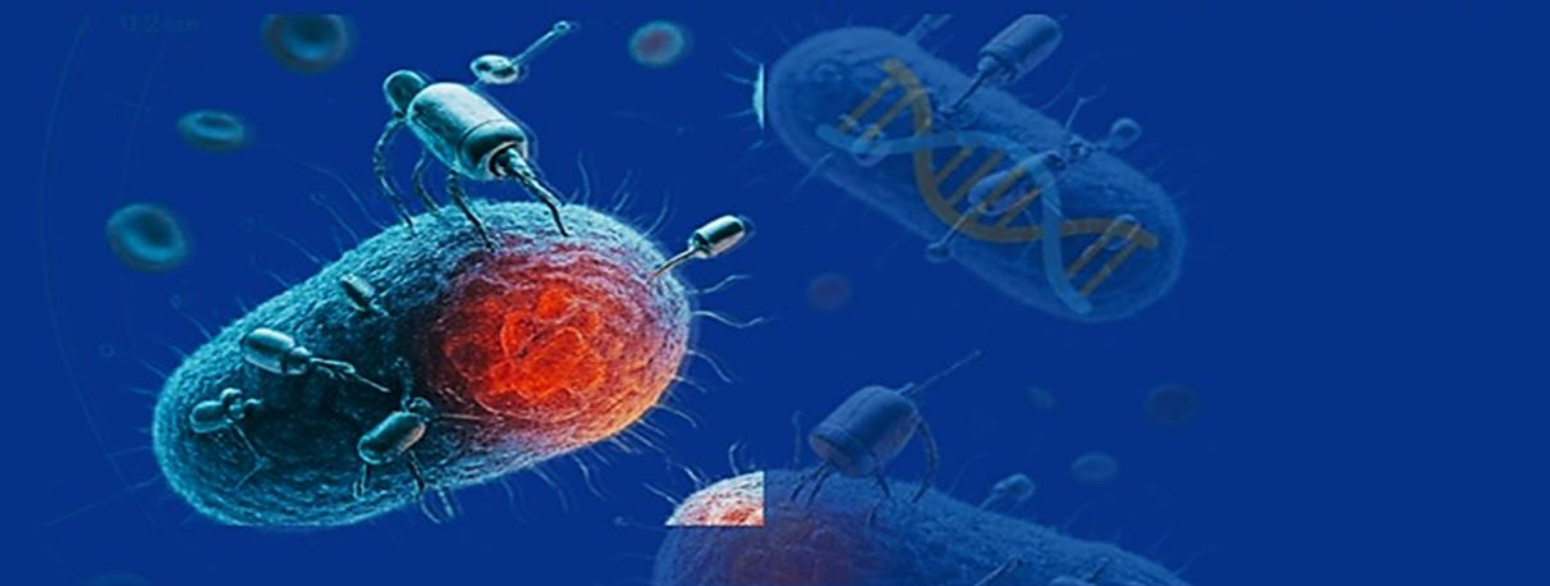




4th National & 1st International Congress of

APPLIED MICROBIOLOGY



Abstract Book



14 & 15 May 2025 – Isfahan, Iran



Congress Address:

Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products

Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Address:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran, Iran



amc2025.ui.ac.ir



Economic Cooperation Organization
Science Foundation



Network on Research & Postgraduate
Education & Environment/Health

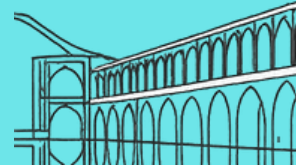


04240-
29749



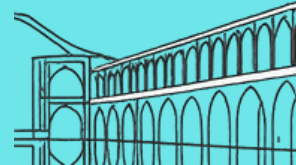
فهرست

- Biogas Production from Landfill Leachate and Food Waste Using Integrated Biofilter Media and Machine Learning Optimization ۱۰۰۱.....
- تولید بیوگاز از شیرابه زباله‌دانی و ضایعات غذایی با استفاده از رسانه‌های بیوفیلتر یکپارچه و بهینه‌سازی با یادگیری ماشین ۱۰۰۲.....
- Natural art: Actinobacterial nano-biofertilizer ۱۰۰۳.....
- هنر طبیعت: نانوبیو کود اکتینوباکتریایی ۱۰۰۴.....
- Role of Bacterial Biofilms in Environment Protection and Sustainable Development ۱۰۰۵.....
- نقش بیوفیلم های باکتریایی در حفاظت از محیط زیست و توسعه پایدار ۱۰۰۶.....
- Application of Microbial Enzymes for Treatment of Human Cancers ۱۰۰۷.....
- کاربرد آنزیم های میکروبی در درمان سرطان های انسانی ۱۰۰۸.....
- The Role of Microorganisms in Ecological Risk Assessments of Oil Pollutants in the Terrestrial Ecosystem ۱۰۰۹.....
- نقش میکروارگانیسم ها در ارزیابی خطرات اکولوژیک آلاینده های نفتی در اکوسیستم خاکی ۱۰۱۰.....
- The role of microorganisms in the circular economy and processes for resource recovery ۱۰۱۱.....
- نقش میکروب‌ها در اقتصاد چرخشی و فرایندهای بازیافت مواد ۱۰۱۲.....
- Measures to Identify and Prevent Microbial Contamination in Food Factories ۱۰۱۳.....
- اقدامات جهت شناسایی و جلوگیری از آلودگی میکروبی در کارخانه های مواد غذایی ۱۰۱۴.....
- igninolytic Genomic analysis and evaluation of kraft lignin depolymerization by biofilm forming-
۱۰۱۵.....*Bacillus* sp. strain PPSBB_11 isolated from pulp-paper mill sludge
- تحلیل ژنومی و ارزیابی تجزیه دپولیمز گرفت لیگنین توسط باکتری *Bacillus* sp. سویه PPSBB_11 تشکیل دهنده بیوفیلم از لجن کارخانه کاغذسازی ۱۰۱۶.....
- Molecular characterization of Chitinase Operon of *Bacillus pumilus* ۱۰۱۷.....
- شناسایی ملکولی اپرون کیتیناز باکتری *Bacillus pumilus* غلامرضا احمدیان ۱۰۱۸.....
- Application of polyhydroxyalkanoates polymer produced by a luminescent *Vibrio*: A model for controlled release ۱۰۱۹.....
- پلی هیدروکسی آلکانوات تولید شده توسط باکتری ویبریوی /لومینسانس: مدلی برای رهایش کنترل شده ۱۰۲۰.....
- Mechanisms and biological functions of probiotics in human health and diseases ۱۰۲۱.....
- مکانیسم ها و عملکردهای بیولوژیکی پروبیوتیک ها در سلامت و بیماری های انسان ۱۰۲۲.....
- Fermentation and Biotechnology: Innovative Pathways Toward Sustainability Mehrdad Azin¹ ۱۰۲۳.....
- تخمیر و بیوتکنولوژی: مسیرهای نوآورانه به سوی پایداری ۱۰۲۴.....
- The Effect of Phage Therapy on Eukaryotic Cells and Especially the Immune System ۱۰۲۵.....
- اثر فآژتراپی بر روی سلول های یوکاریوتی به ویژه سیستم ایمنی ۱۰۲۶.....
- The Combination of Nanotechnology with Bioremediation for Fast and Efficient Degradation of Petroleum Hydrocarbons ۱۰۲۷.....
- تلفیق نانوتکنولوژی با زیست پالایی برای تجزیه سریع و موثر هیدروکربن‌های نفتی ۱۰۲۸.....
- Cell Free and Cell-Based Protein Expression Systems for Production of Recombinant Antioxidants ۱۰۲۹..



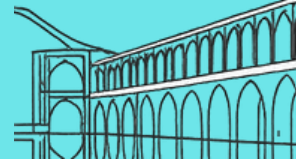


- سیستم‌های بیان پروتئین بدون سلول و مبتنی بر سلول برای تولید آنتی‌اکسیدان‌های نو ترکیب ۱۰۳۰.....
- Phage therapy: A New approach in the treatment of antibiotic-resistant infections ۱۰۳۱.....
- فاژ درمانی : دیدگاهی جدید در درمان عفونت های مقاوم به درمان با آنتی بیوتیک ۱۰۳۲.....
- Developments, Challenges and Perspectives of the Uranium Ore Microbial Leaching ۱۰۳۳.....
- پیشرفت ها، چالش ها و چشم اندازهای فروشویی میکروبی کانسنگ اورانیوم ۱۰۳۴.....
- agents biocontrol ray irradiation for genetic modification of microbial Application of gamma ۱۰۳۵.....
- کاربرد پرتوتابی با پرتوگاما در اصلاح ژنتیکی عوامل بیوکنترل میکروبی ۱۰۳۶.....
- Downstream operations for manufacturing industrial bioproducts: challenges and achievements ۱۰۳۷.....
- فرآیندهای پایین دستی تولید زیست فرآورده های صنعتی: چالش ها و موفقیت ها ۱۰۳۸.....
- Phage cocktail reduces ciprofloxacin resistant *Shigella* infection by specific diminishing bacterial ۱۰۳۹ invasion, intercellular inactivation in human epithelial cells and modulate the inflammation response
- کوکتل فاژ در کاهش عفونت شیگلا مقاوم به سیپروفلوکساسین از طریق کاهش اختصاصی تهاجم باکتری، غیر فعال کردن ۱۰۴۰.....
- درون سلولی در سلول های اپیتلیال انسانی و تنظیم پاسخ التهابی ۱۰۴۱.....
- Potential Antimicrobial Mechanisms of Plant EVs: A meta-Analysis Study ۱۰۴۱.....
- مکانیسم های احتمالی اثرات ضد میکروبی وزیکول های خارج سلولی گیاهان: یک مطالعه متاآنالیز ۱۰۴۲.....
- Evaluation of antiviral effect of *Helianthus tuberosus* extract on Herpes simplex virus type 1 ۱۰۴۳.....
- بررسی اثر ضد ویروسی عصاره گیاهی *Helianthus tuberosus* بر ویروس هرپس سیمپلکس تیپ ۱ ۱۰۴۴.....
- (04890269)-Investigation of *Acetobacter senegalensis* LMG 23690T effect on modulation of anti-inflammatory response in a rat model ۱۰۴۵.....
- ۴۸۹۰۲۶۹- بررسی اثر استوباکتر سنغال/نسیس LMG 23690T در تعدیل پاسخ ضد التهابی در یک مدل رت ۱۰۴۶.....
- (09070718)-The Significance of Probiotics in the Transmission of Antimicrobial Resistance Genes ۱۰۴۷.....
- ۹۰۷۰۷۱۸- اهمیت پروبیوتیک ها در انتقال ژن های مقاومت آنتی میکروبی ۱۰۴۸.....
- (04390243)-Studying the effect of physiological conditions (light and temperature) on the production and ۱۰۴۹.....
- herbicidal properties of the siderophore produced by a rare actinomycete, *Amycolatopsis lorida* (04390243)- بررسی تاثیر شرایط فیزیولوژیکی (نور و دما) بر تولید و خواص علف کشی سیدروفور تولید شده توسط اکتینومایست ۱۰۵۰.....
- کمیاب، آمیکولاتوپسیس/لوریدا ۱۰۵۰.....
- (04500491)- Screening of bacteria isolated from *Haliclona* sp. Persian Gulf sponge for production of ۱۰۵۱.....
- antibacterial bioactive molecules ۱۰۵۱.....
- ۴۵۰۰۴۹۱- غربالگری باکتری های جدا شده از اسفنج *Haliclona* sp. خلیج فارس برای تولید مولکول های فعال زیستی ۱۰۵۲.....
- ضدباکتری ۱۰۵۲.....
- (00120704)-Increasing the productivity rate of Pestalan exopolysaccharide production from ۱۰۵۳.....
- Neopestalotiopsis* sp. strain SKE-15 by Bench-Top fermentor system ۱۰۵۳.....
- ۱۲۰۷۰۴- افزایش نرخ بهره وری تولید اگزوپلی ساکارید پستالان در کشت *Neopestalotiopsis* SKE-15 توسط تخمیر در ۱۰۵۴.....
- فرمانتور ۱۰۵۴.....
- (01890153)-Genome mining of secondary metabolite biosynthetic genes in plasmids of *Actinomycetota* ۱۰۵۵.....
- ۱۸۹۰۱۵۳- ژنوم کاوی ژن های بیوسنتزی متابولیت های ثانویه در پلاسمیدهای *Actinomycetota* ۱۰۵۶.....





- (02110038)- Evaluation of aflatoxin M1 in industrial and traditional milk by ELISA and evaluation of
۱۰۵۷..... *Aspergillus flavus* contamination in milk in Yazd province
- ۰۲۱۱۰۰۳۸- ارزیابی آفاتوکسین M1 در شیر صنعتی و سنتی با روش الیزا و بررسی آلودگی *آسپرژیلوس فلاووس* در شیر
۱۰۵۸..... استان یزد
- ۱۰۵۹..... (07000423)- Bacteriophages and food biosafety in application
- ۱۰۶۰..... ۰۷۰۰۰۴۲۳- باکتریوفاژها و امنیت زیستی مواد غذایی در عمل
- (09130723)-Therapeutic Potential of Lytic Bacteriophage fThrA Against XDR *Acinetobacter baumannii*
۱۰۶۱..... in a Rat Burn Model
- ۰۹۱۳۰۷۲۳- بررسی پتانسیل درمانی باکتریوفاژ لیتیک fThrA علیه *Acinetobacter baumannii* مقاوم به درمان در مدل
۱۰۶۲..... سوختگی موش صحرایی
- (00990584)-The Effect of Exogenous Gibberellic Acid on the Activity of Some Antioxidant Enzymes in
۱۰۶۳..... Edible Oyster Mushroom (*Pleurotus florida* P. Kumm.)
- ۰۰۹۹۰۵۸۴- اثر جیبرلیک اسید اگزوزن بر فعالیت برخی آنزیمهای آنتی اکسیدان در قارچ صدفی خوراکی (*Pleurotus florida*)
۱۰۶۴..... (P. Kumm.
- Genetic characterization of an extensively drug-resistant uropathogenic *Escherichia coli* isolate in Iraq
۱۰۶۵..... using whole genome sequencing
- بررسی خصوصیات ژنتیکی یک جدایه/شرشیا کلی مولد عفونت ادراری دارای مقاومت گسترده دارو در عراق با روش تعیین توالی
۱۰۶۶..... کل ژنوم
- ۱۰۶۷..... A review on infection with *Nocardia asteroides* in fishes, with an emphasis on Iranian fish
- ۱۰۶۹..... (04560292)-Application of Artificial Intelligence (AI) in Microbiology and Medicine
- ۱۰۷۰..... ۰۴۵۶۰۲۹۲- کاربرد های هوش مصنوعی در میکروبیولوژی و پزشکی
- (03580260)- Optimization of Recombinant Production of the Peptide Toxin MeICT in *Escherichia coli*
۱۰۷۱.....
- ۱۰۷۲..... ۰۳۵۸۰۲۶۰- بهینه سازی تولید نو ترکیب توکسین پپتیدی MeICT در باکتری/شرشیا کلی
- (04300251)-Biological control of *Ruthia mucilaginosa* as an oral pathogen by *Saccharomyces cerevisiae*
۱۰۷۳.....
- ۰۴۳۰۰۲۵۱- کنترل بیولوژیک باکتری روتیا موسیلاژینوزا به عنوان پاتوژن دهان و دندان توسط مخمر ساکارومایسس سرویزیه
۱۰۷۴.....
- 02170092-Functional metagenomics study of polyethylene- degrading microbial samples, collected from
۱۰۷۵..... polluted sites
- ۰۲۱۷۰۰۹۲- بررسی متاژنومیکس عملکردی نمونه های میکروبی تجزیه کننده پلاستیک پلی اتیلن، جمع آوری شده از محیط های
۱۰۷۶..... آلوده
- (06310413)- Bioactive Properties of Iranian *Lentinus tigrinus*: Six Years of Research and Future
۱۰۷۷..... Directions
- ۰۶۳۱۰۴۱۳- خواص زیست فعال قارچ لنتینوس تیگرینوس (*Lentinus tigrinus*) بومی ایران: شش سال پژوهش و مسیرهای
۱۰۷۸..... آینده
- ۱۰۷۹..... Bacteriophages: Intelligent Weapons in Future Medicine's Battle Against Superbugs and Cancer





- ۱۰۸۰ باکتریوفاژها: سلاح‌های هوشمند آینده پزشکی در جنگ با ابرمیکروبها و سرطان
- ۱۰۸۱ Psychobiotics: neurotransmitter producing probiotics
- ۱۰۸۲ سایکوبیوتیک‌ها: پروبیوتیک‌های تولیدکننده انتقال‌دهنده‌های عصبی
- ۱۰۸۳ Transforming Waste into Value-Added Products: Biorefineries for a Sustainable Future
- ۱۰۸۴ تبدیل ضایعات به محصولات با ارزش افزوده: پالایشگاه‌های یستی برای یک آینده پایدار
- ۱۰۸۵ Bacteriophages: Past, Present and Future
- ۱۰۸۶ باکتریوفاژها: گذشته، حال و آینده
- ۱۰۸۷ Bioremediation of Soils Contaminated with Petroleum Compounds, from the Laboratory to Industry
- ۱۰۸۸ پاکسازی زیستی خاک‌های آلوده به ترکیبات نفتی، از آزمایشگاه تا صنعت
- ۱۰۸۹ Bioconvergence: Co-creating a Sustainable Future with Nature's Microarchitecture
- ۱۰۹۰ همگرایی زیستی: هم‌آفرینی آینده پایدار با ریزمعمار طبیعت



Congress Address:

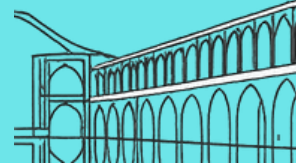
Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products
Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Office:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran,



Research Center For Natural &
Biopharmaceutical Products





4th National Congress &
1th International Congress of

APPLIED MICROBIOLOGY

14th & 15th May 2025 – Isfahan, Iran



Iranian society of
Microbial Science &
Technology



University
of Isfahan

سخنرانی‌ها



Congress Address:

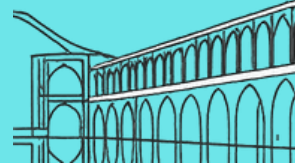
Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products
Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Office:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran,



Research Center For Natural &
Biopharmaceutical Products





Biogas Production from Landfill Leachate and Food Waste Using Integrated Biofilter Media and Machine Learning Optimization

Syazwani Idrus¹, Nur Ain Fitriah Zamrisham¹

¹ Department of Civil Engineering, Faculty of Engineering, Universiti Putra Malaysia, MALAYSIA

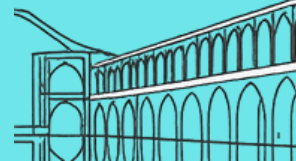
Corresponding author: Syazwani Idrus (syazwani@upm.edu.my)

' 1001

ABSTRACT

This study evaluates the feasibility of co-digesting landfill leachate and liquidised food waste in up-flow anaerobic sludge blanket (UASB) reactors. Batch experiments determined optimal substrate mixing ratios and support carrier integration, while continuous experiments assessed long-term impacts on methane production and digestate quality. Modified reactors incorporated red clay bio rings, ceramic bio rings, and lava rocks as support carriers. Co-digestion with ceramic bio rings notably improved biogas yield (2150 mL/d), specific methane production (293.30 mL CH₄/gCOD_{added}, >66.10% increase over conventional reactors), and COD removal (>80%) at an organic loading rate of 6 g/L/day. The Brunauer-Emmett-Teller (BET) analysis revealed ceramic bio rings had the highest surface area (7.87 m²/g). Artificial neural networks and support vector machines were applied to predict biogas production, with the SVM model achieving superior accuracy (R² = 0.986). The findings suggest that optimizing substrate ratios and selecting effective support media significantly enhances methanogenic activity, promoting renewable methane production and improved effluent quality.

Keywords: Liquidised foodwaste, Landfill leachate, Methane, Lava rock, Ceramic bio ring and red clay





تولید بیوگاز از شیرابه زباله‌دانی و ضایعات غذایی با استفاده از رسانه‌های بیوفیلتر یکپارچه و بهینه‌سازی با یادگیری

ماشین

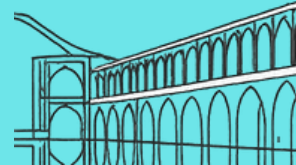
' 1002

سیازواینی ایدروس، نور آئین فطریاح زمريشم

چکیده

این مطالعه امکان‌سنجی هضم مشترک شیرابه زباله‌دانی و ضایعات غذایی مایع شده را در راکتورهای جریان رو به بالا با پوشش لجن بی‌هوازی (UASB) ارزیابی می‌کند. آزمایش‌های دسته‌ای نسبت‌های بهینه اختلاط بستر و ترکیب حامل‌های پشتیبان را تعیین کردند، در حالی که آزمایش‌های پیوسته تأثیرات بلندمدت بر تولید متان و کیفیت تفاله را ارزیابی کردند. راکتورهای اصلاح شده شامل حلقه‌های بیوفیلتر از جنس خاک رس قرمز، سرامیکی و سنگ‌های آتشفشانی به عنوان حامل‌های پشتیبان بودند. هضم مشترک با حلقه‌های سرامیکی بیوفیلتر به طور قابل توجهی بهره‌وری بیوگاز (۲۱۵۰ میلی‌لیتر در روز)، تولید ویژه متان (۲۹۳.۳۰ میلی‌لیتر متان به ازای هر گرم COD اضافه شده، افزایش بیش از ۶۶.۱۰٪ نسبت به راکتورهای معمولی (و حذف COD بیش از ۸۰٪) را در نرخ بارگذاری آلی ۶ گرم بر لیتر در روز بهبود بخشید. تحلیل BET نشان داد که حلقه‌های سرامیکی بالاترین سطح ویژه (۷.۸۷ متر مربع بر گرم) را دارند. شبکه‌های عصبی مصنوعی و ماشین بردار پشتیبان برای پیش‌بینی تولید بیوگاز به کار رفتند که مدل SVM دقت بالاتری با $R^2 = 0.986$ نشان داد. یافته‌ها نشان می‌دهند که بهینه‌سازی نسبت بستر و انتخاب حامل‌های پشتیبان مؤثر به طور قابل توجهی فعالیت متانوژنی را افزایش داده و به تولید متان تجدیدپذیر و بهبود کیفیت پساب کمک می‌کنند.

واژگان کلیدی: ضایعات غذایی مایع شده، شیرابه زباله‌دانی، متان، سنگ آتشفشانی، حلقه بیوفیلتر سرامیکی و خاک رس قرمز





Natural art: Actinobacterial nano-biofertilizer

Tamkeen Zahra¹, Alireza Badeiei³, Kazem Mahdigholi², Javad Hamed¹

' 1003

1 Department of Translational Biology (Dept. of Microbial Biotechnology), School of Biology, College of Science, University of Tehran, Tehran, Iran

2 Department of Plant Biology, School of Biology, College of Science, University of Tehran, Tehran, Iran

3 School of Chemistry, College of Science, University of Tehran, Tehran, Iran

Corresponding author: Javad Hamed (jhamed@ut.ac.ir)

ABSTRACT

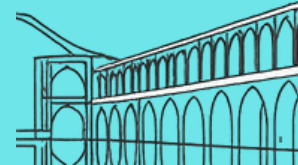
Background and aim: Translational biology aims to provide biological solutions to address societal challenges, such as drought and soil salinity, which reduce agricultural productivity. This research was inspired by nature, considering the enhanced ability of symbiotic organisms to withstand harsh conditions.

Materials and Methods: The roots of 21 desert plants were disinfected, crushed, and cultured. The plant-growth promoting ability of the resulting actinobacterial isolates was measured through primary and secondary screenings in plates, pots, and fields. The spores of the selected strains were coated with Nanomontmorillonite and glycerol. The biological properties of the actinobacterium-nanoclay hybrid as well as its physicochemical properties were evaluated by FTIR, Raman spectroscopy, and SEM.

Results: A total of 123 Endophytic actinobacteria were isolated from 21 desert plants, and three strains were selected that were 98.2, 98.4 and 100% similarity to *Streptomyces chromofuscus*, *Streptomyces ambofaciens* and *Streptomyces gardneri*, respectively. These strains enhanced sunflower resistance to salinity and drought by varying degrees. In both greenhouse and field experiments, single or consortia of the isolates increased stem length, flower diameter, weight and chlorophyll, protein and oil content in sunflower compared to the control. Sunflower treated with the *Streptomyces gardneri*-Nanoclay chimera also exhibited improved agronomic characteristics. The physicochemical analysis of the nanobiofertilizer confirmed the structural suitability and strong adhesion of its components.

Conclusion: Studying nature can reveal strategies to mitigate crises resulting from industrial activities. This research demonstrates that the symbiotic actinobacteria associated with *Pteropodium olivieri*, either alone or in combination together, or as a hybrid with nanoclay, can serve as an effective biofertilizer source.

Keywords: Actinobacteria, biofertilizer, clay, drought, *Pteropodium olivieri*, salinity, *Streptomyces*.





هنر طبیعت: نانوبیوکود اکتینوباکتریایی

زهرآ تمکین، علیرضا بدیعی، کاظم مهدیقلی، جواد حامدی

' 1004

چکیده

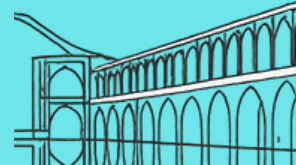
مقدمه و هدف: هدف زیست‌شناسی ترجمانی ارائه راه‌حل‌های زیستی برای رفع مشکلات جامعه، از جمله کمبود آب و شوری خاک است که سبب کاهش بهره‌وری کشاورزی شده است. این پژوهش با الهام از طبیعت و مشاهده افزایش توان موجودات زنده همزیست برای مقابله با شرایط دشوار انجام شده است.

مواد و روش‌ها: ریشه ۲۱ گیاه بیابانی ضد عفونی، خرد و کشت داده شد. توان جدایه‌های اکتینوباکتر حاصل برای افزایش رشد گیاهان در غربالگری اولیه و ثانوی در پلیت، گلدان و مزرعه سنجیده شد. اسپورهای سویه منتخب با کانی سدیم مونت‌مورینولیت و گلیسرول پوشش داده شد. ویژگی‌های زیستی هیبرید اکتینوباکتر-نانورس و نیز ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی آن با FTIR، طیف‌سنجی رامان، و SEM ارزیابی شد.

نتایج: از ۲۱ گیاه بیابانی ۱۲۳ اکتینوباکتر اندوفیت جدا شد و در نهایت سه سویه که به ترتیب ۹۸.۲، ۹۸.۴ و ۱۰۰ درصد به *Streptomyces chromofuscus*، *Streptomyces ambofaciens* و *Streptomyces gardneri* شباهت داشتند، انتخاب شد. این سویه‌ها به میزان متفاوت سبب افزایش مقاومت آفتابگردان به شوری و خشکی شدند. در گلخانه و مزرعه، جدایه‌های منفرد و یا کنسرسیومی سبب افزایش طول ساقه، وزن قطر گل و کلروفیل، پروتئین و روغن در آفتابگردان در مقایسه با شاهد شدند. هیبرید سویه ۳۱۳۶-نانورس سبب افزایش ویژگی‌های زراعی آفتابگردان تیمار شده با آن بود. بررسی ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی نانوبیوکود نشانگر تناسب ساختاری و چسبندگی خوب اجزای آن بود.

نتیجه‌گیری: مطالعه طبیعت می‌تواند راه‌های مقابله با بحران‌های حاصل از صنعت را نشان دهد. این پژوهش نشان می‌دهد که اکتینوباکترهای همزیست *Pteropyrum olivieri* جدا یا همراه با نانورس می‌توانند منبع مناسبی به عنوان کودهای زیستی باشند.

کلیدواژه‌ها: اکتینوباکترها، کودزیستی، رس، خشکی، شوری، *Streptomyces*، *Pteropyrum olivieri*





Role of Bacterial Biofilms in Environment Protection and Sustainable Development

Hossein Motamedi¹

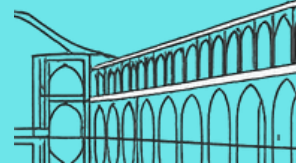
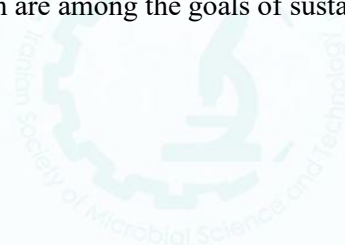
¹ Department of Biology, Faculty of Science, and Biorefinery Research Center, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran)

' 1005

Corresponding author: Hossein Motamedi (motamedih@scu.ac.ir)

ABSTRACT

Industrialization has caused severe environmental damage and loss of natural resources. Reducing the production of environmental pollutants and processing by-products and wastes are two key strategies for industrialization in line with sustainable development and environmental protection. The use of microorganisms to remove or reduce environmental pollutants and produce value-added compounds from them is considered as an environmentally friendly method. The main problem in using this ability of bacteria is their low performance under operational conditions. The use of microbial biofilms can help bacteria establish themselves in the environment and provide them with better access to organic compounds. Also, bacteria in the biofilm are protected against environmental stresses and toxicity of organic substances, and metabolic pathways are formed between the bacterial population of the biofilm. Therefore, a new approach to the use of bacterial biofilms in processes such as soil, water and air bioremediation, increasing soil fertility, producing bio-based chemical compounds, and producing products in biorefineries has been formed. Successful use of biofilms requires understanding the parameters affecting the quorum sensing, the type suitable surface for biofilm formation, environmental parameters affecting biofilm performance, the possibility of establishing syntrophic metabolism, and the use of biofilm-forming consortia. Understanding and utilizing bacterial biofilms for environmental protection provides the opportunity to achieve green processes and environmentally friendly solutions, which are among the goals of sustainable development.





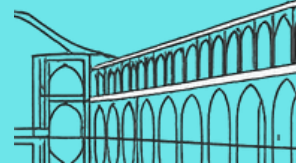
نقش بیوفیلم های باکتریایی در حفاظت از محیط زیست و توسعه پایدار

حسین معتمدی

' 1006

چکیده

صنعتی شدن موجب آسیب های زیست محیطی شدید و از دست رفتن منابع طبیعی گردیده است. کاهش تولید آلاینده های زیست محیطی و فرآوری فرآورده های جانبی و پسماندها دو راهکار کلیدی در جهت صنعتی شدن همگام با توسعه پایدار و حفاظت از محیط زیست است. استفاده از میکروارگانیسم ها برای حذف و یا کاهش آلاینده های محیطی و تولید ترکیبات با ارزش افزوده از آنها به عنوان یک روش سازگار با محیط زیست مورد توجه است. مشکل اصلی در استفاده از این توانایی باکتریها، عملکرد پائین آنها در شرایط عملیاتی است. استفاده از بیوفیلم های میکروبی می تواند به استقرار باکتریها در محیط و دسترسی بهتر آنها به ترکیبات آلی کمک نماید. همچنین باکتریهای موجود در بیوفیلم در برابر استرس های محیطی و سمیت مواد آلی محافظت می شوند و مسیرهای متابولیکی بین جمعیت باکتریایی بیوفیلم شکل می گیرد. از اینرو رویکرد جدید به استفاده از بیوفیلم های باکتریایی در فرآیندهایی همچون زیست پالایی خاک، آب و هوا، افزایش حاصلخیزی خاک، تولید ترکیبات شیمیایی زیست پایه و تولید محصولات در پالایشگاه های زیستی شکل گرفته است. موفق بودن استفاده از بیوفیلم ها نیازمند شناخت پارامترهای تاثیرگذار بر حس حدنصاب، نوع سطح مناسب برای تشکیل بیوفیلم، پارامترهای محیطی موثر بر عملکرد بیوفیلم، امکان برقراری متابولیسم سینتروپی و استفاده از کنسرسیوم های تشکیل دهنده بیوفیلم است. شناخت و بکارگیری بیوفیلم های باکتریایی در جهت حفاظت از محیط زیست امکان دستیابی به فرآیندهای سبز و راهکارهای دوستدار محیط زیست که از اهداف توسعه پایدار است را فراهم می کند.





Application of Microbial Enzymes for Treatment of Human Cancers

Mohsen Mobini-Dehkordi¹

¹ Department of Genetics, Faculty of Basic Sciences, University of Shahrekord, Shahrekord, Iran

' 1007

Corresponding author: Mohsen Mobini-Dehkordi (mobini-m@sku.ac.ir)

ABSTRACT

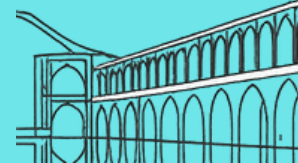
Background: The application of microbial enzymes in human cancer treatment represents a promising frontier in oncology, leveraging the unique catalytic properties of enzymes to target tumor cells with high specificity and minimal side effects. Production of bacterial and fungal enzymes was performed by microbial fermentation process. These enzymes such as L-asparaginase, arginine deiminase, cytosine deaminase, methionine gamma-lyase, and nitroreductase, have demonstrated significant potential in cancer therapy through mechanisms like amino acid deprivation, prodrug activation, and immunomodulation. For instance, L-asparaginase, derived from *Escherichia coli* and *Erwinia chrysanthemi*, is already FDA-approved for acute lymphoblastic leukemia (ALL) by depleting asparagine, an essential nutrient for leukemic cells. Similarly, arginine deiminase from *Mycoplasma* and *Aspergillus* has shown efficacy in arginine-auxotrophic cancers, such as hepatocellular carcinoma and melanoma, by degrading extracellular arginine and inducing tumor cell apoptosis.

Another innovative approach involves enzyme-prodrug therapy (EPT), where microbial enzymes like cytosine deaminase (from *E. coli*) convert non-toxic prodrugs (e.g., 5-fluorocytosine) into cytotoxic agents (5-fluorouracil) directly within tumors, minimizing systemic toxicity. Additionally, nitroreductases have been engineered to activate prodrugs like CB1954, enhancing targeted chemotherapy.

Despite their promise, challenges such as immunogenicity, enzyme stability, and tumor heterogeneity remain. Strategies like PEGylation, nanoparticle encapsulation, and genetic engineering are being explored to improve therapeutic outcomes. Furthermore, combining microbial enzymes with immunotherapy, chemotherapy, or nanomedicine (e.g., glucose oxidase for starvation therapy) has shown synergistic effects in preclinical models.

Conclusion: Microbial enzymes offer a versatile and evolving toolkit for precision cancer treatment, with ongoing research focused on optimizing delivery, reducing side effects, and expanding their applicability to diverse cancer types.

Key words: Microbial enzymes, cancer therapy, enzyme-prodrug therapy, nanomedicine, immunotherapy.





کاربرد آنزیم های میکروبی در درمان سرطان های انسانی

محسن مبینی دهکردی

' 1008

چکیده

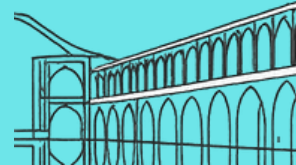
مقدمه و بیان مسئله: کاربرد آنزیمهای میکروبی در درمان سرطان انسان، یک زمینه امیدوارکننده در سرطان شناسی محسوب می شوند که با استفاده از ویژگی های کاتالیتیک منحصر به فرد آنزیم ها، سلولهای توموری را با دقت بالا و عوارض جانبی کم مورد هدف قرار می دهند. تولید آنزیم های باکتریائی و قارچی با فرآیند تخمیر میکروبی صورت می پذیرد. این آنزیم ها مانند ال-آسپاراژیناز، آرژنین دیمیناز، سیتوزین دامیناز و نیتروردوکتاز، از طریق مکانیسم هایی مانند محروم سازی آمینواسیدی، فعالسازی پیشداروها و تعدیل ایمنی، پتانسیل قابل توجهی در درمان سرطان نشان داده اند. به عنوان مثال، ال-آسپاراژیناز مشتق شده از *شریشیا کلائی* و *اروپینیا کریز/تیمی*، که توسط سازمان غذا و داروی آمریکا برای درمان لوسمی لنفوبلاستیک حاد (ALL) تأیید شده است، با کاهش آسپاراژین (یک ماده مغذی ضروری برای سلولهای لوسمی) عمل می کند. به طور مشابه، آرژنین دیمیناز از *مایکوپلاسما* و *آسپرژیلوس* در سرطان های وابسته به آرژنین مانند کارسینوم هپاتوسلولار و ملانوما مؤثر بوده و با تجزیه آرژنین خارج سلولی، آپاپتوز سلولهای توموری را القا می کند.

رویکرد نوین دیگر شامل درمان آنزیم-پیشدارو (EPT) است که در آن آنزیم های میکروبی مانند سیتوزین دامیناز (از *شریشیا کلائی*) پیشداروهای غیرسمی مثل ۵-فلوئوروسیتوزین را به عوامل سایتوتوکسیک به نام ۵-فلوئورووراسیل مستقیماً درون تومور تبدیل می کنند و سمیت سیستمیک را به حداقل می رسانند. همچنین، نیتروردوکتازها برای فعالسازی پیشداروهایی مانند CB1954 مهندسی شده اند و شیمی درمانی هدفمند را بهبود می بخشند.

علیرغم این پتانسیل، چالش هایی مانند تحریم سیستم ایمنی، پایداری آنزیم و ناهمگونی تومور همچنان وجود دارند. راهکارهایی مانند همراه سازی با پلی اتیلن گلیکول، رهایش با نانوذرات و مهندسی ژنتیک برای بهبود نتایج درمانی در حال بررسی هستند. علاوه بر این، ترکیب آنزیم های میکروبی با ایمونوتراپی، شیمی درمانی یا پزشکی نانو (مانند گلوکز اکسیداز برای درمان گرسنگی تومور) در مدل های پیش بالینی اثرات سینرژیک نشان داده است.

نتیجه گیری: آنزیم های میکروبی ابزاری انعطاف پذیر و در حال تکامل برای درمان دقیق سرطان ارائه می دهند، و تحقیقات جاری بر بهینه سازی روشهای رهایش، کاهش عوارض جانبی و گسترش کاربرد آنها به انواع مختلف سرطان انسان متمرکز است.

کلمات کلیدی: آنزیم های میکروبی، درمان سرطان، درمان با واسطه پیش دارو، پزشکی نانو، ایمونوتراپی





The Role of Microorganisms in Ecological Risk Assessments of Oil Pollutants in the Terrestrial Ecosystem

Ahmad Ali Pourbabae¹

¹Biology and Biotechnology Division, Department of Soil Science, college of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Iran.

Corresponding author: Ahmad Ali Pourbabae (pourbabaei@ut.ac.ir)

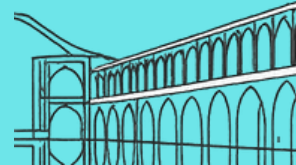
ABSTRACT

One of the environmental consequences in oil-producing countries is soil contamination by petroleum hydrocarbons, which often occurs during extraction, transportation, and refining processes. Oil pollutants have adverse effects on soil quality and health index, especially in agricultural soils. To adopt management measures and select appropriate strategies for cleaning up these pollutants, it is essential to assess the impact of these threats and the potential risks they pose to terrestrial ecosystems. Methods for assessing risks and determining the risk limits of oil pollutants have mainly focused on their adverse effects on large organisms and some terrestrial invertebrates and plants as receptors, which cannot be analyzed in many cases due to the heterogeneity of their distribution and diversity. Despite the role of soil microorganisms in soil ecosystem health, such as nitrogen fixation, nutrient cycling, and pollutant degradation, their use in soil ecological risk assessment methods has rarely been considered. In this study, while describing the effective microbial indicators in assessing the risk level of soil oil contaminants, the existing challenges will be discussed based on research conducted on different soils in the oil-rich regions of the South and the future prospects for using the knowledge of the composition of microbial communities in the soil ecosystem as an efficient and accurate tool in determining the risk level of soil oil contaminants.

Keywords: Soil, Oil Pollution, Ecological Risk Assessment, Microbial Communities.

References:

- 1- ASTM. 2010. Standard Guide for Risk-Based Corrective Action Applied at Petroleum Release Sites. ASTM E1739–95(2010). Philadelphia, PA, USA.
- 2- Bo Wu a,b, Shuhai Guo a,b , Jianing Wang. 2021. Spatial ecological risk assessment for contaminated soil in oiled fields. Journal of Hazardous Materials 403.





نقش میکروارگانیسم ها در ارزیابی خطرات اکولوژیک آلاینده های نفتی در اکوسیستم خاکی

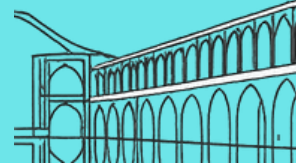
احمد علی پوربابائی

' 1010

چکیده

یکی از پیامدهای محیط زیستی در کشورهای تولیدکننده نفت، آلودگی خاک به هیدروکربن های نفتی است که غالباً طی فرایندهای استخراج، انتقال و پالایش رخ میدهد. آلاینده های نفتی اثرات مخربی بر کیفیت و شاخص سلامت خاک به ویژه در خاک های کشاورزی دارد. به منظور انجام اقدامات مدیریتی و انتخاب راهکارهای پاک سازی این آلاینده ها، ضرورت دارد میزان تاثیر این تهدیدات و خطرات احتمالی ناشی از آن روی اکوسیستم خاکی ارزیابی شود. روش های ارزیابی خطرات و تعیین حد خطر آلاینده های نفتی، عمدتاً روی تاثیر نامطلوب آنها بر جانداران بزرگ و برخی از بی مهرگان خاکزی و گیاهان به عنوان پذیرنده معطوف بوده است که خود به دلیل ناهمگنی در انتشار و تنوع آنها، در بسیاری از موارد قابل تحلیل نیستند. علی رغم نقش میکروارگانیسم های خاکزی در سلامت اکوسیستم خاک از قبیل تثبیت نیتروژن، چرخه غذایی و تجزیه آلاینده ها، بندرت در بکارگیری آنها در روش های ارزیابی خطرات اکولوژیک خاک مورد توجه بوده است. در این مطالعه ضمن بیان شاخص های میکروبی موثر در ارزیابی حد خطر آلاینده های نفتی خاک، چالش های موجود با تکیه بر پژوهش های انجام یافته روی خاک های مختلف مناطق نفت خیز جنوب و چشم انداز آاینده در بکارگیری دانش ترکیب جوامع میکروبی اکوسیستم خاکی به عنوان یک ابزار کارآمد و دقیق در تعیین حد خطر آلاینده های نفتی خاک بحث خواهد شد.

کلمات کلیدی: خاک، آلودگی های نفتی، ارزیابی خطر، جوامع میکروبی





The role of microorganisms in the circular economy and processes for resource recovery

Mohammad-Hossein Sarrafzadeh¹

¹ UNESCO Chair on Water Reuse, Biotechnology Group, School of Chemical Engineering, College of Engineering, University of Tehran, Tehran, Iran.

' 1011

Corresponding author: Mohammad-Hossein Sarrafzadeh (sarrafzdh@ut.ac.ir)

ABSTRACT

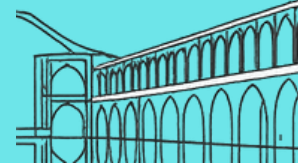
Background: The transition to a circular economy (CE) is essential for sustainable resource management, and microorganisms play a pivotal role in enabling efficient waste valorization and resource recovery. The author believes that its implementation needs its link with water cycle. CE in water sector is beneficial, including waste degradation, nutrient recycling, and the production of value-added products. Microbial communities facilitate the closing of water loop through bioprocesses. Microbial technologies enhance energy and resource recovery from wastewater and organic residues.

Objective: This paper highlights the potential of microbial-driven processes to close material loops, reduce environmental pollution, and contribute to a regenerative economic model by implementing CE through Nature-based-Solutions (NbS). By harnessing microbial capabilities, industries can transition from linear waste disposal to circular resource recovery, aligning with global sustainability goal of SDG12. The main objective is analysis of microbial application in sustainable water management, reducing wastes and recovery of water and other resources.

Context: Microorganisms play a role in various processes such as the decomposition of organic waste and the production of energy from wastewater in anaerobic digestion with the formation of biogas as a renewable resource. Also, some microbes in the water cycle help close the loop of the water cycle by participating in various processes such as biological treatment of wastewater, removal of pollutants, and recovery of nitrogen and phosphorus. Technologies such as membrane bioreactors (MBR) and biosorption methods enable water reuse and nutrient recovery. Bacteria in activated sludge can extract nutrients from wastewater and convert them into biofertilizers. Microalgae also help treat wastewater and produce bioproducts by absorbing carbon dioxide and producing biomass.

Conclusion: Microbes, as an efficient tool in the circular economy, enable the transformation of waste into valuable resources. In aquatic systems, microbes not only help to achieve responsible consumption and production (SDG 12), but also enable resource recycling and reduce pressure on freshwater resources. Future research should focus on interdisciplinary approaches to maximize microbial efficiency and integrate these processes into large-scale industrial applications.

Keywords: Circular economy, Microorganisms, Resource recovery, SDG12, Nature-based Solutions





نقش میکروب‌ها در اقتصاد چرخشی و فرایندهای بازیافت مواد

محمدحسین صراف زاده

' 1012

چکیده

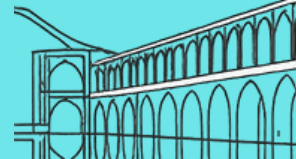
پیشینه پژوهش: اقتصاد چرخشی به عنوان یک الگوی پایدار، بر کاهش ضایعات و بازیافت منابع تمرکز دارد. در این زمینه، میکروارگانیسم‌ها به دلیل توانایی‌های منحصربه‌فرد در تجزیه و تبدیل مواد زائد، نقش کلیدی ایفا می‌کنند. اما به اعتقاد نگارنده، موفقیت در پیاده سازی اقتصاد چرخشی نیازمند پیوند آن با چرخه آب است. اقتصاد چرخشی در بخش آب به عنوان راهکاری کلیدی برای بازیابی منابع و کاهش ضایعات مطرح شده است. میکروارگانیسم‌ها به عنوان بازیگران اصلی در تصفیه و بازیافت آب، امکان بستن چرخه آب را از طریق فرایندهای زیستی فراهم می‌کنند. مطالعات نشان داده‌اند که سیستم‌های مبتنی بر میکروب‌ها می‌توانند در تصفیه فاضلاب، بازیابی مواد مغذی و تولید محصولات باارزش از پساب‌ها مؤثر باشند.

هدف: هدف این مقاله بررسی نقش میکروب‌ها در تسهیل اقتصاد چرخشی از طریق فناوری‌های زیستی و بر مبنای راهکارهای طبیعت محور است. این مقاله به بررسی نقش میکروارگانیسم‌ها در تحقق اقتصاد چرخشی آبی با تمرکز بر هدف توسعه پایدار ۱۲ (SDG 12) می‌پردازد. هدف اصلی، تحلیل کاربردهای میکروبی در مدیریت پایدار آب، کاهش آلودگی و بازیافت منابع از جریان‌های زائد آبی است.

متن: میکروارگانیسم‌ها در فرایندهای مختلفی مانند تجزیه پسماندهای آلی و تولید انرژی از فاضلاب در هضم بی‌هوازی با تشکیل بیوگاز به عنوان یک منبع تجدیدپذیر نقش دارند. همچنین، برخی میکروب‌ها در چرخه آب با مشارکت در فرایندهای مختلفی مانند تصفیه بیولوژیکی فاضلاب، حذف آلاینده‌ها و بازیابی نیتروژن و فسفر، به بستن حلقه چرخه آب کمک می‌کنند. فناوری‌هایی مانند بیوراکتورهای غشایی (MBR)، روش‌های جذب زیستی، امکان استفاده مجدد از آب و استحصال مواد مغذی را فراهم می‌سازند. باکتری‌های موجود در لجن فعال، می‌توانند مواد مغذی را از فاضلاب استخراج کرده و آن‌ها را به کودهای زیستی تبدیل کنند. همچنین، ریز جلبک‌ها با جذب دی‌اکسید کربن و تولید زیست‌توده، به تصفیه پساب و تولید محصولات زیستی کمک می‌کنند.

نتیجه‌گیری: میکروب‌ها به عنوان ابزاری کارآمد در اقتصاد چرخشی، امکان تبدیل ضایعات به منابع ارزشمند را فراهم می‌سازند. در سیستم‌های آبی، میکروب‌ها نه تنها به تحقق مصرف و تولید مسئولانه (SDG 12) کمک می‌کند، بلکه امکان بازیافت منابع و کاهش فشار بر منابع آب شیرین را فراهم می‌سازد. برای گسترش این فناوری‌ها، نیاز به تحقیقات بیشتر در زمینه بهینه‌سازی فرایندها و توسعه مدل‌های اقتصادی برای اجرای آن‌ها در مقیاس صنعتی وجود دارد.

کلمات کلیدی: اقتصاد چرخشی آبی، بازیافت مواد، هدف توسعه پایدار ۱۲، تصفیه زیستی فاضلاب، راهکارهای طبیعت محور





Measures to Identify and Prevent Microbial Contamination in Food Factories

Shahriyar Dabirian¹

¹ PhD in Food Hygiene, Board member at Dairy Products Industries Society, Tehran, Iran

' 1013

Corresponding author: Sh.dabir1970@gmail .com

Abstract

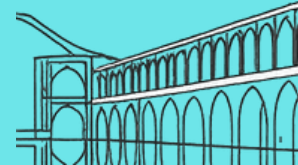
Microorganisms in the food industry are divided into two groups: beneficial microbes and harmful microbes (pathogenic and spoilage-producing). Harmful microbes can enter food through various routes (raw materials and packaging; process (surfaces and equipment, etc.) or as secondary contamination after heat treatment) and cause problems in it.

Sampling is the first step in identifying microbes. Sampling is a specialized process and must be performed by competent personnel and under aseptic conditions. Microbial sampling of surfaces and equipment is performed using the swab method, surface washing method, adhesive tape method, and direct transfer method on agar.

The plating method is used to take samples from the production hall and examine the microbial status of the hall air. (Method 1/1/1). It should be noted that the important sources of microbial contamination include the activities of personnel in the production hall (without appropriate work clothes) and the equipment used. One of the main ways to prevent microbes from entering food is to establish appropriate GMP (Good Manufacturing Practices) in factories. Selecting the factory location, conditions of the production halls; appropriate cleaning and washing and CIP, microbial quality control of raw materials and packaging, air control of the production hall, storage, personnel hygiene and appropriate work clothes, establishing management systems in the laboratory (17025) and GLP. In order to accurately announce the test results, pest and insect removal are among the items considered in establishing GMP.

Also, performing appropriate thermal processes (pasteurization, sterilization), using membrane and filtration methods (microfiltration and nanofiltration), storing food in cold conditions and freezing, a proper distribution network, and maintaining a cold chain in pasteurized products can lead to the elimination, reduction, and prevention of the activity of microorganisms.

Among the microorganisms that are considered primary and secondary contaminants in the food industry are: the Enterobacteriaceae family such as (coliforms - *Escherichia coli* - Salmonella), *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*; molds and yeasts, and sulfite-reducing clostridia.





اقدامات جهت شناسایی و جلوگیری از آلودگی میکروبی در کارخانه های مواد غذایی

شهریار دبیران

چکیده

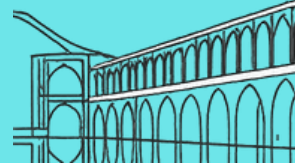
' 1014

میکروارگانیزم ها در صنعت غذا به دو گروه میکروب های مفید و میکروب های مضر (بیماری زا و مولد فساد) تقسیم می شوند. میکروب های مضر میتوانند از طریق راههای مختلف (مواد اولیه و بسته بندی، فرایند (سطوح و تجهیزات)) و یا به عنوان آلودگی ثانویه بعد از تیمار حرارتی (وارد غذا شده و سبب بروز مشکلاتی در آن گردند.

نمونه برداری به عنوان اولین مرحله برای شناسایی میکروب ها می باشد. نمونه برداری فرایندی تخصصی است و باید توسط پرسنل ذیصلاح انجام و در شرایط اسپتیک صورت پذیرد. نمونه برداری میکروبی از سطوح و تجهیزات با استفاده از روش سواپ، روش شستشوی سطحی، روش نوار چسب و روش انتقال مستقیم بر روی آگار انجام می شود.

جهت نمونه برداری از سالن تولید و بررسی وضعیت میکروبی هوای سالن از روش پلیت گذاری استفاده می شود. (روش ۱/۱/۱). لازم به ذکر است از منابع مهم آلودگی میکروبی می توان به فعالیت پرسنل در سالن تولید (بدون داشتن لباس کار مناسب) و تجهیزات مورد استفاده اشاره کرد. یکی از اصلی ترین راههای جلوگیری از ورود میکروب ها به غذا استقرار مناسب GMP (شرایط خوب ساخت) در کارخانه ها می باشد. انتخاب محل کارخانه، شرایط سالن های تولید، نظافت و شستشو و CIP مناسب، کنترل کیفی میکروبی مواد اولیه و بسته بندی، کنترل هوای سالن تولید، انبارش، بهداشت پرسنل و لباس کار مناسب، استقرار سیستم های مدیریتی در آزمایشگاه (۱۷۰۲۵) و GLP. به منظور صحت اعلام نتایج آزمون، دفع آفات و حشرات موذی از جمله موارد مورد نظر در استقرار GMP می باشد.

همچنین انجام فرایند های حرارتی مناسب (پاستوریزاسیون، استریلیزاسیون)، استفاده از روش های غشایی و فیلتراسیون (میکروفیلتراسیون و نانوفیلتراسیون)، نگهداری مواد غذایی در شرایط سرد و انجماد، شبکه توزیع مناسب و حفظ زنجیره سرد در فرآورده های پاستوریزه می تواند منجر به حذف، کاهش و جلوگیری از فعالیت میکروارگانیزم ها شود. از جمله میکروارگانیزم هایی که در صنعت غذا به عنوان آلودگی اولیه و ثانویه مطرح می گردند می توان به: خانواده آنترباکتریاسه مانند (کلی فرم ها - شرشیا کلی - سالمونلا)، استافیلوکوکوس اورئوس، باسیلوس سرئوس، کپک ها و مخمرها، کلستریدیوم های احیا کننده سولفیت اشاره کرد.





**Genomic analysis and evaluation of kraft lignin depolymerization by biofilm forming- igninolytic
Bacillus sp. strain PPSBB_11 isolated from pulp-paper mill sludge**

Vineet Kumar¹, Pradeep Verma¹

¹ Bioprocess and Bioenergy Laboratory, Department of Microbiology, School of Life Sciences, Central
University of Rajasthan, NH-8, Bandarsindri, Kishangarh, Ajmer-305817, Rajasthan, India;

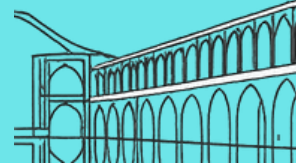
' 1015

Corresponding Author: drvineet.micro@gmail.com

Abstract

Kraft lignin (KL) is a major heterogeneous residual by-product generated by kraft-based pulp and paper industries. This study investigates the lignin depolymerization and decolourisation capabilities of *Bacillus* sp. strain PPSBB_11, with the objective of reducing color and lignin content within a short duration. Notably, strain PPSBB_11 was observed to form a robust biofilm—a prevalent mode of bacterial growth in contaminated environments—which potentially enhances its adaptability and efficiency in degrading recalcitrant compounds like KL. The potential consortium was able to reduce lignin by 73% after 8 days of incubation at pH 7.6 and 35 °C. The UV–Vis spectral scan and FT-IR analysis indicated the degradation and depolymerization after treatment. Further, the GC–MS analysis successfully showed that alkaline lignin degradation of strain PPSBB_11 produced different kinds of products, including dodecanoic acid, 3-hydroxy-, 7-methyl-Z-tetradecen-1-ol acetate; 9-hexadecenoic acid; pentadecanoic acid, 14-bromo-, and octadecanoic acid. The whole-genome sequence (WGS) of strain PPSBB_11 was performed by the Illumina NovaSeq 6000 sequencing platform, and the draft genome was reported. The genome of PPSBB_11 was found to have a size of 0.37 Mb encoding 3689 genes responsible for genetic expressing through transcription and translation. Additionally, PPSBB_11 contains 52 RNA (50 tRNA, 1 rRNA, and 1 tmRNA). Genome sequencing and annotation revealed the presence of lignin-degrading enzyme-coding genes. Further functional annotation using the COG and KEGG databases identified various genes and metabolic pathways associated with biofilm formation. These findings suggest that *Bacillus* strain PPSBB_11 possesses significant potential for the decolourisation and depolymerization of KL.

Keywords: Pulp-paper industry; Kraft Lignin; Whole Genome Sequencing; Decolourisation; Biofilm formation





تحلیل ژنومی و ارزیابی تجزیه دپولیمیر گرفت لیگنین توسط باکتری *Bacillus* sp. سویه PPSBB_11 تشکیل دهنده

بیوفیلیم از لجن کارخانه کاغذسازی

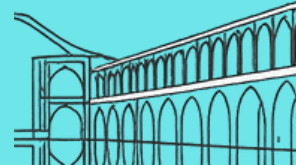
' 1016

وینیت کومار، پرادیپ ورما

چکیده

لیگنین گرفت (KL) یکی از محصولات جانبی متنوع عمده است که توسط صنایع کاغذسازی مبتنی بر گرفت تولید می‌شود. این مطالعه توانایی تجزیه دپولیمیر و حذف رنگ لیگنین توسط باکتری *Bacillus* sp. سویه PPSBB_11 را با هدف کاهش سریع رنگ و محتوای لیگنین بررسی می‌کند. به طور قابل توجهی مشاهده شد سویه PPSBB_11 یک بیوفیلیم قوی تشکیل می‌دهد، که این حالت رایج رشد باکتری در محیط‌های آلوده است و احتمالاً سازگاری و کارایی آن را در تجزیه ترکیبات مقاوم مانند KL افزایش می‌دهد. این مخلوط پتانسیل کاهش ۷۳٪ لیگنین را پس از ۸ روز انکوباسیون در pH 7.6 و دمای ۳۵ درجه سانتی‌گراد نشان داد. اسکن طیف UV-Vis و آنالیز FT-IR پس از تیمار نشان‌دهنده تجزیه و دپولیمیر شدن بود. همچنین، آنالیز GC-MS به خوبی نشان داد که تجزیه لیگنین قلیایی توسط سویه PPSBB_11 محصولات متنوعی از جمله اسید دودکانوئیک ۳-هیدروکسی، استات ۷-متیل-Z-تترادسن-۱-اول، اسید ۹-هگزادسنوئیک، اسید پنتادکانوئیک ۱۴-برمو، و اسید اوکتادکانوئیک تولید کرده است. توالی‌یابی کل ژنوم سویه PPSBB_11 توسط پلتفرم Illumina NovaSeq 6000 انجام و پیش‌نویس ژنوم گزارش شد. اندازه ژنوم PPSBB_11 برابر ۰.۳۷ مگاباز با ۳۶۸۹ ژن بود که مسئول بیان ژنتیکی از طریق رونویسی و ترجمه هستند. همچنین PPSBB_11 شامل ۵۲ RNA (۵۰ tRNA، ۱ rRNA، و ۱ tmRNA) است. توالی‌یابی و حاشیه‌نویسی ژنوم وجود ژن‌های کدکننده آنزیم‌های تجزیه لیگنین را آشکار کرد. حاشیه‌نویسی عملکردی بیشتر با استفاده از پایگاه‌های داده COG و KEGG ژن‌ها و مسیرهای متابولیکی مرتبط با تشکیل بیوفیلیم را شناسایی کرد. این یافته‌ها نشان می‌دهند که سویه *Bacillus* PPSBB_11 پتانسیل قابل توجهی برای حذف رنگ و دپولیمیر شدن لیگنین گرفت دارد.

واژگان کلیدی: صنعت کاغذسازی؛ لیگنین گرفت؛ توالی‌یابی کل ژنوم؛ حذف رنگ؛ تشکیل بیوفیلیم؛ تجزیه و تحلیل ژنومی





Molecular characterization of Chitinase Operon of *Bacillus pumilus*

Gholamreza Ahmadian¹

Department of Industrial and Environmental Biotechnology, National Institute of Genetic Engineering and Biotechnology (NIGEB), Tehran, Iran

' 1017

Corresponding Author: Gholamreza Ahmadian (ahmadian@nigeb.ac.ir)

Abstract

Bacillus pumilus SG2, isolated from a high-salinity marsh in Iran, secretes two family 18 chitinases—ChiS and ChiL—under catabolite repression control and exhibits potent antifungal and antibacterial activities. In the first report, Ghasemi et al. (2011) cloned the mature chiS and chiL genes (minus their Sec-pathway signal peptides) into pQE-30, heterologously expressed them in *Escherichia coli* M15, and purified the His₆-tagged proteins by Ni-NTA chromatography. ChiS (75 kDa) displayed optimal activity at pH 6.0 and 50 °C, while ChiL (64 kDa) was best at pH 6.5 and 40 °C. Both enzymes hydrolyzed colloidal chitin, but only ChiS exhibited lysozyme activity, degrading bacterial peptidoglycan (e.g., *Xanthomonas* spp.) and showing broad antifungal action against *Fusarium graminearum*, *Rhizoctonia solani*, *Magnaporthe grisea*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Trichoderma reesei*, *Botrytis cinerea*, and *Bipolaris* sp. . Structural homology modeling revealed ChiS's GH-18 catalytic domain aligns closely (~83% similarity) with *B. circulans* ChiA1, including conserved Glu/Asp catalytic residues.

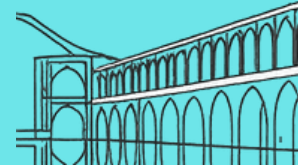
Ahmadian et al. (2007) first characterized SG2's secretome in colloidal-chitin-induced cultures, identifying two secreted bands (~63 and 74 kDa) by SDS-PAGE and MS/MS as ChiS and ChiL. Both are produced only in chitin's presence and repressed by glucose, indicating global carbon catabolite repression (CCR) . The chiSL operon spans ~5.8 kb, with chiS (696 aa) and chiL in tandem, separated by only 63 bp, suggesting polycistronic transcription. ChiS contains an N-terminal GH-18 domain, a fibronectin III module, and a ChtBD3 cellulose-binding domain, whereas ChiL harbors GH-18 and a C-terminal ChiC domain.

Shali et al. (2011) dissected the chiSL promoter by cloning increasing 5' truncations upstream of lacZ in a pBS72/pUC18 shuttle and integrating into *B. subtilis*. Primer extension mapped two transcription start sites at -287 nt (distal) and -65 nt (proximal) relative to the chiS start codon. A canonical σ^A -35/-10 motif was present in the distal promoter, while the proximal -35 diverged from consensus. A cre sequence (WTGNAANCGNWNWCW) located between -136 and -123 nt mediated CCR: deletion of this cre relieved glucose repression, rendering chiSL expression constitutive.

Building on this, Morabbi-Heravi et al. (2015) developed a chitin-inducible expression system in *B. subtilis* using PchiS. By testing full-length and cre-deleted promoter variants fused to lacZ, they achieved up to 1,800 Miller units of β -galactosidase activity upon chitin induction—comparable to IPTG-induced systems, but using inexpensive chitin as inducer.

Finally, Vahed et al. (2013) used combined UV and nitrous-acid mutagenesis to generate a mutant (AV2-9) with ~30% higher chitinase activity. Sequencing the chiSL operon revealed a single G→A transition in chiL's GH-18 catalytic domain (Gly→Glu), which when expressed in *E. coli* increased specific activity by 30% without altering secretion levels. The Gly→Glu substitution likely enhances substrate binding or turnover, as supported by SDM/PoPMuSiC stability predictions and antifungal assays demonstrating superior inhibition of *F. graminearum* and *Bipolaris* sp. .

Together, these studies elucidate SG2's dual-chitinase system—from gene and protein structure, through promoter regulation and biotechnological application, to strain improvement by mutagenesis—highlighting its promise for cost-effective chitin-based biopesticides and inducible expression platforms.





شناسایی ملکولی اپرون کیتیناز باکتری *Bacillus pumilus*

غلامرضا احمدیان

چکیده

' 1018

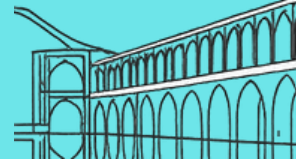
باکتری *Bacillus pumilus* SG2 که از مردابی با شوری بالا در ایران جدا شده است، دو آنزیم کیتیناز خانواده ۱۸ به نام‌های ChiS و ChiL ترشح می‌کند که تحت کنترل مهار کاتابولیتی قرار دارند و فعالیت‌های ضدقارچی و ضدباکتری قوی از خود نشان می‌دهند. در اولین گزارش، Ghassami و همکاران (۲۰۱۱) ژن‌های بالغ chiS (و chiL بدون پپتید سیگنال مسیر Sec را کلون کرده و در E. coli M15 بیان کردند و پروتئین‌های دارای تگ His6 را با کروماتوگرافی Ni-NTA خالص‌سازی کردند ChiS با وزن مولکولی ۷۵ کیلو دالتون در pH 6.0 و دمای ۵۰ درجه سانتی‌گراد بیشترین فعالیت را داشت، در حالی که ChiL با وزن ۶۴ کیلو دالتون در pH 6.5 و دمای ۴۰ درجه سانتی‌گراد بهینه بود. هر دو آنزیم، کیتین کلونیدی را هیدرولیز کردند اما فقط ChiS فعالیت لیزوزیمی نشان داد که موجب تخریب پپتیدوگلیکان باکتری‌ها (مثلاً گونه‌های Xanthomonas) و فعالیت ضدقارچی وسیعی علیه قارچ‌هایی مانند Fusarium graminearum، Rhizoctonia solani، Magnaporthe، Sclerotinia sclerotiorum، grisea، Botrytis cinerea، Trichoderma reesei، Bipolaris sp. می‌شود. مدل‌سازی همولوژیکی ساختاری نشان داد دامنه کاتالپتیک GH-18 در ChiS با ChiA1 متعلق به B. circulans حدود ۸۳٪ شباهت دارد و بقایای کاتالپتیک Glu/Asp حفظ شده‌اند.

در مطالعه‌ای توسط احمدیان و همکاران (۲۰۰۷)، پروتئین‌های ترش‌شی سویه SG2 در کشت‌های القاشده با کیتین کلونیدی شناسایی شدند که دو باند ترش‌شی (حدود ۶۳ و ۷۴ کیلو دالتون) از طریق SDS-PAGE و MS/MS به ترتیب ChiS و ChiL بودند. این دو آنزیم تنها در حضور کیتین تولید شده و توسط گلوکز مهار می‌شوند که نشان‌دهنده مهار کاتابولیت کربن عمومی (CCR) است. اپرون chiSL تقریباً ۵.۸ کیلوباز طول دارد که شامل ژن‌های chiS (۶۹۶ اسید آمینه) و chiL است که تنها با ۶۳ جفت باز از هم جدا شده‌اند و این ساختار نشان‌دهنده رونویسی پلی‌سیسترونیک است ChiS. دارای دامنه GH-18 در انتهای N، ماژول فیبرونکتین III و دامنه اتصال به سلولز ChtBD3 است، در حالی که ChiL دارای دامنه GH-18 و دامنه ChiC در انتهای C است.

شالی و همکاران (۲۰۱۱) پروموتور chiSL را با کلون کردن بخش‌های متوالی کوتاه‌شده از ۵' در بالادست lacZ و تلفیق آن‌ها در B. subtilis بررسی کردند. توسعه پرایمر، دو نقطه شروع رونویسی را در ۲۸۷- نوکلئوتید (دور) و ۶۵- نوکلئوتید (نزدیک) نسبت به کدون شروع chiS تعیین کرد. موتیف‌های کانیکال -۳۵/۱۰ در پروموتور دوردست وجود داشت، اما در پروموتور نزدیک ۳۵ divergent بود. توالی cre (WTGNAANCGNWNWCW) در بازه -۱۳۶ تا -۱۲۳ نوکلئوتیدی، میانجی مهار CCR بود: حذف این مهار گلوکز را از بین برد و بیان chiSL را دائمی کرد.

مورایی‌هروی و همکاران (۲۰۱۵) از پروموتور PchiS سیستم بیان قابل القا با کیتین در B. subtilis طراحی کردند. آن‌ها با آزمایش پروموتورهای کامل و حذف‌شده از cre متصل به lacZ تا ۱۸۰۰ واحد میلر فعالیت بتا-گالاکتوزیداز تحت القای کیتین به دست آوردند که عملکردی مشابه سیستم القا شده با IPTG ولی با استفاده از کیتین ارزان قیمت است.

در نهایت، واحد و همکاران (۲۰۱۳) با استفاده ترکیبی از جهش‌زایی UV و اسید نیتروز، موتانتی به نام AV2-9 با فعالیت کیتیناز حدود ۳۰٪ بالاتر تولید کردند. توالی‌یابی اپرون chiSL نشان داد که در دامنه کاتالپتیک GH-18 ژن chiL تغییری از G به A (گلایسین به گلوتامات) وجود دارد که وقتی در E. coli بیان شد، فعالیت اختصاصی آن ۳۰٪ افزایش یافت بدون تغییر در سطح ترشح. جایگزینی گلایسین با گلوتامات احتمالاً باعث افزایش اتصال یا گردش سوبسترا می‌شود، که توسط پیش‌بینی‌های پایداری SDM/PoPMuSiC و آزمایش‌های ضدقارچی که مهار بهتری بر F. graminearum و Bipolaris sp. نشان دادند، حمایت می‌شود. در مجموع، این مطالعات سیستم دوگانه کیتیناز سویه SG2 را از نظر ساختار ژن و پروتئین، تنظیم پروموتور و کاربردهای بیوتکنولوژیکی تا بهبود سویه با جهش‌زایی شفاف‌سازی کرده و نویددهنده کاربرد آن در آفت‌کش‌های زیستی مبتنی بر کیتین و سیستم‌های بیان القا شونده با هزینه پایین است.





Application of polyhydroxyalkanoates polymer produced by a luminescent *Vibrio*: A model for controlled release

Mansour Mashreghi¹

¹ Department of Biology, Faculty of Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

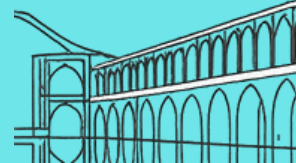
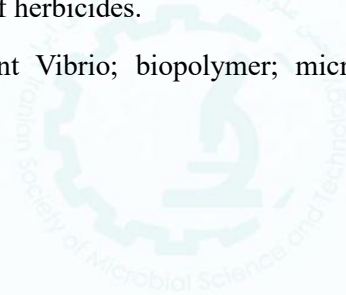
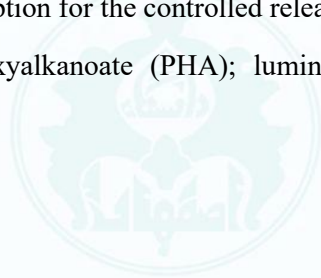
' 1019

Corresponding Author: Mansour Mashreghi (mashrghi@um.ac.ir)

Abstract

Polyhydroxyalkanoates are biodegradable and biocompatible polymers that can be produced by many bacteria. The purpose of this study is to introduce polyhydroxyalkanoate produced by a *Vibrio* species to encapsulate an herbicide (Treflan) for its controlled release. The PHA polymer has been produced by the bacteria after optimization of culture medium. The produced polymer is subjected to several analyses, including TEM, FTIR, XRD, and H-NMR. The antioxidant activity of the polymer, as well as its antibacterial activity against plant pathogenic bacteria, was investigated. The emulsion method was used to produce microcapsules. FTIR and XRD analyses confirmed the combination of herbicide and polymer. FE-SEM imaging showed that the microcapsules have a spherical shape with an approximate diameter of 1-2.5 μm . The herbicide loading rate and its encapsulation efficiency were also measured, which were 16.64% and 66.56%, respectively. The herbicidal activity of microcapsules was investigated against two plants: *Amaranth* and *Setaria*. The results indicated that the germination rate in both plants was reduced by 80 to 90% after using microcapsules containing herbicide. The negative effect of encapsulated herbicide on the soil microbial population was also investigated, which indicated a less negative effect of encapsulated herbicide compared to its free form. Based on the results of this research, the produced polymer can be considered a suitable option for the controlled release of herbicides.

Keywords: Polyhydroxyalkanoate (PHA); luminescent *Vibrio*; biopolymer; microcapsule; herbicide; controlled release





پلی هیدروکسی آلکانوات تولید شده توسط باکتری ویبریوی لومینسانس: مدلی برای رهایش کنترل شده

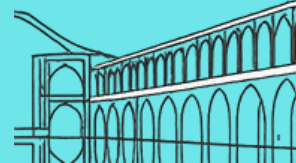
منصور مشرقی

' 1020

چکیده:

پلی هیدروکسی آلکانوات ها پلیمرهای زیست تخریب پذیر و زیست سازگاری هستند که توسط بسیاری از باکتری ها تولید می شوند. هدف از این مطالعه معرفی پلی هیدروکسی آلکانوات تولید شده توسط یک باکتری ویبریوی لومینانس می باشد که برای کپسوله کردن علف کش (ترفلان) با هدف رهایش کنترل شده آن استفاده شده است. بدین منظور ابتدا پلیمر توسط باکتری مزبور پس از بهینه سازی شرایط کشت تولید شد. پلیمر تولید شده توسط آنالیزهای TEM، FTIR، XRD و H-NMR بررسی گردید. خاصیت آنتی اکسیدانی پلیمر و همچنین خاصیت ضدباکتریایی آن علیه دو باکتری بیماری زای گیاهی مورد بررسی قرار گرفت. برای تولید میکروکپسول حاوی علف کش ترفلان از روش امولسیون استفاده شد. آنالیزهای FTIR و XRD ترکیب شدن علف کش با پلیمر را تایید نمودند. تصویربرداری میکروسکوپ الکترونی روبشی نشان داد که میکروکپسول ها دارای شکل کروی با قطر تقریبی ۱ تا ۲/۵ میکرومتر می باشند. میزان بارگیری علف کش و بازدهی کپسوله شدن آن به ترتیب ۱۶/۶۴٪ و ۶۶/۵۶٪ به دست آمد. اثر میکروکپسول ها بر دو گیاه تاج خروس و دم روباهی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج به دست آمده حاکی از اثر مطلوب میکروکپسول های حاوی علف کش با کاهش ۸۰ تا ۹۰ درصد میزان جوانه زنی در هر دو گیاه بود. بررسی جمعیت میکروبی خاک نشان دهنده اثر منفی کمتر علف کش کپسوله شده نسبت به حالت آزاد آن بود. بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش، پلیمر تولید شده می تواند به عنوان گزینه ای مناسب برای رهایش کنترل شده علف کش در نظر گرفته شود.

کلیدواژه ها: پلی هیدروکسی آلکانوات، پلیمر زیستی، میکروکپسول، علف کش تری فلورالین، رهایش کنترل شده





Mechanisms and biological functions of probiotics in human health and diseases

Saeed Mirdamdi ¹

¹ Biotechnology Department of Iranian Research organization for Science and Technology (IROST),

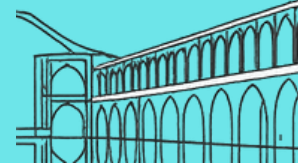
' 1021

Corresponding Author: Saeed Mirdamdi (Mirdamadi@irost.ir)

ABSTRACT

Today, understanding the mechanisms of action of probiotics has led us to produce a variety of useful products, including postbiotic, parabiota, phagebiotic, psychobiotic, pharmabiotic molecules and also finally produces next generation probiotics (NGP). In the human body, more than ten times the number of human cells, microorganisms such as bacteria, fungi, viruses, and protozoa are alive, and their total genes is more than 100 times of the host's genes. This community which is called microbiome, by producing its own metabolites, plays an important role in human health and disease. Therefore, any manipulation of this community will push the balance of the body towards more health or disease. In this lecture, some examples of the research activities carried out in the Biotechnology Department of the Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST) to evaluate the mechanisms of action of probiotics will be presented. Lactic acid bacteria as starter cultures and probiotic of dairy products, screened to production of antioxidant, anti-diabetic, anti-hypertensive, anti-Helicobacter pylori and anti-Melanogenesis bioactive compounds. Their biological mechanism will be discussed based on the production of dairy synbiotics, postbiotics and bioactive peptides derived from them to use in the food industries. The production of inhibitor molecules of alpha-amylase, alpha-glucosidase, tyrosinase and anti-attachment of pathogenic bacteria to stomach and intestinal cells are the tools of action of these useful bacteria.

Keywords: Probiotic, Postbiotic, New generation probiotics, Mechanisms





مکانیسم ها و عملکردهای بیولوژیکی پروبیوتیک ها در سلامت و بیماری های انسان

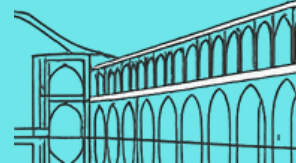
سعید میردامادی

چکیده

' 1022

امروزه شناخت مکانیسم های عملکرد پروبیوتیک ها باعث تولید محصولات متنوعی از جمله پست بیوتیک ها ، پارابیوتیک ها، pharmabiotics, psychobiotics, phagebiotics و در نهایت Next Generation Probiotics (NGP) شده است. در بدن انسان بیش از ده برابر سلول های بدن میکروارگانیسمهایی نظیر باکتری ها ، قارچ ها ، ویروس ها و پرواوزوآها زندگی می کنند بطوریکه مجموع زنوم آنها بیش از ۱۰۰ برابر زنوم میزبان می باشد. این مجموعه که تحت عنوان میکروبیوم نامیده می شود با تولید متابولیت های خود نقش مهمی در سلامت و بیماری انسان دارند. لذا هر گونه دستکاری خواسته و ناخواسته این مجموعه تعادل بدن را به سمت سلامت بیشتر و یا بیماری هدایت می کند. در این سخنرانی از مجموعه فعالیت های علمی انجام شده در پژوهشکده زیست فناوری سازمان پژوهشهای علمی و صنعتی ایران مثالهایی در مورد استفاده از لاکتیک اسید باکتری ها برای تولید محصولات لبنی با خواص آنتی اکسیدانی ، ضد دیابت، ضد فشار خون ، ضد هلیکوباکتر پیلوری و آنتی ملانوژن ا ارائه و مکانیسم عمل آنها را بر پایه تولید سینبیوتیک های لبنی ، پست بیوتیک ها و پپتیدهای زیست فعال حاصل از آنها در صنایع غذایی بحث خواهد شد. استفاده از مهار کننده های آلفا آمیلاز ، آلفا گلوکوزیداز ، تایروزیناز و ملکول های مهار کننده اتصال باکتری های پاتوژن به سلول های معده و روده بصورت پست بیوتیک و تولید شیر تخمیری حاوی سلول های با خواص فوق مورد ارزیابی قرار خواهد گرفت.

کلمات کلیدی: پروبیوتیک ، پست بیوتیک ، پروبیوتیک های نسل جدید ، مکانیسم





Fermentation and Biotechnology: Innovative Pathways Toward Sustainability

Mehrdad Azin¹

¹ Department of Biotechnology, Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST),
Tehran, Iran.

' 1023

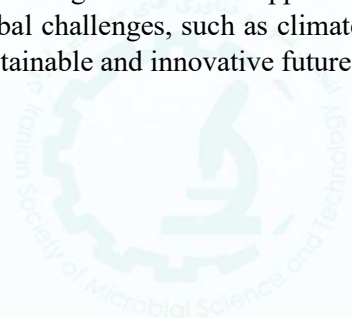
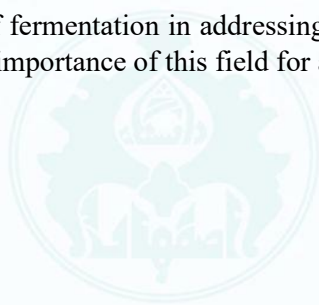
Corresponding author: Mehrdad Azin (azin@irost.ir)

ABSTRACT

The lecture "Fermentation and Biotechnology: Innovative Pathways Toward Sustainability" discusses the importance of fermentation as a key tool for sustainability. The first part addresses the current state of fermentation. Fermentation is a biological process widely applied in various industries including food and beverage, pharmaceuticals, and the production of chemical and biological materials. The significant growth in the market for these products indicates the increasing importance of this industry, particularly in enhancing health and producing sustainable materials.

The second part is devoted to the future outlook of fermentation. The speaker refers to two fields, precision fermentation and synthetic biology, as novel technologies that enable the production of complex biological compounds and reduction of carbon emissions. Biorefineries are also introduced as a third approach, providing a sustainable solution for producing biofuels and valuable materials from biomass.

The lecture concludes with a call for international collaboration and investment in this industry, as well as encouragement for students and researchers to take advantage of research opportunities. The speaker's emphasis on the role of fermentation in addressing global challenges, such as climate change and energy security, highlights the importance of this field for a sustainable and innovative future.



Congress Address:

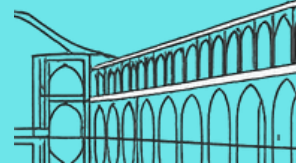
Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products
Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Office:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran,



Research Center For Natural &
Biopharmaceutical Products





تخمیر و بیوتکنولوژی: مسیرهای نوآورانه به سوی پایداری

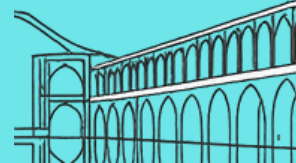
مهرداد آذین

' 1024

سخنرانی «تخمیر و بیوتکنولوژی: مسیرهای نوآورانه به سوی پایداری»، اهمیت تخمیر به عنوان یک ابزار کلیدی برای پایداری را مورد بحث قرار می دهد. در بخش اول، به وضعیت کنونی تخمیر پرداخته شده است. تخمیر، فرآیندی زیستی است که در صنایع مختلف از جمله غذا و نوشیدنی، داروسازی، و تولید مواد شیمیایی و زیستی کاربرد گسترده دارد. رشد چشمگیر بازار این محصولات نشان دهنده اهمیت روزافزون این صنعت است؛ به ویژه در ارتقاء سلامت و تولید مواد پایدار.

بخش دوم، به چشم انداز آینده تخمیر اختصاص دارد. سخنران به دو زمینه تخمیر دقیق و زیست شناسی مصنوعی به عنوان فناوری های نوینی اشاره می کند که امکان تولید ترکیبات پیچیده زیستی و کاهش انتشار کربن را فراهم می کنند. زیست پالایشگاه ها نیز به عنوان سومین رویکرد، راه حلی پایدار برای تولید سوخت های زیستی و مواد با ارزش از زیست توده ها معرفی شده اند.

این سخنرانی با دعوت به همکاری بین المللی و سرمایه گذاری در این صنعت، همچنین تشویق دانشجویان و پژوهشگران برای بهره برداری از فرصت های تحقیقاتی پایان می پذیرد. تأکید سخنران بر نقش تخمیر در حل چالش های جهانی، مانند تغییرات اقلیمی و امنیت انرژی، نشان دهنده اهمیت این حوزه در آینده ای پایدار و نوآورانه است.





The Effect of Phage Therapy on Eukaryotic Cells and Especially the Immune System

Mahsa Soltani ¹, Ameneh Elikaei ^{1*}

1 Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

' 1025

Corresponding author: Ameneh Elikaei (a.elikaei@alzahra.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Bacteriophages, or phages, are viruses that infect bacteria specifically. More recently, with the increased concern of antibiotic-resistant infections, phages have been proposed as an alternative treatment to traditional antibiotics. Phage therapy utilizes the phages' normal lytic and lysogenic lifecycles to selectively infect and kill bacterial pathogens. The interaction of phages with eukaryotic cells, and more specifically, with immune cells has attracted much attention. This interaction can have notable effects on immune responses, demonstrating the healing potential of phages and the risks of their use.

Objective: Investigating the complex relationships between phages, eukaryotic host cells, and the immune system. Phage therapy effects on immune responses modulation, treatment outcomes improvement for antibiotic-resistant bacterial infections, and pharmacokinetics analysis of phages in the human body are examined, specifically.

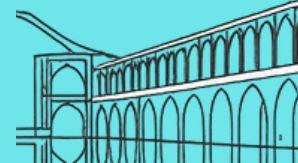
Context: Phages are found in varied environments and assign a considerable portion of world genetic diversity to themselves. They have this ability to trigger heterogeneous immune responses in mammalian cells. Phages communicate with the immune system through pattern recognition receptors (PRRs), triggering innate and adaptive immunity. But there is danger in the interaction, such as phages are rapidly cleared by the immune system, and bacteria can become resistant to them. It is necessary to consider these dynamics in order to optimize phage therapy regimens and treatment efficacy.

Conclusion: Phages play diverse roles within the immune response to bacterial infection. roles in influencing eukaryotic systems. Understanding the complex interactions between phages, bacteria, and eukaryotic cells is essential for exploiting their therapeutic potential and addressing the challenges posed by antibiotic resistant infections. Continued research in this field will pave the way for innovative strategies in phage therapy and biotechnology, ultimately benefiting human health.

Keywords: Bacteriophage, Eukaryotic cells, Immune modulation, Host-pathogen interactions, Phage therapy

References:

1. Popescu, M., Van Belleghem, J. D., Khosravi, A., & Bollyky, P. L. (2021). Bacteriophages and the immune system. *Annual review of virology*, 8(1), 415-435.
2. Souza, E. B. D., Pinto, A. R., & Fongaro, G. (2023). Bacteriophages as potential clinical immune modulators. *Microorganisms*, 11(9), 2222.
3. Cieřlik, M., Bagińska, N., Jończyk-Matysiak, E., Węgrzyn, A., Węgrzyn, G., & Górski, A. (2021). Temperate bacteriophages—The powerful indirect modulators of eukaryotic cells and immune functions. *Viruses*, 13(6), 1013.





اثر فازتراپی بر روی سلول های یوکاریوتی به ویژه سیستم ایمنی

مهسا سلطانی، آمنه الیکایی

' 1026

چکیده

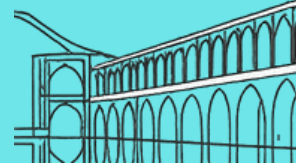
پیشینه پژوهش: باکتریوفاژها یا فاژها، ویروس هایی هستند که به طور خاص باکتری ها را آلوده می کنند. اخیراً، با افزایش نگرانی از عفونت های مقاوم به آنتی بیوتیک، فاژها به عنوان یک درمان جایگزین برای آنتی بیوتیک های سنتی پیشنهاد شده اند. فاژ درمانی از چرخه زندگی لیتیک و لیزوژنیک طبیعی فاژها برای آلوده کردن و کشتن انتخابی پاتوژن های باکتریایی استفاده می کند. تعامل فاژها با سلول های یوکاریوتی و به طور خاص با سلول های ایمنی، در این زمینه بسیار قابل توجه است. این فعل و انفعال می تواند اثرات برجسته ای بر پاسخ های ایمنی داشته باشد، پتانسیل التیام فاژها و خطرات استفاده از آنها را نشان دهد.

هدف: بررسی روابط پیچیده ای که بین باکتریوفاژها، سلول های میزبان یوکاریوتی و سیستم ایمنی وجود دارد. به طور خاص، اثرات فاژ درمانی بر تعدیل پاسخ های ایمنی، بهبود نتایج درمان برای عفونت های باکتریایی مقاوم به آنتی بیوتیک، و آنالیز فارماکوکینتیک فاژها در بدن انسان، مورد بررسی قرار می گیرد.

متن: فاژها در محیط های مختلف یافت می شوند و بخش قابل توجهی از تنوع ژنتیکی جهان را به خود اختصاص می دهند. آنها این توانایی را دارند که پاسخ های ایمنی ناهمگن را در سلول های پستانداران تحریک کنند. فاژها از طریق گیرنده های تشخیص الگو (PRR) با سیستم ایمنی ارتباط برقرار می کنند و باعث ایجاد ایمنی ذاتی و اکتسابی می شوند. اما در این تعامل خطری وجود دارد، به عنوان مثال فاژها به سرعت توسط سیستم ایمنی پاک می شوند و باکتری ها می توانند در برابر آنها مقاوم شوند. در نظر گرفتن این دینامیک ها به منظور بهینه سازی رژیم های فاژ تراپی و اثربخشی آن ضروری است.

نتیجه گیری: فاژها نقش های مختلفی را در پاسخ ایمنی به عفونت باکتریایی ایفا می کنند. درک روابط پیچیده بین فاژها، باکتری ها و سلول های یوکاریوتی برای بهره وری پتانسیل درمانی آنها و رسیدگی به چالش های ناشی از عفونت های مقاوم به آنتی بیوتیک ضروری است. ادامه تحقیقات در این زمینه، راه را برای راهبردهای نوآورانه در فاژ تراپی و بیوتکنولوژی هموار می کند که در نهایت به نفع سلامت انسان است.

کلمات کلیدی: باکتریوفاژ، سلول های یوکاریوتی، تعدیل ایمنی، تعاملات میزبان و پاتوژن، فازتراپی





The Combination of Nanotechnology with Bioremediation for Fast and Efficient Degradation of Petroleum Hydrocarbons

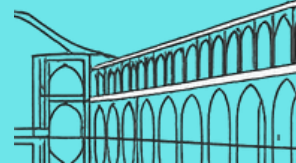
Davood Birya¹

¹ Department of Biotechnology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

Corresponding author: Davood Birya (d.biria@ast.ui.ac.ir)

ABSTRACT

Petroleum contaminations that inevitably occur in the production, transportation and refining of the crude oil can be considered as a hazard to the environment which makes it necessary to be cleaned appropriately. Biological technologies, including bioremediation, have been developed as efficient, cost effective and environmentally friendly methods to address the problem. However, the slow kinetics of bioremediation in removing the petroleum hydrocarbons contaminations has been remained as a great challenge. Nano-structures can be employed to solve this challenge in several ways and improve the functionality of the microorganisms in biodegradation and removal of the petroleum hydrocarbons. We have studied three main mechanisms to intensify the bioremediation efficiency by the application of nano-structures. Firstly, the enzymatic activity of several metallic oxide nano-particles (nanozymes) has been used to convert and degrade the hydrocarbons to the products which can be degraded more conveniently by the microorganisms. The second effect can be summarized in the surface activity of certain types of nano particles which increases the hydrocarbon-aqueous phase interface area and facilitates the contact of microorganisms with the hydrocarbons leading to a higher hydrocarbons assimilation rate by the microorganisms. Finally, surface modified carbon nano tubes have been used as the nano-channels in the bacterial cell membrane to enhance the hydrocarbons uptake by the cells which improves the rate of hydrocarbons removal. It can be concluded that the synergistic mechanisms of nano-structures can help to overcome the shortcomings of bioremediation and introduce it as a fast and efficient method for treating the petroleum contaminations.





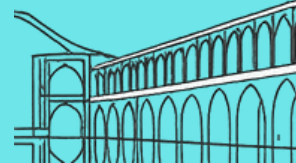
تلفیق نانوتکنولوژی با زیست پالایی برای تجزیه سریع و موثر هیدروکربن های نفتی

داوود بی ریا

' 1028

چکیده

آلودگیهای نفتی که در فرایندهای تولید، انتقال و پالایش نفت خام به شکلی اجتناب ناپذیر ایجاد می شوند می توانند برای محیط زیست خطرناک باشند و لازم است به شکل مناسبی پاکسازی شوند. روشهای زیستی از جمله زیست پالایی به عنوان روشهایی کارآمد، مقرون به صرفه و دوستدار محیط زیست برای مقابله با این تهدید توسعه یافته اند. با این وجود سرعت پایین زیست پالایی برای مقابله با آلودگی ناشی از هیدروکربنهای نفتی به عنوان یک چالش مهم در این زمینه باقی مانده است. استفاده از نانوساختارها می تواند به شکلهای مختلف به رفع این چالش کمک کند و عملکرد میکروارگانیسمها را در تجزیه و حذف آلودگیهای نفتی ارتقا بخشد. سه سازوکار مختلف برای تقویت زیست پالایی با کمک نانوساختارها مورد مطالعه قرار گرفته است. اول آن که برخی نانوذرات اکسید فلزی با فعالیت شبه آنزیمی به تبدیل و تجزیه هیدروکربنها کمک می کنند که این مساله باعث تسهیل مصرف آنها توسط میکروارگانیسمها می گردد. اثر دیگر نانوذرات را می توان در فعالیت سطحی برخی از این ساختارها خلاصه کرد که با افزایش سطح تماس موثر بین هیدروکربنها و سلولهای میکروبی فرایند جذب و تجزیه هیدروکربنها را تسریع می کنند. و در نهایت به کمک نانولوله های کربنی اصلاح سطحی شده می توان انتقال هیدروکربنها به داخل سلولهای میکروبی را از طریق ایجاد نانوکنالهایی تسریع و مدیریت کرد که این مساله باعث افزایش قابل ملاحظه سرعت حذف هیدروکربنها می شود. به این ترتیب اثر هم افزایی سازوکارهای نانویی می تواند نقاط ضعف فرایند زیست پالایی تا حد زیادی مرتفع گرداند و این روش را به عنوان یک روش موثر و سریع مطرح نماید.





Cell Free and Cell-Based Protein Expression Systems for Production of Recombinant Antioxidants

Azar Shahpiri¹

¹ Department of Biotechnology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Iran

' 1029

Corresponding author: Azar Shahpiri (a.shahpiri@iut.ac.ir)

ABSTRACT

Reactive oxygen species (ROS) play a significant role in various cellular signaling pathways. However, an imbalance in ROS levels due to environmental stresses such as drought, salinity, chilling, metal toxicity, UV-B radiation, and pathogen attacks can be extremely detrimental to organisms. This imbalance can lead to lipid peroxidation, protein oxidation, nucleic acid damage, inhibition of enzymes, and the activation of programmed cell death pathways. To combat these harmful effects, cells are equipped with an endogenous antioxidant defense system that includes both non-enzymatic and enzymatic antioxidants. The cloning of genes encoding enzymes involved in the thioredoxin reductase/thioredoxin system, the glutathione reductase/glutaredoxin system, and superoxide dismutase from plants and other organisms known for their tolerance to oxidative stress has enabled us to transfer these genes into expression hosts such as *Escherichia coli* or *Saccharomyces cerevisiae* to produce their recombinant forms. The functional characterization of these enzymes has led us to explore potential applications in the health, food, and feed industries, enhancing the ability to mitigate oxidative stress and improve the resilience of various organisms. Furthermore, we utilized cell-free protein expression as an efficient tool for expressing enzymes that are difficult to produce in cells. The regeneration of coenzymes in the cell-free system for metabolic pathways that produce non-enzymatic antioxidants is another aim of our research.



Congress Address:

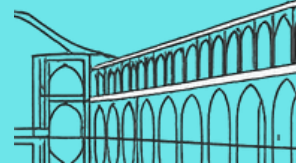
Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products
Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Office:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran,



Research Center For Natural &
Biopharmaceutical Products





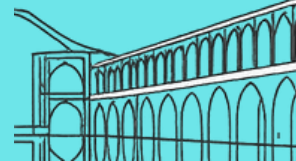
سیستم‌های بیان پروتئین بدون سلول و مبتنی بر سلول برای تولید آنتی‌اکسیدان‌های نو ترکیب

آذر شاه پیری

' 1030

چکیده

گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) نقش مهمی در مسیرهای سیگنال‌دهی مختلف سلولی ایفا می‌کنند. با این حال، عدم تعادل در سطوح ROS به دلیل تنش‌های محیطی مانند خشکی، شوری، سرما، سمیت فلزات، تابش UV و حملات پاتوژن می‌تواند برای موجودات بسیار مضر باشد. این عدم تعادل می‌تواند منجر به پراکسیداسیون لیپیدها، اکسیداسیون پروتئین‌ها، آسیب به اسیدهای نوکلئیک، مهار آنزیم‌ها و فعال‌سازی مسیرهای مرگ سلولی برنامه‌ریزی‌شده شود. برای مقابله با این اثرات مضر، سلول‌ها به یک سیستم دفاعی آنتی‌اکسیدانی مجهز هستند که شامل آنتی‌اکسیدان‌های غیرآنزیمی و آنزیمی می‌باشد. همسانه سازی ژن‌های کدکننده آنزیم‌های مرتبط با سیستم‌های تیوردوکسین ردوکتاز/تیوردوکسین، گلوکاتیون ردوکتاز/گلوکاتاردوکسین و سوپر اکسید دیسموتاز از گیاهان و سایر موجودات شناخته‌شده متحمل به استرس اکسیداتیو، به ما این امکان را داد که این ژن‌ها را به میزبان‌های بیانی مانند *Escherichia coli* یا *Saccharomyces cerevisiae* منتقل کنیم تا شکل‌های نو ترکیب آن‌ها را تولید کنیم. شناسایی عملکرد این آنزیم‌ها مسیر را برای مطالعه کاربرد بالقوه این فراآورده‌های آنزیمی فراهم کرد. علاوه بر این، در این تحقیق از بیان پروتئین بدون سلول به عنوان ابزاری کارآمد برای بیان آنزیم‌هایی که تولید آن‌ها در سلول‌ها دشوار است، استفاده شد. بازسازی کوآنزیم‌ها در سیستم بدون سلول برای مسیرهای متابولیکی که آنتی‌اکسیدان‌های غیرآنزیمی تولید می‌کنند، هدف دیگری از تحقیقات ما می‌باشد.





Phage therapy: A New approach in the treatment of antibiotic-resistant infections

Sharareh Moghim¹

¹ Department of Bacteriology & Virology, Faculty of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran.

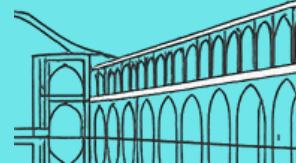
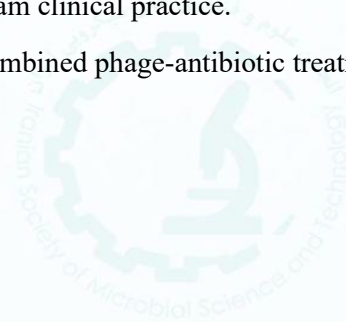
' 1031

Corresponding author: Sharareh Moghim (moghim@med.mui.ac.ir)

ABSTRACT

The global rise of antimicrobial resistance (AMR) has intensified the demand for innovative therapeutic approaches. Bacteriophage (phage) therapy, which employs viruses that specifically target and lyse bacterial pathogens, has re-emerged as a promising strategy, especially against multidrug-resistant (MDR) infections. Phages offer high host specificity, allowing for the targeted elimination of pathogens with minimal disruption to the commensal microbiota. Advances in genomics, molecular biology, and synthetic engineering have enabled the development of personalized phage cocktails tailored to patient-specific pathogens. Moreover, phage-antibiotic combination therapy has garnered increasing interest due to its potential to enhance antibacterial efficacy, prevent resistance development, and achieve synergistic or additive effects. Several preclinical and clinical studies have demonstrated the successful use of phage-antibiotic regimens, particularly in cases where monotherapies have failed. Despite these encouraging results, challenges remain, including regulatory standardization, large-scale production, and comprehensive clinical validation. This review explores the therapeutic potential of phage therapy and phage-antibiotic combinations in the treatment of resistant bacterial infections and highlights the critical hurdles that must be overcome to facilitate their integration into mainstream clinical practice.

Keywords: Phage therapy, Antimicrobial resistance, combined phage-antibiotic treatment





فاژ درمانی : دیدگاهی جدید در درمان عفونت های مقاوم به درمان با آنتی بیوتیک

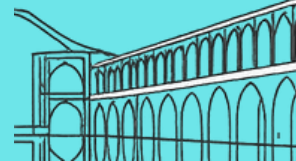
شراره مقیم

' 1032

چکیده

افزایش جهانی مقاومت میکروبی (AMR) نیاز به راهکارهای درمانی نوآورانه را بیش از پیش برجسته کرده است. درمان با باکتریوفاز (فاژ)، که از ویروس‌هایی با توانایی اختصاصی در هدف‌گیری و لیز باکتری‌های پاتوژن استفاده می‌کند، مجدداً به‌عنوان رویکردی امیدبخش، به‌ویژه در مواجهه با عفونت‌های مقاوم به چند دارو (MDR)، مورد توجه قرار گرفته است. فاژها با اختصاصیت بالای خود امکان حذف هدفمند پاتوژن‌ها را فراهم می‌آورند، در حالی که آسیب کمتری به میکروبیوتای مفید وارد می‌کنند. پیشرفت در حوزه‌های ژنومیکس، زیست‌شناسی مولکولی و مهندسی سنتزی امکان طراحی ترکیب‌های اختصاصی فاژ بر پایه پاتوژن‌های خاص بیماران را فراهم ساخته است. افزون بر این، درمان ترکیبی فاژ-آنتی‌بیوتیک به‌طور فزاینده‌ای مورد توجه قرار گرفته، چرا که می‌تواند اثربخشی درمانی را افزایش داده، از بروز مقاومت جلوگیری کرده و اثرات هم‌افزا یا افزایشی ایجاد کند. مطالعات پیش‌بالینی و بالینی متعددی اثربخشی این ترکیب را، به‌ویژه در مواردی که درمان‌های تک‌عاملی موفق نبوده‌اند، نشان داده‌اند. با وجود نتایج امیدوارکننده، چالش‌هایی از جمله استانداردسازی قانونی، تولید در مقیاس صنعتی، و اعتبارسنجی بالینی گسترده همچنان باقی است. این مرور به بررسی پتانسیل درمانی فاژ و ترکیب‌های فاژ-آنتی‌بیوتیک در درمان عفونت‌های مقاوم می‌پردازد و موانع کلیدی موجود در مسیر پذیرش گسترده آن‌ها در عمل بالینی را تحلیل می‌کند.

کلید واژه ها: فاژ درمانی، مقاومت آنتی بیوتیکی، درمان توام فاژ- آنتی بیوتیک





Developments, Challenges and Perspectives of the Uranium Ore Microbial Leaching

Parisa Tajer-Mohammad-Ghazvini¹

¹ Nuclear Fuel Cycle Research School, Nuclear Science and Technology Research Institute, Tehran, Iran

' 1033

Corresponding author: Parisa Tajer-Mohammad-Ghazvini (ptajer@aeoi.org.ir)

ABSTRACT

Background: To ensure a safe and dependable supply of raw materials for industrial applications, it is essential to advance technologies that facilitate the effective extraction of valuable metals from mining deposits and tailings. With the awareness of the problems associated with traditional leaching methods, it has become of great importance to provide simple, efficient and less polluting methods for the processing and extraction of metals, including uranium. Therefore, the development of the uranium bioleaching process has attracted much attention.

Objective: The purpose of this research is to review the challenges and opportunities of microbial uranium leaching, with the intention of guiding further research efforts within the scientific community.

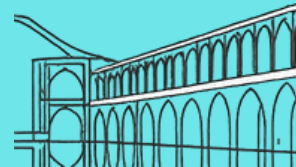
Results: The mesophilic acidophilic bacteria are the pioneers of the microbial leaching industry. The most important mesophilic microorganisms involved in bioleaching belong to the genus *Acidithiobacillus*. Microbial leaching is a biological process that is strongly influenced by biological, environmental, and physicochemical factors. Understanding these factors opens up new opportunities to improve the bioleaching rate of metals. The mechanism of mineral leaching by microorganisms is still complex. Today, the identification of indigenous microorganisms used in bioleaching experiments has provided excellent genetic data. These data can be used to improve bioleaching efficiency, reduce industrial costs. Future advances in genomic studies will overcome microbial limitations.

Conclusion: The emergence of microbial leaching technologies has compensated for the shortcomings of traditional uranium leaching technologies. However, these technologies still have great growth potential. In the meantime, screening and identifying new leaching microbial strains with better capabilities, including metal and salinity tolerance, will be an important area of research.

Keywords: Bacteria, Bioleaching, Metals Extraction, Uranium

References:

1. I. Christopher Nnaemeka *et al.*, "Examining the efficiency of microbe-assisted metal extraction: A review of bio-hydrometallurgical leaching techniques," *Hybrid Advances*, vol. 9, p. 100407, 2025/06/01/ 2025.
2. J. Nayak, S. *et al.*, "Advanced Bioseparation of Industrial Wastes: Sustainable Recovery of High-Value Metal Ions" *CRC Press*, 2024.
3. F. F. Roberto and A. Schippers, "Progress in bioleaching: part B, applications of microbial processes by the minerals industries," *Applied Microbiology Biotechnology*, vol. 106, no. 18, pp. 5913-5928, 2022.





پیشرفت ها، چالش ها و چشم اندازهای فروشوی میکروبی کانسنگ اورانیوم

پریسا تاجر محمد قزوینی

چکیده

' 1034

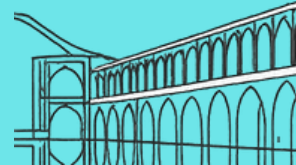
پیشینه پژوهش: به منظور تأمین پایدار و مطمئن مواد اولیه برای نیازهای صنعتی، لازم است که فناوری استخراج موفقیت آمیز فلزات با ارزش از ذخایر معادن و باطله ها توسعه پیدا کند. با آگاهی از مشکلات مرتبط با روش های سنتی فروشوی، ارائه روش های ساده، کارآمد با آلودگی کمتر در فرآوری و استخراج فلزات از جمله اورانیوم از اهمیت بالایی برخوردار شده است. بنابراین امروزه توسعه فرایند فروشوی زیستی اورانیوم توجه زیادی را به خود جلب کرده است.

هدف: هدف این تحقیق، مروری بر چالش ها و فرصت های فروشوی میکروبی اورانیوم جهت فراهم شدن مسیرهایی برای تحقیقات بیشتر و توسط جامعه علمی است.

متن: باکتری های اسیدوفیل پیشگامان صنعت فروشوی میکروبی هستند. مهم ترین میکروارگانیسم های مزوفیل دخیل در فروشوی زیستی متعلق به جنس *Acidithiobacillus* هستند. فروشوی میکروبی یک فرایند زیستی است که به شدت تحت تاثیر عوامل زیستی، محیطی و فیزیکوشیمیایی قرار دارد. شناخت این عوامل فرصت های جدیدی را برای بهبود نرخ فروشوی زیستی فلزات ایجاد می کند. مکانیسم شستشو مواد معدنی توسط میکروارگانیسم ها هنوز پیچیده است. امروزه، شناخت میکروارگانیسم های بومی مورد استفاده در آزمایش های فروشوی زیستی داده های ژنتیکی عالی را ارائه دادند. از این داده ها می توان برای بهبود کارایی فروشوی زیستی، کاهش هزینه های صنعتی استفاده کرد. پیشرفت های آینده در مطالعات ژنومیک بر محدودیت های میکروبی غلبه خواهد کرد.

نتیجه گیری: ظهور فناوری های فروشوی میکروبی، کاستی های فناوری های سنتی فروشوی اورانیوم را جبران کرده است. با این حال، این فناوری ها همچنان پتانسیل بالایی برای رشد دارند. در این میان، جستجو و شناسایی سویه های میکروبی فروشوی جدید با قابلیت های بهتر از جمله تحمل فلزات و شوری، یک حوزه مهم تحقیقاتی خواهد بود.

کلمات کلیدی: استخراج فلزات، اورانیوم، باکتری، فروشوی زیستی





Application of gamma ray irradiation for genetic modification of microbial biocontrol agents

Samira Shahbazi ¹

¹ Nuclear Science and Technology Research Institute, Atomic Energy Organization of Iran, Tehran

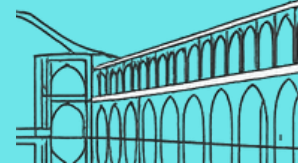
Corresponding author: Samira Shahbazi (sshahbazi@aeoi.org.ir)

' 1035

ABSTRACT

Ionizing radiation such as gamma rays is produced by electromagnetic waves or particles emitted by excited nuclei of radioactive elements like cobalt-60. These rays can directly affect DNA and cause single/double-stranded breaks in the DNA molecule, which alters the genome. In addition, the absorption of radiation in the treated microbial cells leads to an ionization process and indirect interaction of photons with atoms and generating free radicals such as hydroxyl, which can combine with nucleic acid molecules. As a result, the effect of irradiated rays on microorganisms is primarily based on the disruption of DNA or RNA, leading to the prevention or destruction of cell proliferation or changes in the antagonistic properties of the microorganisms due to the alteration of the nucleic acid molecule. The chromosome size and the ability to repair nucleic acid damage, the dose of gamma radiation plays a crucial role in determining the radiosensitivity of microorganisms. The use of gamma rays has been found to improve various properties of biological agents, such as enhancing their antimicrobial activity, increasing their resilience to environmental stressors, and promoting their ability to colonize host plants. In the biological control, gamma rays have been used to modify the properties of Natural Biocontrol agents BCAs to improve the diseases control programs in agrosystems. BCAs produce only trace levels of antimicrobial compounds. This is because they require these secondary metabolites for competitive advantage and do not overproduce them. Microorganisms have evolved regulatory systems that allow a strain to prevent overproduction of its metabolites. Hence, strain enhancement programmes are essential for commercial application. Several methods have been used to increase the efficacy of microbial BCAs, the induction of genetic mutations is one of the fastest and most effective methods for screening microorganisms and selecting strains with antagonistic potential. The results of this method can lead to an increase in antimicrobial metabolites, host colonization, and longer persistence in the micro-ecosystem. To improve the quality and efficiency of biocontrol agents, it is crucial to evaluate the specific characteristics of the microorganism, such as its radiosensitivity, its DNA repair capacity and its general metabolic activity. This approach accelerates the natural evolutionary process, providing a broader range of biocontrol traits in a shorter timeframe. Although the process is not entirely predictable, it has successfully led to beneficial mutations in *Trichoderma* (at gamma radiation doses under 0.25 kGy), *Bacillus siamensis* and *B. subtilis* (0.5–3.0 kGy), resulting in enhanced biocontrol properties. A beneficial feature of radiation exposure would be the ability of a microorganism to maintain its viability and continue to function effectively after treatment, while a detrimental feature would be increased susceptibility to DNA damage or impaired metabolic activity, which could affect its performance. The researches conducted in Nuclear Science and Technology Research Institute of Atomic Energy Organization of Iran revealed that gamma irradiation boosted *Bacillus subtilis* secondary metabolites and disease control ability, *Trichoderma harzianum* protease activity, *Streptomyces* antibiotic synthesis and *Bacillus thuringiensis* chitinase production.

Keywords: Microbial biocontrol agents, gamma radiation, mutation.





کاربرد پرتوتابی با پرتوگاما در اصلاح ژنتیکی عوامل بیوکنترل میکروبی

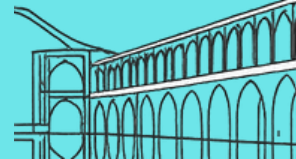
سمیرا شهبازی

' 1036

چکیده

پرتوهای یونیزان مانند پرتو گاما توسط امواج الکترومغناطیسی یا ذرات ساطع شده توسط هسته های برانگیخته عناصر رادیواکتیو مانند کبالت- 60 تولید می شود. این پرتوها می توانند مستقیماً بر روی DNA تأثیر بگذارند و باعث شکستگی های تک یا دو رشته ای در مولکول DNA و تغییر در تترادف ژنوم شوند. علاوه بر این، تیمار پرتوتابی در سلولهای میکروبی منجر به فرآیند یونیزاسیون و برهمکنش غیرمستقیم فوتون ها با اتمها و تولید رادیکالهای آزاد مانند هیدروکسیل می شود که می تواند با مولکول های اسید نوکلئیک ترکیب سلول شود. تأثیر پرتوتابی بر میکروارگانیسم ها بر اساس تأثیر آنها در DNA یا RNA است که منجر به جلوگیری یا تخریب تکثیر سلولی یا تغییر در خواص آنتاگونیستی میکروارگانیسم ها به دلیل تغییر در مولکول اسید نوکلئیک آنها می شود. اندازه کروموزوم، توانایی ترمیم اسید نوکلئیک و دز پرتوتابی با پرتو گاما نقش مهمی در تعیین حساسیت میکروارگانیسم ها به پرتو دارد. استفاده از پرتوهای گاما برای بهبود خواص مختلف عوامل بیولوژیکی، مانند افزایش فعالیت ضد میکروبی، افزایش انعطاف پذیری آنها در برابر عوامل استرس زای محیطی و ارتقای توانایی کلنیزه گیاهان میزبان کاربرد دارد. در کنترل بیولوژیکی، از پرتوهای گاما برای اصلاح ژنتیکی BCAها و بهبود کارایی بیوکنترل بیماریها در اگروسیستم ها استفاده شده است. BCAها فقط سطوح کمی از ترکیبات ضد میکروبی تولید می کنند. آنها برای مزیت رقابتی به این متابولیت های ثانویه نیاز دارند، لذا آنها را بیش از حد تولید نمی کنند. میکروارگانیسم ها سیستم های تنظیمی تکامل یافته ای دارند که به یک سو به اجازه می دهد از تولید بیش از حد متابولیت های خود جلوگیری کند. از این رو، برنامه های افزایش متابولیت های عوامل بیوکنترل برای کاربرد تجاری آنها ضروری است. روش های متعددی برای افزایش کارایی BCA های میکروبی استفاده شده است، القای جهش های ژنتیکی یکی از سریع ترین و موثرترین روش ها برای غربالگری میکروارگانیسم ها و انتخاب سویه های با پتانسیل آنتاگونیستی است. نتایج این روش می تواند منجر به افزایش متابولیت های ضد میکروبی، کلونیزاسیون میزبان و ماندگاری طولانی تر در اکوسیستم شود. برای بهبود کیفیت و کارایی عوامل کنترل زیستی، ارزیابی ویژگی های خاص میکروارگانیسم، مانند حساسیت به پرتو، ظرفیت ترمیم DNA و فعالیت متابولیک عمومی آن بسیار مهم است. این رویکرد روند تکامل طبیعی را تسریع می کند و طیف وسیع تری از صفات کنترل زیستی را در یک بازه زمانی کوتاه تر ارائه می کند. اگرچه این فرآیند کاملاً قابل پیش بینی نیست، اما با موفقیت منجر به جهش های مفید در تریکودرما (در دزهای زیر 0.25 کیلوگری) و باسیلوس سوبتیلیس و سیامنیسیس و استرپتومایسیس دز دزهای $(0.5-3.0 \text{ kGy})$ و بهبود خواص بیوکنترل در آنها شده است. یکی از مزایای اصلاح میکروبی با روش پرتوتابی، بهبود توانایی بیوکنترلی میکروارگانیسم و ارتقای عملکرد مؤثر پس از این تیمار است، در حالی که از معایب این روش امکان آسیب DNA یا اختلال در فعالیت متابولیک است. تحقیقات انجام شده در پژوهشگاه علوم و فناوری هسته ای، سازمان انرژی اتمی ایران، نشان داد که تابش گاما باعث افزایش متابولیت های ثانویه باسیلوس سوبتیلیس و توانایی کنترل بیماری، فعالیت پروتئاز در تریکودرما هارزیانوم و افزایش سنتز آنتی بیوتیک در استرپتومایسیس و تولید کیتیناز در باسیلوس تورینجینسیس می شود.

واژگان کلیدی: عوامل بیوکنترل میکروبی، پرتو گاما، جهش.





Downstream operations for manufacturing industrial bioproducts: challenges and achievements

Reza Jalalirad¹

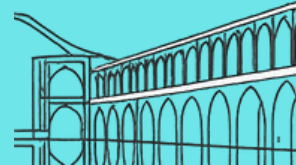
¹ Department of Research and Development, Production and Research Complex, Pasteur Institute of Iran, Karaj, IRAN

' 1037

Corresponding author: Reza Jalalirad (r_jalalirad@pasteur.ac.ir)

ABSTRACT

Following cell cultivation in bioreactor, downstream processing results in the recovery and the purification of biosynthetic products. The host cell expressing the target biomolecule as well as the product location (extracellular or intracellular) and physical form (soluble or insoluble) have influenced the selection of sequence of downstream operation units. Downstream processing constitutes a critical step in manufacturing of biomolecules such as antibiotics, hormones, antibodies, variety of vaccines and enzymes considering product purity, cost, and environmental impact. This process includes bioseparation of cells, cell debris, cell disruption, bioseparation of product-related and process-related impurities. Typically, incorporation of different nonchromatographic techniques with chromatographic techniques throughout bioprocessing leads to eliminating numerous intermediate steps and producing a commercially viable method. However, downstream operations have always encountered serious challenges in the production line of each particular industrial bioproduct. Here certain examples of such challenges taken place during downstream processing steps are given and solutions and achievements for each particular case are discussed.





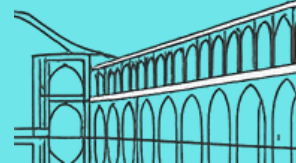
فرآیندهای پایین دستی تولید زیست فرآورده‌های صنعتی: چالش‌ها و موفقیت‌ها

رضا جلالی راد

' 1038

چکیده

بعد از کشت سلول در بایورآکتور، پردازش پایین دستی به بازبایی و خالص سازی محصولات بیوسنتزی منتج می‌شود. میزبان بیان کننده بیومولکول هدف و همچنین جایگاه (خارج سلولی یا داخل سلولی) و شکل فیزیکی فرآورده (محلول یا نامحلول) بر انتخاب و توالی مراحل فرآیند پایین دست تاثیر می‌گذارند. فرآوری پایین دستی با در نظر گرفتن خلوص محصول، هزینه و اثرات زیست محیطی، مرحله‌ای حیاتی در ساخت مولکول‌های زیستی مانند آنتی‌بیوتیک‌ها، هورمون‌ها، آنتی‌بادی‌ها، انواع واکسن‌ها و آنزیم‌ها را تشکیل می‌دهد. این فرآیند شامل جداسازی زیستی سلول‌ها، بقایای سلولی، شکست سلولی و جداسازی ناخالصی‌های مربوط به محصول و فرآیند است. به طور معمول، ادغام تکنیک‌های مختلف غیرکروماتوگرافی با تکنیک‌های کروماتوگرافی در طول پردازش زیستی منجر به حذف مراحل میانی متعدد و تولید یک روش تجاری قابل اجرا می‌شود. با این حال، عملیات پایین دستی همواره با چالش‌های جدی در خط تولید هر یک از محصولات زیستی صنعتی خاص مواجه بوده است. در اینجا نمونه‌های خاصی از چنین چالش‌هایی که در طی مراحل پردازش پایین دست رخ داده‌اند، ارائه می‌شوند و راه‌حل‌ها و دستاوردها برای هر مورد خاص مورد بحث قرار می‌گیرند.





Phage cocktail reduces ciprofloxacin resistant *Shigella* infection by specific diminishing bacterial invasion, intercellular inactivation in human epithelial cells and modulate the inflammation response

Khashayar Shahin¹

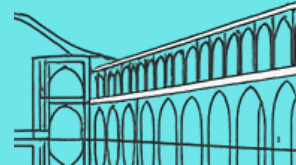
¹ Institute of Food Safety and Nutrition, Key Lab of Food Quality and Safety of Jiangsu Province-State Key Laboratory Breeding Base, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing, 210014, China

Corresponding author: Khashayar Shahin (kh.shahin@jps.ac.cn)

Abstract

Bacteriophages are a new horizon in the antibiotic resistance era. While bacteriolytic effects and bilateral relationship of phage-bacterium is well studied, it remains poorly understood in the presence of eukaryotic cells. We aimed to make the inactivation of *Shigella* by a six phages cocktail in presence of epithelial cells. The cocktail was prepared during last years efforts and its specific highly potential have been approved in our last publications. The effect of specific lytic phages activity on *Shigella* is beyond a simple bacterial lysis. In general, *Shigella* invades the epithelial cells and induce intense inflammation. Then it penetrates the cells, spreads intracellularly and cause cell damage. The results showed that in response to adding bacteriophages, adhesion, invasion, and proliferation of *Shigella* to the epithelial cell significantly, in particular, when epithelial cells were preincubated with bacteriophage prior to *Shigella* inoculation. The outer membrane vesicles (OMV) produced by the lysis of *Shigella* were effectively neutralized due to phage attachment to, increasing the survival rate of epithelial cells by 50%. Phage-to-bacteria ratios significantly increased two and four folds, respectively when extracellular or intracellular populations of *Shigella* were lysed, respectively. Attachment to *Shigella*'s type 3 secretion system (T3SS) was determined as the mechanism behind bacteriophage-mediated attenuation of *Shigella* invasion to epithelial cells. Transcriptomics showed phages successfully modulated the typical signaling pathways associated with responses to bacteria, OMV, and expression and secretion of inflammatory cytokines. The phages fight against ciprofloxacin resistant *Shigella* while having no effects on healthy gut microbiota based on proteomics and metataxonomic approaches. All taken together, the recent research demonstrated the interaction of phages, bacteria and eukaryotic cell deeper than before and lighted up the shadow in the field of phage therapy.

' 1039





کوکتل فاژ در کاهش عفونت شیگلا مقاوم به سیپروفلوکساسین از طریق کاهش اختصاصی تهاجم باکتری، غیر فعال

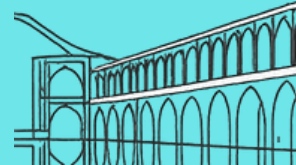
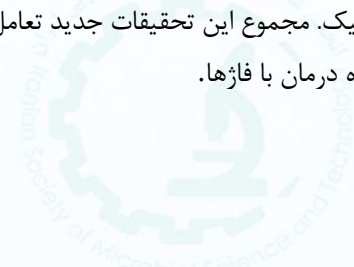
کردن درون سلولی در سلول های اپیتلیال انسانی و تنظیم پاسخ التهابی

خشایار شاهین

' 1040

چکیده

باکتریوفاژها افقی نوین در دوران مقاومت آنتی بیوتیکی هستند. در حالی که اثرات باکتریولیتیک و رابطه دوطرفه فاژ-باکتری به خوبی مورد مطالعه قرار گرفته است، این ارتباط در حضور سلول های یوکاریوتی به خوبی شناخته نشده است. هدف ما ایجاد غیر فعال سازی شیگلا توسط کوکتل شش فاژ در حضور سلول های اپیتلیال بود. این کوکتل در سال های اخیر تهیه شده و پتانسیل بسیار بالای اختصاصی آن در مقالات قبلی مان اثبات شده است. اثر فعالیت فاژهای لیتیک اختصاصی روی شیگلا فراتر از یک لیز ساده باکتریایی است. به طور کلی، شیگلا سلول های اپیتلیال را تهاجم می کند و التهاب شدیدی ایجاد می کند. سپس وارد سلول ها شده، درون سلولی گسترش می یابد و باعث آسیب سلولی می شود. نتایج نشان داد که در پاسخ به اضافه کردن باکتریوفاژها، چسبندگی، تهاجم و تکثیر شیگلا به سلول اپیتلیال به طور معناداری کاهش یافت، به ویژه زمانی که سلول های اپیتلیال قبل از تلقیح شیگلا با باکتریوفاژ پیش انکوبه شده بودند. وژیکول های غشایی خارجی (OMV) تولید شده توسط لیز شیگلا به طور مؤثری به دلیل اتصال فاژها خنثی شدند که منجر به افزایش نرخ بقا سلول های اپیتلیال تا ۵۰٪ شد. نسبت فاژ به باکتری به طور معناداری دو و چهار برابر افزایش یافت، به ترتیب هنگامی که جمعیت های خارج-سلولی یا درون سلولی شیگلا لیز شدند. اتصال به سیستم ترشح نوع ۳ (T3SS) شیگلا به عنوان مکانیزم کاهش تهاجم شیگلا به سلول های اپیتلیال توسط باکتریوفاژها تعیین شد. تحلیل های ترانسکریپتومیک نشان داد فاژها مسیرهای سیگنال دهی معمول مرتبط با پاسخ به باکتری، OMV و بیان و ترشح سایتوکاین های التهابی را با موفقیت تنظیم کردند. فاژها در مبارزه با شیگلا مقاوم به سیپروفلوکساسین مؤثر بودند و بر میکروبیوتای سالم روده تأثیری نداشتند بر اساس روش های پروتئومیک و متاتاکسونومیک. مجموع این تحقیقات جدید تعامل فاژها، باکتری ها و سلول های یوکاریوتی را عمیق تر از قبل نشان داد و روشنایی بخشید به حوزه درمان با فاژها.





Potential Antimicrobial Mechanisms of Plant EVs: A meta-Analysis Study

Razieh Dalirfardouei

1 Department of Medical Biotechnology, School of Sciences and Advanced Technologies in Medicine,
Hamadan University of Medical Sciences, Hamadan, Iran

' 1041

Corresponding author: Razieh Dalirfardouei (r.dalir@umsha.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Nanovesicles naturally derived from plants and medicinal herbs are attracting considerable interest in the medical and pharmaceutical field due to straightforward and efficient scaling-up methods for isolation. Plant extracellular vesicles (PEVs) can successfully transfer their bioactive molecules cargo between cells and organisms, creating inter-kingdom communication and contributing to diverse biological processes, such as antimicrobial properties. Notably, Gut microbiota can absorb the plant miRNAs encapsulated in plant EVs.

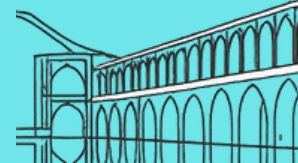
Objective: The aim of this study is an integrative analysis of PEV cargoes to uncover the molecular mechanisms behind their antimicrobial effects.

Methods: Proteomic and miRNA profiles of extracellular vesicles from different plants were achieved by searching literature and GEO databases. The STRING software was applied to provide a functional biological network, which was then visualized using Cytoscape 3.7.1. The Molecular Complex Detection (MCODE) Cytoscape plugin was used to analyze the network and find significant biological clusters. Functional enrichment and gene ontology (GO) analysis were performed using g:profiler.

Results: The shared common proteins were associated with an antimicrobial-related process such as “Response to oxidative stress”, “Protein folding and chaperone activity”, “Lipid metabolism and oxidation”, and “Carotenoid and sterol metabolism”, supporting that EV from plants was expected to positively impact on infectious disease.

Conclusion: This integrative analysis highlights the crucial roles of biocargoes in plant extracellular vesicles in antimicrobial defense. These insights could lead to innovative approaches for reshaping the natural microbiota to treat various diseases.

Keywords: Plant nanovesicles, Mechanism, Chaperone, Bioactive compounds





مکانیسم های احتمالی اثرات ضد میکروبی وزیکول های خارج سلولی گیاهان: یک مطالعه متاآنالیز

راضیه دلیر فردوئی

' 1042

چکیده

پیشینه پژوهش: نانوزیکول های گیاهی به دلیل روش جداسازی آسان و مقرون به صرفه و افزایش حجم تولید ساده، در پزشکی و صنایع داروسازی بسیار مورد توجه قرار گرفته اند. این وزیکول های خارج سلولی گیاهی (PEVs) حاوی ماکرومولکول های زیستی هستند و می توانند این مواد زیستی فعال را به سلول های انسانی و یا میکروارگانیسم ها انتقال دهند و به عبارتی ارتباطات بین سلسله های مختلف موجودات را رقم می زنند. تاکنون، فعالیت های زیستی مختلفی نظیر فعالیت ضد میکروبی و ضد التهابی آنها گزارش شده است. ترکیب میکروارگانیسم های روده با جذب مستقیم ترکیبات PEV مانند miRNA تغییر می کند.

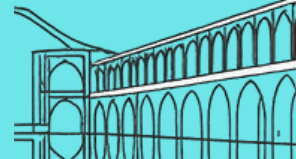
هدف: هدف از این مطالعه پیدا کردن مکانیسم های مولکولی اثرات ضد میکروبی PEVs ها از طریق آنالیز جامع پروفایل بیانی آنها می باشد.

روش ها: پروفایل پروتئینی و miRNA وزیکول های خارج سلولی گیاهی، با جستجو در مقالات علمی و پایگاه داده GEO استخراج شد. با استفاده از ابزار STRING شبکه عملکردی زیستی رسم شد و با نرم افزار Cytoscape 3.7.1 بررسی شد. خوشه های زیستی معنی دار با استفاده از MCODE ارزیابی شد. در نهایت با استفاده از g:profiler بررسی های gene ontology تکمیل شد.

نتایج: سازوکارهای زیستی ضد میکروبی که پروتئین های مشترک داده های مختلف در آن نقش داشتند عبارت از "تاخوردن پروتئین ها و فعالیت چپرون"، "متابولیسم و اکسیداسیون لیپد"، "متابولیسم کاروتنوئید و استرول" می باشد که نشان می دهد PEV بالقوه توانایی ایجاد اثرات مثبت در بیماری های عفونی را دارد.

نتیجه گیری: نتایج این مطالعه متاآنالیز نشان داد که ترکیبات فعال زیستی PEV، از طریق مکانیسم های متعددی تاثیر ضد میکروبی خود را بروز می دهند. بنابراین، PEVs راهکارهای ایمن، خلاق و ارزان برای تغییر میکروبیوم روده و یا پوست جهت درمان بیماری های مختلف معرفی می شوند.

کلیدواژه: نانوزیکول های گیاهی، مکانیسم، چپرون، ترکیبات فعال زیستی





Evaluation of antiviral effect of *Helianthus tuberosus* extract on Herpes simplex virus type 1

Taravat Mohammadalizade Amiri ^{1*}, Fatemeh Roodbari¹, Sadeqh Pourmoradi ³

¹ MSc in Biology, University of Mazandaran, Iran.

³ Agricultural and Natural Resources Research Center of Mazandaran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran

Corresponding Author: Taravat Mohammadalizade Amiri (taravatalizadeh11@gmail.com)

' 1043

ABSTRACT

Background: Human herpes simplex virus type 1 (HSV-1) commonly causes infections in the skin, mucosa, and nervous system. Plant extracts are being explored as alternative therapies because they tend to have antiviral effects with fewer side effects. *Helianthus tuberosus* (Jerusalem artichoke), which contains phenolic compounds, coumarins, and sesquiterpenes, shows promise due to its antiviral and antioxidant properties.

Objective: In the present study, the antiviral effect of *Helianthus tuberosus* plant extract on herpes simplex virus type 1 was investigated.

Materials and Methods: For this purpose, methanol extract of aerial parts of *H. tuberosus* was prepared by soaking in 80% methanol. The cytotoxic effect of different concentrations of the extract on Vero cells was evaluated using the MTT method, viral titer was determined using the 50 TCID method, and the inhibitory effect of the extract on herpes simplex virus type 1 in two extracellular stages: attachment and intracellular; proliferation using the CPE and MTT methods. The data were analyzed with Minitab statistical software (version 16). The 50 CC values were 60.41 and 57.142 at 48 and 72 hours, respectively. The highest viral inhibition effect was related to the replication stage, and the best time in this stage was 48 hours with a virus inhibition rate (50IC) of 871/381 µg/ml and a SI value of 0.069. At 72 hours, the 50 IC was 391.46 µg/ml and a SI value of 1.231. In the binding stage, the inhibitory effect of the extract on the HSV-1 virus was observed at concentrations of 25.31-62.5-125-250 µg/ml.

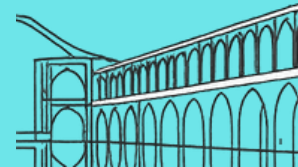
Results: The results showed that the methanol extract of *H. tuberosus* at concentrations of 1000 µg/ml and 500 µg/ml had a lethal effect on Vero cells. The highest antiviral effect of the extract was in the viral replication stage. Further research is needed to find the mechanism of action so that it can be used in the manufacture of antiherpes drugs.

Conclusion: The methanolic extract of *Helianthus tuberosus* demonstrated significant antiviral effects against HSV-1, particularly in the replication stage. Further research is recommended to elucidate the mechanism of action and explore the potential of this plant as a natural antiviral agent.

Keywords: *Helianthus tuberosus*, Vero cell line, herpes simplex virus type 1, antiviral properties.

References:

1. Chen, F., Long, X., Liu, Z., Shao, H., Lio, L. (2014). Analysis of Phenolic Acids of Jerusalem Artichoke (*Helianthus tuberosus* L.) Responding to Salt-Stress by Liquid Chromatography/Tandem Mass Spectrometry. The Scientific World Journal.
2. Del Barrio, G., Parra, F. (2006). Evaluation of the Antiviral Activity of an Aqueous Extract from *Phyllanthus Orbicularis*. Journal of Ethnopharmacology, 72(1), 317-322.
3. Dobson, C. B., Itzhaki, R. F. (1999). Herpes Simplex Virus Type 1 and Alzheimer's Disease. Journal of Neurobiology of Aging, 20, 457-465.





بررسی اثر ضد ویروسی عصاره گیاهی *Helianthus tuberosus* بر ویروس هرپس سیمپلکس تیپ ۱

طراوت محمدعلی زاده امیری، فاطمه رودباری، صادق پورمرادی

چکیده

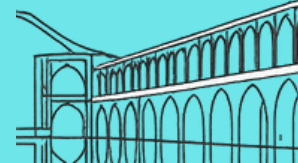
' 1044

پیشینه پژوهش: ویروس هرپس سیمپلکس انسانی نوع ۱ (HSV-1) معمولاً باعث عفونت در پوست، مخاط و سیستم عصبی می‌شود. عصاره‌های گیاهی به عنوان درمان‌های جایگزین مورد بررسی قرار می‌گیرند زیرا تمایل به داشتن اثرات ضد ویروسی با عوارض جانبی کمتر دارند *Helianthus tuberosus*. (کنگر فرنگی اورشلیم) که حاوی ترکیبات فنلی، کومارین‌ها و سزکوئی‌ترین‌ها است، به دلیل خواص ضد ویروسی و آنتی‌اکسیدانی خود نویدبخش نشان می‌دهد.

هدف: در مطالعه حاضر، اثر ضد ویروسی عصاره گیاه *Helianthus tuberosus* بر ویروس هرپس سیمپلکس نوع ۱ بررسی شد.

مواد و روش‌ها: برای این منظور، عصاره متانولی قسمت‌های هوایی *H. tuberosus* با خیساندن در متانول ۸۰٪ تهیه شد. اثر سیتوتوکسیک غلظت‌های مختلف عصاره بر روی سلول‌های Vero با استفاده از روش MTT ارزیابی شد، تیترو ویروسی با استفاده از روش ۵۰ TCID₅₀ تعیین شد و اثر مهار عصاره بر روی ویروس هرپس سیمپلکس نوع ۱ در دو مرحله خارج سلولی: اتصال و داخل سلولی؛ تکثیر با استفاده از روش‌های CPE و MTT انجام شد. داده‌ها با نرم‌افزار آماری Minitab (نسخه ۱۶) تجزیه و تحلیل شدند. مقادیر CC ۵۰ در ۴۸ و ۷۲ ساعت به ترتیب ۶۰.۴۱ و ۵۷.۱۴۲ بود. بیشترین اثر مهار ویروسی مربوط به مرحله تکثیر بود و بهترین زمان در این مرحله ۴۸ ساعت با میزان مهار ویروس (۵۰ IC₅₀ ۳۸۱/۸۷۱) میکروگرم در میلی‌لیتر و مقدار SI ۰.۰۶۹ بود. در ۷۲ ساعت، ۵۰ IC₅₀ ۳۹۱.۴۶ میکروگرم در میلی‌لیتر و مقدار SI ۱.۲۳۱ بود. در مرحله اتصال، اثر مهار عصاره بر روی ویروس-HSV ۱ در غلظت‌های ۲۵.۳۱-۶۲.۵-۱۲۵-۲۵۰ میکروگرم در میلی‌لیتر مشاهده شد. نتایج: نتایج نشان داد که عصاره متانولی گیاه *H. tuberosus* در غلظت‌های ۱۰۰۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر و ۵۰۰ میکروگرم بر میلی‌لیتر اثر کشندگی بر روی سلول‌های Vero داشت. بیشترین اثر ضد ویروسی عصاره در مرحله تکثیر ویروس بود. تحقیقات بیشتری برای یافتن مکانیسم عمل آن مورد نیاز است تا بتوان از آن در ساخت داروهای ضد هرپس استفاده کرد.

نتیجه‌گیری: عصاره متانولی *H. tuberosus* اثرات ضد ویروسی قابل توجهی را علیه HSV-1، به ویژه در مرحله تکثیر، نشان داد. تحقیقات بیشتر برای روشن شدن مکانیسم عمل و بررسی پتانسیل این گیاه به عنوان یک عامل ضد ویروسی طبیعی توصیه می‌شود. **کلمات کلیدی:** *Helianthus tuberosus*، رده سلولی Vero، ویروس هرپس سیمپلکس نوع ۱، خواص ضد ویروسی.





(04890269)-Investigation of *Acetobacter senegalensis* LMG 23690T effect on modulation of anti-inflammatory response in a rat model

Shima Bahador¹; Rasoul Shafiei¹; Maryam Noorbakhshnia¹; Babak Beikzadeh¹; Parvin Mahzouni²

' 1045

1 Department of Cell and Molecular Biology & Microbiology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

2 Department of Pathology, School of Medicine, Al-Zahra Hospital, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

Correspondent email: Rasoul Shafiei (r.shafiei@sci.ui.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Inflammation is the immune system's response to harmful stimuli, such as pathogens, damaged cells, toxic compounds, or irradiation (1). However, uncontrolled acute inflammation may become chronic, contributing to a variety of chronic inflammatory diseases (2, 3).

Objective: The main idea of the current study was to evaluate the anti-inflammatory activity of *Acetobacter senegalensis*.

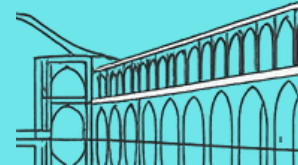
Context: into 4 groups: G1 (treated with physiological serum; negative control), G2 (treated with *Escherichia coli* O55; positive control), G3 (treated with *A. senegalensis*; test group), G4 (treated with *A. senegalensis* + *E. coli*; prevention group). Rats were gavaged with 10⁹ CFU/ml of bacteria for 60 days. Then, rats were sacrificed and biochemical and immunological studies were performed.

Results: Our results revealed that the concentration of Aspartate transaminase (AST) and Aspartate transaminase /Alanine transaminase (AST/ALT) were increased significantly ($P < 0.05$) in G2 treated with *E. coli*. However, in group G3 there was no significant increase in AST and AST/ALT ratio. In the presence of *A. senegalensis* (G4) AST and AST/ALT decreased remarkably ($P < 0.05$). Furthermore, serum level of urea and creatinine was elevated in G2 and reduced in G4. In addition, no significant increase in serum level of urea and creatinine was found in group G3. Also, immunological studies on hippocampus tissue of rats suggested that production of Tumor necrosis factor (TNF- α) was increased significantly ($P < 0.05$) in G2. While, in G4 rats TNF- α concentration was decreased notably ($P < 0.05$) and there was no significant increase in TNF- α level in group G3. **Conclusion:** Increased levels of AST and AST/ALT are related with liver dysfunction. As well, increased levels of urea and creatinine are associated with kidney dysfunction. Therefore, decreased level of AST, AST/ALT, urea, creatinine and TNF- α in the presence of *A. senegalensis* confirmed its anti-inflammatory activity.

Keywords: *Acetobacter senegalensis*, Anti-inflammatory activity, Immune response, liver dysfunction, Tumor necrosis factor (TNF- α)

References:

1. Rohm, T. V., Meier, D. T., Olefsky, J. M., & Donath, M. Y. (2022). Inflammation in obesity, diabetes, and related disorders. *Immunity*, 55(1), 31-55.
2. Massironi, S., Viganò, C., Palermo, A., Pirola, L., Mulinacci, G., Allocca, M., ... & Danese, S. (2023). Inflammation and malnutrition in inflammatory bowel disease. *The Lancet Gastroenterology & Hepatology*, 8(6), 579-590.
3. Ma, Z., Du, B., Li, J., Yang, Y., & Zhu, F. (2021). An insight into anti-inflammatory activities and inflammation related diseases of anthocyanins: A review of both in vivo and in vitro investigations. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(20), 11076.





۰۴۸۹۰۲۶۹- بررسی اثر استوباکتر سنگالنسیس LMG 23690T در تعدیل پاسخ ضد التهابی در یک مدل رت

شیما بهادر، رسول شفیعی، مریم نوربخش نیا، بابک بیک زاده، پروین محزون

چکیده

' 1046

پیشینه پژوهش: التهاب پاسخ سیستم ایمنی به محرک‌های مضر مانند پاتوژن‌ها، سلول‌های آسیب دیده، ترکیبات سمی یا تابش‌های خطرناک است (۱). با این وجود، التهاب حاد کنترل نشده می‌تواند به صورت مزمن درآمده و به انواع بیماری‌های التهابی مزمن منجر شود (۲، ۳).

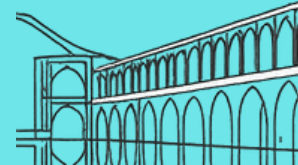
هدف: هدف اصلی این مطالعه بررسی فعالیت ضد التهابی استوباکتر سنگالنسیس بود.

روش‌ها: برای این منظور، یک مطالعه *in-vivo* با استفاده از مدل رت انجام شد. در این مطالعه از ۴۰ رت استفاده شد. رت‌ها به ۴ گروه تقسیم شدند: G1 (تیمار شده با سرم فیزیولوژی؛ کنترل منفی)، G2 (تیمار شده با /شرشیا کلی O55؛ کنترل مثبت)، G3 (تیمار شده با /استوباکتر سنگالنسیس؛ گروه تست) و G4 (تیمار شده با /استوباکتر سنگالنسیس + /شرشیا کلی؛ گروه پیشگیری). رت‌ها با غلظت 10^9 CFU/ml از هر دو باکتری به مدت ۶۰ روز گاوژ شدند. سپس رت‌ها کشته شده و مطالعات بیوشیمیایی و ایمونولوژیک روی آنها انجام شد.

نتایج: نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که غلظت آسپارات ترانس آمیناز (AST) و نسبت آسپارات ترانس آمیناز / آلانین ترانس آمیناز (AST/ALT) در G2 (تیمار شده با /شرشیا کلی) به طور معناداری افزایش یافت ($P<0.05$). در گروه G3 افزایش قابل توجهی در مقدار AST و نسبت AST/ALT مشاهده نشد. در حضور استوباکتر سنگالنسیس (G4) غلظت AST و نسبت AST/ALT به طور قابل توجهی کاهش یافت ($P<0.05$). علاوه بر این، سطح سرمی اوره و کراتینین در G2 افزایش و در G4 کاهش یافت و در G3 نیز هیچ افزایش معنی‌داری در مقادیر اوره و کراتینین مشاهده نشد. همچنین، مطالعات ایمونولوژیک در بافت هیپوکمپ رت‌ها نشان داد که تولید فاکتور نکروز دهنده تومور ($TNF-\alpha$) به طور معناداری ($P<0.05$) در G2 افزایش یافته است. در حالی که در رت‌های گروه G4 غلظت $TNF-\alpha$ به طور قابل توجهی کاهش یافت ($P<0.05$) و در گروه G3 نیز هیچ افزایش قابل توجهی در تولید آن مشاهده نشد.

نتیجه گیری: افزایش سطح AST و نسبت AST/ALT با نارسایی کبد همراه است. همچنین افزایش سطح اوره و کراتینین منجر به نارسایی کلیه می‌شود. بنابراین، کاهش سطوح AST، نسبت AST/ALT، اوره، کراتینین و $TNF-\alpha$ نشان دهنده فعالیت ضد التهابی استوباکتر سنگالنسیس است.

کلیدواژه: استوباکتری سنگالنسیس، فعالیت ضد التهابی، پاسخ ایمنی، نارسایی کبدی، فاکتور نکروز دهنده تومور ($TNF-\alpha$)





(09070718)-The Significance of Probiotics in the Transmission of Antimicrobial Resistance Genes

Bahareh Attaran¹

¹ Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

' 1047

Corresponding Email: Bahareh Attaran (b.attaran@alzahra.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Probiotics' antibiotic resistance raises significant health issues since these good bacteria can spread antibiotic resistance genes. Especially for pathogens, the possibility of horizontal gene transfer from probiotics to other gut bacteria is a major worry since it could lead to treatment-resistant illnesses. This route could aggravate the worldwide issue of antibiotic resistance, hence raising hospital death and morbidity rates.

Objective: Human antibiotic resistance is linked to animal probiotics influencing the food chain. Studies indicate that commercial probiotic products contain antibiotic-resistance genes, therefore highlighting the need of carefully screening probiotic strains.

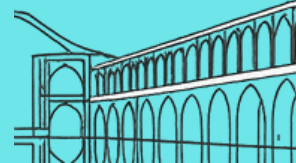
Context: Recent studies have shown that certain probiotic bacteria, particularly those belonging to the genera *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, and *Bacillus*, frequently carry genes that resist antibiotics. Mobile genetic elements help to spread antibiotic-resistant genes among different bacteria, hence aggravating resistance issues. Common antibiotic resistance genes are the glycopeptide resistance gene (*vanE*), aminoglycoside resistance genes (*aadA*, *strA*, *strB*), macrolide resistance genes (*msrA/msrB*, *erm(B)*), and tetracycline resistance genes (*tet(K)*, *tet(M)*, *tet(S)*, *tet(W)*). These genes, located on mobile genetic elements mostly found in *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* species, help to spread them across other bacteria.

Current screening rules poorly handle mobile ARGs in commercial probiotics, therefore stressing the need of genetic monitoring to lower health concerns connected to antibiotic resistance.

Keywords: Probiotics, antibiotic resistance genes, horizontal gene transfer, antibiotic resistance

References:

- Hofer, U. (2022). Mobilizing resistance genes in the human gut. *Nature Reviews Microbiology*, 20(6), 317. <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00728-72>.
- Jiang, S., Zhang, C., Han, Z., Ma, W., Wang, S., Huo, D., Cui, W., Zhai, Q., Huang, S., & Zhang, J. (2023). Native microbiome dominates over host factors in shaping the probiotic genetic evolution in the gut. *Npj Biofilms and Microbiomes*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41522-023-00447-8>
- Montassier, E., Valdés-Mas, R., Batard, E., Zmora, N., Dori-Bachash, M., Suez, J., & Elinav, E. (2021). Probiotics impact the antibiotic resistance gene reservoir along the human GI tract in a person-specific and antibiotic-dependent manner. *Nature Microbiology*, 6(8), 1043–1054. <https://doi.org/10.1038/s41564-021-00920-0>





۹۰۷۰۷۱۸- اهمیت پروبیوتیک‌ها در انتقال ژن‌های مقاومت آنتی‌میکروبی

بهاره عطاران

چکیده

' 1048

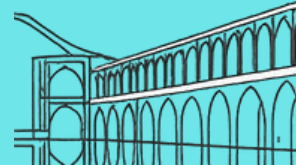
پیشینه پژوهش: مقاومت آنتی‌بیوتیکی پروبیوتیک‌ها نگرانی‌های بهداشتی قابل توجهی را ایجاد می‌کند، زیرا این باکتری‌های مفید می‌توانند ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی را انتقال کنند. یکی از نگرانی‌های عمده، پتانسیل انتقال افقی ژن از پروبیوتیک‌ها به سایر باکتری‌های روده، از جمله پاتوژن‌ها، است که می‌تواند بیماری‌های مقاوم به درمان ایجاد کند. این مسیر مشکل جهانی مقاومت آنتی‌بیوتیکی را تشدید می‌کند و در نتیجه نرخ مرگ و میر و بیماری را در بیمارستان‌ها افزایش دهد.

هدف: پروبیوتیک‌های دامی که بر زنجیره غذایی تأثیر می‌گذارند، این مشکل را دارند و با مقاومت آنتی‌بیوتیکی در انسان‌ها مرتبط بوده‌اند. مطالعات نشان می‌دهند که محصولات پروبیوتیک تجاری شامل ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی هستند، که بر لزوم غربالگری دقیق سویه‌های پروبیوتیک تأکید می‌کند.

نتایج: تحقیقات اخیر نشان می‌دهد که برخی از سویه‌های پروبیوتیک به ویژه آن‌هایی که از جنس‌های لاکتوباسیلوس، بیفیدوباکتریوم، انتروکوکوس و باسیلوس هستند، اغلب دارای ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی هستند. اجزای ژنتیکی متحرک به این ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی کمک می‌کنند تا به باکتری‌های مختلف منتقل شوند و مشکلات مقاومت را افزایش دهند. ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی رایج شامل ژن مقاومت گلیکوپپتید (*vanE*)، ژن‌های مقاومت آمینوگلیکوزید (*aadA*, *strA*, *strB*)، ژن‌های مقاومت ماکرولید (*msrA/msrB*, *erm(B)*) و ژن‌های مقاومت تتراسایکلین (*tet(S)*, *tet(W)*, *tet(K)*, *tet(M)*) می‌باشند. این ژن‌ها که بر روی عناصر ژنتیکی متحرک که عمدتاً در گونه‌های لاکتوباسیلوس و بیفیدوباکتریوم یافت می‌شوند، قرار دارند، که انتشار آن‌ها را در میان باکتری‌ها تسهیل می‌کنند.

نتیجه گیری: قوانین فعلی غربالگری این ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی متحرک را در پروبیوتیک‌های تجاری به طور کافی پوشش نمی‌دهند، و اهمیت نظارت ژنومی برای کاهش خطرات احتمالی بهداشتی مرتبط با مقاومت آنتی‌بیوتیکی تأکید می‌کنند.

کلیدواژه: پروبیوتیک‌ها، ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی، انتقال افقی ژن‌ها، مقاومت آنتی‌بیوتیکی





(04390243)-Studying the effect of physiological conditions (light and temperature) on the
production and herbicidal properties of the siderophore produced by a rare actinomycete,
Amycolatopsis lurida

Mahsa Eigharlou¹, Akram Sadeghi², Ali Mohammadi³

' 1049

¹ Department of Microbiology, School of Biology, College of Science, Tehran, University of Tehran, Iran

² Department of Microbial Biotechnology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII),
Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

³ Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

Coresspondence email: Akram Sadeghi (aksadeghi@abrii.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Sugarcane syrup, due to its high sugar concentration and low water activity, creates an ideal environment for the growth of osmophilic microorganisms—especially certain yeast species. Among these, osmophilic yeasts can thrive and multiply, leading to microbial contamination. Such contamination results in turbidity, off-flavors, and reduced shelf life, severely compromising the quality of the final product. These quality issues render the syrup unsuitable for industrial applications, particularly in food and beverage production, where clarity and microbial stability are critical. Therefore, identifying and controlling the main microbial contaminants is essential to improving product stability and safety.

Objective: This study examined the herbicidal potential of *Amycolatopsis lurida* strain 407 siderophores and their metabolites in two colony morphologies this study aimed to elucidate the relationship between siderophore production and plant growth inhibition.

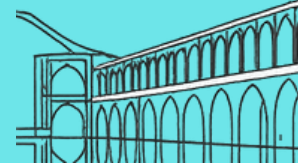
Methods: The study examined two colony types (red and white) of *A. lurida* strain 407 for herbicidal activity under varying conditions. Both colony filtrates significantly inhibited ryegrass and redroot growth. Siderophore production was higher in the red strain (613.4 ppm) than in the white (388.5 ppm). Chromatographic fractions showed strong suppression of weed growth, particularly those with iron-chelating activity. The results suggest *A. lurida* siderophores have strong bioherbicidal potential and could be eco-friendly alternatives to chemical herbicides.

Conclusion: These findings indicate that siderophores from *A. lurida* 407 have herbicidal properties and may serve as an environmentally sustainable alternative to chemical herbicides. This study highlights the potential of siderophores, alone or in combination with other metabolites, to suppress weed growth and promote sustainable agricultural practices.

Keywords: *Amycolatopsis lurida*, Chromatography, Siderophores

References:

1. Eigharlou, M., Javidpoor, S., Mohammadi, A., Khelghatibana, F., Nami, Y., Ma'mani, L., & Sadeghi, A. (2024). Evaluation of herbicidal potential of Siderophores produced by *Amycolatopsis lurida* strain 407. *Scientific Reports*, 14(1), 26212.
2. Wang, W., Qiu, Z., Tan, H., & Cao, L. (2014). Siderophore production by actinobacteria. *Biometals*, 27, 623-631.
3. Roman, I., & Gromyko, O. (2023). Plant growth promoting properties of an antarctic strain *Amycolatopsis* sp. Cq 72-27. *Ukrainian Antarctic Journal*, 21(1 (26)), 79-89.





(04390243)-بررسی تاثیر شرایط فیزیولوژیکی (نور و دما) بر تولید و خواص علف کشی سیدروفور تولید شده توسط

اکتینومیست کمیاب، آمیکولاتوپسیس لوریدا

مهسا عی قزلو، اکرم صادقی، علی محمدی

' 1050

چکیده

پیشینه پژوهش: شربت نیشکر، به دلیل غلظت بالای قند و فعالیت آبی پایین، محیط ایده‌آلی برای رشد میکروارگانیسم‌های اسموفیلیک - به ویژه گونه‌های خاصی از مخمر - ایجاد می‌کند. در میان این میکروارگانیسم‌ها، مخمرهای اسموفیلیک می‌توانند رشد و تکثیر کنند و منجر به آلودگی میکروبی شوند. چنین آلودگی منجر به کدورت، طعم نامطلوب و کاهش ماندگاری می‌شود و کیفیت محصول نهایی را به شدت به خطر می‌اندازد. این مشکلات کیفی، شربت را برای کاربردهای صنعتی، به ویژه در تولید مواد غذایی و نوشیدنی، که در آن شفافیت و پایداری میکروبی بسیار مهم است، نامناسب می‌کند. بنابراین، شناسایی و کنترل آلاینده‌های میکروبی اصلی برای بهبود پایداری و ایمنی محصول ضروری است.

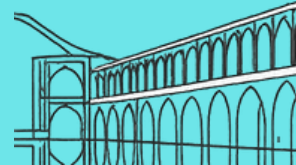
هدف: در این مطالعه پتانسیل علف‌کشی سیدروفور *Amycolatopsis lurida* strain 407 و متابولیت‌های آن در دو مورفولوژی کلنی بررسی شد. این مطالعه با هدف روشن کردن رابطه بین تولید سیدروفور و مهار رشد گیاه انجام شد.

روش‌ها: این مطالعه دو نوع کلنی (قرمز و سفید) از گونه *A. lurida* سویه ۴۰۷ را از نظر فعالیت علف‌کشی در شرایط مختلف بررسی کرد. هر دو فیلتراسیون کلنی به طور قابل توجهی رشد علف‌های هرز و ریشه قرمز را مهار کردند. تولید سیدروفور در گونه قرمز (۶۱۳.۴ ppm) بیشتر از گونه سفید (۳۸۸.۵ ppm) بود. بخش‌های کروماتوگرافی سرکوب شدید رشد علف‌های هرز، به ویژه آن‌هایی که فعالیت کلات‌کننده آهن داشتند، را نشان دادند. نتایج نشان می‌دهد که سیدروفورهای *A. lurida* پتانسیل علف‌کشی زیستی قوی دارند و می‌توانند جایگزین‌های سازگار با محیط زیست برای علف‌کش‌های شیمیایی باشند.

نتایج: هر دو کلنی مهار قابل توجهی بر علف‌های هرز نشان دادند. غلظت سیدروفور در محیط دارای کمبود آهن برای قرمز ppm4/613 و برای سفید ppm5/388 تعیین شد. کروماتوگرافی ستونی نشان داد همه فرکشن‌های قرمز ساقه چچم را تا ۴۵٪، ریشه چچم را تا ۸۳-۸۶٪ و تاج‌خروس را تا ۳۶٪ کاهش دادند. فرکشن‌هایی از سویه سفید به طور کامل از جوانه زنی جلوگیری کردند یا ریشه چچم را تا ۹۴٪ کاهش و طول تاج‌خروس را تا ۵۲٪ کاهش دادند. فرکشن‌هایی که فعالیت کلات آهن داشتند در کاهش رشد گیاه مؤثرتر بودند و ممکن است سیدروفورها و سایر متابولیت‌ها با هم افزایش فعالیت علف‌کشی داشته باشند.

نتیجه‌گیری: این یافته‌ها نشان می‌دهد سیدروفورهای *A. lurida* 407 دارای خواص علف‌کشی هستند و ممکن است به عنوان یک جایگزین پایدار برای محیط زیست برای علف‌کش‌های شیمیایی عمل کنند. این مطالعه بر پتانسیل سیدروفورها، به تنهایی یا در ترکیب با سایر متابولیت‌ها، برای سرکوب رشد علف‌های هرز و ترویج شیوه‌های کشاورزی پایدار تاکید می‌کند.

کلیدواژه: *Amycolatopsis lurida*، کروماتوگرافی، سیدروفور





(04500491)- Screening of bacteria isolated from *Haliclona* sp. Persian Gulf sponge for production of antibacterial bioactive molecules

Parisa Yekta Sanati¹, Shams-ol-Zahi Abol-Maali², Shakiba Darvishalipour Astaneh³

¹ Department of Biotechnology, Faculty of Modern Science and Technology, Semnan University, Semnan, Iran

² Department of Biology, Faculty of Basic Sciences, Semnan University, Semnan, Iran

³ Department of Biotechnology, Faculty of Modern Science and Technology, Semnan University, Semnan, Iran

Correspondence email: Shams-ol-Zahi Abol-Maali (s_abolmaali@semnan.ac.ir)

ABSTRACT

Background: Bacteria symbiotic with marine sponges are a source of secondary metabolites.

Objective: The present study was conducted with the aim of identifying antibacterial producing isolates from the marine sponge *Haliclona* sp

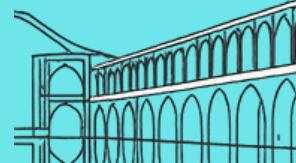
Methods: 15 isolates were tested against indicator bacteria by agar diffusion test. PGCM35 isolate was further studied due to its reproducibility against most bacteria. The active compound(s) were extracted and concentrated with dichloromethane. The effect of concentrations of 2.5 to 15 µg/µl of the concentrated antimicrobial compound on the destruction of *Staphylococcus aureus* biofilm was studied and the stability of antimicrobial activity was investigated for 15 minutes in the pH range and temperature range. Identification of the antimicrobial compound was determined using optical absorption and chemical reagents were used. The diameter of the growth inhibition zone of PGCM35 isolate against *Bacillus subtilis* and *Staphylococcus aureus* was 20 mm and against *Bacillus cereus* was 15 mm, which showed the highest antimicrobial effect with a minimum inhibitory concentration of 25 µg/µl. The IC₅₀ of the compound on biofilm destruction was 10 µg/µl. Antimicrobial activity was 100% at temperatures of -70 to 50 degrees Celsius, 97.77% at temperatures of 60 to 121 degrees Celsius. And at pHs of 4 and 11, 98.275% and 96.551% were observed, respectively. Using Dragendorff and Wagner reagents, color change was observed along with the formation of a precipitate at the end of the tube, indicating the presence of alkaloid compounds. By performing molecular tests, the PGCM35 isolate was confirmed to be *Bacillus licheniformis*. The alkaloid compound produced by the symbiotic bacterium with the sponge *Haliclona* sp. with antimicrobial effect on Gram-positive bacteria can be a candidate for further studies to discover new antibacterial drugs.

Conclusion: The alkaloid compound produced by the sponge symbiotic bacterium *Haliclona* sp. with antimicrobial effect on Gram-positive bacteria could be a candidate for further studies to discover new antibacterial drugs.

Keywords: *Haliclona* sp , Antibacterial , sponge

References:

1. Nasiri, N., Taherizadeh, M. R., Gozari, M., & Tamadoni Jahromi, S. (2024). Biodiversity and screening of antimicrobial, antioxidant, and cytotoxic activity of bacteria isolated from the Persian Gulf sponge (*Haliclona oculata*). *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 23(5), 739-755.
2. Ansarizadeh, A., Kafilzadeh, F., Tamadoni Jahromi, S., Kargar, M., & Gozari, M. (2023). Isolation, identification and evaluation of the anti-diabetic activity of secondary metabolites extracted from bacteria associated with the Persian Gulf sponges (*Haliclona* sp. and *Niphates* sp.). *Iranian Journal of Fisheries Sciences*, 22(3), 511-525.
3. Nasiri, N., Taherizadeh, M. R., & Gozari, M. (2023). Investigating the Antimicrobial Activity of Bacteria associated with the Marine sponge *Haliclona* sp. collected from the Persian Gulf. *Journal of Marine Medicine*, 4(4), 215-222.





۰۴۵۰۰۴۹۱- غربالگری باکتری‌های جدا شده از اسفنج *Haliclona sp*. خلیج فارس برای تولید مولکول‌های فعال

زیستی ضدباکتری

پریسا یکتای صنعتی، شمس‌الضحی ابوالمعالی، شکبیا درویشعلیپور آستانه

' 1052

چکیده

پیشینه پژوهش: باکتری‌های همزیست با اسفنج دریایی منبع متابولیت‌های ثانویه هستند.

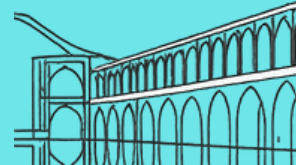
هدف: پژوهش حاضر، با هدف شناسایی جدایه‌های تولیدکننده ضدباکتری از اسفنج دریایی *Haliclona sp* انجام گرفت.

روش‌ها: ۱۵ جدایه با آزمون انتشار در آگار علیه باکتری‌های شاخص بررسی شدند. جدایه PGCM35 بعلا اثرگذاری علیه اکثر باکتری‌ها با تکرارپذیری مورد مطالعه بیشتر قرار گرفت. ترکیب(ات) فعال با دیکلرومتان استخراج و تغلیظ صورت گرفت. تاثیر غلظت‌های ۲.۵ تا ۱۵ $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ از ترکیب ضد میکروبی تغلیظ‌شده بر تخریب بیوفیلم استافیلوکوکوس اورئوس مطالعه و بررسی پایداری فعالیت ضد میکروبی به مدت ۱۵ دقیقه در دانه‌ی pH ۷ و بازه دمایی انجام شد. شناسایی ترکیب ضد میکروبی با استفاده از جذب نوری تعیین و از معرف‌های شیمیایی استفاده شد.

نتایج: قطر هاله عدم رشد جدایه PGCM35 علیه باسیلوس سوبتیلیس و استافیلوکوکوس اورئوس ۲۰ میلی‌متر و علیه باسیلوس سرئوس ۱۵ میلی‌متر می‌باشد که با حداقل غلظت مهارکنندگی ۲۵ $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ بیشترین اثر ضد میکروبی را نشان داد. IC50 ترکیب موردنظر بر تخریب بیوفیلم ۱۰ $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ می‌باشد. فعالیت ضد میکروبی در دماهای ۷۰- تا ۵۰ درجه سلسیوس ۱۰۰٪، در دماهای ۶۰ تا ۱۲۱ درجه سلسیوس ۹۷.۷۷٪ و در pH های ۴ و ۱۱ به ترتیب ۹۸.۲۷۵٪ و ۹۶.۵۵۱٪ مشاهده شد. با استفاده از معرف‌های دراژندورف و واگنر تغییر رنگ همراه با تشکیل رسوب در انتهای لوله مشاهده شد که نشان از وجود ترکیبات آلکالوئیدی می‌باشد. با انجام آزمون‌های مولکولی، جدایه PGCM35 باسیلوس لیکنی فورمیس تایید شد.

نتیجه گیری: ترکیب آلکالوئیدی تولیدشده توسط باکتری همزیست با اسفنج *Haliclona sp* با اثر ضد میکروبی بر باکتری‌های گرم مثبت می‌تواند کاندیدی برای مطالعات بیشتر برای کشف داروهای ضدباکتریایی جدید باشد.

کلیدواژه: *Haliclona sp*، ضد باکتری، اسفنج





(00120704)-Increasing the productivity rate of Pestalan exopolysaccharide production from *Neopestalotiopsis* sp. strain SKE-15 by Bench-Top fermentor system

Sahar Alipour kafi¹; Mohammad Reza Soudi^{1*}, Afrouzossadat Hosseini Abari²

' 1053

¹ Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

² Department of Cell and Molecular Biology & Microbiology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

Coressponding author: Mohammad Reza Soudi (soudimr@gmail.com)

ABSTRACT

Background: Polysaccharides, particularly microbial exopolysaccharides (EPS), have garnered significant attention due to their diverse industrial applications, including roles as thickeners, stabilizers, and bioactive compounds in food, pharmaceuticals, and biomedicine.

Objective: The aim of this study was to produce pestalan polysaccharide in Bench-Top bioreactor system to increase the productivity and reduce production costs of pestalan polysaccharide.

Methods: The *Neopestalotiopsis* sp. SKE-15 was used to produce Pestalan polysaccharide. A synthetic culture medium containing 30 g/L glucose, 1.25 g/L KNO₃, 0.05 g/L MgSO₄.7H₂O, 0.05 g/L K₂HPO₄, 0.05 g/L MnSO₄.5H₂O, 0.005 g/L FeSO₄ (pH~7.0) was used to produce Pestalan. Seed culture was prepared in 500-ml shake flasks containing 100 ml LB broth and incubated for 24 h at 28°C and 150 rpm. The seed culture with final concentration of 10 % was inoculate to final synthetic production medium in a 2 L bench top bioreactor (Biostat B Fermenter, B. Braun Company) equipped with Rushton six-blade turbine stirrer. The fermentation process was performed at 28°C with 1 v/v.m aeration and 400 rpm agitation for 34 h.

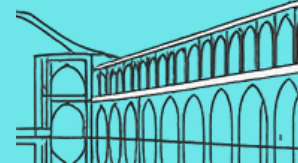
Results: The pestalan polysaccharide obtained from *Neopestalotiopsis* sp. strain SKE-15 culture in baffled flasks and lab scale condition was 3.79 g/L after 144 h cultivation. Production of pestalan in Bench-Top bioreactor system reduced the fermentation time from 144 hours to 34 hours with 2.84 g/L polysaccharide production. The results of this study demonstrated that production time of fermentation process in the bioreactor is reduced more than 4 times which leads to a threefold increasing in productivity rate (from 0.02 to .06).

Conclusion: These findings suggest promising potential for reducing both production costs and time, thereby supporting the continued advancement and application of such compounds across various industries.

Keywords: Exopolysaccharide, Pestalan, *Neopestalotiopsis* sp. SKE-15, Fermentor

References:

1. Fooladi, Tayebbeh, et al. "Bioactive exopolysaccharide from *Neopestalotiopsis* sp. strain SKE15: Production, characterization and optimization." International journal of biological macromolecules 129 (2019): 127-139.
2. Valdez, A. L., Delgado, O. D., & Fariña, J. I. (2021). Cost-effective optimized scleroglucan production by *Sclerotium rolfsii* ATCC 201126 at bioreactor scale. A quantity-quality assessment. Carbohydrate Polymers, 260, 117505.
3. Prathumpai, Wai, et al. "Exopolysaccharide (EPS) Production by Endophytic and Basidiomycete Fungi." Fermentation 11.4 (2025): 183.





۰۰۱۲۰۷۰۴- افزایش نرخ بهره‌وری تولید اگزوپلی ساکارید پستالان در کشت *Neopestalotiopsis* SKE-15 توسط

تخمیر در فرمانتور

سحر علی پور کافی؛ محمدرضا صعودی، افروزالسادات حسینی ابری

' 1054

چکیده

پیشینه پژوهش: پلی ساکاریدها، به‌ویژه اگزوپلی ساکاریدهای میکروبی (EPS)، به دلیل کاربردهای متنوع صنعتی خود، از جمله نقش‌هایی به عنوان غلیظ‌کننده، تثبیت‌کننده و ترکیبات زیست‌فعال در مواد غذایی، دارویی و زیست‌پزشکی، توجه زیادی را به خود جلب کرده‌اند.

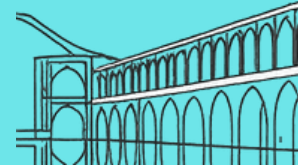
هدف: هدف از این مطالعه کاهش هزینه‌های تولید و افزایش بهره‌وری پلی ساکارید پستالان با استفاده از کشت در فرمانتور آزمایشگاهی بود.

روش‌ها: برای تولید پلی ساکارید پستالان از سویه *Neopestalotiopsis* SKE-15 استفاده شد. از محیط کشت پایه نمک حاوی (حاوی گلوکز ۳۰ g/L، KNO_3 ۱/۲۵ g/l، $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ ۰/۰۵ g/L، K_2HPO_4 ۰/۰۵ g/L، $\text{MnSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ ۰/۰۵ g/L و FeSO_4 ۰/۰۵ g/L (pH 7) برای تولید پستالان استفاده شد. بذر سلولی در فلاسک ۵۰۰ میلی‌لیتری حاوی ۱۰۰ میلی‌لیتر محیط کشت LB آماده شد و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۲۸ درجه سانتی‌گراد و سرعت ۱۵۰ دور در دقیقه گرمخانه‌گذاری شد. کشت بذر سلولی با غلظت نهایی ۱۰٪ به محیط کشت نهایی در فرمانتور دو لیتری (Biostat B Fermenter، شرکت B. Braun) مجهز به همزن توربین شش‌پر راشتون تلقیح شد. فرآیند تخمیر در دمای ۲۸ درجه سانتی‌گراد با هوادهی ۱ v/v.m و همزدن ۴۰۰ دور در دقیقه به مدت ۳۴ ساعت انجام شد.

نتایج: تولید پلی ساکارید پستالان با استفاده از سویه *Neopestalotiopsis* SKE-15 در محیط پایه نمک در فلاسک شیاردار ۵۰۰ میلی‌لیتری طی ۶ روز $۲/۷۹ \text{ g/L}$ اندازه‌گیری شده بود. کشت قارچ در فرمانتور آزمایشگاهی مدت زمان تخمیر را از ۶ روز به ۳۴ ساعت کاهش داد و مقدار پلی ساکارید تولید شده در این زمان $۲/۸۴ \text{ g/L}$ اندازه‌گیری شد.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان داد اگرچه میزان تولید پستالان در فرمانتور کاهش می‌یابد اما این کاهش زمان منجر به افزایش بیش از سه برابری نرخ بهره‌وری تولید اگزوپلی ساکارید می‌شود. این نتایج نوید بخش کاهش هزینه‌ها و زمان تولید و پیشرفت روز افزون این ترکیبات در صنایع مختلف می‌شود.

کلیدواژه: اگزوپلی ساکارید، پستالان، *Neopestalotiopsis* SKE-15، فرمانتور





(01890153)-Genome mining of secondary metabolite biosynthetic genes in plasmids of *Actinomycetota*

Kiarash Sadeghian Esfahani¹; Najmeh Salehi¹; Javad Hamed^{1*}

' 1055

¹Department of Translational Biology (Dept. of Microbial Biotechnology), School of Biology, College of Science, University of Tehran, Tehran, Iran

Correspondence email: Javad Hamed (jhamed@ut.ac.ir)

ABSTRACT

Background: *Actinomycetota* is one of the most useful bacterial phyla in producing bioactive compounds, which may be related to their higher genome content.

Objective: Conduct comprehensive research on actinobacterial plasmids (AP) to find their impact on synthesis of bioactive compounds.

Methods: Genome sequences of *Actinomycetota* were obtained from NCBI and analyzed using AntiSMASH on plasmid datasets, focusing on genomic organization, secondary metabolite gene (SMG) composition, and evolutionary traits.

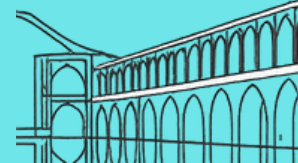
Results: AP categorized as specialist [SP] (>70% of their genome was allocated to a single SMG) and generalist groups [GP] (lack such a dominant gene). The SP is found in seven actinobacteria, whereas the GP appears in 54 actinobacteria. SPs range from 0.5-300 kb, smaller than the average AP size (579 kb). A positive correlation (76%) exists between plasmid size and the number of SMGs. For example, 6 actinomycetotas have 12-22 SMG. In contrast, 33 AP contain only one SMG. In some cases, plasmid genome space is dedicated to functions beyond secondary metabolite production. APs are linked to various roles, including antibiotic synthesis, pathogenicity factors, and signaling molecules.

Conclusion: Plasmids are critical to the ecological and evolutionary success of microorganisms, serving as hubs for secondary metabolite production.. Exploring the genomic diversity and functional roles of AP further promises to unlock new opportunities for synthetic biology and natural product innovation.

Keywords: *Actinomycetota*, Actinobacterial plasmids (AP), Bioactive compounds

References:

1. Bruna, P., Núñez-Montero, K., Contreras, M.J., Leal, K., García, M., Abanto, M., and Barrientos, L. (2024). Biosynthetic gene clusters with biotechnological applications in novel Antarctic isolates from *Actinomycetota*. *Applied Microbiology and Biotechnology* 108, 325.
2. Bhattacharjee, A., Sarma, S., Sen, T., Devi, M.V., Deka, B., and Singh, A.K. (2023). Genome mining to identify valuable secondary metabolites and their regulation in *Actinobacteria* from different niches. *Archives of Microbiology* 205, 127.
3. Liu, T., Ren, Z., Chunyu, W.-X., Li, G.-D., Chen, X., Zhang, Z.-T.-L., Sun, H.-B., Wang, M., Xie, T.-P., and Wang, M. (2022). Exploration of diverse secondary metabolites from *Streptomyces* sp. YINM00001, using genome mining and one strain many compounds approach. *Frontiers in Microbiology* 13, 831174.





۰۱۸۹۰۱۵۳- ژنوم کاوی ژن های بیوسنتزی متابولیت های ثانویه در پلاسמידهای *Actinomycetota*

کیارش صادقیان اصفهانی؛ نجمه صالحی؛ جواد حامدی

چکیده

' 1056

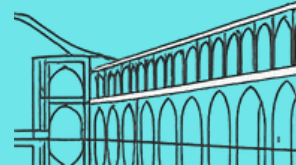
پیشینه پژوهش: *Actinomycetota* یکی از مفیدترین شاخه های باکتریایی در تولید ترکیبات زیست فعال است که ممکن است این ویژگی به محتوای ژنتیکی بالاتر آن ها مرتبط باشد.

هدف: انجام پژوهشی جامع بر روی پلاسמידهای اکتینوباکتریایی (AP) به منظور بررسی تأثیرات آن ها در سنتز ترکیبات زیست فعال. **روش ها:** توالی های ژنومی *Actinomycetota* از NCBI دریافت شده و با استفاده از AntiSMASH بر روی مجموعه داده های پلاسמידی، با تمرکز بر سازمان دهی ژنومی، ترکیب ژن های متابولیت های ثانویه (SMG) و ویژگی های تکاملی، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

نتایج: پلاسמידهای اکتینوباکتریایی (AP) به دو گروه تخصصی [SP] (بیش از ۷۰٪ از ژنوم آن ها به یک ژن متابولیت ثانویه (SMG) اختصاص دارد) و عمومی [GP] (فاقد چنین ژن غالبی) دسته بندی شدند. گروه SP در هفت اکتینوباکتری یافت شد، در حالی که GP در ۵۴ اکتینوباکتری مشاهده گردید. اندازه SP بین ۰.۵ تا ۳۰۰ کیلو باز متغیر بوده و از میانگین اندازه پلاسמידهای اکتینوباکتریایی (۵۷۹ کیلو باز) کوچک تر است. همبستگی مثبت ۷۶٪ بین اندازه پلاسמיד و تعداد ژن های SMG مشاهده شد. به عنوان مثال، ۶ گونه *Actinomycetota* دارای ۱۲ تا ۲۲ ژن SMG هستند، در حالی که ۳۳ گونه فقط یک SMG دارند. در برخی موارد، فضای ژنومی پلاسמידها به عملکردهایی فراتر از تولید متابولیت های ثانویه اختصاص یافته است. پلاسמידهای اکتینوباکتریایی با نقش های مختلفی مانند سنتز آنتی بیوتیک، فاکتورهای بیماری زایی و مولکول های سیگنالینگ مرتبط هستند.

نتیجه گیری: پلاسמידها برای موفقیت اکولوژیکی و تکاملی میکروارگانیسم ها حیاتی هستند و به عنوان مراکزی برای تولید متابولیت های ثانویه عمل می کنند. بررسی تنوع ژنومی و نقش های عملکردی اکتینوباکتری ها (AS) می تواند فرصت های جدیدی را در زیست شناسی سنتزی و نوآوری در تولید محصولات طبیعی فراهم کند.

کلیدواژه: اکتینومایستوتا، پلاسמידهای اکتینوباکتریایی (AP)، ترکیبات زیست فعال





(02110038)- Evaluation of aflatoxin M1 in industrial and traditional milk by ELISA and evaluation of *Aspergillus flavus* contamination in milk in Yazd province

Mahdi Soltani¹ ; Samaneh Sedighi-Khavidak^{1*}

¹Department of Biology, Medical Biotechnology Research Center, Ashkezar Branch, Islamic Azad University, Ashkezar, Yazd, Iran

' 1057

Correspondence email: Samaneh Sedighi-Khavidak (sedighi.samaneh@yahoo.com)

ABSTRACT

Background: Aflatoxins are produced in some agricultural products by some species of *Aspergillus* fungi such as *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*. When cows consume food contaminated with aflatoxin B1, aflatoxin M1 is excreted into the milk. These toxins play an important role in diseases such as liver cancer, chronic hepatitis and liver cirrhosis.

Objective: The aim of this study was to determine aflatoxin M1 content in raw and pasteurised milk in Yazd province .

Methods: Fifty milk samples, including 30 pasteurised and 20 raw milk samples, were collected from raw and pasteurised milk in different regions of Yazd province. After centrifugation, the supernatant, which contained milk fat, was discarded. The lower part of the fat-free centrifuged milk was analysed by ELISA and EuroProxima kit and the aflatoxin content was determined. The milk samples were cultured on specific culture media and the fungal contamination was determined. The isolated fungal colonies were identified.

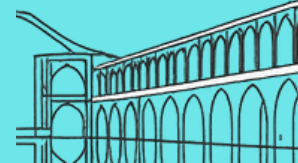
Results: The results showed that all samples were contaminated with aflatoxin M1. In addition, the aflatoxin content in 38 samples (95%) was above the European standard and only 2 out of 24 pasteurised milk samples (8.33%) had a lower level of encoded aflatoxin. The results also showed a high contamination of the milk samples with different species of *Aspergillus* and *Penicillium* fungi such as *Aspergillus flavus*, *Aspergillus niger* and *Penicillium notatum*.

Conclusion: The results indicate that more care should be taken in animal care and milk processing.

Keywords: Aflatoxin M1, Traditional milk, Industrial Milk, Yazd, *Aspergillus flavus*, ELISA

References:

1. Pour, S.H., Mahmoudi, S., Masoumi, S., Rezaie, S., Barac, A., Ranjbaran, M., Oliya, S., Mehravar, F., Sasani, E., and Noorbakhsh, F. (2020). Aflatoxin M1 contamination level in Iranian milk and dairy products: A systematic review and meta-analysis. World mycotoxin journal 13, 67-82.
2. Rezaei, Z., Hamzeh Pour, S., Ezati, P., and Akrami-Mohajeri, F. (2024). Determination of aflatoxin M1 and ochratoxin A in breast milk in rural centers of Yazd, Iran: Exposure assessment and risk characterization. Mycotoxin Research 40, 211-221.
3. Abyaneh, H.K., Bahonar, A., Noori, N., Yazdanpanah, H., and AliAbadi, M.H.S. (2020). The overall and variations of Aflatoxin M1 contamination of milk in Iran: A systematic review and meta-analysis study. Food chemistry 310, 125848.





۰۲۱۱۰۰۳۸- ارزیابی آفاتوکسین M1 در شیر صنعتی و سنتی با روش الیزا و بررسی آلودگی آسپرژیلوس فلاووس در

شیر استان یزد

مهدی سلطانی؛ سمانه صدیقی خویدک

' 1058

چکیده

پیشینه پژوهش: آفاتوکسین در برخی محصولات کشاورزی توسط برخی از گونه های قارچ آسپرژیلوس مانند آسپرژیلوس فلاووس و آسپرژیلوس پارازیتیکوس تولید می شود. هنگامی که گاوها غذای آلوده به آفاتوکسین B1 مصرف می کنند، آفاتوکسین M1 در شیر دفع می شود. این سموم نقش مهمی در بیماری هایی مانند سرطان کبد، هپاتیت مزمن و سیروز کبدی دارند.

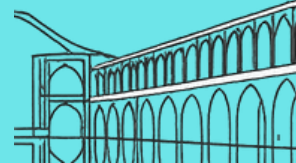
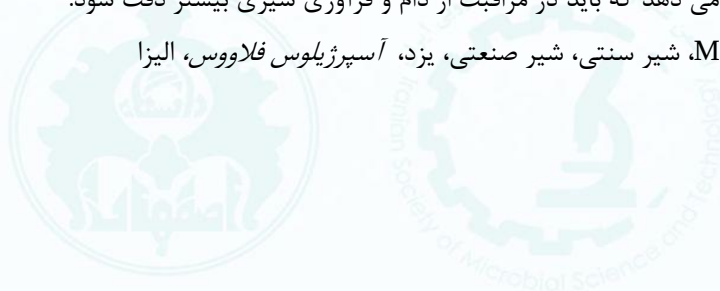
هدف: هدف از این مطالعه تعیین میزان آفاتوکسین M1 در شیر خام و پاستوریزه در استان یزد بود.

روش ها: ۵۰ نمونه شیر شامل ۳۰ نمونه شیر پاستوریزه و ۲۰ نمونه شیر خام از مناطق مختلف استان یزد جمع آوری شدند. پس از سانتریفیوژ، مایع رویی که حاوی چربی شیر بود، دور ریخته شد. بخش زیرین شیر سانتریفیوژ شده بدون چربی با استفاده از کیت ELISA و EuroProxima آنالیز و میزان آفاتوکسین تعیین شد. نمونه های شیر بر روی محیط کشت های اختصاصی کشت داده شده و آلودگی قارچی آن مشخص شد. کلنی های قارچی جدا شده و شناسایی شدند.

نتایج: نتایج نشان دهنده آلودگی همه نمونه ها به آفاتوکسین M1 بود. علاوه بر این، میزان آفاتوکسین در ۳۸ نمونه (۹۵ درصد) بالاتر از استاندارد اروپا بود و تنها ۲ نمونه از ۲۴ نمونه شیر پاستوریزه (۸/۳۳ درصد) سطح پایین تری از آفاتوکسین داشتند. همچنین، نتایج نشان دهنده آلودگی بالای نمونه های شیر به گونه های مختلف قارچ های آسپرژیلوس و پنی سیلیوم مانند آسپرژیلوس فلاووس، آسپرژیلوس نیجر و پنی سیلیوم نوتاتوم بود.

نتیجه گیری: نتایج نشان می دهد که باید در مراقبت از دام و فرآوری شیری بیشتر دقت شود.

کلیدواژه: آفاتوکسین M1، شیر سنتی، شیر صنعتی، یزد، آسپرژیلوس فلاووس، الیزا





(07000423)- Bacteriophages and food biosafety in application

Raheleh Majdani ^{1*}

¹Department of Biology, Faculty of Basic Sciences, University of Maragheh, Maragheh, Iran

' 1059

Correspondent email: Raheleh Majdani (rahelehmajdani@yahoo.com)

ABSTRACT

Background: Foodborne diseases and contaminated food with pathogenic bacteria is one of the important concerns of healthcare organizations in the field of safety. Conventional antibacterial techniques and agents, in fact reduce bacterial growth in food to varying degrees. But in spite of their antibacterial features, oncogenicity and allergy to the materials were reported in previous studies. Also, significantly, these cleaning techniques remove all contaminants, including various (often helpful) microorganisms found naturally in food. Bacteriophages, bacterial viruses, were shown as re-emerged and highly potentiated non-chemical antibacterials recently. They can be appropriate candidates alternating to chemical agents and antibiotics in bio-control of food and water bacterial contaminations.

Objective: The current study focused of bacteriophage applications in different type of foods and it has summarized outcomes of using bacteriophages in removing or reducing different bacterial contaminations in foods. Also, some challenges for real application of phage-based antimicrobials in future was investigated.

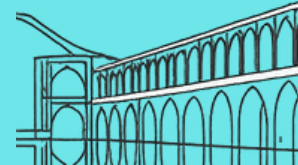
Context: Based on the results, using bacteriophages in food industry can be an effective biological approach for controlling the food and water bacterial contaminations.

Conclusion: In conclusion, the results clearly demonstrate that bacteriophages offer a promising and effective biological strategy for managing bacterial contamination in both food and water industries. Their specificity, safety, and ability to target harmful bacteria without affecting beneficial microflora make them a valuable tool for enhancing food safety and public health. Integrating bacteriophage applications into current sanitation and preservation practices could significantly reduce the risk of foodborne illnesses and improve overall quality control in the food supply chain.

Keywords: Bacteriophage, Biosafety, Food borne pathogen, Bacteria

References:

1. Amjada, N., Naseera, M., Imranb, A., Menonc, S. et al. (2024). A mini-review on the role of bacteriophages in food safety, *CyTA - Journal of Food*, 22(1), 2357192.
2. Bensid,A. ; El Abed,N. ; Houicher,A.; M. Regenstein,J.; Özogul,F. (2020) Antioxidant and antimicrobial preservatives: Properties, mechanism of action and applications in food – a review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 62(11):2985-3001.





۰۷۰۰۴۲۳- باکتریوفاژها و امنیت زیستی مواد غذایی در عمل

راحله مجدانی

' 1060

چکیده

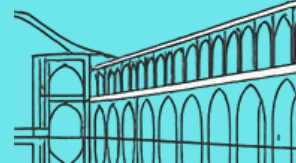
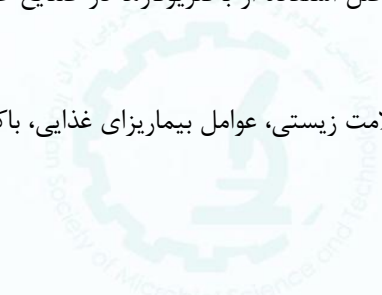
پیشینه پژوهش: امروزه بیماریهای ناشی از مواد غذایی و غذاهای آلوده با باکتریهای بیماریزا یکی از نگرانیهای مهم سازمانهای مرتبط با حوزه سلامت می باشد. در این میان روش ها و مواد ضد میکروبی معمول مورد استفاده در مواد غذایی قادرند رشد باکتریها را در مقادیر متفاوت کاهش دهند ولی با وجود خواص و عملکرد ضد باکتریایی این روشها، سرطانزایی و ایجاد آلرژی توسط آنها در مطالعات قبلی گزارش شده است و مهمتر اینکه این روشها تمام میکروارگانیسمها از جمله میکروارگانیسمهای طبیعی موجود در غذاها را هم از بین می برند. باکتریوفاژها، ویروسهای باکتریایی، اخیرا به عنوان مواد ضد باکتریایی بازپدید غیر شیمیایی و دارای پتانسیل بالای ضد میکروبی مورد توجه قرار گرفته اند. آنها می توانند به عنوان کاندیدای مناسبی جهت جایگزینی با ترکیبات شیمیایی و آنتی بیوتیک ها در زمینه کنترل زیستی آلودگیهای باکتریایی آب و غذا باشند.

هدف: این مطالعه با تمرکز بر روی کاربرد عملی باکتریوفاژها در کاهش بار آلودگی انواع مختلف مواد غذایی بخصوص مواد غذایی آماده مصرف و خام، نتایج حاصل از این تحقیقات را جمع بندی نموده و همچنین چالشهای پیش روی استفاده واقعی از ترکیبات ضد میکروبی بر پایه فاژ در آینده را بررسی نموده است.

روشها: باکتریوفاژ، ایمنی زیستی، پاتوژن منتقله از غذا، باکتری

نتایج: بر اساس نتایج حاصل استفاده از باکتریوفاژها در صنایع غذایی می تواند یک رهیافت بیولوژیک موثر در کنترل آلودگیهای باکتریایی آب و غذا باشد.

کلیدواژه: باکتریوفاژ، سلامت زیستی، عوامل بیماریزای غذایی، باکتریها





(09130723)-Therapeutic Potential of Lytic Bacteriophage fThrA Against XDR *Acinetobacter baumannii* in a Rat Burn Model

Zahra Nasiri Shoeibi¹; Farzaneh Kianian²; Behnaz Jahanbin³; Mahboobeh Sattarzadeh Tabrizi⁴; Paria Arazi¹; Mohammad Mehdi Feizabadi¹

' 1061

¹ Department of Microbiology, School of Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

² Department of Physiology, School of Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

³ Department of Pathology, Cancer Institute, Imam Khomeini Hospital Complex, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

⁴ Motahhari Burn Hospital, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Correspondence email: feizabadimm@gmail.com

ABSTRACT

Background: *Acinetobacter baumannii* is an opportunistic nosocomial pathogen from the Moraxellaceae family. The rising antimicrobial resistance among this pathogen necessitates alternative therapies, such as phage therapy using lytic bacteriophages.

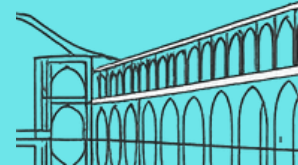
Objective: This study aimed to isolate, identify, and analyze a new lytic bacteriophage targeting extensively drug-resistant (XDR) *A. baumannii* through morphological, physiological, and in vivo evaluations.

Context: Phage fThrA was isolated from hospital wastewater and characterized morphologically, genetically, and functionally. Its stability at varying temperatures and pH levels, anti-biofilm activity, and safety were assessed via whole-genome sequencing. A single dose of the phage was administered to rats with burn wounds infected with XDR *A. baumannii*, and bacterial load and wound healing were monitored over 21 days. Phage fThrA, belonging to the Myoviridae family, formed large, clear plaques with halos, indicating strong lytic activity. It was stable at temperatures up to 80°C and pH 2, and it could inhibit and disrupt biofilms. Genomic analysis confirmed the absence of virulence and lysogeny genes. In vivo, phage treatment led to significant bacterial clearance, reduced inflammation, and accelerated wound healing compared to untreated controls. Phage fThrA exhibited potent antibacterial activity against XDR *A. baumannii* in a preclinical burn model. Its stability, safety, and efficacy with a single dose make it a promising candidate for phage therapy. Further studies should focus on cytokine profiling to explore immune responses to phage treatment.

Keywords: Bacteriophage, Nosocomial, *Acinetobacter baumannii*, Burn

References:

1. McVay CS, Velásquez M, Fralick JA. Phage therapy of *Pseudomonas aeruginosa* infection in a mouse burn wound model. *Antimicrob Agents Chemother*. 2007;51(6):1934-8.
2. Regeimbal JM, Jacobs AC, Corey BW, Henry MS, Thompson MG, Pavlicek RL, et al. Personalized Therapeutic Cocktail of Wild Environmental Phages Rescues Mice from *Acinetobacter baumannii* Wound Infections. *Antimicrob Agents Chemother*. 2016;60(10):5806-16.
3. Zhou W, Feng Y, Zong Z. Two New Lytic Bacteriophages of the Myoviridae Family Against Carbapenem-Resistant *Acinetobacter baumannii*. *Front Microbiol*. 2018;9:850.





۰۹۱۳۰۷۲۲- بررسی پتانسیل درمانی باکتریوفاژ لیتیک fThrA علیه *Acinetobacter baumannii* مقاوم به درمان

در مدل سوختگی موش صحرایی

' 1062

زهره نصیری شعبی، فرزانه کیانیان، بهناز جهان بیان، محبوبه ستارزاده تبریزی، پریا آرازی، محمد مهدی فیض آبادی

چکیده

پیشینه پژوهش: /سینتوباکتر بومانی یک پاتوژن فرصت طلب بیمارستانی از خانواده موراکسلا است. افزایش مقاومت آنتی میکروبیال در این پاتوژن نیاز به درمان های جایگزین مانند درمان با باکتریوفاژهای لیتیک را برجسته می کند.

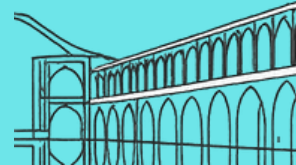
هدف: هدف این مطالعه جداسازی، شناسایی و تجزیه و تحلیل یک باکتریوفاژ لیتیک جدید علیه /سینتوباکتر بومانی مقاوم به چند دارو (XDR) از طریق ارزیابی های مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و درون تنی بود.

روش ها: باکتریوفاژ fThrA از فاضلاب بیمارستانی جداسازی و ویژگی های آن از جمله پایداری در برابر دما و pH مختلف، فعالیت ضد بیوفیلم و ایمنی از طریق توالی یابی ژنوم بررسی شد. یک دوز از فاژ به موش های دارای زخم سوختگی آلوده به *A. baumannii* مقاوم تزریق شد و بار باکتریایی و روند بهبود زخم ها طی ۲۱ روز پایش گردید.

نتایج: فاژ fThrA متعلق به خانواده Myoviridae بود و پلاک های بزرگ و شفافی با هاله ایجاد کرد که نشان دهنده فعالیت لیزکنندگی قوی آن است. این فاژ تا دمای ۸۰ درجه سانتی گراد و pH ۲ پایدار بود و قادر به مهار و تخریب بیوفیلم ها بود. آنالیز ژنومی عدم وجود ژن های بیماری زایی و لیزوژنی را تأیید کرد. در مدل حیوانی، درمان با فاژ منجر به کاهش باکتری، کاهش التهاب و تسریع بهبود زخم ها شد.

نتیجه گیری: فاژ fThrA اثرات ضدباکتریایی قوی ای علیه *A. baumannii* مقاوم به چند دارو در مدل پیش بالینی سوختگی نشان داد و به عنوان گزینه ای امیدبخش برای درمان با فاژ مطرح است. مطالعات آینده باید بر آنالیز سایتوکاین ها برای بررسی پاسخ های ایمنی به درمان با فاژ تمرکز کنند.

کلیدواژه: باکتریوفاژ، بیمارستانی، /سینتوباکتر بومانی، سوختگی





(00990584)-The Effect of Exogenous Gibberellic Acid on the Activity of Some Antioxidant Enzymes
in Edible Oyster Mushroom (*Pleurotus florida* P. Kumm.)

Mahtab Rashidi¹; Ramazan Ali Khavari-Nejad^{1*}; Sara Sadatmand¹; Alireza Iranbakhsh¹

' 1063

¹ Department of Biology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Coresspondence email: Ramazan Ali Khavari-Nejad (ra.khavarinejad@gmail.com)

ABSTRACT

Background: Edible mushrooms are one of the sources of nutrition. Among them, oyster mushroom is an edible mushroom with high antioxidant potential. Gibberellic acid is one of the plant growth hormones that is strongly involved in a wide range of physiological activities. Currently, gibberellic acid is used commercially to enhance the phenotypic characteristics, prematurity, and productivity of many herbal and ornamental products.

Objective: In the present study, the effect of gibberellic acid as a plant hormone on the antioxidant activity of the mycelium of *Pleurotus florida* P.Kumm. on Potato Dextrose Agar (PDA) was studied.

Methods: Gibberellic acid treatments with different concentrations (0, 3, 9 and 12 mg/L) were used. The samples were transferred to a dark incubator at 22 °C and the treatment period was 30 days. In this study, the activity of catalase, peroxidase and superoxide dismutase enzymes was evaluated.

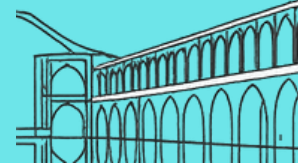
Results: The results showed that the activity of catalase, peroxidase and superoxide dismutase mycelium enzymes in media containing concentrations of gibberellic acid (3 and 9 mg/L) had a significant increase compared to the control treatment.

Conclusion: It seems that research on the effect of gibberellic acid on the activity of antioxidant enzymes as primary metabolites in *pleurotus* oysters can be valuable from a pharmacological and economic point of view.

Keywords: Gibberellic acid, *Pleurotus florida*, Antioxidant, Catalase, Peroxidase and Superoxide Dismutase

References:

1. González-Palma, I., Escalona-Buendía, H.B., Ponce-Alquicira, E., Téllez-Téllez, M., Gupta, V.K., Díaz-Godínez, G. and Soriano-Santos, J. (2016) Evaluation of the Antioxidant Activity of Aqueous and Methanol Extracts of *Pleurotus ostreatus* in Different Growth Stages. *Front. Microbiology* 7:1099.
2. Didi, D.A.; Su, S.; Sam, F.E., Tiika, R.J.; Zhang, X.(2022) Effect of Plant Growth Regulators on Osmotic Regulatory Substances and Antioxidant Enzyme Activity of *Nitraria tangutorum*. *Plants* 2022, 11,2559.
3. Kaushal, V., Thakur, V., Kumar, M., and Bhatt, A.K.(2018) Anti-Oxidative Stress Enzyme from *Pleurotus* sp. *Advances in Biotechnology & Microbiology* (2018) 10(5).





۰۰۹۹۰۵۸۴- اثر جیبرلیک اسید اگزوزن بر فعالیت برخی آنزیم‌های آنتی اکسیدان در قارچ صدفی خوراکی

(*Pleurotus florida* P. Kumm.)

مهتاب رشیدی؛ رمضانعلی خاوری نژاد؛ سارا سعادت‌مند؛ علیرضا ایرانبخش

' 1064

چکیده

پیشینه پژوهش: قارچ‌های خوراکی یکی از منابع تغذیه ای به شمار می روند. از میان آن‌ها قارچ صدفی یک قارچ خوراکی با پتانسیل بالای آنتی‌اکسیدانی می باشد. جیبرلیک اسید یکی از هورمون های رشد گیاهی است که در طیف گسترده ای از فعالیت های فیزیولوژیکی گیاهان نقش دارد. در حال حاضر، جیبرلیک‌اسید به صورت تجاری برای افزایش ویژگی های فنوتیپی، زودرس بودن و بهره‌وری بسیاری از محصولات گیاهی و زینتی استفاده می‌شود.

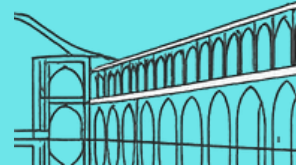
هدف: در مطالعه حاضر تاثیر جیبرلیک اسید به عنوان یک هورمون گیاهی بر فعالیت آنتی اکسیدانی میسلیم قارچ صدفی *Pleurotus florida* P.Kumm. در محیط کشت Potato Dextrose Agar (PDA) مورد بررسی قرار گرفت.

روش‌ها: تیمارهای جیبرلیک اسید با غلظت های مختلف (۰، ۳، ۹ و ۱۲ میلی گرم بر لیتر) مورد استفاده قرار گرفت. نمونه‌ها به انکوباتور تاریک با دمای ۲۲ درجه سانتیگراد منتقل شدند و طول دوره تیماردهی ۳۰ روز بود. در این مطالعه فعالیت آنزیم‌های کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز مورد ارزیابی قرار گرفت.

نتایج: نتایج حاصله نشان دادند که فعالیت آنزیم‌های کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز میسلیم قارچ در محیط های حاوی غلظت های (۳ و ۹ میلی گرم بر لیتر) جیبرلیک اسید در مقایسه با تیمار شاهد، افزایش معنی داری داشتند.

نتیجه گیری: به نظر می‌رسد تحقیق در زمینه تاثیر جیبرلیک اسید روی فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان به عنوان متابولیت های اولیه در قارچ صدفی پلوروتوس، از نظر دارویی و اقتصادی می‌تواند ارزشمند باشد.

کلیدواژه: جیبرلیک اسید، *Pleurotus florida*، آنتی اکسیدان، کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز





Genetic characterization of an extensively drug-resistant uropathogenic *Escherichia coli* isolate in Iraq using whole genome sequencing

Ihab Rasmi Hassan¹; Seyedeh Elham Rezatofighi*¹; Hossein Motamedi¹; Md. Tanvir Rahman²

' 1065

¹ Department of Biology; Faculty of Science; Shahid Chamran University of Ahvaz; Ahvaz; Iran

² Department of Microbiology and Hygiene, Faculty of Veterinary Science, Bangladesh Agricultural University, Mymensingh, Bangladesh

Author for correspondence: Seyedeh Elham Rezatofighi; (e.tofighi@scu.ac.ir; e.tofighi@yahoo.com)

ABSTRACT

Background: The emergence of extremely drug resistant (XDR) *Escherichia coli* strains constituted an important challenge to the management of infections.

Objective: This study aims to investigate the genetic characters of an XDR uropathogenic *E. coli* (UPEC) isolate from Iraq.

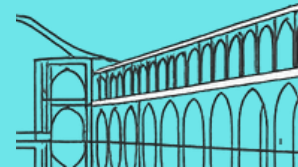
Methods: In the present study, an XDR isolate from Dhi Qar/Iraq was investigated. The susceptibility disc diffusion method showed this isolate is XDR. WGS was performed using the NovaSeq 6000 sequencer (Illumina). The libraries with 2 × 150 bp paired-end were constructed. The reads were assembled de novo using SPAdes and circular genome created by Proksee. Antibiotic resistance genes (ARGs) were predicted by ResFinder and CARD.

Results: Genome analysis showed that 70 AMR genes including *bla*_{NDM}, *bla*_{CTX-M-15}, and *bla*_{OXA-1} are exist in this isolate. This isolate belongs to ST410.

Conclusion: This study shows using of WGS can help us to discover the mechanism of antibiotic resistance of bacteria. This could potentially enable the selection of appropriate antimicrobial medicines and enhance patient management, thereby preventing the development and spread of drug-resistant bacteria.

References:

1. Terlizzi M.E, Gribaudo G, Maffei ME. UroPathogenic *Escherichia coli* (UPEC) infections: Virulence factors, bladder responses, antibiotic, and non-antibiotic antimicrobial strategies. Front. Microbiol. 2017, 8, 1566.
2. Elsayed Gawad W, Mohamed Helmy O, Mostafa Tawakkol W, Mohamed Hashem A. Antimicrobial resistance, biofilm formation, and phylogenetic grouping of uropathogenic *Escherichia coli* isolates in Egypt: The role of efflux pump-mediated resistance. Jundishapur J. Microbiol. 2018, 11, e14444.
3. Shaikh N, Hoberman A, Mattoo TK. Urinary tract infections in infants and children older than one month: Clinical features and diagnosis. UpToDate: Waltham, MA, USA. 2021.





بررسی خصوصیات ژنتیکی یک جدایه/شرشیا کلی مولد عفونت ادراری دارای مقاومت گسترده دارو در عراق با روش

تعیین توالی کل ژنوم

' 1066

ایهاب رسمی حسن، سیده الهام رضاتوفیقی، حسین معتمدی، تنویر رحمان

چکیده

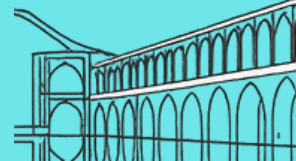
مقدمه: پیدایش باکتری های مقاوم به طیف گسترده دارو (XDR) در سویه های متعدد اشرشیا کلی منجر به مشکلات جدی در درمان شده است .

اهداف: هدف از این مطالعه آنالیز ژنومی یکی از سویه های اشرشیا کلی مولد عفونت ادراری با مقاومت دارویی گسترده، جدا شده از یک بیمار در عراق می باشد.

روش کار: در این مطالعه یک جدایه اشرشیا کلی مولد عفونت ادراری که از یک بیمار در استان ذیقار/ عراق جدا شده بود مورد بررسی قرار گرفت. تست حساسیت آنتی بیوتیکی نشان داد که این جدایه دارای مقاومت گسترده می باشد. پس از استخراج DNA، تعیین توالی کل ژنوم (WGS) با استفاده از NovaSeq 6000 sequencer (Illumina) انجام شد. کتابخانه با طول باندهای 150 × 2 دو طرفه سنتز شد. توالی های خوانش شده به صورت de novo با استفاده از نرم افزار SPAdes مونتاژ شدند و ژنوم حلقوی بوسیله سرور Proksee رسم شد. تعیین ژن ها بوسیله Prokka انجام شد. ژن های مقاومت آنتی بیوتیکی بوسیله ResFider و CARD مشخص شدند .

نتایج: آنالیز ژنومی نشان داد که ۷۰ ژن مقاومت ضد میکروبی از جمله *bla*_{NDM}، *bla*_{CTX-M-15} و *bla*_{OXA-1} در این جدایه وجود دارد. این جدایه متعلق به ST410 بود .

نتیجه گیری: این مطالعه نشان می دهد استفاده از WGS می تواند در جهت افزایش شناخت ما از مکانیسم مقاومت ضد میکروبی باکتری ها موثر باشد. این امر می تواند به شناسایی ترکیبات ضد میکروبی مناسب کمک کند و مدیریت بیماران را بهبود بخشد و بدین وسیله منجر به جلوگیری از توسعه و گسترش مقاومت ضد میکروبی در باکتری ها شود.





A review on infection with *Nocardia asteroides* in fishes, with an emphasis on Iranian fish

Mobina Nouripour¹, Golnaz Sayyadzadeh¹, Somaieh Sabzali^{1*}

¹ Department of Biology, Faculty of Sciences, Lorestan University, Khorramabad, Iran

*Correspondence email: Somaieh Sabzali (sabzali.s@lu.ac.ir)

' 1067

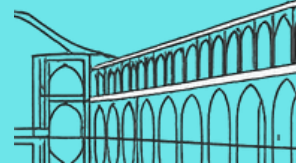
ABSTRACT

Background: Various research have been performed on *Nocardia* infection in different fish species across the world. The first case of fish infection with *Nocardia asteroides* was described in 1963 in neon tetra (*Paracheirodon innesi*). In Iran, only one case of ornamental fish infection with *Nocardia asteroides* has been reported.

Objective: Given that *Nocardia asteroides* is a zoonotic pathogen and considering the widespread use of aquariums and the potential transmission of the disease from infected fish to human and other important fish species, here, we review the clinical symptoms, susceptible fish species, diagnostic methods, control measures, and treatment of this disease in fish.

Context: *Nocardia asteroides* is one of the species commonly associated with nocardiosis and has been reported in humans, dogs, cats, cattle, goats, marine mammals, and fish. This disease has been observed in marine fish such as pompano, croaker, big-eye trevally, snapper, and grouper, as well as in freshwater fish like tilapia. Clinical signs of nocardiosis in fish include emaciation, exophthalmia, distended abdomen, nodules in the gills, spleen, kidneys, and liver, as well as skin ulcers and nodules.

Conclusion: Nocardiosis is a chronic and threatening disease in the aquaculture industry that can lead to economic losses. Given the higher prevalence of this disease in Asian countries and the lack of sufficient studies on fish in Iran, further attention is needed to better understand this disease and raise public awareness in different regions of Iran.





مروری بر عفونت نوکاردیا (*Nocardia asteroides*) در ماهیان، با تاکید بر ماهیان ایران

مبینا نوری پور، گلناز صیادزاده، سمیه سبزلعلی

چکیده

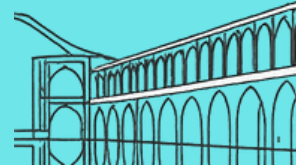
' 1068

پیشینه پژوهش: تحقیقات متنوعی بر عفونت نوکاردیا در ماهیان مختلفی از نقاط مختلف جهان صورت گرفته است. اولین مورد از عفونت ماهیان به باکتری *Nocardia asteroides* در سال ۱۹۶۳ در ماهی تترای نئون (*Paracheirodon innesi*) گزارش شده است. در ایران نیز تنها یک مورد مبنی بر عفونت ماهیان زینتی به این باکتری گزارش شده است.

هدف: با توجه به اینکه باکتری *Nocardia asteroides* یک پاتوژن مشترک بین انسان و حیوان بوده و همچنین استفاده گسترده از آکواریوم‌ها و احتمال انتقال بیماری از ماهی آلوده به انسان و نیز سایر گونه‌های حائز اهمیت ماهیان، این مطالعه مروری به بررسی علائم بالینی، ماهیان مستعد، روش‌های تشخیص، راه‌های کنترل و درمان آن در ماهیان می‌پردازد.

متن: باکتری *Nocardia asteroides* یکی از گونه‌هایی است که اغلب با بیماری نوکاردیا همراه است و در انسان، سگ، گربه، گاو، بز، پستانداران دریایی و ماهی گزارش شده است. این بیماری در ماهیان دریایی و آب شیرین مانند تیلپیا مشاهده شده است. از جمله علائم بالینی نوکاردیا در ماهیان می‌توان به لاغری، بیرون زدگی چشم‌ها، متورم شدن شکم، ندول‌هایی در آبشش‌ها، طحال، کلیه و کبد، همچنین زخم‌ها و ندول‌های پوستی نام برد.

نتیجه گیری: نوکاردیوزیس یک بیماری مزمن و تهدیدکننده در صنعت آبی پروری است که می‌تواند منجر به خسارات اقتصادی شود. با توجه به شیوع بیشتر این بیماری در کشورهای آسیایی و کمبود مطالعات موردنظر بر روی ماهیان ایران، توجه بیشتری برای شناخت این بیماری و افزایش آگاهی عمومی در مناطق مختلف ایران مورد نیاز است.





(04560292)-Application of Artificial Intelligence (AI) in Microbiology and Medicine

Arman Moradi¹, Mohammad Faezi Ghasemi^{1*}

1 Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Lahijan Branch, Islamic Azad University, Lahijan, Iran

Correspondence email: Mohammad Faezi Ghasemi (mfaezi@iau.ac.ir)

' 1069

ABSTRACT

Background: This study examines recent advancements in artificial intelligence and molecular microbiology, along with the integration of these two disciplines. The objective of this integration is to transform the methodologies of research, the diagnosis of diseases, and the formulation of treatments. One of the primary applications of artificial intelligence lies in the identification and classification of microorganisms. Machine learning algorithms possess the capability to discern patterns within DNA data, thereby facilitating the rapid identification of microorganisms. Furthermore, through the analysis of genetic and metabolic data pertaining to microorganisms, artificial intelligence determines their resistance to antibiotics, thereby assisting medical professionals in selecting suitable treatments and mitigating antibiotic resistance. Additionally, artificial intelligence contributes to advancements in gene editing research. By employing AI, researchers can enhance their predictions regarding genetic alterations linked to techniques such as CRISPR-Cas9, resulting in more modifications that are accurate and diminished risks. Moreover, AI aids in the development of new vaccines and treatments by pinpointing essential molecules needed for vaccine formulation, thereby accelerating the process during health crises. Through the examination of intricate microbiome data, AI enhances the understanding of their significance in human health and the environment. Learning AI forecasts the response of microbial communities to environmental shifts and enhances ecosystem management. The application of AI in molecular microbiology encounters challenges, including the necessity for high-quality data and concerns relating to privacy and confidence in the outcomes. Nevertheless, scientific and technological progress has the potential to bolster the role of AI in advancing medical research treatments.

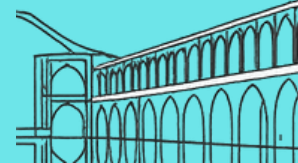
Methods: Researchers can improve their predictions about the genetic changes associated with methods like CRISPR-Cas9, which allow for more precise edits and reduced risks. They can also identify key molecules for vaccine design and help develop new treatments.

Conclusion: By analyzing complex microbiome data, artificial intelligence helps to better understand their role in human health and the environment.

Keywords: Artificial Intelligence, CRISPR-Cas9, Gene Editing, Drug Discovery, Faster Disease Diagnosis

References:

1. Tsitou, V. M., Rallis, D., Tsekova, M., & Yanev, N. (2024). Microbiology in the era of artificial intelligence: transforming medical and pharmaceutical microbiology. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 38(1), 2349587.
2. Alsulimani, A., Akhter, N., Jameela, F., Ashgar, R. I., Jawed, A., Hassani, M. A., & Dar, S. A. (2024). The impact of artificial intelligence on microbial diagnosis. *Microorganisms*, 12(6), 1051.
3. Zhang, X., Zhang, D., Zhang, X., & Zhang, X. (2024). Artificial intelligence applications in the diagnosis and treatment of bacterial infections. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1449844.





۰۴۵۶۰۲۹۲- کاربرد های هوش مصنوعی در میکروبیولوژی و پزشکی

آرمان مرادی، محمد فائزی قاسمی

چکیده

' 1070

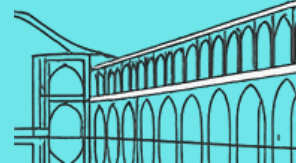
پیشینه پژوهش: این مطالعه به بررسی پیشرفت‌های اخیر در هوش مصنوعی و میکروبیولوژی مولکولی و ترکیب این دو حوزه می‌پردازد. یکی از کاربردهای اصلی هوش مصنوعی در شناسایی و طبقه‌بندی میکروارگانیسم‌ها است. الگوریتم‌های یادگیری ماشینی قادرند الگوهای موجود در داده‌های DNA را شناسایی کنند و به شناسایی سریع میکروارگانیسم‌ها کمک کنند. همچنین، هوش مصنوعی با تحلیل داده‌های ژنتیکی و متابولیسم میکروارگانیسم‌ها، مقاومت آن‌ها نسبت به آنتی‌بیوتیک‌ها را شناسایی کرده و به پزشکان در انتخاب درمان‌های مناسب و جلوگیری از جلوگیری از مقاومت آنتی‌بیوتیکی یاری می‌رساند. علاوه بر این، هوش مصنوعی در تحقیقات ویرایش ژن نقش دارد. با استفاده از هوش مصنوعی، محققان می‌توانند پیش‌بینی‌های خود را در مورد تغییرات ژنتیکی مرتبط با روش‌هایی مانند CRISPR-Cas9 بهبود بخشند و امکان ویرایش‌های دقیق‌تر و کاهش خطرات را فراهم کنند. علاوه بر این، هوش مصنوعی با شناسایی مولکول‌های کلیدی مورد نیاز برای طراحی واکسن، به توسعه واکسن‌ها و درمان‌های جدید کمک می‌کند و این فرآیند را در شرایط اضطراری بهداشتی سرعت می‌بخشد. هوش مصنوعی با تجزیه و تحلیل داده‌های پیچیده میکروبیوم‌ها، به درک بهتر نقش آن‌ها در سلامت انسان و محیط زیست کمک می‌کند. یادگیری هوش مصنوعی به پیش‌بینی واکنش جوامع میکروبی به تغییرات محیطی و بهبود مدیریت اکوسیستم‌ها می‌پردازد. استفاده از هوش مصنوعی در میکروبیولوژی مولکولی با چالش‌هایی مانند نیاز به داده‌های با کیفیت و نگرانی‌های مربوط به حریم خصوصی و اعتماد به نتایج مواجه است. با این حال، پیشرفت‌های علمی و فناوری می‌تواند نقش هوش مصنوعی را در بهبود تحقیقات و درمان‌های پزشکی افزایش دهد.

هدف: هدف این ترکیب تغییر در روش‌های تحقیق، تشخیص بیماری‌ها و ایجاد درمان‌ها است.

روش‌ها: محققان می‌توانند پیش‌بینی‌های خود را در مورد تغییرات ژنتیکی مرتبط با روش‌هایی مانند CRISPR-Cas9 بهبود بخشند و امکان ویرایش‌های دقیق‌تر و کاهش خطرات را فراهم کنند. همچنین مولکول‌های کلیدی برای طراحی واکسن، شناسایی کرده و به درمان‌های جدید کمک کنند.

نتیجه‌گیری: هوش مصنوعی با تجزیه و تحلیل داده‌های پیچیده میکروبیوم‌ها، به درک بهتر نقش آن‌ها در سلامت انسان و محیط زیست کمک می‌کند

کلیدواژه: هوش مصنوعی، CRISPR-Cas9، ویرایش ژن، کشف دارو، تشخیص سریع تر بیماری‌ها





(03580260)- Optimization of Recombinant Production of the Peptide Toxin MeICT in *Escherichia coli*

Hoda Ayat¹

' 1071

1 Shahrekord University, Science Faculty, Genetics Group

Coresspondence email: Hoda Ayat (ayat-h@sku.ac.ir)

ABSTRACT

Background: The venom of animals contains various peptides with diverse biological applications. Isolating of these peptides from venom is difficult and costly. Therefore, recombinant production of peptides is a suitable alternative method for their production. The peptide MeICT is a toxin isolated from the venom of the Iranian scorpion *Mesobuthus eupeus*, which has shown strong anticancer effects.

Objective: This study examines the recombinant production of this peptide in *Escherichia coli*.

Methods: The recombinant production of this peptide faced various challenges, including the effects of toxicity on the bacteria and high production of inclusion bodies due to having three disulfide bonds and a small size.

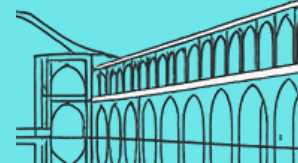
Results: In this study, high-level production and purification of the recombinant peptide were successfully achieved in *Escherichia coli*.

Conclusion: The successful high-level production and purification of the recombinant peptide in *Escherichia coli* can be utilized for the production of other peptides with similar complex structures.

Keywords: *E. coli*, MeICT, peptide, purification, recombinant

References:

1. Bogomolovas J, Simon B, Sattler M, Stier G (2009) Screening of fusion partners for high yield expression and purification of bioactive viscotoxins. *Protein Expr Purif* 64:16–23
2. Cheng SH, Tu Y, Zhang S (2013) FOXM1 promotes glioma cells progression by up-regulating Anxa1 expression. *PLoS ONE* 8:1–10
3. Cheng Y, Zhao J, Qiao W, Chen K (2014) Recent advances in diagnosis and treatment of gliomas using chlorotoxinbased bioconjugates. *Am J Nucl Med Mol* 4:385–405





۰۳۵۸۰۲۶۰- بهینه سازی تولید نو ترکیب توکسین پیتیدی MeICT در باکتری/شرشیا کلی

هدا هدایت

' 1072

چکیده

پیشینه پژوهش: زهر جانوران حاوی پپتیدهای مختلف با کاربردهای زیستی متنوعی است. جداسازی این پپتیدها از زهر دشوار و هزینه بر است. از این رو تولید نو ترکیب پپتیدها، روش جایگزین مناسب برای تولید آنها می باشد. پپتید MeICT یک توکسین جدا شده از زهر عقرب مزوبوتس اوپئوس ایرانی است که اثرات ضد سرطانی قوی نشان داده است.

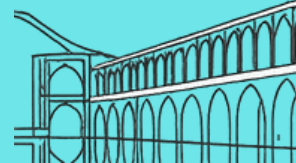
هدف: در این مطالعه تولید نو ترکیب این پپتید در باکتری اشرشیا کلی مورد بررسی قرار گرفته است.

روش‌ها: تولید این پپتید به صورت نو ترکیب با وجود سه پیوند دی سولفیدی و سایز کوچک، با چالش‌های مختلفی از جمله اثرات سمیت بر باکتری و تولید بالای اینکلوژن بادی مواجه بود. در این مطالعه با تغییر شرایط بیان، تغییر سویه‌های میزبان و بررسی وکتورها مختلف بیانی سعی در بهینه سازی تولید این پپتید شد. همچنین با بررسی بافرهای لیز مختلف تلاش در افزایش راندمان محصول در فاز محلول شد.

نتایج: در این مطالعه، تولید و تخلیص پپتید نو ترکیب به میزان بالا در باکتری/شرشیا کلی ایجاد شد.

نتیجه گیری: تولید و تخلیص پپتید نو ترکیب به میزان بالا در باکتری اشرشیا کلی می تواند برای تولید پپتیدهایی با ساختار پیچیده مشابه مورد استفاده قرار بگیرد.

کلیدواژه: /شرشیا کلی، MeICT، پپتید، خالص سازی، نو ترکیبی





(04300251)-Biological control of *Ruthia mucilaginosa* as an oral pathogen by *Saccharomyces cerevisiae*

Arezou jafari ¹, Kivan Beheshti Maal^{*1}, Seyed Hossein Mirdamadian ¹

' 1073

1. Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Falavarjan Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran

***Correspondence email: Kivan Beheshti Maal (kbeheshtimaal@iau.ac.ir)**

ABSTRACT

Background: Today, oral and dental diseases are one of the most common diseases in the world and severely reduce the quality of life of affected people. Due to the increase in the prevalence of antibiotic-resistant species, it is necessary to find alternative ways to control the pathogenic bacteria of the mouth and teeth. Preventing the binding of oral bacteria by biological control with yeasts can greatly help in reducing costs.

Objective: The purpose of the present study was to isolate and purify yeast and its biological control investigation on pathogenic bacteria of the mouth and teeth.

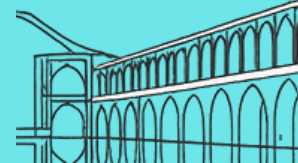
Methods: Microbial samples were isolated from the mouth and teeth of patients referred to Isfahan Sadoughi Hospital and their macroscopic, microscopic, biochemical and molecular characteristics were investigated. Then the antibiogram test was performed with penicillin, vancomycin, tetracycline, gentamicin and meropenem antibiotics. Yeast samples from Isfahan traditional bakeries were isolated, purified and identified by molecular method. The effect of yeast biocontrol ability on pathogenic bacteria was investigated using BHIB and PDA culture media. The isolated bacterium from the oral sample was *Ruthia mucilaginosa* JBM-IAUF-1, that its 16S- rDNA sequence was deposited in NCBI under the accession number of PP594918. The isolated yeast was *Saccharomyces cerevisiae* JBM-IAUF-5, that its 18S-rDNA sequence was deposited in NCBI under the accession number of PP616704. Examination of co-cultures showed that *Saccharomyces cerevisiae* completely inhibited the growth of *Ruthia mucilaginosa*. This study suggests that the use of yeasts, especially *Saccharomyces cerevisiae*, can be an effective factor in the biological control of oral pathogenic bacteria.

Conclusion: The findings of this study demonstrate the promising potential of *Saccharomyces cerevisiae* as a biological control agent against oral pathogens, specifically *Ruthia mucilaginosa*. The complete inhibition observed in co-culture assays highlights yeast-based biocontrol as a viable, natural alternative to conventional antibiotics—particularly in the face of rising antimicrobial resistance. These results pave the way for further research into the development of yeast-derived therapeutic strategies for oral health management.

Keywords: oral and dental diseases, *Ruthia mucilaginosa*, *Saccharomyces cerevisiae*, biological method

References:

1. Akani NP, Barika PN, Akintola AA and Amadi SC. 2023. Prevalence and Antibiogram of *Ruthia mucilaginosa* and *Staphylococcus* spp Isolated from Oral Cavity of Students in a Tertiary Institution, South Asian Journal of Research in Microbiology, 15(1): 27-35.
2. Fakruddin MD, Hossain MN, Ahmed MM. 2017. Antimicrobial and antioxidant activities of *Saccharomyces cerevisiae* IFST062013, a potential probiotic. BMC Complementary and Alternative Medicine; 17: 1-1.
3. Becker B, Schmitt MJ. 2017. Yeast Killer Toxin K28: Biology and Unique Strategy of Host Cell Intoxication and Killing. Toxins; 9: 333.





۰۴۳۰۰۲۵۱- کنترل بیولوژیک باکتری روتیا موسیلاژینوزا به عنوان پاتوژن دهان و دندان توسط مخمر ساکارومایسس

سرویزیه

آرزو جعفری، کیوان بهشتی مآل، سید حسین میردامادیان

' 1074

چکیده

پیشینه پژوهش: امروزه بیماری‌های دهان و دندان از شایع‌ترین بیماری‌ها در سطح جهان هستند و کیفیت زندگی افراد مبتلا را به شدت کاهش می‌دهند. با توجه به افزایش شیوع گونه‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک، یافتن راه‌های جایگزین جهت کنترل باکتری‌های بیماری‌زای دهان و دندان امری ضروری است. جلوگیری از اتصال باکتری‌های دهانی توسط کنترل زیستی با مخمرها می‌تواند به کاهش هزینه‌ها کمک به سزایی کند.

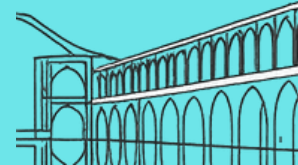
هدف: هدف از مطالعه حاضر جداسازی و خالص سازی مخمر و بررسی کنترل بیولوژیک آن روی باکتری‌های پاتوژن دهان و دندان بود.

روش‌ها: نمونه‌های میکروبی از دهان و دندان بیماران مراجعه کننده به بیمارستان صدوقی اصفهان جداسازی شد و خصوصیات ماکروسکوپی، میکروسکوپی، بیوشیمیایی و مولکولی آن بررسی شد. سپس آزمون آنتی بیوگرام با آنتی‌بیوتیک‌های پنی‌سیلین، وانکومايسين، تتراسایکلین، جنتامایسین و مروپنم انجام شد. نمونه‌ی مخمر از نانوائی‌های سنتی اصفهان جداسازی، خالص سازی و به روش مولکولی شناسایی شد. تاثیر مهاری مخمر جداسازی شده بر باکتری پاتوژن در محیط BHIB و PDA مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج: باکتری جداسازی شده از نمونه‌ی دهانی روتیا موسیلاژینوزا سویه JBM-IAUF-1 بود که با کد دسترسی PP594918 در NCBI به ثبت رسید. مخمر جداسازی شده، ساکارومایسس سرویزیه سویه JBM-IAUF-5 بود که با کد دسترسی PP616704 در پایگاه NCBI ثبت شد. بررسی محیط کشت‌های مشترک نشان داد که ساکارومایسس سرویزیه رشد روتیا موسیلاژینوزا را به طور کامل مهار نمود.

نتیجه گیری: این مطالعه پیشنهاد می‌دهد که استفاده از مخمرها به ویژه مخمر ساکارومایسس سرویزیه می‌تواند به عنوان یک عامل موثر در کنترل زیستی باکتری‌های پاتوژن دهانی مطرح باشد.

کلیدواژه: بیماری‌های دهان و دندان، روتیا موسیلاژینوزا، ساکارومایسس سرویزیه، کنترل زیستی





02170092-Functional metagenomics study of polyethylene- degrading microbial samples, collected from polluted sites

F. Hesami Zokaeia*¹; S. Gharavia¹; E. Asgarania¹, M. Zarrabia¹, MR. Soudi²

¹ Department of Biotechnology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

² Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences, Alzahra University, Tehran, Iran

Correspondence email: F. Hesami Zokaeia (faeze.hesamia66@gmail.com)

' 1075

ABSTRACT

Background: Polyethylene (PE) is one of the most abundant plastic with petroleum origin, which is used in various industries. Therefore, pollutants accumulate in different water and soil environments. The ability of microorganisms in bioremediation and removal of contaminants is a promising approach. Since 99% of microorganisms cannot be cultured and isolated using current facilities, metagenomics techniques were used.

Objective: We use metagenomics techniques with a functional-based approach to track efficient enzymes in PE degradation.

Context: For this purpose, sampling was done from 2 plastic waste recycling workshops around Tehran and Yazd desert. As a result of the gene library, 3000 clones were obtained. During searching the desired function, in the primary screening with the model substrate (hexadecane) 760 positive clones, in the secondary screening with the main substrate (PE nanoparticles) 250 clones, compared to the growth rate of clones with consumption PE nanoparticles 30 positive hits and finally by enzyme assaying two key enzymes, laccase, and Alkan hydroxylase, 6 clones selected and sequenced.

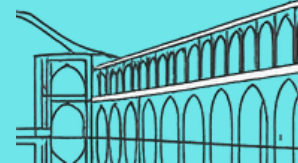
Bioinformatic analysis revealed oxidoreductase and hydroxylase enzymes which are involved in the degradation of PE by oxidation and reduction processes.

Finally, the found enzymes can be sub-clone in a suitable host, and by mass production, in combination with other effective enzymes, they can be used in cleaning and removing contaminants in the landfill.

Keywords: Bioremediation, Gene Library, Metagenomics, Polyethylene (PE)

References:

1. Vasconcellos, S. P. de, Angolini, C. F. F., García, I. N. S., Martins Dellagnezze, B., Silva, C. C. da, Marsaioli, A. J., Neto, E. V. dos S., & de Oliveira, V. 85 M. (2010) Reprint of: Screening for hydrocarbon biodegraders in a metagenomic clone library derived from Brazilian petroleum reservoirs. *Org. Geochem.*, 41(9), 1067–1073.
2. Zokaei, F. H., Gharavi, S., Asgarani, E., Zarrabi, M., Soudi, M., & Moosavi-nejad, Z. (2023). A simple method for the production of nano polyethylene particles for rapid assay of polyethylene biodegradation. *Biologia*, 78(1), 179-186.
3. Danso, D., Schmeisser, C., Chow, J., Zimmermann, W., Wei, R., Leggewie, C., Li, X., Hazen, T., & Streit, W. R. (2018) New insights into the function and global distribution of polyethylene terephthalate (PET)-degrading bacteria and enzymes in marine and terrestrial metagenomes. *Appl. Environ. Microbiol.* <https://doi.org/10.1128/AEM.02773-17>





۰۲۱۷۰۰۹۲- بررسی متاژنومیکس عملکردی نمونه‌های میکروبی تجزیه‌کننده پلاستیک پلی‌اتیلن، جمع‌آوری شده از

محیط‌های آلوده

' 1076

فائزه حسامی ذکائی؛ سارا غروی؛ عزت عسگرانی؛ محبوبه ضرابی؛ محمد رضا سعودی

چکیده

پیشینه پژوهش: پلی‌اتیلن (PE) یکی از فراوان‌ترین و پرمصرف‌ترین پلاستیک‌ها با منشأ نفتی است که در صنایع مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرد. بنابراین در محیط‌های مختلف آب و خاک به صورت آلاینده تجمع می‌یابد. توانایی میکروارگانیسم‌ها در زیست‌پالایی و حذف آلاینده‌ها یک رویکرد امیدوارکننده است. از آنجا که تقریباً ۹۹ درصد میکروارگانیسم‌ها با استفاده از امکانات فعلی آزمایشگاهی غیر قابل کشت و جداسازی هستند، از روش‌های متاژنومیکس استفاده شده است.

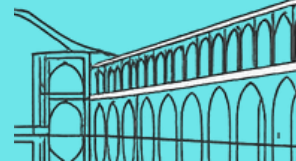
هدف: در این پژوهش با استفاده از روش‌های متاژنومیکس بارویکرد برپایه عملکرد به جستجو آنزیم‌های کارآمد و موثر در تجزیه PE پرداختیم.

روش‌ها: از ۲ کارگاه بازیافت زباله‌های پلاستیکی در اطراف شهر تهران و کویر یزد نمونه‌برداری انجام شد. پس از غنی‌سازی نمونه‌ها در محیط کشت حداقل با PE، DNA فراژنوم نمونه‌ها استخراج و برای بررسی جامعه میکروبی و همچنین ساخت کتابخانه بیانی با ناقل CopyControl™ pCC1FOS™ Fosmid مورد استفاده قرار گرفت. در نتیجه ساخت کتابخانه ژنی، ۳۰۰۰ همسانه حاصل شد که طی ردیابی عملکرد مورد نظر، در غربال اولیه با سوپرسترای مدل (هگزادکان) ۷۶۰ همسانه مثبت، در غربال ثانویه با سوپرسترای اصلی (نانوذرات PE) ۲۵۰ همسانه، در مقایسه سرعت رشد همسانه‌ها با مصرف نانوذرات PE، ۳۰ همسانه و در نهایت با سنجش دو آنزیم کلیدی لاکاز و آلکان‌هیدروکسیلاز در تجزیه PE، ۶ همسانه انتخاب و توالی‌یابی شدند.

نتایج: در بین همسانه‌ها با بررسی‌های بیوانفورماتیک به مجموعه‌ای از آنزیم‌های اکسیدرودوکتاز، دست‌یافتیم که با فرایندهای اکسید و احیا در تجزیه PE نقش دارند.

نتیجه‌گیری: در نهایت با استفاده از یافته‌های حاصل از این پژوهش می‌توان کشف آنزیم‌های جدید در کتابخانه‌های فراژنگان‌شناسی می‌تواند به تولید نو ترکیب این کاتالیزورها و پاکسازی و حذف آلاینده‌ها در راکتورهای زیستی و محل‌های دفن زباله کمک کند.

کلیدواژه: پلی‌اتیلن (PE)، زیست‌پالایی، کتابخانه ژنی، متاژنومیکس





(06310413)- Bioactive Properties of Iranian *Lentinus tigrinus*: Six Years of Research and Future Directions

Hamid R. Pourianfar^{1*}; Safoora Mohammadnejad¹; Yasaman Yazdi¹; Mansooreh Rahmani¹; Mohhamd Reza Rezaee²; Ahmad Drakhshan¹; Shadi Shahtahmasebi¹; Sharareh Rezaeian¹

' 1077

¹Industrial Fungi Biotechnology Research Department, Research Institute for Industrial Biotechnology, Academic Center for Education, Culture and Research (ACECR)-Khorasan Razavi Province, Mashhad, Iran

²Department of Environmental Engineering, Faculty of Natural Resources and Environment, University of Birjand, Birjand, Iran

Correspondent email: pourianfarh@gmail.com

ABSTRACT

Objective: This article reviews over six years of research into the pharmacological potential of the Iranian medicinal mushroom *Lentinus tigrinus*, beginning with the collection of a wild strain of this mushroom from northeastern Iran.

Context: Morphological and molecular identification using ITS markers confirmed taxonomy of the strain (NCBI Gene Bank: MK346326.1), making it possible to be domesticated on lignocellulosic substrates to produce fruiting bodies for reproducible research.

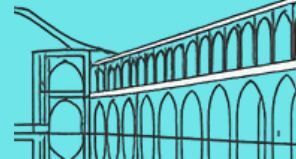
Result: Biochemical profiling revealed a rich nutritional profile, including dietary fiber, bioactive proteins, and high total phenolic content (5.83 ± 0.08 mg GAE/g, dw). Toxicological assessments in animal models indicated low toxicity at bioactive doses, supporting its safety for human use. A soluble protein fraction demonstrated dual anticancer and antifungal activity, suppressing MCF-7 and PC3 cancer cell proliferation ($IC_{50} < 1,000$ μ g/mL) through apoptosis induction within 6 hours and inhibiting phytopathogenic fungi. Acetone extracts exhibited potent antibacterial activity against *Bacillus cereus* ($MIC_{50} = 40$ μ g/mL), while hot-water extracts enabled green synthesis of antibacterial silver nanoparticles (AgNPs, 5–25 nm). In addition, combining the biogenic AgNPs with the mushroom extracts produced synergistic antibacterial effects, enhancing therapeutic potential.

Conclusion: By integrating these findings, we position *L. tigrinus* as a multifunctional candidate for drug discovery and nutraceutical applications. This work highlights the critical role of conserving fungal biodiversity in understudied regions like Iran, where species such as *L. tigrinus* may offer untapped resources for addressing global health challenges.

Keywords: *Lentinus tigrinus*, Pharmacological potential, Strain domestication, Bioactive compounds, Green nanotechnology, Iranian fungal biodiversity

References:

1. Mohammadnejad S., Pourianfar HR*, Drakhshan A., Jabaleh I., Rezayi M. 2019. Potent antiproliferative and pro-apoptotic effects of a soluble protein fraction from culinary-medicinal mushroom *Lentinus tigrinus* on cancer cells. *Journal of Food Measurement and Characterization*. 13: 3015-3024.
2. Pourianfar, H.R*, Mohammadnejad S., Shahtahmasebi SH, Madjid Ansari A, Zibaei S, Ghadirian R, Rezaeian S-H, Attaran Dowom, S. 2020. Toxicity and Nutritional Assessment of Extracts of Medicinal Tiger Sawgill mushroom, *Lentinus tigrinus* (Agaricomycetes), a Newly Domesticated in Iran. *International Journal of Medicinal Mushrooms*. 22(11): 1079-1088.
3. Yazdi Y, Rezaei MR, Pourianfar HR*. 2023. Antibacterial activity of culinary medicinal polypore mushroom *Lentinus tigrinus* (Agaricomycetes). *International Journal of Medicinal Mushrooms*. 25(6): 21-30.





۰۶۳۱۰۴۱۳- خواص زیست فعال قارچ لنتینوس تیگرینوس (*Lentinus tigrinus*) بومی ایران: شش سال پژوهش و

مسیرهای آینده

' 1078

حمیدرضا پوریانفر؛ صفورا محمدنژاد؛ یاسمن یزدی؛ منصوره رحمانی؛ محمدرضا رضایی؛ احمد درخشان؛ شادی شاه طهماسبی؛ شراره رضائیان

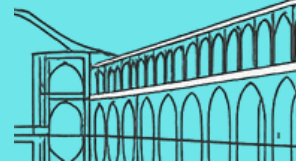
چکیده

هدف: این مقاله به بررسی دستاوردهای بیش از شش سال تحقیق در مورد قارچ خوراکی-دارویی *Lentinus tigrinus* می پردازد که با جمع آوری یک سویه وحشی از شمال شرق ایران آغاز شد.

روش‌ها: شناسایی مورفولوژیکی و مولکولی این قارچ با استفاده از نشانگرهای ITS انجام شد (ثبت در بانک ژن NCBI: MK346326.1). همچنین اهلی سازی روی بسترهای لیگنوسلولزی برای تولید اندام میوه‌دهی، امکان داشتن مواد لازم در تحقیقات تکرارپذیر را فراهم کرد.

نتایج: مطالعات بیوشیمیایی حاکی از یک پروفایل تغذیه‌ای متشکل از فیبر غذایی، پروتئین‌های فعال زیستی و محتوای فنل کل بالا ($5.83 \pm$ 0.08 mg GAE/g, dw) بود. ارزیابی‌های اولیه سم‌شناسی در مدل‌های حیوانی، سمیت ناچیز این سویه را نشان داد که ایمنی آن را برای استفاده انسانی تایید کرد. در مطالعه دیگر، یک فرکشن پروتئینی محلول، تکثیر سلول‌های سرطانی MCF-7 و PC3 ($IC_{50} < 1000$) میکروگرم در میلی‌لیتر) را از طریق القای آپوپتوز در عرض ۶ ساعت متوقف کرد. این فرکشن همچنین موجب مهار قارچ‌های بیماری‌زای گیاهی شد. عصاره استونی این قارچ فعالیت ضد باکتریایی قوی علیه باسیلوس سرئوس نشان داد ($MIC_{50} = 40$ میکروگرم بر میلی لیتر)، در حالی که عصاره‌های آب گرم موجب سنتز نانوذرات نقره (25-5 نانومتر) با فعالیت ضد باکتریایی شدند. همچنین، ترکیب نانوذرات نقره با عصاره قارچ، اثرات هم افزایی ضد باکتریایی ایجاد کردند.

نتیجه گیری: ادغام این یافته‌ها نشان می‌دهد که می‌توان قارچ بومی *L. tigrinus* را به عنوان یک کاندید چند منظوره برای کشف دارو و کاربردهای تغذیه‌ای معرفی نمود. این پژوهش‌ها نقش حیاتی حفاظت از تنوع زیستی قارچی را در مناطقی مانند ایران برجسته می‌کنند. **کلیدواژه:** قارچ لنتینوس تیگرینوس، پتانسیل دارویی، اهلی سازی، ترکیبات زیست-فعال، نانوتکنولوژی سبز، تنوع زیستی قارچی در ایران





Bacteriophages: Intelligent Weapons in Future Medicine's Battle Against Superbugs and Cancer

Seyed Mahdi Ghasemi¹

¹ Assistant professor at Department of Microbiology, Faculty of Biological Sciences and Technology,
Shahid Ashrafi Esfahani University

' 1079

Correspondent email: smghasemi1985@ashrafi.ac.ir or smghasemi1985@gmail.com

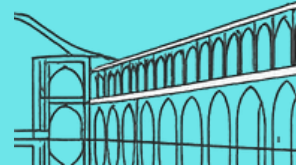
ABSTRACT

Background: In recent years, bacteriophages have gained attention as effective tools against multidrug-resistant pathogens.

Objective: This study reviews the latest research advances, commercial developments, and applications of phages.

Context: The development of genetic engineering, aided by CRISPR technology, has led to the production of more specific and efficient phages. Additionally, genetic manipulation of phages has enabled expanded host range, vaccine production, drug delivery, and cancer treatment. The use of artificial intelligence and machine learning, besides assisting in whole-genome sequencing of phages and bioinformatics analyses, can predict phage-host interactions, facilitating the development of specific phage cocktails for each pathogen. Establishing phage banks and personalized phage therapy—where phage combinations are customized based on the pathogen and patient's condition—has been successful in treating resistant infections. On the other hand, phage endolysins, which destroy resistant bacteria by degrading cell walls, are being developed as antibiotic alternatives. The phageome, which constitutes a major portion of gut viruses, influences host health and immunity by balancing bacterial populations. Beyond their therapeutic roles, phage-based biosensors—enabling rapid bacterial detection due to their high specificity and stability—are under development.

Conclusion: The use of phages and phage-derived enzymes as diagnostic and therapeutic tools has revolutionized medicine in recent decades. By combining genetic engineering, AI-based design, and personalized phage therapy, bacteriophages could become the next generation of intelligent and effective weapons against superbugs and cancer.





باکتریوفازها: سلاح‌های هوشمند آینده پزشکی در جنگ با ابرمیکروب‌ها و سرطان

سیدمهدی قاسمی

چکیده

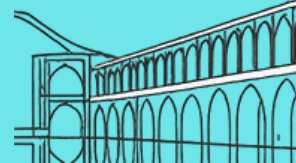
' 1080

مقدمه: در سال‌های اخیر، باکتریوفازها به عنوان ابزاری موثر علیه پاتوژن‌های مقاوم به چنددارو مورد توجه قرار گرفته‌اند.

هدف: در این مطالعه آخرین دستاوردهای پژوهشی و تجاری و کاربردهای فازها بررسی می‌شوند.

متن: توسعه مهندسی ژنتیک با کمک تکنیک کریسپر منجر به تولید فازهای اختصاصی‌تر با کارایی بهتر شده است. همچنین، دستکاری ژنتیکی فازها امکان افزایش دامنه میزبانی، تولید واکسن، دارورسانی و درمان سرطان را فراهم کرده است. استفاده از هوش مصنوعی و یادگیری ماشینی علاوه بر کمک به تعیین توالی کل ژنوم فاز و بررسی‌های بیوانفورماتیکی فازها، می‌تواند با پیش‌بینی تعامل فاز-میزبان منجر به تولید کوکتل‌های فازی اختصاصی برای هر پاتوژن شود. ایجاد بانک‌های فاز و فازدرمانی شخصی که در آن ترکیب فازها براساس نوع پاتوژن و شرایط بیمار تنظیم می‌شود، در بهبود عفونت‌های مقاوم موفق بوده است. از طرف دیگر، اندولیزین‌های فاز که با تخریب دیواره سلولی، باکتری‌های مقاوم را از بین می‌برند به عنوان جایگزین آنتی‌بیوتیک‌ها در حال توسعه هستند. فازئوم که بخش عمده ویروس‌های روده را تشکیل می‌دهد، با برقراری تعادل جمعیت باکتریایی بر سلامت و ایمنی میزبان تأثیر می‌گذارد. علاوه بر نقش فازها در سلامت و کاربردهای درمانی، حسگرهای مبتنی بر فاز که به دلیل اختصاصیت و پایداری بالا امکان تشخیص سریع باکتری‌ها را فراهم می‌کنند، در حال توسعه هستند.

نتیجه‌گیری: استفاده از فازها و آنزیم‌های فاز به عنوان ابزارهای تشخیصی و درمانی، تحولی بزرگ در دهه‌های اخیر پدید آورده است. با ترکیب مهندسی ژنتیک، طراحی مبتنی بر هوش مصنوعی و فازدرمانی بیمارمحور، باکتریوفازها می‌توانند به سلاح‌های مؤثر و هوشمند نسل آینده علیه ابرمیکروب‌ها و سرطان تبدیل شوند.





Psychobiotics: neurotransmitter producing probiotics

Gholamreza Zarrini ^{1*}

¹Department of Animal Biology, Faculty of Natural Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran

Corresponding author: Gholamreza Zarrini (zarrini@tabrizu.ac.ir)

' 1081

ABSTRACT

Background: Psychobiotics are a subset of probiotics that influence central nervous system (CNS) functions and behaviors via the gut-brain axis (GBA). These microbes have attracted increasing interest in neuroscience due to their ability to modulate neurochemical signaling. Psychobiotic activity is largely mediated by the production or stimulation of neurotransmitters, short-chain fatty acids (SCFAs), neurohormones, and anti-inflammatory cytokines.

Objective: The aim of this study was to screen lactic acid bacteria (LAB) for their ability to produce serotonin and melatonin—two key neurohormones involved in mood regulation and circadian rhythms—as potential psychobiotic candidates.

Methods: An initial screening was conducted using gene analysis of key biosynthetic enzymes and thin-layer chromatography (TLC) for neurohormone detection. Strains that tested positive were further confirmed through gene sequencing and high-performance liquid chromatography (HPLC) to verify serotonin and melatonin production.

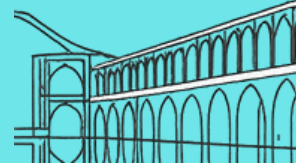
Results: Several LAB strains belonging to the genera *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* were identified as capable of producing or promoting the synthesis of important neuroactive compounds, including GABA, serotonin, dopamine, and melatonin. Positive strains identified through TLC and gene screening were validated via HPLC.

Conclusion: The findings highlight the psychobiotic potential of selected LAB strains capable of producing serotonin and melatonin. These strains represent promising candidates for future research and development of probiotic-based interventions aimed at supporting mental health and managing neurological disorders. However, more comprehensive studies are required to confirm their therapeutic efficacy and elucidate underlying mechanisms.

Key words: Psychobiotics, Gut-brain axis, Lactic acid bacteria, Serotonin, Melatonin, Neurotransmitters, Probiotics, HPLC, TLC

Refences:

- Çimse L, Reinis A, Miķelsone-Jansone L, Gintere S, Krūmiņa A. A Narrative Review of Psychobiotics: Probiotics That Influence the Gut-Brain Axis. *Medicina (Kaunas)*. 2024 Apr 5;60(4):601.
- Arnao MB, Giraldo-Acosta M, Castejón-Castillejo A, Losada-Lorán M, Sánchez-Herrerías P, El Mihyaoui A, Cano A, Hernández-Ruiz J. Melatonin from Microorganisms, Algae, and Plants as Possible Alternatives to Synthetic Melatonin. *Metabolites*. 2023 Jan 2;13(1):72.
- Mosquera FEC, Lizcano Martinez S, Liscano Y. Effectiveness of Psychobiotics in the Treatment of Psychiatric and Cognitive Disorders: A Systematic Review of Randomized Clinical Trials. *Nutrients*. 2024 Apr 30;16(9):1352.





سایکوبیوتیک‌ها: پروبیوتیک‌های تولیدکننده انتقال‌دهنده‌های عصبی

' 1082

غلامرضا زرینی

چکیده

پیشینه پژوهش: سایکوبیوتیک‌ها زیرمجموعه‌ای از پروبیوتیک‌ها هستند که از طریق محور روده-مغز (GBA) بر عملکردهای سیستم عصبی مرکزی (CNS) و رفتار تأثیر می‌گذارند. این میکروارگانیسم‌ها به دلیل توانایی در تنظیم سیگنال‌های نوروکمیکال، توجه روزافزونی را در علوم اعصاب به خود جلب کرده‌اند. فعالیت سایکوبیوتیکی عمدتاً از طریق تولید یا تحریک تولید انتقال‌دهنده‌های عصبی، اسیدهای چرب زنجیره کوتاه (SCFAs)، نوروهومون‌ها و سایتوکاین‌های ضدالتهابی انجام می‌شود.

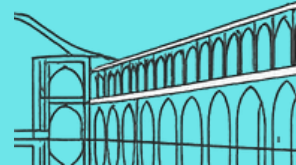
هدف: هدف از این مطالعه، غربالگری باکتری‌های اسید لاکتیک (LAB) به منظور بررسی توانایی آن‌ها در تولید سروتونین و ملاتونین، دو نوروهومون کلیدی در تنظیم خلق‌وخو و ریتم شبانه‌روزی، به عنوان کاندیدهای بالقوه سایکوبیوتیکی بود.

مواد و روش‌ها: در مرحله نخست، آنالیز ژن‌های آنزیم‌های کلیدی در مسیرهای بیوسنتزی و کروماتوگرافی لایه نازک (TLC) برای شناسایی نوروهومون‌ها مورد استفاده قرار گرفت. سویه‌های مثبت با استفاده از توالی‌یابی ژن و کروماتوگرافی مایع با کارایی بالا (HPLC) جهت تأیید تولید سروتونین و ملاتونین بررسی شدند.

نتایج: چندین سویه از باکتری‌های اسید لاکتیک متعلق به جنس‌های *Lactobacillus* و *Bifidobacterium* شناسایی شدند که قادر به تولید یا تحریک سنتز ترکیبات نورواکتیو مهمی از جمله GABA، سروتونین، دوپامین و ملاتونین بودند. سویه‌های مثبت که از طریق TLC و آنالیز ژنی شناسایی شدند، با روش HPLC تأیید گردیدند.

نتیجه گیری: یافته‌ها نشان‌دهنده پتانسیل سایکوبیوتیکی برخی سویه‌های باکتری‌های اسید لاکتیک در تولید سروتونین و ملاتونین است. این سویه‌ها کاندیدهای امیدبخشی برای تحقیقات آینده و توسعه مداخلات پروبیوتیکی به منظور ارتقاء سلامت روان و مدیریت اختلالات عصبی به شمار می‌روند. با این حال، انجام مطالعات جامع‌تر برای تأیید اثربخشی درمانی و روشن شدن مکانیسم‌های زیربنایی ضروری است.

کلیدواژه‌ها: سایکوبیوتیک، محور روده-مغز، باکتری اسید لاکتیک، سروتونین، ملاتونین، انتقال‌دهنده‌های عصبی، پروبیوتیک





Transforming Waste into Value-Added Products: Biorefineries for a Sustainable Future

Mohammad A. Asadollahi¹

¹ Department of Biotechnology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

Corresponding author: ma.asadollahi@ast.ui.ac.ir

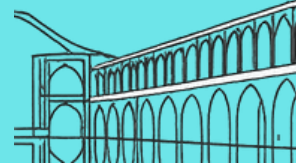
' 1083

ABSTRACT

Currently, the production of most chemical products and fuels worldwide is based on the use of fossil fuel resources. Given the limited reserves of these resources and their significant role in greenhouse gas emissions, the progression of global warming, and climate change, fossil fuels are not considered sustainable resources. On the other hand, vast amounts of industrial and agricultural waste, such as lignocellulosic biomass, municipal solid waste (MSW), and sewage sludge, are generated each year. With appropriate pre-treatment, these wastes can be converted into various valuable chemicals and biofuels using biorefineries. Biorefineries are similar to traditional oil refineries but they focus on the use of renewable resources to create a circular economy and minimize greenhouse gas emissions. Therefore, biorefineries play a crucial role in sustainable development, energy supply, and addressing environmental challenges.

In this presentation, I will share the results of several years of research conducted by my team on the production of valuable products from waste resources using biorefineries. Specifically, waste materials such as lignocellulosic biomass, MSW, and excess sludge from wastewater treatment plants have been used to produce products like butanol, ethanol, and acetone through the ABE fermentation process, as well as microbial lipids and polysaccharides such as xanthan gum. Various methods, including pre-treatment with dilute acid and organic solvents, have been employed, and the pre-treatment conditions have been optimized. Moreover, other valuable by-products such as adsorbents and wound dressings have been produced from these waste resources. The results obtained demonstrate the potential of these waste resources for the industrial production of chemical products and biofuels through biorefineries.

Keywords: Biorefinery, Waste materials, Fermentation processes, Pretreatment, Butanol, Xanthan gum, Lignocellulosic biomass





تبدیل ضایعات به محصولات باارزش افزوده: پالایشگاه‌های زیستی برای یک آینده پایدار

محمدعلی اسداللهی

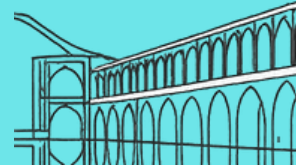
' 1084

چکیده

در حال حاضر، تولید اغلب فراورده‌های شیمیایی و مواد سوختی در دنیا بر پایه استفاده از منابع سوخت‌های فسیلی است. با توجه به محدودیت ذخایر این منابع و نقش مهم آنها در انتشار گازهای گلخانه‌ای، روند پیشرفت گرمایش زمین و تغییر اقلیم، سوخت‌های فسیلی به عنوان منابع پایدار به شمار نمی‌روند. از سوی دیگر، هر ساله مقادیر انبوهی ضایعات صنعتی و کشاورزی مانند زیست‌توده لیگنوسلولزی، ضایعات جامد شهری و لجن تصفیه‌خانه‌های فاضلاب تولید می‌شود. این ضایعات را در صورت پیش‌فراوری مناسب می‌توان با استفاده از پالایشگاه‌های زیستی به انواع مواد شیمیایی باارزش و سوخت‌های زیستی تبدیل نمود. پالایشگاه‌های زیستی مشابه پالایشگاه‌های سنتی نفت هستند با این تفاوت که در پالایشگاه‌های زیستی از منابع تجدیدپذیر در راستای اقتصاد چرخشی و حداقل کردن انتشار گازهای گلخانه‌ای استفاده می‌شود. بنابراین، پالایشگاه‌های زیستی نقش کلیدی در توسعه پایدار، تامین انرژی و حل چالش‌های زیست‌محیطی ایفا می‌کنند.

در این سخنرانی، نتایج تجربیات چند ساله گروه پژوهشی اینجانب در زمینه تولید فراورده‌های باارزش از منابع ضایعاتی با استفاده از پالایشگاه‌های زیستی ارائه می‌شود. به طور خاص، ضایعاتی همانند زیست‌توده لیگنوسلولزی، ضایعات جامد شهری و لجن مازاد تصفیه‌خانه‌های فاضلاب برای تولید محصولاتی همانند بوتانول-اتانول-استن در فرایند تخمیری ABE، لیپید میکروبی و پلی‌ساکاریدهایی مانند صمغ زانتان استفاده شده‌اند. انواع روش‌ها مانند پیش‌فراوری با اسید رقیق و پیش‌فراوری با حلال‌های آلی استفاده شده و شرایط پیش‌فراوری بهینه‌سازی شده است. از طرفی، در کنار محصولات اصلی اشاره شده، محصولات جانبی باارزش دیگری همانند جاذب‌ها و زخم‌پوش‌ها با استفاده از این منابع ضایعاتی تولید شده است. نتایج به‌دست آمده نشان دهنده پتانسیل این منابع ضایعاتی برای تولید صنعتی فراورده‌های شیمیایی و سوخت‌های زیستی از طریق پالایشگاه‌های زیستی است.

کلیدواژه‌ها: پالایشگاه زیستی، مواد ضایعاتی، فرایندهای تخمیری، پیش‌فراوری، بوتانول، صمغ زانتان، زیست‌توده لیگنوسلولزی





Bacteriophages: Past, Present and Future

Majid Bouzari¹

¹ Department of Cell and Molecular Biology & Microbiology, Faculty of Biological Science and Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

' 1085

Corresponding author: bouzari@sci.ui.ac.ir

ABSTRACT

Bacteriophages, or phages, have had a fascinating journey from early discovery to modern applications and potential future breakthroughs. Bacteriophages were first discovered independently by Frederick Twort (1915) and Félix d'Hérelle (1917). Early phage therapy showed promise, particularly in Eastern Europe and the former Soviet Union. However, the rise of antibiotics in the mid-20th century led to a decline in phage therapy in Western medicine. Challenges included limited understanding of phage biology, poor standardization, and inconsistent clinical results.

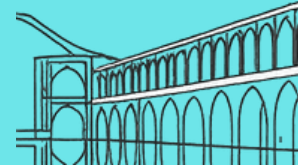
In present, there is renewed interest in phages because of antibiotic resistance. Advances in molecular biology, genomics, and biotechnology have improved the isolation, characterization, and engineering of bacteriophages. Compassionate use cases and small clinical trials have demonstrated efficacy against multi-drug resistant (MDR) pathogens. Phage therapy is being actively researched, with some experimental treatments already used for multidrug-resistant infections such as chronic wound infections, cystic fibrosis, infected burn wounds and digestive tract infections. Phage therapy isn't limited to medical treatments; it has several other applications such as agriculture that phages are used to control bacterial infections in crops and livestock, reducing the need for chemical pesticides and antibiotics. In the food industry, to prevent bacterial contamination, enhance food safety and extend shelf life. Environmental applications in wastewater treatment to target and eliminate harmful bacteria, improving water quality. In biocontrol strategies to manage bacterial populations in various settings for example, in aquaculture to prevent disease in fish. These applications demonstrate the versatility of phage therapy beyond the medical field.

In this presentation, the results of several years of research conducted by my team on the isolation and characterization of novel bacteriophages in different aspects of phage therapy mentioned above are elucidated.

In the future, phages could revolutionize medicine. Personalized phage therapy, where specific phages are tailored to an individual's infection, might become routine. Synthetic biology could enhance phages to be more effective against bacteria or even deliver therapeutic genes. Beyond medicine, phages could be key players in microbiome engineering and agriculture, helping to control bacterial populations without harming beneficial microbes, and offering a more precise approach than broad-spectrum antibiotics. This could be useful in gut health, wastewater treatment, and even space travel, where microbiome stability is crucial.

Regulatory challenges remain, especially in Western medicine, as phages are highly specific, requiring personalized treatments. However, advances in synthetic biology could lead to standardized, customizable phage therapies. Although it is unlikely that phages will ever entirely replace antibiotics, given that the majority of antibiotics are used in agriculture and livestock, phage-based approaches could significantly improve antibiotic stewardship from the One Health perspective.

Keywords: Bacteriophage, Phage therapy, Biocontrol





باکتریوفاژها: گذشته، حال و آینده

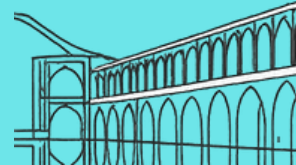
مجید بوذری

چکیده

' 1086

باکتریوفاژها یا فاژها از کشف اولیه تا کاربردهای مدرن و پیشرفت‌های بالقوه آینده سفری جذاب داشته‌اند. باکتریوفاژها برای اولین بار به طور مستقل توسط فردریک توورت (۱۹۱۵) و فلیکس ده رل (۱۹۱۷) کشف شدند. در ابتدا، فاژ درمانی به ویژه در اروپای شرقی و اتحاد جماهیر شوروی سابق، امیدبخش بود. با این حال، ظهور آنتی بیوتیک‌ها در اواسط قرن بیستم منجر به کاهش فاژ درمانی در طب غربی شد. چالش‌ها شامل درک محدود از زیست‌شناسی فاژ، استانداردسازی ضعیف و نتایج بالینی متناقض بود. در حال حاضر، به دلیل مقاومت آنتی بیوتیکی، علاقه مجددی به فاژها به وجود آمده است. پیشرفت در زیست‌شناسی مولکولی، ژنومیک و بیوتکنولوژی جداسازی، بررسی خصوصیات و مهندسی باکتریوفاژها را بهبود بخشیده است. موارد استفاده دلسوزانه و کارآزمایی‌های بالینی کوچک اثربخشی را در برابر پاتوژن‌های مقاوم به چند دارو (MDR) نشان داده‌اند. فاژ درمانی به طور فعال در حال تحقیق است و برخی از درمان‌های تجربی قبلاً برای عفونت‌های مقاوم به چند دارو مانند عفونت زخم مزمن، فیبروز کیستیک، زخم‌های سوختگی عفونی و عفونت‌های دستگاه گوارش مورد استفاده قرار گرفته است. فاژ درمانی به درمان‌های پزشکی محدود نمی‌شود. چندین کاربرد دیگر مانند کشاورزی دارد که از فاژها برای کنترل عفونت‌های باکتریایی در محصولات کشاورزی و دام استفاده می‌شود و نیاز به آفت‌کش‌های شیمیایی و آنتی بیوتیک‌ها را کاهش می‌دهد. در صنایع غذایی، برای جلوگیری از آلودگی باکتریایی، ایمنی مواد غذایی را افزایش داده و عمر مفید را افزایش می‌دهد. در کاربردهای زیست محیطی در تصفیه فاضلاب برای هدف قرار دادن و از بین بردن باکتری‌های مضر و بهبود کیفیت آب مورد استفاده قرار گرفته است. در استراتژی‌های کنترل زیستی برای مدیریت جمعیت‌های باکتریایی در محیط‌های مختلف، به عنوان مثال، در آبرزی پروری برای جلوگیری از بیماری در ماهی نیز کاربرد داشته است. این کاربردها تطبیق پذیری فاژ درمانی را فراتر از حوزه پزشکی نشان می‌دهد. در این ارائه، نتایج چندین سال تحقیق انجام شده توسط تیم تحقیقاتی اینجانب در مورد جداسازی و شناسایی باکتریوفاژهای جدید در جنبه‌های مختلف فاژ درمانی که در بالا ذکر شد، توضیح داده خواهد شد. در آینده، فاژها می‌توانند پزشکی را متحول کنند. فاژ درمانی شخصی، که در آن فاژهای خاص متناسب با عفونت یک فرد طراحی شده‌اند، ممکن است تبدیل به یک امر رایج شود. زیست‌شناسی مصنوعی می‌تواند فاژها را در برابر باکتری‌ها موثرتر کند یا حتی ژن‌های درمانی را تحویل دهد. فراتر از پزشکی، فاژها می‌توانند بازیگران کلیدی در مهندسی میکروبیوم و کشاورزی باشند و به کنترل جمعیت باکتری‌ها بدون آسیب رساندن به میکروب‌های مفید کمک کنند و رویکرد دقیق تری نسبت به آنتی بیوتیک‌های طیف وسیع ارائه دهند. این می‌تواند در سلامت روده، تصفیه فاضلاب و حتی سفرهای فضایی مفید باشد، جایی که پایداری میکروبیوم بسیار مهم است. چالش‌های نظارتی، به‌ویژه در پزشکی غربی، همچنان وجود دارد، زیرا فاژها بسیار خاص هستند و به درمان‌های شخصی نیاز دارند. با این حال، پیشرفت‌ها در زیست‌شناسی مصنوعی می‌تواند منجر به درمان‌های استاندارد شده و قابل تنظیم فاژ شود. اگرچه بعید است که فاژها به طور کامل جایگزین آنتی‌بیوتیک‌ها شوند، با توجه به اینکه اکثر آنتی‌بیوتیک‌ها در کشاورزی و دامداری استفاده می‌شوند، رویکردهای مبتنی بر فاژ می‌توانند به طور قابل توجهی نظارت بر آنتی‌بیوتیک را از دیدگاه یک سلامت بهبود بخشند.

واژه های کلیدی: باکتریوفاژ، فاژ درمانی، کنترل زیستی





Bioremediation of Soils Contaminated with Petroleum Compounds, from the Laboratory to Industry

Hanif Khodavardi¹

¹ Petroleum Industry Research Institute

' 1087

Abstract

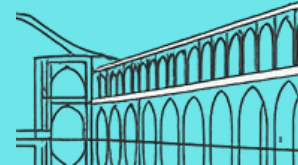
Crude oil is a complex mixture of millions of different organic compounds, with the two elements carbon and hydrogen constituting its major part. The structure and composition of crude oil from different reservoirs vary greatly, and amounts of sulfur (from negligible to 8% by weight), nitrogen (from negligible to 6% by weight), oxygen (from negligible to 1.8% by weight), and small amounts of metals such as nickel and vanadium are found in D,9. One method for different crude oils is to look at the percentage of the groups that make up the crude oil, namely aliphatic hydrocarbons, aromatics, resins, and asphaltenes, which are separated based on their solubility in different solvents. They are called.

Currently, three general methods of cleaning up are used to remove contamination from soils contaminated with crude oil: physical, chemical, and biological. The most common physical and chemical methods of treating contaminated soils include collection and burial, heat treatment and oxidation or chemical neutralization, incineration of contaminants, and sometimes of contaminated diseases. These methods are relatively quick and effective, but very expensive and practically transfer contamination from one substrate to another and have side effects. Biological cleaning methods are based on breaking down and decomposing contaminant compounds and converting them into non-toxic compounds using microbial processes. The ultimate goal of cleaning is the complete decomposition and metabolism of hydrocarbons, converting them into biological materials, water, and carbon dioxide. Biodegradation has significant economic and environmental benefits compared to other physical and chemical cleanup methods and has the least harm to human health and ecosystems.

The Petroleum Industry Research Institute has started cleaning contaminated soils as one of its main activities since 2008. For this purpose, various methods such as Bioslurry, as well as optimization of nitrogen, phosphorus, moisture, Balking Agents and auxiliary carbon sources are initially investigated in the laboratory. During the cleaning process, two main parameters, TPH and microbial number, were monitored as process quality, which causes reduction and increase. After that, the Petroleum Industry Research Institute entered field projects (as follows):

The first field project was carried out on Siri Island using the Landfarm method, during which 2 thousand tons of contaminated soil were cleaned using this method. In the Landfarm method, aeration is carried out through breaking and irrigation using the Cret method. The next project in the household area was carried out using the biopile method - for the first time in Iran - during which 10 thousand tons of soil contaminated with drilling waste were cleaned. In the biopile method, aeration is carried out by a blower inside a network under the pile. A small project in the Gavzard area was carried out using the Passive Aeration method - for the first time in Iran - with a volume of 300 tons. Another project was carried out on Kharg Island using the biopile method, during which 10 thousand tons of soil with a salinity of 5% (for the first time in Iran) were cleaned. A permanent cleaning site was built as a pilot at Mobin Petrochemical with a capacity of 100 tons so that the aeration system could be used permanently in different rounds. A project to clean 500 tons of soil contaminated with PAH was carried out at Ariassol Petrochemical - for the first time in Iran.

The largest soil cleanup project in the country was carried out in the wheat-growing region with a volume of 20,000 tons using the biopile method, and in the same region another project was successfully carried out using the in-situ method - for the first time in Iran. An innovative project in Sabzevar to clean sludge from product tanks using anaerobic digestion and biopile methods was also successfully carried out.





پاکسازی زیستی خاک‌های آلوده به ترکیبات نفتی، از آزمایشگاه تا صنعت

حنیف خداوردی

چکیده

' 1088

نفت خام آمیزه‌ی پیچیده‌ای از میلیون‌ها ترکیب آلی مختلف است که دو عنصر کربن و هیدروژن بخش عمده‌ی آن را تشکیل می‌دهند. ساختار عنصری و ترکیبات تشکیل دهنده‌ی نفت خام مخازن مختلف، بسیار متفاوت است و میزان گوناگونی از گوگرد (از ناچیز تا ۸ درصد وزنی)، نیتروژن (از ناچیز تا ۶ درصد وزنی)، اکسیژن (از ناچیز تا ۱/۸ درصد وزنی) و اندکی از برخی فلزها مانند نیکل و وانادیم در آن دیده می‌شود (Premuzic و Lin, ۱۹۹۹). یک روش برای بررسی شیمیایی و طبقه‌بندی نفت‌های خام گوناگون، نگاه به درصد گروه‌های تشکیل دهنده‌ی نفت خام یعنی هیدروکربن‌های آلیفاتیک، آروماتیک‌ها، رزین‌ها و آسفالتین‌هاست که بر پایه‌ی حلالیت در حلال‌های گوناگون از هم جدا می‌شوند و گاه روی هم مجموعه‌ی SARA (نمادی از سرواژه‌های انگلیسی آن‌ها) نامیده می‌شوند.

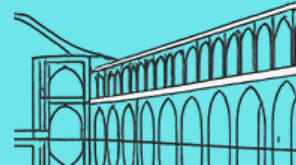
در حال حاضر از سه روش کلی پاکسازی فیزیکی، شیمیایی و زیستی جهت رفع آلودگی خاک‌های آغشته به نفت خام استفاده می‌شود. متداول‌ترین روش‌های فیزیکی و شیمیایی تیمار خاک‌های آلوده شامل جمع‌آوری و دفن، تیمار حرارتی و اکسیداسیون و یا خنثی سازی شیمیایی، سوزاندن آلودگی‌ها و گاه شستشوی بستر آلوده است. این روش‌ها نسبتاً سریع و موثر، اما بسیار هزینه‌بر هستند و عملاً آلودگی را از بستری به بستر دیگر انتقال می‌دهند و عوارض جانبی گسترده‌ای را به همراه دارند. روش‌های پاکسازی زیستی عمده‌تاً بر شکستن و تجزیه ترکیبات آلاینده و تبدیل آنها به ترکیبات غیرسمی با استفاده از فرآیندهای میکروبی استوار هستند. هدف نهایی پاکسازی، تجزیه و متابولیسم کامل هیدروکربن‌ها، تبدیل آن‌ها به مواد زیستی، آب و دی‌اکسید کربن است. تجزیه‌ی زیستی در مقایسه با سایر روش‌های پاکسازی فیزیکی و شیمیایی دارای مزایای اقتصادی و زیست‌محیطی بارزی است و کمترین اثرات سوء را بر سلامت انسان و اکوسیستم‌ها دارد.

پژوهشگاه صنعت نفت از سال ۱۳۸۷ کار پاکسازی زیستی خاک‌های آلوده را به عنوان یکی از محورهای اصلی فعالیت خود آغاز کرده است. به این منظور ابتدا در فاز آزمایشگاهی، روش‌های مختلف مانند Bioslurry، و نیز بهینه‌سازی نسبت‌های نیتروژن، فسفر، رطوبت، Balking Agents و منبع کربن کمکی بررسی شد. در طول فرایند پاکسازی، دو پارامتر اصلی TPH و شمارش میکروبی به عنوان معیار کیفیت فرایند پایش شد، که یکی کاهش و دیگری افزایش می‌یابد. پس از آن پژوهشگاه صنعت نفت وارد پروژه‌های میدانی (به شرح زیر) گردید:

نخستین پروژه میدانی در جزیره سیری با روش لندفارم انجام شد که طی آن ۲ هزار تن خاک آلوده با این روش پاکسازی شد. در روش لندفارم هواده‌ی از طریق شخم‌زنی و آبیاری به روش کرتی انجام می‌شود. پروژه بعدی در منطقه خانگیران با روش بایوپایل - برای نخستین بار در ایران - انجام شد که طی آن ۱۰ هزار تن خاک آلوده به هرزاب حفاری پاکسازی شد. در روش بایوپایل هواده‌ی توسط دمنده درون شبکه‌ای در زیر پایل انجام می‌شود. یک پروژه کوچک در منطقه گاوزرد با روش Passive Aeration - برای نخستین بار در ایران - انجام شد با حجم ۳۰۰ تن. پروژه دیگری در جزیره خارگ با روش بایوپایل انجام شد که طی آن حجم ۱۰ هزار تن خاک با شوری ۵ درصد (برای نخستین بار در ایران) پاکسازی شد. یک سایت پاکسازی دایمی بصورت پایلوت در پتروشیمی مبین با ظرفیت ۱۰۰ تن احداث شد تا سامانه هواده‌ی بصورت دایمی در راندهای مختلف مورد استفاده قرار گیرد. در پتروشیمی آریاساسول پروژه‌ای پاکسازی ۵۰۰ تن خاک آلوده به PAH - برای نخستین بار در ایران - انجام شد.

بزرگترین پروژه پاکسازی خاک در کشور در منطقه گندمکار با حجم ۲۰ هزار تن با روش بایوپایل انجام شد، و در همان منطقه پروژه دیگری با روش درجا (In-Situ) - برای نخستین بار در ایران - با موفقیت انجام شد.

یک پروژه نوآورانه در سبزار بمنظور پاکسازی لجن‌های مخازن فرآورده با روش هضم بیهوازی و بایوپایل نیز با موفقیت انجام شد.





Bioconvergence: Co-creating a Sustainable Future with Nature's Microarchitecture

Seyed Mehdi Alavi¹

¹ Agricultural Biotechnology Research Institute, National Institute of Genetic Engineering and
Biotechnology, Tehran, Iran

' 1089

ABSTRACT

The current biological revolution, centered on concepts such as bioconvergence and co-creation with nature, is transforming the methods of production, design, and interaction with biological systems. This article, emphasizing the Krebs cycle of creativity (comprehensive re-creation of goods, services, and the whole of life based on information, knowledge, technologies, and biological innovations) and the fundamental technologies approach (based on the cycle of design, manufacture, test, and learn), examines the role of biotechnology and microbiology in creating a sustainable future. Among the main axes discussed in this scientific inquiry are the use of microbial biomass to produce food and non-food alternatives; Engineering cell factories as a platform for producing valuable chemical compounds and fragrances; transitioning from linear genetic processes to complex genetic circuits and designing entirely new metabolic pathways; the role and thinking of design and bioart in breaking the traditional boundaries of science and creativity. This scientific review shows how the synergy of science, design technology and art can lead to the creation of a dynamic bioeconomy, reducing dependence on fossil resources and moving towards cyclical and sustainable production systems.

Keywords: Bioconvergence, Krebs cycle of creativity, fundamental technologies approach, microbial biomass, bioeconomy.



Congress Address:

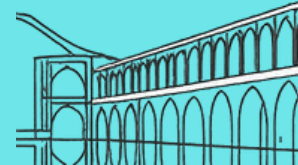
Research Center For Natural & Biopharmaceutical Products
Faculty of Biological Science & Technology, University of Isfahan, Isfahan, Iran

ISMIST Office:

Correspondence Office of Iranian Society of Microbial Science & Technology, Alzahra University, Tehran,



Research Center For Natural &
Biopharmaceutical Products





همگرایی زیستی: هم‌آفرینی آینده پایدار با ریزمعمار طبیعت

سید مهدی علوی

' 1090

چکیده

انقلاب زیستی کنونی، با محوریت مفاهیمی چون همگرایی زیستی و هم‌آفرینی با طبیعت، در حال دگرگون‌سازی شیوه‌های تولید، طراحی و تعامل با سیستم‌های زیستی است. مقاله حاضر با تأکید بر چرخه کربس خلاقیت (بازآفرینی همه‌جانبه کالا، خدمات و کل زندگی مبتنی بر اطلاعات، دانش‌ها، فناوری‌ها و نوآوری‌های زیستی) و رویکرد فناوری‌های بنیادی (مبتنی بر چرخه طراحی، ساخت، آزمون و یادگیری) به بررسی نقش زیست‌فناوری و میکروبیولوژی در خلق آینده‌ای پایدار می‌پردازد. از جمله محورهای اصلی مورد بحث در این کنکاش علمی می‌توان به بهره‌گیری از زیست‌توده میکروبی برای تولید جایگزین‌های غذایی و غیرغذایی؛ مهندسی کارخانه‌های سلولی به عنوان بستری برای تولید ترکیبات ارزشمند شیمیایی و عطرها؛ گذار از فرآیندهای ژنتیکی خطی به مدارهای ژنتیکی پیچیده و طراحی مسیرهای متابولیک کاملاً جدید؛ نقش و تفکر طراحی و هنر زیستی در شکستن مرزهای سنتی علم و خلاقیت اشاره کرد. این بررسی علمی نشان می‌دهد که چگونه هم‌افزایی علم، فناوری طراحی و هنر می‌تواند به خلق اقتصاد زیستی پویا، کاهش وابستگی به منابع فسیلی و حرکت به سوی نظام‌های تولید چرخه‌ای و پایدار بیانجامد.

کلیدواژه‌ها: همگرایی زیستی، چرخه کربس خلاقیت، رویکرد فناوری‌های بنیادی، زیست‌توده میکروبی، اقتصاد زیستی.

