



مطالعه مولکولی ژن اینتگرون سالمونلا تیفی موریوم جدا شده از منابع غذایی و تاثیر پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان آن با روش Real time PCR

احسان استبرقی: دکترای تخصصی میکروبیولوژی، گروه دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهربابک، شهربابک، ایران
کیومرث امینی: دانشیار، گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد ساوه، دانشگاه آزاد اسلامی، ساوه، ایران (* نویسنده مسئول) dr_kumarss_amini@yahoo.com
بهروز شجاعی سعدی: استادیار، گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد اراک، اراک، ایران
سعید اقدامیان: کارشناس ارشد مهندسی کشاورزی، گروه کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد ابهر، زنجان، ایران

چکیده

کلیدواژه‌ها

سالمونلا تیفی موریوم، حساسیت آنتی بیوتیکی، Real time PCR

زمینه و هدف: باکتری سالمونلا از خانواده انتروباکتریاسه باکتری روده‌ای، گرم منفی، بی هوازی اختیاری است. سالمونلا طیف وسیعی از مهره‌داران را تحت تأثیر قرار داده عمدتاً از طریق تماس مستقیم و غیرمستقیم با منشأ آلوده منتقل می‌شود. سالمونلوزیس بیماری خطرناک عفونی و بیماری مشترک انسان و حیوانات است. ژن اینتگرون (*intI*) در مقاومت دارویی و انتشار باکتری در بدن میزبان موثر و عامل مهم در مقاومت دارویی باکتریها است. هدف بررسی مولکولی ژن اینتگرون سالمونلا تیفی موریوم جدا شده از منابع غذایی و تاثیر پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان آن با روش Real time PCR می‌باشد.

روش کار: در این پروژه ۱۳۸ نمونه مواد غذایی (شیر، گوشت، مرغ، ماهی و غیره) از شهر اراک جداسازی گردید. در ظرف استریل و درپوش دار مخصوص با رعایت شرایط دمایی به آزمایشگاه میکروب شناسی منتقل شد. در آزمایشگاه جهت آماده سازی نمونه ها پس از سانتریفوژ از مایع فوقانی در ظرف استریل جهت آزمایشات نگهداری شد. محیط‌های انتخابی افتراقی مک کانکی آگار (MC) سالمونلا-شیگلا (SS) آگار، بیسموت سولفیت آگار برای ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد قرار گرفت.

یافته‌ها: از بین ۱۳۸ نمونه مواد غذایی با روش بیوشیمیایی تعداد ۱۲ جدایه سالمونلا تیفی موریوم جدا گردید، روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز جهت افتراق و بررسی حضور ژن اینتگرون انجام گرفت. سالمونلا تیفی موریوم دارای بیشترین اهمیت بیماری‌زایی در انسان و دام و طیور است که عامل رایج منتقله از طریق مدفوع و مواد غذایی جهانی می‌باشد.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه میزان Fold Change برای ژن *intI* برابر $1/13$ - که بیانگر آنست که این ژن در گروه تیمار شده نسبت به گروه غیر تیمار $1/13$ برابر کاهش دارد و این عمل اثر ضد میکروبی پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان ژن اینتگرون نشان داد. در واقع درمان ترکیبی پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم با داروهای ضد میکروبی رایج، اثرات ضد باکتری خوبی را علیه گونه‌های سالمونلا نشان می‌دهند.

تاریخ دریافت: ۹۹/۰۴/۱۰
تاریخ چاپ: ۹۹/۰۷/۰۹

تعارض منافع: گزارش نشده است.
منبع حمایت کننده: حامی مالی نداشته است.

شیوه استناد به این مقاله:

Estabergi E, Amini K, Shojaee Saadi B, Arak S. Molecular study of Salmonella typhimurium integrons gene isolated from food sources and the effect of probiotic Bifidobacterium bifidum on its expression by Real time PCR. Razi J Med Sci. 2020;27(7):65-77.

*انتشار این مقاله به صورت دسترسی آزاد مطابق با [CC BY-NC-SA 3.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/3.0/) صورت گرفته است.



Original Article

Molecular study of *Salmonella typhimurium* integrons gene isolated from food sources and the effect of probiotic *Bifidobacterium bifidum* on its expression by Real time PCR

Ehsan Estabergi, Assistant Professor, Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Islamic Azad University, Shahrehabak Branch, Kerman, Iran

Kumarss Amini, Associate Professor, Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Saveh Branch, Islamic Azad University, Saveh, Iran (*Corresponding author) dr_kumarss_amin@yahoo.com

Behrooz Shojaee Saadi, Assistant Professor, Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Islamic Azad University, Arak Branch, Arak, Iran

Saeed Eghdamian, MSc in Microbiology, Department of Biology, Faculty of Basic Sciences, Islamic Azad University, Arak Branch, Arak, Iran

Abstract

Background: *Salmonella* have general characteristics of the Enterobacteriaceae family, gram-negative bacilli, voluntary anaerobes, non-acid fast and without spores, a large group of bacteria. *Salmonella typhimurium* is one of the most important causes of food poisoning in humans in the world. This organism is one of the most common pathogens that can be transmitted from animals to humans. Gastroenteritis is the most common *Salmonella* infection caused by these serotypes. *Salmonella* is transmitted through the consumption of contaminated food, which has led to increased public health concerns. Antibiotic resistance genes in *Salmonella* cause them to become resistant to antibiotics. *Salmonella* species have the ability to acquire antibiotic resistance in a variety of ways. The emergence of antibiotic resistance has now become a growing problem among *Salmonella* species and has created increasing health and medical problems in the control and treatment of infections caused by this bacterium. Therefore, the pattern of antibiotic resistance in samples *Salmonella* is clinically very important. Rapid and reliable tests in medical, veterinary and food laboratories for the diagnosis of *Salmonella* are important and necessary. *Salmonella* affects a wide range of vertebrates and *Salmonella* infections in humans occur mainly through the consumption of substances contaminated with this bacterium. The disease must be diagnosed very quickly. Invasion of the intestinal mucosa is an important and fundamental step in the pathogenesis of *Salmonella*. *Salmonella typhimurium* is mainly transmitted through direct and indirect human contact with an infected source. *Salmonella* carries chromosomal and plasmid genes that play a major role in the virulence and invasion of this bacterium. One of the most important virulence factors is the *Salmonella* Vir, Inv, and Int genes. *Bifidobacterium* bacteria can be named as the most important probiotics used in food products. *Bifidobacterium* (*Langum*, *Catnulatatum*, *Bruch*, *Bifidum*) are gram-positive bacteria that are the dominant and normal intestinal microflora in 80% of children and 25% of adults is considered. Due to the probiotic effects of *Bifidobacteria*, these bacteria as living microorganisms that have a positive effect on the treatment of pathogenic conditions, our findings showed that the integron I gene has a high prevalence among *Salmonella* species. *Bifidobacterium* is one of the most important species of probiotics known and today extensive efforts are being made to use them in food products. Probiotics are in fact food supplements containing living microorganisms that affect the health of their host by balancing the microbial flora of the gastrointestinal tract.

Yogurt is the most common dairy product containing probiotics, and other ingredients such as cheese, fermented and non-fermented milk, and fruit juices can also be used as probiotics. Dietary supplements can generally also contain probiotics. The aim of this study was to molecularly investigate *Salmonella typhimurium* integron gene isolated from food sources

Keywords

Salmonella typhimurium,
integron I, II, III,
Probiotic,
Real time PCR

Received: 30/06/2020

Published: 30/09/2020

and the effect of Bifidobacterium bifidum probiotic on its expression by Real time PCR.

Methods: In the present study, 138 food samples (milk, meat, chicken, fish, etc.) were collected to advance the project and transferred to a microbiology laboratory in a sterile container with a special lid at 4° C. In the laboratory for preparation, samples were precipitated with a uniform solution of phosphatase phosphate and then solid particles and woody substances in food, using a centrifuge at 3000 rpm for 5 minutes and the upper liquid in another sterile container. Stored at 4° C for subsequent experiments. Culture and Isolation: After culturing and growing the samples, Salmonella-Shigla agar (MC) agar, hectone, bismuth sulfite agar were transferred to differentiated mediums of McConkey Agar (MC) and placed at 37° C for 24 hours. Suspected Salmonella colonies (green colonies with black halo or without black halo) to confirm the diagnosis by biochemical tests and differential media TSI, SIM, Simon citrate, urease, MRVP, lysine iron agar, Broth malonate, IMViC was performed. After culturing in solid medium, BHI was refrigerated at 4° C. Isolated bacteria that had a + - + - reaction in the IMViC test and an alkaline / acid reaction in TSI medium were selected and isolated with suspicion of oxidase and ONPG colonies suspecting Salmonella and by comparing the results with tables Biochemical, biochemical confirmation of bacteria was performed. After extracting DNA from isolated Salmonella typhimurium isolate, the polymerase chain reaction was performed using the necessary materials and a suitable program, the presence of II, Int, Int III IntI genes was investigated with a specific primer. Determination of intI gene expression under the influence of Bifidobacterium bifidum probiotic. Before performing the polymerase chain reaction, 0.1 mg / ml gram of Bifidobacterium bifidum probiotic was infused in 20 ml of BHI and half of McFarland was added to Bifidobacterium bifidum intI positive. After 15 hours of incubation (Late log phase) is the best step for RNA extraction. After 15 hours, RNA extraction was performed. Bacterial suspension (bacteria with intI gene and determined by their MIC in the presence of probiotic Bifidobacterium bifidum, which are in the logarithmic phase of growth) (OD = 0.4-0.6 = 600-4) was used. The Qiagen DNase kit was used to remove genomic DNA. cDNA synthesis was performed using Reverse AMV enzyme at a concentration of 25 I / unit (Roche) then to calculate the expression of integron gene and draw diagrams Corresponding software was determined and the amount of target gene expression was calculated. Expression rate analysis was performed by relative measurement of mRNA expression compared to standard strains.

Results: In this study, Salmonella typhimurium integron virulence gene isolated from clinical cases under the influence of bifidum probiotic was identified by Real time PCR technique. From 138 food samples, 12 Salmonella strains were isolated, all of which had integron I gene. And the effect of antimicrobial agent on gene expression and according to the research done in this study, the Fold Change rate for intI gene is -1.13, which indicates that this gene in the treated group compared to the untreated group /13. Decreased 1 times. Which indicates a decrease in the expression and relative inhibitory effect of Bifidobacterium bifidum and a 1.13% decrease in the expression of the gene under the influence of probiotic treatment.

Conclusion: In fact, combination treatment of Bifidobacterium bifidum probiotics with common antimicrobial drugs showed good antibacterial effects against Salmonella species and the rate of increased bacterial growth was dependent on the probiotic concentration. As a result, low-dose probiotics can be a viable alternative to single-drug treatment for Salmonella infections, with benefits such as preventing adverse effects during treatment, saving on medication, and reducing costs.

Conflicts of interest: None

Funding: None

Cite this article as:

Estabergi E, Amini K, Shojaee Saadi B, Arak S. Molecular study of Salmonella typhimurium integrons gene isolated from food sources and the effect of probiotic Bifidobacterium bifidum on its expression by Real time PCR. Razi J Med Sci. 2020;27(7):65-77.

*This work is published under CC BY-NC-SA 3.0 licence.

مقدمه

سالمونلاها دارای ویژگی‌های عمومی خانواده انتروباکتریاسه، باسیل‌های گرم منفی، بی‌هوازی اختیاری، غیر اسید فست و بدون اسپور، گروه بزرگی از باکتریها به شمار می‌روند. سالمونلا تیفی موریوم از مهم‌ترین عوامل مسمومیت‌های غذایی در انسان در جهان به شمار می‌رود. این ارگانیسم یکی از شایع‌ترین پاتوژن‌های قابل انتقال از حیوانات به انسان می‌باشد. گاستروانتریت شایع‌ترین و متداول‌ترین عفونت سالمونلایی است که توسط این سروتیپ‌ها ایجاد می‌گردد. باکتری سالمونلا از طریق مصرف مواد غذایی آلوده انتقال می‌یابد که منجر به افزایش نگرانی در سطح بهداشت عمومی شده است (۱).

ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی در سالمونلاها باعث مقاومت آنها نسبت به آنتی‌بیوتیک‌ها می‌گردند. گونه‌های سالمونلا این توانایی را دارند که از راه‌های مختلف مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی را کسب نمایند. بروز مقاومت آنتی‌بیوتیکی هم‌اکنون به مشکلی رو به گسترش در میان گونه‌های سالمونلا تبدیل شده و معضلات بهداشتی و پزشکی رو افزایشی را در کنترل و درمان عفونت‌های حاصل از این باکتری به وجود آورده است. بدین جهت بررسی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی در نمونه‌های بالینی سالمونلا بسیار حائز اهمیت می‌باشد. آزمایش‌های سریع و قابل اعتماد در آزمایشگاه‌های تشخیص پزشکی، دامپزشکی و صنایع غذایی به منظور تشخیص سالمونلاها امری مهم و ضروری به نظر می‌رسد (۲).

سالمونلا طیف وسیعی از مهره‌داران را تحت تأثیر قرار داده و عفونت‌های سالمونلایی در انسان عمدتاً از راه مصرف مواد آلوده به این باکتری رخ می‌دهد در ایران دومین عامل ایجادکننده اسهال در انسان، پس از شیگلا باکتری سالمونلا می‌باشد که جهت جلوگیری از انتشار می‌بایست بیماری خیلی سریع تشخیص داده شود. تهاجم به مخاط روده مرحله مهم و اساسی در بیماری‌زایی سالمونلاها می‌باشد. سالمونلا تیفی موریوم عمدتاً از طریق تماس مستقیم و غیرمستقیم انسان با منشأ آلوده منتقل می‌شود. سالمونلاها، حامل ژن‌های کروموزومی و پلاسمیدی هستند که در حدت و تهاجم این باکتری نقش عمده و اساسی دارند از مهم‌ترین

عوامل حدت، ژن‌های *Vir*، *Inv*، *Int*، سالمونلا می‌باشد (۳، ۴).

این‌تگرون‌ها واحدهای ژنتیکی بوده که در انتشار کاست‌های ژنی متحرک در میان میکروارگانیسم‌های گرم منفی شرکت دارند. تحرک این‌تگرون‌ها با پلاسمیدها و ترانسپوزون‌ها تسهیل می‌شود. این‌تگرون‌ها از طریق ترانسپوزون‌ها و پلاسمیدها انتشار ژن‌های مقاومت در میان باکتری‌ها را امکان‌پذیر می‌کنند. به نظر می‌رسد که حضور این‌تگرون در سویه‌ها موجب افزایش مقاومت آن‌ها نسبت به انواع باکتری‌های رایج می‌شود. این‌تگرون‌های کلاس I نقش مهمی در ایجاد این مقاومت‌های چندگانه دارند. رایج‌ترین کاست این‌تگرون حاوی ژن‌های مرتبط با مقاومت در برابر طیف وسیعی از عوامل ضد میکروبی، آنتی‌بیوتیک‌ها، آنتی‌سپتیک‌ها، دزاینفکتانت‌ها است (۵).

Resistance Integrons بر اساس توالی ژن این‌تگراز (*int*) دسته‌های این‌تگرون‌ها I، II، III، IV و اخیراً V که در ارتباط با IS ترانسپوزون‌ها و پلاسمیدهای مختلف بوده و در صورت فراهم آمدن شرایط مناسب از یک باکتری به باکتری دیگر به صورت درون‌گونه‌ای و برون‌گونه‌ای منتقل می‌شوند (۶، ۷).

این‌تگرون‌های کلاس I معمولاً در باکتری‌های گرم منفی به ویژه انتروباکتریاسه وجود دارند. آن‌ها در بسیاری از نقاط دنیا در ایزوله‌های سالمونلا دیده شده‌اند (۸). تا کنون بیش از ۱۰۰ کاست ژنی مختلف در این‌تگرون‌ها و ۵۰ کاست در ارتباط با این‌تگرون‌های کلاس I توصیف شده است که موجب مقاومت به تمامی آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام، تمام آمینوگلیکوزیدها، کلرامفنیکل، تری‌متوپریم، ریفامپین، اریترومایسین، فسفومایسین، استرپتومایسین، لینکومایسین، ترکیبات چهارتایی آمونیوم و دیگر آنتی‌سپتیک‌ها می‌شوند، بنابراین در ایجاد مقاومت آنتی‌بیوتیکی نقش بسیار مهمی دارند (۹).

این‌تگرون‌های دسته اول در ۵۹-۲۲٪ از جدایه‌های کلینیکی باکتری‌های گرم منفی وجود دارند. بیشتر این‌تگرون‌های دسته اول که روی کروموزوم باکتری‌ها واقع شده‌اند در جدایه‌های خارج بیمارستان به وجود می‌آیند اما آن‌هایی که روی پلاسمید و ترانسپوزون‌ها قرار دارند اکثراً در محیط‌های کلینیکی و بیمارستان‌ها

شکل می‌گیرند (۱۰).

این اینتگرون‌ها از دو قسمت با توالی ثابت و یک قسمت متغیر تشکیل شده‌اند. بخش ثابت سمت که شامل آنزیم اینتگراز (*att I, int I*) (Attachment site) و پروموتورژن اینتگراز (Pint) و بخش ثابت دیگر سمت که معمولاً دارای ژن‌های *qacE* (ژن مقاومت به ترکیبات چهارتایی آمونیوم مانند اتیدیموم بروماید و ستریامید) و ژن *sul I* (ژن مقاومت به ترکیبات سولفونامیدی) است. در بین دو قطعه اینتگرون یک ناحیه متغیر داخلی وجود دارد که حاوی یک یا چند کاست ژنی مقاومت به آنتی‌بیوتیک است که تحت بیان همزمان پروموتور قدرتمند PC قرار می‌گیرند (۱۱). مطالعات زیادی از حضور اینتگرون‌های کلاس I در باکتری‌های گرم مثبت نیز ارائه شده است. اینتگرون‌های کلاس I در سالمونلاها می‌توانند درون ترانسپوزون‌ها، کروموزوم و پلاسمید قرار گیرند (۱۲، ۱۳).

از باکتری‌های بیفیدوباکتریوم می‌توان به عنوان مهم‌ترین پروبیوتیک‌های مورد استفاده در محصولات غذایی نام برد. بیفیدوباکتریوم‌ها (لانگوم، کاتنولاتوم، بروه، بیفیدوم) از باکتری‌های گرم مثبتی هستند که میکروفلور غالب و طبیعی روده ۸۰ درصد از کودکان و ۲۵ درصد بزرگسالان محسوب می‌شود. با توجه به اثرات پروبیوتیکی بیفیدوباکتریوم‌ها، این باکتری‌ها به عنوان میکروارگانیزم‌های زنده که اثری مثبت بر درمان شرایط بیماری‌زایی دارند یافته‌های ما نشان داد که ژن اینتگرون I دارای شیوع بالایی در بین گونه‌های سالمونلا است. بیفیدوباکتریوم‌ها از مهم‌ترین گونه‌های پروبیوتیک شناخته شده هستند (۱۴) و امروزه تلاش‌های وسیعی در جهت استفاده از آنها در محصولات غذایی در حال انجام است. پروبیوتیک‌ها در حقیقت‌های مکمل غذایی‌های حاوی میکروارگانیزم زنده هستند که با ایجاد تعادل در فلور میکروبی دستگاه گوارش، روی سلامتی میزبان خود تاثیر می‌گذارند (۱۵).

ماسه، معمول‌ترین ماده لبنی حاوی پروبیوتیک‌هاست و از دیگر ترکیبات مانند پنیر، شیرهای تخمیر شده و غیرتخمیری، آب میوه نیز می‌توان به‌عنوان پروبیوتیک استفاده کرد. عموماً مکمل‌های غذایی نیز می‌توانند حاوی پروبیوتیک‌ها باشند

(۱۴). هدف این مطالعه، بررسی مولکولی ژن اینتگرون سالمونلا تیفی موریوم جدا شده از منابع غذایی و تاثیر پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان آن با روش Real time PCR می‌باشد.

روش کار

نمونه برداری: در مطالعه حاضر جهت پیشبرد پروژه ۱۳۸ نمونه مواد غذایی (شیر، گوشت، مرغ، ماهی و غیره) جمع‌آوری و در ظرف استریل و درپوش دار مخصوص در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد به آزمایشگاه میکروب شناسی منتقل شد. در آزمایشگاه جهت آماده‌سازی، نمونه‌ها با محلول فسفات بافرسالین یکنواخت و سپس ذرات جامد و مواد خشبی موجود در مواد غذایی، با استفاده از سانتریفوژ با سرعت ۳۰۰۰ دور در دقیقه به مدت ۵ دقیقه رسوب داده شد و مایع فوقانی در ظرف استریل دیگری در ۴ درجه سانتی‌گراد جهت آزمایشات بعدی نگهداری شد.

کشت و جداسازی: بعد از کشت و رشد نمونه‌ها، در محیط‌های انتخابی افتراقی مک‌کانکی آگار (MC) سالمونلا-شیگلا (SS) آگار، هکتون، بیسموت سولفیت آگار انتقال و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند (۱۶) پرگنه‌های مشکوک به سالمونلا (کلنی‌های سبز با هاله سیاه و یا بدون هاله سیاه) را جهت تایید تشخیص به روش تست‌های بیوشیمیایی و محیط‌های افتراقی TSI، SIM، سیترات، اوره آز، MRVP، لیزین ایرون آگار، مالونات برات، IMViC صورت گرفت. پس از کشت در محیط جامد BHI در یخچال ۴ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت. باکتری‌های جدا شده که دارای واکنش + - - + در آزمایش IMViC و واکنش آلکالین/اسید در محیط TSI بودند انتخاب شدند و با تست‌های اکسیداز و ONPG کلنی مشکوک به سالمونلا را جدا کرده (۱۶) و با مقایسه نتایج بدست آمده با جداول بیوشیمیایی، تایید بیوشیمیایی باکتری صورت گرفت.

آماده‌سازی DNA استخراج DNA الگو یا Template برای انجام واکنش PCR طی دومرحله صورت پذیرفت. ابتدا ۱۳۸ نمونه مواد غذایی سوپه سالمونلا تیفی موریوم جدا شده از بیماران را در لوله‌های مخصوص ۲ ml قرار داده شد، در این حالت، باید تعداد باکتریها در هر mg کدورتی معادل $10^9 \times 2$

جدول ۱- پرایمرهای ژن اینتگرون مورد مطالعه (۱۷)

| نام آغازگر | توالی | دما | اندازه bp |
|----------------|---|-----|-----------|
| <i>Int I</i> | F:CAGTGGACATAAGCCTGTTC R:CCCGAGGCATAGACTGTA | ۵۹ | ۱۶۰ |
| <i>Int II</i> | F:CACGGATATGCGACAAAAGGT R:GTAGCAAACGAGTGACGAAATG | ۵۹ | ۷۸۸ |
| <i>Int III</i> | F:GCCTCCGGCAGCGACTTTCAG R:ACGGATCTGCCAAACCTGAC | ۵۹ | ۹۷۹ |

جدول ۲- برنامه تنظیم درجه حرارت و زمان برای انجام مراحل PCR

| تعداد سیکل | زمان (ثانیه) | دما (درجه سلسیوس) | مرحله |
|------------|--------------|-------------------|------------------------|
| - | ۶۰۰ | ۹۵ | واسرشت اولیه |
| - | ۳۰ | ۹۵ | واسرشت |
| - | ۴۰ | ۵۵ | اتصال |
| - | ۶۰ | ۷۲ | بازآرایی (گسترش) |
| ۳۵ | ۶۰۰ | ۷۲ | بازآرایی نهایی (گسترش) |

Int I, *Int III*, *Int* با پرایمر اختصاصی صورت گرفت. مواد لازم برنامه مناسب و پرایمرهای اختصاصی در زیر آورده شده است. پس از آماده شدن نمونه، مخلوط حاصل در حجم نهایی ۲۵ μ l به دستگاه ترموسایکلر ساخت کشور آلمان، Gradient Masterrcycler Eppendorf که از قبل روشن و درجه حرارت آن برای مراحل مختلف تنظیم شد، انتقال یافت. برنامه تنظیم درجه حرارت و زمان برای انجام مراحل PCR سالمونلا تیفی موریوم با استفاده از پرایمرهای فوروارد F و ریورس R براساس جدول ۲ بود.

الکتروفورز ژل آگاروز، روشی استاندارد برای بررسی و تفکیک قطعات DNA حاصل از PCR می‌باشد. مزایای این روش ساده و سریع بودن انجام آن و توانایی جداسازی قطعات DNA است. موقعیت و محل در ژل توسط رنگ آمیزی با غلظت‌های پایین محلول رنگ اریترئول و مشاهده مستقیم آن تحت تأثیر تابش نور ماورای بنفش مشخص می‌شود. برای جدا کردن DNA با طول کوچک از غلظت بالای ژل آگارز استفاده شده و در حالی که برای تفکیک DNA هایی با طول بزرگ غلظت‌های پایین آگاروز مورد استفاده قرار گرفت.

بررسی اثر ضد میکروبی پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان ژن اینتگرون: از کلنی تازه کشت شده (۱۶ تا ۲۴ ساعت) برداشت کرده و در سرم فیزیولوژی استریل حل شد. کدورت سوسپانسیون ۰/۵ مک فارلند بود، برای تطابق از سرم

داشته باشد. سپس نمونه‌ها را به مدت ۵ دقیقه در دور موتور ۴۰۰۰ rpm سانتریفیوژ کرده. سپس ۱۰۰ μ l از بافر Prelysis برای حل کردن دیواره باکتریها و ۱۰ μ l از Ribotynase را به لوله مخصوص اضافه شد. در هر مرحله اضافه کردن نمونه‌ها خوب هم زده شد (۱۷)، (۱۸).

مطابق دستور العمل کارخانه استخراج DNA انجام گردید. در مرحله بعد به وسیله Vortex لوله مخصوص را خوب هم زده سپس در Hot plate در دمای ۵۵ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ دقیقه قرار گرفت. سپس ۱۰۰ μ l از محلول که کاملاً لزج است به لوله‌های مخصوص انتقال داده شد. این آخرین مرحله روند آماده سازی می‌باشد.

ارزیابی کمی و کیفی DNA غلظت DNA در نمونه‌های استخراج شده با استفاده از روش فلورومتر بررسی شد. زمان اندازه‌گیری سریع در کمتر از ۵ ثانیه، قابلیت اندازه‌گیری مقادیر بسیار کم DNA و تعیین غلظت‌های بالاتر بدون نیاز به رقیق سازی صورت گرفت. **آماده سازی پرایمرها:** طبق مطالعات انجام شده، ۳ جفت پرایمر مناسب انتخاب و جهت تهیه به شرکت Bioneer سفارش داده شد (جدول ۱).

واکنش زنجیره ای پلیمرز چندگانه Multiplex PCR): پس از استخراج DNA از سالمونلا تیفی موریوم ایزوله شده واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با استفاده از مواد لازم و برنامه مناسب، بررسی حضور ژنهای II

BHI برات ریخته و معادل نیم مک فارلند به آن بیفیدوباکتریوم بیفیدوم *intI* مثبت اضافه شد. پس از ۱۵ ساعت انکوبه گذاری (Late log phase) بهترین مرحله برای استخراج RNA است. پس از گذشت ۱۵ ساعت استخراج RNA به شرح ذیل انجام شد (۱۹).

استخراج RNA: برای این منظور از RNA کلی برای واکنش های تکثیر پرایمر استفاده شد. برای استخراج RNA از میکروکیت RNeasy (شرکت Qiagen) استفاده شد. سوسپانسیون باکتریایی (باکتری های واجد ژن *intI* بودند و با تعیین MIC آن ها در حضور پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم که در فاز لگاریتمی رشد قرار دارند) (۰/۴-۰/۶ OD_{۶۰۰}) مورد استفاده قرار گرفت. برای حذف DNA ژنومی از کیت DNase Qiagen استفاده شد.

سنتز cDNA سنتز cDNA با استفاده از آنزیم Reverse AMV با غلظت ۲۵ μl/unit (شرکت Roche) انجام شد. بدین ترتیب RNA استخراج شده برای مدت ۳ دقیقه در دمای ۶۵ درجه سانتی گراد انکوبه شد. سپس نسخه برداری معکوس (RT) در در دمای ۴۲ درجه سانتی گراد به مدت ۶۰ دقیقه با ۲ μl از Random Primer، ۰/۸ μl از آنزیم Reverse AMV Transcriptase، ۲ μl از dNTP ۱۰ میلی مولار، ۱ میکرولیتر Rnase inhibitor و ۲ μl بافر x1۰ آنزیم AMV انجام شد. سپس آنزیم AMV در دمای ۹۹ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه انکوبه و غیرفعال شد.

انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز - Real-Time-PCR واکنش زنجیره ای پلیمرز در حجم ۲۰ μl با استفاده از کیت شرکت (Genet bio CAT. NO: Q9210) کره جنوبی انجام شد (۱۵) سپس برای محاسبه میزان بیان ژن اینتگرین و رسم نمودارهای مربوطه از نرم افزار مشخص و مقدار بیان ژن هدف محاسبه شد. آنالیز میزان بیان با اندازه گیری نسبی بیان mRNA در مقایسه با سویه استاندارد انجام شد.

یافته‌ها

نتایج آزمایشات بیوشیمیایی و میکروبیولوژیکی جهت جداسازی و تشخیص سالمونلا تیفی موریوم: در این مطالعه از ۱۳۸ نمونه مواد غذایی مورد بررسی ۱۲ جدایه سالمونلا تیفی موریوم به دست آمد (جدول ۳).

فیزیولوژی استریل استفاده شد تا کدورتی مشابه با ۰/۵ مک فارلند ایجاد گردد (۱۶).

تعیین MIC پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم: ابتدا در محیط مغذی غلظتهای صفر، ۱/۲، ۱/۴، ۱/۸، ۱/۱۶ و غیره تهیه گردید. به هر یک از رقت های تهیه شده، ۲۰ μl سوسپانسیون باکتری (معادل ۵×۱۰^۵ cfu/ml) اضافه شد. سپس لوله ها به مدت ۲۴ ساعت در ۳۵ درجه سلسیوس گرمخانه گذاری شدند و کدورت و یا عدم کدورت در لوله ها و میزان حداقل غلظت بازدارندگی تعیین گردید. مطابق با استاندارد (NCCLS) حداقل غلظت مهار کننده (MICs) سالمونلا تیفی موریوم در محیط مولر هینتون کشت داده شد. سپس کدورت آن ها با ۰/۵ مک فارلند مورد سنجش قرار گرفت (۱۶). از سویه سالمونلا تیفی موریوم به عنوان شاهد مثبت در این تست استفاده شد. سوسپانسیون سالمونلا تیفی موریوم از ترکیب لیوفیلیزه آن با غلظت ۲۰۴۸ μg در یک سی سی حلال DMSO ساخته شد. برای گذاشتن MIC در چاهک ۹۶ خانه، در مرحله اول ۱۰۰ μl از محیط کشت مولر هینتون برات در چاهک ها ریخته، در مرحله دوم سوسپانسیون بیفیدوباکتریوم بیفیدوم ریخته و تا چاهک دهم رقت سازی شد.

در مرحله سوم ۱۰۰ μl نیم مک فارلند به چاهک ها به طور ثابت اضافه شد به این صورت که پس از مخلوط نمودن سوسپانسیون پروبیوتیک در داخل چاهک های میکروپلیت به مدت ۱۸ ساعت انکوباسیون در دمای ۳۷ درجه در داخل انکوباتور قرار داده شد. پس از گذشت این زمان کدورت های تشکیل شده درون چاهک ها که بر اثر رشد باکتری سالمونلا تیفی موریوم به وجود آمده مشاهده شد و رقت MIC خوانده شد با مشاهده ایجاد کدورت در هر چاهک، چاهک قبلی به عنوان حداقل غلظت مهارکنندگی در نظر گرفته شد، بعد از گرمگذاری نمونه ها به مدت ۲ الی ۳ ساعت در محیط مولر هینتون آگار به صورت چمنی کشت داده شد (۱۶). از نمونه های مقاوم به پروبیوتیک برای استخراج RNA و بررسی میزان بیان ژن ها استفاده شد.

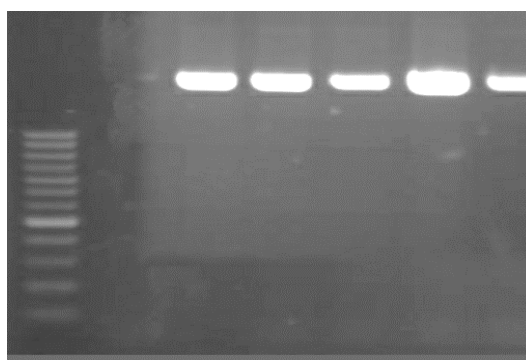
تعیین میزان بیان ژن *intI* تحت تاثیر پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم: قبل از انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز به میزان ۰/۱ mg/ml پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم در حجم ۲۰ ml از



شکل ۱- کلنی‌ها با مرکز سیاه بر روی محیط SS آگار

جدول ۳- نتایج بیوشیمیایی سویه های سالمونلا تیفی موریوم

| VP | MR | TSI | حرکت | اندول | سیمون سیترات | اوره آز | تست |
|----|----|------------------------|------|-------|--------------|---------|----------------------|
| - | + | Alk/A+H ₂ S | + | - | + | - | سالمونلا تیفی موریوم |

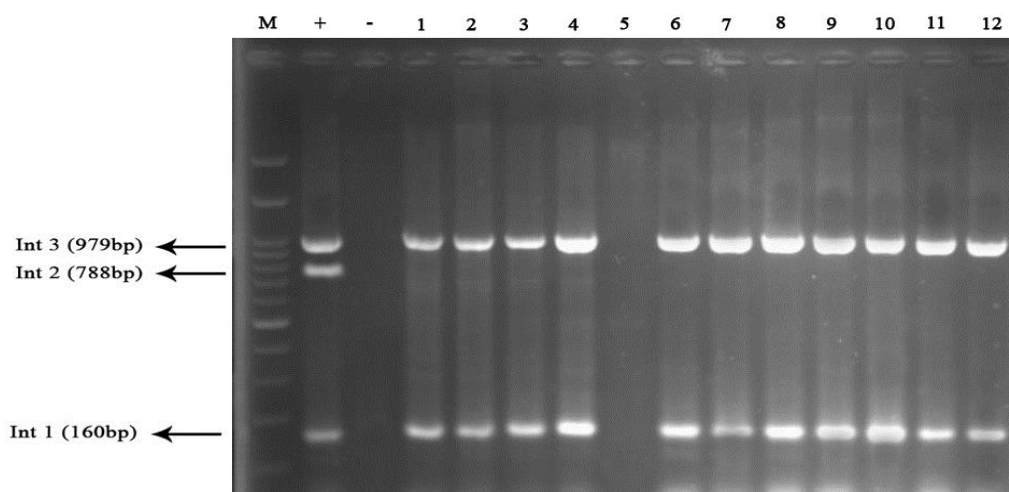


شکل ۲- تایید استخراج DNA

بیانگر معنادار بودن اختلاف بیان این دو ژن در بین دو گروه تیمار شده و تیمار نشده می‌باشد. ردیف (A-B log scale) بیانگر میزان - ddct برای ژن‌ها در گروه تیمار نشده نسبت به گروه تیمار شده می‌باشد. ردیف Fold change نیز بیانگر میزان Fold change گروه تیمار نشده نسبت به گروه تیمار شده می‌باشد. میزان Fold Change برای ژن *intI* برابر ۱/۱۳- که بیانگر این است که این ژن در گروه تیمار شده نسبت به گروه غیر تیمار شده ۱/۱۳ برابر کاهش یافته است. ردیف Count بیانگر تعداد نمونه مورد بررسی می‌باشد. ردیف Mean بیانگر میانگین در دو نمونه است. ردیف STDEV df بیانگر انحراف معیار از میانگین می‌باشد. اگر انحراف معیار مجموعه‌ای از داده‌ها نزدیک به صفر باشد، نشانه آن است که داده‌ها نزدیک به میانگین هستند و پراکندگی اندکی دارند؛ در

نتایج استخراج DNA ایزوله‌های سالمونلا تیفی موریوم در شکل ۲ آمده است. نتایج الکتروفورز PCR جهت بررسی حضور ژن‌های *I, II, III* اینتگرون در شکل ۳ آمده است. با توجه به نتایج بدست آمده از ۱۲ جدایه سالمونلا تیفی موریوم استخراج شده همگی حامل ژن *Int I* بودند و هیچ کدام واجد ژن *Int II, III* نبودند. نتایج در نمودار جدول ذیل قابل مشاهده است (جدول ۴). نتایج مربوط به آزمون Real time PCR نیز در شکل ۴ تا ۶ آمده است.

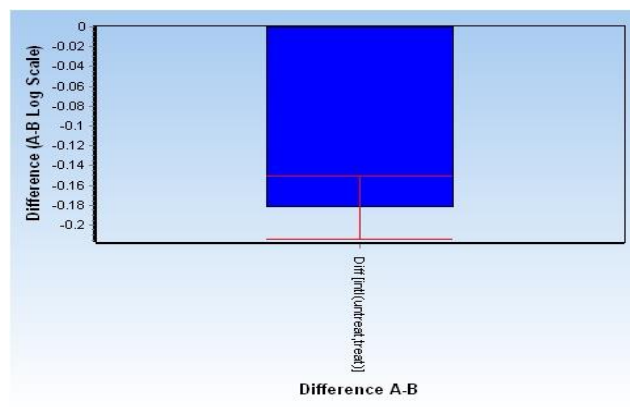
جدول ۵ بیانگر نتیجه T-Test برای داده‌های مورد بررسی می‌باشد. در ستون p-value سطح معنی داری برای هر ژن مشخص شده است. سطح معنی داری ۰/۰۵ به عنوان سطح معنی داری اصلاح شده جهت تعیین معنی داری نتایج استفاده گردید. در جدول فوق میزان P-value برای ژن *intI* از میزان ۰/۰۵ کمتر می‌باشد که



شکل ۳- نتایج آزمون M-PCR از چپ به راست : Ladder 100bp - کنترل مثبت + کنترل منفی - ژنهای *Int I* *Int II* *Int III* قابل مشاهده است.

جدول ۴- فراوانی ژن های اینتگرون در ایزوله های سالمونلا تیفی موربوم

| ژن | فراوانی | درصد |
|---------------|---------|------|
| <i>Int I</i> | ۱۲ | ٪۱۰۰ |
| <i>IntII</i> | . | . |
| <i>IntIII</i> | . | . |



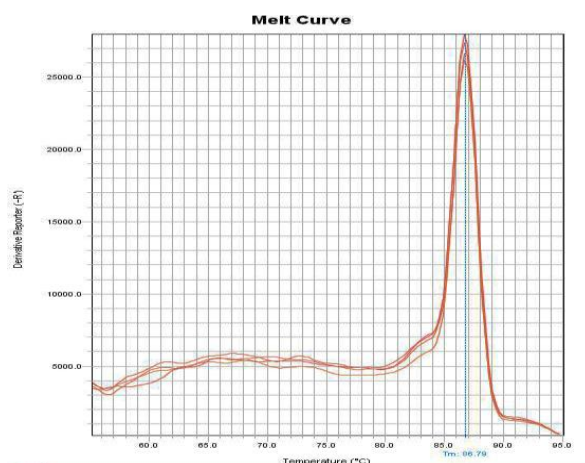
شکل ۴- نمودار تغییرات Fold change

پایین تر تلقی می گردد. سالمونلاها باسیلهای گرم منفی هستند که از طریق آب و مواد غذایی به انسان منتقل و باعث بروز مسمومیت های غذایی، سستی سمی و تب روده ای (حصبه یا تیفوئید) می گردند. این ارگانیسم یکی از شایع ترین پاتوژن های قابل انتقال از حیوانات به انسان می باشد. گاستروانتریت شایع ترین و متداول ترین عفونت سالمونلایی است که توسط این سروتیپها ایجاد می گردد (۲۰، ۲۱).
بروز مقاومت آنتی بیوتیکی هم اکنون به مشکلی رو به گسترش در میان گونه های سالمونلا تبدیل شده و

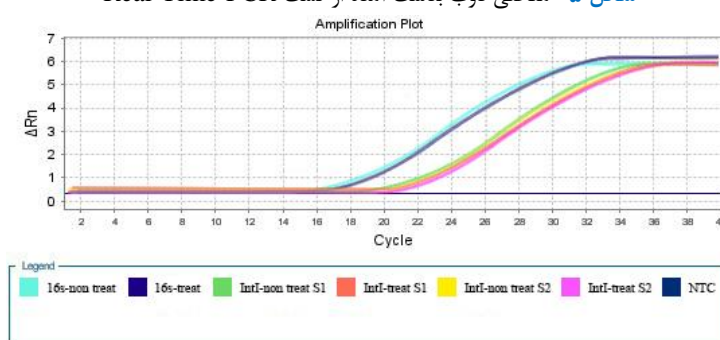
حالی که انحراف معیار بزرگ بیانگر پراکندگی قابل توجه داده ها می باشد. ردیف Confidence Level بیانگر ضریب اطمینان آماری می باشد که با ضریب اطمینان ۹۵٪ محاسبه شده است.

بحث

امروزه کنترل بهداشت مواد غذایی در جوامع بشری از اهمیت ویژه ای برخوردار می باشد که همواره شیوع بیماری های ناشی از مصرف مواد غذایی آلوده یکی از مشکلات مهم به ویژه در جوامع دارای سطح بهداشت



شکل ۵- منحنی ذوب بدست آمده از تست Real-Time-PCR



شکل ۶- نتایج منحنی تکثیر Real Time PC

جدول ۵- جدول نتایج تست t.test

| | intI (untreat) | intI (treat) | Diff [intI (untreat,treat)] |
|----------------------------|----------------|--------------|-----------------------------|
| Sample1 | ۳/۰۶۵ | ۳/۲۴۵ | -۰/۱۸ |
| Sample 2 | ۳/۳۹۵ | ۳/۵۸ | -۰/۱۸۵ |
| count | ۲ | ۲ | ۲ |
| Mean | ۳/۲۳ | ۳/۴۱ | -۰/۱۸۲ |
| STDEV | ۰/۲۳۳ | ۰/۲۳۶ | ۰/۰۰۳ |
| P-Value | | | ۰/۰۰۸ |
| Confidence Level(CI) | | | ٪۹۵ |
| Difference (A-B log scale) | | | -۰/۱۸۲ |
| Fold Change | | | -۱/۱۳ |

می‌رسد (۴). روش‌های متداول جداسازی سالمونلاها امری پر زحمت بوده و حداقل به ۳ روز وقت نیاز دارد. امروزه سعی بر این است که از روش‌های سریع، اما حساس و با ویژگی بالا استفاده گردد. در حال حاضر توسعه روش‌های زیست‌شناسی مولکولی این امکان را فراهم ساخته است که بتوان با این روش‌ها با دقت و سرعت زیاد به شناسایی عوامل بیولوژیک پرداخت (۲۲).

حیدری و همکاران در سال ۱۳۹۰، در پژوهشی جهت

معضلات بهداشتی و پزشکی رو به افزایشی را در کنترل و درمان عفونت‌های حاصل از این باکتری به وجود آورده است. بدین جهت بررسی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی و همچنین بررسی اثرات عوامل ضد میکروبی مختلف از جمله پروبیوتیک‌ها در نمونه‌های سالمونلا حامل ژن‌های حدت بسیار حائز اهمیت می‌باشد. آزمایش‌های سریع و قابل اعتماد در آزمایشگاه‌های تشخیص پزشکی، دامپزشکی و صنایع غذایی به منظور تشخیص سالمونلاها امری مهم و ضروری به نظر

انتریتیدیس انسان و طیور را نشان می دهد و این قضیه می تواند به علت درصد بالای سالمونلا های مقاوم چندین آنتی بیوتیک باشد (۲۶) در تحقیق حاضر نیز فراوانی بیشتر اینتگرون I نسبت به سایر ژن ها مشهود بود.

Thobeka P. Mthembu و همکاران ۲۰۱۹، در مجموع ۳۶۱ نمونه به طور تصادفی از حیوانات مختلف جمع آوری شد. گونه سالمونلا با استفاده از روش های میکروبیولوژیکی و مولکولی DNA جدا شده و شناسایی شدند. ۲۹ سویه (۳۰/۲ درصد) سالمونلا ها که متعلق به گونه سالمونلا انتریکا بودند، ژن های حدت که از سالمونلا مرتبط مورد بررسی قرار گرفتند، شامل *invA*، *spiC*، *aroB*، *int1* و *pipD* بودند. از نظر آماری ارتباط معنی داری بین ژن های حدت، محل نمونه گیری، میزبان حیوانات و همچنین فصلی که نمونه ها جمع آوری شد، علاوه بر این، بین اکثر ژن های حدت مورد بررسی، همبستگی مثبت و معنادار مشاهده شد. یکی از مطالعات اخیر برای کشف و بررسی گونه های سالمونلا مرتبط با دام بود که خطرات بالقوه بیماری زایی سالمونلا ها و به ویژه انتقال بیماری های ناشی از غذا آلوده به سالمونلا را با استفاده از رویکرد جهانی نشان داد (۶).

صفری و همکاران در سال ۱۳۹۴، در مطالعه ای توصیفی-مقطعی بر روی ۱۰۰ ایزوله/استافیلوکوک اورئوس مقاوم به متیسیلین با روش Real time PCR پرداختند پس از کشت، ایزوله ها با تست های بیوشیمیایی مختلف تایید شدند سپس آزمون PCR برای ژن *mec* جهت تایید ایزوله ها و در نهایت شناسایی اینتگرون های I و II و کاست های ژنی بر روی ایزوله های *mecA* صورت گرفت. از ۱۰۰ ایزوله ۴۱ ایزوله مولد ژن *mecA* شدند ۳۸ و ۳ ایزوله به ترتیب مولد اینتگرون کلاس I و II بودند (۱۸).

همانند مطالعه Santos و Park و همکارانش ۲۰۰۸ که نشان دادند روش PCR تکنیکی مناسب جهت شناسایی سالمونلاها در مواد غذایی به خصوص شیر و مرغ است (۲۷)، این مطالعه نیز نشان داد که تاثیر پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر بیان ژن اینتگرین با بررسی توسط تکنیک Real time PCR در مقایسه با سایر روشها ثربخشی بهتری دارد.

بررسی اثرات پروبیوتیک های لاکتوباسیل/اسیدوفیل و بیفیدوباکتریوم بیفیدوم بر تغییر بیان ژن گروهی از ژن ها در شهر دامغان پرداختند که مشخص شد پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم تغییرات معنی داری نسبت به لاکتوباسیلوس/اسیدوفیلوس ایجاد کرده و در بیان ژن های موثر در کلون تاثیرگذار تر بوده در حالی که در بافت کبد هر دو پروبیوتیک تاثیرگذار بودند که با تحقیق حاضر هم خوانی دارد و مطابق است (۲۳).

ضیغمی و همکاران در سال ۱۳۹۲ در مقاله ای تحت عنوان اینتگرون ها و نقش آن ها در بروز مقاومت آنتی بیوتیک در شهر زنجان پرداختند و با بررسی کامل اینتگرون های کلاس I، II، III، سوپر اینتگرون ها و کاست های ژنی و شرح کامل نقش اینتگرون ها در انتقال مقاومت های آنتی بیوتیکی، اهمیت مطالعه و شناسایی آنها جهت اجرای برنامه های کنترل عفونت و ممانعت از انتشار سویه های مقاوم را مطرح کردند (۲۴).

David G. White و همکاران ۲۰۰۳، جدایه سالمونلا به دست آمده از خوک بیمار از نظر ژنتیکی برای بررسی حضور مکانیسم های ویژه مقاومت ضد میکروبی مشخص شدند. ۲۰ نمونه از این جدایه ها به عنوان سویه های *S. Typhimurium* شناخته شده و تمام سویه ها شامل اینتگرون I، II کروموزومی بودند که این دو اینتگرون به ترتیب مقاومت به استرپتومایسین و آمپی سیلین را رمزگذاری می کنند. این تحقیق نشان می دهد که اینتگرون ها به مقاومت ضد میکروبی در میان سروتیپ های سالمونلا کمک می کنند. با این حال، آن ها به عنوان گسترده در میان سروتیپ سالمونلا غیر تیفی موریوم نیز همانطور که قبلاً تصور می شد حضور دارند (۲۵).

منصوری نژند و همکاران در سال ۱۳۹۱ در کرمان ۱۵ نمونه سالمونلا/انتریتیدیس از سطح بیمارستان های ۱۵ جدایه از مرغداری های استان کرمان مورد بررسی قرار گرفت جدایه ها پس از تایید در دمای ۳۰ درجه در محیط مایع لوریا برتانی برات به همراه ۳۰ درصد گلیسرول نگه داری شدند آزمایش PCR برای بررسی حضور اینتگرون کلاس یک جدایه ها انجام شد ۳۰ جدایه جدا شد که ۲۳ جدایه دارای اینتگرون کلاس ۱ بودند ۸ جدایه از طیور و ۱۵ جدایه از انسان مثبت بود. فراوانی بالای حاملان اینتگرون مثبت در بین سالمونلا

3. Maciel B, Dias J, Romano C, Sriranganathan N, Brendel M, Rezende R. Detection of Salmonella Enteritidis in asymptomatic carrier animals: comparison of quantitative real-time PCR and bacteriological culture methods. *Genet Mol Res.* 2011;10(4):2578-88.

4. Ranjbar, Mirzaei, Fard P, Noorkhoda, Jafari J, Allah N. Molecular typing of clinical isolates of Salmonella infantis isolated in Tehran. *J Mil Med Pac.* 2014; 16 (1): 17-22.

5. Race A, Dream, Amini. Evaluation of antibiotic resistance pattern and expression of pathogenic genes of *mgtC*, *spi4R*, *agfA*, *invE* / A and *ttrC* in Salmonella infantis isolated from clinical specimens. *Feiz-Kashan Univ Med Sci.* 2017; 21 (5): 443-9.

6. Mthembu TP, Zishiri OT, El Zowalaty ME. Detection and Molecular Identification of Salmonella Virulence Genes in Livestock Production Systems in South Africa. *Pathogens.* 2019;8(3):124.

7. Almeida F, Pitondo-Silva A, Oliveira MA, Falcão JP. Molecular epidemiology and virulence markers of Salmonella Infantis isolated over 25 years in São Paulo State, Brazil. *Infect Gen Evol.* 2013;19:145-51.

8. Jin Y, Ling J. Prevalence of integrons in antibiotic-resistant Salmonella spp. in Hong Kong. *Jpn J Infect Dis.* 2009;62(6):432-9.

9. Eid HMI. Rapid detection of salmonella in dairy cows using polymerase chain reaction. *Am J Sci.* 2010;6(10).

10. Boucher Y, Labbate M, Koenig JE, Stokes H. Integrons: mobilizable platforms that promote genetic diversity in bacteria. *Trends Microbiol.* 2007;15(7):301-9.

11. Hall LJ, Clare S, Pickard D, Clark SO, Kelly DL, El Ghany MA, et al. Characterisation of a live Salmonella vaccine stably expressing the Mycobacterium tuberculosis Ag85B-ESAT6 fusion protein. *Vaccine.* 2009;27(49):6894-904.

12. Silva FV, Gibbs PA. Thermal pasteurization requirements for the inactivation of Salmonella in foods. *Food Res Int.* 2012;45(2):695-9.

13. Silva A, Barbosa F, Duarte R, Vieira L, Arantes R, Nicoli J. Effect of Bifidobacterium longum ingestion on experimental salmonellosis in mice. *J Appl Microbiol.* 2004;97(1):29-37.

14. Kerry RG, Patra JK, Gouda S, Park Y, Shin H-S, Das G. Benefaction of probiotics for human health: A review. *J Food Drug Anal.* 2018;26(3):927-39.

15. Firoozeh F, Zahraei-Salehi T, Shahcheraghi F, Karimi V, Aslani MM. Characterization of class I integrons among Salmonella enterica serovar Enteritidis isolated from humans and poultry. *FEMS Immunol Med Microbiol.* 2012;64(2):237-43.

16. Mahon CR, Lehman DC, Manuselis G. Textbook of diagnostic microbiology-e-book: Elsevier Health Sciences; 2018.

17. Soumet C, Ermel G, Rose N, Rose V, Drouin P, Salvat G, et al. Evaluation of a multiplex PCR assay

نتیجه گیری

نتیجه آنکه در این مطالعه به شناسایی ژن حدت /ینتگرون سالمونلا تیفی موریوم جدا شده از موارد بالینی تحت تاثیر پروبیوتیک بیفیدوم با تکنیک Real time PCR پرداخته شد. از تعداد ۱۳۸ نمونه مواد غذایی ۱۲ سویه سالمونلا جداسازی شد که همگی واجد ژن /ینتگرون I بودند. و اثر ماده ضد میکروبی بر بیان ژن تاثیر گذار بوده و بر اساس تحقیقات صورت گرفته در این مطالعه میزان Fold Change برای ژن *intI* برابر ۱/۱۳- که بیانگر این است که این ژن در گروه تیمار شده نسبت به گروه غیر تیمار شده ۱/۱۳ برابر کاهش یافته است. که بیانگر کاهش بیان و اثر مهار کننده بیفیدوباکتریوم بیفیدوم و کاهش ۱/۱۳ درصدی بیان ژن مذکور تحت تاثیر تیمار با پروبیوتیک است. در واقع درمان ترکیبی پروبیوتیک بیفیدوباکتریوم بیفیدوم با داروهای ضد میکروبی رایج، اثرات ضد باکتری خوبی را علیه گونه های سالمونلا نشان می دهند و میزان افزایش رشد باکتری وابسته به غلظت پروبیوتیک بود. نتیجتاً پروبیوتیک با حداقل دوز مصرفی می تواند جایگزین مناسبی برای درمان تک دارویی عفونت های سالمونلا، همراه با مزایایی مانند جلوگیری از بروز اثرات نامناسب در مراحل درمان، صرفه جویی در مصرف دارو و کاهش هزینه ها است.

تقدیر و تشکر

این مقاله که استخراج از پایان نامه کارشناسی ارشد با کد ۹۸۰۰۴۵۹۸۷۳۶۱ بوده حاصل فعالیت آزمایشگاهی میکروبیولوژی است. بدینوسیله از کلیه عزیزانی که در انجام این فعالیت علمی راهنمایی مفید و ارزنده داشتند قدردانی و تشکر می گردد.

References

- Ahmadi M, Dalirneghadeh B, Aski HS, Khoshbakht R. Comparison of polymerase chain reaction (PCR) and conventional cultivation methods for detection of carriers of Salmonella spp. in cattle and buffalo. *Comp Clin Path.* 2010;19(3):251-5.
- Nielsen LR. Review of pathogenesis and diagnostic methods of immediate relevance for epidemiology and control of Salmonella Dublin in cattle. *Vet Microbiol.* 2013;162(1):1-9.

for simultaneous identification of *Salmonella* sp., *Salmonella* Enteritidis and *Salmonella* Typhimurium from environmental swabs of poultry houses. *Lett Appl Microbiol.* 1999; 28 (2): 113-7.

18.Safari, Nasim, Alikhani, Yousef M., Ahmadi H, Saudi Arabian. Prevalence of class I and II integrons in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates isolated from Hamadan hospitals. *Qom Univ Med Sci J.* 2017; 11 (3): 57-65.

19.Hirschhorn N, Pierce N, Kobari K, Carpenter C, McLaughlin J, DePola BC. SK Bhattacharya and D Sur, National Institute of Cholera and Enteric Diseases, Kolkata, India. *Public Health and Infect Dis.* 2010;353:141.

20.Carrique-Mas J, Davies R. Sampling and bacteriological detection of *Salmonella* in poultry and poultry premises: a review. *Revue Sci Technique.* 2008;27(3):665.

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

22.Mercedeh F, Mohammad H, Mohammad R, Mona M, Hossein D, Mohammad Reza Z. Frequency of CTX-M Type-Beta Lactams in Clinical *Salmonella* Strains Isolated in Tehran.

23.Nasr Abadi H, Ebrahimi Ta, Bahrami, Hoda. Evaluation of Colonization Ability of Lactobacilli Isolated from Local Cheese and Binding to Human Gastrointestinal Caco Epithelial Cells, *Cell Biology 2. Animal.* 2010; 1(4): 27-31.

24.Zeigami, Habib, Haghighi, Fakhri, Ahmadi H. Integrons and their role in the emergence of antibiotic resistance. *Lab Diagnos.* 2014; 5(22): 61-71.

25.White DG, Zhao S, Simjee S, Wagner DD, McDermott PF. Antimicrobial resistance of foodborne pathogens. *Microbes Infect.* 2002;4(4):405-12.

26.Amini 2 Lamps. Frequency of Class I Integran Gene in *Salmonella* enteritidis in Isolated Human and Poultry Specimens in Kerman Province. *Vet Lab Res.* 2012; 4 (1): 236.

27.Santos LRd, Nascimento VPd, Oliveira SDd, Flores ML, Pontes AP, Ribeiro AR, et al. Polymerase chain reaction (PCR) for the detection of *Salmonella* in artificially inoculated chicken meat. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 2001;43(5):247-50.