار ژل ایمنودیفیوژن نمونه سیتوپلاسم و همه فراکسیون‌های حاصل از کروماتوگرافی با Anti BCG واکنش مثبت نشان دادند و فراکسیون یک، بیشترین میزان رسوب را در بین هفت فراکسیون دیگر ایجاد نمود. وزن مولکولی اجزای پادگن ۶۰ در محدوده ۳۵، ۳۸،۴۰ و ۶۵ کیلو دالتون تشخیص داده شد. نتایج واکنش‌های حاصل از تزریق پادگن ۶۰ و توبرکولین انسانی استاندارد بیانگر تاثیر گذاری مناسب این پادگن در قیاس با توبرکولین انسانی استاندارد بود. جستجوی پادتن در سرم بیماران روشی سریع و قابل تکرار است که با حساسیت ۸۹٪ و اختصاصیت ۹۴٪ می‌تواند ماده مناسبی برای تشخیص سل باشد. با این روش می‌توان بدون مواد یا تجهیزات پیشرفته و گران قیمت، نتایج را به سرعت فراهم کرد.

کلیدواژه‌ها: پادگن ۶۰، مایکوباکتریوم بویس، مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، کروماتوگرافی

کُد مقاله: 96002

عنوان مقاله: تاثیر موقعیت قرارگیری تخم مرغ‌ها در دوره انکوباسیون بر تلفات جنینی و حجم مایع آمنیوآلانتوئیک در مرغ‌های مادر تخم‌گذار جهت استفاده از آن‌ها در تکثیر ویروس
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): خلیلی، ایرج؛ قدیمی‌پور، رحیم

عنوان نشریه: پژوهش‌های تولیدات دامی

صفحه: ۶۵-۶۱

شماره: ۱۷

جلد: ۸

سال انتشار: ۱۳۹۶

SJQR

Q:

Scopus □ نمایه شده در:

ضریب تاثیر: ۰/۱۱۹

Q: ۱

ISC ■

□ سایر

چکیده:

بالا رفتن سن گله مرغ مادر تخم‌گذار، باعث بروز بدفرمی‌های ظاهری متعددی در تخم‌مرغ‌ها می‌شود. حجیم و کروی شدن از جمله مواردی است که باعث قرار گرفتن تخم‌مرغ‌ها به اشتباه در حالت انتهایی باریک رو به بالا 1 (SEU) در دستگاه جوجه‌کشی و تلقیح نامناسب ویروس در زمان کشت در داخل تخم‌مرغ می‌شود. این مطالعه به بررسی ارتباط موقعیت قرار گرفتن تخم‌مرغ‌ها با میزان تلفات جنین و حجم مایع آمنیوآلانتوئیک و نیز تکثیر ویروس آنفلوآنزای طیور بعد از کشت در آن‌ها، می‌پردازد. ۱۲۰۰ عدد تخم‌مرغ یک روزه حاصل از گله تخم‌گذار با سن ۶۵-۶۰ هفتگی انتخاب شدند. این تخم‌مرغ‌ها به سه گروه مساوی تقسیم شدند. گروه اول، دوره انکوباسیون قبل و بعد از تلقیح ویروس را به حالت انتهایی پهن رو به بالا 2 (LEU) سپری کردند. گروه دوم انکوباسیون قبل از تلقیح را به حالت SEU و انکوباسیون بعد از تلقیح را به حالت LEU طی نمودند. گروه سوم، دوره انکوباسیون قبل و بعد از تلقیح را به حالت SEU سپری کردند. شرایط انکوباسیون قبل از تلقیح شامل دمای 37/6 °C، رطوبت نسبی ۶۰٪ و توالی چرخش ۳۲ بار در شبانه روز و نیز انکوباسیون بعد از تلقیح با همان دما و رطوبت ولی بدون چرخش بود. در نهایت مایع آمنیوآلانتوئیک هر گروه جمع‌آوری شده و درصد تلفات جنین‌ها در هر گروه مشخص گردید. سپس تیترسنجی به روش آزمایش هم‌گلوتیناسیون 3 (HA) و آزمایش عفونت‌زایی در ۵۰ درصد تخم‌مرغ‌ها 4 (EID50) انجام گرفت. تمام آزمایش‌های فوق در سه دوره تکرار گردید. نتایج حاصله نشان داد درصد تلفات جنینی در گروه دوم نسبت به گروه اول ۳ به ۱ و در گروه سوم تلفات ۱۰۰٪ بود. میانگین حجم مایع آمنیوآلانتوئیک استحصالی از کل تخم‌مرغ‌های گروه اول نسبت به گروه دوم تقریباً ۸ به ۱ و در تمامی فاکتورهای مورد بررسی تفاوت معنی‌داری در بین گروه‌ها مشاهده شد ($P < 0.05$). نتایج بررسی حاضر بیانگر تاثیر مستقیم موقعیت قرارگیری تخم‌مرغ‌ها در طول انکوباسیون قبل و بعد از تلقیح ویروس بر میزان تلفات جنینی و حجم و کیفیت مایع آمنیوآلانتوئیک استحصالی از آن‌ها است.

کلیدواژه‌ها: تخم مرغ جنین دار، انکوباسیون، موقعیت تخم مرغ، مایع آمنیوآلانتوئیک

کُد مقاله: 96003

عنوان مقاله: طراحی، ساخت و بیان اپی‌توپ‌های پروتئین vp1 ویروس تب برفکی سروتیپ O ایران

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): دوستی، محمد؛ نصیری، محمد رضا؛ طهمورث‌پور، مجتبی؛ حق‌پرست، علیرضا؛ زیبایی، سعید

عنوان نشریه: پژوهش‌های تولیدات دامی

صفحه: ۱۱۵-۱۲۳

شماره: ۱۵

جلد: ۸

سال انتشار: ۱۳۹۶

SJR:

Q:

Scopus □ نمایه شده در:

ضریب تاثیر: ۰/۱۱۹

Q: ۱

ISC ■

□ سایر

چکیده:

تب برفکی (FMD)، یک بیماری حاد بسیار مسری در حیوانات زوج سم است و باعث زیان‌های اقتصادی قابل توجه‌ای می‌شود. بنابراین، ساخت یک واکسن امن‌تر و کارآمدتر در برابر ویروس تب برفکی (FMDV) ضروری است. هدف از این مطالعه توسعه یک واکسن کاملاً ایمن چند اپی‌توپی نوترکیب به جای واکسن‌های سنتی غیرفعال، در برابر ویروس (FMDV) تب برفکی O ایران بود. برای هم‌سانه‌سازی و بیان اپی‌توپ‌های نوترکیب ایمنی‌زا بر علیه ویروس تب برفکی، ژن پروتئین نوترکیب متشکل از ترکیبات مختلف اپی‌توپ‌های سلول‌های B و سلول‌های T از پروتئین VP1 کپسید ویرس FMD سنتز شد. قطعه ۱۱۵۵ جفت بازی ژن نوترکیب با روش PCR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر و محصول PCR خالص و در ناقل بیانی pET-32A کلون شد. بیان پروتئین نوترکیب، با استفاده از یک میلی-مولار ایزوپروپیل -بتا-D-گالاکتوزید (IPTG) القا و تأیید بیان پروتئین نوترکیب تولید شده با استفاده از الکتروفورز پروتئین SDS-PAGE و دات بلاتینگ انجام گرفت. صحت کلونینگ ژن پروتئین نوترکیب چند اپی‌توپی با روش PCR و هضم آنزیمی و تعیین توالی تأیید شد. تجزیه و تحلیل SDS-PAGE نشان داد که سیستم بیانی پروکاریوتی pET32a-RP تولید پروتئین نوترکیب هدف، با وزن مولکولی در حدود ۶۰ کیلو دالتون کارایی دارد و پروتئین نوترکیب چند اپی‌توپ به صورت نامحلول بیان شد. نتایج نشان داد سیستم بیانی پروکاریوتی جهت تولید ساختارهای چند اپی‌توپی نوترکیب ایمنی‌زای ویروس تب برفکی مؤثر و می‌تواند به عنوان یک روش بالقوه برای سازه‌های پلی-اپی-توپ-ها استفاده شوند.

کلیدواژه‌ها: چنداپی‌توپی، تب برفکی، پروتئین نوترکیب، ویروس FMD

کُد مقاله: 96004

عنوان مقاله: اثر تغذیه با آغوز گرمادهی شده بر میزان جذب ایمونوگلوبولین G و پروتئین تام سرم در گوساله های شیری تازه متولد شده

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مودنی، مصطفی؛ رسولی، آریا؛ نوری، محمد؛ قربانپور، مسعود؛ مصوری، نادر

عنوان نشریه: مجله تحقیقات دامپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۷۲ شماره: ۲ صفحه: ۱۶۵-۱۷۱

نمایه شده در: Scopus ■ Q: ۴ SJR: ۰/۱۶۱

ISC ■ Q: ۲ ضریب تاثیر: ۰/۱۱۳

□ سایر

چکیده:

زمینه مطالعه: یکی از روش های کاهش یا حذف باکتری های بیماریزای آغوز، استفاده از روش گرمادهی است.

هدف: این مطالعه به منظور بررسی اثر گرمادهی آغوز گاو بر انتقال ایمنی غیر فعال در گوساله های نوزاد انجام پذیرفت.

روش کار: ابتدا با جمع آوری 96 L آغوز دوشش اول از گاوهای هولشتاین چند شکمزا، یک بانک آغوز همگن تهیه شد، سپس ۲۴ رأس گوساله نوزاد قبل از دریافت آغوز در ۴ گروه درمانی مورد مطالعه قرار گرفتند. به گروه اول آغوز خام (۶ رأس)، به گروه دوم آغوز گرمادهی شده در دمای ۶۰°C به مدت ۳۰ min (۶ رأس)، به گروه سوم آغوز گرمادهی شده در دمای ۶۰°C به مدت ۶۰ min (۶ رأس) و به گروه چهارم آغوز گرمادهی شده در دمای ۶۰°C به مدت ۹۰ min (۶ رأس) خوراندند. گوساله ها در نوبت اول ۲ L و در نوبت دوم نیز ۲ L آغوز را به ترتیب ۲ و ۱۲ ساعت بعد از تولد به وسیله بطری پستانکدار دریافت نمودند. به منظور شمارش باکتریایی تام و تعیین غلظت IgG آغوز، قبل و بعد از گرمادهی از بانک آغوز نمونه برداری شد. جهت بررسی غلظت سرمی پروتئین تام و IgG در ساعت های صفر (قبل از خوردن آغوز)، ۶، ۲۴، ۴۸ و ۷۲ (پس از خوردن آغوز) از گوساله ها خون گیری به عمل آمد.

نتایج: غلظت پروتئین تام و IgG سرم در گروه های مختلف درمانی اختلاف معنی داری با یکدیگر نداشتند، اما توان ظاهری جذب IgG در ساعت ۶ در گوساله هایی که آغوز گرمادهی شده دریافت نموده بودند در مقایسه با گروهی که آغوز خام دریافت نموده بودند به طور معنی داری بیشتر بود.

نتیجه گیری نهایی: گرمادهی مخزنی آغوز در سطح گاوداری و در دمای ۶۰°C تا ۹۰ min تأثیری بر غلظت سرمی IgG نداشت.

کلیدواژه ها: گرمادهی، آغوز، گوساله، ایمونوگلوبولین، پروتئین تام

کُد مقاله: 96005

عنوان مقاله: تأثیر بیماری بورس عفونی بر پاسخ جوجه بوقلمون به ویروس آنفلوانزای (H9N2) طیور

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): هاشم زاده، فرهاد؛ میاحی، منصور؛ شوشتری، عبدالحمید؛ صیفی آباد شاپوری، مسعودرضا؛ قربانپور، مسعود

عنوان نشریه: مجله تحقیقات دامپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۷۲ شماره: ۳ صفحه: ۳۴۱-۳۴۶

نمایه شده در: Scopus ■ Q: ۴ SJR: ۰/۱۶۱

ISC ■ Q: ۲ ضریب تاثیر: ۰/۱۱۳

□ سایر

چکیده:

زمینه مطالعه: عفونت با ویروس بیماری بورس عفونی (IBDV) ممکن است به سرکوب ایمنی در بوقلمون منجر شده و باعث گردد بوقلمون‌ها نتوانند در برابر عوامل بیماری‌زا یا کم‌بیماری‌زا مقاومت نمایند. هدف: بررسی تأثیر IBDV بر پاسخ بوقلمون به ویروس آنفلوانزای پرندگان (AIV).

روش کار: یک صد قطعه جوجه بوقلمون یک روزه تجاری هیبرید فرانسه به طور تصادفی به ۴ گروه مساوی ۲۵ قطعه‌ای تقسیم شدند. جوجه‌های گروه اول و دوم در سن یک روزگی ۱۰۴ CID50 از IBDV به روش خوراکی آلوده شدند. در ۳۰ روزگی جوجه‌های گروه‌های اول و سوم با ۱۰۶ EID50 از AIV (H9N2) به روش داخل بینی-چشمی آلوده شدند. جوجه‌های گروه چهارم به عنوان شاهد غیر آلوده نگهداری شدند. تمام گروه‌ها با واکسن بیماری نیوکاسل واکسینه شدند.

نتایج: در روزهای ۳۰، ۳۷، ۴۴، ۵۱ و ۵۸ خون‌گیری و عیار پادتن ضد نیوکاسل و آنفلوانزا آن‌ها با آزمایش HI اندازه‌گیری شد. در روزهای ۳۳ و ۴۱ سه پرنده از هرگروه آسان‌کشی گردید و پاسخ تکثیر لنفوسیت‌های طحالی آن‌ها به فیتوهم‌گلوتینین ارزیابی شد. علائم آنفلوانزا در گروه ۱ شدیدتر و بادوام‌تر از گروه ۳ بود. میانگین عیار پادتن ضد NDV در تمامی زمان‌های نمونه‌گیری ولی عیار پادتن ضد AIV از روز ۱۴ بعد از عفونت در گروه ۱ به مراتب کمتر از گروه ۳ بود. پاسخ تکثیر لنفوسیت‌های طحالی به فیتوهم‌گلوتینین بین دو گروه ۱ و ۳ تفاوت معنی‌داری نداشت. نتیجه‌گیری نهایی: ویروس بیماری بورس عفونی می‌تواند باعث تضعیف پاسخ ایمنی در بوقلمون شده و علائم شدیدتر و بادوام‌تر آنفلوانزا را باعث شود.

کلیدواژه‌ها: بوقلمون، آنفلوانزای طیور، بیماری عفونی بورس، سرکوب ایمنی

کد مقاله: 96006

عنوان مقاله: طراحی پلاسمید یوکاریوتی بیان کننده‌ی اپی توپ G1 از ژن گلیکوپروتئین G ویروس تب بی دوام گاوی در سلولهای جنینی کلیه ی انسان

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): پسندیده، رضا؛ بیگی نصیری، محمدتقی؛ صیفی آباد شاپوری، مسعودرضا؛ فیاضی، جمال
روشنفکر، هدایت‌الله؛ لطفی، محسن

عنوان نشریه: مجله دامپزشکی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۴ صفحه: ۱۹-۲۷

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJRISC ☒ Q: ۲ ضریب تاثیر: ۰/۱۱۳☐ سایر**چکیده:**

گلیکوپروتئین G1 ویروس تب بی دوام گاوی (BEFV) به عنوان یک نامزد احتمالی جهت ایمن سازی حیوانات در برابر بیماری تب بی دوام شناخته شده است. در سالهای اخیر، این پروتئین جهت تولید یک واکسن نو ترکیب مورد توجه ویژه بوده است. هدف از مطالعه ی حاضر، ساخت یک پلاسمید یوکاریوتی بیان کننده‌ی اپی توپ G1 از ژن گلیکوپروتئین G ویروس تب بی دوام گاوی، برای استفاده به عنوان یک واکسن DNA احتمالی در مطالعات آینده بود. به این منظور، اپی توپ G1 از ژن گلیکوپروتئین G در ناقل بیانی یوکاریوتی (pEGFP-N1) تحت کنترل پروموتور سیتومگالو ویروس انسانی (CMV) کلون شد. سپس سازه ی نو ترکیب (pEGFPN1-G1)، به سلولهای جنینی کلیه ی انسان (HEK 293) انتقال یافت و کارایی بیان پروتئین با استفاده از روشهای ایمونوفلورسنس غیرمستقیم (IFA) و ایمنوبلات بررسی شد. مشاهده ی فلورسنس درون سیتوپلاسم سلولهای ترانسفکت شده و ظهور یک باند مجزا با وزن مولکولی تقریبی ۲۶ کیلو دالتون آزمایش ایمنوبلات در واکنش به یک سرم موش ضد پروتئین G1، نشان دهنده ی بیان موفق پروتئین G1 توسط این سازه ی نو ترکیب در سلولهای میزبان بود.

کلیدواژه‌ها: واکسن DNA، پروتئین نو ترکیب G1، ویروس تب بی دوام گاوی (BEFV)

کُد مقاله: 96007

عنوان مقاله: مقایسه روش‌های الایزا، PCR و رنگ‌آمیزی ذیل نلسون مخاط رکتوم در تشخیص عفونت مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس در گاو

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): زارعی، مهدی؛ قربانپور، مسعود؛ تاج بخش، سمانه؛ مصوری، نادر

عنوان نشریه: مجله دامپزشکی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۲ صفحه: ۲۹-۳۷

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ۲: Q ضریب تاثیر: ۰/۱۱۳

☐ سایر

چکیده:

مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس عامل ایجاد بیماری یون در گاو و سایر نشخوارکنندگان است. این بیماری از جنبه شیوع از گسترده‌ترین و از لحاظ اهمیت اقتصادی از مهمترین بیماری‌ها در صنعت دامپروری محسوب می‌شود. تشخیص سریع و دقیق بیماری اهمیت بسیار زیادی در پیشگیری از شیوع آن در گله دارد. در تحقیق حاضر میزان فراوانی موارد عفونت با مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس در گاوهای کشتار شده در کشتارگاه اهواز با سه روش PCR مخاط رکتوم، رنگ‌آمیزی ذیل- نلسون مخاط رکتوم و الایزای سرم خون مورد ارزیابی و مقایسه قرار گرفت. برای این منظور نمونه‌های خون و مخاط رکتوم از تعداد ۲۰۰ رأس گاو جمع‌آوری گردید. الایزای سرم با استفاده از کیت‌های تجاری، رنگ‌آمیزی ذیل- نلسون به روش متداول و PCR با استفاده از توالی‌های نوکلئوتیدی مربوط به قطعات ژنی اختصاصی (IS900 و hspX) مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس انجام پذیرفت. آزمون PCR مخاط رکتوم، ۲۷ نمونه (شیوع ۱۳/۵ درصد)، رنگ‌آمیزی ذیل- نلسون مخاط رکتوم ۸ نمونه (شیوع ۴ درصد) و آزمون الایزای سرم تنها ۶ نمونه (شیوع ۳ درصد) را آلوده به مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس تشخیص دادند. مقایسه نتایج این سه آزمون حاکی از میزان توافق متوسط (آماره کاپا: ۰/۴۲) بین نتایج آزمون‌های PCR رکتوم و رنگ‌آمیزی ذیل- نلسون و میزان توافق ضعیف بین آزمون‌های الایزا و PCR رکتوم (آماره کاپا: ۰/۰۸) و نیز بین آزمون‌های الایزا و رنگ‌آمیزی ذیل- نلسون (آماره کاپا: ۰/۱۱) بود. بر اساس نتایج تحقیق حاضر، جهت تشخیص سریع دام‌های آلوده به مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس، اگر چه که آزمون PCR مخاط رکتوم در مقایسه با سایر آزمون‌ها با نتایج بهتری همراه بود اما جهت دستیابی به نتایج دقیق‌تر در تشخیص سریع دام‌های آلوده و نیز در مطالعات اپیدمیولوژیکی به منظور تعیین میزان فراوانی موارد عفونت با مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس، انجام هم‌زمان آزمون‌های PCR مخاط رکتوم و الایزای سرم توصیه می‌گردد.

کلیدواژه‌ها: یون، مایکوباکتریوم اویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس، ذیل نلسون

کُد مقاله: 96008

عنوان مقاله: بررسی مقاومت آنتی بیوتیکی در سالمونلا اینفنتیس جدا شده از ماکیان شهرستان اراک
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مرادی بیدهندی، سهیلا

عنوان نشریه: میکروبیولوژی دامپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۱ صفحه: ۹۹-۱۰۸

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ■ ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۳۱☐ سایر**چکیده:**

سالمونلوز بیماری مشترک بین انسان، دام و طیور میباشد که بعنوان بیماری منتقله از مواد غذایی نیز مطرح می باشد. یکی از سروتیپ های شایع این باکتری ، سالمونلا اینفنتیس می باشد. هدف از انجام این تحقیق بررسی مقاومت آنتی بیوتیکی در ۷۰ سالمونلا اینفنتیس جدا شده از ماکیان طی سال های ۱۳۹۰-۱۳۸۹ در شهرستان اراک می باشد. در بررسی ژنوتیپی جهت تایید جنس، تمام جدایه ها باند ۱/۵ کیلو بازی را از خود نشان دادند. نتایج آنتی بیوگرام بر اساس استاندارد جهانی CLSI و با استفاده از روش دیسک دیفیوژن (Kirby-Bauer) نشان داد که ۱۰۰٪ جدایه ها به آنتی بیوتیک های نالیدیکسیک-اسید (NA) و نیتروفرانتوئین (FM) مقاومت نشان دادند. از بین ۷۰ جدایه ، ۲ (۲/۹٪) مورد به ۱۱ آنتی بیوتیک، ۱۰ (۱۴/۳٪) مورد به ۱۰ آنتی بیوتیک، ۸ (۱۱/۴٪) مورد به ۹ آنتی بیوتیک، ۶ (۸/۶٪) مورد به ۸ آنتی بیوتیک، ۲۲ (۳۱/۴٪) مورد به ۷ آنتی بیوتیک، ۱۲ (۱۷/۱٪) مورد به ۶ آنتی بیوتیک و ۸ (۱۱/۴٪) مورد به ۵ آنتی بیوتیک مقاوم بودند. همچنین ۲۹ الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی بدست آمد.

کلیدواژه ها: سالمونلا اینفنتیس، ماکیان، مقاومت آنتی بیوتیکی

کُد مقاله: 96009

عنوان مقاله: جداسازی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس از جوندگان دامداری‌های آلوده در استان خوزستان

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): لونی، رحمن؛ مصورى، نادر؛ تدین، کیوان؛ کشاورز، روح‌اله؛ قائمی، شمس‌الدین؛ دشتی پور، شجاعت؛ محمد طاهری، محمد

عنوان نشریه: میکروبیولوژی دامپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۱ صفحه: ۱۰۹-۱۱۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۳: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۳۱☐ سایر**چکیده:**

گونه‌های مختلف کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس عامل ایجادکننده بیماری سل در انسان و دام می‌باشند. با توجه به زئونوز بودن این پاتوژن‌ها و وجود گله-های متعدد گاو در جوار شهرها همواره جهت کنترل و پیشگیری از بروز اپیدمی سل در انسان و دام و همچنین انجام بهتر و دقیق‌تر برنامه کنترل و مبارزه با این بیماری، می‌بایست مراقبت‌های فعالانه انجام پذیرد. لذا هدف از این تحقیق جداسازی عامل بیماری از گاوهای توبرکولین مثبت و حیواناتی که در گله وجود دارند مانند جوندگان دامداری‌هایی باشد تا مشخص گردد که چه سویه‌ها و گونه‌هایی در کشور در حال گردش می‌باشند. برای رسیدن به این اهداف، می‌بایست عامل پاتوژن مجزا و تعیین هویت گردد. در جریان انجام این تحقیق با همکاری سازمان دامپزشکی استان خوزستان و با استفاده از تست توبرکولین، از تعداد ۴۰ کانون آلوده به سل گاوی ۱۶ نمونه موش از دامداری‌های آلوده به کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس شکار شد. تمامی نمونه‌ها مورد کشت باکتریایی در محیط‌های اختصاصی قرار گرفتند و پس از آنکوباسیون (حداقل ۸ هفته)، ۲ جدایه به دست آمد. به کمک PCR با استفاده از ۱۶srRNA جنس مایکوباکتریایی جدایه‌ها تأیید و سپس با استفاده از قطعه الحاقی IS6110، تعلق جدایه‌ها به اعضاء کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مشخص گردید.

کلیدواژه‌ها: موش، کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، PCR، خوزستان

کُد مقاله: 96010

عنوان مقاله: کلون و بیان ژن **vp1** ویروس تب برفکی و **fliC** سالمونلا در باکتری اشرشیاکلانام و نام خانوادگی نویسنده(گان): قدیر، مهرنوش؛ عظیمی دزفولی، محمود؛ هرندی، ناصر

عنوان نشریه: میکروبیولوژی دامپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۱ صفحه: ۹۸-۸۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJRISC ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۳۱☐ سایر**چکیده:**

تب برفکی یک بیماری وزیکولی ویروسی است که منجر به بروز خسارات وسیع در صنعت دامپروری می گردد. امروزه برای کنترل این بیماری از ویروس غیرفعال شده استفاده می شود که مهمترین نقطه ضعف آن کوتاه بودن دوره ایمنی است. لذا تلاش های زیادی در زمینه بکارگیری ادجوانهای موثر تر در فرمولاسیون واکسن صورت گرفته است. هدف از این تحقیق تولید فیوژن پروتئین VP1 ویروس تب برفکی (Opanasia2) و فلاژلین سالمونلا (fliC) به عنوان یک ادجوانت ملکولی استژن D۱ که مسئول سنتز پروتئین VP1 است به طول 800 bp توسط PCR تکثیر داده شد و در وکتور PTZ57 کلون گردید، سپس این وکتور توسط آنزیم های HindIII و XhoI برش داده شده و در داخل ناقل بیانی pET41b که حاوی ژن فلاژلین سالمونلا بود کلون گردید. پلاسمید نو ترکیب به باکتری *Escherichia coli* (BL21DE3) انتقال داده شد و بیان توسط IPTG (0.5 mM) القا گردید. بیان پروتئین توسط SDS-PAGE در ژل آکریل آمید ۱۲٪ و وسترن بلات مورد بررسی قرار گرفت. الحاق ژن های vp1 و fliC با استفاده از روش PCR و هضم آنزیمی با دو آنزیم HindIII و XhoI با مشاهده باندهایی به طولهای تقریبی ۷۰۰ و ۱۵۰۰ تایید گردید. برای خالص سازی از رزین Ni-NTA و گرادیان pH استفاده شد که بیشترین میزان بازیافت پروتئین در pH ۴/۵ مشاهده گردید. بیان پروتئین با مشاهده باند ۷۶ kDa در آزمایش SDS-PAGE در ژل ۱۲٪ آکریل آمید و وسترن بلات توسط AntiHis در رسوب باکتری القاء شده تایید گردید. با توجه به نتایج به دست آمده ژن فیوژن fliC_{salmonella}-vp1 با طول ۲۲۰۰ bp کلون گردیده و پروتئین حاصل با وزن ۷۶ kDa با موفقیت بیان و تخلیص گردید.

کلیدواژه ها: ویروس تب برفکی، کلون و بیان، ژن vp1

کُد مقاله: 96011

عنوان مقاله: بررسی تغییرات آنزیم های تروپونین و کراتینین کیناز همراه با ضایعات پاتولوژیک بافت های قلب و مغز در مسمومیت تجربی با گیاه خر زهره (neirum oleander) در موش صحرایی ویستار
نام و نام خانوادگی نویسنده (گان): بصیری، سارا؛ خردادمهر، منیره؛ شهبازی، رویا؛ منصوریان، مریم

عنوان نشریه: مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی ایلام

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۵ شماره: ۲ صفحه: ۱۵۶-۱۶۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۲۷☐ سایر**چکیده:**

مقدمه: گیاه خر زهره (Neirum oleander) که به طور وسیع در جهان کشت می شود، در سراسر کشور ما نیز یافت می شود. نکته مهم در مورد این گیاه این است که قسمت های مختلف آن برای انسان و حتی حیوانات فوق العاده سمی است. هدف از مطالعه حاضر بررسی آثار توکسیک عصاره الکلی گیاه اولئاندر بر تغییرات سطوح آنزیم های تروپونین و کراتینین کیناز در کنار بررسی ضایعات پاتولوژیک بافتهای قلب و مغز است.

مواد و روش ها: در این مطالعه، دوز های مختلف عصاره الکلی گیاه (چهار دوز ۱۰، ۱۲/۵، ۱۵ و ۲۰ میلی لیتر بر کیلوگرم وزن بدن (m/BW)) به گروه های هشت تایی رت خورانده شد. در روزهای مختلف، به منظور بررسی تغییرات آنزیم های مرتبط با آسیب های قلبی و مغزی این گیاه، آنزیم های تروپونین قلبی و کراتینین کیناز (CK)، از حیوانات خونگیری به عمل آمد. در نهایت، به منظور بررسی ضایعات هیستوپاتولوژیک، از هر گروه پنج موش یوتنایز شد و از بافت های مغز و قلب نمونه برداری انجام شد.

یافته های پژوهش: نتایج مطالعه اختلاف آماری معنی داری ($P < 0.05$) را در میزان تغییرات آنزیم های ۶-۷ CK برابر گروه کنترل) و تروپونین (۱۱ برابر گروه کنترل) در تمامی گروه ها نشان داد که این نتایج بیانگر آسیب حاد به مغز و قلب می باشد. ضایعات پاتولوژیک که وابسته به دوز بودند، در بافت قلب شامل خونریزی، پرخونی و لیز فیبریل های عضلانی و در بافت مغز شامل پرخونی و ادم شدید اطراف عروقی و اطراف نوروپی بودند. در دوزهای ۱۵ ml/BW و ۲۰، در بافت مغز خونریزی های کانونی همراه با نکروز میعانی نیز مشاهده شدند.

بحث و نتیجه گیری: با توجه به یافته های این پژوهش به نظر می رسد که این گیاه باعث آسیب حاد قلبی و مغزی می شود که نتایج پاتولوژی و بیوشیمیایی به دست آمده، موید این مطلب می باشند.

کلیدواژه ها: گیاه خر زهره (Neirum oleander)، تروپونین، کراتینین کیناز (CK)، هیستوپاتولوژی

کُد مقاله: 96012

عنوان مقاله: بررسی علائم بالینی و کالبدگشائی (پاتولوژی ظاهری) بیماری سپتی سمی خونریزی دهنده ویروسی (VHS) در ماهیان قزل آلاي رنگین کمان در سالهای ۱۳۹۴-۱۳۹۲ در ایران

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): قراگزلو، محمد جواد؛ قاجاری، امراالله؛ عبدی، کاظم؛ صیفوری، پروانه؛ فلاح مهرآبادی، محمد حسین؛ شهبازیان، نسترن

عنوان نشریه: مجله علمی شیلات ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۶ شماره: ۵ صفحه: ۱۲۱-۱۲۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ☐ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۵۷

☐ سایر

چکیده:

بیماری سپتی سمی خونریزی دهنده ویروسی (Viral Hemorrhagic Septicemia) VHS یک بیماری ویروسی حاد بوده که باعث تلفات و مرگ و میر گسترده در بسیاری از گونه های ماهیان از جمله قزل آلاي پرورشی می شود. این بیماری دارای سه فرم کلاسیک حاد، مزمن و عصبی بوده که علائم بالینی و کالبدگشائی متنوعی را نشان می دهند. به منظور یافتن چهره و الگوی پاتولوژی ظاهری بیماری در ایران در خلال سال های ۱۳۹۲ لغایت ۱۳۹۴ این مطالعه بر روی ۲۶۴۱ مزرعه تکثیر، تکثیر و پرورش و پرورش ماهی قزل آلاي رنگین کمان صورت گرفت. در این مطالعه علائم مشاهده شده به ۵ گروه (گروه ۱ با علائم عمومی سپتی سمی، گروه ۲ با علائم هموراژیک، گروه ۳ با علائم عصبی، گروه ۴ با علائم کم خونی و گروه ۵ با میزان تلفات بالا) تقسیم بندی گردید. از تمامی مزارع درگیر بیماری بازدید و علائم بالینی و کالبدگشائی مطابق فرم های طراحی شده در سامانه پایش و مراقبت از بیماری های سازمان دامپزشکی کشور ثبت و نتایج به دست آمده در سال های مختلف هم به صورت توصیفی و هم به صورت تحلیلی (تحلیل داده های کیفی از آزمون مربع کای) مورد ارزیابی قرار گرفت. بیشترین علائم ظاهری ثبت شده در سال ۹۲ مربوط به گروه تلفات، در سال ۹۳ گروه علائم عمومی و در سال ۹۴ نیز گروه علائم عمومی می باشد. در مجموع سه سال کمترین علامت بالینی مشاهده شده گروه علائم کم خونی بوده و بیشترین گروه مشاهده شده گروه علائم عمومی بود. با توجه به مطالعه صورت گرفته می توان نتیجه گیری کرد که روند بیماری VHS در ایران از فرم حاد با الگوی تلفات بالا به فرم مزمن تغییر یافته است. از طرفی با توجه به غالب بودن گروه علائم عمومی لازم است کلینیسین ها در هنگام برخورد با هر گونه علائم عمومی وجود بیماری VHS را در نظر داشته باشند.

کلیدواژه ها: سپتی سمی خونریزی دهنده ویروسی، ماهیان قزل آلا، علائم بالینی و کالبدگشایی

کُد مقاله: 96013

عنوان مقاله: اثر ضدباکتریایی عصاره‌های آبی و اتانولی گیاه رازک بر مایکوباکتریوم توبرکلوزیس

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): رفیعی، بهنام؛ صادقی گاریز، داود؛ غنی، سپیده؛ مصوری، نادر؛ دشتی پور، شجاعت؛ حسینی، امیر

عنوان نشریه: مجله دانشگاه علوم پزشکی قم

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۱ شماره: ۸ صفحه: ۲۲-۲۸

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۴۶☐ سایر**چکیده:**

زمینه و هدف: بیماری عفونی سل (TB)، به‌وسیله پاتوژن داخل سلولی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس ایجاد می‌شود و ازجمله مشکلات بهداشتی عمده در سراسر جهان است رازک (*Humulus lupulus*)، یک گونه از گیاهان گلدار از خانواده شاهدانگان بوده که دارای خصوصیات آرام‌بخشی، آنتی‌اکسیدانی، ضدالتهابی، ضد میکروبی و ضدسرطانی است. این مطالعه با هدف ارزیابی و مقایسه خواص ضد میکروبی عصاره‌های آبی و اتانولی گیاه رازک بر روی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس انجام شد.

روش بررسی: در این پژوهش نیمه‌تجربی، عصاره گیاهی به‌وسیله روش ماسرسیون سرد تولید شد، سپس میزان MIC و MBC آن به روش رقت سریالی در مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج، نشان‌دهنده فعالیت ضد میکروبی قوی عصاره‌های آبی و اتانولی رازک علیه مایکوباکتریوم توبرکلوزیس بود. میزان این تأثیرات ضد میکروبی در سویه استاندارد C نسبت به سویه استاندارد H37RV، بیشتر بود؛ به‌طوری‌که میزان MIC و MBC ناشی از عصاره آبی رازک بر روی سویه C مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به ترتیب ۷/۸ میکروگرم بر میلی‌لیتر و ۱۵/۷ میکروگرم بر میلی‌لیتر به دست آمد. این میزان برای عصاره اتانولی رازک معادل ۱۵/۷ میکروگرم بر میلی‌لیتر و ۳۱/۲ میکروگرم بر میلی‌لیتر بود.

نتیجه‌گیری: نتایج این مطالعه نشان داد عصاره گیاه رازک می‌تواند به‌عنوان عامل آنتی‌باکتریال جهت توسعه داروهای جدید برای درمان بیماری عفونی سل به‌کار رود.

کلیدواژه‌ها: رازک، مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، عصاره‌های گیاهی، عوامل آنتی‌باکتریال

کُد مقاله: 96014

عنوان مقاله: تهیه و ارزیابی میزان ایمنی‌زایی نانوذرات کایتوزان حاوی تتانوتوکسین در مقایسه با ادجوانت فروند پس از تزریق زیرجلدی در مدل موشی برای بهبود واکسن کزاز
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): فلاوند، مجدالدین؛ سعادت، مجتبی؛ سلیمیان، جعفر؛ عباسی، ابراهیم؛ تاروردی زاده، یوسف؛ درستکار ساری، روح الله؛ فصیحی رامندی، مهدی؛ زند، علیمحمد

عنوان نشریه: مجله دانشگاه علوم پزشکی قم

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۱ شماره: ۲ صفحه: ۲۸-۱۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۴۶☐ سایر**چکیده:**

زمینه و هدف: کزاز، یک بیماری عفونی کشنده مشترک بین انسان و بیشتر پستانداران است. واکسن کزاز نزدیک به یک قرن است که تهیه و مورد استفاده قرار می‌گیرد. این تحقیق با هدف ساخت و ارزیابی میزان ایمنی‌زایی نانوذرات کایتوزان حاوی تتانوتوکسین در مقایسه با ادجوانت فروند پس از تزریق زیرجلدی در مدل موشی برای بهبود واکسن در بیماری کزاز صورت گرفت.

روش بررسی: در این مطالعه تجربی، سنتز نانوذرات کایتوزان حاوی توکسوئید کزاز با روش ژله‌ای شدن یونی انجام شد. مورفولوژی نانوذرات با SEM و AFM مورد بررسی قرار گرفت، سپس نانوذرات به‌صورت زیرجلدی به موش تزریق شد و ۲ هفته بعد از اتمام تزریقات، خونگیری به عمل آمد. میزان تیتراژ آنتی‌بادی با روش Overproduction غیرمستقیم اندازه‌گیری شد. داده‌ها با استفاده از آزمون آنالیز واریانس یک‌طرفه و آزمون توکی، در سطح $p < 0/05$ تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها: آنتی‌ژن با لودینگ بالا (دارای خصوصیات مورفولوژیک کروی یکنواخت و متوسط سایز برابر با ۱۴۴)، درون نانوذرات کایتوزان قرار گرفت. پس از آنالیز سرم‌ها، میزان تیتراژ آنتی‌بادی IgG در موش‌های دریافت‌کننده آنتی‌ژن به‌صورت نانوذرات در مقایسه با گروه شاهد، اختلاف معنی‌داری داشت، اما در گروه آنتی‌ژن همراه با ادجوانت فروند، اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد. **نتیجه‌گیری:** طبق نتایج این مطالعه، تزریق توکسوئید کزاز با استفاده از فرآیند نانو جهت ایمنی‌زایی در مقایسه با ادجوانت فروند دارای توانایی القای پاسخ ایمنی هومورال تقریباً برابر بوده و می‌تواند جایگزین مناسبی برای آن باشد.

کلیدواژه‌ها: نانوذرات، کزاز، کایتوزان، ادجوانت فروند

کُد مقاله: 96015

عنوان مقاله: بررسی شیوع سرمی فرم تحت بالینی بیماری یون در گاوداری‌های شیری استان تهران با استفاده از آزمون الایزای جذبی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): حیدرنژاد، ارکیده؛ صافی، شهاب‌الدین؛ مصوری، نادر؛ کشاورز، روح‌اله

عنوان نشریه: پاتوبیولوژی مقایسه‌ای

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۴ شماره: ۳ صفحه: ۲۲۳۹-۲۲۴۶

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ۳:Q ضریب تاثیر: ۰/۰۲۹

☐ سایر

چکیده:

مایکوباکتریوم آویوم تحت گونه پاراتوبرکلوزیس عامل بیماری یون در نشخوار کنندگان بوده و از انسان نیز جدا شده است. در مورد شیوع بیماری در مناطق مختلف کشور، اطلاعات آماری دقیقی در دسترس نیست. هدف از این مطالعه بررسی میزان شیوع بیماری یون تحت بالینی در گله‌های گاو شیری در استان تهران می‌باشد. آگاهی از شیوع بیماری و خسارات ناشی از آن، می‌تواند نقش مهمی در مدیریت مزارع درگیر داشته باشد. در این مطالعه که در سال‌های ۱۳۹۱ تا ۱۳۹۳ انجام گردید، به ۱۴ گاوداری شیری در استان تهران مراجعه و ۳۳۸ نمونه سرمی و مدفوع اخذ گردید. بررسی سرمی بیماری با کیت الایزای جذبی (PARACHEK2) در بخش توپرکولین موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی انجام شد. جهت تایید تشخیص، کشت مدفوع و Nested-PCR انجام گرفت. میزان شیوع بیماری بر اساس الایزا ۹/۵٪ (CI: ۶/۶۶-۱۳/۲۳) و بر اساس کشت، ۳/۶٪ محاسبه گردید. (CI: ۱/۶۹-۷/۲۷) ۹۵٪. همچنین میزان شیوع گله‌ای بیماری بر اساس کشت، ۲۸/۶٪ (CI: ۵۷/۹۹-۹/۸۵) و الایزا ۵۷/۱۴٪ محاسبه شد (CI: ۲۹/۶۵-۸۱/۱۹) ۹۵٪. به منظور ارزیابی ارزش تشخیصی آزمون الایزا، نتایج الایزا با کشت باکتریایی مدفوع به عنوان آزمون استاندارد طلایی مقایسه گردید. با توجه به نتایج بدست آمده، الایزا به دلیل سهولت نمونه‌گیری، سرعت و قیمت مناسب، آزمون غربالگری مطلوبی برای تشخیص پاراتوبرکلوزیس می‌باشد. همچنین پیشنهاد می‌گردد برنامه‌های دقیق کنترلی بر اساس میزان شیوع بیماری در استان تهران انجام گردد.

کلیدواژه‌ها: شیوع، بیماری یون، الایزا، مایکوباکتریوم آویوم تحت گونه پاراتوبرکلوزیس، گاو

کد مقاله: 96016

عنوان مقاله: ارزیابی سایتوتوکسیسیتی و اثرات ضد پلاسمودیومی عصاره‌های اتانولی و دی‌کلرومتان بره موم چهار منطقه مختلف ایران

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): افروزان، هوشنگ؛ ابویی مهریزی، اکرم؛ شکرگزار، محمدعلی؛ تحقیقی، آذر؛ اسحاقی، علی؛ دین پرست جدید، نوید؛ ذاکری، صدیقه

عنوان نشریه: یافته

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۹ شماره: ۲ صفحه: ۱۱۵-۱۲۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۳ ضریب تاثیر: ۰/۰۲۸

☐ سایر

چکیده:

مقدمه: ظهور مقاومت دارویی در برابر انگل مالاریا یکی از مشکلات کنترل و حذف مالاریا در جهان محسوب می‌شود. لذا در این تحقیق به منظور غلبه بر مقاومت دارویی بره موم چهار منطقه متفاوت ایران از نظر سایتوتوکسیسیتی و خواص ضد پلاسمودیومی بررسی شد.

مواد و روش‌ها: بره موم‌های ایران از چهار منطقه مختلف جمع‌آوری و با حلال‌های اتانول ۷۰٪ و دی‌کلرومتان عصاره‌گیری شدند. سایتوتوکسی عصاره‌های بره موم با روش MTT بر روی سلول فیبروبلاست L929 بررسی و اثرات ضد پلاسمودیومی عصاره‌های مختلف بره موم در شرایط درون تنی بر روی موش‌های نژاد BALB/c بررسی شد.

یافته‌ها: عصاره اتانولی و دی‌کلرومتان بره موم‌های چهار منطقه مختلف ایران در دوزهای ۵۰ $\mu\text{g/ml}$ ، ۱۰۰ و ۲۰۰ غیر سمی بودند. بیشترین درصد مهار رشد انگل *Plasmodium berghei* با ۷۱ و ۶۵ درصد به ترتیب مربوط به عصاره اتانولی و دی‌کلرومتان بره موم منطقه مرادبیگ بود.

بحث و نتیجه‌گیری: با توجه به وجود مقاومت پلاسمودیوم فالسیپاروم به داروهای رایج و با توجه به خطرات بروز اپیدمی ناشی از این مقاومت دارویی و اهمیت یافتن و توسعه داروهای مؤثر، ارزان و بی‌خطر در برنامه‌های کنترل و حذف بیماری مالاریا، پیشنهاد می‌شود خاصیت ضد پلاسمودیومی بره موم‌های ایران در تحقیقات تکمیلی مورد بررسی بیشتری قرار گیرند.

کلیدواژه‌ها: ایران، بره موم، سایتوتوکسیسیتی، ضد پلاسمودیوم

کُد مقاله: 96017

عنوان مقاله: ارزیابی سه رقت آنتی‌ژن *e. coli* در ایمنی‌زایی موش‌های نژاد *balb/c*نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): تهمتن، یحیی؛ علیمحمدی، نازیلا

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۴۰-۴۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

ای-کولی انتروتوکسیژنیک (ETEC) شایع‌ترین عامل اسهال باکتریایی و مرگ و میر درگوساله‌ها است. به علت مقاومتهای آنتی بیوتیکی مطالعه بر روی واکسن به عنوان مهم‌ترین راه پیشگیری از این بیماری مورد توجه است. سه رقت آنتی ژن ای-کولی K99 به منظور ایمنی‌زایی آن در موش‌های نژاد *balb/C* مورد ارزیابی قرار گرفت. باکتری کشت شده با فرمالین غیر فعال و دو بار با PBS شسته شد. رسوب حاصل طبق استاندارد مک فارلند در سه غلظت 3×10^{11} ، 3×10^7 و 3×10^{13} واحد تشکیل کلنی بر میل پلیتر به ترتیب در گروه‌های اول، دوم و سوم تنظیم گردید. سه گروه ۱۰ تایی موش به عنوان گروه مورد آزمایش دو دز تزریق به فاصله دو هفته به صورت زیر پوستی دریافت نمودند. به گروه ۱۰ تایی کنترل نیز تمام محتویات بجز جرم باکتری به همین روش تزریق شد. خون‌گیری از موش‌ها به مدت ده هفته ادامه یافت و عیار آنتی بادی با روش الیزا تعیین شد. تیترسرمی درگروه‌های آزمایش از هفته چهارم تا هشتم افزایش و سپس بتدریج کاهش داشت. در حالیکه تفاوت در گروه دوم و سوم مشاهده نشد ($p < 0.05$)، اما بین گروه‌های اول و دوم، و اول و سوم افزایش تیتر ملاحظه گردید ($p < 0.05$). گرچه این ایمنی‌زایی ممکن است اختصاصی نباشد اما کامل است، یعنی بر علیه هر کدام از اپی توپهای آنتی ژن باکتری آنتی بادی تولید شده است. زمانی که جایگاه‌های سلول‌های ایمنی توسط اپی توپ‌های آنتی ژن پر و سپس اشباع شود، افزایش بیش از حد غلظت آنتی ژن تاثیر چندانی بر میزان ایمنی‌زایی ندارد.

کلیدواژه‌ها: آنتی ژن *E. coli* K99، ایمنی‌زایی، موش، الیزا

کُد مقاله: 96018

عنوان مقاله: ارزیابی مراحل چرخه فحلی در موش‌های balb/c

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): داداش‌پوردواجی، نوید؛ فلاحی، روزبه؛ یوسفی، علیرضا؛ منصوری، محمدعلی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۲۷۴-۲۷۹

نمایه شده در: Scopus ☐ SJR: QISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۱۳/۰☐ سایر**چکیده:**

در جوندگان چرخه تولید مثل با نام چرخه فحلی شناخته می‌شود. این چرخه برخلاف سایر پستانداران اهلی، در جوندگان بسیار کوتاه مدت است. طول کوتاه چرخه فحلی این حیوانات را به مدلی مناسب برای مطالعات دستگاه تولید مثل، ارزیابی تاثیر عوامل بیرونی از جمله داروها، و تنش های تغذیه ای تبدیل نموده است. با توجه به اهمیت شناخت دقیق ویژگی های چرخه تولید مثل در موش ها به ویژه در سویه های همخون از جمله Balb/c که در قیاس با سویه های غیرهمخون نرخ تولید نتاج پایین تری را نشان می دهند، هدف از طراحی مطالعه پیش رو ارایه روشی ساده و قابل اطمینان به منظور ارزیابی وضعیت چرخه تولید مثل این حیوانات می باشد. در موش و رت شناسایی مراحل مختلف چرخه فحلی بر اساس نسبت انواع مختلف سلول های مشاهده شده در تراوشات واژن صورت می گیرد. به منظور اجرای آزمایش ۵ سر موش Balb/c و ۵ سر موش NMRI مورد ارزیابی روزانه قرار گرفتند. مدت نمونه گیری ۲۰ روز در نظر گرفته شد. در طول دوره آزمایش موش ها به صورت نامحدود به آب و غذا دسترسی داشتند. چرخه نوری ۱۲ ساعت روشنایی ۱۲ ساعت تاریکی در طول دوره آزمایش رعایت می شد. نمونه ها در بین ساعت ۹ الی ۱۱ صبح با استفاده از سرم فیزیولوژی جمع آوری و پس از تثبیت شدن با استفاده از رنگ کریستال ویولت، رنگ آمیزی و با استفاده از میکروسکوپ مورد ارزیابی قرار می گرفتند. داده های حاصل از این مطالعه نشان داد که انواع سلول ها و نسبت آنها در طول ۴ مرحله چرخه فحلی به ترتیب شامل: (۱) مرحله پرواستروس با ۲ نوع سلول شامل سلول شاخی و سلول اپیتلیال می شود، (۲) مرحله استروس با یک نوع سلول که شامل سلول های شاخی می باشند قابل شناسایی است، (۳) مرحله مت-استروس با ۲ جمعیت سلولی شامل سلول شاخی و لوکوسیت قابل شناسایی است، (۴) دی-استروس با یک جمعیت سلولی مشتمل از سلول های لوکوسیت قابل شناسایی می باشد.

کلیدواژه‌ها: استروس، جوندگان، چرخه فحلی، واژن

کُد مقاله: 96019

عنوان مقاله: بررسی اثر ضدباکتریائی زهر خام زنبور عسل (*Apis mellifera*) و فراکسیون‌های حاصل از آن به روش انتشار از دیسک

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): ذوالفقاریان، حسین؛ مهاجری، محمد؛ بابائی، مهدی؛ مصوری، نادر؛ جوادی، ایرج

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۱ صفحه: ۱۱۷-۱۲۶

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

همزمان با کشف و مصرف آنتی بیوتیک‌های جدید، باکتری‌ها نیز واجد ویژگی‌هایی می‌شوند که آنتی بیوتیک‌ها بر آن‌ها بی اثر می‌شوند و مسئله مقاومت باکتریایی در چنین شرایطی مطرح می‌گردد. زهر جانوران دارای اثرات ضد باکتریائی است که در این میان زهر زنبور عسل دارای اثرات ضد سرطانی، ضد آرتریت و ضد التهابی می‌باشد. هدف از انجام این مطالعه بررسی اثرات زهر خام زنبور عسل و فراکسیون‌های آن بر روی تعدادی از باکتری‌ها می‌باشد. در این مطالعه اثرات ضد باکتریایی زهر زنبور عسل گونه *Apis mellifera* و فراکسیون‌های آن بر علیه ۵ گونه باکتری شامل اشیریشیا کولی، سالمونلا تیفی موریوم، سودوموناس آئروژینوزا، بورخولدريا مالئی، بورخولدريا سودومالئی بررسی شد. در این راستا حجم‌های مختلف از زهر خام، همراه با دو فراکسیون آن که با روش ژل فیلتراسیون حاصل شده بودند، با آنتی بیوتیک استاندارد به عنوان کنترل مثبت به روش انتشار از دیسک مورد ارزیابی قرار گرفت و هاله ممانعت از رشد باکتری در اطراف دیسک‌ها اندازه گیری شد. این بررسی نشان داد که زهر خام زنبور عسل و فراکسیون‌های آن بر روی باکتری‌های اشیریشیا کولی و سالمونلا تیفی موریوم اثر مثبت دارد و قطر هاله ممانعت از رشد اطراف دیسک‌ها در غلظت های ۲۵، ۳۵ و ۴۵ میکرولیتر برای اشیریشیا کولی به ترتیب در حدود ۷، ۱۰ و ۱۴ میلی‌متر و برای سالمونلا تیفی موریوم به ترتیب در حدود ۷، ۹ و ۱۲ میلی‌متر بود. این زهر و فراکسیون‌های آن بر بقیه باکتری‌های مورد آزمایش تأثیری نداشت. بررسی آماری نشان داد که p کمتر از ۰/۰۵ است. بررسی حجم‌های زهر و نمونه‌های آزمایشی ثابت کرد که با افزایش حجم زهر اثر ضد باکتریائی نسبتاً افزایش می‌یابد.

کلیدواژه‌ها: زهر زنبور عسل، ضد باکتریائی، انتشار از دیسک، اشیریشیا کولی، سالمونلا تیفی موریوم

کُد مقاله: 96020

عنوان مقاله: بررسی اثرات سطوح مختلف پروبیوتیک بتاپلاس بر ساختار بافت‌شناسی دوازدهه بلدرچین ژاپنی
(coturnix japonica)

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اسدی، محمدرضا

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۱۵۸-۱۶۶

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJR

ISC ■ ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

یکی از روش‌های نوین جهت حفظ سلامت گله، استفاده از پروبیوتیک‌ها به جای آنتی‌بیوتیک‌ها می‌باشد. هدف از این تحقیق بررسی اثر سطوح مختلف پروبیوتیک بتاپلاس در جیره غذایی بر هیستومورفومتری بخش دوازدهه بلدرچین ژاپنی بود. در این مطالعه، تعداد ۲۸۸ قطعه جوجه بلدرچین ژاپنی، در قالب طرح بلوک کاملاً تصادفی و در شش گروه مورد استفاده قرار گرفتند. شش گروه مورد استفاده به ترتیب شامل یک گروه شاهد با دریافت جیره معمولی، گروه‌های دریافت‌کننده سه سطح ۰/۵، ۱ و ۱/۵ گرم در کیلوگرم از پروبیوتیک بتاپلاس، گروه دریافت‌کننده بتاپلاس با دوز ۱ گرم بر کیلوگرم به همراه جیره با کمبود پروتئین و نهایتاً گروه تیمار با دریافت جیره با کمبود پروتئین و بدون پروبیوتیک بود. پس از ۵ هفته، بلدرچین‌ها کشتار و نمونه‌های روده جهت انجام مراحل بافت‌شناسی اخذ شدند. روده‌ها پس از فیکس شدن وارد مراحل بافت‌شناسی شده و پس از تهیه مقاطع بافتی از نظر طول و ضخامت پرزها، عمق و عرض کریپت‌ها، ضخامت لایه عضلانی و اپی‌تلیوم و تعداد سلول‌های جامی شکل مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج حاصل از این بررسی نشان داد که پروبیوتیک بتاپلاس سبب افزایش معنی‌دار فراسنجه‌های طول پرز، عمق کریپت و ضخامت لایه اپی‌تلیال می‌گردد. ($P < 0.05$) در نهایت چنین می‌توان نتیجه‌گیری کرد که استفاده از بتاپلاس می‌تواند با بهبود فراسنجه‌های بافتی بخش دوازدهه، نقش قابل توجهی در ارتقاء عملکرد گوارشی گله‌های بلدرچین داشته باشد.

کلیدواژه‌ها: هیستومورفومتری، بلدرچین، پروبیوتیک، بتاپلاس، روده

کُد مقاله: 96021

عنوان مقاله: بررسی پایداری واکسن بروسلوز سویه (iriba) بعد از محلول کردن واکسن لیوفیلیزه

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): دوستداری، سجاد؛ حسن‌نیا، ابراهیم؛ خفری، ابوالفضل؛ عمادی، آناهیتا؛ باقری‌نژاد، رامین

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۸۵-۹۱

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

بیماری بروسلوز یکی از مهم‌ترین بیماری‌های مشترک بین انسان و دام محسوب می‌شود که در اغلب کشورهای منطقه مدیترانه و خاورمیانه از جمله ایران شایع می‌باشد، بهترین راه برای مقابله با این بیماری واکسیناسیون دام‌ها می‌باشد، هدف از انجام این مطالعه بررسی کیفیت واکسن IRIBA بعد از محلول کردن واکسن لیوفیلیزه می‌باشد، در این مطالعه از واکسن بروسلوز سویه IRIBA شش ویال به عنوان نمونه آماری انتخاب شد، پس از محلول سازی با سرم فیزیولوژی ۰/۹ درصد در دماهای چهار، ۲۵ و ۳۷ درجه سانتی گراد نگهداری شد، سپس در زمانهای صفر، یک، چهار و ۱۲ ساعت پس از محلول سازی مطابق با الزامات (OIE 2016) میزان جرم زنده باکتری بررسی شد. برای اندازه‌گیری رطوبت از دستگاه کارال فیشر استفاده شد، نتایج پژوهش نشان داد که میانگین رطوبت برای سه ویال واکسن انتخاب شده به عنوان نمونه آماری برابر با ۴۹ / ۲ درصد بود و همچنین میزان افت جرم زنده واکسن IRIBA برای سوسپانسیون نگهداری شده در دمای چهار درجه سانتی گراد در یک، چهار و ۱۲ ساعت بعد از محلول سازی به ترتیب برابر است با ۳۷ / ۱۲ ، ۲۹ / ۱۴ و ۱۳ / ۱۸ درصد، برای سوسپانسیون نگهداری شده در دمای ۲۵ درجه سانتی گراد ۸۳ / ۱۵ ، ۰۶ / ۲۰ و ۰۵ / ۲۵ درصد و برای سوسپانسیون نگهداری شده در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد ۲۲ / ۹ ، ۹۷ / ۲۶ و ۴۱ / ۵۵ درصد بود. با توجه به نتایج پژوهش، واکسن IRIBA بعد از محلول سازی به مدت ۱۲ ساعت در دمای چهار، ۲۵ و ۳۷ درجه سانتی گراد از نظر میزان جرم زنده واکسن منطبق با الزامات ۱۰-۱۰۹×۳۴ OIE 2016 (cfu/dose) است و پایدار می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: واکسن، بروسلوز، پایداری، ایریبا

کُد مقاله: 96022

عنوان مقاله: بررسی تغییرات ساختاری و فیلوژنتیک ناحیه dqa از mhc کلاس ii گاو
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): رنجبر، محمد مهدی؛ عطائی کچوئی، سعید؛ متدین، محمد حسن

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۴۲-۳۴

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

پروتیین BoLA-DQA، ناحیه ای با چندشکلی بسیار بالا در کلاس MHC-II است که نقش مهمی در پاسخ های ایمنی، حساسیت و مقاومت به بیمار یها، واکسیناسیون و فاکتورهای تولیدی ایفا م یکنند. در این مقاله جنبه های تغییرپذیری ساختاری و فیلوژنتیک لوکوس BoLA-DQA شناسایی شد. توالی پروتیینی آل لهای BoLA-DQA از پایگاه داد هها استخراج گردید. پلات تغییرپذیری برای ۶۰ آل ل با استفاده از روش آنترپپی پلات شانون از روی همردیفی توالی با الگوریتم ClustalW2 ترسیم و نواحی بسیار متغیر (HVRs) بررسی شد. سپس با همولوژی مدلینگ تحت تدابیر ویژه ساختار سوم پروتیین به دست آمده، بهینه سازی انرژی و اعتبار سنجی مدل انجام شد. نهایتا فیلوژنی، گروه بندی آل لی و تخمین واگرایی تکاملی با استفاده از روش حداکثر درست نمایی انجام گرفت. جهت جستجوی مکاشفه ای درخت اولیه، الگوریتم های Neighbor-Joining و BioNJ برای ماتریکس فاصله جفتی با مدل JTT به کار برده شد. هفت ناحیه HVR و تعدادی نواحی نیمه متغیر در آنالیز تغییر پذیری به دست آمد که متغیرترین، ناحیه آمینواسیدی ۹۳ - ۹۰ بود. این HVR ها در همه تحت ساختارها پس از همولوژی مدلینگ پروتیین(BoLA-DQA) با اعتبار ۵/۹۷ (قابل مشاهده بود. همچنین در آنالیز فیلوژنی، آل لها در پنج خوشه گروه بندی گردید. ارزیابی تکاملی درخت نشان داد که رد ههای آل لی قدیمی تر ۲۱۰۳* و ۲۶۰۲* و جدیدتر احتمالا آل ل ۱۲۰۴*، ۰۳۰۲* و ۲۲۰۷* م یباشند. دستاوردهای مطالعه حاضر می تواند امر طراحی واکسن علیه بیمار یهای عفونی را تسهیل و از طریق پیش بینی فاکتورهای تولید بالا در گاو باعث تسهیل انتخاب شود.

کلیدواژه‌ها: BoLA-DQA، گاو، MHC، تغییرات، فیلوژنی

کُد مقاله: 96023

عنوان مقاله: بررسی میزان شیوع و عوامل خطر بیماری زبان آبی در گاوداری‌های شیری استان فارس
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): معنویان، محسن؛ هاشمی، مجید؛ توان، فرهنگ؛ حسینی، محمد حسین؛ نیکو داوود

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۲۴-۲۸

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

بیماری زبان آبی یکی از بیماری‌های ویروسی نشخوارکنندگان است که توسط پشه‌های کولیکوئیدس منتقل می‌شود و دارای اهمیت اقتصادی و بهداشتی می‌باشد. تاکنون گزارشی از میزان شیوع بیماری زبان آبی در گاوداری‌های استان فارس منتشر نشده است، لذا این تحقیق با هدف بررسی میزان شیوع سرمی ویروس زبان آبی و تعیین فاکتورهای خطر آن در گاوداری‌های شیری استان فارس انجام گرفت. برای این منظور نمونه خون از ۵۲۱ راس گاو در گاوداری‌های منتخب استان و در دو منطقه گرمسیر و معتدل اخذ گردید. پس از جداسازی سرم از نمونه‌های خون وجود آنتی‌بادی‌های ضد ویروس زبان آبی با استفاده از کیت‌های تجاری الایزا مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که ۱۹/۷۷ درصد از نمونه‌ها دارای آنتی‌بادی‌های ضد ویروس زبان آبی بودند. بین بیماری و فاکتورهای خطر مورد بررسی شامل سن، درجه حرارت محیط، جنس، نژاد و نوع پرورش ارتباط معنی‌داری ($p > 0.05$) مشاهده شد، اما در رگرسیون لجستیک با در نظر گرفتن همه عوامل خطر، مدل معنی‌دار نشد. در نهایت می‌توان نتیجه‌گیری کرد که اگرچه میزان شیوع سرمی ویروس زبان آبی در گاوداری‌های استان فارس خیلی بالا نیست، ولی با توجه به این که گاو به عنوان مخزن اصلی ویروس شناخته شده، لذا تحقیقات بیشتر در این زمینه همچون تعیین الگوی توزیع پشه‌های ناقل، جداسازی ویروس و تعیین سکانس ژنی آن پیشنهاد می‌شود.

کلیدواژه‌ها: زبان آبی، کولیکوئیدس، استان فارس، ایران، گاو شیری

کُد مقاله: 96024

عنوان مقاله: پایش بهداشتی موش‌های آزمایشگاهی نژاد nih موسسه رازی نسبت به باکتری کلستری‌دیوم پیلی
فورم در سال ۱۳۹۵

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): فلاحی، روزبه؛ منصوری، محمدعلی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۷۸-۸۴

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

عامل بیماری تایزر باکتری کلستری‌دیوم پیلی فورم می‌باشد. از آنجاکه تاکنون استانداردهای بین‌المللی در مورد تعیین آلودگی حیوانات آزمایشگاهی در ایران بدلیل اهمیت ندادن به این موضوع صورت نگرفته است، در این تحقیق میزان شیوع این باکتری در کلنی موش‌های آزمایشگاهی نژاد NIH مرکز پرورش حیوانات آزمایشگاهی موسسه رازی در سال ۱۳۹۵ مورد بررسی گرفته است. ۸۲ سر موش پرورشی به‌صورت تصادفی از کلنی پرورشی انتخاب و بعد از خون‌گیری، در کالبدگشایی دستگاه گوارش از لحاظ علائم بیماری و در سرم‌های تهیه‌شده با روش الایزای غیرمستقیم از نظر آنتی‌بادی اختصاصی ضدکلستری‌دیوم پیلی فورم مورد بررسی قرار گرفتند. از این تعداد هیچ‌گونه علائم بیماری در کالبدگشایی مشاهده نگردید ولی در آزمایش الایزا، دو مورد مثبت شناسایی شد. با توجه به عدم مشاهده علائم بیماری در کلنی موش‌های پرورشی و بر طبق دستورالعمل FELASA می‌توان چنین نتیجه‌گیری نمود که با اطمینان ۹۹/۹ درصد، آلودگی به کلستری‌دیوم پیلی فورم در سالن‌های پرورشی، بسیار کمتر از ۱۰ درصد (۲/۴۳ درصد) در بین موش‌های نژاد NIH بوده و نیاز به حذف کلنی نمی‌باشد. ولی باید در آزمایشات دوره‌ای، دقت و حساسیت بیشتری نسبت به این باکتری لحاظ نمود.

کلیدواژه‌ها: پایش بهداشتی، کلستری‌دیوم پیلی فورم، موش آزمایشگاهی نژاد NIH

کد مقاله: 96025

عنوان مقاله: تعیین ویژگی‌های ژنتیکی سویه‌های مایکوباکتریوم ایویوم زیر گونه پاراتوبرکولوزیس v & iii و f۳۱۶ با استفاده از یک راهبرد چندگانه

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مهره‌کش حقیقت، مریم؛ شاهمرادی، امیرحسین؛ تدین، کیوان؛ کشاورز، روح‌اله؛ مصوری، نادر

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۸۹-۱۰۰

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

دو سویه غیر بومی *Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis* (MAP 316F) و MAP III و V & به مدت نیم قرن در موسسه رازی نگهداری و از آن‌ها برای تهیه پاراتوبرکولین استفاده شده است. به منظور شناسایی خصوصیات ژنتیکی این دو سویه یک استراتژی سه محور تعیین هویت (PCR-IS900, PCR-F57), تعیین تیپ (PCR-Collins, PCR-gyrA, PCR-gyrB) و تعیین ژنوتیپ (MLVA-Thibault, SSR-Amonsin) به کار گرفته شد. در نتیجه اجرای این استراتژی هویت هر دو سویه به عنوان MAP تایید گردید و تیپ آن‌ها از نوع گاوی شناخته شد. در ژنوتایپینگ تیپ MLVA آن‌ها INMV2 نشان داده شد که با نمونه فرانسوی (Merial) سویه MAP 316F همخوانی دارد. در تفسیر این یافته‌ها می‌توان گفت شباهت تیپ ژنتیکی دو سویه در SSR-Amonsin و MLVA-Thibault ممکن است اتفاقی باشد و یا نشانگر تعلق آن‌ها به یک کلون اجدادی واحد باشد. علاوه بر این چون مؤسسه اتلیک ترکیه تامین کننده سویه MAP 316F مورد بررسی در این تحقیق می باشد، بنابراین احتمالاً یک منبع فرانسوی تامین کننده این سویه برای مؤسسه اتلیک ترکیه بوده است. انتظار می رود اجرای این استراتژی بر روی جدایه‌های بومی ایران دانش مولکولار اپیدمیولوژی موجود را در رابطه با پاراتوبرکولوزیس در ایران افزایش دهد.

کلیدواژه‌ها: IS900, F57, MLVA, SSR typing, gyrA, gyrB

کُد مقاله: 96026

عنوان مقاله: ردیابی آنتی‌بادی علیه نئوسپورا کانینوم در سرم‌های تجاری جنین گاو (fbs) با استفاده از روش الیزا

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مروتی، حسن؛ نعمان، وحید

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۱ صفحه: ۲۰۵-۲۰۱

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر

چکیده:

نئوسپورا کانینوم انگلی با انتشار جهانی و عامل سقط جنین در گاو است که منجر به خسارات اقتصادی در صنعت گاوداری می‌شود. در این مطالعه تعداد ۱۰ مجموعه شماره سرم تجاری جنین گاو در دسترس و نیز ۱۶ مجموعه شماره سرم جنین گاو که مراحل تحقیقاتی و تولید اولیه را سپری می‌نمودند، از نظر آلودگی به نئوسپورا کانینوم با استفاده از کیت تشخیص آنتی‌بادی مورد بررسی قرار گرفتند. ۱۰۰ درصد سرم‌های تجاری جنین گاو با منشا خارجی و ۳۷،۵ درصد (۶ نمونه از ۱۶ نمونه) سرم جنین‌های در مرحله تحقیق تهیه شده از منبع داخلی دارای آنتی‌بادی علیه نئوسپورا کانینوم بودند. نتایج بدست آمده نشان دهنده آلودگی بالای سرم‌های تجاری جنین گاومورد استفاده به نئوسپورا کانینوم می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: نئوسپورا کانینوم، سرم جنین گاو، الیزا

کُد مقاله: 96027

عنوان مقاله: رضایت و نگرش دامداران گاوداری‌های صنعتی در خصوص واکسن‌های بروسلوز، شاربن و تب برفکی تولید موسسه رازی (سال‌های ۹۳-۹۴)

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مخبرالصفاء، لادن؛ فرقانی، سعیده؛ حقیقی، سوسن؛ افخم‌نیا، محمدرضا

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۱۱۹-۱۲۷

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

موسسه رازی یکی از بزرگترین و قدیمی ترین تولیدکنندگان واکسن‌های دامپزشکی بوده و نقش عظیمی در تأمین بهداشت و سلامت دارد. در راستای بحث مشتری مداری و ارایه‌ی محصولات با کیفیت و استقرار نظام استاندارد ایزو، مطالعه‌ی مقطعی حاضر با هدف تعیین سطح رضایت و نگرش دامداران درباره‌ی واکسن‌های بروسلوز، شاربن و تب برفکی در سطح ۵ استان، تهران، البرز، آذربایجان شرقی، اصفهان و خراسان رضوی صورت گرفت. روش جمع‌آوری داده‌ها پرسشنامه‌های محقق ساخته بود. روایی محتوای پرسشنامه توسط متخصصین امر و پایایی درونی آن در طی یک مطالعه‌ی آزمایشی بوسیله اندازه‌گیری آلفای کرونباخ، تایید شد. رضایت و نگرش بشکل متغیرهای کمی و کیفی - رتبه‌ای ارزیابی شد. رضایت به شکل کلی و در حیطه‌های اثربخشی، بی‌ضرری و دسترسی ارزیابی شد. روش انتخاب دامداران، نمونه‌گیری در دسترس از دامداران شاغل در گاوداری‌های صنعتی بالای ۱۰۰ راس دام بود. ۴۲۸ دامدار از همین تعداد گاوداری وارد مطالعه شدند. میانگین سطح رضایت کلی دامداران 80.6 ± 11.2 و سطح رضایتمندی از حیطه‌ی دسترسی به واکسن از سایر حیطه‌ها بالاتر بود. ۸۶ درصد از دامداران شرکت کننده سطح رضایت مطلوبی از حوزه‌ی دسترسی به واکسن داشتند. ۹۴ درصد از شرکت کنندگان در مطالعه دارای نگرش کلی مثبت در زمینه‌ی واکسیناسیون دام داشتند. سطح رضایتمندی و نگرش دامداران در حوزه‌ی بی‌ضرری واکسن‌های دامی مورد مطالعه کمتر از سایر حیطه‌ها بود.

کلیدواژه‌ها: رضایتمندی مشتری، واکسن مورد مصرف دامی، موسسه رازی، نگرش، دامدار

کُد مقاله: 96028

عنوان مقاله: شناسایی آلودگی جوجه‌های گوشتی به سویه‌های بسیار حاد بیماری بورس قبل از واکسیناسیون
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): شوشتری، عبدالحمید

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۴۲-۴۹

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJRISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

در این مطالعه آلودگی گله‌های گوشتی به ویروس بیماری بورس عفونی قبل از واکسیناسیون مورد بررسی قرار گرفت. از ۲۵ گله مرغ گوشتی در استان تهران ۱۰ پرنده ۱۲-۱۰ روزه قبل از واکسیناسیون انتخاب و پس از وزن کشی نمونه‌های بورس گرفته شد. نمونه‌های بورس اخذ شده، جهت ردیابی ویروس با آزمایشات مولکولی RT-PCR مورد استفاده قرار گرفتند. نتایج آزمایشات RT-PCR که با استفاده از پرایمرهای اختصاصی، قطعه ی ۶۴۳ جفت بازی از منطقه ی متغیر VP2 تکثیر شد، نشان داد که دو گله ۴ و ۹ از نظر وجود ژنوم ویروس بیماری بورس عفونی مثبت بودند. برای شناخت بیشتر ویروس ردیابی شده چگونگی هضم آنزیمی محصولات PCR توسط آنزیمهای اندونوکلاز SacI و SspI مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج هضم آنزیمی نشان داد که محصولات PCR به دست آمده از نمونه‌های ۴ و ۹ توسط آنزیم SacI شکسته نشد. با این همه آنزیم SspI توانست تنها محصولات PCR یکی از جدایه‌ها را برش دهد (گله ۹) در حالی که نمونه ۴ توسط این آنزیم هضم نشد. میانگین شاخص بورس این دو گله کمتر از گله‌های آلوده نشده بود منتهی تنها شاخص بورس گله ی ۴ به طور معنی دار از گله‌های غیر آلوده کمتر بود. ($p < 0.001$) با توجه به نتایج این مطالعه می‌توان اظهار داشت که امکان آلوده شدن گله‌های مرغ گوشتی به ویروس‌های بسیار حاد این بیماری قبل از واکسیناسیون وجود دارد.

کلیدواژه‌ها: ویروس بیماری بورس عفونی، جوجه‌های گوشتی، RT-PCR- Nested PCR- FLP، شاخص بورس

کُد مقاله: 96029

عنوان مقاله: طبقه‌بندی مولکولی و تجزیه و تحلیل شجره‌ای ژنوتایپ‌های **lps18** جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدای طیوری در ایران با استفاده از روش **lps pcr typing**

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): یزدان‌پور، زهرا؛ جباری، احمدرضا؛ اسمعیلی‌زاد، مجید؛ مصری، رقیه

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۱۷-۱۰۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

پاستورلا مولتوسیدا یک پاتوژن گرم منفی و مهم در دامپزشکی می‌باشد که بر اساس آنتی‌ژن پلی ساکارییدی به ۱۶ سروتایپ با استفاده از روش ژل دیفیوژن تقسیم می‌شود. در این مطالعه روش **LPS PCR typing** برای تایپینگ مولکولی و آنالیز فیلوژنیک ژنوتایپ‌های **LPS1-8** جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدا از طیور ایران به کار گرفته شد. در این مطالعه ۳۰ جدایه طیوری پاستورلا مولتوسیدا در محیط کشت اختصاصی (**BHI**) کشت داده شده و **DNA** ژنومی آن‌ها به روش جوشاندن استخراج گردید. شناسایی به روش بیوشیمیایی و مولکولی انجام گردید. ژنوتایپینگ لیپوپلی ساکارییدی به روش **LPS-PCR** و با استفاده از پرایمرهای اختصاصی انجام شد. محصولات **PCR** از هر یک از ژنوتایپ‌ها تعیین سکانس شده و ارتباط آن‌ها با توالی‌های موجود در **Gen bank** مقایسه گردید. تمام ایزوله‌های مورد بررسی با روش **LPS-PCR** قابل تیپ‌بندی بودند. از بین جدایه‌ها، ۱۸ جدایه دارای ژنوتیپ **L1** (۶۰ درصد) و ۴ جدایه دارای ژنوتیپ **L2** (۱۳/۳۳ درصد) و ۵ جدایه دارای ژنوتیپ **L3** (۱۶/۶۶) و ۲ جدایه دارای هر سه ژنوتیپ **L1**، **L2** و **L3** (۶/۶۶ درصد) و ۱ جدایه دارای دو ژنوتیپ **L2** و **L3** (۳/۳۳ درصد) بودند. هیچکدام ایزوله‌ای با ژنوتیپ‌های دیگر شناسایی نشدند ژنوتیپ‌های **L8-L4** در بین جدایه‌های مطالعه شده شناسایی نشدند. در مقایسه نتایج توالی نوکلئوتیدی جدایه‌های بومی ایران با جدایه‌های موجود در **Genbank** اختلافات قابل توجه وجود داشت. روش **LPS PCR typing** نشان داد که سه ژنوتیپ **L1**، **L2** و **L3** پاستورلا مولتوسیدا در جدایه‌های بومی ایران حضور دارند. این تحقیق نشان داد که روش **LPS-PCR** یک سیستم تایپینگ مناسب برای افتراق بین جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدا می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: پاستورلا مولتوسیدا، طیور، ژنوتایپینگ، **LPS-PCR**

کُد مقاله: 96030

عنوان مقاله: مروری بر استفاده واکسن دز کاهیده بروسلا ملی تنسیس سویه rev.1 در دامهای بالغ
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): ابراهیمی، محمد؛ ذوقی، اسماعیل

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۹-۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

بروسلوز یکی از مهم‌ترین زئونوزها بوده که بوسیله گونه‌های مختلف بروسلا به ویژه بروسلا ملی تنسیس ایجاد می‌گردد. آسان‌ترین راه کنترل بیماری واکسیناسیون تمام نشخوارکنندگان کوچک می‌باشد. واکسن بروسلا ملی تنسیس سویه Rev.1 به عنوان بهترین واکسن موجود و مورد استفاده برای پیشگیری بروسلوز است. روش توصیه شده برای کنترل بیماری واکسیناسیون بره‌ها و بزغاله‌ها با یک دز استاندارد و جایگزینی با دام‌های بالغ بود که در بعضی از کشورهای توسعه یافته و اکثر کشورهای در حال توسعه کاملاً موفقیت آمیز نبوده است. واکسیناسیون دام‌های بالغ آبستن با دز کامل واکسن Rev.1 به ویژه در ماه‌های دوم و سوم باعث سقط جنین اکثر دام‌های آبستن می‌شود. استفاده وسیع از واکسن دز کاهیده بروسلا ملی تنسیس سویه Rev.1 به عنوان روش مطلوب و تکمیلی برای پیش‌گیری بروسلوز در نشخوارکنندگان کوچک پیشنهاد شده و نتایج آزمایشگاهی و میدانی بیانگر کاهش قابل توجه سقط جنین در میش‌های آبستن و میزان بیماری در انسان است. هدف از این مطالعه، مروری بر نتایج به دست آمده از مصرف دز کاهیده واکسن Rev.1 در دام‌های بالغ بوده که برای رفع مشکل سقط جنین و کنترل بروسلوز استفاده شده است.

کلیدواژه‌ها: بروسلا ملی تنسیس، دز کاهیده، سویه Rev.1، دام بالغ

کُد مقاله: 96031

عنوان مقاله: مطالعه اثرات سرکوب‌گری باکتری پاستورلا مولتی سیدا (*Pasteurella multocida*) b:2 بر روی لنفوسیت‌های گوساله

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): عطائی کچوئی، سعید؛ رنجبر، محمد مهدی؛ عطائی کچوئی، صبا

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۵۳-۶۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

سپتی سمی هموراژیک، بیماری حاد گاو و گاومیش در کشورهای گرمسیری است که به وسیله کوکوباسیل گرم منفی به نام پاستورلا مولتی‌سیدا سروتایپ B:2 ایجاد می‌شود. شواهد آزمایش پیشین بر روی گاو، دال بر سرکوب پاسخ ایمنی پس از چالش بوده و در مطالعه حاضر جهت بررسی مقدماتی یافته مذکور، آزمایش‌های *in-vitro* با استفاده از عصاره پاستورلا و سلول‌های تک هسته‌ای خون محیطی (PBMC) گاوی طراحی گردید تا آثار احتمالی سرکوب‌گری جزء یا اجزائی از باکتری بر لنفوسیت‌های گاوی بررسی شود. از آزمایش سنجش تحریک تکثیر لنفوسیتی به منظور ارزیابی آثار عصاره عاری از سلول (CFE) پاستورلا بر روی PBMC استفاده شد. سپس ماده ConA به کشت سلول‌های مورد نظر اضافه و پاسخ تکثیری آن‌ها با استفاده از روش شمارش آشکارسازی به‌وسیله ارزیابی فعالیت تایمیدین رادیواکتیو استفاده گردید. به علاوه جهت شناسایی اولیه عامل سرکوب‌گر موجود در عصاره از روش‌های حرارت دادن، دیالیز، و تهیه پروتئین غشای خارجی (OMP) استفاده گردید. نتایج نشان داد افزودن عصاره CFE با غلظت ۵۰ میکروگرم در میلی‌لیتر باعث کاهش پنج برابری پاسخ تکثیری سلول‌های PBMC به ConA می‌شود. حرارت دادن عصاره CFE در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه فعالیت سرکوب‌گری آن را به طور کامل از بین برد OMP. فعالیت سرکوب‌گری مشابه با عصاره نشان داد. این مطالعه حاکی از وجود اثر سرکوب‌گری جزء یا اجزائی از باکتری پاستورلا مولتی‌سیدا بر پاسخ تکثیری PBMC به ConA بود. این جزء از باکتری دست کم در بخشی از ساختمان پروتئینی است و جزو پروتئین‌های غشای خارجی است.

کلیدواژه‌ها: پاستورلا مولتی‌سیدا، سپتی سمی هموراژیک، سرکوب، PBMC، گاو

کُد مقاله: 96032

عنوان مقاله: مطالعه پایداری واکسن بروسلوز سویه rev.1 با دز کاهیده تولید شده در موسسه رازی
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): دوستداری، سجاد؛ حسن‌نیا، ابراهیم؛ خفري، ابوالفضل؛ عمادی، آناهیتا؛ باقری‌نژاد، رامین؛ عالمیان، سعید؛ باقری، شیرین‌دخت

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۲۶-۳۳

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

مطالعات پایداری فرآورده‌های بیولوژیک نقش مهمی در تعیین تغییرات فرآورده در طول مدت زمان نگهداری و همچنین اطمینان از بی‌ضرری و اثر بخشی واکسن‌ها دارد. در این پژوهش پایداری طولانی مدت واکسن بروسلوز سویه Rev.1 با دز کاهیده تولید شده در موسسه رازی مورد بررسی قرار گرفت. نمونه‌برداری طبق رفرانس OIE ۲۰۱۵ بصورت تصادفی انجام شد، نمونه‌ها پس از نگهداری در دمای ۲-۸ درجه سانتی‌گراد و شرایط بسته‌بندی طبق بروشور واکسن به مدت ۱۱ ماه، به فاصله زمانی یک ماه برای پایداری Real time مورد آزمایش قرار گرفت. در این مطالعه تمامی آزمایش‌های کنترل کیفی و آزمایش‌های فیزیکوشیمیایی برای بررسی پایداری Real time این واکسن برای هر ۳ بیج متوالی تا ۱۱ ماه پس از تولید انجام شد، برای تجزیه و تحلیل اطلاعات از میانه، میانگین، واریانس، همبستگی و رگرسیون خطی استفاده شد. نتایج حاصل از مطالعه نشان داد که کلیه بیج‌های مورد مطالعه، پایداری را به مدت ۱۰ ماه منطبق با الزامات (OIE2015) دارا می‌باشند. اگر در شرایطی که تمامی الزامات مربوط به نگهداری واکسن از جمله شرایط زنجیره سرد رعایت شود این واکسن می‌تواند تا مدت ۱۰ ماه پایداری داشته باشد. لذا طبق الزامات ۲۰۱۵، OIE 2015 BP تاریخ انقضای این واکسن را از ۴ ماه به ۷ ماه می‌توان افزایش داد.

کلیدواژه‌ها: پایداری، بروسلوز، واکسن Rev.1

کُد مقاله: 96033

عنوان مقاله: مطالعه مقایسه‌ای مورفومتریکی هم‌اسپرمتوفور عقرب‌های خانواده بوتیده در استان خوزستان
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): مسیحی‌پور، بهزاد؛ نویدپور، شاهرخ؛ گودرزی، حمیدرضا

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۱ صفحه: ۱۳۲-۱۳۸

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

از خانواده بوتیده گونه‌های مختلفی از عقرب‌ها در استان خوزستان وجود دارند. این گونه‌ها از نظر اندازه و رنگ متنوع بوده و گونه‌هایی از آن‌ها از لحاظ پزشکی بسیار مهم می‌باشند. در این تحقیق هم‌اسپرمتوفور در عقرب‌های بوتیده از قبیل مزوبوتوس اپئوس، آپيستوبوتوس سوسنی، ادنتوبوتوس ادنتوروس و کمپسوبوتوس در استان خوزستان از دیدگاه تفاوت‌های مورفولوژیک بررسی شد. در مقایسه گونه‌های مختلف با یکدیگر بعضی از پارامترهای هم‌اسپرمتوفور در گونه‌های مختلف جنبه عمومی داشته و برخی دیگر مانند اندازه کپسول از اختصاصات گونه‌ها می‌باشد. بر اساس آنالیز آماری داده‌های بدست آمده، گونه‌های عقرب در یک جنس تفاوت معنی‌داری ($p > 0.05$) در قسمت‌های مختلف هم‌اسپرمتوفور نشان ندادند. همچنین آنالیز آماری حاکی از نزدیکی بعضی از گونه‌ها به هم می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: عقرب، بوتیده، هم‌اسپرمتوفور، ایران، خوزستان

کُد مقاله: 96034

عنوان مقاله: بررسی الگوهای مکانی و تحلیل خوشه های آنفلوآنزای پرندگان (H9N2) در طیور بومی روستاهای کشور
سالهای ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): فلاح مهرآبادی، محمدحسین؛ باهنر، علیرضا؛ صدرزاده، اوستا؛ وصفی مرندی، مهدی؛ ذین
العابدین طهرانی، فرشاد

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۱ صفحه: ۱۳-۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

آنفلوآنزای تحت تیپ H9N2 در کشور ما بومی است و هرساله موجب بروز خسارات زیادی به صنعت مرغداری کشور می شود. طیور بومی می توانند به عنوان مخزن و ناقل سبب گسترش ویروس به طیور صنعتی شوند. شناسایی مکانهای پرخطر این بیماری با استفاده از تحلیل های مکانی می تواند در برنامه های کنترل و پیشگیری موثر باشد. این مطالعه، مقطعی و از شهرپور تا آذرماه سالهای ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳ انجام گرفت. نمونه برداری از طیور بومی روستاهای ثبت شده GIS سازمان دامپزشکی انجام گرفت. بر روی نمونه ها آزمایش HI طبق دستورالعمل سازمان دامپزشکی انجام گرفت. در سال ۱۳۹۲ از ۳۹۷ روستا و ۱۱۵۴۶ پرنده نمونه گیری شد. تعداد ۳۴۱ (۸۶٪) روستا و ۴۵۱۷ (۳۹٪) نمونه سرم مثبت بودند. در سال ۱۳۹۳ از ۳۲۹ روستا و ۸۹۰۱ پرنده نمونه گیری شد. تعداد ۲۸۶ (۸۶/۹٪) روستا و ۲۷۷۱ نمونه (۳۱/۱٪) سرم مثبت بودند. نتایج این مطالعه نشان می دهد که میزان آلودگی در سطح روستاها بالا بوده اما در سطح پرنده ها میزان آلودگی کمتر است. با توجه به وجود بانک اطلاعاتی مکان محور (GIS) در سازمان دامپزشکی کشور و ثبت اطلاعات مراقبت بیماریها از جمله آنفلوآنزای پرندگان در این سامانه، می توان از قابلیت های تحلیل مکانی این سامانه جهت شناسایی مکانهای پرخطر رخداد بیماری استفاده کرده و بر اساس یافته های حاصل، برنامه ریزی لازم جهت کنترل بیماری در کشور انجام شود.

کلیدواژه ها: آنفلوآنزای پرندگان، تحت تیپ H9N2، تحلیل مکانی، طیور بومی، ایران

کد مقاله: 96035

عنوان مقاله: جداسازی، تعیین هویت و تهیه الگوی ژنومی باکتری‌های عضو کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکولوزیس از گاوهای توبرکولین مثبت استان قم با روش **pgrs rflp**

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): نیمروز، سینا؛ مصورى، نادر؛ زهرایی صالحی، تقی

عنوان نشریه: زیست‌شناسی میکروارگانیسم‌ها

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۶ شماره: ۲۱ صفحه: ۴۷-۵۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۳۱

☐ سایر

چکیده:

مقدمه: مایکوباکتریوم بویس عامل اصلی ایجاد سل در گاوها است. در مطالعه حاضر یافته‌های مربوط به جداسازی، تعیین هویت و تهیه الگوی ژنومی باکتری‌های عضو کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکولوزیس (MTbC) از گاوهای توبرکولین مثبت استان قم با روش RFLP با استفاده از پروب PGRS بررسی شده است.

مواد و روش‌ها: از دی ۱۳۹۱ تا بهمن ۱۳۹۲ غدد لنفاوی اصلی سر و تنه لاشه ۳۰ رأس گاو توبرکولین مثبت استان قم بر روی محیط لونشتاین - جانسون گلیسرینه و پیرووات‌دار کشت و ۸ تا ۱۲ هفته در ۳۷ °C نگهداری شدند. بر تمام لوله‌های کشت دارای رشد باکتریایی اسید فست، PCR-IS6110 اجرا شد و جدایه‌های عضو MTbC به روش RFLP-PGRS ژنوتایپ شدند.

نتایج: در ۲۱ نمونه در آزمایش PCR-IS6110 وجود MTbC تأیید شد و در RFLP-PGRS در مجموع سه تیپ ژنتیکی شناسایی شد.

بحث و نتیجه‌گیری: آلودگی گله‌های گاو در استان قم به MTbC اهمیت خطر احتمالی انتقال بیماری به میزبان‌های انسانی را نشان می‌دهد. شناسایی سه تیپ ژنتیکی در میان ۲۱ جدایه استان قم ضمن نشان دادن فعالیت سویه‌های مختلف MTbC در منطقه، وجود تنوع ژنتیکی این باکتری‌ها را در استان قم نشان می‌دهد که تعیین میزان گستردگی آن نیازمند به انجام پژوهش‌های تکمیلی خواهد بود. با در نظر گرفتن تنوع ژنتیکی حاضر در جمعیت MTbC در استان قم، به نظر می‌رسد برنامه در حال اجرای تست و کشتار در این استان نیازمند بازنگری و تقویت مبانی راهبردی در اجرا باشد.

کلیدواژه‌ها: مایکوباکتریوم توبرکولوزیس کمپلکس، سل گاوی، برنامه تست و کشتار، انگشت‌نگاری ژنومی، RFLP- PGRS

کد مقاله: 96036

عنوان مقاله: آنالیز ژنتیکی سویه های بین المللی واکسن بوردتلا پرتوزیس با استفاده از روش آنالیز واحدهای تکرارشونده پشت سرهم (mlva)

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): فتاح مقدم، معصومه؛ تدین، کیوان؛ قادری، رایناک؛ سخاوتی، محمد؛ نوفلی، مجتبی؛ خاکی، پژواک؛ برومند آزاد، فرناز؛ ساعدی، سمانه؛ شکری، غلامرضا

عنوان نشریه: مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی قزوین

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۱ شماره: ۴ صفحه: ۴-۱۲

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۲۴

☐ سایر

چکیده:

زمینه: از دهه سی میلادی که نخستین نمونه های واکسن حاوی جرم کشته سیاه سرفه برای استفاده عمومی تولید گردید تا حال حاضر فقط تعداد انگشت شماری سویه بوردتلا پرتوزیس توسط واکسن سازان ملی و بین المللی مورد استفاده قرار گرفته است. وجود تغییرات اثبات شده ژنتیکی اجتناب ناپذیر در جمعیت جهانی بوردتلا پرتوزیس نگرانی هایی را در مورد مناسب بودن سویه های سنتی واکسن در ایجاد ایمنی کافی بر علیه سویه های بیماری زای جدید در حال چرخش ایجاد نموده است. هدف: این مطالعه به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در میان پُر استفاده ترین سویه های واکسن سیاه سرفه در جهان انجام پذیرفت.

مواد و روش ها: در سال ۱۳۹۶ روش ژنوتایپینگ multi locus variable number of tandem repeats (analysis, MLVA) به صورت آنالیز بیواینفورماتیک بر روی ۱۱ سویه و تحت سویه بوردتلا شامل؛ B137, B203, J446(509), B202, J445(134), Toham I, E476, Cs, C393, (10536) و به صورت آزمایشگاهی بر روی دو تحت سویه 134 و 509 که در مؤسسه رازی از آن ها برای تهیه واکسن استفاده می شود اجرا گردید. در این روش از ۶ لوکوس ژنتیکی VNTR1, VNTR3a, VNTR3b, VNTR4, VNTR5, VNTR6 استفاده شد. یافته ها: با بررسی مقایسه ای میان نتایج به دست آمده و اطلاعات موجود در بانک اطلاعات ژنتیکی موجود در هلند در مجموع ۶ دسته ژنتیکی در میان سویه های تحت مطالعه شناسایی گردید که هیچ یک پیش از این گزارش نگردیده بودند. نتیجه گیری: این مشاهده ها بر ضرورت جستجو به دنبال فراوان ترین سویه های غالب بومی هر کشور برای شمول آن ها در تولید واکسن تأکید می کند.

کلیدواژه ها: سیاه سرفه، سویه، واکسن، دسته بندی ژنتیکی

کُد مقاله: 96037

عنوان مقاله: بارگذاری لاکتوفرین شیر شتر بر روی نانو ذرات پر فلوئورو اکتیل برماید و بررسی اثر آن بر رشد سلول‌های استئوبلاست m g-63

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): شادان، بهناز؛ زیبایی، سعید؛ ضیاء جهرمی، نوشا

عنوان نشریه: مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۷ شماره: ۱۴۸ صفحه: ۳۱-۲۲

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJR

ISC ☒ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۹

☐ سایر

چکیده:

سابقه و هدف: پوکی استخوان بیماری بسیار شایع می‌باشد که می‌تواند به سلامت ساختاری استخوان آسیب برساند. لاکتوفرین نقش به‌سزایی در افزایش استخوان‌زایی دارد. پرفلوئورو اکتیل برماید به عنوان نانوذره خنثی و حامل دارو مورد استفاده قرار می‌گیرد. هدف از تحقیق حاضر، بارگذاری لاکتوفرین شیر شتر بر روی این نانوذره و بررسی اثر آن بر رشد سلول‌های استئوبلاست M G-63 می‌باشد.

مواد و روش‌ها: پس از خالص سازی لاکتوفرین شیر شتر، نانوذرات پرفلوئورو اکتیل برماید با استفاده از روش ساخت امولسیون روغن در آب (O/W) تهیه و با روش‌های اندازه‌گیری، پتانسیل زتا و طیف سنجی تریپتوفان فلورسانس قبل و بعد از بارگذاری مورد بررسی قرار گرفت. غلظت‌های ۱۰۰، ۵۰ و ۲۵ میکروگرم بر میلی لیتر لاکتوفرین بر روی نانو ذرات بارگذاری شد و اثر لاکتوفرین بارگذاری شده و بدون بارگذاری و لاکتوفرین استاندارد بر روی سلول‌های استئوبلاست با استفاده از آزمایش MTT مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج نشان داد که سلول‌های استئوبلاست در مجاورت با لاکتوفرین بارگذاری نشده و لاکتوفرین پس از بارگذاری توسط PFOB، افزایش رشد داشته اند و این افزایش رشد در مقایسه با هم (به طور کلی در هر سه غلظت نسبت به هم) اختلاف معنی‌داری ($\alpha < 1\%$) ندارد، اما افزایش رشد در غلظت‌های مختلف لاکتوفرین نسبت به هم در هر دو مورد لاکتوفرین بارگذاری شده بر روی نانوذره و لاکتوفرین بدون بارگذاری (اثر غلظت‌های مختلف نسبت به هم) اختلاف معنی‌داری ($\alpha < 5\%$) دارد. **استنتاج:** لاکتوفرین شیر شتر باعث رشد سلول‌های استئوبلاست رده MG-63 می‌شود و امکان بارگذاری آن بر روی نانو ذرات PFOB وجود دارد و از این نانو ذرات می‌توان به عنوان حامل لاکتوفرین استفاده نمود.

کلیدواژه‌ها: پوکی استخوان، استئوبلاست، لاکتوفرین، نانو ذرات، پرفلوئورو اکتیل برماید

کُد مقاله: 96038

عنوان مقاله: شیوع سرمی بروسلوز در دام‌های روستایی استان بوشهر طی سال‌های ۹۳-۱۳۹۱: مطالعه مقطعی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): سمیرونی، محمدمهدی؛ بحرانی، مرتضی؛ فلاح‌مهرآبادی، محمدحسین؛ رنجبر، نعمت اله؛ آبسالان فرد، کامران؛ تنگستانی مکان، مهدی؛ ربیعی، محمد حسن

عنوان نشریه: اپیدمیولوژی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۴ صفحه: ۳۳۷-۳۴۵

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۴☐ سایر**چکیده:**

مقدمه و اهداف: بروسلوز از مهم‌ترین بیماری‌های مشترک است. هدف، بررسی شیوع سرمی بروسلوز در گوسفند، بز و گاو روستایی استان بوشهر بود.

روش کار: مطالعه مقطعی در سال‌های ۹۳-۱۳۹۱ انجام گرفت. در جمعیت گاوی، از ۱۱۸ روستا و ۸۹۱ رأس گاو و در جمعیت گوسفندی، از ۲۰۲ روستا، ۵۲۶ گله و ۱۰۲۴۶ رأس گوسفند و بز (۳۰۶۴ رأس گوسفند و ۷۱۸۲ رأس بز) نمونه‌برداری شد. نمونه‌ها با آزمون رزبنگال، رایت و ۲ مرکاپتواتانول آزمایش شدند.

یافته‌ها: در جمعیت گاو روستایی، ۲۴ روستا از ۱۱۸ روستا، ۲۰/۳۴ درصد (فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۱۳/۴۹-۲۸/۷۳) و ۳۰ رأس گاو از ۸۹۱ رأس گاو، ۳/۳۶ درصد (فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۲/۲۸-۴/۷۷) و در جمعیت گوسفند و بز، ۸۹ روستا از ۲۰۲ روستا، ۴۴/۰۶ درصد (فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۳۷/۱۰-۵۱/۲۰)، ۱۴۲ گله از ۵۲۶ گله، ۲۷ درصد (فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۲۳/۲۵-۳۱) و ۳۳۵ رأس گوسفند و بز (۱۱۹ رأس گوسفند و ۲۱۶ رأس بز) از ۱۰۲۴۶ رأس گوسفند و بز، ۳/۲۷ درصد (فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۲/۹۳-۳/۶۳)، سرم مثبت بودند. شیوع بروسلوز در سطح فردی مجموع دام‌ها در سال ۱۳۹۱ (۳/۵۳ درصد) به طور معنی‌داری بیش‌تر از سال ۱۳۹۲ (۲/۵۹ درصد) بود ($P=0/02$) در مجموع ۳ سال، شیوع بروسلوز در گوسفندان (۳/۸۸ درصد) به طور معنی‌داری بالاتر از شیوع در بزها (۳ درصد) ($P=0/02$) و شیوع در جنس ماده (۳/۵۲ درصد) به طور معنی‌داری بالاتر از جنس نر (۱/۵۸ درصد) بود ($P>0/001$).

نتیجه‌گیری: با کاهش میزان شیوع، واکسیناسیون و تست و کشتار دام‌های آلوده می‌تواند موجب کنترل بیماری در جمعیت دامی شود.

کلیدواژه‌ها: شیوع سرمی بروسلوز، استان بوشهر، گاو، گوسفند و بز

کد مقاله: 96039

عنوان مقاله: ارزیابی ایمنی‌زایی واریته تخفیف حدت یافته رازی از توکسوپلازما گوندی در موش balb/c

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): عباسی فر، آرزو؛ نام‌آوری، محمد مهدی؛ رضاییان، عباسعلی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۱۰۷-۱۱۳

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

در حال حاضر واکسن زنده توکسوپلازما از واریته تخفیف حدت یافته ی توکسوپلازما تولید م ی‌شود. هدف از این پژوهش ارزیابی ایمنی‌زایی واریته ی رازی از توکسوپلازما است که در موسسه رازی شیراز از طریق پاساژهای متوالی و طولانی مدت تولید شده است. بیست و چهار سر موش Balb/c در سه گروه تقسیم شدند. گروه اول کنترل منفی محیط کشت، گروه دوم کنترل مثبت سوش زنده و گروه سوم واریته زنده توکسوپلازما رازی را دریافت کردند. تمامی مو شها به صورت روزانه بررسی و تلفات احتمالی ثبت شد. بیست و هشت روز بعد از تزریق، از تمامی گرو ههای باقی مانده خون گیری جهت تست الایزا انجام گرفت و سپس همه گرو هها با تزریق سوش حاد چالش شدند. نتایج نشان داد که در گروه کنترل منفی هشت روز پس از چالش تلفات شروع شد و تا روز ۱۴ تمامی موش ها در این گروه تلف شدند. در گروه کنترل مثبت مانند گروه اول هشت روز پس از چالش تلفات شروع شد و تا روز ۱۸ تمامی مو شهای این گروه نیز تلف شدند. نتیجه بسیار جالب اینکه در گروه سوم ۱۴ روز پس از چالش تلفات شروع شد و تا یک ماه پس از چالش تنها ۵۰ درصد این گروه تلف شدند. این نتایج نشان داد که واریته توکسوپلازما رازی منجر به ایجاد ایمنی نسبی در موش گردیده و باعث ایجاد تلفات و بروز بیماری نشد.

کلیدواژه‌ها: توکسوپلازما گوندی، موش، Balb/c

کُد مقاله: 96040

عنوان مقاله: ارزیابی وارितه تخفیف حدت یافته نئوسپورا کنینوم در تشخیص عفونت نئوسپورا کنینوم در گاو با روش آگلوتیناسیون

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): توانایی، حمید رضا؛ نام آوری، محمد مهدی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه:

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

تک یاخته نئوسپورا کانینوم (*Neospora caninum*) عامل نئوسپوروزیس در میزبان‌های مختلف از جمله گاو، گوسفند، بز، گوزن، اسب، سگ، گربه و موش می‌باشد. پاساژ متوالی نئوسپورا کانینوم ثابت شده است که روی حدت و بیماری‌زایی آن تاثیر بسزایی دارد اما اینکه آیا این رویه روی ارزش تشخیصی وارितه کاهش حدت یافته نیز تاثیر دارد موضوعی است که این مطالعه سعی در بررسی آن دارد لذا هدف از این مطالعه، ارزیابی ارزش تشخیصی وارितه تخفیف حدت نئوسپورا کنینوم با استفاده از روش آگلوتیناسیون در تشخیص نئوسپوروزیس در گاو می‌باشد. برای دستیابی به این هدف نمونه‌های سرمی ۱۸۴ عدد گاو از دامداری‌های استان فارس که دارای سابقه سقط طی یک سال گذشته بودند، جمع‌آوری شد. نمونه‌ها برای تشخیص آنتی‌بادی علیه نئوسپورا کنینوم با کیت تجاری الیزا و روش آگلوتیناسیون با استفاده از تاکی زوایت تهیه شده از وارितه تخفیف حدت یافته بررسی شدند. نتایج این مطالعه نشان داد که ۵۴ (۲۹/۳۴٪) و ۵۹ (۳۲/۰۷٪) سرم به ترتیب با روش آگلوتیناسیون و کیت تجاری الیزا مثبت تشخیص داده شدند. ارزیابی آماری نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین این دو روش وجود ندارد و بر اساس آزمون کاپا توافق این دو تست بسیار خوب بود. این مطالعه ثابت کرد که تک یاخته نئوسپورا تخفیف حدت داده شده از طریق پاساژ متوالی همچنان ارزش تشخیصی خود را در روش آگلوتیناسیون حفظ می‌کند.

کلیدواژه‌ها: نئوسپورا کنینوم، تست آگلوتیناسیون، گاو

کُد مقاله: 96041

عنوان مقاله: بررسی استفاده از روش دات-الیزای سه‌گانه برای تشخیص هم‌زمان نئوسپورا کانینوم، **ibr** و **bvd**
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): کامکار صالحی، صدف؛ نام‌آوری، محمدمهدی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۱۳۴-۱۴۰

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر

چکیده:

سه عامل بیماری‌زای نئوسپورا کانینوم (*Neospora caninum*)، رینوتراکئیت گاوی (IBR) و اسهال ویروسی گاوی (BVD)، از مهم‌ترین عوامل عفونی بروز سقط جنین در گاو در جهان هستند. جهت تشخیص این عفونت‌ها از روش الیزای استفاده می‌شود. هدف از این مطالعه طراحی تست تشخیصی بود که قادر به شناسایی راحت و هم‌زمان این عوامل عفونی باشد. بدین منظور نمونه‌های سرم از ۱۸۴ گاو با سابقه سقط در یک سال گذشته در مناطق شمال فارس جمع‌آوری گردید سپس نمونه‌ها با استفاده از کیت‌های تجاری الیزا و روش الیزای نقطه‌ای چندگانه ارزیابی گردید. نتایج بدست آمده از کیت تجاری نشان داد که میزان موارد مثبت برای سه عامل عفونی مورد مطالعه به ترتیب ۳۲ درصد برای نئوسپورا کانینوم، ۹۸٫۲ درصد برای IBR و ۶۴٫۱ درصد برای BVDV می‌باشد در حالی که نتایج مثبت با استفاده از روش الیزای نقطه‌ای برای همین سه مورد به ترتیب ۲۹٫۳ درصد، ۹۳٫۵ درصد و ۷۹٫۳ درصد است. با استفاده از روش آماری کاپا توافق این دو روش برای تک‌یاخته نئوسپورا کانینوم، ویروس IBR و ویروس BVDV در حد مناسب تا خیلی خوب ارزیابی گردید. همچنین نتایج آماری مک‌نمار نشان داد که بین دو روش برای هیچ‌کدام از عوامل مورد نظر در این پژوهش تفاوت معناداری وجود ندارد. با توجه به نتایج این مطالعه مشخص شد که کیت الیزای نقطه‌ای چندگانه، می‌تواند به عنوان روشی ساده و مقرون به صرفه جهت تشخیص هم‌زمان سه عامل مهم سقط در گاو مورد استفاده قرار گیرد. این مطالعه گامی نخست در طراحی یک کیت چندگانه برای تشخیص عوامل عفونتی سقط در گاو برای اولین بار در جهان می‌باشد و می‌تواند در آینده با انجام مطالعات تکمیلی به عنوان یک کیت تجاری معرفی گردد.

کلیدواژه‌ها: الیزای نقطه‌ای چندگانه، الیزا، نئوسپورا کانینوم، رینوتراکئیت گاوی، ویروس اسهال گاوی

کُد مقاله: 96042

عنوان مقاله: تعیین هویت مولکولی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس در بیماران استان فارس به وسیله تکنیک های rd typing و pcr-rflp

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): ترابی، نوش آفرین؛ مصورى، نادر؛ نظری، راضیه

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۱۶-۲۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ■ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

بیماری سل، بیماری زئونوزی است که به عنوان یکی از مهم ترین بیماری های تهدید کننده انسان و دومین عامل عفونی در انسان می باشد. تمایز گونه های مختلف کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به روش های معمول زمان برو از طرفی، تشخیص دقیق جهت درمان به موقع بیماران، نقش حیاتی را ایفا می نماید. لذا هدف از این مطالعه، شناسایی جنس مایکوباکتریوم و تعیین هویت مولکولی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس در بیماران استان فارس به وسیله تکنیک های RD typing و PCR-RFLP بود. ژنوم ۵۰ جدایه با استفاده از روش جوشاندن استخراج گردید. برای تعیین جنس این جدایه ها از تکنیک PCR بر اساس قطعه ۱۶ S rRNA استفاده گردید. تکنیک PCR IS6110 و تکنیک RD typing نیز به ترتیب برای شناسایی و تعیین هویت باکتری مورد استفاده قرار گرفت. در نهایت، با استفاده از تکنیک های RD typing و PCR-RFLP بر روی ژن oxyR جهت تعیین هویت مایکوباکتریوم/تعیین گونه مایکوباکتریوم انجام شد. تمامی جدایه ها با استفاده از تکنیک PCR برای ۱۶ S rRNA باند ۵۴۳ جفت باز را نمایش دادند و با استفاده از PCR برای IS6110، باند ۲۴۵ جفت باز را نمایش دادند که مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس را اثبات کردند. در تعیین هویت RD typing، RD1، RD4، RD9 و RD12 به ترتیب باندهای ۱۷۲، ۱۴۶ و ۳۶۵ شناسایی شدند که مشخص شد تمامی جدایه های مورد مطالعه گونه توبرکلوزیس می باشند. با استفاده از تکنیک PCR-RFLP روی ژن کاذب oxyR هویت مولکولی RD typing تایید شد. نتایج در این مطالعه نیز نشان دهنده قدرت تکنیک RD typing در تمایز بین مایکوباکتریوم ها می باشد و مشخص گردید تمام جدایه های ارسالی از شیراز، مایکوباکتریوم توبرکلوزیس هستند و مایکوباکتریوم بویس مشاهده نشد. عدم وجود گونه بویس در جدایه های ارسالی از شیراز، نشان دهنده بهداشت مناسب شیر پاستوریزه در این شهر می باشد.

کلیدواژه ها: کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، RD typing، 16S rRNA، IS6110

کُد مقاله: 96043

عنوان مقاله: شناسایی مولکولی اورنیتوباکتریوم راینوتراکتال در پرندگان حیات وحش استان خوزستان

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): میاحی، منصور؛ غریبی، داریوش؛ قدیمی‌پور، رحیم؛ طلازاده، فروغ

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۲۶-۱۸

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

اورنیتوباکتریوم راینوترکتال (ORT) به‌عنوان یکی از ارگانسیم‌های دخیل در بیماری‌های تنفسی گونه‌های مختلف پرندگان شناخته شده‌است. تاکنون گزارش‌های متعددی مبنی بر جداسازی این باکتری از گله‌های صنعتی پرورش طیور در ایران ارائه شده‌است. پژوهش حاضر با هدف شناسایی مولکولی و تعیین حساسیت آنتی‌بیوتیکی باکتری ORT در پرندگان حیات وحش استان خوزستان طراحی گردید. بدین‌منظور بعد از جمع‌آوری تعداد ۲۳ نمونه سواب نایی، با استفاده از روش‌های مبتنی بر کشت، چهار (۱۷/۳ درصد) جدایه مظنون به باکتری ORT از این نمونه‌ها جداسازی گردید که با به‌کارگیری پرایمرهای اختصاصی، سه (۱۳ درصد) جدایه تایید مولکولی شدند. تمام سویه‌های جدا شده در این مطالعه از راسته شاهین سانان (۲۱/۴ درصد) بودند که نشان‌دهنده میزان بالای آلودگی این پرندگان نسبت به دیگر طیور تحت بررسی می‌باشد ($P < 0/05$). بر اساس نتایج آزمایش تعیین الگوی مقاومت دارویی جدایه‌ها به روش انتشار دیسک، همه جدایه‌ها (۱۰۰ درصد) نسبت به انروفلوکساسین، پنی‌سیلین، استرپتومایسین، سفالکسین، لینکواسپکتین، تایلوزین، فلورفنیکل، فلومیکوئین و تتراسایکلین حساس بوده و بیشترین مقاومت دارویی (۶۶/۶ درصد) نیز مقابل فسفومایسین، سولتریم، نالیدیکسیک اسید و جنتامایسین مشاهده گردید. در مقایسه با مطالعات انجام‌یافته بر روی سویه‌های جدا شده از طیور صنعتی به‌خصوص ماکیان، سویه‌های شناسایی شده در پرندگان حیات وحش نسبت به اغلب عوامل ضدمیکروبی حساسیت نشان دادند.

کلیدواژه‌ها: اورنیتوباکتریوم راینوترکتال، پرندگان حیات وحش، خوزستان، ایران

کُد مقاله: 96044

عنوان مقاله: شناسایی مولکولی فاکتورهای حدت اشريشيا کلي در سه سويه ehec.etec و epec در گوساله‌ها و بره‌های مبتلا به اسهال در شیراز

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): ارجمندپور، پریسا؛ تہمتن، یحیی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۲۷-۳۴

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

اسهال ناشی از سویه های پاتوژن (EPEC, EHEC, ETEC) در گوساله ها و بره ها به ویژه در نخستین روزهای پس از تولد، به علت تلفات و خسارات اقتصادی حاصله از اهمیت زیادی برخوردار است. در طی این تحقیق ۲۰۰ سوآب رکتوم از گوساله ها و بره های یک تا ۳۰ روزه مبتال به اسهال در مدت یک سال (۱۳۹۲ تا) در شهرستان شیراز جمع آوری شد. نمونه‌ها بر روی محیط های مک کانکی آگار و ایوزین-متیلن بلو و مینکا کشت داد شد. در این مطالعه شیوع ژن‌های بیماریزای اشريشيا کلیانتروتوکسیژنی (K99, F41 و STa) اشريشيا کلي انتروهموراژیک (Stx1, Stx2 و eae) و اشريشيا کلي انتروپاتوژنیک (bfpb و eae) با استفاده از تکنیک PCR Multiplex بررسی شد. نتایج نشان داد از ۱۳۳ اشريشيا کلي جدا شده ۱۲/۰۳ درصد دارای هر سه ژن بیماریزای ETEC و سه درصد دارای هر سه ژن بیماریزای EHEC می‌باشند. همچنین تعیین توالی ژن حدت K99 نشان داد که توالی نوکلئوتیدی آن‌ها، ۹۷ تا ۱۰۰ درصد با توالی‌های نوکلئوتیدی رفرنس‌های موجود در بانک ژنی شباهت دارد. پراکندگی شیوع عفونت با سه سویه مذکور در مناطق مختلف جهان متفاوت می‌باشد. این تفاوت‌ها می‌تواند ناشی از عوامل مدیریتی، سن گوساله‌ها، زمان دریافت آغوز، حجم و کیفیت آن و واکسیناسیون مادران باردار باشد.

کلیدواژه‌ها: فاکتورهای حدت، اشريشيا کلي های پاتوژن، PCR، فارس

کُد مقاله: 96045

عنوان مقاله: مطالعه کاهش حدت نئوسپورا کانینوم بعد از پاساژهای متوالی روی رده سلولی J774

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): بیگی، پریا؛ نام‌آوری، محمدمهدی؛ رزمی، نعمت‌الله

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۱۲۸-۱۳۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

هدف از این مطالعه، ایجاد تخفیف حدت در تک یاخته‌ی نئوسپورا کانینوم (*Neospora caninum*) از طریق پاساژ متوالی روی رده سلولی J774 و ارزیابی میزان حدت آن در موش BALB/c بود. ایزوله شماره یک نئوسپورا کانینوم بر روی رده سلولی J774، ۹۰ مرتبه پاساژ داده شد تا سوش تخفیف حدت یافته تولید شود؛ سپس ۳۵ سر موش BALB/c ماده با متوسط سن شش تا هشت هفته به صورت تصادفی به هفت گروه پنج‌تایی تقسیم شدند. به گروه اول به عنوان شاهد فقط محیط کشت، به گروه دوم و سوم و چهارم سوش حاد Nc1 با دوزهای ۵×10^6 ، 10×10^6 و 20×10^6 و به گروه پنجم، ششم و هفتم سوش تخفیف حدت یافته Nc1 با دوزهای ۵×10^6 ، 10×10^6 و 20×10^6 به صورت زیر جلدی تزریق شد. تمامی موش‌ها به صورت روزانه بررسی و نشانه‌های بیماری و تلفات احتمالی موش‌ها ثبت گردید. در این مطالعه ایمنی سلولی با آزمایش جلدی و ایمنی هومورال با آزمایش الایزا بررسی شد. نتایج این مطالعه نشان داد موش‌هایی که سوش تخفیف حدت یافته را دریافت کرده بودند، نه تنها تلف نشدند بلکه علائم بیماری را نیز نشان ندادند. به علاوه پاسخ ایمنی هومورال و سلولی نیز در آن‌ها نسبت به گروه‌های دریافت کننده سوش حاد به طور معنی داری بالاتر بود. در جمع بندی نهایی این مطالعه نشان داد که با استفاده از رده سلولی J774 که یک سلول دفاعی می‌باشد، می‌توان به طور معنی داری بیماری‌زایی سوش حاد Nc1 را کاهش داد؛ لذا این روش می‌تواند روش مناسبی برای تحقیقات آتی در راستای دستیابی به واکسن زنده تخفیف حدت یافته باشد.

کلیدواژه‌ها: نئوسپورا کانینوم، J774، BALB/c

کد مقاله: 96046

عنوان مقاله: مقایسه پاسخ‌های ایمنی همورال متعاقب تجویز آنتی‌ژن نوترکیب **esat-6/cfp-10** مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در سه مسیر مختلف

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): نامورپور، مژده؛ منصوری مجومردی، رضا؛ تبیانیان، مجید

عنوان نشریه: مجله دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید صدوقی یزد

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۵ شماره: ۷ صفحه: ۳۴۶-۵۳۷

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ☒ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۰۶

☐ سایر

چکیده:

مقدمه: بیماری سل به عنوان یکی از معضلات بهداشتی قرن حاضر محسوب می شود. واکسن BCG به عنوان تنها واکسن موجود علیه این بیماری می باشد که پاسخ‌های محافظتی آن تغییرات فراوانی را به همراه دارد. به همین دلیل، مطالعه در مورد ایجاد و توسعه واکسنی جدید علیه توبرکلوزیس، از موضوعات نوین تحقیقاتی است. در این مطالعه تأثیر مسیرهای تجویز، درون‌بینی، زیرجلدی و داخل عضلانی بر ایجاد ایمنی همورال محافظتی علیه آنتی ژن نوترکیب **ESAT6/CFP-10** توبرکلوزیس مورد بررسی قرار گرفت.

روش بررسی: در ابتدا آنتی‌ژن نوترکیب **ESAT6/CFP-10** مورد ارزیابی اولیه و تایید قرار گرفت. آنتی‌ژن فوق در سه مسیر درون‌بینی، عضلانی و زیرجلدی، در سه مرحله وبه فواصل زمانی دوهفته‌ای، همراه با یا بدون ادجوانت به موش‌های **Balb/C** تجویز شدند. برای مسیرهای تجویز عضلانی و زیرجلدی، ادجوانت **MF59** و برای مسیر تجویز درون‌بینی از ادجوانت **CTB** استفاده شد. ۱۰ روز پس از زهر تجویز، از ورید اربیتال چشمی موش‌ها خون‌گیری به عمل آمد و میزان آنتی‌بادی اختصاصی علیه آنتی‌ژن فوق به روش الیزا مورد ارزیابی قرار گرفت.

نتایج: نتایج نشان دادند که موش‌های واکسینه با آنتی‌ژن نوترکیب در مقایسه با گروه‌های کنترل، تیترا آنتی‌بادی اختصاصی بالاتری دارند. اگرچه مسیرهای تزریق زیرجلدی و داخل عضلانی هر دو به سرعت قادر به ایجاد پاسخ ایمنی مناسبی بودند اما پاسخ ایمنی ایجاد شده از مسیر درون‌بینی نیز به تدریج افزایش داشت تا به مقادیر قابل قبول رسید.

نتیجه‌گیری: نتایج بدست آمده از این تحقیق می تواند در فرمولاسیون واکسن‌های مخاطی نوترکیب بر علیه بیماری سل مورد استفاده قرار گیرد.

کلیدواژه‌ها: مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، تزریق داخل عضلانی، تزریق زیرجلدی، تجویز درون‌بینی، **ESAT-6/CFP10**

کد مقاله: 96047

عنوان مقاله: بررسی چرخه سلولی، بیان ژنهای میوژنیک و کنترل کننده رشد سلولهای میوبلاست جنینی گوسفند با ازدیاد بیان ژن فولیستاتین

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): نظری، محمود؛ ثعلبی، فاطمه؛ لیشین، دو

عنوان نشریه: سلول و بافت

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۸ شماره: ۱ صفحه: ۱-۱۱

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۳۸

☐ سایر

چکیده:

هدف: هدف از این مطالعه بررسی اثرات ازدیاد بیان ژن فولیستاتین بر چرخه سلولی، بیان ژنهای میوژنیک و فاکتور رشد سلولهای میوبلاست جنینی گوسفند در محیط آزمایشگاه بود که با استفاده از ویروس AAV سروتیپ ۲ حمل‌کننده فولیستاتین انجام شد.

مواد و روش‌ها: سلولهای میوبلاست جنینی به‌دست آمده از جنین‌های ۶۰ روزه گوسفند در محیط رشد و تمایز، کشت داده شدند. میزان جذب نوری در طول موج ۴۵۰ نانومتر، به‌عنوان شاخص تکثیر در سلولهای ترانسفکت شده با ویروس AAV2 حمل‌کننده فولیستاتین، بررسی شد. در نهایت بیان ژنهای میوژنیک، Myo D، CDK2، Myf 5، p57 و p21 با استفاده از تکنیک ریل تایم qPCR اندازه‌گیری شد.

نتایج: میزان جذب نور (در ۴۵۰ نانومتر) در سلولهای آلوده شده با ویروس به طور معنی‌داری افزایش یافت که این موضوع نشان می‌دهد که فولیستاتین می‌تواند تکثیر را افزایش دهد. ازدیاد فولیستاتین سبب افزایش معنی‌دار بیان ژنهای Akt 1 و CDK2 و کاهش بیان ژن p21 در شرایط تکثیر شد. نتایج ریل تایم نشان داد که بیان ژنهای میوژنیک، Myo D، Myf 5، p57 و p21 تحت شرایط تمایز با ازدیاد فولیستاتین افزایش یافت.

نتیجه‌گیری: نتایج نشان داد که ازدیاد فولیستاتین سبب افزایش تکثیر سلول میوبلاست از طریق بیان ژن p21 و افزایش تمایز سلولهای میوبلاست از طریق افزایش بیان ژنهای میوژنیک می‌شود.

کلیدواژه‌ها: ریل تایم qPCR، فولیستاتین، ژنهای میوژنیک، میوبلاست جنینی گوسفند

کُد مقاله: 96048

عنوان مقاله: واکسن پرتوتابی شده بیماری ویروسی تب برفکی تایپ آسیا-۱ و ارزیابی پاسخ ایمنی در خوکچه هندی
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): معتمدی سده، فرحناز؛ مهرروانی، همایون؛ جوادی، مژگان؛ هرزندی، ناصر؛ شفائی، کمال الدین

عنوان نشریه: زیست‌شناسی میکروارگانیسم‌ها

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۶ شماره: ۲۳ صفحه: ۵۷-۶۶

نمایه شده در: Scopus □ Q: SJR

ISC ■ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۳۱

□ سایر

چکیده:

مقدمه: بیماری تب برفکی یکی از بیماری‌های حاد ویروسی است که موجب بیماری گونه‌های مختلف حیوانات زوج‌سم و وحوش می‌شود. ویروس عامل بیماری به خانواده پیکورناویریده و جنس آفتوویروس تعلق دارد. هدف پژوهش حاضر، ساخت رادیوواکسن بیماری تب برفکی تایپ آسیا-۱ با استفاده از پرتوی گاما و ارزیابی پاسخ‌های ایمنی هومورال و سلولی در خوکچه‌های هندی واکسینه‌شده است.

مواد و روش‌ها: ابتدا ویروس تب برفکی تایپ آسیا-۱ تکثیر و در دوزهای مختلف پرتوی گاما پرتوتابی شد. سپس با منحنی دوز/پایندگی، فاکتور ارزش D_{10} و دوز مطلوب غیرفعال‌سازی ویروس به ترتیب $7/69$ و 50 کیلوگری محاسبه شدند. ویژگی‌های آنتی‌ژنیک ویروس پرتوتابی شده و شاهد به روش ثبوت کمپلمان مقایسه و بی‌ضرری واکسن با استفاده از چهار پاساژ کور متوالی تأیید شد. در مراحل بعد، ویروس غیرفعال‌شده با ادجوانت هیدروکسید آلومینیوم فرموله و به‌عنوان رادیوواکسن استفاده شد. پاسخ‌های ایمنی در سه گروه خوکچه هندی واکسینه‌شده با رادیوواکسن، واکسن رایج و بافر فسفات (شاهد) بررسی شدند.

نتایج: نتایج نشان دادند تیتراژ آنتی‌بادی خنثی‌کننده در گروه‌های رادیوواکسن و واکسن رایج نسبت به گروه شاهد افزایش معناداری ($P < 0.05$) داشته و میزان تولید آنتی‌بادی در دو گروه رادیوواکسن و واکسن رایج نسبت به یکدیگر اختلاف معناداری نداشته است. ($P > 0.05$) بررسی تکثیر لنفوسیت‌های طحال با آزمون MTT نشان داد که افزایش تکثیر لنفوسیت‌های T در گروه‌های رادیوواکسن و واکسن رایج مشابه و این افزایش نسبت به گروه شاهد معنادار ($P < 0.05$) است.

بحث و نتیجه‌گیری: رادیوواکسن تهیه‌شده در پژوهش حاضر، پاسخ ایمنی هومورال و سلولی مناسبی در خوکچه هندی ایجاد کرد و در پژوهش‌های آتی برای واکسیناسیون گوساله، میزبان اصلی این بیماری، استفاده‌شدنی است.

کلیدواژه‌ها: ویروس تب برفکی، پرتوتابی گاما، واکسن، پاسخ ایمنی

کُد مقاله: 96049

عنوان مقاله: مقایسه تاثیر پادزیست محرک رشد با برخی زیست یار های داخلی و محصولات همسان وارداتی بر شاخص های عملکردی، اقتصادی و ریخت شناسی روده کوچک در جوجه های گوشتی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): محمودتبار، عارف؛ کریمی ترشیزی، محمدمیر؛ شرفی، محسن؛ مژگانی، ناهید

عنوان نشریه: علوم دامی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: شماره: صفحه:

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۲۴

☐ سایر

چکیده:

این آزمایش با هدف بررسی و ارزیابی تاثیر پادزیست (آنتی بیوتیک) محرک رشد با برخی زیست یار (پروبیوتیک) های داخلی و فرآورده های همسان وارداتی بر عملکرد، شاخص های اقتصادی و ریخت شناختی روده کوچک با شمار ۵۴۰ قطعه جوجه یک روزه گوشتی در قالب طرح کامل تصادفی با شش تیمار و پنج تکرار انجام شد. زیست یار های پدی گارد و لاکتوفید به عنوان فرآورده های داخلی و زیست یار های باکتوسل و پریمالاک به عنوان فرآورده های وارداتی استفاده شد. تیمارها شامل: ۱- جیره پایه (شاهد) و جیره پایه به همراه ۲- پادزیست ۳- زیست یار باکتوسل ۴- زیست یار پدی گارد ۵- زیست یار پریمالاک ۶- زیست یار لاکتوفید بودند. مقایسه مستقل برای مقایسه تاثیر زیست یار در برابر گروه های شاهد و پادزیست، زیست یار های ایرانی در برابر وارداتی و زیست یار های تک سویه در برابر چندسویه استفاده شد. در دوره آگازین پریمالاک باعث کاهش و تیمارهای پادزیست و باکتوسل موجب افزایش در خوراک مصرفی و افزایش وزن بدن شدند. ($p < 0.05$) این تغییرات تاثیری بر ضریب تبدیل غذایی نداشت. ($p < 0.05$) شاخص های اقتصادی، شاخص تولید و وزن بدن بین تیمارها تفاوت معنی دار نشان ندادند. پادزیست موجب کاهش طول پرز، سطح پرز و عمق کریپت شد و پریمالاک افزایش در ارتفاع و سطح پرز در میان روده (ژژونوم) را نشان داد. ($p < 0.05$) در مقایسه مستقل پادزیست در برابر زیست یار موجب بهبود در عملکرد، سود ناخالص و همچنین کاهش در طول میان روده، عمق کریپت، ارتفاع و سطح پرز شد. ($p < 0.05$) کاهش عمق کریپت در انتهای روده کوچک (ایلئوم) تنها تغییر ایجادشده با مصرف زیست یار های داخلی در برابر فرآورده های وارداتی بود. ($p < 0.05$) به عنوان نتیجه گیری کلی، تفاوت معنی داری بین زیست یار های ایرانی، وارداتی و پادزیست آزمایشی نسبت به گروه شاهد در شاخص های عملکردی و اقتصادی در کل دوره مشاهده نشد.

کلیدواژه‌ها: ارزیابی اقتصادی، جوجه گوشتی، زیست یار ایرانی، سلامت روده، عملکرد

کُد مقاله: 96050

عنوان مقاله: سنتز و ارزیابی ایمنی زایی نانوذرات تری متیل کایتوزان حاوی توکسوئید کزاز
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): قلاوند، مجدالدین؛ سعادت، مجتبی؛ سلیمان، جعفر؛ عباسی، ابراهیم؛ احمدی، علی

عنوان نشریه: مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۶ شماره: ۱۴۵ صفحه: ۵۴-۶۲

نمایه شده در: Scopus ■ Q: ۳ SJR: ۰/۲۵۸

ISC ■ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۹

□ سایر

چکیده:

سابقه و هدف: نانوتکنولوژی، تاثیرات گسترده‌ای را در زمینه‌های مختلف زندگی بشر از جمله داروسازی و پزشکی در سال‌های اخیر گذاشته است. با توجه به فراوانی و ارزان بودن برخی از پلیمرهای زیستی از جمله کایتوزان که زیست سازگار نیز می‌باشد، استفاده از آن در صنعت ساخت واکسن مقرون به صرفه می‌باشد. تری‌متیل کایتوزان یکی از مشتقات استیل زدائی شده کایتوزان بوده که می‌توان از آن جهت افزایش القای پاسخ ایمنی استفاده نمود. در این مطالعه از نانوذرات تری متیل کایتوزان حاوی پروتئین تتانوس جهت برانگیختن سیستم ایمنی استفاده گردیده است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه تجربی، ساخت نانوذرات حاوی پروتئین حاوی توکسوئید کزاز با روش ژلاسیون یونی انجام شد. ویژگی‌های ظاهری نانوذرات با میکروسکوپ الکترونی و اتمی بررسی شد. سپس به صورت زیرجلدی به موش سوری تزریق شدند. پس از فرایند خونگیری، میزان تحریک سیستم ایمنی با روش الایزای غیر مستقیم مورد بررسی قرار گرفت. نتایج آزمایش با آنالیز واریانس یک طرفه در سطح $p < 0.05$ تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها: خلوص پروتئین با SDS-PAGE مورد تایید قرار گرفت. پروتئین‌های توکسوئید کزاز با بارگذاری بالای ۸۰ درصد وارد نانوذرات شدند. نتایج الایزا نشان داد که سیستم ایمنی به صورت معنی‌داری در مقایسه با ترکیب پروتئین با فروند تحریک شده و میزان تیتراژ آنتی بادی افزایش یافت.

استنتاج: نانوذرات‌های تری متیل کایتوزان حاوی پروتئین کزاز، میزان تحریک سیستم ایمنی را بالا برده و در مقایسه با ادجوانت فروند کارایی بیش‌تری دارند.

کلیدواژه‌ها: نانوذرات، تری متیل کایتوزان، ایمنی زایی، پروتئین کزاز

کُد مقاله: 96051

عنوان مقاله: بررسی طغیان‌های سپتی‌سمی خونریزی‌دهنده ویروسی (viral hemorrhagic septicemia) و عوامل مؤثر بر آن در مزرعه‌های ماهی قزل‌آلای کشور در سال ۱۳۹۳: یک مطالعه مقطعی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): بکایی، سعید؛ آبسالان فرد، کامران؛ فلاح‌مهرآبادی، محمدحسین؛ ابراهیم‌زاده موسوی، حسینعلی؛ قاجاری، امراه؛ شهبازیان، نسترن

عنوان نشریه: اپیدمیولوژی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۳ شماره: ۳ صفحه: ۲۵۳-۲۶۱

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

☒ ISC ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۴

☐ سایر

چکیده:

مقدمه و اهداف: پرورش ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در ایران در بیش‌تر استان‌های کشور انجام می‌شود. سپتی‌سمی خونریزی‌دهنده ویروسی از جمله مهم‌ترین بیماری‌های عفونی قزل‌آلای پرورشی و تهدید جدی صنعت پرورش این ماهی است. این مطالعه با هدف بررسی طغیان‌های بیماری در مزرعه‌های پرورش ماهی قزل‌آلای کشور در سال ۱۳۹۳ و تعیین‌کننده‌های مؤثر در ورود عامل و بروز بیماری انجام شد.

روش کار: داده‌های مربوط با استفاده از پرسشنامه طراحی شده جمع‌آوری شد. تشخیص بیماری با علایم بالینی، شناسایی ویروس به روش Real-Time PCR و به روش Conventional-RT-PCR انجام شد.

یافته‌ها: در طول ۵۲ هفته مطالعه در سال ۱۳۹۳ تعداد ۱۱۴ مزرعه از ۱۱۴۰ (۱۲/۶۳ درصد) مزرعه واقع در ۷۸ زون در ۱۴ استان کشور مبتلا به بیماری گزارش شدند. در تحلیل چند متغیره نیز ورود غیر مجاز بچه ماهی (نسبت شانس=۷/۸۱؛ فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۳/۶۳-۱۶/۸۰)، ورود غیر مجاز ماهی بازاری (نسبت شانس= ۵/۶۰؛ فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۱۰/۳۵-۳/۰۳) و آب رودخانه به عنوان منبع تأمین آب (نسبت شانس= ۲/۴۶؛ فاصله اطمینان ۹۵ درصد: ۴/۰۲-۱/۵۱) به عنوان عوامل خطر احتمالی ورود عامل بیماری به مزرعه شناسایی شدند.

نتیجه‌گیری: رعایت اصول امنیت زیستی در مزرعه‌ها و اجرای برنامه مراقبت مبتنی بر خطر (Risk-based surveillance) بیماری بر اساس عوامل خطر شناسایی شده و ارزیابی این عوامل به صورت منظم و دوره‌ای نقش مهمی در کنترل و پیشگیری از بیماری دارد.

کلیدواژه‌ها: سپتی‌سمی خونریزی‌دهنده ویروسی (VHS)، عوامل خطر، مزرعه‌های قزل‌آلا

کُد مقاله: 96052

عنوان مقاله: بررسی فنوتیپ و ژنوتیپ ژن های همولیزین استافیلوکوکوس آرنوس های جدا شده از ورم پستان تحت بالینی در منطقه‌ی ساوجبلاغ، استان البرز

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): قاسم عزیزی، آرش؛ حق خواه، مسعود؛ پور تقی، هادی؛ شیرازی نژاد، علی؛ ناصرپور، فاطمه

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۱ صفحه: ۲۰-۱۴

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☐ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

استافیلوکوکوس آرنوس پاتوژن شناخته شده در حیوانات و انسان است که عفونت‌های مختلفی از جمله ورم پستان را در گاو، گوسفند و بز ایجاد می‌کند و همچنین باعث ایجاد درماتیت، مسمومیت و حتی در برخی موارد عفونت شدیدی مانند توکسیک شوک سندروم (TSS) در انسان می‌شود. این باکتری منجر به خسارت‌های شدید اقتصادی در صنایع لبنیات و همچنین باعث مرگ و میر می‌شود. چون این باکتری می‌تواند مقاوم به آنتی بیوتیک‌های مختلف شود در نتیجه درمان را مشکل می‌کند. مطالعات نشان داده که بین ورم پستان و فاکتورهای حدت این باکتری ارتباط وجود دارد. یکی از این فاکتورهای حدت آنزیم‌های همولیزین می‌باشد. این بررسی به منظور مطالعه فنوتیپ و ژنوتیپ ژن‌های همولیزین در استافیلوکوکوس آرنوس جدا شده از ورم پستان تحت بالینی در منطقه‌ی ساوجبلاغ (استان البرز) در سطح ۵۴۰ رأس گاو شیرده انجام شد. ابتدا کارتیپ‌های مبتلا به ورم پستان تحت بالینی که با تست CMT تشخیص داده شده بود در آزمایشگاه کشت داده شد. نمونه‌های استافیلوکوکوس آرنوس با تایید تست کوآگولاز برای تست PCR آماده شد و در نهایت نتایج PCR و محیط کشت‌ها مورد مقایسه و ارزیابی قرار گرفت. از ۴۲۰ کارتیپ مبتلا به ورم پستان تحت بالینی ۸۴ (۲۰٪) نمونه در کشت مثبت شدند. از این ۸۴ (۲۰٪) نمونه ۵۰ (۵۹/۵۳٪) نمونه توسط تست کوآگولاز به عنوان استافیلوکوک کوآگولاز مثبت مشخص شدند. ۴۵ (۹۰٪) نمونه از ۵۰ نمونه در تست PCR مثبت به عنوان استاف آرنوس معرفی شدند. بر روی این ۴۵ نمونه کشت در بلاد آگار و PCR انجام شد. نتایج حاصله نشان داد که در برخی نمونه‌ها، ژن‌های حدت همولیزین بر اساس کشت باکتری به خوبی بیان می‌شوند که تقریباً با نتایج حاصل از PCR هم پوشانی دارد، پس می‌توان گفت که در بیشتر مواقع فنوتیپ و ژنوتیپ ژن‌های حدت باهم رابطه‌ی معناداری را دارند ($Pvalue = 0/001$)، اما ارتباط مستقیم وجود ندارد زیرا در برخی مواقع ژن‌ها در محیط کشت به خوبی بیان نشده‌اند، بخصوص در ژن همولیزین آلفا این مطلب کاملاً محرز می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: استافیلوکوکوس آرنوس، ورم پستان، ژن‌های همولیزین، فنوتیپ، ژنوتیپ، PCR

کُد مقاله: 96053

عنوان مقاله: ردیابی سرمی و مولکولی پنومو ویروس طیور در گله‌های مرغ گوشتی استان گیلان
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اسدپور، یداله؛ رحیم آبادی، ابراهیم؛

شوشتری، عبدالحمید

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۲ صفحه: ۳۵-۴۱

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ■ ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

پنومو ویروس طیور عامل مسبب عفونت فوقانی دستگاه تنفسی در جوجه ها و بوقلمونها است. عفونت پنومو ویروس طیور سبب افزایش خسارت اقتصادی قابل توجهی در مرغهای گوشتی میشود. هدف از این مطالعه بررسی میزان شیوع پنومو ویروس در مرغهای گوشتی در سنین کشتار به روش الایزای ردیابی آن به عنوان یک عامل در بیماری تنفسی گله های گوشتی به روش ملکولی بود. از ۲۹ گله گوشتی در سنین کشتار، تعداد ۴۶۰ نمونه سرم و از ۷۱ گله مرغ گوشتی با عالیم تنفسی و تورم سینوسهای زیر چشمی نمونههای سوآب نای، بافت نای و ریه جمعآوری شد. نتایج نشان داد که تعداد ۱۶ گله (۵۵ درصد) نسبت به عفونت پنومو ویروس در آزمایش الایزامثبت بود. در نمونه های کلینیکی پس از استخراج RNA ویروس، آزمایش PCR-RT بر اساس پرایمر اختصاصی نوکلیوتیدی ژن N ویروسی انجام شد. نتایج مولکولی نشاندهنده تکثیر یک باند DNA 115 جفت بازی در ۱۷ گله (۲۴ درصد) از ۷۱ گله طیور بود. این مطالعه اولین گزارش از وضع عفونت پنومو ویروس طیور در گله های گوشتی استان گیلان بود. بر اساس نتایج سرولوژی و ملکولی، عفونت پنومو ویروس در گله های مرغ گوشتی وجود داشته و به علت تاثیر آن بر عملکرد طیور بایستی توجه بیشتری به این عفونت شود.

کلیدواژه‌ها: پنومو ویروس طیور، الایزا، PCR-RT، گیلان

کُد مقاله: 96054

عنوان مقاله: ردیابی مولکولی سویه‌های برونشیت عفونی طیور در گله‌های گوشتی دارای علائم تنفسی در استان گیلان

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اسدپور، یداله؛ عاقبتی، سهراب؛ زاهدی، فرشته؛ رحیم‌آبادی، ابراهیم؛ شوشتری، عبدالحمید

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۲۶۰-۲۶۷

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

ISC ■ ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

برونشیت عفونی طیور (IB) به وسیله کروناویروس‌ها ایجاد می‌شود. برونشیت یکی از عوامل مهم خسارت اقتصادی در طیور بوده که سبب درگیر شدن بیماری‌های تنفسی، نفريت و کاهش تولید و کیفیت تخم مرغ می‌شود. ویروس برونشیت دارای سروتیپ‌های متعددی بوده که ایمنی متقاطع در مقابل همدیگر ایجاد نمی‌کنند. هدف از این مطالعه ردیابی سروتیپ‌های ویروس برونشیت عفونی طیور در فارم‌های گوشتی استان گیلان دارای علائم تنفسی بوده است. در مطالعه حاضر به طور تصادفی نمونه‌های نای و ریه ۲۸ گله گوشتی که دارای علائم تنفسی بودند جمع‌آوری شد. آزمایش RT-PCR بعد از استخراج RNA ویروس از نمونه‌ها جهت تشخیص برونشیت عفونی انجام شد. ۲۰ گله (۷۰ درصد) از تعداد کل ۲۸ گله گوشتی از نظر برونشیت عفونی تایید شد. آزمایش Nested PCR جهت شناسایی سروتیپ‌های درگیر با استفاده از پرایمرهای اختصاصی سه سروتیپ B/۷۹۳، Mass و D274 انجام شد. نتایج نشان داد که ۱۳ نمونه (۶۵ درصد) متعلق به سروتیپ Mass، ۷ نمونه (۳۵ درصد) به سروتیپ B/۷۹۳ و در ۲ نمونه (۱۰ درصد) هر دو سروتیپ Mass و B/۷۹۳ به طور توانمند ردیابی گردید اما در هیچ یک از نمونه‌ها سروتیپ D274 شناسایی نشد. نتیجه اینکه به منظور وضعیت ایمنی بر علیه برونشیت در گله‌های گوشتی استان گیلان، استفاده دو سروتیپ ماساچوست و B/۷۹۳ در برنامه واکسیناسیون و امنیت زیستی توصیه می‌شود.

کلیدواژه‌ها: برونشیت طیور، RT-PCR، Nested-PCR، گیلان

کد مقاله: 96055

عنوان مقاله: شناسائی مولکولی ویروس بیماری گامبورو در گله‌های گوشتی با علائم کلینیکی حاد در استان گیلان
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اسدپور، یداله؛ رحیم آبادی، ابراهیم؛ شوشتری، عبدالحمید

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۳ صفحه: ۶۳-۷۰

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ ۴: Q ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳☐ سایر**چکیده:**

بیماری بورس عفونی یا گامبورو یک بیماری حاد و فوق العاده مسری است و ویروس آن پاتوژن مهم تضعیف کننده سیستم ایمنی جوج‌های گوشتی و تخم‌گذار در سراسر دنیا است. هدف از این مطالعه بررسی مولکولی سویه‌های درگیر در موارد کلینیکی بیماری گامبورو در طیور گوشتی استان گیلان بوده است. بر اساس علائم کلینیکی و یافته‌های کالبدگشایی تعداد چهار گله (۱۰ درصد) از ۴۰ گله‌ی تحت بررسی مشکوک به بیماری تشخیص داده شد. در نمونه‌های بورس فابریسیوس هر چهار گله پس از استخراج RNA و انجام آزمایش RT-PCR، یک باند ۶۴۳ جفت باز در ناحیه بسیار متغیر ژن VP2 تکثیر شد. برای تایید بیشتر RT-PCR هر چهار گله، آزمایش PCR آشیانه‌ای انجام شد که با استفاده از پرایمر اختصاصی یک باند ۵۵۲ جفت باز تکثیر و مشاهده شد. برای شناخت حدت ویروس، آزمایش هضم آنزیمی با دو آنزیم SacI و BspMI صورت گرفت و نتایج هضم ثبت گردید. بر اساس نتایج به دست آمده هر چهار گله مبتلا به ویروس فوق حاد بیماری گامبورو vvIBD تشخیص داده شد. نتیجه اینکه در چندسال اخیر علی‌رغم کاهش موارد حاد کلینیکی بیماری گامبورو، سویه فوق حاد در گل‌های گوشتی استان گیلان در حال چرخش بوده و مطالعه بعدی شناسایی تحت کلینیکی بیماری گامبورو در سنین پایین توصیه می‌شود.

کلیدواژه‌ها: گامبورو، RT-PCR، Nested-PCR، هضم آنزیمی، طیور گوشتی

کد مقاله: 96056

عنوان مقاله: مقایسه حدت و تغییرات هیستوپاتولوژی جدایه‌های nc-1 و nc-sweb1 نئوسپورا کانینوم در تخم‌مرغ جنین‌دار

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): بابایی گورچین لو، زهرا؛ کفایت، مرضیه؛ نام‌آوری، محمدمهدی

عنوان نشریه: تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۳۰ شماره: ۴ صفحه: ۹۲-۹۹

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۱۳

☐ سایر

چکیده:

علی‌رغم وجود اطلاعات محدود در مورد نقش پرندگان در زمینه عفونت با نئوسپورا کانینوم، تا کنون گزارشی در مورد نقش جوجه‌های نژاد گوشتی در زمینه عفونت با این انگل وجود ندارد. در این مطالعه، دو جدایه NC-1 و NC-SweB1 نئوسپورا کانینوم جهت تلقیح در تخم‌مرغ جنین‌دار نژاد گوشتی مورد استفاده قرار گرفت. برای هر یک از جدایه‌ها، شش رقت مختلف (۱۰، ۱۰۲، ۱۰۳، ۱۰۴، ۱۰۵ و ۱۰۶) تهیه گردید. برای هر رقت یک گروه ۱۰ تایی تخم‌مرغ جنین‌دار و یک گروه نیز به عنوان کنترل در نظر گرفته شد. تلقیح رقت‌های مختلف هر جدایه در مایع کوریوآلانتوئیک تخم‌مرغ‌های جنین‌دار در روز نهم انجام شد. میزان مرگ و میر، تغییرات ماکروسکوپی و هیستوپاتولوژی بافت‌های جنین‌های مرده و جوجه‌هایی که تا یک ماه بعد از جوجه‌ریزی نگهداری شده بودند مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفت. نتایج این مطالعه نشان داد که میزان مرگ و میر در هر دو جدایه NC-1 و NC-SweB1 نئوسپورا کانینوم وابسته به دوز تاکی‌زوئیت تلقیح شده بود و بدین صورت که در مقادیر بیشتر تاکی‌زوئیت مرگ و میر و ضایعات هیستوپاتولوژی بیشتر و شدیدتر بود. از طرفی مقایسه میزان مرگ و میر تخم‌مرغ‌های جنین‌دار با هر دو جدایه NC-1 و NC-SweB1 با استفاده از آزمون آماری فیشر نشان داد که میزان تلفات کل در دو گروه از لحاظ آماری تلفات معنی‌داری دارد ($p < 0/05$) با توجه به متوسط دوز کشنده (LD50) که برای جدایه‌های NC-1 و NC-SweB1 به ترتیب ۱۰/۵ و ۱۰/۱ بود، می‌توان نتیجه گرفت که حدت نئوسپورا جدایه یک از جدایه سوئد بیشتر است. همچنین نتایج این مطالعه نشان داد که از تخم‌مرغ جنین‌دار می‌توان به عنوان یک مدل حیوانی در ارزیابی حدت جدایه‌های مختلف نئوسپورا کانینوم استفاده کرد.

کلیدواژه‌ها: نئوسپورا کانینوم، تخم‌مرغ جنین‌دار NC-1، NC-SweB1

کُد مقاله: 96057

عنوان مقاله: بررسی فعالیت ضد سرطانی و آنتی اکسیدانی عصاره جلبک قهوه ای (*cystoseira indica*) بر علیه سلول های سرطان کولورکتال

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): طاهری، علی؛ غفاری، مصطفی؛ هوشمند، شاداب؛ نام‌آوری، محمدمهدی

عنوان نشریه: فیض

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۱ شماره: ۴ صفحه: ۳۱۷-۳۲۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۰۶

☐ سایر

چکیده:

سابقه و هدف: امروزه مطالعات زیادی برای استفاده از ترکیبات طبیعی به عنوان عوامل ضدسرطان در رابطه با فعالیت آنتی‌اکسیدانی آنها انجام شده است. این تحقیق با هدف بررسی خواص ضدسرطانی و آنتی اکسیدانی عصاره‌های آبی و آبی جلبک قهوه‌ای سیستوسیرا ایندیکا جمع‌آوری شده از سواحل چابهار انجام شد.

مواد و روش‌ها: عصاره‌ها بر اساس روش استخراج غوطه- وری طی ۲۴ ساعت توسط حلال‌های ان-هگزان، اتانول، متانول، کلروفرم و آب مقطر استخراج شدند. سپس، میزان قدرت کاهندگی، حذف رادیکال آزاد (DPPH)، قدرت کلاته- کنندگی و سمیت سلولی با روش MTT بر علیه سلول‌های سرطان کولورکتال مورد ارزیابی قرار گرفت.

نتایج: عصاره کلروفرمی با میانگین $0/36 \pm 0/02$ میکروگرم بر میکرولیتر بهترین قدرت کاهندگی را نسبت به سایر حلال‌ها نشان داد و در تست کلاته کنندگی یون فلزی، عصاره کلروفرمی با میانگین $62/18 \pm 0/86$ میکروگرم بر میکرولیتر نسبت به سایر حلال‌ها تأثیر بهتری نشان داد ($0/05 > P$). بهترین فعالیت مهار رادیکال آزاد در عصاره‌های اتانولی و متانولی به ترتیب با غلظت $15/83$ و $33/21$ میکروگرم بر میکرولیتر مشاهده گردید و عصاره متانولی دارای فعالیت مهار رادیکال آزاد بهتری نسبت به عصاره اتانولی بود ($05/0 > P$). در تعیین خواص ضدسرطانی، عصاره متانولی با غلظت $30 \pm 1/33$ میکروگرم بر میکرولیتر بیشترین اثر را بر مرگ سلول- های سرطانی داشته و کمترین اثر مربوط به عصاره آبی با غلظت $66/67 \pm 1/11$ میکروگرم بر میکرولیتر بود ($0/05 > P$).

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج به دست آمده می‌توان عصاره جلبک قهوه‌ای (*Cystoseira indica*) را به عنوان یک ترکیب آنتی اکسیدان و ضدسرطان برای مطالعات پیش‌کلینیکی و کلینیکی پیشنهاد نمود.

کلیدواژه‌ها: ضدسرطان، آنتی اکسیدان، رادیکال آزاد، قدرت کاهندگی، سیستوسیرا ایندیکا

کد مقاله: 96058

عنوان مقاله: بررسی اثر پماد ابوخلسا بر ترمیم زخم سوختگی درجه دو عمقی در مدل حیوانی رت

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): ثقفی، محمد مهدی؛ فاطمی، محمدجواد؛ باقری، توران؛ حبل‌الورید، محمدحسن؛ نیازی، میترا؛ صابری، محسن؛ عراقی، شیرین

عنوان نشریه: مجله دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی تهران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۷۵ شماره: ۱۱ صفحه: ۷۹۰-۷۹۶

نمایه شده در: Scopus ☐ SJRISC ☒ Q: ۴ ضریب تاثیر: ۰/۰۰۴☐ سایر**چکیده:**

زمینه و هدف: برخی از گیاهان دارویی ارزان و در دسترس مانند گیاه ابوخلسا یا هواچوبه با نام علمی *Arnebia euchroma* می‌توانند در درمان زخم سوختگی و کاهش زمان بهبودی موثر باشند. هدف از این مطالعه بررسی اثر پماد ابوخلسا بر ترمیم زخم سوختگی درجه دو عمقی در رت بود.

روش بررسی: این مطالعه تجربی در مهر ۱۳۹۴ در آزمایشگاه حیوانات بیمارستان حضرت فاطمه (س) در تهران انجام شد. در قسمت پشت ۲۴ رت نر بالغ نژاد Sprague-Dawley به وزن تقریبی ۲۵۰-۳۰۰ g سوختگی درجه دو عمقی به ابعاد ۲×۴ cm ایجاد گردید و سپس محل سوختگی در گروه اول با پماد ابوخلسا و در گروه دوم با وازلین پانسمان روزانه تا بهبود کامل انجام شد و روند بهبودی زخم با عکس‌برداری به‌صورت هر پنج روز یک‌بار پایش شد. در روز ۲۰ نیز جهت بررسی میزان کلاژن و سلول‌های التهابی نمونه از زخم سوختگی برای پاتولوژی فرستاده شد.

یافته‌ها: نتایج نشان داد که در طول روزهای پنج تا ۱۵ وسعت زخم در هر دو گروه کمتر شد ($P<0.01/0$) و این کاهش وسعت زخم در گروه وازلین نسبت به پماد ابوخلسا به‌طور معناداری بیشتر بود ($P=0.40/0$). یافته‌های حاصل از پاتولوژی نیز نشان دادند که هیچ‌گونه اختلاف معناداری از نظر میزان کلاژن و سلول‌های التهابی در دو گروه وجود نداشت.

نتیجه‌گیری: پماد دارویی گیاه ابوخلسا وسعت زخم را تا حدودی کاهش می‌دهد اما به‌نظر می‌رسد در زخم‌های سوختگی سطحی در مقایسه با مواد پانسمان دیگر تأثیر بیشتری داشته باشد.

کلیدواژه‌ها: سوختگی، رت، ترمیم زخم

کُد مقاله: 96059

عنوان مقاله: بررسی تاثیر میزان تحصیلات بر رفتار اطلاع‌یابی پژوهشگران: مطالعه موردی موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): یوسفی، احمد؛ بیگدلی، زاهد؛ مخبرالصفاء، لادن

عنوان نشریه: تعامل انسان و اطلاعات

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۴ شماره: ۱ صفحه: ۱-۱۵

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: -- ضریب تاثیر: --

☐ سایر

چکیده:

زمینه و هدف: معمولاً پژوهشگرانی که دارای میزان تحصیلات متفاوتی هستند، از نظر دارا بودن دانش تخصصی نیز متفاوت هستند. همچنین، ممکن است میزان تحصیلات و دانش تخصصی بر رفتار اطلاع‌یابی پژوهشگران تاثیرگذار باشد. لذا، هدف از این پژوهش، بررسی تاثیر میزان تحصیلات بر رفتار اطلاع‌یابی پژوهشگران موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی در "انجام پژوهش" و "روزآمدسازی اطلاعات تخصصی" است.

روش: روش تحقیق مورد استفاده، روش پیمایشی و ابزار گردآوری داده‌ها پرسشنامه‌ی محقق-ساخته بر اساس مقیاس لیکرت ۵ قسمتی بوده است. پرسشنامه به صورت الکترونیکی و با استفاده از گوگل داکس به صورت پیوسته طراحی شد. روایی محتوایی توسط متخصصین امر و پایایی درونی در یک مطالعه‌ی آزمایشی و با محاسبه‌ی آلفای کرونباخ تایید و سپس پیوند اینترنتی پرسشنامه از طریق پست الکترونیکی برای پژوهشگران ارسال شد. از جامعه آماری نمونه-گیری نشد و پرسشنامه برای همه ۲۰۰ پژوهشگر ارسال شد. در مجموع ۱۴۰ نفر (۷۰ درصد) از پژوهشگران پرسشنامه را تکمیل کردند. تجزیه و تحلیل داده‌ها با روش‌های آمار توصیفی و تحلیلی و با استفاده از نرم‌افزار آماری SPSS IBM ۲۲ صورت پذیرفت. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از آزمون‌های کروسکال-والیس و فریدمن استفاده شده است.

یافته‌ها: یافته‌های پژوهش حاکی از آن است که برای انجام پژوهش استفاده از "مقالات نشریات ادواری" (حدود ۹۰٪ خیلی زیاد و زیاد) در اولویت نخست قرار دارد. پژوهشگران به منظور دستیابی به اطلاعات علمی برای انجام پژوهش از نظر سایر شیوه‌های مورد استفاده بیشتر از "ارتباط و مشورت با متخصصان و پژوهشگران داخل کشور" (حدود ۷۵٪ خیلی زیاد و زیاد) و "تجارب شخصی" (حدود ۶۵٪ خیلی زیاد و زیاد) استفاده می‌کنند. درحالی که کمترین استفاده از "ارتباط و مشورت با متخصصان و پژوهشگران خارج از کشور" (حدود ۵۶٪ کم و اصلاً) و "شرکت در همایش‌های خارجی" (حدود ۶۹٪ کم و اصلاً) به عمل می‌آید.

نتیجه‌گیری: تنها تفاوت معنی‌دار در استفاده از انواع منابع اطلاعاتی به منظور "روزآمدسازی اطلاعات تخصصی" و "انجام پژوهش"، استفاده از "مقاله‌های نشریات" است. ($P > 0.05$) دانشجویان کارشناسی ارشد/دکترای حرفه‌ای و تخصصی "نسبت به سایر سطوح تحصیلی از "مقاله‌های نشریات" بیشتر استفاده می‌کنند. از نظر "ارتباط و مشورت با متخصصان و پژوهشگران خارج از کشور"، "شرکت در همایش‌های خارجی" و "تجارب شخصی" تفاوت آماری معنی‌داری بین سطح مختلف تحصیلی وجود دارد ($P > 0.05$) و دارندگان دکترای تخصصی بیشتر از سایر سطوح تحصیلی از این روش‌ها بهره می‌گیرند.

کلیدواژه‌ها: رفتار اطلاع‌یابی، میزان تحصیلات، پژوهشگران، اعضای هیات علمی، موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی، پژوهش، روزآمدسازی اطلاعات تخصصی، استفاده از اطلاعات

کُد مقاله: 96060

عنوان مقاله: تخلیص پرتوسیس توکسین از سویه واکسینال ۵۰۹ سیاه سرفه و زیست سنجی آن بر اساس آزمایش
CHO-Cell

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): گودرزی، حمیدرضا؛ نظری شیروان، علی؛ نوفلی، مجتبی؛ رضایی مکرم، علی؛
سعادت، مجتبی

عنوان نشریه: زیست فناوری دانشگاه تربیت مدرس

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۸ شماره: ۱ صفحه: ۹۰-۱۰۰

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q: ☐ SJR

ISC ☒ Q: -- ضریب تاثیر: --

☐ سایر

چکیده:

پرتوسیس توکسین مهمترین عامل ویروالانس باکتری *Bordetella pertussis* است که از نوع اگزوتوکسین های پروتئینی AB5 می باشد و آنتی ژن محوری در ساخت واکسن های غیر سلولی سیاه سرفه است. به دلیل ملاحظات اقتصادی روشهای تخلیص پرتوسیس توکسین بطور کامل منتشر نشده است. هدف از این تحقیق، راه اندازی و اصلاح روش تخلیص پرتوسیس توکسین از مایع رویی کشت باکتری و زیست سنجی آن توسط آزمون CHO-cell بود. سویه واکسینال B. 509 *pertussis* و سلول CHO از موسسه رازی تهیه گردید. کشت باکتری در فرمانتور ۳۰۰ لیتری در دمای ۳۵ درجه سانتیگراد و در محیط B2 به مدت ۴۴ ساعت صورت پذیرفت. سپس مایع رویی جدا سازی گردیده و به ترتیب با فیلتر ۰/۴۵ میکرومتر تصفیه گردید و سپس با دستگاه اولترافیلتراسیون (cut off 10 kDa) تغلیظ شد. تخلیص توکسین توسط کروماتوگرافی میل ترکیبی با فتوئین سفاروز انجام گردید. پس از اعمال توکسین تخلیص شده بر منولایر سلولی CHO، فرایند خوشه ای شدن سلول ها از ساعت نخست پدیدار گردید و در مشاهدات ساعت دوازدهم به بعد متوقف شد. میزان توکسین تخلیص شده $43/0 \pm 53/2$ IU/ml محاسبه گردید. طی تولید واکسن های سلولی، پس از جدا سازی جرم سلولی، فاز مایع دور ریخته می شود، حال آنکه نتایج بررسی حاضر نشان داد این فاز محتوی مقادیر قابل توجه توکسین می باشد. با توجه به آنکه استحصال پرتوسیس توکسین، رکن اصلی در توسعه و ساخت واکسن های نوین غیر سلولی است لذا تحقیقات تکمیلی در خصوص استفاده از سایر سویه ها و بررسی شرایط مختلف کشت باکتری پیشنهاد می شود.

کلیدواژه ها: سیاه سرفه، بوردتلا پرتوسیس، پرتوسیس توکسین، کروماتوگرافی میل ترکیبی

کُد مقاله: 96061

عنوان مقاله: ویژگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی جدایه های طیفوری پاستورلا مولتوسیدا در برخی استان های ایران
 نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): قدیمی پور، رحیم قربانپور، مسعود؛ غریبی، داریوش؛ میاحی، منصور؛ جباری، احمدرضا

عنوان نشریه: علوم درمانگاهی دامپزشکی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۱ شماره: ۱ صفحه: ۳-۱۳

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ Q -- ضریب تاثیر: --☐ سایر**چکیده:**

پاستورلوز طيور پرندگان اهلی و وحشی را در بسیاری از نقاط جهان مبتلا می‌سازد. پژوهش حاضر با هدف جداسازی و بررسی ویژگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی باکتری پاستورلا مولتوسیدا از جمعیت مرغ، بوقلمون، غاز و اردک‌های مناطق مختلف استان‌های مازندران، گیلان، آذربایجان شرقی و خوزستان طراحی گردید. بدین منظور بعد از جمع‌آوری تعداد ۷۰۱ نمونه سوآب نایی، با استفاده از روش‌های مبتنی بر کشت، ۱۲ (۱/۷٪) جدایه‌ی مظنون به پاستورلا مولتوسیدا از این نمونه‌ها جداسازی گردید که با به‌کارگیری پرایمرهای اختصاصی ژن *hlyA* (۹۹/۰٪) جدایه تایید مولکولی شدند. آزمایش‌های تعیین بیوتیپ، تمامی جدایه‌ها را متعلق به پاستورلا مولتوسیدا تحت گونه مولتوسیدا نشان دادند. بر اساس نتایج آزمایش‌های تعیین تیپ کپسولی و شناسایی عوامل حدت جدایه‌ها با استفاده از پرایمرهای اختصاصی، ۵ (۷۱/۴٪) جدایه به عنوان سروتیپ A و ۲ (۲۸/۵٪) جدایه نیز به عنوان غیرقابل تیپ‌بندی شناسایی شدند. همچنین این آزمایش‌ها نشان داد که ۷۱/۴٪ جدایه‌ها دارای ژن‌های حدت *sodC*, *hlyA*, *hlyB*, *hlyD*, *hlyE*, *hlyF*, *hlyG*, *hlyH*, *hlyI*, *hlyJ*, *hlyK*, *hlyL*, *hlyM*, *hlyN*, *hlyO*, *hlyP*, *hlyQ*, *hlyR*, *hlyS*, *hlyT*, *hlyU*, *hlyV*, *hlyW*, *hlyX*, *hlyY*, *hlyZ*, *hlyA*, *hlyB*, *hlyC*, *hlyD*, *hlyE*, *hlyF*, *hlyG*, *hlyH*, *hlyI*, *hlyJ*, *hlyK*, *hlyL*, *hlyM*, *hlyN*, *hlyO*, *hlyP*, *hlyQ*, *hlyR*, *hlyS*, *hlyT*, *hlyU*, *hlyV*, *hlyW*, *hlyX*, *hlyY*, *hlyZ* دارند و ۵۷/۱٪ از آن‌ها نیز ژن‌های حدت *ompH*, *ompA*, *ompB*, *ompC*, *ompD*, *ompE*, *ompF*, *ompG*, *ompH*, *ompI*, *ompJ*, *ompK*, *ompL*, *ompM*, *ompN*, *ompO*, *ompP*, *ompQ*, *ompR*, *ompS*, *ompT*, *ompU*, *ompV*, *ompW*, *ompX*, *ompY*, *ompZ* دارند؛ لیکن هیچ‌کدام از آن‌ها حاوی ژن‌های *tox*A و *sod*A نبودند. نتایج آزمایش تعیین الگوی مقاومت دارویی جدایه‌ها به روش انتشار دیسک، نشان داد همه‌ی جدایه‌ها (۱۰۰٪) نسبت به سفالکسین، فلومیکوئین، فلورفنیکل، تری‌متوپریم-سولفامتوکسازول، سولتریم و فسفوماکسین حساس بوده ولی نسبت به کلوزاسیلین مقاومت نشان دادند. نتایج بررسی حاضر بیانگر شیوع پایین پاستورلا مولتوسیدا در میان طيور موردبررسی در محدوده‌های جغرافیایی تحت مطالعه است ($P < 0/05$)، بااین همه در مقایسه با پژوهش‌های پیشین، مقاومت سویه‌های جداسازی شده نسبت به برخی عوامل ضد میکروبی از جمله آنتی‌بیوتیک‌های پنی‌سیلینی افزایش یافته است.

کلیدواژه‌ها: پاستورلا مولتوسیدا، پاستورلوز، طيور، عوامل حدت

کُد مقاله: 96062

عنوان مقاله: ارزیابی بیماری‌زایی و پلی مورفیسم ژن **omph** پاستورلا مولتاسیدانام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اولاد، مریم؛ تهمتن، یحیی؛ سهرابی، نوشین

عنوان نشریه: دنیای میکروب‌ها

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۰ شماره: ۴ صفحه: ۳۶۰-۳۶۸

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJRISC ☒ Q -- ضریب تاثیر: --☐ سایر**چکیده:**

سابقه و هدف: پاستورلا مولتاسیدا باکتری گرم منفی است که باعث بیماری‌های تنفسی در حیوانات اهلی و وحشی می‌شود. این مطالعه با هدف جداسازی و شناسایی باکتری پاستورلا مولتاسیدا و نیز بررسی پلی مورفیسم ژن **omph** در این باکتری انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مقطعی تعداد ۱۶۰ نمونه سوآب بینی و حلق از بزهای مبتلا به پاستورلوز در استان فارس جمع‌آوری گردید. طبقه‌بندی مولکولی و پلی مورفیسم ۲۶ جدایه با روش **RFLP-PCR** و به کمک آنزیم‌های **HindIII** و **EcoRI** انجام گرفت. هر نمونه با غلظت نیم مک فارلند به دو سر موش تزریق شد. پس از برش ژن **omph** توسط آنزیم‌های اندونوکلاز، در نهایت الگوهای ایجاد شده با مدت زمان مرگ موش‌ها مقایسه گردید.

یافته‌ها: آنزیم‌های **HindIII** و **EcoRI** هر کدام الگوهای متفاوتی ایجاد کردند که در مقایسه با میانگین زمان مرگ موش‌ها قابل توجه بود. تمامی جدایه‌های کشنده میانگین زمان مرگ زیر ۲۴ ساعت داشتند. همچنین از مجموع ۲۹ پاستورلا مولتاسیدا جدا شده، ۸۹٫۶ درصد قادر به مرگ موش‌ها بودند.

نتیجه‌گیری: با توجه به الگوهای ایجاد شده، مدت زمان مرگ در موش‌ها نیز متفاوت بود. بر این اساس نمونه‌های دارای الگوهای پر تکرار موش‌ها را در زمان کوتاه‌تری از بین بردند و کشنده‌تر بودند. الگوهای ناشی از هضم آنزیمی به منظور شناسایی سویه‌های حاد و بیماری‌زا و در نتیجه تهیه سویه‌های واکسینال به کار می‌رود. بنابراین با توجه به تنوع‌پذیری این سویه‌ها تهیه واکسن‌های چندگانه ضرورت پیدا می‌کند.

کلیدواژه‌ها: پاستورلا مولتاسیدا، پلی مورفیسم، روش **PCR-RFLP**

کُد مقاله: 96063

عنوان مقاله: طراحی سیستم الیزای غیرمستقیم با استفاده از پادگن‌های ترش‌حی مایکوباکتریوم آویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس برای تشخیص پاراتوبرکلوزیس

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): حاتمی فر، مونا؛ مصورى، نادر؛ کاظمی، جواد

عنوان نشریه: میکروپ‌شناسی پزشکی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۱ شماره: ۲ صفحه: ۲۶-۳۳

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☒ Q: -- ضریب تاثیر: --

☐ سایر

چکیده:

زمینه و اهداف: مایکوباکتریوم آویوم زیرگونه پاراتوبرکلوزیس (MAP)، عامل به وجود آورنده پاراتوبرکلوزیس است که به عنوان بیماری یون نیز نامیده می‌شود و علت ضررهای اقتصادی جبران‌ناپذیر در صنعت دامپروری به حساب می‌آید. جهت تشخیص آلودگی به پاراتوبرکلوزیس، الیزای غیرمستقیم به عنوان یک روش ساده با حساسیت و ویژگی بالا بیشتر مورد توجه بوده است. از این‌رو هدف از این مطالعه طراحی یک سیستم الیزای غیرمستقیم جهت تشخیص بیماری پاراتوبرکلوزیس می‌باشد.

مواد و روش کار: تعداد ۱۰۰ نمونه سرم از ۱۰ گله در سال ۱۳۹۴ در استان‌های تهران و البرز که پاراتوبرکلوزیس توسط کشت در آن‌ها به اثبات رسیده با کیت استاندارد مورد مطالعه قرار گرفت و سیستم داخلی مطابق کیت استاندارد طراحی گردید. جهت طراحی سیستم الیزا با استفاده از پادگن‌های ترش‌حی، سرم مثبت و منفی واقعی پللیت متقاطع تیتراسیون انجام گرفت. جهت تعیین حد آستانه از نتایج کیت خارجی به عنوان استاندارد طلایی استفاده شد.

یافته‌ها: با در نظر گرفتن نتایج (۱۵ نمونه مثبت و ۸۵ نمونه منفی) در ارزیابی‌های کیت تجاری، بهترین غلظت پادگن و رقت پادتن در سیستم طراحی‌شده به ترتیب ۲/۱ میکروگرم و ۱۰۰/۱ به ترتیب در هر چاهک ارزیابی شد. علاوه بر این، میزان حد آستانه برابر با ۴۴/۰ مشخص گردید. حساسیت و ویژگی به ترتیب ۱۰۰ و ۷۰ درصد ارزیابی شد.

نتیجه‌گیری: پادگن‌های ترش‌حی مایکوباکتریوم پاراتوبرکلوزیس حساسیت لازم را جهت تشخیص بیماری ایجاد می‌کنند، اما تشخیص باکتری از مدفوع در مراحل اولیه بیماری، مشکل است. بنابراین با استفاده از الیزای غیرمستقیم طراحی‌شده می‌توان پادتن را در مراحل اولیه بیماری ردیابی کرد.

کلیدواژه‌ها: مایکوباکتریوم آویوم، پاراتوبرکلوزیس، الیزای غیرمستقیم، پادگن‌های ترش‌حی

کُد مقاله: 960364

عنوان مقاله: بررسی حساسیت دارویی سویه‌های بروسلا ملی تنسیس جداشده از شیر خام گوسفند و بز در کرمان
نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اشرف گنجویی، شهرناز بانو؛ سعیدعادلی، نصرت‌الله؛ عالمیان، سعید؛ خلیلی، محمد

عنوان نشریه: میکروپزشناسی پزشکی ایران

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۱۱ شماره: ۱ صفحه: ۹۰-۹۴

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJRISC ☒ Q: -- ضریب تاثیر: --☐ سایر**چکیده:**

زمینه و اهداف: بروسلوزیس یکی از شایع‌ترین بیماری‌های مشترک بین انسان و دام است. این بیماری در تمام نقاط ایران اندمیک می‌باشد. به دلیل اینکه گونه‌های بروسلا باکتری‌های درون سلولی اختیاری می‌باشند و تعداد محدودی آنتی بیوتیک بر این ارگانیسم موثر می‌باشند. مطالعه حاضر باهدف بررسی حساسیت آنتی بیوتیکی نه سویه بروسلا ملی تنسیس جداشده از شیر خام گوسفند و بز از جمعیت دامی عشایر می‌باشد.

مواد و روش کار: حساسیت آنتی بیوتیکی ۹ ایزوله بروسلا ملی تنسیس جداشده از شیر خام جمعیت دامی عشایری در آزمایشگاه موردبررسی قرار گرفت. حداقل غلظت مهاري (Minimal Inhibitory Concentration-MIC) مواد ضد میکروبی مورد آزمایش توسط روش E-test اندازه گیری شد. جهت تفسیر نتایج از معیارهای CLSI برای باکتری‌های کند رشد استفاده شد.

یافته‌ها و نتیجه گیری: ۹ ایزوله نسبت به داکسی سیکلین حساسیت بالایی داشته‌اند. دو ایزوله نسبت به سه آنتی بیوتیک استریتوماسین ($MIC^{3240}mg/mL$) و کوتریموکسازول ($MIC^{3256} mg/mL$) و ریفامپین ($MIC^{330}mg/mL$) مقاوم بوده‌اند ۶ ایزوله دیگر نسبت به این سه آنتی بیوتیک حساسیت در حد وسط و حساس داشته‌اند. شناسایی مقاومت نسبت به ریفامپین و استریتوماسین و کوتریموکسازول از نتایج مهم این تحقیق می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: حساسیت آنتی بیوتیکی، بروسلا ملی تنسیس، شیر خام، کرمان

کد مقاله: 96065

عنوان مقاله: بررسی قدرت ایمنی زایی واکسن ژنتیکی DNA علیه بیماری نیوکاسل درواکسیناسیون جوجه های عاری از پاتوژن

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): فیروزامندی، معصومه؛ معینی، حسن؛ حسینی، سید داوود؛ غفاری، ثنا؛ ساریخانی، منیژه

عنوان نشریه: زیست فناوری دانشگاه تربیت مدرس

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۸ شماره: ۲ صفحه: ۱۱۹-۱۲۵

نمایه شده در: ☐ Scopus ☐ Q ☐ SJR

☒ ISC ☐ Q -- ضریب تاثیر: -

☐ سایر

چکیده:

بیماری نیوکاسل یک بیماری ویروسی واگیردار کشنده است که اغلب گونه های پرندگان و طیور تجاری را مبتلا میکند و یک تهدید مهم برای صنعت طیور به حساب می آید. در این بیماری هر دو ژن F و HN از ژنهای خیلی مهم و اساسی برای ایجاد عفونت و بیماری می باشند. در این تحقیق ایمنیت واکسنهای DNA ساخته شده از ژنهای HN و F ویروس بیماری نیوکاسل هرکدام به طور مجزا از هم pIRES/HN, pIRES/F و همچنین هردو ژن باهم pIRES/HN/F مورد مطالعه و بررسی قرار گرفته است. در مطالعه ی قبلی بیان آنتی ژنی ژنهای قرار داده شده در شرایط آزمایشگاهی به اثبات رسیده بود. در این مطالعه تجزیه و تحلیل تکنیک الایزا و تست HI از سرم بدست آمده از جوجه های SPF (عاری از هرگونه آلودگی و عامل بیماری زا) واکسینه شده با واکسن DNA نشان داد که انجام ۲ بار واکسیناسیون با واکسن (pDNA DNA ، قادر به القای ایمنی هومورال و تولید قابل توجهی از تیتراژ آنتی بادی ($P < 0.05$) با استفاده از پلاسمید pIRES/HN) monocistronic و pIRES/F و (pIRES/HN/F) bicistronic یک هفته بعد از دومین واکسیناسیون pDNA (واکسن یادآور) می شود. نتایج نشان دهد که ایمن سازی با واکسن DNA درجوجه ها دربار دوم پاسخ بطورموفقیت آمیز تولید آنتی بادی را افزایش می دهد. همچنین واکسیناسیون با پلاسمید pIRES/HN/F که دارای هردو ژن است می تواند پاسخ قوی تری از آنتی بادی را در مقایسه با واکسیناسیون با پلاسمید های pIRES/HN و pIRES/F که دارای فقط یک ژن هستند نمایند.

کلیدواژه ها: DNA واکسن، پاسخ آنتی بادی، ویروس بیماری نیوکاسل

کد مقاله: 96066

عنوان مقاله: اندازه‌گیری باقیمانده آفت‌کش‌های آلی فسفره در خیار با استفاده از ریزاستخراج مایع- مایع پخشی جفت شده با کروماتوگرافی گازی-طیف سنجی جرمی

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اسحاقی، علی؛ حمیدی، حمیده؛ زالی، سارا؛ قلی پور، وانیک

عنوان نشریه: آفت‌کش‌ها در علوم گیاهپزشکی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۴ شماره: ۱ صفحه: ۴۲-۵۶

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☐ Q: ضریب تاثیر:

سایر ☒

چکیده:

به دلیل مصرف زیاد آفت‌کش‌های آلی فسفره جهت کنترل آفات کشاورزی، اندازه‌گیری باقیمانده آنها دارای اهمیت بالایی می‌باشد. در این تحقیق روشی جهت استخراج و اندازه‌گیری باقیمانده آفت‌کش‌های دیکلروس، دیازینون، اتریملوس، متیل پاراتیون، فنیتروتیون، مالاتیون، بروموفوس و اتیون در خیار با کمک تکنیک ریز استخراج مایع- مایع همراه با کروماتوگرافی گازی-طیف‌سنجی جرمی توسعه داده شد. استون به عنوان حلال استخراج کننده برای استخراج آفت‌کش‌های آلی از نمونه گیاهی استفاده شد. پس از اتمام فرایند استخراج، مخلوط اتیلن‌تتراکلرید (حلال استخراج کننده) و استون استخراجی به دست آمده در مرحله قبل (حلال پخش کننده) به سرعت به آب خالص اضافه شدند. پس از سانتریفیوژ، فاز ته‌نشین شده جمع‌آوری و به دستگاه کروماتوگرافی گازی- طیف سنجی جرمی برای جداسازی و تشخیص آفت‌کش‌های آلی فسفره تزریق شد. پارامترهای مهم مانند نوع و حجم حلال استخراج کننده و پخش کننده، اثر نمک و pH که بر فرایند ریز استخراج مایع- مایع پخشی مؤثر هستند، مورد مطالعه قرار گرفتند. تحت شرایط بهینه، فاکتور تغلیظ و راندمان استخراج به ترتیب در گستره ۱۱۹-۱/۱۰۱ و ۲۵/۸۹-۱/۷۷ درصد برای اکثر آنالیت‌ها ارزیابی شد. محدوده خطی در گستره $1 \mu g kg^{-1}$ - ۵۰۰ و حد تشخیص برای آنالیت‌های متفاوت در محدوده $0.06 \mu g kg^{-1}$ تا ۱۳/۷۸ حاصل شد. انحراف استاندارد نسبی آفت‌کش‌های متفاوت در گستره ۲/۲۳-۲٪ به دست آمد. در نهایت روش توسعه داده شده برای آنالیز نمونه خیار تهیه شده از فروشگاه به کار گرفته شد.

کلیدواژه‌ها: استخراج مایع- مایع پخشی، باقیمانده سموم، آفت‌کش‌های آلی فسفره، کروماتوگرافی گازی - طیف سنجی جرمی

کُد مقاله: 96067

عنوان مقاله: ایجاد یک روش نوین آزمایشگاهی الایزا توبی (ToBi Assay) برای تعیین پوتنسی واکسن بومی توکسوئیدی کزاز در ایران

نام و نام خانوادگی نویسنده(گان): اصلی، اسماعیل؛ صدری، رویا

عنوان نشریه: مجله علوم پزشکی رازی

سال انتشار: ۱۳۹۶ جلد: ۲۴ شماره: ۱۵۶ صفحه: ۹۳-۹۹

نمایه شده در: Scopus ☐ Q: SJR

ISC ☐ Q: ضریب تاثیر:

سایر ☒

چکیده:

زمینه و هدف: یکی از کاربردهای اصلی استفاده از حیوانات آزمایشگاهی به روش *in vivo* در مراکز تولید واکسن در تست های کنترل کیفی (کارائی: otencyP) است که اخیرا به دلیل مشکلات خاص در استفاده از حیوانات آزمایشگاهی جایگزینی این آزمون به روش *in vitro* ارائه شده است. تست مهار سازی اتصال توکسین (Toxin Binding Inhibition - ToBi) یکی از این روش ها است که بر مبنای مهار اتصال توکسین به آنتی توکسین متصل به پلیت الایزا است. از اهداف اصلی در این پژوهش بررسی روش فوق برای تعیین کارایی توکسوئید کزاز و مقایسه آن با آزمون خنثی سازی سرم (Serum Neutralization Test, SN) است. جایگزین نمودن استفاده از آزمون الایزا (*in vitro*) بجای استفاده از آزمون های چالش *challenge* و یا آزمون خنثی سازی سرم (SN) در کنترل کیفی واکسن کزاز، و جایگزینی این روش به عنوان یک روش استاندارد و پیشنهاد شده توسط کمیسیون اروپایی فارماکوپه و WHO، از اهداف مهم پژوهش حاضر است.

روش کار: در این روش گروهی از موش های آزمایشگاهی نژاد (NIH) را بوسیله رقت های مناسب از واکسن تولید موسسه رازی و واکسن مرجع توکسوئید کزاز (NIBSC) ایمن نموده و پس از خون گیری و جداسازی سرم، عیار واکسن (کارایی) به روش الایزا (*in vitro*) سنجیده شد. برای انجام آزمون خنثی سازی سرم (SN) نیز خوکچه های هندی را با نیمی از دز مورد استفاده در مطالعات انسانی ایمن نموده و جهت انجام تست ToBi رقت های مختلف از سرم تهیه شد که با مقادیر متفاوتی از توکسین کزاز مجاور گردید. مخلوط حاصل پس از طی دوره نگهداری در گرمخانه ۳۷ درجه سلسیوس، در پلیت الایزا کد شده و با آنتی تتانوس ایمونوگلوبین (Horse anti tetanus IgG) اسبی منتقل، با افزودن Anti T IgG، نشاندار شده با HRP، میزان توکسین آزاد سنجیده شد.

یافته ها: نتایج بدست آمده از روش مهار سازی اتصال توکسین (ToBi) با روش SN مقایسه گردیدند. دامنه نتایج عیار توکسوئید کزاز از ۱/۸ - ۳/۵ IU/ml متغیر بودند. با استفاده از روش آزمون آماری Parallel line analysis این نتایج اختلاف معنی داری را نشان ندادند ($P < 0/50$).

نتیجه گیری: نتایج حاصل نشان داد که استفاده از این روش امکان ارزیابی واکسن های با عیار پائین را هم ممکن می سازد. در نتیجه می توان این روش را نسبت به آزمون های معمول مانند خنثی سازی سرم و آزمون چلنج واکسن (Challenge Test) دارای مزایای بیشتری از جمله کاهش استفاده از حیوانات آزمایشگاهی، ملاحظات اخلاقی و صرفه جوئی در زمان و هزینه دانست.

کلیدواژه ها: آزمون مهار سازی اتصال توکسین (ToBi)، واکسن بومی کزاز، آزمون خنثی سازی سرم (SN)

نمایه نام نویسندگان موسسه رازی در مقالات انگلیسی

Goudarzi, Hossein	۱۵۵, ۱۴۸, ۱۴۶, ۵۸
Hablolvarid, Mohammad Hassan	۱۵۵, ۱۵۱
Hamidiyeh, Hormoz	۱۲۲
Hasani, Bahram	۱۴۶
Hashemi, Majid	۹۷, ۸۸, ۴۰
Hashemzadeh, Masoud	۱۱۷, ۱۱۳, ۷۴, ۶۷
Hosseini, Seyed Davood	۱۳۹, ۱۳۶
Hosseini, Seyed Mohammad Hossein	۹۷
Jabbari, Ahmad Reza	۱۵۴, ۱۵۰
Jafargholipour, Mohamadali	۸۶
Jamshidi-Navroud, Zahra	۱۴۲
Kaffashi, Amir	۸۹
Kamali-Jamil, Razieh	۱۲۱
Kamalzadeh, Morteza	۱۵۵, ۱۰۰, ۷۲
Karimi, Gholamreza	۱۲۲
Keshavarz, Maryam	۹۱
Keshavarz, Rouhollah	۴۹
Khafri, Abolfazl	۷۳
Khaki, Pejvak	۱۲۳
Khalesi, Bahman	۷۱
Kohram, Hamid	۱۴۷, ۲۷
Lotfi, Mohsen	۱۶۱, ۱۵۵
Madani, Rasool	۱۶۷, ۱۶۵, ۱۱۴, ۱۰۴
Mahdavi, Morteza	۱۷۲
Mahravani, Homayoon	۱۰۹, ۸۷
Manavian, Mohsen	۹۷
Mansourian, Maryam	۱۱۹
Masoudi, Shahin	۱۵۵, ۴۲
Mayahi, Vafa	۹۲, ۵۹, ۵۸
Mehrabanpour, Mohammad Javad	۱۴۳
Mirhaghgoe Jalali, Fahimeh	۱۵۰
Mirian, Seyed Jalal	۱۲۲
Moghaddampour, Masoud	۴۲
Mohammadi, Ahmad Reza	۱۲۲
Mohammadi, Ashraf	۱۲۱
Mohammadpour Dounighi, Naser	۹۸, ۶۵, ۴۳, ۳۹
Moharrami, Mojtaba	۱۷۶
Mojgani, Naheed	۱۸۶, ۱۸۳, ۱۷۷, ۱۲۵, ۹۹
Molouki, Aidin	۱۹۱, ۶۱, ۶۰
Moradi Bidhendi, Soheila	۱۰۴
Mosavari, Nader	۱۲۷, ۱۱۰, ۱۰۸, ۱۰۰, ۷۲, ۵۵, ۴۹, ۴۶, ۱۷۸, ۱۵۸, ۱۳۰
Motamedi, Gholamreza	۱۲۲
Namavari, Mohammad Mehdi	۱۲۴, ۵۰
Nasiri, Vahid	۱۶۹, ۹۵
Navidpour, Shahrokh	۸۳
Nemati Shirzi, Leila	۱۵۲
Nemati, Mohammad	۸۴
Nikoo, Davood	۹۷
Nofeli, Mojtaba	۱۹۲, ۶۵, ۳۹
Nouri, Abbas	۱۴۶
Parmour, Effat	۱۵۵
Abbasi, Ebrahim	۱۰۶
Abdigoudarzi, Mohammad	۱۶۲, ۱۳۳, ۱۲۶
Abedi-Kiasari, Bahman	۱۱۵
Abedini, Fatemeh	۱۹۴
Abtin, Alireza	۱۴۹, ۱۴۸
Afkhamnia, Mohammad Reza	۱۴۸
Aghaiypour, Khosrow	۱۹۳
Ahangaran, Salimeh	۱۴۹
Ahmadi, Maryam	۱۸۷
Ahmadi, Shahrzad	۱۳۴
Akbari, Abolfazl	۱۵۱
Akhijahani, Mohsen	۱۴۶
Alamian, Saeed	۱۳۵, ۱۱۸
Alimolaei, Mojtaba	۱۵۹, ۶۳, ۲۸
Ameghi, Ali	۱۶۸
Ashtari, Abbas	۱۴۹, ۱۴۵, ۱۰۷, ۳۸
Asli, Esmaeil	۱۰۱, ۶۹
Ataei Kachooei, Saeed	۱۴۸, ۱۴۴, ۹۳
Azimi, Seyyed Mahmoud	۱۹۵
Bagheri, Masoumeh	۱۷۳, ۹۶
Bakhshesh, Mehran	۹۷, ۹۴
Banani, Mansour	۱۴۸, ۱۴۶
Bastan, Reza	۱۴۱
Bayatzadeh, Mohammad Ali	۱۴۹, ۱۰۷
Behroozikhah, Ali Mohammad	۱۲۰
Dadar, Maryam	۶۲, ۴۸, ۴۷, ۴۴, ۳۷, ۳۶, ۳۵, ۳۲, ۳۰, ۲۵, ۱۷۹, ۱۷۵, ۷۹, ۷۸, ۷۶, ۶۸
Dadashpour Davachi, Navid	۲۷
Dehghanpour, Mahdi	۱۰۰
Ebrahimi, Mohammad Majid	۱۹۰, ۱۴۲, ۹۰
Eshaghi, Ali	۱۵۵
Es-haghi, Ali	۸۱, ۶۶, ۳۴, ۲۶
Es-haghi, Ali	۱۹۶
Eshratbadi, Fatemeh	۸۹
Eslampanah, Mohammad	۱۵۱
Esmaelizad, Majid	۱۹۲, ۱۵۰, ۱۳۵, ۹۴, ۹۲, ۵۹, ۵۸
Esmail Nia, Kasra	۱۲۲
Esna-Ashari, Fatemeh	۱۲۱
Etemadi, Afshar	۱۳۵
Ezatkah, Majid	۱۴۵, ۴۱, ۲۸
Fallah Mehrabadi, Mohammad Hossein ..	۱۰۲, ۷۵, ۵۴, ۵۱, ۱۹۱, ۱۵۳
Fallahi, Roozbeh	۱۸۱, ۲۷
Farhoodi, Majid	۱۲۸, ۳۳
Fathi Najafi, Mohsen	۱۳۷
Foroughi, Abolhasan	۱۲۱
Ghader, Masoud	۲۶
Ghaderi, Soheila	۱۹۲, ۱۸۹, ۱۷۰, ۱۳۵
Ghadiri Abyaneh, Mohammad	۱۲۲
Ghodsian, Naser	۱۹۰
Golabchifar, Ali-Akbar	۳۱
Goudarzi, Bahman	۱۶۰

۱۶۳, ۱۵۷, ۱۵۶, ۱۵۴, ۱۱۰ Tadayon, Keyvan
 ۱۶۴ Taghavi Moghadam, Ahmad
 ۱۰۳, ۴۲ Taghizadeh, Morteza
 ۵۶ Tahamtan, Yahya
 ۱۸۸ Tahoori, Fatemeh
 ۱۲۱ Taqavian, Mohammad
 ۱۹۲, ۱۸۹ Tarahomjoo, Shirin
 ۹۷ Tavan, Farhang
 ۱۲۷, ۱۰۳, ۴۶ Tebianian, Majid
 ۱۷۴, ۵۲ Todehdehghan, Fatemeh
 ۴۵ Vahedi, Fatemeh
 ۱۸۲, ۱۸۰ Varshovi, Hamid Reza
 ۹۴ Yazdani, Fereshteh
 ۹۱ Yousefi, Ahmad
 ۸۵, ۲۷ Yousefi, Ali Reza
 ۱۷۳, ۹۶ Zahmatkesh, Azadeh
 ۱۰۵, ۸۲ Zare Mirakabadi, Abbas
 ۱۸۵, ۱۸۴, ۱۳۸, ۱۱۲, ۵۷, ۵۳ Zibae, Saeid
 ۶۵, ۳۹ Zolfagharian, Hossein

۵۸ Pashaei, Maryam
 ۷۷, ۷۰ Reza, Langroudi Pilehchian
 ۱۳۱ Pishraft-Sabet, Leila
 ۱۶۶, ۱۶۳, ۱۴۹, ۱۴۵, ۱۱۶, ۱۰۷, ۳۸ Pourbakhsh, Seyed Ali
 ۱۴۸, ۱۴۴, ۱۱۱, ۹۳ Ranjbar, Mohammad Mehdi
 ۱۴۰ Razmaraii, Naser
 ۶۶ Rezaei Mokarram, Ali
 ۱۹۳ Azam, Sabaghi
 ۱۲۱, ۹۴ Sadigh, Zohreh-Azita
 ۱۷۱ Salehi-Najafabadi, Zahra
 ۸۰ Seyyedini, Mohammad
 ۱۳۲, ۲۹, ۲۴ Shahali, Youcef
 ۱۲۱ Shahbazi, Reza
 ۱۲۱ Shahkarami, Mohammad-Kazem
 ۱۹۰, ۱۸۷, ۱۴۲, ۱۰۹, ۹۰, ۶۴ Shahsavandi, Shahla
 ۱۴۵, ۱۲۹, ۴۱ Shamsaddini Bafti, Mehrdad
 ۱۲۱ Shayestehpour, Mohammad
 ۱۵۵ Shiri, Nadieh
 ۱۵۵, ۸۹ Shoushtari, Abdolhamid
 ۶۴ Soleimani, Sina

نمایه نام نویسندگان موسسه رازی در مقالات فارسی

شوشتری، عبدالحمید..... ۲۵۲, ۲۵۱, ۲۵۰, ۲۲۵, ۲۰۲	ابراهیمی، محمد..... ۲۲۷
شیرازی‌نژاد، علی..... ۲۴۹	اسحاقی، علی..... ۲۶۳, ۲۱۳
صدری، رویا..... ۲۶۴	اسدی، محمدرضا..... ۲۱۷
عالمیان، سعید..... ۲۶۱, ۲۲۹	اسمعیلی‌زاد، مجید..... ۲۲۶
عباسی، ابراهیم..... ۲۴۷, ۲۱۱	اصلی، اسماعیل..... ۲۶۴
عسکری، ابوذری..... ۱۹۸	افخم‌نیا، محمدرضا..... ۲۲۴
عطائی کچوئی، سعید..... ۲۲۸, ۲۱۹	باقری، شیرین‌دخت..... ۲۲۹
عظیمی‌دزفولی، محمود..... ۲۰۷	باقری‌نژاد، رامین..... ۲۲۹, ۲۱۸
عمادی، آناهیتا..... ۲۲۹, ۲۱۸	برومند آزاد، فرناز..... ۲۳۳
فرقانی، سعیده..... ۲۲۴	تبیانین، مجید..... ۲۴۳
فلاح‌مهرآبادی، محمدحسین..... ۲۴۸, ۲۳۵, ۲۳۱, ۲۰۹	تدین، کیوان..... ۲۳۳, ۲۲۲, ۲۰۶
فلاحی، روزبه..... ۲۲۱, ۲۱۵	توان، فرهنگ..... ۲۲۰
قادری، رایناک..... ۲۳۳	تهمتن، یحیی..... ۲۵۹, ۲۴۱, ۲۱۴
قائمی، شمس‌الدین..... ۲۰۶	ثعلبی، فاطمه..... ۲۴۴
قدیمی‌پور، رحیم..... ۲۵۸, ۲۴۰, ۱۹۹	جباری، احمدرضا..... ۲۵۸, ۲۲۶
کشاوری، روح‌اله..... ۲۲۲, ۲۱۲, ۲۰۶	جبل‌الورید، محمدحسن..... ۲۵۵
گودرزی، حمیدرضا..... ۲۵۷, ۲۳۰	حسن‌نیا، ابراهیم..... ۲۲۹, ۲۱۸
لطفی، محسن..... ۲۰۳	حسینی، سید داوود..... ۲۶۲
لونی، رحمن..... ۲۰۶	حسینی، محمد حسین..... ۲۲۰
متدین، محمدحسن..... ۲۱۹	حقیقی، سوسن..... ۲۲۴
محمد طاهری، محمد..... ۲۰۶	حمیدی، حمیده..... ۲۶۳
مخبرالصفاء، لادن..... ۲۵۶, ۲۲۴	خاکی، پژواک..... ۲۳۳
مرادی‌بیدهندی، سهیلا..... ۲۰۵	خفری، ابوالفضل..... ۲۲۹, ۲۱۸
مروتی، حسن..... ۲۲۳	خلیلی، ایرج..... ۱۹۹
مژگانی، ناهید..... ۲۴۶	داداش‌پوردواجی، نوید..... ۲۱۵
مسیحی‌پور، بهزاد..... ۲۳۰	دشتی‌پور، شجاعت..... ۲۱۰, ۲۰۶
مصورى، نادر..... ۲۲۲, ۲۱۶, ۲۱۲, ۲۱۰, ۲۰۶, ۲۰۴, ۲۰۱, ۱۹۸	دوستداری، سجاد..... ۲۲۹, ۲۱۸
معنویان، محسن..... ۲۲۰	ذوالفقاریان، حسین..... ۲۱۶
منصوری، محمدعلی..... ۲۲۱, ۲۱۵	ذوقی، اسماعیل..... ۲۲۷
منصوریان، مریم..... ۲۰۹, ۲۰۸	رشادی، سامرند..... ۱۹۸
مهروانی، همایون..... ۲۴۵	رضاییان، عباسعلی..... ۲۳۶
مهره‌کش حقیقت، مریم..... ۲۲۲	رضایی‌مکرم، علی..... ۲۵۷
نام‌آوری، محمدمهدی..... ۲۵۴, ۲۵۳, ۲۴۲, ۲۳۸, ۲۳۷, ۲۳۶	رنجبر، محمدمهدی..... ۲۲۸, ۲۱۹
نظری‌شیروان، علی..... ۲۵۷	زالی، سارا..... ۲۶۳
نوفلی، مجتبی..... ۲۵۷, ۲۳۳	زیبایی، سعید..... ۲۳۴, ۲۰۰
نویدپور، شاهرخ..... ۲۳۰	سختوتی، محمد..... ۲۳۳
نیکو داوود..... ۲۲۰	شاهمرادی، امیرحسین..... ۲۲۲
هاشمی، مجید..... ۲۲۰	شکری، غلامرضا..... ۲۳۳
یزدان‌پور، زهرا..... ۲۲۶	شکیبامهر، نفیسه..... ۱۹۸

یوسفی، احمد ۲۵۶

یوسفی، علیرضا ۲۱۵

نمایه نام مجلات انگلیسی

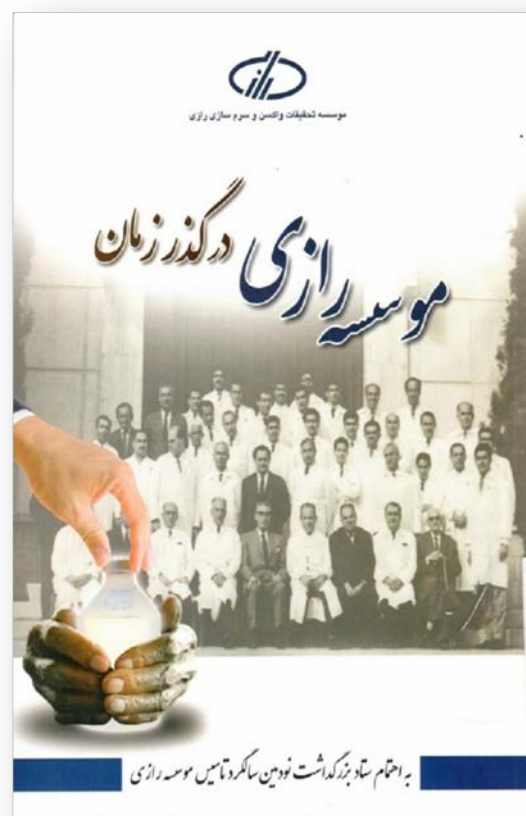
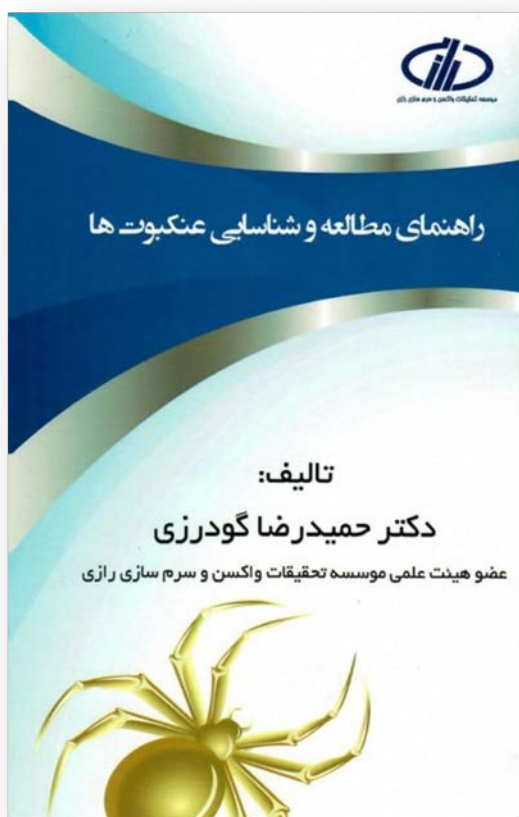
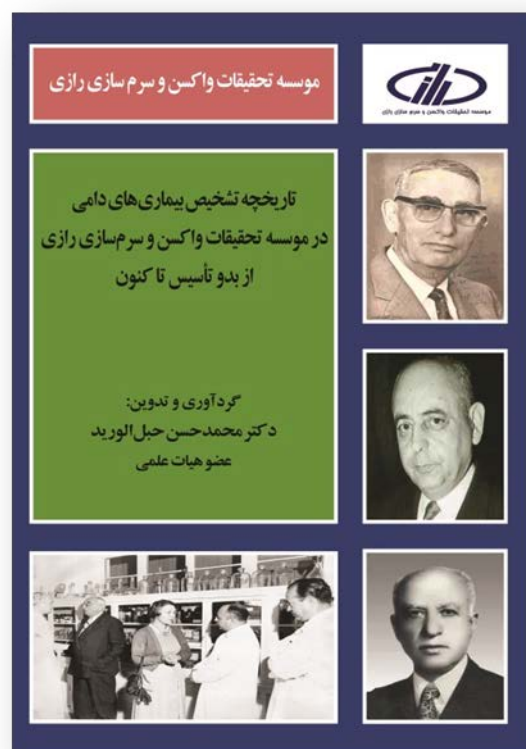
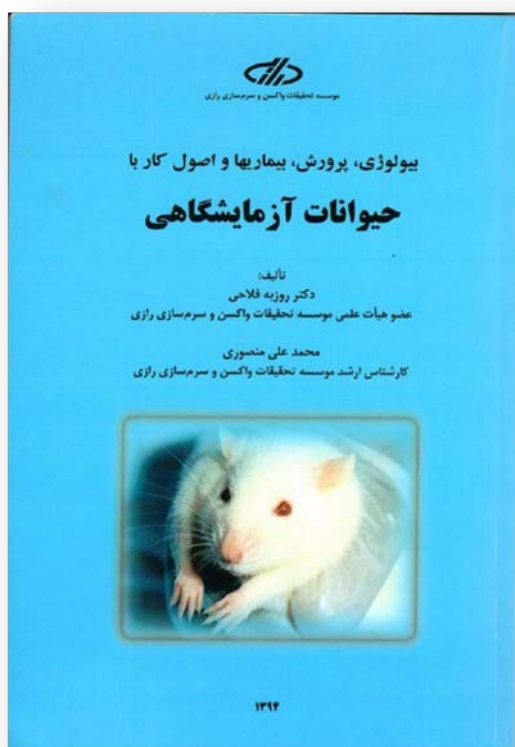
Fish & Shellfish Immunology	۳۶, ۳۵	Acta Virologica	۱۱۳, ۹۲
Food and Chemical Toxicology	۳۲	Agri Gene	۱۷۳
Gene	۶۹	Allergy :European Journal of Allergy and Clinical Immunology	۲۴
General and Comparative Endocrinology	۶۸	American Journal of Microbiological Research	۱۸۹
Genome Announcements.....	۱۵۷, ۱۵۶	Analytical and Bioanalytical Chemistry	۲۶
Gut Pathogens.....	۴۹	Animal and Veterinary Sciences.....	۱۷۶
Hepatology	۱۳۱	Animal Production Science	۴۱
Herpetozoa	۵۲	Animal Reproduction	۴۰
Indo American Journal of Pharmaceutical Sciences.....	۱۲۸	Annual Research and Review in Biology	۱۷۴
Infectious Disease Reports	۱۲۳	Applied Food Biotechnology	۱۲۵
International Immunopharmacology	۴۵	Aquaculture Research.....	۷۹, ۷۸
International Journal of Basic Science in Medicine.....	۱۸۳	Archives of Razi Institute , ۱۴۸, ۱۴۷, ۱۴۶, ۱۴۵, ۱۴۴, ۱۴۰, ۱۶۴, ۱۶۳, ۱۶۲, ۱۵۵, ۱۵۴, ۱۵۲, ۱۵۱, ۱۵۰, ۱۴۹, ۱۶۸, ۱۶۷, ۱۶۶, ۱۶۵	
International Journal of Biological Macromolecules.....	۳۳	Archives of Virology.....	۷۵, ۷۴, ۶۱, ۶۰, ۵۹, ۵۸
International Journal of Biology Research	۱۹۳	Artificial Cells, Nanomedicine and Biotechnology ۴۶, ۴۳, ۴۲	
International Journal of Cancer Management.....	۱۲۴	Asian Pacific Journal of Cancer Prevention	۱۳۴
International Journal of Infection	۱۸۵, ۱۸۴	Asian Pacific Journal of Tropical Disease	۱۵۳
International Journal of Scientific and Engineering Research	۱۹۲	Assay and Drug Development Technologies	۱۰۱
Iranian Journal of Allergy, Asthma and Immunology	۱۱۱	Avian Pathology.....	۳۸
Iranian Journal of Applied Animal Science	۱۷۲	Avicenna Journal of Medical Biotechnology.....	۱۳۶
Iranian Journal of Medical Microbiology	۱۷۸	Biologicals	۶۴, ۶۳
Iranian Journal of Medical Sciences.....	۱۵۸, ۱۳۰	Biomedicine and Pharmacotherapy	۴۴
Iranian Journal of Microbiology	۱۷۷	Biotechnology and Health Sciences.....	۱۹۵
Iranian Journal of Pharmaceutical Research ... , ۱۰۴, ۹۸, ۹۰, ۱۰۵		Bulgarian Journal of Veterinary Medicine.....	۱۶۱
Iranian Journal of Science and Technology	۱۸۱	Cellular and Molecular Biology	۹۹
Iranian Journal of Veterinary Research	۸۷	Clinical Laboratory	۱۰۶
Iranian Journal of Veterinary Science and Technology....	۱۸۲	Clinical Reviews in Allergy and Immunology	۱۳۲
Iranian Journal of Virology.....	۱۹۰, ۱۸۷	Comparative Clinical Pathology	۱۵۹, ۱۴۳, ۱۴۲
Iranian Red Crescent Medical Journal.....	۱۱۲	Current Pharmaceutical Biotechnology.....	۶۵
Japanese Journal of Infectious Diseases.....	۹۱	Current Pharmaceutical Design	۳۹
Journal of Advances in Biology and Biotechnology	۱۸۶	Current Regenerative Medicine.....	۱۷۵
Journal of Agricultural Science and Technology.....	۵۷	Der Pharma Chemica	۱۷۰
Journal of Aquatic Food Product Technology	۱۱۴	Environmental Research	۳۷
Journal of Arthropod-Borne Diseases	۸۴, ۸۳, ۸۲, ۸۱	Environmental Science and Pollution Research	۴۷
Journal of Basic Microbiology.....	۱۰۰	European Poultry Science.....	۱۱۶
Journal of Biological Chemistry.....	۱۷۱	Fetal and Pediatric Pathology.....	۱۱۵
Journal of cell Communication and Signaling	۷۰		

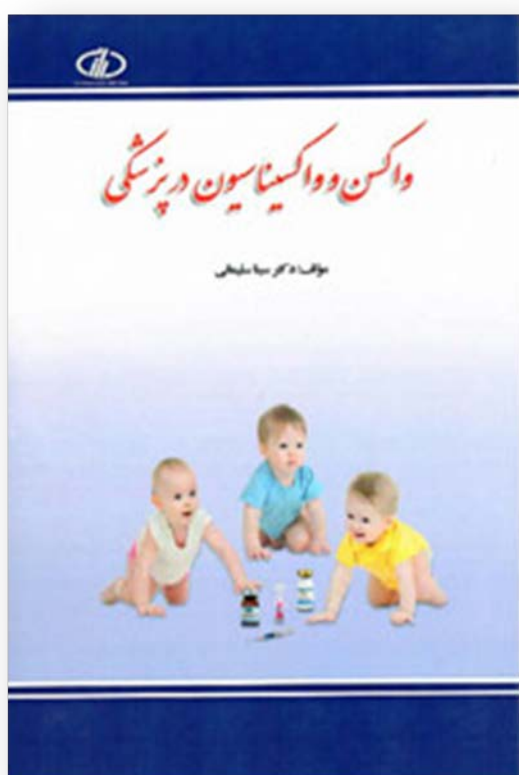
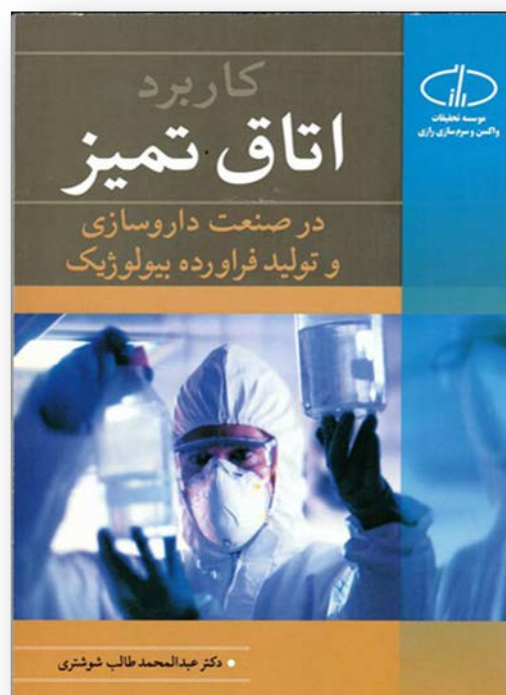
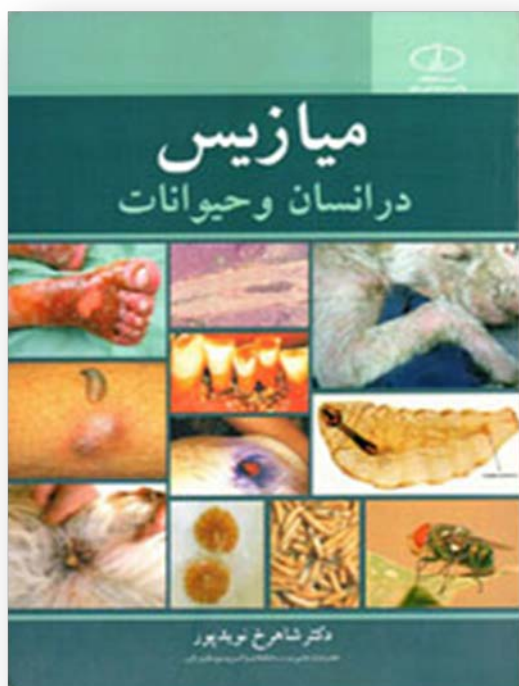
Thai Journal of Veterinary Medicine.....	۹۷	Journal of Chromatography A	۳۴
Theriogenology	۲۷	Journal of Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine	۱۳۹, ۱۳۸
Toxicon	۷۱	Journal of Fundamental and Applied Sciences	۱۲۲
Toxin Reviews	۷۶, ۶۲	Journal of Genetics.....	۹۶
Trends in Food Science and Technology.....	۳۰	Journal of Immunotoxicology.....	۱۴۱
Tropical Animal Health and Production.....	۵۶, ۵۵, ۵۴	Journal of Livestock Science.....	۱۲۹
Tropical Animal Health Production.....	۱۹۱	Journal of Parasitic Diseases	۱۶۹
Tropical Biomedicine	۱۱۸	Journal of Proteomics.....	۲۹
Turkish Journal of Biochemistry-Turk Biyokimya Dergisi .	۱۱۹	Journal of Research in Health Sciences	۱۲۱
Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences	۸۸	Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society	۱۲۰
Veterinary Research Forum	۱۱۷, ۹۴, ۹۳	Journal of the Iranian Chemical Society	۶۶
Viral Immunology.....	۱۰۳	Jundishapur Journal of Microbiology..	۱۱۰, ۱۰۹, ۱۰۸, ۱۰۷
Virus Genes	۱۰۲, ۸۹	Laboratory Animals	۵۰
Virus Research.....	۶۷	Microbial Pathogenesis.....	۷۳, ۷۲
		Modern Medical Laboratory Journal	۱۹۴
		Natural Product Research.....	۱۳۷
		Onderstepoort Journal of Veterinary Research.....	۵۳
		Organic Chemistry Research	۱۸۸
		Oriental Journal of Chemistry.....	۱۲۷
		Osong Public Health and Research Perspectives.....	۱۳۵
		Pakistan Veterinary Journal	۵۱
		Pan African Medical Journal.....	۱۲۶
		Persian Journal of Acarology.....	۱۳۳
		Probiotics and Antimicrobial Proteins.....	۴۸
		Protein Engineering, Design and Selection	۷۷
		Recent Patents on Endocrine, Metabolic and Immune Drug Discovery.....	۱۷۹
		Research in Molecular Medicine	۱۸۰
		Research in Veterinary Science	۲۸
		Research Journal of Pharmacognosy	۱۹۶
		Reviews in Fisheries Science and Aquaculture	۲۵
		Reviews in Medical Microbiology.....	۹۵
		Revista Brasileira de Zootecnia-Brazilian Journal of Animal Science.....	۸۶
		Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical.....	۸۰
		Revue de Medecine Veterinaire	۱۶۰
		Scientific Reports	۳۱
		Small Ruminant Research	۸۵

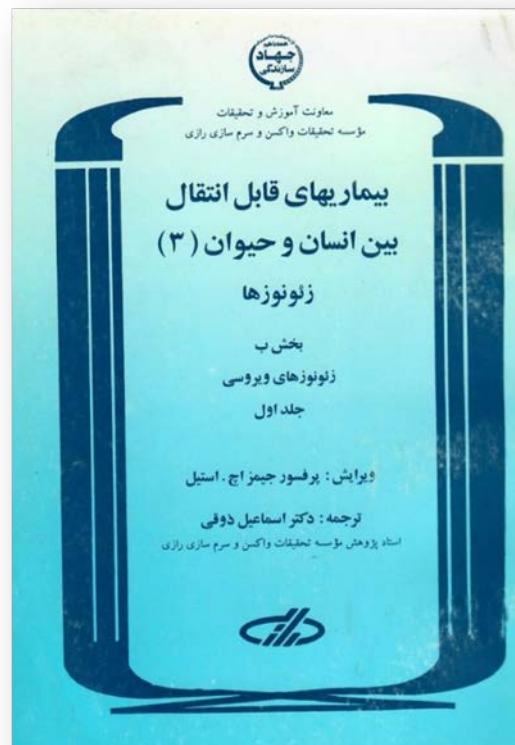
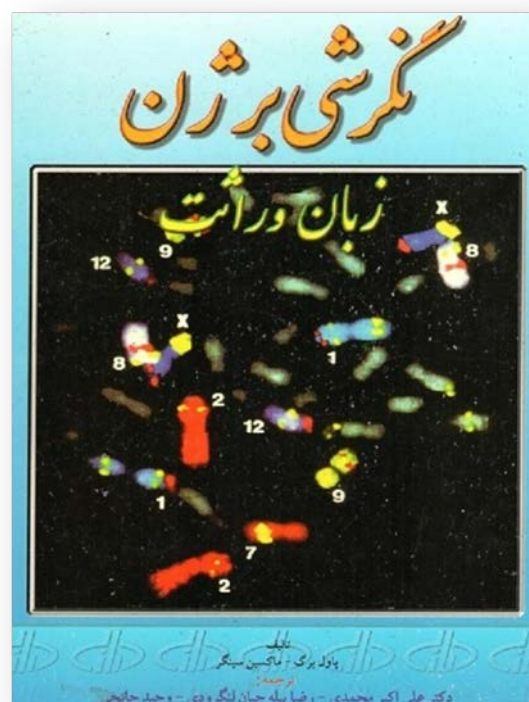
نمایه نام مجلات فارسی

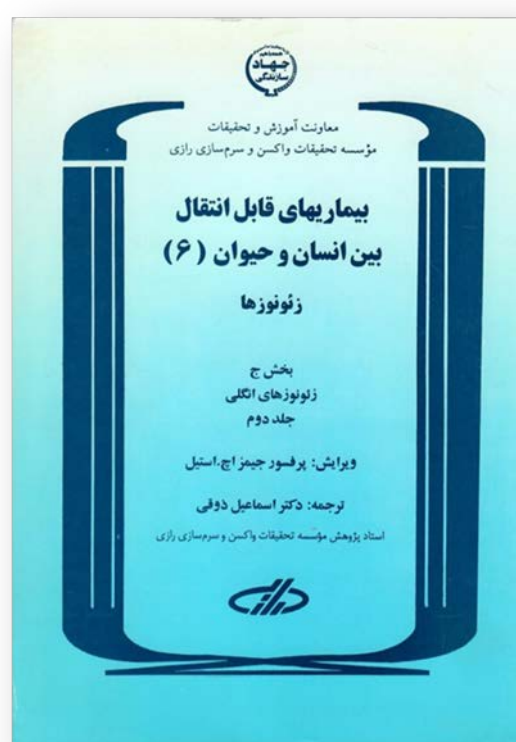
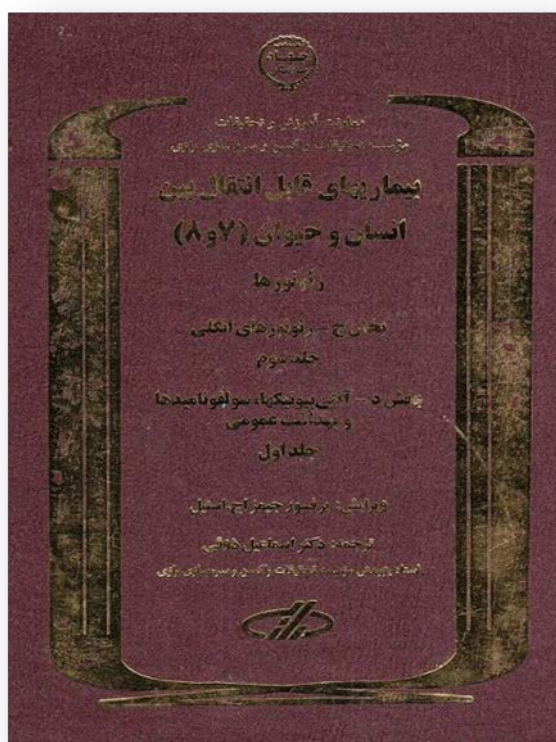
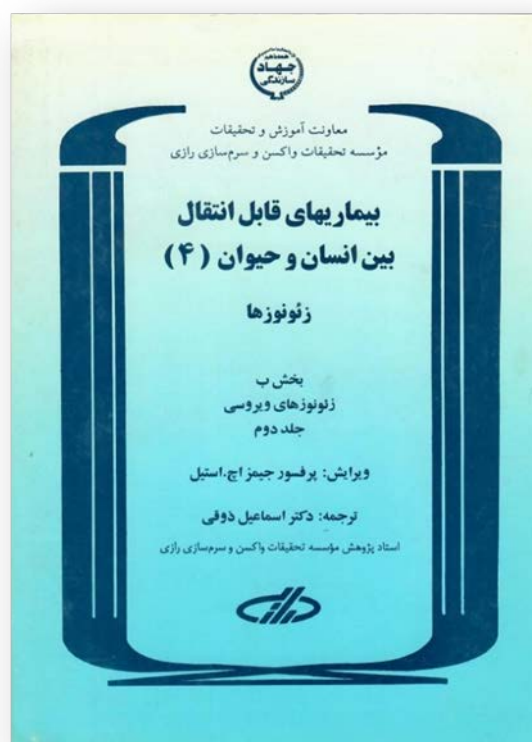
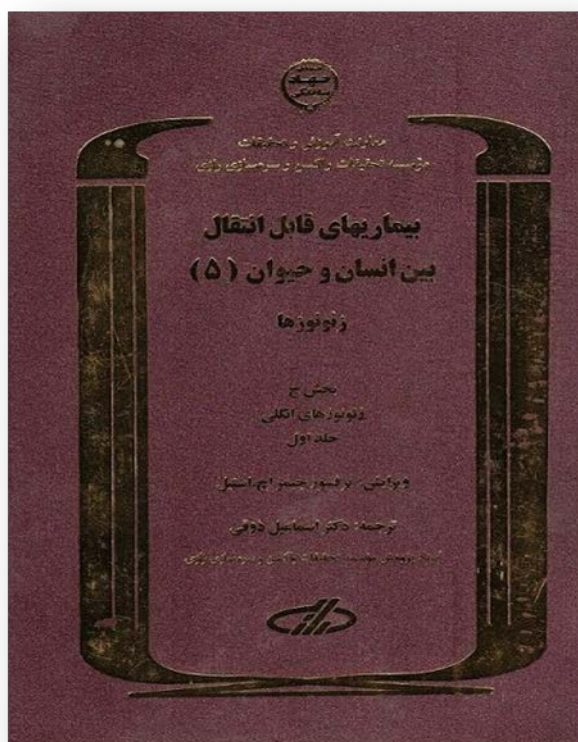
- اپیدمیولوژی ایران ۲۳۷, ۲۵۰
- آفت‌کش‌ها در علوم گیاهپزشکی ۲۶۵
- پاتوبیولوژی مقایسه‌ای ۲۱۴
- پژوهش‌های تولیدات دامی ۲۰۰, ۲۰۱, ۲۰۲
- تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک ۲۱۶, ۲۱۷, ۲۱۸,
- ۲۱۹, ۲۲۰, ۲۲۱, ۲۲۲, ۲۲۳, ۲۲۴, ۲۲۵, ۲۲۶, ۲۲۷,
- ۲۲۸, ۲۲۹, ۲۳۰, ۲۳۱, ۲۳۲, ۲۳۳, ۲۳۸, ۲۳۹, ۲۴۰,
- ۲۴۱, ۲۴۲, ۲۴۳, ۲۴۴, ۲۵۱, ۲۵۲, ۲۵۳, ۲۵۴, ۲۵۵
- تعامل انسان و اطلاعات ۲۵۸
- دنیای میکروب‌ها ۲۶۱
- زیست فناوری دانشگاه تربیت مدرس ۲۵۹, ۲۶۴
- زیست‌شناسی میکروارگانیسم‌ها ۲۳۴, ۲۴۷
- سلول و بافت ۲۴۶
- علوم دامی ایران ۲۴۸
- علوم درمانگاهی دامپزشکی ایران ۲۶۰
- فیض ۲۵۶
- مجله تحقیقات دامپزشکی ۲۰۳, ۲۰۴
- مجله دامپزشکی ایران ۲۰۵, ۲۰۶
- مجله دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی تهران ۲۵۷
- مجله دانشگاه علوم پزشکی قم ۲۱۲, ۲۱۳
- مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران ۲۳۶, ۲۴۹
- مجله دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید
- صدوقی یزد ۲۴۵
- مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی ایلام ۲۱۰, ۲۱۱
- مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی
- قزوین ۲۳۵
- مجله علوم پزشکی رازی ۲۶۶
- میکروب‌شناسی پزشکی ایران ۲۶۲, ۲۶۳
- میکروبیولوژی دامپزشکی ۲۰۷, ۲۰۸, ۲۰۹
- یافته ۲۱۵

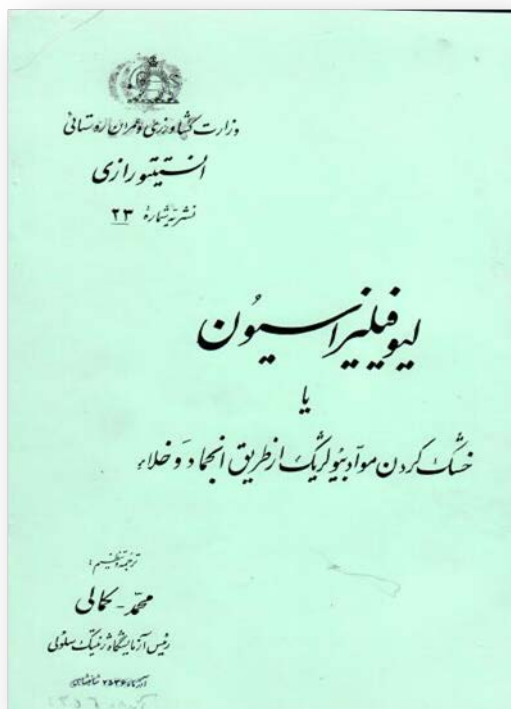
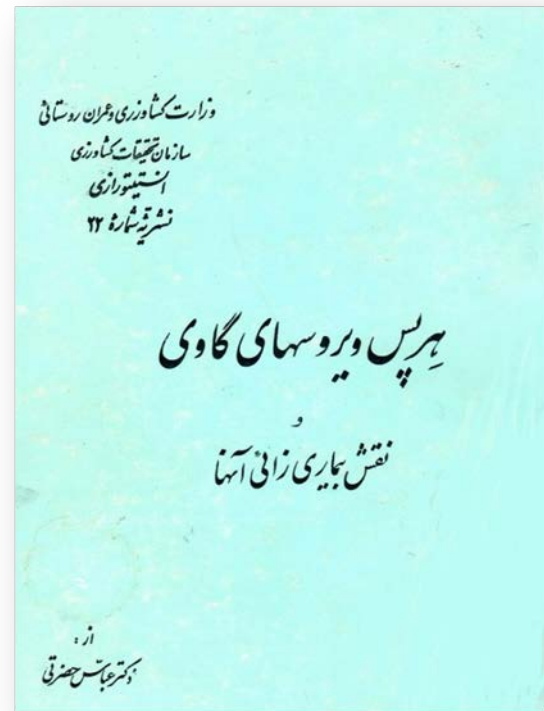
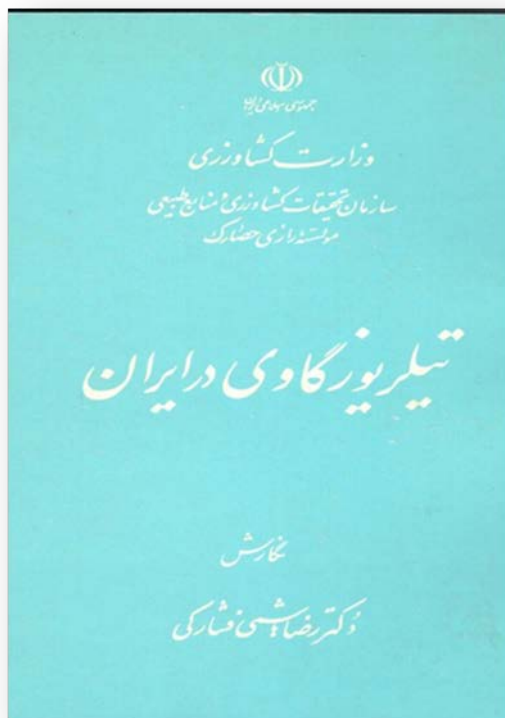
سایر کتاب های منتشر شده













Razi Vaccine & Serum Research Institute

Article abstracts of Razi Vaccine and Serum Research Institute In 2017

**Deputy of Research and Technology
Department of Research, Development and
Technology**

Article abstracts of
Razi Vaccine and Serum Research Institute
in 2017

Deputy of Research and Technology
Department of Research, Development and Technology