zoonosis.ir

مجله بیماری های قابل انتقال بین انسان و حیوان

مقاله پژوهشی

تعیین خصوصیات مولکولی ایزوله‌های سالمونلای جداشده از گوشت قرمز در شهرستان شهرکرد

الهه تاج‌بخش[1]، فهیمه نوربخش[2]، پریسا بهشود[3]*

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 میکروب‌شناسی، باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، ایران.

***نویسنده مسئول:** Parisa_behshood@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۳/۲۸

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 به‌منظور 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 (۱۰۰درصد)، *spvA* در۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷ درصد) و ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) برآورد گردید. با توجه به نتایج حاصل، اعمال نظارت‌ها و آزمون‌های میکروبی دوره ای و تدابیر بیشتر از سمت مسئولین اداره دامپزشکی استان به منظور کاهش میزان آلودگی میکروبی بسیار حائز اهمیت است.

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

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

مقدمه

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 انتریکا* سروار 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). سروارهای 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 سروارهای 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 ریبوزیله 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 فنوتیپ بیماری‌زایی *spvC* هنوز تأیید نشده است. هر دو *spvB* و *spvC* در سیستم ترشحی در جزیره‌ی بیماری‌زایی واقع‌شده‌اند. 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 فنوتیپ بیماری‌زایی با یکدیگر همکاری می‌کنند. *spvR* یک فعال‌کننده رونویسی نوع RR/Lys.Mel است و جدا از ژن‌های ساختاری *spvABCD* رونویسی می‌گردد. *spvR* به پروموترهای *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 سروار و ژن‌های عامل حدت آن در حال افزایش بوده و حاکی از اهمیت روزافزون آن می‌باشد (۵، ۶، ۱۰و ۱۱). پلاسمید حدت در سروارهای 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 *inv A* و *stn* ژن های 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 *seFA*، *spv*، *invA*، *stn* در ایزوله‌های سالمونلای جداشده از گوشت قرمز در شهرستان شهرکرد است.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

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 دمای۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت گرمخانه‌گذاری شد. ۱۰ میلی‌لیتر از سوسپانسیون به محیط سلنیت سیستئن منتقل و به مدت ۲۴ ساعت گرم‌خانه گذاری شد. در این مرحله یک لوپ از محیط غنی کننده در محیط XLD کشت داده و ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه گرم‌خانه گذاری 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 انتریتیدیس مراحل استخراج DNA با روش جوشاندن[1]بر روی کلنی‌های رشد کرده، صورت گرفت. بعد از استخراج DNA، با استفاده از زوج پرایمرهای طراحی‌شده مربوط به ژن *16srRNA سالمونلا انتریتیدیس* (جدول ۱)، تشخیص قطعی ایزوله‌ها انجام شد. واکنش PCR برای هر ژن در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر متشکل از DNA استخراج‌شده یک میکرولیتر، PCR buffer 10x (۲/۵ میکرولیتر)، Mix dNTP (۰/۵ میکرولیتر) (۱۰ mM)، Mgcl2 (۵۰mM) (۰/۷۵ میکرولیتر) هرکدام از پرایمرهای F و R (۰/۳ میکرولیتر)، آنزیم (۰/۲ میکرولیتر) Smar Taq DNA Polymerase و ۱۹/۵ میکرولیتر آب مقطر صورت گرفت. واکنش PCR انجام شد. برنامه واکنش زنجیره پلیمراز برای تکثیر ژن *16srRNA* 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 پلیمراز 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 *۱۶srRNA، spv,inv A, stn* و *sefA*

ژن	توالی پرایمر(′۳-′۵)	اندازه محصول(bp)	مرجع	دمای اتصال پرایمر ها
16srRNA	S1: GCCGTACACGACCTTATAGA S4: ACCGTACACGACCTTATAGA	۲۵۰	۱۴	۵۸
Spv (*S1, S4*)	S1: GCCGTACACGAGCTTATAGA S4: ACCTACAGGGGCACAATAAC	۲۵۰	۱۵	۶۳
inv A	F: ACAGTGCTCGTTTACGACCTGAAT R: GACGACTGGTACTGATCGATAAT	۲۴۴	۱۵	۶۲

1. Boiling

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

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

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

با توجه به دمای اتصال پرایمرها[1] و اندازه باند ژن‌های موردنظر ژن‌های *spv, inv A, stn* و *sefA* به‌صورت جداگانه یکدیگر مورد بررسی قرار گرفتند. توالی پرایمرهای مورداستفاده جهت ردیابی ژن‌های مذکور در جدول شماره یک نشان داده‌شده است. جهت ردیابی ژن‌های *spv, inv A, stn* و *sefA* واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با توجه به دمای آنلینگ هر ژن صورت گرفت (۱۷-۱۴).

نتـایج

مطالعه حاضر با هدف جداسازی *سالمونلا انتریتیدیس* از گوشت قرمز عرضه‌شده 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 گونه های سالمونلا مثبت بودند که در بررسی های 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 به‌منظور 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 *spv, inv A, stn* و *sefA*

از ۳۷ ایزوله *سالمونلا انتریتیدیس* مورد بررسی ژن‌های *inv A* و *stn* در تمامی موارد (۱۰۰درصد)، *spvA* در ۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷درصد) 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 معرفی‌شده‌اند 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 درحال توسعه ازجمله کشور ما مطرح می‌باشد. *سالمونلا تیفی‌موریوم* شایع‌ترین سروتایپ جدا شده از انسان است. از این‌رو 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

1. Annealing

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

همکاران در ۲۰۱۲ به‌منظور بررسی شیوع سروتیپ‌های *سالمونلا تیفی‌موریوم*، تیفی و انتریتیدیس در مواد غذایی در مرکز درمانی بیمارستان مفید آلودگی گوشت گاو به سالمونلا ۸/۸ درصد گزارش گردید (۱۳). در تحقیق انجام‌شده توسط مهارجان و همکاران میزان شیوع سالمونلا در گوشت مرغ، ۱۴/۵درصد، بوفالو ۱۳/۵درصد، و بز ۳/۳درصد گزارش شد (۱۸). گزارش‌ها حاکی از متفاوت بودن میزان آلودگی به سالمونلا در نمونه‌های مختلف گوشت می‌باشد. این مطلب بیانگر آن است که میزان فراوانی و جداسازی سالمونلا برحسب نوع گوشت، منطقه جغرافیایی، متدولوژی به‌کاررفته بسیار متغیر می‌باشد (۱۹). ربیعی و همکاران در مطالعه‌ای در ۲۰۱۲، در یونان آلودگی به گونه‌های سالمونلا را در جوجه‌های گوشتی ۱/۴درصد، در گوشت مرغ فریز شده ۴درصد و در افرادی که مسمومیت غذایی داشتند ۱۰درصد گزارش کردند (۲۰). تفاوت در میزان آلودگی به سالمونلا در مطالعات انجام‌شده توسط محققین مختلف می‌تواند به علت تفاوت درروش نمونه‌گیری باشد. *سالمونلا انتریکا* سروار تیفی موریوم و *سالمونلا انتریکا* سروار انتریتیدیس ازجمله سروارهای بسیار مهم منتقله از راه مواد غذایی می‌باشند که درزمینه جداسازی این سروارها تحقیقات متعددی صورت گرفته است. در بررسی انجام‌شده توسط جمشیدی و همکاران در مشهد آلودگی به *سالمونلا تیفی‌موریوم* در لاشه‌های مرغ ۱/۶درصد گزارش گردید که با نتایج حاصل از تحقیق ما هم‌خوانی دارد (۶). در پژوهش انجام‌شده توسط سلطان دلال و همکاران که روی نمونه‌های گوشت مرغ و قرمز صورت گرفت، ۴۷/۸ درصد از نمونه‌های گوشت مرغ و ۲۸/۸ درصد از نمونه‌های گوشت قرمز به سالمونلا آلوده بودند. در این بررسی سروتیپ غالب مربوط به *سالمونلا تامپسون* (۵۴/۹ درصد) و *سالمونلا انتریتیدیس* (۹/۸ درصد) بوده است (۲۱). عوامل ویرولانس در سالمونلاها ممکن است کروموزومی یا پلاسمیدی باشند پلاسمیدهای بزرگ با اندازه ۲۸۵-۵۰ کیلو باز بسته به سروار در سالمونلاها شناخته شده‌اند. در تحقیق حاضر از ۳۷ ایزوله *سالمونلا انتریتیدیس* مورد بررسی ژن‌های *invA* و *stn* در تمامی موارد (۱۰۰درصد)، *spvA* در۲۸ ایزوله (۷۵/۶۷ درصد) و ژن *sefA* در ۲۰ ایزوله (۵۴ درصد) برآورد گردید. در تحقیق انجام‌شده توسط چادهاری 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 تایفی موریوم* گزارش گردید (۲۲). در این تحقیق مشابه تحقیق ما ژن‌های *invA* و *stn* در تمامی ایزوله‌ها گزارش گردیدند. درصورتی‌که ژن *spvR* در ایزوله‌های *سالمونلا انتریتیدیس* در ۱۰ ایزوله (۷۶/۹۲ درصد) گزارش گردید (۲۲). ژن‌های *spv*[1] تقریباً در تمامی جدایه‌های طبیعی سالمونلاهای تطابق یافته با میزبان حیوانی یافت می‌شوند. در تحقیق حاضر ژن *spv* (۷۵/۶۷ درصد) گزارش گردید که یافته‌های سایر محققان نیز حاکی از فراوانی بالای این ژن در ایزوله‌های *سالمونلا انتریتیدیس* می‌باشد. درخشنده و همکاران حضور سه ژن *spvB*، *spvC* و *spvR* را در ۶۰ سروتایپ سالمونلا جداشده از منابع مختلف مورد بررسی قراردادند. فراوانی ژن‌های یادشده 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 به‌عنوان *سالمونلا انتریتیدیس* شناخته شدند. حضور ژن‌های *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 به‌عنوان یک شاخص تشخیصی و اپیدمیولوژیک برخوردار است (۲۵). در مطالعه‌ای که اولی ویرا و همکاران در سال ۲۰۰۳ در برزیل بر روی حضور ژن‌های *invA*، *spvR* و *spvC*

1. Salmonella Plasmid Virulence

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

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

نتیجه گیری کلـــی و پیشنهادها

سالمونلا یکی از مهم‌ترین علت‌های شیوع بیماری‌های ناشی از غذا در جهان است. مهم‌ترین سروتیپ جداشده از انسان *سالمونلا تیفی موریوم* 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 موردنیاز است.

تقـــدیر و تشـــکر

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

تعارض منافع

هیچ‌گونه تضاد منافعی 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 ÂP, da Silva PH, Gonçalves VS, Barros MD, Torres FA, Murata LS, Perecmanis 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.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

[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, Brahmbhatt 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.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]

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

Research Article

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

Elahe Tajbakhsh [1], Fahimeh Nourbakhsh [2], 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 collected135 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.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-05-20]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.2.7]