بررسی آلودگی سالمونلایی گوشت شتر در مراحل مختلف کشتار در کشتارگاه

مرضیه نظری مقدم[1]، ابراهیم رحیمی[2]*، امیر شاکریان[2]

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 دریافت : ۱۳۹٦/۰۱/۳۱ تاریخ پذیرش : ۱۳۹٦/۰٤/۰۱

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 گاستروآنتریت، اسهال، کرامپ شکمی و تب‌های روده ای (تب حصبه) بروز می‌کند. این مطالعه به منظور جداسازی و شناسایی *سالمونلا تیفی موریوم* در گوشت شتر درمراحل مختلف کشتار انجام شد. به این منظور در مجموع ۱۵۰نمونه 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 (۲٪) *سالمونلا تیفی موریوم* و ۱۹ مورد (۱۲/۶٪) سایر گونه‌ها می‌باشند..از۵۰ نمونه جمع آوری شده بعد از تخلیه امعا و احشا ۱۱ مورد مثبت تشخیص داده شد که ۲ مورد (۴٪) *سالمونلا تیفی موریوم* بودند.پس ازمرحله 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 تیفی موریوم* نبود. نتایج به‌دست امده 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 تیفی موریوم*، شتر، PCR

مقدمه

*سالمونلا*از خانواده انتروباکتریاسه، گرم منفی، میله‌ای کوتاه، فاقد کپسول و به غیر از گونه *سالمونلا گالیناروم و پولوروم*، سایر گونه‌ها متحرک می باشند(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 تیفی موریوم* و *سالمونلا انتریتیدیس*به عنوان گونه های منتقله از غذا بیشتر است. مسمومیت‌های غذایی ناشی از این پاتوژن با علایمی همچون گاستروآنتریت، 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

سالمونلوز غیرتیفوییدی 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(شکرفروش و همکاران، ۱۳۹۱Marin ;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 کشتارگاها، 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 کشتارانجام گرفت، *سالمونلا* فقط در مرحله تمیز کردن لاشه جداگردید و پس از شستشو سالمونلایی جدا نشد، همچنین کفیلی و همکاران در مطالعه‌ای نشان دادند که بیشترین میزان آلودگی به *سالمونلا* را در مرحله تخلیه امعا و احشا گزارش کردند (کفیلی 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 پلیمراز (PCR) انجام پذیرفت.

مواد و روش کار

نمونه گیری

جمعا ۱۵۰نمونه 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 هموژن 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 سانتی‌گراد 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

افتراق و سایر آزمایش‌های بیوشیمیایی از جمله محیط‌های کشت اوره ، سیمون سیترات 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 درآب 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 *inv*، *fliC*، *fljB* و *rfbJ*، 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 برروی کروموزوم در خوشه ژنی *rfbJ* گروه بندی می شوند (Kim lim 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 تأیید *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 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 میکرومولdNTP, Mix۱/۵ میلی مول $MgCl_2$ و ۲/۵ میکرولیتر بافر PCRو 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 دمای۹۴درجه 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 Redاستفاده شد.۱۰ میکرولیتراز محلول PCR را با ۲ میکرولیتر Loading Bufferمخلوط 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 وبه کمک دستگاه عکس برداری از ژل وجود یا عدم وجود DNA را بررسی کردیم.

جدول ۱ - پرایمرهای مورد استفاده برای جداسازی جنس *سالمونلا* و سروواریهای *سالمونلا تیفی موریوم*

پرایمر	ژن هدف	طول	توالی نوکلئوتیدی (۳-۵)	اندازه محصول (bp)	منبع
ST139-s	*InvA*	۲۶	GTGAAATTATCGCCACGTTCGGGCAA	۲۸۴	۱۱
ST141-as		۲۲	TCATCGCACCGTCAAAGGAACC		
Flic -s	*FliC*	۲۳	ATAGCCATCTTATTACCAGTTCCCCC	۱۸۳	۱۱
Flic -as		۲۴	GCTGCAACTGTTACAGGATATGCC		
Fljb-s	*FljB*	۲۴	ACGAATGGTACGGCTTCTGTAACC	۵۲۶	۱۱
Fljb-as		۲۴	TACCGTC GATAGTAACGACTTCGG		
Rfbj-s	*rfbJ*	۲۴	CCAGCACCAGTTCCAACTTGATAC	۶۶۳	۱۱
Rfbj-as		۲۴	GGCTTCCGGCTTTATTGGTAAGCA		

نتایج

در مطالعه حاضر از روش کشت و واکنش زنجیره پلیمراز به منظور ردیابی سروتیپ *سالمونلا تیفی 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 (۲٪) *سالمونلا تیفی موریوم* و ۱۹ مورد (۱۲/۶٪) سایر گونه‌ها می‌باشند. همچنین از مجموع ۵۰ نمونه اخذ شده پس از مرحله پوست کنی ۷ مورد *سالمونلا* مثبت شد که ۱ مورد (۲٪) *سالمونلا تیفی موریوم بود*.از۵۰ نمونه جمع آوری شده بعد از تخلیه امعا و احشا ۱۱ مورد مثبت تشخیص داده شد که ۲ مورد (۴٪) *سالمونلا تیفی موریوم*می باشند. . پس از مرحله شست و شو ۵۰ نمونه دیگر جمع آوری شد که ۴ مورد آن (۸٪) مربوط به جنس سالمونلا می باشد و از این ۴ مورد هیچ کدام متعلق به سروتیپ *سالمونلا تیفی موریوم* نبود (جدول۲).

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

مراحل کشتار	تعداد نمونه	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به *سالمونلا*	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به *سالمونلا تیفی موریوم*	فراوانی درصد نمونه‌های آلوده به سایر گونه ها
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 وشو	۵۰	۴(۸٪)	-	۴(۸٪)
مجموع	۱۵۰	۲۲(۱۴/۶٪)	۳(۲٪)	۱۹(۱۲/۶٪)

بحث

در فرآیند کشتار و تهیه گوشت از دا مهای کشتاری، حذف کامل آلودگی‌های میکروبی امکان پذیر نیست، اما با اجرای سیستم‌های بهداشتی و مدیریتی مناسب می توان آلودگی-های میکروبی را کاهش داد. گوشت لاشه بلافاصله پس از کشتار عاری ازمیکروارگانیسم می باشد .در طول انجام فرآیندهای کشتاری، آلودگی لاشه با باکتری ها در اثر تماس آن با پوست، چاقو، دست و لباس کارگران، وسایل و تجهیزات کشتار و آب استفاده شده برای شستشوی لاشه ها اتفاق م یافتد . هنگام کشتار ، پوست کندن و تخلیه امعاء و احشاء ممکن است میکرو ب‌ها از طریق قسمت‌های خارجی حیوان (پوست، شاخ، سم، مو و....) و یا از طریق قسمت‌های داخلی یعنی روده ها، گوشت را آلوده سازند. محیط به عبارت دیگرخاک، آب و فضولات باعث تشدید آلودگی می شوند. همچنین لباس، هوا و بالاخره دست کارکنان نیز ممکن است میزان آلودگی میکروبی را افزایش دهند. علاوه براین، حمل و نقل، دست زدن به لا شه و قطعه بندی گوشت نیز سبب افزایش تعداد میکروب‌ها می-شود(Roberts, 2005). در تحقیقی وضعیت میکروبی خط کشتار گاو و نقاط کنترل بحرانی به منظور پیاده سازی سیستم HACCPمورد مطالعه قرار گرفت. نتایج آن، کاهش میزان بار میکروبی پس از انجام شستشوی مقدماتی و نهایی در اکثر نقاط مورد مطالعه را نشان داد. همچنین مرحله پوست کنی، بیشترین افزایش را در میزان آلودگی *اشریشیاکلی* (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 نهایی نیز ، *سالمونلا* در ۷/۱٪ و *اشریشیاکلی* در ۱۱/۹٪ از نمونه‌های سواپ شناسایی شد(کفیلی و همکاران، ۱۳۸۵). نتایج بدست آمده 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 کشتارانجام گرفت، *سالمونلا* فقط در مرحله تمیز کردن لاشه جداگردید 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 جداشده ۳ مورد مربوط به سروتیپ *سالمونلا تیفی موریوم* می باشد. در تحقیق MezaliوHamdi 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 سروارمختلف 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

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 شوبرا*(٪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 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 توضیع فرآورده‌های دامی از مرحله کشتار تا توزیع و بسته‌بندی جهت مصرف انسان، تکیه بر رعایت شدیدتر موارد بهداشتی کشتارگاه‌ها، رعایتاصول 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.

منابع

۱. جوادی، افشین، رضویلر، ودود. (۱۳۸۵). مطالعه مخاطرات بهداشتی کشتارگاه طیور با استفاده از سیستم HACCP (ازتولید به مصرف). پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان. 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. شکرفروش، 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 فرآورد ه‌های گوشتی.بهداشت مواد غذایی . دوره ۳ شماره ۲ : ۱-۱۴.

۴. کفیلی، تیوا، امام جمعه، زهرا، کازرونی تیمسار، منوچهر. (۱۳۸۵). مطالعه وضعیت میکروبی خط کشتار گاو و تعیین نقاط کنترل بحرانی به منظور پیاده سازی سیستم 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, Karlinsey 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 bhttp://www.efsa.europa.eu/en/

9. Emaddi Chashni S, Hassanzadeh M, Bozorgmehri Fard M, Mirzaie S. Characterization of the Salmonella IsolatesFrom 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 ofthe *Salmonella* serovars. WHO Collaborating Centre for Referenceand Research on Salmonella (9th ed.).Paris: Institut Pasteur (Availablefrom 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.

13. Koluman A, Celik G, Unlu T. 2012.*Salmonella*identification from foods in eight hours: A prototypestudy 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. *Listeriamonocytogenes* 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 2nd 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.

Salmonella contamination of camel meat in various stages of destruction in Isfahan and Chaharmahal vaBakhtiari

Nazari Moghadam M[1], Rahimi E[2], Shakeriyan A[2]

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*

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