



تعیین خصوصیات مولکولی ایزوله‌های سالمونلای جداشده از گوشت قرمز در شهرستان

شهرکرد

الهه تاج‌بخش^۱، فهیمه نوربخش^۲، پریسا بهشود^{۳*}

۱. گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شهرکرد، شهرکرد، ایران.
۲. مرکز تحقیقات سم‌شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران.
۳. گروه میکروبیولوژی، باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، ایران.



*نویسنده مسئول: Parisa_behshod@yahoo.com

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۳/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۱۱

چکیده

سالمونلاها برخلاف اعضای دیگر خانواده انتروباکتریاسه انگل اختیاری درون سلولی بوده و همه آن‌ها بالقوه بیماری‌زا هستند. این باکتری‌ها به سادگی به روش‌های مستقیم یا غیرمستقیم از حیوان، حیوان به انسان و انسان به انسان منتقل می‌شوند. این مطالعه به منظور بررسی خصوصیات مولکولی ایزوله‌های سالمونلا انتریتیدیس در گوشت قرمز عرضه شده به بازار مصرف شهرستان شهرکرد انجام شد، که به این منظور ۳۰۰ نمونه گوشت قرمز جمع‌آوری شد، پس از انجام آزمون‌های میکروبی از هر نمونه DNA ژنومی استخراج و با روش PCR آزمایش گردید. نتایج نشان داد که از ۳۰۰ نمونه مورد بررسی ۱۳۵ نمونه از نظر وجود گونه‌های سالمونلا مثبت بوده‌اند که در بررسی‌های بیوشیمیایی و مولکولی ۳۷ مورد سالمونلا/انتریتیدیس تشخیص داده شد. در تحقیق حاضر از ۳۷ ایزوله سالمونلا/انتریتیدیس مورد بررسی ژن‌های *inv A* و *stn* در تمامی موارد (۱۰۰ درصد)، *spvA* در ۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷ درصد) و ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) برآورد گردید. با توجه به نتایج حاصل، اعمال نظارت‌ها و آزمون‌های میکروبی دوره‌ای و تدابیر بیشتر از سمت مسئولین اداره دامپزشکی استان به منظور کاهش میزان آلودگی میکروبی بسیار حائز اهمیت است.

کلمات کلیدی: سالمونلا، ژن *sefA*، ژن *spvA*، ژن *inv A*، ژن *stn*، گوشت قرمز.

سالمونلوز یکی از مهم‌ترین بیماری‌های منتقله از طریق مواد غذایی است. گونه سالمونلا برای سلامت عمومی خطر آفرین است و عفونت‌های ایجاد شده به وسیله این باکتری در سیستم بهداشت و درمان وضعیت دام و طیور زیان اقتصادی زیادی به همراه دارد (۴-۱). باکتری سالمونلا/انتریتیدیس سرووار انتریتیدیس از طریق مواد غذایی آلوده قابل انتقال به انسان می‌باشد، بدین جهت تشخیص سریع عامل بیماری‌زا در مواد غذایی و کنترل انتقال بیماری از این طریق از جمله موارد حائز اهمیت در بهداشت مواد غذایی می‌باشد (۵ و ۶). سرووارهای مشخصی از سالمونلا متعلق به زیرگونه‌ی سالمونلا/انتریکا پلاسمید حدت حامل اپرون SPV را حمل می‌کنند. این اپرون به همراه دیگر ژن‌ها در ایجاد حدت و مقاومت دارویی نقش عمده‌ای دارد. سالمونلا/انتریتیدیس دارای چند عامل حدت می‌باشد که باعث افزایش قدرت بیماری‌زایی این باکتری می‌شوند، از جمله این عوامل می‌توان به وجود تاژک اشاره کرد (۴، ۷ و ۸). سالمونلاها دارای گسترش جغرافیایی وسیعی می‌باشند و قادر به ایجاد عفونت در طیف وسیعی از موجودات زنده از جمله انسان می‌باشند. سبزیجات، فرآورده‌های لبنی، محصولات دریایی، مواد گوشتی به‌ویژه گوشت ماکیان، تخم‌مرغ و فرآورده‌های جانبی از مهم‌ترین منابع آلودگی سالمونلا در انسان محسوب می‌شود (۹). ژن‌های پلاسمید کد کننده‌ی *spv* هم‌چنین در سرووارهای با گستردگی میزبانی مانند سالمونلا تیفی‌موریوم و سالمونلا/انتریتیدیس یافت می‌شوند. لوکوس *spv* شامل ژن‌های *spvRABC* می‌باشد. ژن‌های اصلی عامل فتوتیپ بیماری‌زایی عبارت‌اند از: *spvR*، تنظیم‌کننده رونویسی مثبت و دو ژن ساختاری *spvB* و *spvC* پلیمریزاسیون اکتین به‌وسیله APD ریبوزله شدن مونومرهای اکتین را فراهم می‌کنند. *spvC* فعالیت فسفوترئونین لیازی دارد که به‌طور برگشت‌ناپذیری MAP کیناز سلول میزبانی را با برداشتن فسفات و تغییر آن به ترئونین هدف غیرفعال می‌نماید. نقش این فعالیت در فتوتیپ بیماری‌زایی *spvC* هنوز تأیید نشده است. هر دو *spvB* و *spvC* در سیستم ترشحی در جزیره‌ی بیماری‌زایی واقع شده‌اند. این دو ژن به وسیله سیستم ترشحی تیپ III به درون سیستم میزبان انتقال داده می‌شوند. مکانیسم افزایش بیماری‌زایی این دو ژن هنوز نامشخص است. اما هر دو در ایجاد فتوتیپ بیماری‌زایی با یکدیگر همکاری می‌کنند. *spvR* یک فعال‌کننده رونویسی نوع RR/Lys.Mel است و جدا از ژن‌های ساختاری *spvABCD* رونویسی می‌گردد. *spvR* به پروموتورهای *spvA* و *spvR* متصل شده و برای بیان ژن‌های *spvABCD* مورد نیاز است. با توجه به مطالعات انجام‌شده در ایران و جهان بررسی فراوانی این سرووار و ژن‌های عامل حدت آن در حال افزایش بوده و حاکی از اهمیت روزافزون آن می‌باشد (۵، ۶، ۱۰ و ۱۱). پلاسمید حدت در سرووارهای متعددی از سالمونلاها حامل اپرون *spv* (حدود هشت باز) است که نقشی در حدت باکتری برای میزبان دارد. این اپرون در ایجاد حدت و مقاومت دارویی، انتشار عمومی باکتری در بدن میزبان (انسان و حیوان) و سلامت جامعه به اثبات رسیده است. حضور و یا عدم حضور در این پلاسمید می‌تواند در برنامه‌های واکسیناسیون، درمان، کنترل و پیشگیری موفقیت‌های بزرگی را حل نماید (۱۲). در مطالعات قبلی گزارش شده ژن‌های *invA* و *stn* ژن‌های غالبی هستند و در تمامی ایزوله‌ها یافت می‌شوند. گوشت و تخم پرندگان و فرآورده‌های آن‌ها همیشه به‌عنوان منابع اصلی سالمونلاها در مسمومیت‌های غذایی انسان مطرح بوده، لذا تشخیص این عوامل میکروبی در پیشگیری از گسترش آلودگی از اهمیت بسیار زیادی برخوردار می‌باشد. هدف از مطالعه حاضر تعیین خصوصیات مولکولی از قبیل فراوانی ژن‌های *stn invA*، *spv* و *sefA* در ایزوله‌های سالمونلای جدا شده از گوشت قرمز در شهرستان شهر کرد است.



مجله بیماری‌های قابل انتقال بین انسان و حیوان

مواد و روش‌ها

روش جمع‌آوری نمونه

این مطالعه در اواخر سال ۱۳۹۹ انجام گردید. مجموعاً ۳۰۰ نمونه گوشت قرمز از مراکز عرضه گوشت در شهرستان شهرکرد جمع‌آوری و در شرایط استریل به آزمایشگاه میکروبیولوژی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد منتقل گردید. ۲۵ گرم از نمونه‌ها به ۲۲۵ گرم محیط پیش غنی کننده آب پپتونه منتقل شد و در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت گرمخانه‌گذاری شد. ۱۰ میلی‌لیتر از سوسپانسیون به محیط سلنیت سیستم منتقل و به مدت ۲۴ ساعت گرمخانه‌گذاری شد. در این مرحله یک لوپ از محیط غنی کننده در محیط XLD کشت داده و ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه گرمخانه‌گذاری شد. پرگنه‌های شفاف و بی‌رنگ گاه با مرکز سیاه، رشد کرده در این محیط جهت تشخیص نهایی سالمونلا مورد آزمایش‌های بیوشیمیایی قرار گرفتند (۱۳). پرگنه‌های زردرنگ با مرکز سیاه در محیط به‌عنوان پرگنه‌های مشکوک انتخاب و جهت تست‌های تکمیلی چون تست اوره مورد آزمایش قرار گرفتند و در نهایت تایید شدند (۱۳).

استخراج DNA

به‌منظور تشخیص سروتیپ انتروتیپ‌های مراحل استخراج DNA با روش جوشاندن^۱ بر روی کلنی‌های رشد کرده، صورت گرفت. بعد از استخراج DNA، با استفاده از زوج پرایمرهای طراحی‌شده مربوط به ژن *I6srRNA* سالمونلا انتروتیپ‌دیس (جدول ۱)، تشخیص قطعی ایزوله‌ها انجام شد. واکنش PCR برای هر ژن در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر متشکل از DNA استخراج‌شده یک میکرولیتر، ۱۰x PCR buffer (۲/۵ میکرولیتر)، Mix dNTP (۰/۵ میکرولیتر) (۱۰ mM)، MgCl₂ (۵۰ mM) (۰/۷۵ میکرولیتر) هرکدام از پرایمرهای F و R (۰/۳ میکرولیتر)، آنزیم Smar Taq DNA Polymerase (۰/۲ میکرولیتر) و ۱۹/۵ میکرولیتر آب مقطر صورت گرفت. واکنش PCR انجام شد. برنامه واکنش زنجیره پلیمرز برای تکثیر ژن *I6srRNA* بدین شرح بود ۵ دقیقه دناتوراسیون اولیه در ۹۵ درجه سلسیوس، سپس محصولات طی ۳۵ سیکل (دناتوراسیون در ۳۵ درجه سلسیوس برای ۳۰ ثانیه، اتصال در ۵۸ درجه سلسیوس برای هشت دقیقه و گسترش در ۷۲ درجه سلسیوس برای ۳۰ ثانیه) تکثیر یافتند. چهار میکرولیتر از محصولات واکنش زنجیره پلیمرز در ژل آگارز دو درصد الکتروفورز شده و سپس با رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید درصد مشاهده شدند (۱۴).

جدول ۱. توالی پرایمرهای مربوط به ردیابی ژن *I6srRNA*، *stn*، *spv*، *inv A* و *sefA*

ژن	توالی پرایمر (۵'–۳')	اندازه محصول (bp)	مرجع	دمای اتصال پرایمرها
<i>I6srRNA</i>	S1: GCCGTACACGACCTTATAGA	۲۵۰	۱۴	۵۸
	S4: ACCGTACACGACCTTATAGA			
<i>Spv</i> (<i>S1</i> , <i>S4</i>)	S1: GCCGTACACGAGCTTATAGA	۲۵۰	۱۵	۶۳
	S4: ACCTACAGGGGCACAATAAC			
<i>inv A</i>	F: ACAGTGCTCGTTTACGACCTGAAT	۲۴۴	۱۵	۶۲
	R: GACGACTGGTACTGATCGATAAT			

1. Boiling

۵۵	۱۶	۳۳۰	F: GCAGCGGTTACTATTGCAGC R: TGTGACAGGGACATTTAGCG	<i>sefA</i>
۵۵	۱۷	۲۶۰	F: CTT TGG TCG TAA AAT AAG GCG R: TGC CCA AAG CAG AGA GAT TC	<i>stn</i>

واکنش PCR جهت ردیابی ژن‌های *sefA* و *spv*, *inv A*, *stn*

با توجه به دمای اتصال پرایمرها و اندازه باند ژن‌های مورد نظر ژن‌های *sefA* و *spv*, *inv A*, *stn* به صورت جداگانه یکدیگر مورد بررسی قرار گرفتند. توالی پرایمرهای مورد استفاده جهت ردیابی ژن‌های مذکور در جدول شماره یک نشان داده شده است. جهت ردیابی ژن‌های *sefA* و *spv*, *inv A*, *stn* واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با توجه به دمای آنلینگ هر ژن صورت گرفت (۱۷-۱۴).

نتایج

مطالعه حاضر با هدف جداسازی سالمونلا/انتریتیدیس از گوشت قرمز عرضه شده به بازار مصرف شهرستان شهرکرد و بررسی خصوصیات مولکولی از قبیل فراوانی ژن‌های حدت در این ایزوله‌ها صورت گرفت. در این تحقیق از ۳۰۰ نمونه گوشت قرمز مورد بررسی، ۱۳۵ نمونه از نظر وجود گونه‌های سالمونلا مثبت بودند که در بررسی‌های بیوشیمیایی و مولکولی ۳۷ مورد (۱۲/۳۳ درصد) سالمونلا/انتریتیدیس تشخیص داده شد.

ردیابی ژن *16srRNA* سالمونلا/انتریتیدیس

پس از استخراج DNA و بررسی کیفیت DNA های استخراج شده روی ژل آگارز یک درصد به منظور تشخیص قطعی باکتری سالمونلا/انتریتیدیس در حضور توالی ژن *16srRNA*، باکتری‌های جدا شده مورد بررسی قرار گرفتند. تمامی نمونه‌ها با داشتن باند ۲۵۰ جفت بازی مثبت تشخیص داده شدند.

ردیابی ژن‌های *sefA* و *spv*, *inv A*, *stn*

از ۳۷ ایزوله سالمونلا/انتریتیدیس مورد بررسی ژن‌های *inv A* و *stn* در تمامی موارد (۱۰۰ درصد)، *spvA* در ۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷ درصد) و ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) برآورد گردید.

بحث

باکتری سالمونلا یکی از شایع‌ترین پاتوژن‌های منتقله از راه مواد غذایی است که در انسان و حیوان ایجاد بیماری می‌نماید. محصولات گوشتی آلوده، منبع اصلی سالمونلا معرفی شده‌اند و به گزارش سازمان بهداشت جهانی، سالیانه بالغ بر ۱۶ تا ۳۳ میلیون مورد بیمار و ۵۰۰ تا ۶۰۰ هزار مرگ ناشی از سالمونلا اتفاق می‌افتد. این مسئله به‌عنوان یک معضل بزرگ بهداشتی در کشورهای در حال توسعه از جمله کشور ما مطرح می‌باشد. سالمونلا تیفی موریوم شایع‌ترین سروتایپ جدا شده از انسان است. از این رو تشخیص به موقع و درست این باکتری در مواد غذایی و افراد مشکوک به آلودگی ضروری به نظر می‌رسد. آلودگی به سالمونلا در گوشت گاو از سال ۱۹۷۰ با فراوانی ۲/۶ درصد در ایران مورد توجه محققان قرار گرفت و سالمونلا تیفی موریوم به‌عنوان یکی از عوامل بیماری‌های ناشی از مصرف مواد غذایی آلوده گزارش شد. در مطالعه حاضر از ۳۰۰ نمونه گوشت قرمز مورد بررسی، ۳۷ مورد (۱۲/۳۳ درصد) سالمونلا/انتریتیدیس شناسایی شد. درحالی‌که در تحقیق انجام‌شده توسط نصرتی و



مجله بیماری های قابل انتقال بین انسان و حیوان

همکاران در ۲۰۱۲ به منظور بررسی شیوع سروتیب های سالمونلا تیفی موریوم، تیفی و انتریتیدیس در مواد غذایی در مرکز درمانی بیمارستان مفید آلودگی گوشت گاو به سالمونلا ۸/۸ درصد گزارش گردید (۱۳). در تحقیق انجام شده توسط مهارجان و همکاران میزان شیوع سالمونلا در گوشت مرغ، ۱۴/۵ درصد، بوفالو ۱۳/۵ درصد، و بز ۳/۳ درصد گزارش شد (۱۸). گزارش ها حاکی از متفاوت بودن میزان آلودگی به سالمونلا در نمونه های مختلف گوشت می باشد. این مطلب بیانگر آن است که میزان فراوانی و جداسازی سالمونلا برحسب نوع گوشت، منطقه جغرافیایی، متدولوژی به کاررفته بسیار متغیر می باشد (۱۹). ربیعی و همکاران در مطالعه های در ۲۰۱۲، در یونان آلودگی به گونه های سالمونلا را در جوجه های گوشتی ۱/۴ درصد، در گوشت مرغ فریز شده ۴ درصد و در افرادی که مسمومیت غذایی داشتند ۱۰ درصد گزارش کردند (۲۰). تفاوت در میزان آلودگی به سالمونلا در مطالعات انجام شده توسط محققین مختلف می تواند به علت تفاوت در روش نمونه گیری باشد. سالمونلا/انتریکا سرووار تیفی موریوم و سالمونلا/انتریکا سرووار انتریتیدیس از جمله سرووارهای بسیار مهم منتقله از راه مواد غذایی می باشند که در زمینه جداسازی این سرووارها تحقیقات متعددی صورت گرفته است. در بررسی انجام شده توسط جمشیدی و همکاران در مشهد آلودگی به سالمونلا تیفی موریوم در لاشه های مرغ ۱/۶ درصد گزارش گردید که با نتایج حاصل از تحقیق ما هم خوانی دارد (۶). در پژوهش انجام شده توسط سلطان دلال و همکاران که روی نمونه های گوشت مرغ و قرمز صورت گرفت، ۴۷/۸ درصد از نمونه های گوشت مرغ و ۲۸/۸ درصد از نمونه های گوشت قرمز به سالمونلا آلوده بودند. در این بررسی سروتیب غالب مربوط به سالمونلا تامپسون (۵۴/۹ درصد) و سالمونلا/انتریتیدیس (۹/۸ درصد) بوده است (۲۱). عوامل ویروالانس در سالمونلاها ممکن است کروموزومی یا پلاسمیدی باشند پلاسمیدهای بزرگ با اندازه ۲۸۵-۵۰ کیلو باز بسته به سرووار در سالمونلاها شناخته شده اند. در تحقیق حاضر از ۳۷ ایزوله سالمونلا/انتریتیدیس مورد بررسی ژن های *invA* و *stn* در تمامی موارد (۱۰۰ درصد)، *spvA* در ۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷ درصد) و ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) برآورد گردید. در تحقیق انجام شده توسط چادھاری و همکاران که بر روی ۲۷۰ نمونه گوشت صورت گرفت، در ۳۷ نمونه (۱۳/۷ درصد) آلودگی به سالمونلا گزارش گردید که ۱۳ نمونه (۳۵/۱۳ درصد) آلودگی به سالمونلا/انتریتیدیس و در ۲۴ نمونه آلودگی به سالمونلا تیفی موریوم گزارش گردید (۲۲). در این تحقیق مشابه تحقیق ما ژن های *invA* و *stn* در تمامی ایزوله ها گزارش گردیدند. در صورتی که ژن *spvR* در ایزوله های سالمونلا/انتریتیدیس در ۱۰ ایزوله (۷۶/۹۲ درصد) گزارش گردید (۲۲). ژن های *spv* تقریباً در تمامی جدایه های طبیعی سالمونلاهای تطابق یافته با میزان حیوانی یافت می شوند. در تحقیق حاضر ژن *spv* (۷۵/۶۷ درصد) گزارش گردید که یافته های سایر محققان نیز حاکی از فراوانی بالای این ژن در ایزوله های سالمونلا/انتریتیدیس می باشد. درخشنده و همکاران حضور سه ژن *spvB*، *spvC* و *spvR* را در ۶۰ سروتایپ سالمونلا جدا شده از منابع مختلف مورد بررسی قراردادند. فراوانی ژن های یاد شده به ترتیب ۴۳/۳، ۷۳/۳ و ۴۶/۶ درصد گزارش شد (۲۳). در تحقیق امینی و همکاران که بر روی ۱۰۰۱ نمونه طیور صورت گرفت در ۶۸ مورد آلوده به سالمونلا گزارش شد. ۳۵ (۵۱ درصد) مورد به عنوان سالمونلا/انتریتیدیس شناخته شدند. حضور ژن های *spv* در سالمونلا/انتریتیدیس ۸۸/۶ درصد برآورد گردید (۲۴). در تحقیق حاضر از ۳۷ ایزوله سالمونلا/انتریتیدیس مورد بررسی ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) گزارش گردید. در تحقیق مرشد و پیغمبری مشخص گردید ژن *sefA* از پتانسیل بالایی به عنوان یک شاخص تشخیصی و اپیدمیولوژیک برخوردار است (۲۵). در مطالعه ای که اولی ویرا و همکاران در سال ۲۰۰۳ در برزیل بر روی حضور ژن های *invA*، *spvR* و *spvC*

در سالمونلاهای جدانشده از منابع مورد بررسی شامل طیور، خوک، انسان و غذا انجام شد، فراوانی ژن‌های *spvC* و *spvR* به ترتیب ۹۱/۲ و ۹۰/۲ درصد گزارش شد (۲۶).

نتیجه گیری کلی و پیشنهادها

سالمونلا یکی از مهم‌ترین علت‌های شیوع بیماری‌های ناشی از غذا در جهان است. مهم‌ترین سروتیپ جدانشده از انسان سالمونلا تیپ‌ی موربوم و انتریتیدیس است. بنابراین، کنترل میکروبی مواد غذایی اهمیت خاصی دارد. سالمونلوز از بیماری‌های عفونی مشترک بین انسان و دام می‌باشد و افزایش شیوع آن بین انسان و حیوان، مخصوصاً در دهه‌های اخیر، اهمیت بیماری را دوچندان می‌نماید. برای جلوگیری از آلودگی سالمونلا، برنامه‌های نظارتی مورد نیاز است.

تقدیر و تشکر

از تمامی کسانی که در نگارش این مقاله یاری رسانده‌اند تشکر می‌نمایم.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تضاد منافی بین نویسندگان وجود ندارد و این مقاله با اطلاع و هماهنگی آنها ارسال شده است.

فهرست منابع

- [1]. Carter GR. Essentials of veterinary bacteriology and mycology. Essentials of veterinary bacteriology and mycology. 1982.
- [2]. Besser JM. Salmonella epidemiology: A whirlwind of change. Food microbiology. 2018.
- [3]. de Freitas CG, Santana AP, da Silva PH, Gonçalves VS, Barros MD, Torres FA, Murata LS, Peregmanis S. PCR multiplex for detection of Salmonella Enteritidis, Typhi and Typhimurium and occurrence in poultry meat. International journal of food microbiology. 2010;139(1-2):15-22.
- [4]. Faramarzi T, Jonidi Jafari A, Dehghani S, Mirzabeygi M, Naseh M, Rahbar Arasteh H. A survey on Bacterial Contamination of Food Supply in the West of Tehran. Journal of Fasa University of Medical Sciences. 2012 10;2(1):11-8.
- [5]. Hosseinpour, Mohsen, Azar Sabokbar, Amir Bakhtiari, and Shahnaz Parsa. "Comparison of bacterial culture, ELISA and PCR techniques for detection of salmonella in poultry meat samples collected from Tehran. Journal of microbial world. 2013;6(1):62-72.
- [6]. Jamshidi A, Bassami M.R and Afshari- Nic, S.. Identification of Salmonella Spp. And Salmonella typhimurium by a multiplex PCR- based assay Form poultry Carcasses in Mashhad Iran. International Journal of Veterinary Research. 2009;3(1):43-48.
- [7]. Foley SL, Lynne AM. Food animal-associated Salmonella challenges: pathogenicity and antimicrobial resistance. Journal of animal science. 2008;86(suppl_14):E173-87.
- [8]. Solhan S, Chan PP, Kurupatham L, Foong BH, Ooi PL, James L, Phua L, Tan AL, Koh D, Goh KT. An outbreak of gastroenteritis caused by Salmonella enterica serotype Enteritidis traced to cream cakes. Western Pacific Surveillance and Response Journal: WPSAR. 2011;2(1):23.
- [9]. Farzan A, Friendship RM, Dewey CE. Evaluation of enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) tests and culture for determining Salmonella status of a pig herd. Epidemiology & Infection. 2007;135(2):238-44
- [10]. Ghorbani ranjbary A. Study of Drug Resistance in Salmonella spp. Isolated from Native Eggs of Iran's Southern Region. Journal of pure and applied microbiology. 2015;9:175-179.



- [11].Nietfeld JC, Tyler DE, Harrison LR, Cole JR, Latimer KS, Crowell WA. Invasion of enterocytes in cultured porcine small intestinal mucosal explants by *Salmonella choleraesuis*. American journal of veterinary research. 1992;53(9):1493-9.
- [12].Somea J. Molecular identification of plasmid virulence genes *spv* in *Salmonella enteritidis* isolated from poultry samples in Saveh. Veterinary Researches & Biological Products. 2016 21;29(2):2-7.
- [13].Nosrati S, Sabokbar A, Dezfolian M, Tabarrai B. & Fallah F. Prevalence of *Salmonella typhimurium*, *typhi* and *enteritidis* in food in Mofid hospital. Research in medicine. 2011;36(1):43-48.
- [14].Nayebi N, Ghorashi S A, Harzandi N, Shamsara M, Tabarai B, Bakhtiari A. Diagnostic value of PCR method for detection of *Salmonella enteritidis* contamination in poultry products in Karaj. Medical sciences. 2011; 21(1):32-37.
- [15].Krzyzanowski, Flávio, et al. Quantification and characterization of *Salmonella* spp. isolates in sewage sludge with potential usage in agriculture. BMC microbiology. 2014;14(1):1-9.
- [16].Cortez A, Carvalho A, Ikuno A, Bürger K. Vidal-Martins, A. Identification of *Salmonella* spp. isolates from chicken abattoirs by multiplex-PCR. Research in veterinary science. 2006;81:340-344.
- [17].Ziemer CJ, Steadham SR. Evaluation of the specificity of *Salmonella* PCR primers using various intestinal bacterial species. Letters in applied microbiology. 2003;37(6):463-9.
- [18].Maharjan M, Joshi V, Joshi DD, Manandhar P. Prevalence of *Salmonella* species in various raw meat samples of a local market in Kathmandu. Annals of the New York Academy of Sciences. 2006;1081(1):249-56.
- [19].Huong LQ, Reinhard F, Padungtod P, Hanh TT, Kyule MN, Baumann MP, Zessin KH. Prevalence of *Salmonella* in retail chicken meat in Hanoi, Vietnam. Annals of the New York Academy of Sciences. 2006;1081(1):257-61.
- [20].Rabie NS, Khalifa NO, Radwan ME, Afify JS. Epidemiological and molecular studies of *Salmonella* isolates from chicken, chicken meat and human in Toukh, Egypt. Global Veterinaria. 2012;8(2):128-32.
- [21].Soltan Dalal MM, Taremi M, Gachkar L, et al. Characterization of antibiotic resistant patterns of salmonella serotypes isolated from beef and chicken samples in tehran. Jundishapur journal of microbiology. 2009;2(4 (S.N. 5)):124-131.
- [22].Chaudhary JH, Nayak JB, Brahmhatt MN, Makwana PP. Virulence genes detection of *Salmonella* serovars isolated from pork and slaughterhouse environment in Ahmedabad, Gujarat. Veterinary world. 2015;8(1):121.
- [23].Derakhshandeh A, Firouzi R, Khoshbakht R. Association of three plasmid-encoded *spv* genes among different *Salmonella* serotypes isolated from different origins. Indian journal of microbiology. 2013;53(1):106-10.
- [24].Amini, K. Prevalence of antibiotic resistance genes in *Salmonella enteritidis* isolated from animal and human and determining their antibiotic resistance patterns. Journal of comparative pathobiology Iran 2016;12(4(51)):1733-1740.
- [25].Morshed R, Peyghambari SM. Distribution Of Sefa Gene Among *Salmonella Enteritidis* Isolates From Poultry Sources And Potential As Diagnostic And Epidemiological Tools. Journal of veterinary research 2008;63:229-34.
- [26].Oliveira SD, Rodenbusch CR, Michael GB, Cardoso MI, Canal CW, Brandelli A. Detection of virulence genes in *Salmonella Enteritidis* isolated from different sources. Brazilian Journal of Microbiology. 2003;34:123-4.



“This journal is following of Committee on Publication Ethics (COPE) and complies with the highest ethical standards in accordance with ethical laws”.



Determination of molecular properties of *Salmonella* isolates isolated from red meat in Shahrekord, Iran

Elahe Tajbakhsh¹, Fahimeh Nourbakhsh², Parisa Behshood^{*3}

1. Department of Biology, Shahrekord branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.
2. Medical Toxicology Research Centre, Faculty of Medicine, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran
3. Department of Microbiology, Young Researchers and Elite Club, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.



*Corresponding author: Parisa_behshood@yahoo.com

Received: 2022/06/01

Accepted: 2022/06/18

Abstract

Salmonella unlike other members of the Enterobacteriaceae family are voluntary intracellular parasites and all of them are potentially pathogenic. These bacteria are easily transmitted directly or indirectly from animal, animal to human, and human to human. Therefore, the prevention and control of salmonellosis in humans are largely dependent on its prevention and control in animals. This study was performed to investigate the molecular properties of *Salmonella enteritidis* isolates in red meat offered to the consumer market of Shahrekord city. For this purpose, 300 red meat samples were collected 135 samples were positive for *Salmonella* species. In biochemical and molecular studies, 37 isolates of *Salmonella enteritidis* were detected. Out of 37 *Salmonella enteritidis* isolates, *inv A* and *stn* genes were estimated in all isolates (100%), *spvA* in 28 isolates (75.67%), and *sefA* gene in 20 isolates (54%). According to the results of periodic microbial monitoring and tests and more measures by the officials of the provincial veterinary department in order to reduce the amount of microbial contamination is very important.

Keywords: *Salmonella*, *sefA* gene, *spvA* gene, *inv A* gene, *stn* gene, red meat

How to cite this article: Tajbakhsh E, Behshood P, Nourbakhsh F. Determination of molecular properties of *Salmonella* isolates isolated from red meat in Shahrekord, Iran. *Journal of Zoonosis*. 2022; 2 (1): 18-25.