

Antibiotic Resistance and agr Typing of *Staphylococcus aureus* Isolates from Ready-to-Eat Chicken Meat and Salads in Hormozgan, Iran

Mohammad Sohrabi

Department of Food Hygiene, Shk.C.,
Islamic Azad University, Shahrekord,
Iran.

Majid Gholami-Ahangaran

* Associate Professor, Department of
Veterinary, Shk.C., Islamic Azad
University, Shahrekord, Iran.

(Corresponding Author)
m.gholami@iau.ac.ir

Najmeh Vahed-Dehkordi

Department of Food Hygiene, Shk.C.,
Islamic Azad University, Shahrekord,
Iran.

Abstract

Background and Objective: *Staphylococcus aureus* is a significant foodborne pathogen known for its extensive antibiotic resistance capabilities. This study aimed to evaluate the correlation between phenotypic and genotypic resistance patterns and determine the diversity of the accessory gene regulator (agr) system in isolates recovered from chicken meat and cold salads (Olivier and Caesar) in Hormozgan, Iran.

Materials and Methods: In this cross-sectional study, 130 samples including chicken meat (n=75), Olivier salad (n=30), and Caesar salad (n=25) were analyzed. Following bacteriological isolation and species confirmation, the phenotypic susceptibility of 48 isolates was tested against 11 antibiotics. The presence of 11 resistance genes (including ermA/C, msrA/B, tetK/M, aacA-D, vatA/B/C, and linA) and agr types were evaluated using conventional PCR.

Results: Out of 130 samples, 48 (36.92%) were positive for *S. aureus*, with the highest contamination rate found in Olivier salad (56.66%). Phenotypically, the highest resistance was observed against Azithromycin and Clindamycin. Molecular results revealed that the ermC gene was the most prevalent resistance marker. Regarding the regulatory system, agr IV was the predominant genetic profile (35.4%, 17 cases), followed by agr II (27%) and agr I (20.8%).

Conclusion: The findings indicate a high microbial load and an alarming prevalence of MDR strains dominated by the agr IV genotype in RTE foods. These results emphasize the need for stricter monitoring of personnel hygiene and the processing chain of RTE salads to mitigate the risk of transmitting resistant bacteria to consumers.

Keywords: Staphylococcus Aureus, Antibiotic Resistance, Agr Typing, Food Safety, Chicken Meat

Open Access Policy: This is an open access article under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits use, distribution and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited. To view a copy of this licence, visit <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

Received: 2025/10/07

Accepted: 2026/01/22

Doi: 10.22038/jreh.2026.27789

► **Citation:** Sohrabi M, Gholami-Ahangaran M, Vahed-Dehkordi N. Antibiotic Resistance and agr Typing of *Staphylococcus aureus* Isolates from Ready-to-Eat Chicken Meat and Salads in Hormozgan, Iran. *Journal of Research in Environmental Health*. 12(1):49-60.

مقاومت آنتی‌بیوتیکی و تایپینگ ژن *agr* در جدایه‌های استافیلوکوکوس اورئوس از گوشت مرغ و سالادهای آماده مصرف در هرمزگان، ایران

محمد سهرابی

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

مجید غلامی‌آهنگران

*دانشیار، گروه دامپزشکی، واحد
شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد،
ایران. (نویسنده مسئول)

m.gholami@iau.ac.ir

نجمه واحددهکردی

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

چکیده

زمینه و هدف: استافیلوکوکوس اورئوس، به‌عنوان یکی از چالش‌برانگیزترین پاتوژن‌های منتقله از غذا، توانایی بالایی در کسب ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی دارد. پژوهش حاضر با هدف واکاوی میزان تطابق الگوی مقاومت فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین تعیین تنوع سیستم تنظیمی *agr* در جدایه‌های به‌دست آمده از گوشت مرغ و سالادهای الویه و سزار در هرمزگان به مرحله‌ی اجرا درآمد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش مقطعی، ۱۳۰ نمونه شامل گوشت مرغ (N=۷۵) و سالاد الویه (N=۳۰) و سالاد سزار (N=۲۵) بررسی شد. پس از جداسازی باکتریولوژیک و تایید گونه، حساسیت فنوتیپی ۴۸ جدایه نسبت به ۱۱ آنتی‌بیوتیک سنجیده شد. سپس حضور ۱۱ ژن مقاومت (شامل *ermA/C*، *msrA/B*، *tetK/M*، *vatA/B/C*، *aaC-D* و *linA*) و تنوع تیپ‌های *agr* به روش PCR مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته‌ها: از مجموع نمونه‌ها، ۴۸ مورد (۳۶/۹۲٪) آلوده به استافیلوکوکوس اورئوس بودند که بیشترین میزان آلودگی در سالاد الویه (۵۶/۶۶٪) مشاهده شد. در بررسی فنوتیپی، بیشترین مقاومت نسبت به آزیترومایسین و کلیندامایسین ثبت گردید. نتایج مولکولی نشان داد که ژن *ermC* با فراوانی بالا (تقریباً در تمامی سویه‌ها) غالب‌ترین ژن مقاومت است. همچنین، در تایپینگ سیستم تنظیمی، تیپ *agr IV* با ۳۵/۴٪ (۱۷ مورد) بیشترین فراوانی را داشت و پس از آن تیپ‌های *agr II* (۲۷٪) و *agr I* (۲۰/۸٪) قرار گرفتند.

نتیجه‌گیری: نتایج این مطالعه نشان‌دهنده‌ی بار میکروبی و شیوع بالای سویه‌های MDR با غلبه ژنتیکی تیپ *agr IV* در غذاهای آماده مصرف است. یافته‌ها ضرورت نظارت دقیق‌تر بر بهداشت پرسنل و زنجیره فرآوری سالادهای آماده مصرف را به‌منظور کاهش ریسک انتقال باکتری‌های مقاوم به مصرف‌کنندگان برجسته می‌سازد.

کلیدواژه: استافیلوکوکوس اورئوس، مقاومت آنتی‌بیوتیکی، سیستم *agr*، سلامت مواد غذایی، گوشت مرغ

◀ **استناد:** سهرابی م، غلامی‌آهنگران م، واحددهکردی ن. مقاومت آنتی‌بیوتیکی و تایپینگ ژن *agr* در جدایه‌های استافیلوکوکوس اورئوس از گوشت مرغ و سالادهای آماده مصرف در هرمزگان، ایران. فصلنامه‌ی پژوهش در بهداشت محیط. بهار ۱۴۰۵؛ ۱۱(۱): ۴۹-۶۰.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۱۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۱/۰۲

نوع مقاله: پژوهشی

محیط‌های درمانی مرتبط بودند، اکنون در زنجیره‌ی غذایی و جمعیت‌های دامی (LA-MRSA) به وفور گزارش می‌شوند. این سویه‌ها نه تنها سلامت مصرف‌کننده را به خطر می‌اندازند، بلکه به‌عنوان مخزنی برای انتقال افقی ژن‌های مقاومت به سایر باکتری‌های فلور روده انسان عمل می‌کنند (۴).

پدیده‌ی مقاومت چندگانه در *استافیلوکوکوس اورئوس*، ریشه در دهه‌ها استفاده بی‌رویه و گاه غیرضروری از آنتی‌بیوتیک‌ها در صنعت پرورش طیور دارد. داروهایی نظیر تتراسایکلین‌ها و ماکرولیدها که به‌عنوان محرک رشد یا جهت درمان‌های جمعی به کار می‌روند، فشار انتخابی شدیدی ایجاد کرده‌اند که منجر به بقای سویه‌های واجد ژن‌های مقاومت شده است (۵). مکانیسم‌های مولکولی این مقاومت‌ها بسیار متنوع و تکامل یافته هستند؛ به‌طوری‌که ژن *ermC* با متیلاسیون جایگاه هدف در ریبوزوم باکتری، مقاومت گسترده‌ای را نسبت به اریتروماپسین ایجاد می‌کند، در حالی که ژن‌هایی نظیر *tetK* از طریق بیان پمپ‌های خروج فعال^۲، آنتی‌بیوتیک را پیش از اثرگذاری از سلول باکتری خارج می‌سازند (۶). علاوه بر این، شناسایی مارکرهای مرتبط با مقاومت به آمینوگلیکوزیدها مانند *aacA-D* در کنار مقاومت به لینکوزامیدها^۳ (*linA*)، نشان‌دهنده‌ی تشکیل کاست‌های ژنتیکی پیچیده‌ای است که درمان عفونت‌های ناشی از این باکتری‌ها را در پزشکی انسانی با بن‌بست مواجه می‌کند (۷).

درک دقیق رفتار تهاجمی *S. aureus* بدون بررسی سیستم‌های تنظیم‌کننده بیان ژن امکان‌پذیر نیست. سیستم *agr*^۴ اصلی‌ترین مکانیسم سنجش حد نصاب در این باکتری است که هماهنگی بین رشد باکتری و بیان فاکتورهای ویروالانس را بر عهده دارد (۸). این سیستم با حس کردن تراکم جمعیت باکتریایی، کلید تغییر وضعیت باکتری از حالت کلونیزاسیون به حالت تهاجمی را می‌زند. تقسیم‌بندی سویه‌ها به چهار گروه ژنتیکی (*agr I-IV*) نه تنها یک ابزار تایپینگ مولکولی برای ردیابی منشأ آلودگی است، بلکه با الگوهای خاص بیماری‌زایی نیز در

تأمین امنیت غذایی و دسترسی به فرآورده‌های دامی سالم، یکی از بزرگترین چالش‌های پیش روی جوامع در حال توسعه در قرن بیست و یکم است. با گسترش شهرنشینی و تغییر سبک زندگی، تمایل مصرف‌کنندگان به سمت غذاهای آماده مصرف (RTE^۱) به‌طور چشمگیری افزایش یافته است، اما این تغییر الگو، بار سنگینی از بیماری‌های عفونی منتقله از غذا را به سیستم‌های بهداشتی تحمیل کرده است. در میان عوامل باکتریایی، *Staphylococcus aureus*; *S. aureus* به‌عنوان یک پاتوژن فرصت‌طلب، نه تنها به دلیل توانایی در ایجاد مسمومیت‌های غذایی حاد از طریق تولید انتروتوکسین‌های مقاوم به حرارت، بلکه به دلیل نقش کلیدی در انتقال ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی، در کانون توجه سازمان‌های نظارتی قرار دارد (۱). این باکتری با دارا بودن فاکتورهای ویروالانس و قدرت سازگاری بالا با محیط‌های مختلف فرآوری، توانسته است از سدهای دفاعی متعددی عبور کرده و به‌عنوان یکی از شاخص‌های اصلی آلودگی ثانویه در محصولات RTE شناخته شود. گزارش‌های اخیر نشان می‌دهند که نرخ آلودگی محصولات حیوانی در برخی مناطق به سطوح نگران‌کننده‌ای رسیده است که نشان‌دهنده نقص در رعایت اصول بهداشتی و زنجیره‌های سرد است (۲).

گوشت مرغ به‌عنوان یکی از منابع اصلی تأمین پروتئین حیوانی، بستری ایده‌آل برای تکثیر پاتوژن‌های میکروبی فراهم می‌کند. با این حال، خطرات جدی‌تر زمانی بروز می‌کنند که این محصول در فرآیند تولید غذاهای ترکیبی مانند سالادالویه و سزار مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این فرآورده‌ها، دست‌کاری مکرر انسانی پس از مرحله پخت و عدم وجود یک گام سالم‌سازی نهایی (مانند حرارت مجدد) قبل از مصرف، ریسک انتقال باکتری از پرسنل آلوده یا سطوح کار به محصول نهایی را به‌شدت بالا می‌برد (۳). مطالعات اپیدمیولوژیک ثابت کرده‌اند که آلودگی‌های متقاطع در طول آماده‌سازی این سالادها، عامل اصلی طغیان‌های باکتریایی در محیط‌های کیت‌رینگ و رستوران‌ها هستند. در کنار این مخاطرات بهداشتی، ظهور سویه‌های مقاوم به متی‌سیلین که پیش از این تنها با

² Efflux Pumps

³ Lincosamides

⁴ Accessory Gene Regulator

¹ Ready to Eat

ارتباط است. مطالعات نشان داده‌اند که برخی تیپ‌های *agr* مانند تیپ *IV*، همبستگی بالایی با تولید سموم خاص و مقاومت‌های شدید آنتی‌بیوتیکی در محصولات گوشتی دارند (۹). با وجود این اهمیت، داده‌های اپیدمیولوژیک در مورد توزیع این تیپ‌ها در غذاهای آماده مصرف در مناطق استراتژیکی همچون استان هرمزگان بسیار محدود است. تحلیل‌های آماری و سیستماتیک جهانی نیز بر این نکته تأکید دارند که پایش مستمر محصولات RTE برای شناسایی کانون‌های مقاومت، تنها راه پیشگیری از بحران‌های بهداشتی آینده است (۱۰).

با وجود پیشرفت‌های قابل توجه در شناسایی و کنترل عوامل بیماری‌زای منتقله از غذا، *S. aureus* هم‌چنان یکی از مهم‌ترین عوامل ایجاد مسمومیت‌های غذایی در سراسر جهان محسوب می‌شود. این باکتری به دلیل توانایی تولید انتروتوکسین‌ها و هم‌چنین قابلیت کسب و انتقال ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی، تهدیدی جدی برای سلامت عمومی به‌شمار می‌رود. در سال‌های اخیر، افزایش سویه‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک در زنجیره‌ی غذایی و نگرانی‌های قابل توجهی را در زمینه ایمنی مواد غذایی و انتقال مقاومت میکروبی به انسان ایجاد کرده است.

اگرچه مطالعات متعددی به بررسی شیوع *S. aureus* در مواد غذایی پرداخته‌اند، بسیاری از این پژوهش‌ها به یک جنبه خاص مانند تعیین شیوع یا بررسی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی محدود بوده‌اند. در مقابل، اطلاعات جامعی که به‌طور هم‌زمان شیوع این باکتری، الگوی مقاومت فنوتیپی، حضور ژن‌های مقاومت و ویژگی‌های مولکولی مانند تایپینگ *agr* را در نمونه‌های غذایی بررسی کند، به‌ویژه در سطح منطقه‌ای، هم‌چنان محدود است. علاوه بر این، داده‌های موجود در بسیاری از مناطق عمدتاً بر ایزوله‌های بالینی تمرکز داشته و اطلاعات مرتبط با منابع غذایی، به‌ویژه غذاهای آماده مصرف، کمتر مورد توجه قرار گرفته است.

غذاهای RTE به دلیل عدم نیاز به فرآیند حرارتی پیش از مصرف، می‌توانند به‌عنوان یکی از مسیرهای مهم انتقال عوامل بیماری‌زا و سویه‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک به جمعیت انسانی عمل کنند. از این‌رو، بررسی وضعیت آلودگی این مواد غذایی و شناسایی ویژگی‌های مقاومت و الگوهای مولکولی باکتری‌های موجود در آن‌ها می‌تواند اطلاعات ارزشمندی برای ارزیابی خطر و طراحی

راهکارهای پیشگیرانه فراهم کند. با توجه به کمبود داده‌های منطقه‌ای در زمینه شیوع *S. aureus* در غذاهای آماده مصرف و هم‌چنین محدودبودن مطالعاتی که به‌طور هم‌زمان به بررسی مقاومت آنتی‌بیوتیکی و ویژگی‌های ژنتیکی این باکتری پرداخته‌اند، مطالعه‌ی حاضر با هدف ارزیابی شیوع *S. aureus*، تعیین الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی، شناسایی ژن‌های مقاومت و بررسی تایپ‌های *agr* در نمونه‌های مختلف غذاهای آماده مصرف طراحی شد. نتایج این پژوهش می‌تواند به‌عنوان داده‌های پایه برای پایش میکروبی مواد غذایی، ارتقای برنامه‌های کنترل بهداشت در مراکز تهیه غذا و تدوین راهبردهای مؤثر در کاهش خطر انتقال سویه‌های مقاوم به جامعه مورد استفاده قرار گیرد. بنابراین، با توجه به نرخ بالای آلودگی در سالادهای RTE و گوشت مرغ و پتانسیل بالای این محصولات در انتقال سویه‌های خطرناک MDR به جامعه، ضرورت اجرای پژوهشی که فراتر از تست‌های ساده آزمایشگاهی باشد، احساس می‌شود. این مطالعه با نگاهی جامع و با استفاده از تکنیک‌های دقیق مولکولی، بر آن است تا نه تنها شیوع سویه‌های مقاوم را در منطقه بندر جاسک-هرمزگان پایش کند، بلکه با واکاوی پروفایل‌های ژنتیکی سیستم *agr* و بررسی همبستگی آن‌ها با الگوهای مقاومت فنوتیپی، به درکی عمیق از چرخه انتقال این پاتوژن هوشمند دست یابد. هدف نهایی ما در این تحقیق، شکستن مرزهای دانش سنتی در حوزه میکروبیولوژی مواد غذایی و ارائه‌ی یک نقشه ژنتیکی دقیق از مخازن مقاومت آنتی‌بیوتیکی در محصولات آماده مصرف است؛ تلاشی که با تکیه بر یافته‌های مستدل، مسیری روشن برای تدوین استانداردهای سخت‌گیرانه بهداشتی و تضمین سلامت سفره مصرف‌کنندگان در برابر تهدیدات نادیده میکروبی ترسیم خواهد کرد.

روش کار

طراحی مطالعه و استراتژی نمونه‌برداری

این پژوهش توصیفی-تحلیلی با هدف ردیابی مولکولی ژن‌های مقاومت و تعیین تیپ‌های سیستم *agr* در باکتری *S. aureus* در پاییز ۱۴۰۴ منطقه شهرستان جاسک انجام شد. بر اساس محاسبات آماری و جهت دستیابی به توان آزمون مناسب، مجموعاً ۱۳۰ نمونه مواد غذایی شامل گوشت مرغ خام ($n=75$) سالادالویه

سلسیوس) در کمترین زمان ممکن به آزمایشگاه دامپزشکی بندر جاسک در استان هرمزگان منتقل شدند. پس از انتقال به آزمایشگاه، نمونه‌ها جهت جداسازی و شناسایی *S. aureus* با استفاده از روش‌های استاندارد میکروبی مورد بررسی قرار گرفتند. برای این منظور، بخش مناسبی از هر نمونه هموژنیزه شده و بر روی محیط‌های کشت انتخابی کشت داده شد. کلنی‌های مشکوک پس از انجام آزمون‌های بیوشیمیایی متداول مورد تأیید قرار گرفتند. سپس ایزوله‌های تأیید شده از نظر الگوی حساسیت آنتی‌بیوتیکی با استفاده از روش انتشار دیسک و بر اساس دستورالعمل‌های CLSI

میکروگرم)، آزیترومایسین (۱۵ میکروگرم)، کلیندامایسین (۲ میکروگرم)، جنتامایسین (۱۰ میکروگرم)، تتراسایکلین (۳۰ میکروگرم)، کینوپریستین-دالفوپریستین (۱۵ میکروگرم)، پرستینامایسین (۱۵ میکروگرم)، ویرجینیامایسین (۱۵ میکروگرم)، لینکومایسین (۲ میکروگرم) و داکسی‌سایکلین (۳۰ میکروگرم) ساخت شرکت پادتن‌طب (ایران) به روش انتشار دیسک-کیربی (Kirby-Bauer) ارزیابی شد. سوسپانسیون باکتریایی معادل نیم مک‌فارلند بر روی محیط مولر هینتون آگار (MHA, HiMedia, India) کشت داده شد و پس از قراردادی دیسک‌ها، پلیت‌ها به مدت ۱۸ تا ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه انکوبه شدند. تفسیر نتایج بر اساس جداول استاندارد (CLSI, 2022) صورت پذیرفت.

استخراج DNA ژنومی و تایید مولکولی گونه

استخراج DNA با استفاده از کیت اختصاصی استخراج ستونی (High Pure PCR Template Preparation Kit, Roche, Germany) طبق دستورالعمل سازنده انجام شد. باکتری‌ها در بافر لایز هضم شده و پس از طی مراحل شستشو بر روی ستون‌های سیلیکایی، DNA نهایی بازیابی گردید. غلظت و خلوص نوری نمونه‌ها با دستگاه نانودراپ (NanoDrop 2000, Thermo Scientific, USA) سنجیده شد. جهت تایید نهایی در سطح گونه و اطمینان از صحت فرآیند استخراج، تمامی جدایه‌ها برای ردیابی ژن اختصاصی *nuc* مورد آزمایش PCR قرار گرفتند.

شناسایی ژن‌های مقاومت به روش PCR

($n=30$) و سالادسزار ($n=25$) از مراکز عرضه، پروتئینی‌ها و هایپرمارکت‌های سطح شهر جمع‌آوری گردید. به‌منظور تعیین حجم نمونه، از فرمول برآورد حجم نمونه برای مطالعات شیوع استفاده شد. با در نظر گرفتن سطح اطمینان ۹۵٪ ($Z=1.96$) خطای مجاز ۵٪ و با توجه به نتایج مطالعات پیشین در زمینه شیوع *S. aureus* در غذاهای آماده مصرف، حجم نمونه مورد نیاز محاسبه شد. بر اساس این محاسبات، حداقل تعداد نمونه مورد نیاز تعیین گردید و در نهایت ۱۳۰ نمونه غذای آماده مصرف برای مطالعه جمع‌آوری شد. نمونه‌گیری به روش تصادفی ساده انجام شد. بدین صورت که مراکز تهیه و توزیع غذا در منطقه مورد مطالعه فهرست شده و در ظروف استریل مجزا قرار گرفته و در کنار یخ (۴ درجه‌ی^۱ بررسی شدند. علاوه بر این، به منظور تعیین ویژگی‌های مولکولی ایزوله‌ها، بررسی تایپ‌های *agr* با استفاده از روش PCR انجام شد.

جداسازی باکتریولوژیک و تایید هویت پاتوژن

جهت غنی‌سازی اولیه و افزایش شانس جداسازی، ۱۰ گرم از هر نمونه تحت شرایط کاملاً آسپتیک در ۹۰ میلی‌لیتر محیط کشت مایع (Salt Broth (Merck, Germany) حاوی ۷٫۵٪ NaCl هموژن شده و به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه سلسیوس گرمخانه‌گذاری گردید. سپس، جهت جداسازی تک‌کلنی‌ها، یک لوپ از محیط غنی‌سازی بر روی محیط اختصاصی مانیتول سالت آگار (MSA, Merck, Germany) کشت خطی داده شد. کلنی‌های زرد رنگ واجد ویژگی تخمیر مانیتول به عنوان سویه‌های مشکوک انتخاب و با استفاده از تست‌های بیوشیمیایی استاندارد شامل رنگ‌آمیزی گرم، تست کاتالاز، تست اکسیداز و تست کواگولاز (با استفاده از پلاسما خرگوش) مورد تأیید قرار گرفتند. در نهایت، ۴۸ جدایه قطعی (۲۰ مورد از مرغ، ۱۷ مورد از الویه و ۱۱ مورد از سزار) به عنوان بانک میکروبی پژوهش جهت مراحل بعدی انتخاب شدند (۲).

تعیین الگوی حساسیت آنتی‌بیوتیکی فنوتیپی

حساسیت ضد میکروبی ۴۸ جدایه تایید شده نسبت به ۱۱ آنتی‌بیوتیک استراتژیک از خانواده‌های مختلف شامل: اریترومایسین (۱۵ میکروگرم)، کلاریترومایسین (۱۵

¹ Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)

agr به صورت درصد و جداول توصیفی گزارش گردید. جهت بررسی ارتباط معنادار بین متغیرها (منبع جداسازی، الگوهای MDR و پروفایل‌های ژنتیکی)، از آزمون‌های کای اسکوئر (χ^2) و آزمون دقیق فیشر استفاده شد. در تمامی تحلیل‌ها، سطح معناداری کمتر از ۰/۰۵ در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

در این مطالعه، وضعیت آلودگی و پروفایل ژنتیکی جدایه‌های *Staphylococcus aureus* در زنجیره‌ی غذایی بندر جاسک استان هرمزگان مورد واکاوی قرار گرفت. از مجموع ۱۳۰ نمونه بررسی شده، ۴۸ جدایه قطعی (۳۶/۹۲٪) شناسایی گردید که تمامی آن‌ها با ردیابی ژن اختصاصی *nuc* مورد تایید مولکولی قرار گرفتند.

توزیع آلودگی و فراوانی جداسازی

همان‌گونه که در نمودار ۱ مشخص است، نتایج نشان داد که نرخ آلودگی در سالادهای آماده مصرف به شکل معناداری بالاتر از گوشت مرغ خام است ($p < 0/05$).

بار ژنتیکی مقاومت و توزیع هم‌زمانی ژن‌ها

یکی از شاخص‌های نگران‌کننده در این مطالعه، تجمع چندین ژن مقاومت در یک جدایه واحد است. جهت ارزیابی عمق مقاومت ژنتیکی، تعداد ژن‌های مثبت در هر نمونه شمارش گردید که نتایج آن در جدول ۱ ارائه شده است.

پروفایل مقاومت فنوتیپی و همبستگی

آنتی‌بیوتیکی

آنالیز آنتی‌بیوگرام جدایه‌ها نشان‌دهنده‌ی یک بحران مقاومتی در منطقه است. مقاومت به آزیترومایسین (AZM^4) و کلیندامایسین (CLI^5) در سطوح بسیار بالایی مشاهده شد. بیش از ۸۰٪ جدایه‌ها الگوی مقاومت چندگانه (MDR^6) را نشان دادند که به معنای مقاومت هم‌زمان به حداقل سه کلاس آنتی‌بیوتیکی است. جهت درک عمیق‌تر سازوکارهای این مقاومت، همبستگی بین حضور هم‌زمان ژن‌های مختلف مورد واکاوی قرار گرفت که نتایج آن در جدول ۲ خلاصه شده است.

ردیابی ۱۱ ژن هدف شامل ژن‌های مقاومت به آمینوگلیکوزید (*aacA-D*)، تتراسایکلین (*tetK*)، *tetM*، ماکرولید (*msrA*، *msrB*، *ermA*، *ermC*)، استرپتوگرامین (*vatA*، *vatB*، *vatC*) و لینکوزامید (*linA*) با استفاده از پرایمرهای اختصاصی (سنتر شده توسط شرکت پیشگام، ایران) انجام شد. مخلوط واکنش در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۲،۵ میکرولیتر Master Mix (2X) (Ampliqon, Denmark)، ۱ میکرولیتر از هر پرایمر (۱۰ پیکومول)، ۲ میکرولیتر DNA الگو و ۸،۵ میکرولیتر آب مقطر استریل تنظیم گردید. واکنش تکثیر در دستگاه ترموسایکلر (Bio-Rad, USA) با برنامه حرارتی: واسرشت‌سازی اولیه در ۹۵ درجه (۵ دقیقه)، ۳۵ سیکل شامل ۹۴ درجه (۱ دقیقه)، دمای اتصال اختصاصی برای هر ژن طبق بهینه‌سازی (۱ دقیقه)، ۷۲ درجه (۱ دقیقه) و بسط نهایی در ۷۲ درجه (۱۰ دقیقه) اجرا شد.

ژنوتیپینگ سیستم تنظیمی *agr*

تعیین گروه‌های ژنتیکی سیستم *agr* شامل تیپ‌های *agr I*، *II*، *III* و *IV* با استفاده از یک پرایمر F^1 مشترک و چهار پرایمر R^2 اختصاصی انجام گرفت. این مرحله جهت واکاوی تنوع ژنتیکی سویه‌ها و بررسی همبستگی آن‌ها با منبع جداسازی (RTE یا گوشت مرغ) صورت پذیرفت (۸).

الکتروفورز و مشاهده محصولات PCR

محصولات حاصل از تکثیر بر روی ژل آگارز ۱/۱۵٪ (w/v) حاوی رنگ اختصاصی Safe Stain در بافر TBE 1X با ولتاژ ۸۰ ولت به مدت ۶۰ دقیقه الکتروفورز شدند. جهت تعیین اندازه قطعات تکثیر شده (بازه ۱۳۶ تا ۹۴۰ جفت باز)، از نشانگر مولکولی ۱۰۰ جفت بازی (100 bp) (DNA Ladder, Fermentas, Lithuania) استفاده شد. در نهایت، باندها در دستگاه مستندسازی ژل (Gel Doc, Bio-Rad, USA) تحت نور UV³ مشاهده و ثبت گردیدند.

تحلیل آماری داده‌ها

یافته‌های حاصل از آزمایش‌های فنوتیپی و مولکولی در نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۶ (IBM Corp, USA) کدگذاری شدند. فراوانی ژن‌های مقاومت و توزیع تیپ‌های

⁴ Azithromycin (AZM)

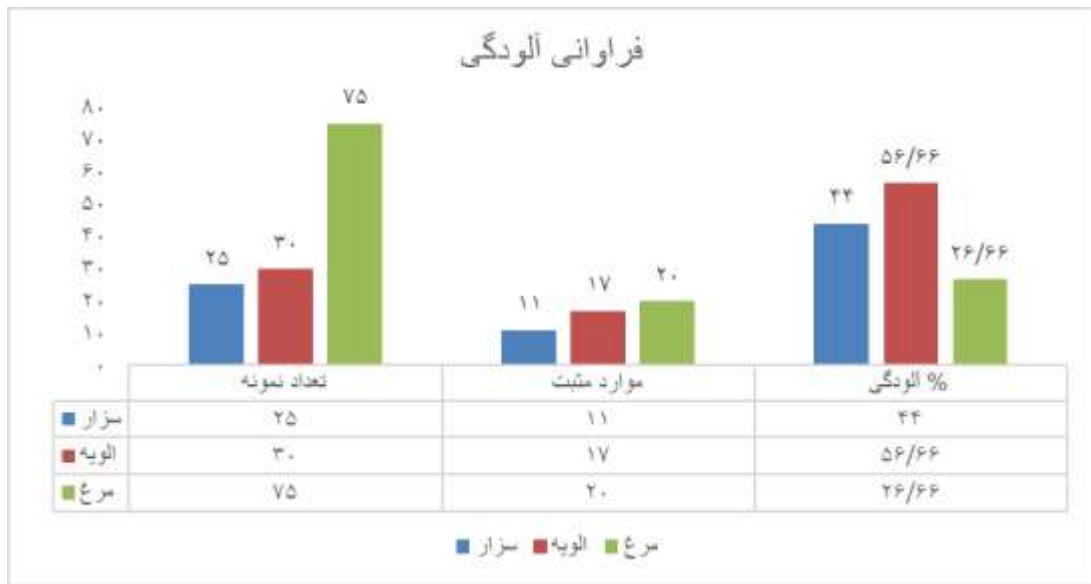
⁵ Clindamycin (CLI)

⁶ Multiple drug resistance

¹ Forward

² Reverse

³ Ultraviolet



نمودار ۱. آنالیز فراوانی جداسازی *S. aureus* به تفکیک نوع بستر غذایی

جدول ۱. توزیع فراوانی تعداد ژن‌های مقاومت شناسایی شده در هر جدایه

تفسیر	درصد فراوانی	تعداد نمونه‌ها (از ۴۸)	تعداد ژن‌های مثبت در یک نمونه
مقاومت محدود	٪ ۴/۱	۲	۱ تا ۲ ژن
مقاومت متوسط	٪ ۳۷/۵	۱۸	۳ تا ۴ ژن
MDR (مقاومت چندگانه بالا)	٪ ۵۰	۲۴	۵ تا ۶ ژن
فوق مقاوم (XDR)	٪ ۸/۳	۴	بیش از ۶ ژن

جدول ۲. آنالیز همبستگی و حضور هم‌زمان ژن‌های مقاومت در جدایه‌ها

تفسیر	سطح معناداری (P)	درصد همبستگی	تعداد نمونه هر دو مثبت	ژن‌های مورد بررسی
همبستگی بسیار قوی و معنادار	$0.001 >$	۷۹/۱	۳۸	<i>ermC + tetK</i>
همبستگی مثبت معنادار	$0.01 >$	۷۲/۹	۳۵	<i>ermC + ermA</i>
همبستگی ضعیف	$0.05 <$	۳۱/۲	۱۵	<i>msrA + msrB</i>

آنالیز ترکیبی، تصویر دقیقی از چگونگی بروز مقاومت فنوتیپی در جدایه‌ها ارائه می‌دهد.

تحلیل مولکولی ژن‌های مقاومت

پس از سنتز پرایمرها (جدول ۴) با کمک PCR حضور ۱۱ ژن مقاومت (شکل ۱) و تیپ‌های سیستم تنظیمی *agr* (شکل ۲) با دقت بالا تایید شد.

مکانیسم‌های مولکولی مقاومت به ماکرولیدها

(ارتباط *erm* و *msr*)

جهت تعیین استراتژی غالب باکتری در مواجهه با آنتی‌بیوتیک‌های خانواده اریتروماسین، در جدول ۳ توزیع هم‌زمان ژن‌های متیلاز ریبوزومی (*erm*) و پمپ‌های تخلیه فعال (*msr*) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. این

جدول ۳. توزیع هم‌زمان ژن‌های ریبوزومی (*erm*) و پمپ‌های تخلیه (*msr*) در جدایه‌های *S. aureus*

ترکیب ژنتیکی	تعداد نمونه	درصد	مکانیسم غالب
<i>ermC+</i> / <i>msrA+</i>	۱۷	۳۵/۴	مقاومت ترکیبی (تغییر هدف + تخلیه دارو)
<i>ermC-</i> / <i>msrA+</i>	۲۹	۶۰/۴	مقاومت از طریق تغییر جایگاه اتصال ریبوزوم
<i>ermC+</i> / <i>msrA-</i>	۱	۲/۱	مقاومت صرفاً از طریق پمپ تخلیه

جدول ۴. پرایمرهای مورد استفاده جهت ردیابی ژن‌های مختص گونه، کدکننده مقاومت آنتی بیوتیکی و تایپینگ در MRSA (۳)

اندازه محصول (bp)	Primer Sequence (5'-3')	ژن هدف
۲۷۹	F: GCGATTGATGGTGATACGGTT R: AGCCAAGCCTTGACGAACCTAAAGC	<i>nuc</i>
۲۲۷	F: TAATCCAAGAGCAATAAGGGC R: GCCACACTATCATAACCACTA	<i>aacA-D</i>
۳۶۰	F: GTAGCGACAATAGGTAATAGT R: GTAGTGACAATAAACCTCCTA	<i>tet K</i>
۱۵۸	F: AGTGGAGCGATTACAGAA R: CATATGTCCTGGCGTGTCTA	<i>tet M</i>
۹۴۰	F: GGCACAATAAGAGTGTTTTAAAGG R: AAGTTATATCATGAATAGATTGTCCTGTT	<i>msrA</i>
۵۹۵	F: TATGATATCCATAATAATTATCCAATC R: AAGTTATATCATGAATAGATTGTCCTGTT	<i>msrB</i>
۱۹۰	F: AAGCGGTA AACCCCTCTGA R: TTCGAAATCCCTTCTCAAC	<i>ermA</i>
۲۹۹	F: AATCGTCAATTCCTGCATGT R: TAATCGTGAATACGGGTTTG	<i>ermC</i>
۲۶۸	F: TGGTCCCGGAACAACATTTAT R: TCCACCGACAATAGAATAGGG	<i>vatA</i>
۱۳۶	F: GCTGCGAATTCAGTTGTTACA R: CTGACCAATCCCACCATTTTA	<i>vatB</i>
۴۶۷	F: AAGGCCCAATCCAGAAGAA R: TCAACGTTCTTTGTCACAACC	<i>vatC</i>
۳۲۳	F: GGTGGCTGGGGGGTAGATGTATTAAGTGG R: GCTTCTTTTGAATAACATGGTATTTTTCGA	<i>linA</i>
۴۴۱	F: ATGCACATGGTGCACATGC R: GTCACAAGTACTATAAGCTGCGAT	<i>agrI</i>
۵۷۵	F: ATGCACATGGTGCACATGC R: TATTACTAATTGAAAAGTGGCCATAGC	<i>agrII</i>
۳۲۳	F: ATGCACATGGTGCACATGC R: GTAATGTAATAGCTTGTATAATAATACCCAG	<i>agrIII</i>
۶۷۵	F: ATGCACATGGTGCACATGC R: CGATAATGCCGTAATACCCG	<i>agrIV</i>

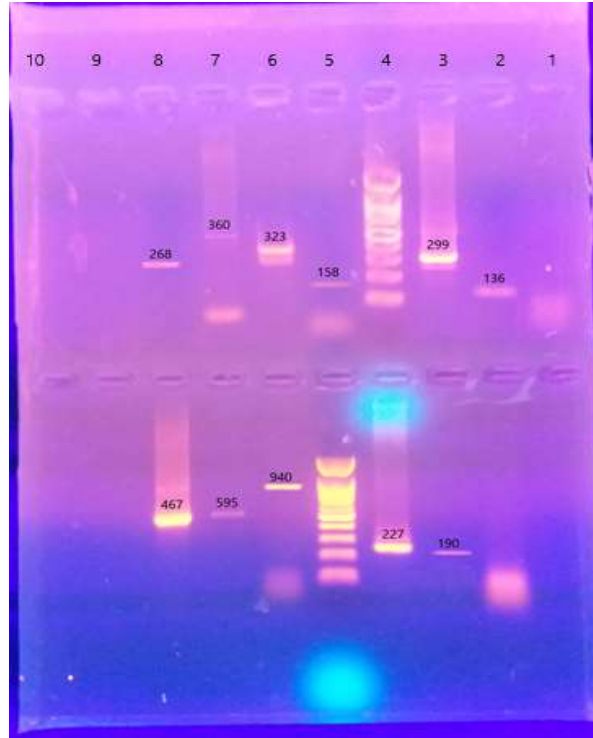
بحث

است، اما نسبت به مطالعه الدالی در مصر که شیوع ۵۴٪ را گزارش کرد (۱۵)، وضعیت بهتری را نشان می‌دهد. بالاترین میزان آلودگی در مطالعه ما مربوط به سالادالویه (۵۶٪/۱۶۶) بود. این یافته با نتایج رحیمی و همکاران که بیشترین آلودگی را در غذاهای دارای فرآوری دستی زیاد گزارش کردند، همسو است (۱۶). ماهیت سالادالویه که شامل ترکیبی از مواد پخته‌شده و خردشده با دست است، ریسک انتقال باکتری از پوست و بینی کارکنان به محصول نهایی را به شدت افزایش می‌دهد. برخلاف سالادسزار که اجزای آن کمتر تحت دست‌کاری مستقیم پس از شستشو قرار می‌گیرند، فرآیند تولید الویه به‌عنوان یک نقطه بحرانی در آلودگی متقاطع شناسایی می‌شود.

در مطالعه‌ی حاضر، میزان شیوع استافیلوکوکوس اورئوس در غذاهای آماده مصرف ۳۶/۹۲٪ گزارش شد. این یافته نشان‌دهنده‌ی چالش‌های جدی بهداشتی در زنجیره‌ی تولید غذاهای سرد در بندر جاسک است. در مقایسه با مطالعات مشابه، این میزان از شیوع گزارش شده توسط دهقانی و همکاران در اصفهان (۱۸/۵٪) (۱۲) و اسلامی و همکاران در تهران (۲۲/۴٪) (۱۳) بالاتر است. تفاوت در میزان شیوع می‌تواند ناشی از تفاوت در روش‌های نمونه‌برداری، فصول مطالعه و سطح نظارت‌های بهداشتی محلی باشد. در سطح بین‌المللی، یافته‌های ما به گزارش‌های سوداگیدان در ترکیه (۳۲٪) (۱۴) نزدیک

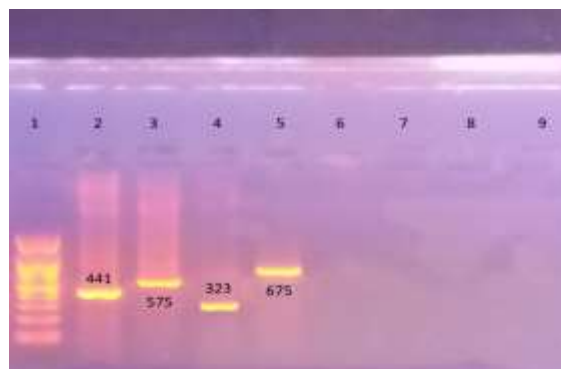
نیاز در بررسی محصولات پروتئینی در چهارمحل و بختیاری، ژن *ermC* را شایع‌ترین ژن مقاومت به اریترومايسين گزارش کردند که با نتایج ما مطابقت دارد (۱۷).

مقاومت قابل توجه به آزیترومایسین و کلیندامایسین در این مطالعه، زنگ خطری برای سلامت عمومی است. حضور ژن *ermC* در اکثر جدایه‌های مقاوم، نشان‌دهنده‌ی مکانیسم متیلاسیون ریبوزومی در القای مقاومت به ماکرولید-لینکوزامید است. شرافتی چالش‌تری و همکاران



شکل ۱. تایید مولکولی حضور ژن‌های مقاومت در جدایه‌های منتخب

ردیف بالا، ۱: کنترل منفی، ۲: *vatB*، ۳: *ermC*، ۴: مارکر ۱۰۰ جفت بازی، ۵: *setM*، ۶: *JinA*، ۷: *setK*، ۸: *vatA*، ۹ و ۱۰: کنترل منفی. ردیف پایین، ۱ و ۲: کنترل منفی، ۳: *ermA*، ۴: *aacA-D*، ۵: مارکر ۱۰۰ جفت بازی، ۶: *msrA*، ۷: *msrB*، ۸: *vatC*، ۹ و ۱۰: کنترل منفی.



شکل ۲. تایید مولکولی حضور ژن‌های تیپ‌های سیستم تنظیمی *agr*

۱: مارکر ۱۰۰ جفت بازی، ۲: *agrI*، ۳: *agrII*، ۴: *agrIII*، ۵: *agrIV*، ۶، ۷، ۸ و ۹: کنترل منفی

از مصرف بی‌رویه‌ی آنتی‌بیوتیک‌ها در صنعت دامپروری و انتقال سویه‌های مقاوم به زنجیره‌ی غذایی است. با این

مقایسه‌ی نتایج ما با جدایه‌های بالینی در ایران در مطالعه‌ی مرادی و همکاران نشان می‌دهد که الگوی مقاومت در مواد غذایی به سرعت در حال نزدیک شدن به الگوهای بیمارستانی است (۱۸). این موضوع احتمالاً ناشی

وجود، حساسیت ۱۰۰ درصدی جدایه‌ها به ونکومایسین در این تحقیق، مشابه اکثر یافته‌های داخلی (۱۶-۱۲)، نشان می‌دهد که هنوز سویه‌های VRSA^۱ در چرخه‌ی غذایی منطقه شایع نشده‌اند.

یافته‌ی متمایز این پژوهش، غلبه ژنوتیپ *agr IV* (۳۵/۴٪) است. در اکثر مطالعات بالینی انجام شده در ایران، از جمله پژوهش ممتاز و همکاران، ژنوتیپ *agr I* به‌عنوان گروه غالب معرفی شده است (۱۹). تضاد یافته‌های ما با مطالعات بالینی نشان می‌دهد که سویه‌های موجود در مواد غذایی آماده مصرف بندر جاسک، ممکن است از نظر منشأ تکاملی یا پتانسیل بیماری‌زایی با سویه‌های عامل عفونت‌های بیمارستانی متفاوت باشند.

برخی مطالعات بین‌المللی پیشنهاد کرده‌اند که سویه‌های *agr IV* با تولید سموم لایه‌بردار و برخی انتروتوکسین‌های خاص مرتبط هستند (۲۰). حضور بالای این ژنوتیپ در کنار *agr II* در مطالعه‌ی حاضر، فرضیه وجود کلون‌های خاصی از *S. aureus* را تقویت می‌کند که برای بقا در محیط‌های پردازش غذا و رقابت میکروبی در سالادهای سرد سازگار شده‌اند. این موضوع تحلیل‌های اپیدمیولوژیک دقیق‌تری را برای ردیابی منشأ اصلی آلودگی (انسانی یا دامی) در صنایع غذایی منطقه ایجاب می‌کند.

سنتز یافته‌های فنوتیپی و مولکولی ما نشان می‌دهد که آلودگی مواد غذایی در بندر جاسک صرفاً ناشی از عدم رعایت بهداشت نیست، بلکه با استقرار سویه‌های واجد سیستم‌های تنظیمی خاص (*agr IV*) و حامل ژن‌های مقاومت روبرو هستیم. این موضوع کارایی روش‌های سنتی گندزدایی را زیر سوال می‌برد. بنابراین، پیشنهاد می‌شود برنامه‌های پایش میکروبی در واحدهای تولید غذاهای آماده مصرف، از روش‌های کشت ساده به سمت شناسایی مولکولی سویه‌های ناقل ژن‌های مقاومت و تیپ‌های ویرولانس حرکت کند.

نتیجه‌گیری

از مهم‌ترین دلایل عدم مطابقت مطالعه‌ی حاضر با سایر مطالعات می‌توان به خطای آزمایشگر، تفاوت در شیوه‌ی طبخ غذا، نوع نگهداری و بسته‌بندی اشاره کرد. بنابراین؛ شیوع بالای *استافیلوکوکوس اورئوس* در بین نمونه‌های

مورد آزمایش و وجود MRSA در غذاهای آماده، ضرورت اجرای اقدامات بهداشتی در آشپزخانه‌های فست فودی و غذاهای خیابانی را برجسته می‌کند. نتایج این مطالعه نشان‌دهنده بار میکروبی بالا و شیوع نگران‌کننده سویه‌های MDR با غلبه ژنتیکی تیپ *agr IV* در غذاهای آماده مصرف است. این یافته‌ها ضرورت نظارت دقیق‌تر بر بهداشت پرسنل و زنجیره فرآوری سالادهای RTE را به‌منظور کاهش ریسک انتقال باکتری‌های مقاوم به مصرف‌کنندگان برجسته می‌سازد.

تشکر و قدردانی: بدین‌وسیله از تمامی همکاران گروه بهداشت مواد غذایی دانشکده‌ی دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد که نهایت همکاری را در انجام این پروژه داشتند تشکر به‌عمل می‌آید.

تعارض منافع: پژوهش حاضر دارای تعارض منافع نمی‌باشد.

حمایت مالی: انجام این پژوهش، از هزینه‌ی شخصی دانشجو بوده است.

ملاحظات اخلاقی: مقاله‌ی حاضر با کد اخلاق IR.IAU.SHK.REC.1404.349 در کمیته‌ی اخلاق در پژوهش دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد به ثبت رسیده است. لازم به ذکر است نویسندگان این مقاله تمام نکات اخلاقی شامل عدم سرقت ادبی، انتشار دوگانه، تحریف داده‌ها و داده‌سازی را رعایت کرده‌اند. همچنین هرگونه تضاد منافع حقیقی یا مادی که ممکن است بر نتایج یا تفسیر مقاله تأثیر بگذارد را رد می‌کنند.

سهم نویسندگان: در این پژوهش، نمونه‌گیری و انجام آزمایش بر عهده دانشجو و آنالیزهای آماری و مسائل تخصصی مربوط به نگارش با همکاری اساتید راهنما و مشاور انجام شد.

^۱ Vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus*

References

1. Aziz S, Saeed NM, Dyary HO, Ali MM, Abbas RZ, et al. Divergent analyses of genetic relatedness and evidence-based assessment of therapeutics of *Staphylococcus aureus* from semiintensive dairy systems. *BioMed Res Inter.* 2022; 20(22): 44-52. <https://doi.org/10.1155/2022/5313654> PMID:35769677 PMCID:PMC9236795
2. Grisoldi L, Massetti L, Sechi P, Iulietto MF, Ceccarelli M, Karama M, et al. Characterization of enterotoxin-producing *Staphylococcus aureus* isolated from mastitic cows. *J dairy sci.* 2019; 102(2): 1059-1065. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15373> PMID:30591337
3. Oliveira R, Pinho E, Almeida G, Azevedo NF, Almeida C. Prevalence and diversity of *Staphylococcus aureus* and staphylococcal enterotoxins in raw milk from Northern Portugal. *Fron Mic.* 2022; 13(2): 70-83. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.846653> PMID:35391724 PMCID:PMC8981150
4. Keyvan E, Yurdakul O, Erdi Ş. Staphylococcal enterotoxins and enterotoxigenic *Staphylococcus aureus* in raw milk: A screening study. *Kocat Vet J.* 2020; 13(2): 104-109. <https://doi.org/10.30607/kvj.676080>
5. Doudaran H.O, Mahsk Z, Kohdar V. Distribution Of Antibiotic Resistance Genes Amongst The *Staphylococcus Aureus* Strains Isolated From Raw Milk And Traditional Dairy Products. *J Pharma Neg Res.* 2022; 97(35): 38-41.
6. Mehrotra M, Wang G, Johnson WM. Multiplex PCR for detection of genes for *Staphylococcus aureus* enterotoxins, exfoliative toxins, toxic shock syndrome toxin 1, and methicillin resistance. *J clin mic.* 2000; 38(3): 1032-1038. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.3.1032-1035.2000> PMID:10698991 PMCID:PMC86330
7. Rahman M, Alam M, Luies S.K, Kamal A, Ferdous S, Lin A, et al. Contamination of fresh produce with antibiotic-resistant bacteria and associated risks to human health: A scoping review. *Inter J envi res health.* 2022; 19(1): 350-360. <https://doi.org/10.3390/ijerph19010360> PMID:35010620 PMCID:PMC8744955
8. Wertheim HF, Melles DC, Vos MC, van W, Van A, Verbrugh HA, et al. The role of nasal carriage in *Staphylococcus aureus* infections. *Lanc infec dis.* 2005; 5(12): 751-762. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(05\)70295-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(05)70295-4) PMID:16310147
9. Jaffee S, Henson S, Unnevehr L, Grace D, Cassou E. The safe food imperative: Accelerating progress in low-and middle-income countries: World Bank Pub. 2018; 1(1): 85-110. https://doi.org/10.1596/978-1-4648-1345-0_intro
10. Moritz E, Ebrahimzadeh S, Wittry B, Holst M, Daise B, Zern A, et al. Foodborne Illness Outbreaks at Retail Food Establishments-National Environmental Assessment Reporting System, 25 State and Local Health Departments, 2017-2019. *Morb Mor Week Report.* 2023; 72(6): 1-10. <https://doi.org/10.15585/mmwr.ss7206a1> PMID:37252900 PMCID:PMC10231936
11. CLSI. (2022). Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 32nd ed. CLSI supplement M100. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute.
12. Dehkordi FS, Gandomi H, Akhondzadeh Basti A, Misaghi A, Rahimi E. Phenotypic and genotypic characterization of antibiotic resistance of *Staphylococcus aureus* isolated from retail food samples. *J Food Saf.* 2017;37(4):e12350.
13. Eslami G, Leylabadlo HE, Ghotaslou R, Akhi MT. Prevalence of *Staphylococcus aureus* and its antimicrobial resistance in ready-to-eat foods in Tehran, Iran. *J Med Microbiol.* 2021;70(2):001314.
14. Sudagidan M, Aydin A. Characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from ready-to-eat foods in Turkey. *Food Control.* 2010;21(11):1549-55.
15. El-Daly E, El-Mohandes B, El-Ghareeb WR. Prevalence and antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus* in some ready-to-eat meat products. *Benha Vet Med J.* 2019;37(1):15-19. <https://doi.org/10.21608/bvmj.2019.15641.1063>
16. Rahimi E, Shakerian A. Comparison of *Staphylococcus aures* contamination in traditional and industrial ready-to-eat salads. *Iran J Health Environ.* 2016;9(3):321-30. [Persian].
17. Sharafati-Chaleshtori R, Sharafati-Chaleshtori M, Karimi A. Antibiotic resistance

and prevalence of erm genes in Staphylococcus aureus isolated from meat products in Shahrekord, Iran. J Herbmec Pharmacol. 2014;3(2):107-11.

18. Moradi J, Akbari M, Shahmirzadi K. Comparative analysis of antimicrobial resistance in clinical and foodborne Staphylococcus aureus isolates in central Iran. J Clin Lab Anal. 2020;34(9):e23378.

19. Momtaz H, Hafezi L. Mmolecular characterization of the agr specificity groups of Staphylococcus aureus isolated from clinical and food samples in Iran. Braz J Microbiol. 2014;45(4):1215-21.

20. Jarraud S, Mougel C, Thioulouse J, et al. Relationships between Staphylococcus aureus genetic background, agr groups, and virulence genes. Infect Immun. 2002;70(11):631-41. <https://doi.org/10.1128/IAI.70.2.631-641.2002> PMid:11796592 PMCID:PMC127674