

## بررسی آلودگی سالمونلایی گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار در کشتارگاه

مرضیه نظری مقدم<sup>۱</sup>، ابراهیم رحیمی<sup>۲\*</sup>، امیر شاکریان<sup>۲</sup>

۱. دانش آموخته کارشناسی ارشد بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی،

شهرکرد، ایران.

۲. گروه بهداشت مواد غذایی دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.

\*نویسنده مسئول: Ebrahimrahimi55@yahoo.com

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۴/۰۱

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۱/۳۱

### چکیده

سالمونلا به عنوان یک پاتوژن منتقل شونده از مواد غذایی مطرح بوده و یک معضل بزرگ در بهداشت جامعه در دنیا به حساب می‌آید. مسمومیت‌های غذایی ناشی از این پاتوژن با علایمی همچون گاستروانتریت، اسهال، کرامپ شکمی و تب‌های روده ای (تب حصبه) بروز می‌کند. این مطالعه به منظور جداسازی و شناسایی سالمونلا تیپ‌های موربوم در گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار انجام شد. به این منظور در مجموع ۱۵۰ نمونه گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار ( بعد از پوست کنی، بعد از تخلیه امعا و احشا، بعد از مرحله شست و شو)، (از هریک ۵۰ نمونه) در بازه زمانی تابستان ۱۳۹۵ تا زمستان ۱۳۹۵ از کشتارگاه شهرستان بن استان چهارمحال و بختیاری و شهرستان نجف آباد و زرین شهر استان اصفهان، اخذ شد. نتایج نشان داد که ۲۲ مورد از ۱۵۰ نمونه گوشت شتر به عنوان گونه‌هایی از جنس سالمونلا تشخیص داده شدند. استفاده از روش PCR نشان داد که از ۲۲ نمونه مثبت، ۳ مورد (۱۲٪) سالمونلا تیپ‌های موربوم و ۱۹ مورد (۸۶٪) سایر گونه‌ها می‌باشند. از ۵۰ نمونه جمع آوری شده بعد از تخلیه امعا و احشا ۱۱ مورد مثبت تشخیص داده شد که ۲ مورد (۴٪) سالمونلا تیپ‌های موربوم بودند. پس از مرحله شست و شو ۵۰ نمونه دیگر جمع آوری شد که ۴ مورد آن (۸٪) مربوط به جنس سالمونلا بود و از این ۴ مورد هیچ کدام متعلق به سروتیپ سالمونلا تیپ‌های موربوم نبود. نتایج به دست آمده حاکی از آن است که خط آلودگی لاشه در مرحله تخلیه امعا و احشا بیشتر و رعایت اصول بهداشتی در این مرحله می‌تواند نقش مهمی در کاهش آلودگی لاشه داشته باشد.

واژگان کلیدی: سالمونلا تیپ‌های موربوم، شتر، PCR

### مقدمه

غذا بیشتر است. مسمومیت‌های غذایی ناشی از این پاتوژن با علایمی همچون گاستروانتریت، اسهال، کرامپ شکمی، و تب‌های انتریک (تب حصبه) بروز می‌کند (Jones et al., 2007). سالمونلا به عنوان یک پاتوژن منتقل شونده از مواد غذایی مطرح بوده و یک معضل بزرگ در بهداشت جامعه در دنیا به حساب می‌آید. بر اساس گزارش سازمان کنترل و پیشگیری بیماری‌های آمریکا (CDC) سالانه ۴۰۰۰۰ مورد سالمونلوزیس گزارش می‌شود (CDC, 2009). به علاوه

سالمونلا از خانواده انتروباکتریاسه، گرم منفی، میله‌ای کوتاه، فاقد کپسول و به غیر از گونه سالمونلا گالیناروم و پولوروم، سایر گونه‌ها متحرک می‌باشند (Koluman et al., 2012). تاکنون بالغ بر ۲۵۰۰ سروتیپ از سالمونلا انتریکا شناسایی شده است اما عفونت ناشی از سالمونلا در انسان توسط تعداد محدودی سروتیپ ایجاد می‌شود (Grimont & Weill, 2007). در این بین اهمیت سالمونلا تیپ‌های موربوم و سالمونلا انتریتیدیس به عنوان گونه‌های منتقله از

سالمونلایی جدا نشد، همچنین کیفیلی و همکاران در مطالعه‌ای نشان دادند که بیشترین میزان آلودگی به سالمونلا را در مرحله تخلیه امعا و احشا گزارش کردند (کیفیلی و همکاران، ۱۳۸۵ کوهدار، ۱۳۹۲). این مطالعه، با هدف کلی تعیین آلودگی گوشت شتر به سالمونلا در مراحل مختلف کشتار ( بعد از پوست کنی، بعد از تخلیه امعا و احشا، بعد از مرحله شست و شو) در کشتارگاه‌های زرین شهر و نجف آباد استان اصفهان و شهرستان بن در استان چهارمحال و بختیاری به روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) انجام پذیرفت.

### مواد و روش کار

#### نمونه گیری

جمعا ۱۵۰ نمونه گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار ( بعد از پوست کنی، بعد از تخلیه امعا و احشا، بعد از مرحله شست و شو) در بازه زمانی تابستان ۱۳۹۵ تا زمستان ۱۳۹۵ از کشتارگاه شهرستان بن استان چهارمحال و بختیاری و شهرستان نجف آباد و زرین شهر استان اصفهان، اخذ شد. در هر مرحله ۵۰ نمونه گوشت از عضلات گردن هر لاشه اخذ شد. هر یک از نمونه ها در کیسه‌های استریل به صورت جداگانه به منظور بررسی آزمایش‌های کشت میکروبی و تشخیص مولکولی به مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد منتقل شدند. به منظور جداسازی باکتری‌های سالمونلا از گوشت، ۱۰ گرم از نمونه هموزن شده به ۹۰ سی سی محیط غنی کننده لاکتوز براث منتقل شد و به مدت ۲۴ تا ۴۸ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی-گراد گرم خانه گذاری شد. پس از خروج از انکوباسیون بر روی محیط کشت جامد سالمونلا - شیگلا آگار (SSA) به صورت سطحی کشت گردید و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی-گراد قرار داده شدند و سپس از نظر کلنی-های مشکوک به سالمونلا بررسی شدند. جهت تایید کلنی-های مشکوک و تایید وجود این باکتری آزمون تشخیص و

سالمونلوز غیرتیفویدی به عنوان دومین عامل عفونت‌های زئونوتیک منتقله از مواد غذایی در اروپا مطرح بوده و بیش از ۱۰۰۰۰۰ مورد سالمونلوز انسانی منقله از مواد غذایی در اروپا گزارش شده است ( European FoodSafety Authority—EFSA [EFSA], 2011). سالمونلوز یکی از شایع‌ترین عوامل عفونت غذایی به شمار می‌رود که ریشه‌کنی آن در هیچ یک از کشورهای جهان تاکنون امکان پذیر نبوده است. بیشتر عفونت‌های ناشی از سالمونلا به دلیل آلودگی مواد غذایی با منشا حیوانی شامل گوشت طیور، تخم مرغ، گوشت قرمز و شیر، می‌باشند. مطالعه روی آلودگی‌های سالمونلایی از دیرباز در جهان و ایران انجام پذیرفته است (شکر فروش و همکاران، ۱۳۹۱ Marin; Lainez, 2009) افزایش مصرف گوشت در صورت وجود و بالابودن آلودگی، احتمال بروز مسمومیت در مصرف کنندگان این ماده غذایی را افزایش می‌دهد. در این میان محل‌های فرآوری بویژه کشتارگاه‌ها، نقش مهمی در گسترش و انتقال آلودگی دارند و با آلوده کردن محیط، پرسنل، ابزار و لوازم به صورت ثانویه، لاشه‌های به دست آمده در کشتارگاه‌ها را آلوده و در نهایت با مصرف این فرآورده، آلودگی به انسان منتقل و بسته به میزان و حدت باکتری، شکل مزمن یا حاد بیماری بروز می‌کند (زارع و همکاران، ۱۳۹۱). دسترسی به اطلاعات صحیح و دقیق مربوط به شیوع سالمونلا در کشتارگاه‌ها، می‌تواند در نظارت هرچه بهتر بر منابع و مسیرهای آلودگی میکروبی برای مسئولین مربوطه مورد نیاز باشد و آنان را در تدوین و اعمال برنامه-های کنترلی و پیشگیرانه و در نهایت، کاهش یا حذف آلودگی به این باکتری یاری نماید. مطالعات مشابهی توسط محققین در این زمینه صورت گرفته است. در مطالعه‌ای که توسط کوهدار در سال ۱۳۹۲ در خصوص بررسی سالمونلا در مراحل مختلف کشتار انجام گرفت، سالمونلا فقط در مرحله تمیز کردن لاشه جداگردید و پس از شستشو

مطالعه در جدول ۱ آورده شده است. واکنشگرهای مربوط به واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با هم مخلوط گردیدند. این مخلوط شامل ۵ میکرولیتر از DNA استخراج شده به عنوان الگو ۱ میکرومول از هر پرایمر، ۲۰۰ میکرومول dNTP، ۱/۵ Mix میلی مول  $MgCl_2$  و ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR و ۱ واحد از آنزیم Taq DNA Polymerase بود. بلافاصله نمونه‌ها در دستگاه ترموسایکلر (Mastercycler Gradient, Eppendorf, Germany) قرار داده شدند و برنامه دمایی به صورت زیر تنظیم گردید. واسرشت شدن ابتدایی در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد ۶ دقیقه، سپس ۳۵ چرخه دمایی به ترتیب ۹۵ درجه سانتی گراد ۱ دقیقه، اتصال در دمای ۵۵ درجه سانتی گراد (بسته به پرایمر) ۷۰ ثانیه و طویل شدن در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۹۰ ثانیه و یک مرحله نهایی (طویل شدن نهایی) ۷۲ درجه سانتی گراد ۸ دقیقه تنظیم گردید. در این پژوهش با توجه به طول DNA تولید شده، از آگارز ۱٪ حاوی محلول رنگی Gel Red استفاده شد. ۱۰ میکرولیتر از محلول PCR را با ۲ میکرولیتر Loading Buffer مخلوط کردیم و به آرامی درون چاهک‌ها ریختیم. با دستگاه منبع تغذیه برق مستقیم را طوری تنظیم کردیم که ولتاژ آن بین ۵ تا ۱۰ ولت به ازای هر سانتیمتر از طول ژل باشد. پس از یک ساعت (با بررسی میزان حرکت Loading Buffer درون ژل آگارز) منبع تغذیه را خاموش نموده و ژل را بیرون آورده و به کمک دستگاه عکس برداری از ژل وجود یا عدم وجود DNA را بررسی کردیم.

افتراق و سایر آزمایش‌های بیوشیمیایی از جمله محیط‌های کشت اوره، سیمون سترات و محیط متیل رد - وژپروسکویر (MR-VP) و پپتون واتر بر روی آن‌ها صورت گرفت. بعد از انجام آزمون تشخیصی و افتراقی بر روی پرگنه‌های مشکوک و تایید وجود این باکتری، نمونه‌های سالمونلا مثبت به منظور تشخیص مولکولی DNA آن‌ها استخراج گردید (Monadi et al., 2015). به منظور بررسی‌های مولکولی، از کلونی‌های تایید شده به روش جوشاندن، استخراج DNA صورت گرفت. در ابتدا به منظور استخراج DNA، سوسپانسیون باکتریایی تهیه شده در آب مقطر به مدت ۱۵ تا ۲۰ دقیقه داخل آب جوش (۹۵ درجه سانتی گراد) قرار گرفت. پس از یک مرحله سانتریفوژ به مدت ۳ دقیقه در دور ۱۲۰۰۰، محلول رویی به عنوان منبع DNA برای PCR مورد استفاده قرار گرفت. برای تعیین سروتیپ، از پرایمرهای ژن *rfbJ* و *fljB* *fliC* *inv* برای سالمونلا تیفی موریوم در PCR استفاده گردید (Hssanzadeh et al., 2009). ژن هدف گیری *invA* مربوط به تهاجم باکتری است که در تشخیص جنس سالمونلا استفاده می‌گردد. در سالمونلا ژن‌هایی مسئول بیوسنتز آنتی ژن O هستند که به طور معمول بر روی کروموزوم در خوشه ژنی *rfbJ* گروه بندی می‌شوند (Kim et al., 2009). ژن *fliC* و *fljB* استفاده شده در تحقیق از ژن‌های رمزکننده تاژک از ژن‌های بسیار حراست شده می‌باشند که می‌توان از آن‌ها در جهت تایید سالمونلا تیفی موریوم با اطمینان کامل بهره برد (Aldridge et al., 2006). پرایمر مورد استفاده، طول، اندازه محصول، ژن هدف و توالی نوکلئوتیدی پرایمرهای مورد استفاده در این

جدول ۱ - پرایمرهای مورد استفاده برای جداسازی جنس سالمونلا و سرووارهای سالمونلا تیپیفی موریوم

منبع	اندازه محصول (bp)	توالی نوکلئوتیدی (۳-۵)	طول	ژن هدف	پرایمر
۱۱	۲۸۴	GTGAAATTATCGCCACGTTCCGGGCAA	۲۶	<i>InvA</i>	<i>ST139-s</i>
		TCATCGCACCGTCAAAGGAACC	۲۲		<i>ST141-as</i>
۱۱	۱۸۳	ATAGCCATCTTATTACCAGTTCACCCC	۲۳	<i>FliC</i>	<i>Flic -s</i>
		GCTGCAACTGTTACAGGATATGCC	۲۴		<i>Flic -as</i>
۱۱	۵۲۶	ACGAATGGTACGGCTTCTGTAACC	۲۴	<i>FljB</i>	<i>Fljb-s</i>
		TACCGTC GATAGTAACGACTTCGG	۲۴		<i>Fljb-as</i>
۱۱	۶۶۳	CCAGCACCAGTTCCAACCTTGATAC	۲۴	<i>rfbJ</i>	<i>Rfbj-s</i>
		GGCTTCCGGCTTTATTGGTAAGCA	۲۴		<i>Rfbj-as</i>

## نتایج

کنی ۷ مورد سالمونلا مثبت شد که ۱ مورد (۰.۲٪) سالمونلا تیپیفی موریوم بود. از ۵۰ نمونه جمع آوری شده بعد از تخلیه امعا و احشا ۱۱ مورد مثبت تشخیص داده شد که ۲ مورد (۰.۴٪) سالمونلا تیپیفی موریوم می باشند. پس از مرحله شست و شو ۵۰ نمونه دیگر جمع آوری شد که ۴ مورد آن (۰.۸٪) مربوط به جنس سالمونلا می باشد و از این ۴ مورد هیچ کدام متعلق به سروتیپ سالمونلا تیپیفی موریوم نبود (جدول ۲).

در مطالعه حاضر از روش کشت و واکنش زنجیره پلیمرز به منظور ردیابی سروتیپ سالمونلا تیپیفی موریوم در گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار استفاده شد. در این بررسی ۲۲ مورد از ۱۵۰ نمونه گوشت شتر به عنوان گونه‌هایی از جنس سالمونلا تشخیص داده شدند. استفاده از روش PCR نشان داد که از ۲۲ نمونه مثبت، ۳ مورد (۰.۲٪) سالمونلا تیپیفی موریوم و ۱۹ مورد (۱۲/۶٪) سایر گونه‌ها می باشند. همچنین از مجموع ۵۰ نمونه اخذ شده پس از مرحله پوست

جدول ۲- فراوانی درصد آلودگی گوشت شتر به سالمونلا تیپیفی موریوم در مراحل مختلف کشتار

مراحل کشتار	تعداد نمونه	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به سالمونلا	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به سالمونلا تیپیفی موریوم	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به سایر گونه‌ها
پس از پوست کنی	۵۰	۷ (۱۴٪)	۱ (۲٪)	۶ (۱۲٪)
پس از تخلیه امعا و احشا	۵۰	۱۱ (۲۲٪)	۲ (۴٪)	۹ (۱۸٪)
پس از مرحله شست و شو	۵۰	۴ (۸٪)	-	۴ (۸٪)
مجموع	۱۵۰	۲۲ (۱۴/۶٪)	۳ (۲٪)	۱۹ (۱۲/۶٪)

از این مطالعه در مرحله تخلیه امعا و احشا با مطالعه حاضر (بیشترین میزان آلودگی در این مرحله می باشد) و پس از مرحله شستشو (۸٪)، همخوانی دارد. در مطالعه‌ای که توسط کوهدار در سال ۱۳۹۲ در خصوص بررسی سالمونلا در مراحل مختلف کشتار انجام گرفت، سالمونلا فقط در مرحله تمیز کردن لاشه جدا گردید و پس از شستشو سالمونلایی جدا نشد (کوهدار، ۱۳۹۲). که نتایج با مطالعه حاضر مغایرت دارد. که اختلاف می‌تواند ناشی از عدم رعایت شرایط بهداشتی در کشتارگاه مذکور و آلودگی ثانویه باشد. در مطالعه دیگر که توسط جوادی در کشتارگاه طیور صورت گرفت، آلودگی سالمونلایی در بعد از تخلیه احشا نسبت به مرحله پرکنی افزایش معنی داری را نشان داد (جوادی و همکاران، ۱۳۸۵). ممتاز و همکاران ۶۲۰ نمونه گوشت مرغ جمع آوری نمودند که ۲۸ مورد آن‌ها به سالمونلا آلوده بودند که از بین آنها ۱۲ مورد سالمونلا تیفی موریوم جدا گردید (ممتاز و همکاران، ۱۳۹۳). در حالیکه در مطالعه حاضر از مجموع ۲۲ سالمونلای جدا شده ۳ مورد مربوط به سروتیپ سالمونلا تیفی موریوم می باشد. در تحقیق

Hamdi و Mezali در سال ۲۰۱۲ در الجزایر از تعداد ۳۱۴ نمونه (۱۴۴ نمونه از گوشت قرمز و فرآورده‌های آن، ۱۲۸ نمونه از گوشت طیور و فرآورده‌های آن، ۴۲ نمونه از فرآورده‌های عمل‌آوری شده گوشت) ۶۱ نمونه (۱۹/۴۳٪) از نظر سالمونلا مثبت بوده‌اند و ۲۱ سرووارمختلف شناسایی شد که شایع‌ترین آن‌ها شامل سالمونلا آناتوم (۱۴/۶٪)، سالمونلا انتریتیدیس (۷/۸٪)، سالمونلا تیفی موریوم (۷/۸۱٪) بوده‌اند (Mezali, Hamdi; 2012). در یک تحقیق روی گوشت گاو موجود در قصابی‌های شهر مشهد، میزان آلودگی سالمونلایی آن‌ها ۲/۵ درصد بود (Modiri et al., 2011). مطالعه یانگ در سال ۲۰۱۰ بر روی ۷۶۴ نمونه شامل ۵۱۵ عدد گوشت مرغ، ۹۱ نمونه گوشت خوک، ۷۸ نمونه گوشت گاو و ۸۰ نمونه گوشت بره، بررسی به

### بحث

در فرآیند کشتار و تهیه گوشت از دام‌های کشتاری، حذف کامل آلودگی‌های میکروبی امکان پذیر نیست، اما با اجرای سیستم‌های بهداشتی و مدیریتی مناسب می‌توان آلودگی‌های میکروبی را کاهش داد. گوشت لاشه بلافاصله پس از کشتار عاری از میکروارگانیسم می باشد. در طول انجام فرآیندهای کشتاری، آلودگی لاشه با باکتری‌ها در اثر تماس آن با پوست، چاقو، دست و لباس کارگران، وسایل و تجهیزات کشتار و آب استفاده شده برای شستشوی لاشه‌ها اتفاق می‌افتد. هنگام کشتار، پوست‌کندن و تخلیه امعاء و احشاء ممکن است میکروبی‌ها از طریق قسمت‌های خارجی حیوان (پوست، شاخ، سم، مو و...) و یا از طریق قسمت‌های داخلی یعنی روده‌ها، گوشت را آلوده سازند. محیط به عبارت دیگر خاک، آب و فضولات باعث تشدید آلودگی می‌شوند. همچنین لباس، هوا و بالاخره دست کارکنان نیز ممکن است میزان آلودگی میکروبی را افزایش دهند. علاوه بر این، حمل و نقل، دست زدن به لاشه و قطعه بندی گوشت نیز سبب افزایش تعداد میکروبی‌ها می‌شود (Roberts, 2005). در تحقیقی وضعیت میکروبی خط کشتار گاو و نقاط کنترل بحرانی به منظور پیاده سازی سیستم HACCP مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج آن، کاهش میزان بار میکروبی پس از انجام شستشوی مقدماتی و نهایه در اکثر نقاط مورد مطالعه را نشان داد. همچنین مرحله پوست‌کنی، بیشترین افزایش را در میزان آلودگی /شریشیակلی (۱۶/۶٪) و مرحله تخلیه امعا و احشا بیشترین افزایش در میزان آلودگی به سالمونلا (۹/۲٪) را در لاشه پدید می‌آورد. پس از پایان شستشوی نهایه نیز، سالمونلا در ۷/۱٪ و /شریشیակلی در ۱۱/۹٪ از نمونه‌های سواپ شناسایی شد (کفیلی و همکاران، ۱۳۸۵). نتایج بدست آمده

جهت کاهش سالمونلوز دامها از سوی مراجع ذی صلاح کاملا محسوس می‌باشد که با کنترل سالمونلوز در گله‌ها رعایت موارد بهداشتی در نگهداری و تغذیه دامها و نظارت بهداشتی قوی روی تهیه و توزیع فرآورده‌های دامی از مرحله کشتار تا توزیع و بسته‌بندی جهت مصرف انسان، تکیه بر رعایت شدیدتر موارد بهداشتی کشتارگاه‌ها، رعایت اصول HACCP و شناسایی نقاط بحرانی در پروسه تولید گوشت و آموزش موارد بهداشتی به مصرف کنندگان فرآورده‌های دامی می‌توان به کاهش شیوع این بیماری در انسان‌ها تا حدی امید بست.

HACCP. فصلنامه علوم و صنایع غذایی ایران، دوره ۳،

شماره ۲، صفحه ۳۵-۴۶.

۵. کوهدار، ولی الله. (۱۳۹۲). بررسی آلودگی باکتریایی لاش ههای گاو کشتار شده در کشتارگاه کرج راک. مجله بهداشت مواد غذایی، دوره ۳، شماره ۲، صفحه ۴۳-۵۱.

۶. ممتاز، حسن، قاید امینی، محسن، مومنی، منوچهر. (۱۳۹۲). ردیابی انواع ژن‌های حدت در سروتیپ‌های سالمونلا تیفی موریوم و سالمونلا انتریتیدیس جدا شده از گوشت مرغ در استان چهارمحال و بختیاری. مجله میکروب-شناسی مواد غذایی. دوره ششم، شماره ۱: ۲۷-۳۷.

7. Aldridge P, Gnerer J, Karlinsky JE, Hughes KT. Transcriptional and translational control of the *Salmonella* *fliC* gene. (2006). *J Bacteriol.* 188(12):4487-96

8. European Food Safety Authority—EFSA (2011). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2009. *EFSA Journal*, 9, 1–378(Available from <http://www.efsa.europa.eu/en/>

منظور ردیابی سالمونلا صورت گرفت. نتایج نشان داد که وجود سالمونلا به ترتیب در ۵۴ درصد، ۳۱ درصد، ۱۷ درصد و ۲۰ درصد از گوشت مرغ، خوک، گاو و بره مثبت بوده است. در بررسی فوق ۲۴ سروتیپ مورد شناسایی قرار گرفت که سالمونلا انتریتیدیس با ۳۱/۵ درصد سروتیپ غالب بوده و پس از آن سالمونلا تیفی موریوم (۱۳/۴٪)، سالمونلا شویر (۱۰٪) و سالمونلا ایندیانا (۹/۷٪) بیشترین شیوع را داشته اند (Yang et al., 2010). باتوجه به شیوع بسیار بالای سالمونلوز در بین طیور و سایر پستانداران و قابلیت انتقال بیماری به انسان لزوم برنامه‌های کنترلی

## منابع

۱. جواد، افشین، رضوی، ودود. (۱۳۸۵). مطالعه مخاطرات بهداشتی کشتارگاه طیور با استفاده از سیستم HACCP (از تولید به مصرف). پژوهش و سازندگی در امور دام و آبیان. شماره ۷۴. صفحه ۴۱-۴۵.
۲. زارع بیدکی، مجید، تهرانی‌پور، افسانه، دادپور، سکینه، قلی زاده، هاجر. (۱۳۹۱). شیوع آلودگی به سالمونلا و تعیین سروتیپ‌های آن در لاشه طیور کشتارگاه‌های صنعتی شهرستان بیرجند در سال ۱۳۹۱. مجله علوم پزشکی بیرجند. دوره ۲۰، شماره ۲. صفحه ۱۹۱-۱۹۷.
۳. شکر فروش، شهرام، رکنی، نوردهر، کریم، گیتی، رضوی روحانی، مهدی، کیایی، محمد مهدی، عباس والی مریم. (۱۳۹۱). بررسی مطالعات انجام شده در زمینه آلودگی مواد غذایی با منشاء دامی به باکتری های بیماری زا در ایران؛ بخش دوم: گوشت و فرآورده‌های گوشتی. بهداشت مواد غذایی. دوره ۳ شماره ۲: ۱-۱۴.
۴. کیفی، تیوا، امام جمعه، زهرا، کازرونی تیمسار، منوچهر. (۱۳۸۵). مطالعه وضعیت میکروبی خط کشتار گاو و تعیین نقاط کنترل بحرانی به منظور پیاده سازی سیستم

13. Koluman A, Celik G, Unlu T. 2012. *Salmonella* identification from foods in eight hours: A prototype study with *Salmonella Typhimurium*. Iran J Microbiol. 4 (1):15-24.
14. Kim lim, B., Lin thong, K. (2009) Application of PCR based serogrouping of selected salmonella serotype in Malaysia, J Infect Dev Ctries 2009; 3(6):420-428.
15. Monadi M, Kargar M, Naghiha A, Najafi A, Mohammadi R. (2015). Molecular Detection of *Salmonella* serovar isolated from eggs. Mljgoms; 9(1):17-24
16. Modiri Dovvom, A., Seyedin Ghannad, S.M. (2011). Investigation of contamination of the distributed cattle meat in Mashhad with *Salmonella* serological basic groups using specific culture and agglutination test. 20th National Congress of Food Science [In Farsi].
17. *Listeria monocytogenes* from food stuff and food with animal origin. MSc Thesis, Faculty of Medicine, University of Tehran Medical Sciences [In Farsi].
18. Roberts, T. (2005). Economics of private strategies to control food borne pathogens. Choices 2<sup>nd</sup> Quarter, 20(2): 117-122.
- 19- Yang B, Qu D, Zhang X. (2010). Prevalence and characterization of *Salmonella* serovars in retail meats of marketplace in Shaanxi, China, Int. J. Food Microbiol., 141(1):63-72.
- efsajournal/ pub/2090.htm>. Accessed October, 2012).
9. Emaddi Chashni S, Hassanzadeh M, Bozorgmehri Fard M, Mirzaie S. Characterization of the *Salmonella* Isolates From Backyard Chickens in North of Iran, by Serotyping, Multiplex PCR and Antibiotic Resistance Analysis. Archives of Razi. 2009; 64(2): 77-83. [Persian]
10. Grimont, P. A. D., & Weill, F. -X. (2007). Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella* (9th ed.). Paris: Institut Pasteur (Available from <http://www.pasteur.fr/ip/portal/action/WebdriveAction-Event/oid/01s-000036-089>. Accessed October, 2011. 166 pp.)
11. Hassanzadeh, M, Emaddi Chashni, S.H, Bozorgmehri Fard, M.H, Mirzaie, S. (2009). Characterization of the *Salmonella* Isolates from Backyard Chickens in North of Iran, by Serotyping, Multiplex PCR and Antibiotic Resistance Analysis. Archives of Razi Institute, 64: 77-83.
12. Jones MA, Hulme SD, Barrow PA, Wigley P. 2007. The *Salmonella* Pathogenicity Island 1 and *Salmonella* pathogenicity island 2 type III secretion systems play a major role in pathogenesis of systemic disease and gastrointestinal tract colonization of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium in the chicken. Avian Pathol. 36(3):199-203.

## Salmonella contamination of camel meat in various stages of destruction in Isfahan and Chaharmahal va Bakhtiari

Nazari Moghadam M<sup>1</sup>, Rahimi E<sup>2</sup>, Shakeriyan A<sup>2</sup>

1. Graduate student of Food Hygiene, School of Veterinary Medicine, Shahr-e-Kord, Islamic Azad University of Shahr-e-Kord, Iran.

2. Department of Food Hygiene, School of Veterinary Medicine, Shahr-e-Kord, Islamic Azad University of Shahr-e-Kord, Iran.

\*Corresponding author: [Ebrahimrahimi55@yahoo.com](mailto:Ebrahimrahimi55@yahoo.com)

Received: 20 April 2017

Accepted: 22 June 2017

### Abstract

*Salmonella* is a food borne pathogens and pose a public health problem in the world counts. Food poisoning caused by this pathogen with symptoms such as gastroenteritis, diarrhea, abdominal cramps, and fever enteric (typhoid fever) occurs. This study aimed to isolate and identify *Salmonella typhimurium* in various stages of destruction was carried camel meat. For this purpose, a total of 150 samples of camel meat in various stages of destruction (after peeled, after unloading viscera after the wash), (each 50 samples) in return when summer 2016 to winter 2017 the slaughterhouse city Ben Chaharmahal and Bakhtiari Province and the city of Najaf Abad and Esfahan Golden city, were taken. The results showed that 22 of 150 samples of camel meat as species of *Salmonella* were detected. Using PCR showed that of the 22 positive samples, 3 (2%) *Salmonella typhimurium* and 19% (6/12) were other species. From the 50 samples collected after unloading viscera 11 positive cases were detected in 2 (4%) are *Salmonella typhimurium*. After washing the other 50 samples were collected 4 cases (8%) is related to *Salmonella* spp and *Salmonella typhimurium* serotypes 4 none of it.

**Key words:** *Salmonella typhimurium*, camel, PCR