جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

در
امور دام و آبزیان شماره ۸۱ زمستان ۱۳۸۷
پژوهش و سازندگی

شناسایی گونه های مختلف سالمونلا در مرکز اصلاح و پرورش مرغ بومی

• مهرناز راد
گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه فردوسی مشهد
• غلامعلی کلیدری
گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه فردوسی مشهد
• شکیبا کردجزی
دانش آموخته دانشکده دامپزشکی، دانشگاه فردوسی مشهد
تاریخ دریافت: شهریور ماه ۱۳۸۷ تاریخ پذیرش: آبان ماه ۱۳۸۷
Email: mehrnazerad@yahoo.com

چکیده

امروزه صنعت طیور نقش بسیار مهمی در تامین پروتئین مورد نیاز جمعیت دنیا ایفا می کند. یکی از عواملی که سلامت فرآورده های غذایی طیور رابه مخاطره می اندازد، باکتری های خانواده انتروباکتریاسه به ویژه سالمونلا می باشد. سالمونلا منبع مهم آلودگی غذاهای انسانی و عامل پاتوژن بسیار قوی و بیماری زا در انسان ها است. راه های ابتلا انسان به عفونت سالمونلائی استفاده از تخم مرغ نیم پز وخام وگوشت طیور نیمه پخته می باشد. تخم مرغ ازطریق تخمدان مرغ مادر، آلودگی پوسته به مدفوع و از طریق محیط، به باکتری سالمونلا آلوده می گردد. بنابراین مزارع مرغ مادر از مهمترین منابع عفونت سالمونلا می باشند. روش های مختلفی برای جداسازی باکتری سالمونلا وجود دارد که شامل روش های کشت سنتی و بیوشیمیایی، سرولوژیکی و مولکولی است. در این مطالعه که در مرکز اصلاح وپرورش مرغ بومی استان مازندران انجام گرفت، نمونه های مختلفی از بخش های مختلف سالن مرغ مادر، سالن جوجه کشی، سالن جوجه های زیر یک هفته و نیز از تخم مرغ جمع آوری گردید. درصد آلودگی به سالمونلا در ۴ سالن مرغ مادر ۱/۶۴٪ ودر زرده تخم مرغ ها و نیز پوسته ۱/۹۲٪ بود. از نمونه های مربوط به سالن جوجه کشی و سالن جوجه های زیر یک هفته، باکتری سالمونلا جدا نشد. در مجموع تعداد ۷ نمونه آلوده به سالمونلا بوده و تمام این نمونه ها متعلق به گروه D بودند. آزمایشPCR برای تایید تشخیص جنس سالمونلا ونیز تعیین گونه صورت گرفت. تمام گونه ها به عنوان انتریتیدیس (*Salmonella enteritidis*) تشخیص داده شدند.

کلمات کلیدی: سالمونلا، شناسائی، مرغ بومی، تشخیص مولکولی

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

Pajouhesh & Sazandegi No 81 pp: 87-93

Identification of Salmonella spp. in a Native Poultry Breeding and Improvement Center

By: M. Rad, Member of Scientific Board of Veterinary Facuty University of Ferdowsi Mashhad. Gh. Kelidari, Member of Scientific Board of Veterinary Facuty University of Ferdowsi Mashhad and Sh. Kordjaz, Graduated of Veterinary Facuty University of Ferdowsi Mashhad.

Nowadays, poultry industries play an important role in providing essential protein for world population. Among factors which are harmful for poultry products, there are entrobacteria especially salmonella spp. Salmonella is the major source of infection for human food and it is a very potent pathogen in human. One of the most routes of infection in human by salmonella occurred via using uncooked poultry eggs and meat. Eggs can be contaminated by salmonella through hen's ovary, contamination of egg shell with feces and also through environment. Thus, laying hens are the important source of salmonella. There are different methods for isolation of salmonella: conventional culture methods, serological examinations and molecular methods. This study was performed in a Native Poultry Breeding and Improvement Center. Different samples were used from different divisions of the center including hen houses, breeding house, chicken house and also eggs. Contamination rate in four hen houses was 1.64% and in eggs shell and eggs yolk was 1.92%. Breeding house and chicken house were free from salmonella. In general, seven samples were contaminated with salmonella. All of these isolated salmonella belong to serogroup D. Identification was confirmed for salmonella genus by PCR method. Salmonella species were identified as Salmonella enteritidis by PCR method.

Key words: salmonella, identification, native poultry, molecular diagnosis

مقدمه

باکتری سالمونلا متعلق به خانواده آنتروباکتریاسه بوده و اکثر سروتیپ های آن پاتوژن های بالقوه برای انسان و بسیاری از حیوانات می باشند. بیش از ۲۴۵۰ سروتیپ سالمونلا شناسایی شده اند که تنها ۱۰٪ از این سروتیپ ها از طیور جداسازی گردیدند که در بین آنها (*S. typhimurium*) و (*S. entritidis*) مهم ترین و متداول ترین آنها می باشند. در سال ۱۹۸۰ شیوع (*S. hadar*) در طیور به اوج رسید، ولی پس از چند سال فراوانی آن کاهش یافت، اما به نظر می رسد که اهمیت آن در سال های اخیر در طیور رو به افزایش است (۱، ۱۱). در طی سال های (۱۹۶۸-۱۹۷۴) میزان شیوع (*S. typhimurium*) و (*S. stenfetenberg*) در طیور افزایش یافت. در سال های اخیر شیوع فاژ تیپ چهار سالمونلا انتریتیدیس در طیور مشکلات زیادی را در کشورهای اروپای مرکزی و غربی به وجود آورده است (۱).

به نظر می رسد که در طیور چرخش بین سروتیپ های مختلف وجود دارد و در دوزان خاصی سروتیپی جایگزین سروتیپ دیگر می شود(۱و۹).

به طور کلی طیور و فرآورده های آن به عنوان منبع اصلی عفونتهای سالمونلا در انسان می باشد. (*S. enterica*) سروتیپ تیفی موریوم و انتریتیدیس متداول ترین سروتیپ های مرتبط با مقاومت نسبت به سفالوسپورین ها می باشند. جداسازی آنها از دام و طیور به عنوان منبع اولیه غذا، نشان می دهد که عفونت انسان بیشتر از این طریق است(۲). بنابراین کنترل عفونت های سالمونلا برای سلامت طیور و صنایع تبدیلی غذا اهمیت دارد و معیارهای موثر کنترل و پیشگیری برای کاهش آلودگی سالمونلا در طیور باید در مزارع طیور آغاز گردد(۲۰). این کنترل نیاز به روش های تشخیصی سریع و مطمئن دارد. روش های مختلفی برای شناسایی سالمونلا در کنار روش های کشت قراردادی وجود دارد که بطور مستقیم روی نمونه اخذ شده اجرا می گردد. روش های کشت قراردادی برای جستجوی سالمونلا معمولا چهار مرحله دارد: پیش غنی سازی، غنی سازی انتخابی، استفاده از محیط های انتخابی و تایید باروشهای سرولوژیکی وبیوشیمیایی(۲۱). در مطالعه انجام شده توسط McGibbon و همکاران دو محیط کشت Rappaport-Vassiliadis (RV حاوی تریپتون و RV حاوی Soya peptone برای جداسازی سالمونلا از کبد مرغان آلوده مورد مقایسه قرارگرفت، و نشان داده شد که محیط دوم اندکی بهتر می باشد، ولی این اختلاف از نظر آماری معنی دار نبود(۱۲). درمطالعه ای دیگر چهار محیط غنی سازی برای جداسازی سالمونلا از محصولات آلوده طیور مورد استفاده قرارگرفت که دربین این محیط ها، RV و Kiman بسیار موثرتر ازدومحیط Selenite-cystine و Muller-Kauffmann tetrathionate گزارش شد(۴).

از سوی دیگر برای شناسایی و تایید سالمونلا روش های مولکولی مثل PCR نیز بسیار مورد استفاده قرار گرفته است. Gooding و Choudary در سال ۱۹۹۹ پنج جفت پرایمر مختلف را بر اساس جستجوی ۵ ژن برای تشخیص جنس سالمونلا مورد ارزیابی قرار دادند، که جفت پرایمر مربوط به Repeat sequence با محصول ۱۹۹ جفت باز برای تشخیص اکثر سویه های سالمونلا مناسب تر از بقیه تشخیص داده شد(۸). از روش های مولکولی برای شناسایی گونه سالمونلا نیز استفاده می شود. Soumet و همکاران از روش Multiplex PCR برای شناسایی گونه های انتریتیدیس و تیفی موریوم از سواپ های نمونه برداری شده از مزارع طیور استفاده کردند. این روش از حساسیت بیشتری نسبت به روش باکتریولوژیک برخوردار می باشد(۱۶). در مطالعه ترکاو و آوگوستین روش PCR بر اساس ۱۶S RNA ریبوزومی برای

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

جستجوی اختصاصی *S. enterica* مورد استفاده قرار گرفت، که نتیجه آن موفقیت آمیز بود(۱۸).

هدف از این مطالعه، جداسازی وشناسایی گونه های سالمونلا در مرکز اصلاح و پرورش مرغ بومی استان مازندران بود که از روش های کشت غنی سازی و انتخابی برای جداسازی و شناسایی جنس سالمونلا و از روش های بیوشیمیایی و سرولوژیکی برای شناسایی گونه مربوطه استفاده شد، در عین حال موارد جداسازی شده با استفاده از روش PCR از نظر جنس و گونه مورد تایید قرار گرفتند.

مواد و روش کار

پژوهش حاضر در مرکز اصلاح و تکثیر مرغ بومی استان مازندران انجام گرفت. در این مرکز از چهار سالن مرغ مادر، یک سالن جوجه کشی و یک سالن جوجه های زیر یک هفته نمونه برداری شد. در کل، تعداد ۶۴۶ نمونه در ۷ مرحله از قسمت های مختلف مزرعه مرغ مادر اخذ گردید (جداول ۲،۳و۴). نمونه برداری از دستگاه های تهویه، پنجره، دیوارها و درزها با استفاده از سوآپ استریل که با آب پپتونه مرطوب شده بود، انجام گرفت. نمونه برداری از مدفوع تازه کف بستر و هم چنین لانه تخم گذاری نیز به همین روش انجام شد. همه نمونه‌های اخذ شده به لوله‌های حاوی ۵-۱۰ میلی لیتر براث غنی کننده (سلنیت F) منتقل گردید و پس از ۲۴-۴۸ ساعت در انکوباتور ۳۷ درجه سانتیگراد، در محیط های افتراقی و انتخابی TSI، XLD ، حرکت ، اوره، سیترات و اندول کشت مجدد داده شد.

از سالن جوجه کشی نیز از محل های مختلف از قبیل راهروها، کنار پنجره ها، ستر، هچر و اتاق درجه بندی، نمونه برداری صورت گرفت. علاوه بر این پلیت های با درب باز حاوی محیط های کشت انتخابی در محل های مختلف سالن قرار داده شد.

نمونه گیری ازسالن جوجه های زیر یک هفته نیز مانند سالن مرغ مادر انجام گرفت.

برای جداسازی سالمونلا از پوسته تخم مرغ ، ابتدا تخم مرغ با محیط برآث غنی کننده شتشو داده شد و سپس این محیط ۲۴ ساعت در حرارت ۳۷ درجه سانتیگراد قرار گرفت. پس از آن در محیط های کشت تفریقی کشت مجدد داده شد. برای جداسازی سالمونلا از زرده، پس از ضدعفونی پوسته تخم مرغ با الکل ۷۰ درجه، زرده جدا و در محیط سلنیت به مدت ۲۴ ساعت در ۳۷ درجه سانتیگراد کشت داده شد.

گروه سرمی سالمونلاهای جداشده، با استفاده از کیت رنگی لاتکس (ساخت شرکت remel، کشور انگلیس) تعیین گردید.

جهت تایید جنس سالمونلا و نیز تعیین گونه آن وجود ژن های invA (اختصاصی برای جنس سالمونلا)، flic (اختصاصی برای *S. typhimu rium* و prot۶e (اختصاصی برای *S. entritidis*) با استفاده از روش PCR جستجو گردید. واکنش‌ها در حجم ۲۵ میکرولیتر با هرکدام از جفت پرایمرها به صورت جداگانه انجام شد. هر واکنش شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR ، ۰/۷۵ میکرولیتر $MgCl_2$، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، یک میکرولیتر از هر پرایمر، ۲ میکرولیتر DNA و ۰/۵ میکرولیتر آنزیم Taq بود. سکانس پرایمرهای مربوط به ژن های invA و prot۶e وflic در جدول شماره ۱ آمده است.

ژن هدف	سکانس پرایمر
invA	F : AAATTATCGCCACGTTCGGG R : TCATCGCACCGTCAAAGGAA
Flic	F : CTCTTGCTGGCGGTGCGACT R : CGGTGTTGCCCAGGTTGGTA
Prot۶e	F : ATATCGTCGTTGCTGCTTCC R : CATTGTTCCACCGTCACTTT

نتایج

تعداد ۶۴۶ نمونه در ۷ مرحله از بخش های گوناگون مزرعه مرغ مادر اخذ شد. جدول شماره ۲۱ نشان دهنده تعداد نمونه های مربوط به بخش های مختلف می باشد. از نمونه های اخذ شده از سالن مرغ مادر ۵ نمونه آلوده به باکتری سالمونلا بودند(۱/۶۴٪) (جدول ۵). از ۵۲ نمونه تخم مرغ(زرده و پوسته) مربوط به چهار سالن مرغ مادر، یک نمونه پوسته و یک نمونه مربوط به زرده آلوده به سالمونلا بودند (جدول۶). بقیه نمونه ها شامل ۱۲۰ نمونه مربوط به سالن جوجه کشی وستر، ۴۰ نمونه تخم مرغ قابل انتقال ازستر به هچر، ۴۲ نمونه پوسته های شکسته تخم مرغ، ۸۰ نمونه از سالن جوجه های زیر یک هفته و ۱۲ عدد تلفات جوجه های زیر یک هفته ، از نظر سالمونلا منفی بودند.

۷ نمونه سالمونلای جداشده تعیین گروه سرمی شدند و هر ۷ مورد مربوط به گروه D لانسفیلد بودند.

در آزمایش PCR وجود ژن invA در هر ۷ نمونه تایید گردید. در هر ۷ نمونه سالمونلا وجود ژن۶ prote تایید شد، بنابراین تمام نمونه های سالمونلای جداشده به عنوان *S. entritidis* شناسایی شدند (تصاویر ۱و۲).

جدول ۲- تعداد و محل های مختلف نمونه‌گیری از سالن‌های مرغ مادر

مکان نمونه‌برداری	تعداد مرغ و خروس	تعداد نمونه از بستر	تعداد نمونه از فن و پنجره	تعداد نمونه از مدفوع تازه	تعداد نمونه از بستر متراکم و محل استراحت	تعداد نمونه از لانه‌ی تخم‌گذاری	تعداد نمونه از گوشه و دیواره	تعداد نمونه از تخم‌مرغ تازه	
سالن ۱	۳۰۰۰	۱۸	۱۲	۹	۱۸	۱۲	۱۰	۱۴	۹ عدد داخل لانه ۵ عدد خارج لانه
سالن ۲	۳۰۰۰	۱۸	۱۲	۹	۱۸	۱۲	۱۰	۱۴	۹ عدد داخل لانه ۵ عدد خارج لانه
سالن ۳	۲۵۰۰	۱۵	۱۲	۹	۱۵	۱۲	۱۰	۱۲	۸ عدد داخل لانه ۴ عدد خارج لانه
سالن ۴	۲۵۰۰	۱۵	۱۲	۹	۱۵	۱۲	۱۰	۱۲	۸ عدد داخل لانه ۴ عدد خارج لانه
جمع کل	۱۱۰۰۰	۶۶	۴۸	۳۶	۶۶	۴۸	۴۰	۵۲	

جدول ۳- تعداد و محل های مختلف نمونه‌گیری از سالن جوجه‌های زیر ۱ هفته

مکان نمونه‌برداری	تعداد جوجه	تعداد تلفات جوجه	تعداد نمونه از بستر	تعداد نمونه از فن و پنجره	تعداد نمونه از مدفوع تازه	تعداد نمونه از بستر متراکم و محل استراحت	تعداد نمونه از لانه تخم‌گذاری	تعداد نمونه از گوشه و دیواره	تعداد نمونه از مدفوع تازه
سالن جوجه‌ها	۱۶۰۰	۱۲	۱۸	۱۲	۸	۸	۱۲	۱۲	۱۰

جدول ۴- تعداد و محل های مختلف نمونه‌گیری از سالن جوجه‌کشی

مکان نمونه‌برداری	هچر۱	هچر۲	ستر	محیط سالن و راهروها	اتاق درجه‌بندی	سبدها و سینی‌ها	کارتن خالی	تخم‌مرغ‌قابل انتقال	پوسته‌های شکسته شده تخم‌مرغ‌های هچ شده	
سالن جوجه‌ها	۵ سواب ۶ محیط XLD	۵ سواب ۶ محیط XLD	۵ سواب ۶ محیط XLD	۲۵ سواب ۱۰ محیط XLD	۱۰	۱۵	۱۰	۴۰	هچر ۱ هچر۲	۱۰ ۱۰

جدول شماره ۵- فراوانی و درصد آلودگی به سالمونلا در ۴ سالن مرغ مادر

نوع نمونه	تعداد نمونه	موارد آلوده	درصد	گونه سالمونلا
نمونه از بستر	۶۸	-	-	-
تعداد نمونه از فن و پنجره	۴۸	۱	۲/۰۸	انتریتیدیس
نمونه از مدفوع تازه	۳۶	-	-	-
نمونه از بستر متراکم	۶۸	۲	۲/۹۴	انتریتیدیس
نمونه از لانه تخم‌گذاری	۴۸	۲	۴/۱۶	انتریتیدیس
نمونه از گوشه و دیواره	۴۰	-	-	-
مجموع نمونه ها	۳۰۴	۵	۱/۶۴	انتریتیدیس

جدول شماره ۶-فراوانی و درصد آلودگی به سالمونلا در زرده و پوسته تخم مرغ های ۴ سالن مرغ مادر

مکان نمونه‌برداری	تعداد نمونه	آلودگی زرده	درصد	آلودگی پوسته	درصد	گونه سالمونلا
سالن ۱	۱۴	۱	۷/۱۴	-	-	انتریتیدیس
سالن ۲	۱۴	-	-	۱	۷/۱۴	انتریتیدیس
سالن ۳	۱۲	-	-	-	-	-
سالن ۴	۱۲	-	-	-	-	-
جمع کل	۵۲	۱	۱/۹۲	۱	۱/۹۲	انتریتیدیس

بحث

سالمونلا و سروتیپ های آن منبع مهم آلودگی غذاهای انسانی و عامل پاتوژن بسیار قوی و بیماری زا در انسان و دام و طیور است. بیش ترین سروتیپ سالمونلا که در اروپا از مزارع مرغ تخم گذار و مادر جدا شده است، *S. typhimurium* می باشد. این باکتری تخم مرغ را از دو طریق آلوده می کند: اول انتقال عمودی در طی تولید تخم مرغ در تخمدان و دوم انتقال افقی از طریق پوسته تخم مرغ (۱۳). در مطالعه حاضر میزان آلودگی به باکتری سالمونلا در چهار سالن مرغ مادر ۱/۶۴٪ بود. در این مورد به نظر می رسد که مدفوع و گرد وغبار به عنوان مهم ترین عوامل انتقال دهنده عفونت سالمونلائی عمل می کنند. یکی از راه های آلودگی گله مادر به سالمونلا و متعاقب آن دفع سالمونلا از مدفوع ، مواد غذایی آلوده است. پوشال آلوده سبب آلودگی بستر و انتقال جرم در محیط و در نتیجه به مرغ های مادر و تخم مرغ ها گردد. Cowden و همکاران در سال ۱۹۸۹ نمونه های آلوده به باکتری سالمونلا را از بستر در مزارع مرغ اروپا جدا کردند.(۵) Davis و رای نیز در سال ۱۹۹۶ آلودگی مزارع مرغ مادر را به باکتری سالمونلا ۱۱/۷٪ گزارش نمود، که بیشترین گونه جداشده *S. entritidis* بود(۷). در مطالعه ای دیگر توسط این دو محقق نشان داده شد که انتخاب بعضی از محل ها برای نمونه برداری تاثیر زیادی روی نتیجه کار دارد و احتمال جداسازی سالمونلا را افزایش می دهد(۶). در مطالعه Uyttendaele و همکاران در سال در طی چهار سال متوالی جهت تعیین میزان آلودگی به سالمونلا در فرآورده های طیوردر کشوربلژیک اختلاف چندانی مشاهده نشد وسه سروتیپ انتریتیدیس، هادار و ویرچو فراوان ترین سروتیپ ها بودند (۱۹).

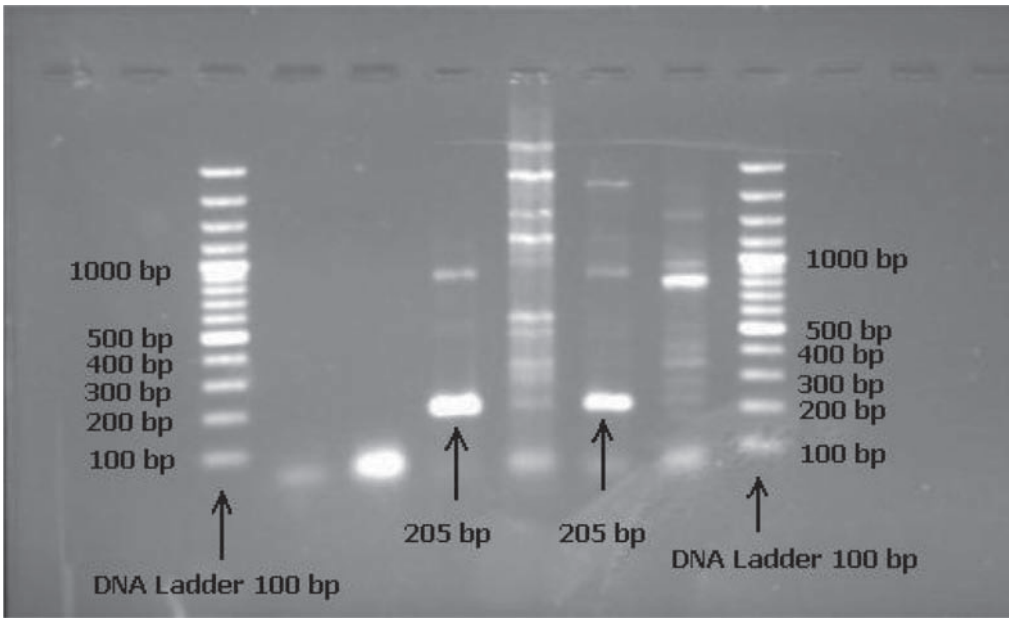
یکی دیگر از منابع ورود پاتوژن ها به محیط بسته هوای آلوده می باشد. در مطالعه ما یک نمونه آلوده به سالمونلا از فن و پنجره یکی از سالن ها جدا گردید. Davis و همکاران نیز در سال ۱۹۹۶ درصد تقریبا مشابهی از آلودگی ورودی‌ها و خروجی‌های هوا را در مزارع مختلف گزارش کردند(۷). در این تحقیق آلودگی لانه های تخم گذاری چهار سالن ۱/۴٪ بود. تحقیقاتی توسط محققین مختلف صورت گرفته که نمایان گر آلودگی لانه‌های تخم گذاری بود(۳، ۷، ۱۰).

در پژوهش حاضر یک نمونه سالمونلا از پوسته ویک نمونه از زرده جدا شدند. Otomo و همکاران در سال ۲۰۰۷ عامل اصلی آلودگی پوسته و تخم مرغ را پس از مدفوع، عدم رعایت بهداشت کارکنان در حین جمع آوری تخم مرغ ها دانستند(۱۴).

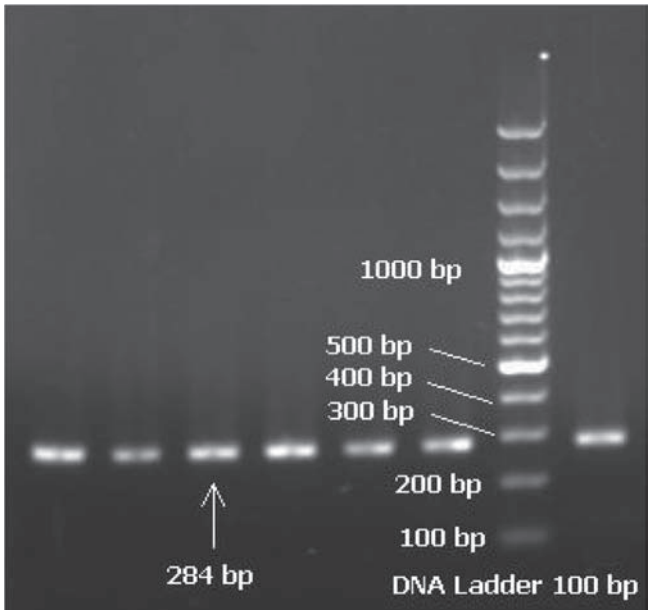
Cowden و همکاران در سال ۱۹۸۹ مدفوع مرغ های آلوده را جزو عوامل دخیل در آلودگی تخم مرغ ها قلمداد کردند(۵). Otomo و همکاران

در سال ۲۰۰۷ شیوع آلودگی در زرده تخم مرغ ها را ۶/۸٪ گزارش کردند که بیشترین باکتری جدا شده *S.entritidis* عنوان شد(۱۴). کوئین و همکاران (۱۹۹۸) تخم مرغ های مصرفی را عامل مهم *S. entritidis* عنوان کردند. Roy و همکاران (۲۰۰۲) از حدود ۴۷۴۵ نمونه، ۵۶۹ نمونه سالمونلا جدا کردند و شیوع سالمونلوز ناشی از مصرف تخم مرغ های آلوده را در شمال غربی اقیانوسیه ۱۱/۱۹٪ اعلام کردند که در ۵/۱۵٪ موارد عامل ایجاد سالمونلوز، سالمونلا انتریتیدیس بیان شد(۱۵).

در این تحقیق، از سالن جوجه کشی وستر و نیز سالن جوجه‌های یک هفته و تلفات این گروه از جوجه ها باکتری سالمونلا جدا نشد. مطالعه حاضر نشان می دهد که با وجود اثبات آلودگی به سالمونلا در این مزرعه مرغ مادر میزان شیوع آن در قیاس با سایر گزارش ها کمتر است. اما همین میزان آلودگی نیز باید هشدار دهنده تلقی گردد و راه های پیشگیری از این عفونت مد نظر قرار گیرد. در مطالعه Namata و همکاران (۲۰۰۸) در مطالعه ای عوامل خطر ساز سالمونلوز در مرغان تخم گذار مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه نشان داده شد که سیستم پرورش مرغ در قفس، در قیاس با سیستم های پرورشی باز عامل مهمی در افزایش بروز سالمونلوز می باشد. علاوه بر این افزایش سن و افزایش اندازه گله ها، نیز از عوامل خطر در افزایش بروز سالمونلوز شناسائی شد(۱۳).



تصویرشماره ۲- فرآورده PCR به اندازه ۲۰۵ جفت باز مربوط به ژن prot۶e. جهت تایید گونه انتریتیدیس



تصویر شماره ۱- فرآورده PCR با اندازه ۲۸۴ جفت باز مربوط به ژن invA جهت تایید جنس سالمونلا

در مطالعه حاضر برای تایید جنس و گونه سالمونلاهای جداشده از روش‌های سرولوژیکی و روش‌های تشخیص مولکولی استفاده شد. ژن‌های هدف متعددی جهت شناسایی سویه های سالمونلا معرفی شده اند. ژن InvA برای تهاجم سالمونلا لازم است چرا که به وسیله آن باکتری به قسمت های عمقی تر روده نفوذ میکند و در عین حال برای جنس سالمونلا اختصاصی است. گرچه تعدادی از باکتری های متعلق به خانواده آنتروباکتریاسه از لحاظ برخی خصوصیات بیوشیمیایی به سالمونلا شبیه می باشند ولی فاقد ژن InvA هستند. نتایج آزمایش این ژن توسط سومت و همکاران از لحاظ حساسیت برای جنس سالمونلا ۱۰۰٪ ارزیابی گردید (۱۷). در بررسی حاضر، جنس سالمونلا و گونه انتریتیدیس توسط آزمایش PCR تایید شد.

منابع مورد استفاده

۱ - زهرایی صالحی، تقی. ۱۳۷۸: سالمونلا، چاپ اول، انتشارات دانشگاه تهران.

2- Alert, G., Barrett, T. J., Butaye, P., Cloeckaert, A., Mulvey, M. R., White, D. G. 2006; Salmonella resistant to extended-spectrum cephalosporins: Prevalence and epidemiology Microb. Infect. 8: 1945-1954.

3- Bichler, L.A., Nagaraja, K.V., Halvorson, D.A. 1996; *Salmonella entritidis* in eggs, cloacal swab specimens and internal organs of experimentally infected white leghorn chickens. Am. J. Vet. Res. 57(4): 489-495.

4- Bilvert, D., Salvat, G., Humbert, F. and Colin, P. 1997; Evaluation of a new enrichment broth for the isolation of Salmonella spp. From poultry products. Int. J. Food Microbiol. 38: 211-216.

5- Cowden, J.M., Lynch, D., Joseph, C.A., Mawer, S.L. and Rower, B. 1989; Case-control study of infections with *Salmonella entritidis* phage type 4 in England. B. M. J. 299: 771-3.

6- Davis, R.H. and Wray, C. 1996; Determination of an effective sampling regime to detect *Salmonella entritidis* in environment of poultry units. Vet. Microbiol. 50: 117-127.

7- Davis, R.H. and Wray, C. 1996; Mice and carriers of *Salmonella entritidis* in persistently infected poultry units. Vet. Rec. 137: 337-341.

8- Gooding, C.M. and Choudary, P.V. 1999; Comparison of different primers for rapid detection of salmonella using the polymerase chain reaction. Mol. Cell. Probes 13: 341-347.

9- Guerin, M.T., Mavtin, S. and Darlington, G.A.A. 2005; Temporal study of salmonella serovars in animal in Alberta between 1990-2002. Canad. J. Vet. Res. 69: 88-99.

10- Kinde, H., Castellan, D. M., Kerr, D., Campbell, J., Breitmeyer, R., Ardans, A. 2005; Longitudinal monitoring of two commercial layer flocks and their environments for *Salmonella entrica* serovar entritidis and other Salmonellae Avi. Dis. 49(2): 189-194.

11- Kingston, D.J. 1981; A comparison of culturing drag swabs and litter for identification of infections with salmonella spp. in commercial chicken flocks. Avi. Dis. 25: 511-516.

12- McGibbon, L., Quail, E. and Fricker, C. R. 1984; Isolation of salmonellae using two forms of Rappaport-Vassiliadis medium and brilliant green agar. Int. J. Food Microbiol. 1: 171-177.

13- Namata, H., Meroc, E., Aerts, M., Faes,C., Abrahantes, J. C., Imberechts, H., Mintiens, K. 2008; Salmonella in Belgian laying hens: An identification of risk factors. Prev. Vet. Med. 83: 323-336.

14- Otomo, Y. A., Odagiri, K., Shirto, A. and Takatori, K. 2007; Detection of salmonella in spent hens and eggs associated with foodborne infection. Avi. Dis. 51(2): 578-83.

15- Roy, P., Dhillon, A. S., Laurerman, L. H., Schaberg, D. M., Bandli, D. and Johnson, S. 2002; Results of salmonella isolation from poultry products, poultry environment, and other characteristic. Avi. Dis. 46(1): 17-24.

16- Soumet, C., Ermel, G., Rose, N., Rose, V., Drouin, P., Salvat, G. and Colin, P. 1999; Evaluation of a multiplex PCR assay for simultaneous identification of salmonella sp., *Salmonella entritidis* and *Salmonella typhimurium* from environmental swabs of poultry houses Lett. Appl. Microbiol. 28: 113-117.

17- Soumet, C., Ermel, G., Rose, V., Rose, N., Droulin, P., Salvat, G. and Colin, P. 1999; Identification by a multiplex PCR- based assay of *Salmonella typhimurium* and *Salmonella entritidis* strains from environmental swabs of poultry houses. Lett. Appl. Microbiol. 29: 1-6.

18- Trkov, M. and Avgustin, G. 2003; An improved 16s rRNA based PCR method for the specific detection of *Salmonella entrica. Int*. J. food Microbiol. 80: 67-75.

19- Uyttendaele, M. R., Debevere, J. 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.

20- Zahraei Salehi, T., Mahzounieh, M. and Saeedzadeh, A. 2005; Detection of invA gene in isolated salmonella from broilers by PCR method. Int. J. Poult. Sci. 8: 557-559.

21- Van der Zee, H. 1994; Conventional methods for detection and isolation of *Salmonella entritidis*. Int. J. Food Microbiol. 21: 41-46.