مجله میکروب شناسی مواد غذائی

ردیابی انواع ژنهای حدت در سروتیپهای *سالمونلا تیفیموریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس* جدا شده از گوشت مرغ در استان چهارمحال و بختیاری

حسن ممتاز[1*]، محسن قائدامینی[2]، منوچهر مومنی[3]

1. گروه میکروبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.
2. دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.
3. مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.

***نویسنده مسئول:** *hamomtaz@iaushk.ac.ir*

چکیده

سالمونلوز، توسط باکتریهای جنس سالمونلا ایجاد شده و یکی از شایعترین بیماریهای ناشی از مواد غذایی است که با اسهال، تب خفیف، تهوع، دردهای شکم و حتی مرگ، همراهی میشود. این مطالعه به منظور جداسازی و شناسایی سروتیپ های شایع سالمونلا در گوشت مرغ و ردیابی عوامل حدت در آنها انجام شد. به این منظور 620 نمونه گوشت مرغ از سوپرمارکتها در استان چهارمحال و بختیاری جمعآوری و پس از کشت و جداسازی سالمونلا و استخراج ژنوم، با روش واکنش زنجیرهای پلی مراز مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که 28 مورد از مجموع 620 نمونه به گونههای سالمونلا آلوده بودند که از بین آنها 12 مورد *سالمونلا تیفیموریوم*، 10 مورد *سالمونلا انتریتیدیس* و 6 مورد به سروتیپهای دیگر سالمونلا بودند. نتایج بهدست آمده نشان داد که همهی سویههای *سالمونلا تیفی موریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس* جدا شده دارای عوامل حدت هستند. نتایج همچنین نشان داد که گونههای سالمونلا قادر به آلوده کردن گوشت مرغ میباشند، لذا رعایت دقیق فرآیند کنترل کیفی و بهداشتی گوشت مرغ بخصوص در کشتارگاهها ضروری بهنظر میرسد.

واژگان کلیدی: *سالمونلا تیفیموریوم*، *سالمونلا انتریتیدیس*، واکنش زنجیرهای پلیمراز، عوامل حدت، گوشت مرغ.

مقدمه

قادر به ایجاد عفونت در طیف وسیعی از موجودات زنده از جمله انسان و پرندگان میباشند. پرندگان توسط گونههای متعددی از این باکتری آلوده میشوند (Tabatabaie and Firoozi, 2001). سالمونلوز پرندگان علاوه برآنکه باعث تلفات قابل توجه در مرغداریها بخصوص جوجههای با سن کمتر از دو هفته میشود و خسارات زیادی را به اقتصاد کشورمان وارد میکند، بهعنوان یک بیماری منتقله از طریق مواد غذایی به انسان از نظر بهداشت عمومی جامعه نیز حائز اهمیت فراوانی

جنس سالمونلا متعلق به خانوادهی انتروباکتریاسه میباشد و تاکنون بالغ بر 2700 گونه مختلف از این میکروارگانیسم در نقاط مختلف دنیا شناسایی شده است. باکتری-های جنس سالمونلا اجرام میلهای کوتاه، گرم منفی و به اندازهی 2-4/5 میکرون هستند که فاقد کپسول، دارای تاژک اطرافی (به استثناء *سالمونلا گالیناروم* و *سالمونلا پولوروم* که غیرمتحرک اند و اغلب دارای خار یا فیمبریه میباشند. سالمونلا دارای گسترش جغرافیایی وسیعی بوده و

Comment [z1]: جای دو ستون در این مقاله جابجا است!!

نمونهها از عضله ران (حاوی پوست) به حجم 10 گرم در کیسههای پلاستیکی استریل اخذ و در کنار یخ به آزمایشگاه میکروب شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد منتقل گردید.

آزمونهای میکروبی

نمونههای تهیه شده در محیط غنی کننده سلنیت F به مدت 24 ساعت در 43 درجه سانتیگراد کشت داده شد و بعد از رشد، در دو محیط افتراقی مک کانکی آگار (MC) و سالمونلا-شیگلا آگار (SS) کشت داده شدند. پرگنههای مشکوک به سالمونلا را که کلنیهای بیرنگ با مرکز سیاه هستند جهت تأئید تشخیص به روش IMViC و کشت در محیط TSI، اوره و Lysin Iron Agar آزمایش و باکتریهای جدا شده که دارای واکنش + - + - در آزمایش IMViC و واکنش آلکالین/اسید با H2S ضعیف در محیط TSI بودند انتخاب گردیدند و پس از کشت در محیط جامد BHI در یخچال 4 درجه سانتیگراد قرار داده شدند.

آزمایش PCR

به منظور استخراج DNA از باکتریهای مورد مطالعه از روش جوشاندن استفاده شد. برای این منظور 25 میکرولیتر از کشت یک شبه باکتری در محیط مایع قلب مغز با 500 میکرولیتر آب مقطر به مدت 10 دقیقه جوشانده شد و پس از 1 دقیقه سانتریفیوژ در دور 10000 در دقیقه، مایع رویی به عنوان منبع DNA استفاده شد. آزمایش PCR جهت شناسایی باکتری-های جنس سالمونلا و ردیابی دو سروتیپ *سالمونلا تیفیموریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس* در قالب PCR چندگانهای مطابق (Jamshidi et al. است (Bohaychuk et al., 2007). در بررسیهای انجام گرفته در برخی کشورها میزان شیوع آلودگی به سالمونلا را در مرغداریها اغلب تا 68/9 درصد گزارش شده است (Vielitz, 1993). که در اغلب موارد، جدایهها قادر به ایجاد بیماری در انسان نیز میباشد. اولین گزارش مسمومیت غذایی ناشی از سالمونلا در سال 1888 در آلمان صورت پذیرفت (Barnhart, 1991). آلودگی سالمونلایی در انسان به صورت مسمومیت غذایی، گاستروانتریت، تب تیفوئید و گاهی سپتیسمی بروز میکند. (Tabatabaie and Firoozi, 2001). با توجه به اهمیتی که سالمونلوز پرندگان در اقتصاد و بهداشت عمومی جامعه دارد و از آنجا که در حال حاضر این مسئله به عنوان خطری جدی تلقی میشود این مطالعه با هدف بررسی و تعیین میزان آلودگی مرغهای مصرفی استان چهارمحال و بختیاری به سالمونلا و شناسایی و جداسازی انواع سروتیپهای شایع این باکتری یعنی سویههای تیفی موریوم و انتریتیدیس و ردیابی عوامل حدت در این سروتیپها به روش واکنش زنجیرهای پلیمراز (PCR)[1] انجام پذیرفت.

مواد و روشکار

نمونه گیری

تعداد 620 نمونه گوشت از لاشه-های مرغ عرضه شده در فروشگاههای عرضه مرغ در یک دوره 6 ماهه از آذر 1390 تا خرداد 1391 به صورت خوشهای، تصادفی از 4 منطقهی شمال، جنوب، شرق و غرب استان چهارمحال و بختیاری اخذ شد.

[1] Polymerase Chain Reaction

گرفت. جهت انجام واکنش زنجیرهای پلی مراز و تکثیر قطعات ژنی مورد نظر از دستگاه (Eppendorf) Master Cycler Gradient با حجم 50 میکرولیتر واجد 5 میکرولیتر PCR buffer 10X، 1 میلی مول $MgCl_2$، 150 میکرومول dNTP، 100 پیکومول از زوج پرایمرهای F و R، 1 واحد آنزیم Taq DNA Polymerase و 2/5 میکرولیتر از DNA مربوط به هر نمونه استفاده شد. برنامه حرارتی مورد استفاده جهت ردیابی ژنهای حدت در *سالمونلا تیفی-موریوم* عبارت بود از یک سیکل 94 درجه 3 دقیقه، 33 سیکل تکراری 95 درجه 45 ثانیه، 58 درجه 60 ثانیه، 72 درجه 60 ثانیه و یک سیکل انتهایی 72 درجه 3 دقیقه و در مورد ردیابی ژنهای حدت در *سالمونلا انتریتیدیس* برنامه حرارتی مورد استفاده عبارت بود از یک سیکل 95 درجه 5 دقیقه، 30 سیکل تکراری 94 درجه 45 ثانیه، 58 درجه 45 ثانیه، 72 درجه 75 ثانیه و یک سیکل انتهایی 72 درجه 6 دقیقه. در هر مرحله از واکنش زنجیرهای پلی مراز جهت ردیابی محصول مورد نظر از ژل یک درصد آگارز حاوی اتیدیوم بروماید استفاده شد. 20 میکرولیتر از محصول PCR مربوط به هر نمونه در بافر TBE 1X در ولتاژ ثابت 80 ولت به مدت 45 دقیقه، الکتروفورز و با انتقال ژل به دستگاه قرائت کننده ژل (Uvitec, UK)، نتیجه روی کاغذ حساس به حرارت ثبت گردید.

2009) انجام گرفت. ردیابی حضور انواع ژنهای حدت در این دو گونه شامل ژنهای *invA*، *rfbJ*، *fliC*، *fliB* در *سالمونلا تیفیموریوم* و ژنهای *spv*، *sefA* در *سالمونلا انتریتیدیس* با استفاده از زوج پرایمرهای معرفی شده توسط (Emaddi Chashni et al. 2006) که در جد اول 1و 2 نشان داده شدهاند انجام

جدول 1- توالی پرایمرهای مورد استفاده جهت ردیابی ژنهای حدت در *سالمونلا تیفی-موریوم*

نام	توالی پرایمر ('5-'3)	ژن هدف	اندازه محصول (جفت

پرایمر			باز)
ST139-s	GTGAAATTATCGCCACGTTCGGGCAA	*inv*A	284
ST141-as	TCATCGCACCGTCAAAGGAACC		
Rfbj-s	CCAGCACCAGTTCCAACTTGATAC	*rfbJ*	663
Rfbj-as	GGCTTCCGGCTTTATTGGTAAGCA		
Flic-s	ATAGCCATCTTACCAGTTCCCCC	*fli*C	183
Flic-as	GCTGCAACTGTTACAGGATATGCC		
Fljb-s	ACGAATGGTACGGCTTCTGTAACC	*flj*B	526
Fljb-as	TACCGTCGATAGTAACGACTTCGG		
ST11	GCCAACCATTGCTAAATTGGCGCA	Random sequence*	429
ST14	GGTAGAAATTCCCAGCGGGTACTGG		

*توالی هدف برای شناسایی جنس *سالمونلا*

جدول 2- توالی پرایمرهای مورد استفاده جهت ردیابی ژنهای حدت در *سالمونلا انتریتیدیس*

نام پرایمر	توالی پرایمر ('5-'3)	ژن هدف	اندازه محصول (جفت باز)
S1	GCCGTACACGAGCTTATAGA	*Spv***	250
S4	ACCTACAGGGGCACAATAAC		
SEFA2	GCAGCGGTTACTATTGCAGC	*sef*A***	310
SEFA4	TGTGACAGGGACATTTAGCG		

** توالی هدف برای شناسایی ژن حدت پلاسمیدی در گونه *سالمونلا انتریتیدیس*
*** توالی هدف برای شناسایی ژن کد کننده پادگن فیمبریال در گونه *سالمونلا انتریتیدیس*

نتایج

در مطالعه حاضر از روش واکنش زنجیرهای پلی مراز جهت ردیابی سرووارهای *سالمونلا تیفیموریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس* و تعیین فراوانی حضور انواع ژنهای حدت در این دو سروتیپ در سویههای جدا شده از گوشت مرغ استفاده شد. در این بررسی 28 مورد از 620 نمونه گوشت مرغ بهعنوان گونهای از جنس سالمونلا تشخیص داده شدند. استفاده از روش PCR نشان داد که از این 28 نمونه مثبت، 12 مورد (1/93 درصد) *سالمونلا تیفیموریوم*، 10 مورد (1/61 درصد) مربوط به *سالمونلا انتریتیدیس* و 6 نمونه (0/96 درصد) به عنوان گونههای دیگر *سالمونلا* (گونههای ناشناخته) می-باشند. علاوه بر این نتایج نشان داد که تمام جداییهای *سالمونلا انتریتیدیس* و *سالمونلا تیفی موریوم* دارای ژنهای حدت هستند.

بحث

نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که واکنش زنجیرهای پلی مراز میتواند به عنوان یک روش دقیق برای تشخیص و شناسایی گونههای سالمونلا در نمونههای گوشت مرغ استفاده شود. مطالعات متعددی بر روی نمونههای مختلف بالینی مانند گنجشک خانگی (Mirzaie et al., 2010)، جوجه خانگی (Emadi Chashni, 2009) و گوشت مرغ و تخم مرغ (Malorny et al., 2007)، نشان دادند که واکنش زنجیرهای پلیمراز، روش حساس، اختصاصی و دقیق برای جداسازی گونههای سالمونلا میباشد. از طرف دیگر مطالعات پیشین نشان دهنده شیوع گونههای سالمونلا در گوشت مرغ است. شیوع آلودگی به سالمونلا در لاشه مرغ در مطالعات مختلف در محدوده 3 تا 66 درصد گزارش شده است (Zhao et al., 2001; Uyttendaele et al., 1998). در تایلند، میزان شیوع گونههای *سالمونلا* در لاشهی مرغ معادل 8/3 درصد (Shanmugasamy et al., 2011) گزارش شده است و در مطالعهی دیگری از 121 نمونه بافت مرغ و 40 نمونه تخم مرغ فرآوری شده، 7 مورد سالمونلا جدا شد (Taddele Menghistu et al., 2011). در مطالعه ای که در کشور مصر انجام گرفت، گونههای سالمونلا در 5 مورد (20 درصد) از گوشت گاو چرخ شده یخ زده، 9 مورد (36 درصد) از پای مرغ منجمد شده و 13 مورد (52 درصد) از نمونههای فیله منجمد جدا گردید (Hassanein et al., 2011). مطالعات قبلی نشان دادند که *سالمونلا انتریتیدیس* و *سالمونلا تیفیموریوم* شایعترین سروتیپهای سالمونلا هستند که در انسان باعث بیماری میشوند (Aktas et al., 2007). در مطالعهای که در بلژیک انجام گرفت مشخص شد که شیوع *سالمونلا تیفیموریوم* به اندازهی *سالمونلا انتریتیدیس* نیست (Uyttendaele et al., 1998)، اما نتایج مطالعه حاضر نشان داد که *سالمونلا تیفیموریوم* با 1/93 درصد بیشترین میزان شیوع را دارد. نتایج مطالعهای در نروژ ثابت کرد که سروار *تیفی موریوم* به صورت یک مخزن در پرندگان حیات وحش در نروژ یافت میشود و شواهد اپیدمیولوژی و باکتریولوژی نشان میدهد که پرندگان وحشی ممکن است عفونت را به انسان و مرغ انتقال دهند

(Kapperud et al., 1998). در این راستا نتایج مطالعه دیگری که در بریتانیا بر روی لاشه 779 پرنده وحشی (از جمله گنجشک خانگی) بین سالهای 1995 تا 2003 انجام گرفت نشان داد که *سالمونلا تیفی موریوم* سروار غالب در پرندگان وحشی میباشد (Pennycott et al., 2006). در مطالعهای که در ایران انجام گرفت میزان آلودگی لاشه های طیور گوشتی به باکتری سالمونلا مورد ارزیابی قرار گرفت. از 12 گله گوشتی تعداد 60 نمونه سواب از ناحیه گردن طیور در یکی از کشتارگاه های صنعتی اطراف شهرستان مشهد اخذ گردید. در این بررسی، باکتری سالمونلا از 11/66% نمونهها جداسازی گردید که در آزمایش سرولوژیک 28/6% متعلق به گروه سرمی B و 71/4% متعلق به گروه سرمی C بود (Jamshidi et al., 2008). مطالعهای بر روی 120 مرغ فلهای و مارک دار درسطح شهر زنجان نشان میدهد که 104 نمونه (86/6%) از نظر سالمونلا مثبت بودند و شایعترین سروتیپها شامل *S. gallinarum* با 23/3%، *S. agan* و *S. enteric* با 13/3%، *S. entritidis* و *S. heideiberg* با 10% شیوع بودند (Shapouri et al., 2009). همچنین تعداد 140 نمونه از مرغ-های پرکنده و آماده فروش در شهر همدان جهت جداسازی انواع گونههای سالمونلا مورد آزمایش میکروبی قرار گرفتند که از این تعداد 70 عدد را مرغهای منجمد و 70 عدد دیگر را مرغهای تازه تشکیل میدادند. نمونهها از پوست و ماهیچه برداشته شد که 12 مورد (8/6 درصد) از مرغهای آزمایش شده آلوده تشخیص داده شدند. میزان آلودگی در مرغهای تازه بیش از منجمد بود و شایعترین گونههای جدا شده *سالمونلا تیفی-موریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس* بودند (Yousefi Mashof, 2000). در مطالعه دیگری در آذربایجان شرقی، در مجموع 520 نمونه شامل 400 نمونه مرغ، 30 نمونه شترمرغ و 90 نمونه کبوتر با نمونه گیری از عضله سینه، کبد و طحال مورد بررسی قرار گرفتند. از مجموع 520 نمونه جمعآوری شده در این تحقیق، 45 نمونه (8/65%) از نظر آلودگی به سالمونلا مثبت بودند که میزان شیوع سالمونلا در مرغ، شترمرغ و کبوتر به ترتیب 7/25%، 6/66% و 15/55% تعیین گردید که بعد از تعیین گروههای سرمی، جدایهها در 4 گروه سرمی d1، b، c1 و c2 قرار گرفتند وگروه سرمی d1 دارای بیشترین فراوانی (53/3%) بود. فراوانی گروههای سرمی b، c1 و c2 در کل نمونههای مورد آزمایش به ترتیب 26/66%، 11/11% و 8/88% تعیین گردید (Akbarmehr, 2010). در مجموع، نتایج مطالعه حاضر و مطالعات قبلی حاکی از آلودگی لاشههای طیور به سالمونلا و خطر بالقوه این ماده غذایی در ایجاد آلودگی برای انسان میباشد، لذا تشخیص سریع آلودگی سالمونلایی در نمونههای مواد غذایی بیش از پیش حائز اهمیت میباشد. در کل استفاده از روش واکنش زنجیرهای پلیمراز جهت مطالعه کیفیت بهداشتی مرغ توصیه میشود و رعایت تمام شرایط بهداشتی در کشتارگاهها و مراکز عرضه و از

جمله نگهداری گوشت مرغ در درجه حرارت مناسب که میتواند بر کاهش بار میکروبی آن موثر باشد ، اهمیت فراوانی دارد.

References

1. Akbarmehr, J. 2010. Serogroup screening of *salmonella* isolated from poultry and detection of their *hila* gene by PCR assay. J Microb Biotechnol. 6: 33-38.
2. Aktas, Z., Martin, D., Kayacan, C.B., Diren, S., and Threlfall, E.J. 2007. Molecular characterization of *Salmonella Typhimurium* and *Salmonella Enteritidis* by plasmid analysis and pulsed-field gel electrophoresis. Int J Antimicrob Agent. 30: 541-545.
3. Barnhart, H.M. 1991. Prevalence of *Salmonella enteritidis* and other serovars inovaries of layer hens attime of slaughter. J Food Prot. 54: 488-491.
4. Bohaychuk, V.M., Gensler, G.E., McFall, M.E., King, R.K., and Renter, D.G. 2007. A real-time PCR assay for the detection of *Salmonella* in a wide variety of food and food-animal matrices. J Food Prot. 70: 1080-1087.
5. Emaddi Chashni, S.H., Hassanzadeh, M., Bozorgmehri Fard, M.H., and Mirzaie, S. 2009. Characterization of the *Salmonella* Isolates from Backyard Chickens in North of Iran, by Serotyping, Multiplex PCR and Antibiotic Resistance Analysis. Arch Razi Ins. 64: 77-83.
6. Hassanein, R., Hassan Ali, S.F., AbdEl-Malek, A.M., Mohamed, M.A., and Elsayh, K.I. 2011. Detection and identification of *Salmonella* species in minced beef and chicken meats by using Multiplex PCR in Assiut city. Vet World 4: 5-11.
7. Jamshidi, A., Bassami, M.R., and Afshari-Nic, S. 2009. Identification of *Salmonella* spp. and *Salmonella typhimurium* by a multiplex PCR-based assay from poultry carcasses in Mashhad-Iran. Int J Vet Res. 3: 43-48.
8. Jamshidi, A., Zahraei-salehi, T., and Afshin-Nics, S. 2008. Detection of *salmonella* spp Contamination of carcasses slaughtered in poultry abattoir in Mashhad, Iran. Arch Razi Ins. 62: 229-233.
9. Kapperud, G., Stenwig, H., and Lassen, J. 1998. Epidemiology of *Salmonella Typhimurium* O:4-12 infection in Norway: evidence of transmission from an avian wildlife reservoir. Am J Epidemiol. 147. 774-782.
10. Malorny, B., Bunge, C., and Helmuth, R. 2007. A real-time PCR for the detection of *Salmonella Enteritidis* in poultry meat and consumption eggs. J Microbiol Methods. 70: 245-251.
11. Mirzaie, S., Hassanzadeh, M., and Ashrafi, I. 2010. Identification and characterization of the *Salmonella* isolates from captured house sparrows by conventional serotyping, Multiplex PCR. Turk J Vet Anim Sci. 34: 181-186.
12. Pennycott, T.W., Park, A., and Mather, H.A. 2006. Isolation of different serovars of *Salmonella enteric* from wild birds in Great Britain between 1995 and 2003. Vet Rec. 158: 817- 820.
13. Shanmugasamy, M., Velayutham, T., and Rajeswar, J. 2011. Inv A gene specific PCR for detection of *Salmonella* from broilers. Vet World. 4: 562-564.
14. Shapouri, R., Rahnama, M., and Eghbal Zadeh, Sh. 2009. Study on the

prevalence of *Salmonella* spp. in chicken meat and egg in Zanjan and their antibiotic sensitivity. J Biol Sci. 3: 63-71.

15. Tabatabaie, A., and Firoozi, R. 2001. Bacterial diseases of animals. 1st ed. Tehran University Press, Tehran, 508p.
16. Taddele Menghistu, H., Rathore, R., Dhama, K., and Kumar Agarwal, R. 2011. Isolation, Identification and Polymerase Chain Reaction (PCR) Detection of *Salmonella* Species from Field Materials of Poultry Origin. Int J Microbiol Res. 2: 135-142.
17. Uyttendaele, M.R., Debevere, C.M., Lips, R.M., and Neyts, K.D. 1998. Prevalence of *Salmonella* in poultry carcasses and their products in Belgium. Int J Food Microbiol. 40: 1-8.
18. Vielitz, E. 1993. Results of *Salmonella* vaccination trials. WHO Consultation of Salmonella infections in animals: Prevention of food borne *Salmonella* infections in humans, WHO/ CDS/ VPH/ 93.129, Jena, Germany.
19. Yousefi Mashof, R. 2000. Study on the prevalence of *Salmonella* spp. in broilers in Hamedan. Zanjan. Sci J Zanjan Univ Med Sci. 33: 47-51.
20. Zhao, G., Ge, B., De Villena, J., Sudler, R., Emily Yeh, E., Zhao, S., White, D.G., Wagner, D., and Jianghong Meng, J. 2001. Prevalence of *Campylobacter* spp., *Escherichia coli*, and *Salmonella* serovars in retail chicken, turkey, pork, and beef from the Greater Washington, D.C. Area. Appl Environ Microbiol. 67: 5431-5436.

Detection of virulence factors in *Salmonella typhimurium* and *Salmonella enteritidis* serotypes isolated from chicken meat in Chaharmahal va Bakhtiari province of Iran

Hassan Momtaz[1*], Mohsen Ghaedamini[2], Manochehr Momeni[3]

1. Department of Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.
2. Graduated from Veterinary Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.
3. Biotechnology Research Center, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.

[*]**Corresponding author:** *hamomtaz@iaushk.ac.ir, hamomtaz@yahoo.com*

Abstract

Salmonellosis, caused by bacteria from the genus *Salmonella*, is one of the most common foodborne illnesses and is manifested by diarrhea, mild fever, nausea, abdominal pains and even death. Its traditional diagnosis is based on culture, biochemical and serological techniques and for more accurate diagnosis several molecular methods have been developed. The epidemiology and prevalence of these bacteria in chicken meat samples is essentially unknown in Iran. in this study in order to isolation and characterization of *Salmonella* spp. 620 chicken meat samples were collected from supermarkets in Chaharmahal Va Bakhtiary province, Iran. from each samples genomic DNA was extracted and multiplex PCR method was developed. Results showed that 28 out of 620 samples (4.51%) were positive for *Salmonella* spp. and from these isolates 12 samples were *S. typhimurium* (1.93%), 10 samples were *S. enteritidis* (1.61%) and 6 samples were other species of *Salmonella* (0.96%). Results revealed that all of *S. typhimurium* and *S. enteritidis* isolates have virulence factors. Our results indicated that *Salmonella* spp. can contaminated chicken meat samples and it is essential to control the hygienic quality of chicken meat samples especially in slaughterhouse.

Keywords: *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, PCR, Virulence factors, Chicken meat.