Arch Original Article
مقاله تحقیقی
مجله تحقیقات دامپزشکی، ۱۳۹۸، دوره ۷۴ شماره ۲، ۲۸۹-۲۸۳
DOI: 10.22059/jvr.2018.239478.2682

بررسی میزان آلودگی مدفوعی اردک‌های مناطق شمالی ایران به کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای

خاطره کفشدوزان[۱]، ایرج اشرفی تمائی[۲]، سبا پویان[۳]

[۱]گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران
[۲]گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه تهران، تهران، ایران
[۳]دانش آموخته دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

(دریافت مقاله: ۱۳ آذر ماه ۱۳۹۷، پذیرش نهایی: ۸ اسفند ماه ۱۳۹۷)

چکیده

زمینه مطالعه: در سال‌های اخیر میزان بروز مسمومیت غذایی ناشی از کمپیلوباکتر به تدریج افزایش یافته است. این باکتری یکی از علل اصلی بیماری‌های عفونی گسترده در قرن گذشته می‌باشد. اگر چه ماکیان مهم ترین مخازن و منبع انتقال کمپیلوباکتر به انسان می‌باشند، اما آلودگی محیط با گونه‌های مختلف کمپیلوباکتر و ایجاد عفونت در انسان و حیوانات به وسیله مدفوع پرندگان آزاد وحشی مانند اردک را نمی‌توان نادیده گرفت.

هدف: هدف از این مطالعه بررسی میزان آلودگی مدفوعی کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای در اردک‌های آزاد برخی مناطق شمال ایران می‌باشد.

روش کار: در اردیبهشت ماه سال ۹۵، تعداد ۷۵ نمونه از مدفوع اردک‌های آزاد شهرهای ساری، آمل، قائم شهر و بابل در استان مازندران جمع آوری شده و میزان حضور گونه‌های کمپیلوباکتر ژژونی و کولای بوسیله واکنش زنجیرهای پلیمرازسه گانه مورد سنجش قرار گرفت. ژن‌های mapA، ۱۶srRNA و ceuE به ترتیب برای تشخیص جنس کمپیلوباکتر وگونه‌های کمپیلوباکتر ژژونی و کولای انتخاب شدند.

نتایج: از میان هفتاد و پنج نمونه مورد بررسی در این مطالعه، ۱۳ مورد (۱۷/۳۳درصد) واجد کمپیلوباکتر تشخیص داده شدند. از این تعداد یازده نمونه (۸۴/۶درصد) حاوی ژن mapA و دو نمونه (۱۵/۴درصد) واجد ژن ceuE بودند که به ترتیب به عنوان کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای معرفی گردیدند. میزان حضور کمپیلوباکتر ژژونی به طور معنی‌داری بیشتر از کمپیلوباکتر کولای گزارش گردید ($P<0/05$).

نتیجه گیری نهایی: نتایج این مطالعه نشان داد که شیوع کمپیلوباکتر در مدفوع اردک‌های آزاد مناطق شمالی ایران نسبتاً بالاست و خطر بالقوه‌ای برای عفونت ناشی از این باکتری در انسان و بخصوص کودکان محسوب می‌شود.

واژه‌های کلیدی: آلودگی مدفوعی، کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای، اردک، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز

کپی رایت ©: حق چاپ، نشر و استفاده علمی از این مقاله برای مجله تحقیقات دامپزشکی محفوظ است.

*) نویسنده مسئول: تلفن: ۰۲۳-۳۳۶۵۴۲۱۴ نمابر: ۰۲۳-۳۳۶۵۴۲۱۴ Email: kafshdouzan@semnan.ac.ir

How to Cite This Article

Kafshdouzan, K., Ashrafi tamai, I., Pouyan, S. (2019). Detection of Faecal Contamination With *Campylobacter jujuni* and *Campylobacter coli* in Urban Ducks in the North of Iran. J Vet Res, 74(2), 283-289. doi: 10.22059/jvr.2018.239478.2682

www.SID.ir

Archive of SID

مقدمه

اعضاء جنس کمپیلوباکتر، یکی از مهمترین عوامل بیماریزای باکتریایی و از اصلی‌ترین عوامل منتقل شده از طریق مواد غذایی آلوده در سراسر جهان محسوب میگردند (۱،۹،۱۲،۱۹). در میان گونه‌های مختلف این باکتری، کمپیلوباکتر ژژونی و کولای، مهمترین گونه‌های مسبب بیماری در انسان هستند. بیش از نیمی از گاستروانتریت‌های انسانی توسط این باکتری‌ها ایجاد می‌شود که این میزان، از مجموع گاستروانتریت‌های ایجاد شده توسط شیگلا، سالمونلا و اشریشیاکلی بیشتر است (۶). اختلالات گوارشی و اسهال ناشی از این بیماری، حتی در کشورهای توسعه یافته، شمار زیادی از افراد، به خصوص کودکان را روانه بیمارستان میکند (۱،۹).

گونه‌های مختلف این باکتری ممکن است علاوه بر اسهال آبکی و خونی، موجب بیماری‌های ثانویه‌ای نظیر مننژیت، سپتی سمی، سندروم اورمی همولیتیک و Guillain-Barre گردند (۱۲،۱۴،۱۷). این باکتری گرم منفی، در دمای ۴۲ °C و شرایط میکروآئروفیلیک به خوبی رشد میکند به همین خاطر قادر نیست به مدت طولانی در خارج از بدن میزبان زنده بماند. اما با توجه به تعدد میزبان‌ها (پرندگانو، نشخوارکنندگان، سگ، گربه و انسان) و شیوع زیاد آن، به فراوانی در طبیعت یافت می‌شود (۹،۱۱،۱۲،۱۷).

پرندگان اهلی و وحشی، یکی از اصلیترین میزبان‌های این باکتری هستند و مصرف گوشت آلوده و یا تماس با مدفوع آن‌ها، یکی از مهمترین منابع آلودگی جمعیت‌های انسانی محسوب می‌گردد. پرندگان خانگی و پرندگانی که در باغ‌های پرندگان و باغ وحش‌ها از آن‌ها نگهداری می‌شود و همچنین حیوانات خانگی به دلیل تماس نزدیکی که با انسان دارند، در اپیدمیولوژی این بیماری، از اهمیت زیادی برخوردارند (۱،۹،۱۱). عفونت در پرندگان اغلب بدون علامت است که این مساله سبب دشواری در تشخیص و مبارزه با باکتری مولد آن میگردد. پرندگان حامل بدون علامت می‌توانند به مدت زیادی باکتری را از طریق مدفوع خود دفع کرده و موجب انتشار آلودگی شوند (۲۰).

حضور کمپیلوباکتر در مدفوع پرندگانی که همراه با انسان‌ها زندگی میکنند نظیر اردک‌ها و حیوانات خانگی، ممکن است موجب آلودگی آب‌های سطحی، آب موجود در دریاچه ها و تفرجگاه ها و مناطق بازی کودکان شده و بهداشت عمومی جامعه را تهدید کند (۱،۴،۱۱). حضور گونه‌های مختلف این باکتری در مدفوع پرندگانی نظیر اردک علاوه بر انتشار آلودگی در محیط، از طریق ایجاد آلودگی در گوشت و تخم مرغ، ممکن است موجب انتقال باکتری از طریق مصرف مواد غذایی تهیه شده از گوشت و تخم اردک گردد. در سال‌های اخیر با توجه به افزایش میزان بروز بیماری‌های قلبی-عروقی و توصیه به مصرف گوشت سفید، منابع پروتئینی جدید نظیر گوشت و تخم اردک نیز بسیار مورد توجه قرار گرفته است. از آنجا که پروتئین، آهن، سلنیوم و نیاسین به میزان کافی در گوشت اردک وجود دارد و میزان کالری آن نیز کمتر از گوشت گاو می‌باشد، گوشت اردک می‌تواند جایگزین مناسبی برای منابع پروتئینی و سایر مواد مغذی محسوب گردد (۱).

اگرچه عفونت ناشی از کمپیلوباکتر به صورت خود محدود شونده است. اما از یک طرف ممکن است منجر به عوارض ثانویه‌ای نظیر Guillain-Barre گردد و از سوی دیگر با توجه به توانایی حمل ژن‌های مختلف مرتبط با حدت باکتریایی نظیر توکسین‌های گوارشی (cdt و ...) و عوامل مرتبط با مقاومت‌های آنتیبیوتیکی (۱،۹،۱۲،۱۳)، آلودگی محیط به این باکتری از اهمیت زیادی برخوردار است. به همین خاطر، درک بهتر توزیع گونه‌های مختلف کمپیلوباکتر در میزبان‌های مختلف و راه‌های انتقال آن در تدوین بهتر سیاست‌های مربوط به کنترل و پیشگیری از بیماری‌های عفونی بسیار مؤثر است.

در مناطق شمالی ایران، اردک پرندهای است که به صورت سنتی همانند حیوانات خانگی در حیاط منازل نگهداری می‌شود و آلودگی آب‌های سطحی، معابر و محل بازی کودکان به مدفوع این پرنده اجتناب ناپذیر است. اگرچه عفونت ناشی از مصرف مواد غذایی آلوده به کمپیلوباکتر به طور گستردهای مورد مطالعه قرار گرفته است، اما انتقال این باکتری از طریق محیط آلوده به مدفوع دام‌های اهلی، پرندگان وحشی و حیوانات خانگی کمتر مورد بررسی قرار گرفته است. در ایران تاکنون مطالعه‌ای در ارتباط با میزان حضور کمپیلوباکتر در مدفوع اردک‌های آزاد مناطق شمالی صورت نگرفته است. در نقاط مختلف دنیا میزان آلودگی به گونه‌های کمپیلوباکتر در میزبان‌های مختلف، بسیار متغیر گزارش شده است. میزان آلودگی به کمپیلو باکتر ژژونی در محل پرورش و فرآوری گوشت اردک، در انگلستان در حدود ۹۶/۷ درصد گزارش گردیده و میزان آلودگی گوشت اردک به کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای به ترتیب ۱۲/۵درصد و ۸۷/۵ درصد، بیان شده است (۱) در حالی که بر اساس مطالعه Raeisi و همکاران که در سال ۲۰۱۷ انجام شد، در ایران میزان فراوانی کمپیلوباکتر ژژونی در گوشت اردک بیشتر از کمپیلو باکتر کولای می‌باشد (۱۲).

با توجه به این که درک بهتر سهم نسبی عوامل مختلف محیطی در ایجاد عفونت ناشی از کمپیلوباکتر در طراحی اقدامات کنترلی مناسب و تأمین بهداشت عمومی حائز اهمیت زیادی است (۳،۱۱)، هدف از این مطالعه بررسی میزان حضور کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای در مدفوع اردک‌های آزاد برخی مناطق شمالی ایران در نظر گرفته شد.

مواد و روش کار

نمونه برداری: به منظور بررسی میزان حضور کمپیلوباکتر در مدفوع اردک‌های آزاد مناطق شمالی ایران، تعداد هفتاد و پنج نمونه مدفوع تازه اردک‌های به ظاهر سالم، طی اردیبهشت ماه سال ۱۳۹۵، از اردک‌های آزاد تعدادی از روستاهای اطراف شهرهای ساری، قائمشهر، بابل و آمل اخذ

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۱. مشخصات پرایمرهای استفاده شده در این مطالعه.

منبع	ژن هدف	دما و زمان لازم برای واسرشت	اندازه (bp)	توالی (۳-۵)	پرایمر
۱۷	۱۶SrRNA	۵۹ °C-S۹۰	۴۰۸	AGTCTTGGCAGTAATGCACCTAACG ATATGCCATTGTAGCACGTGTGTCG	CampF CampR
۱۷	mapA	۵۰ °C-S۳۰	۵۸۹	CTATTTTATTTTTGAGTGCTTGTG GCTTTATTTGCCATTTGTTTTATTA	MDmap A۱ MDmap A۲
۱۷	ceuE	۵۰ °C-S۳۰	۴۶۲	AATTGAAAATTGCTCCAACTATG TGATTTTATTATTTGTAGCAGCG	COL۳ MDCOL۲

گردید. به منظور جلوگیری از مطالعه نمونه‌های مشابه، از هر کانون یک یا دو نمونه تهیه شد. هرنمونه به طور جداگانه در کنار یخ و در کوتاه‌ترین زمان ممکن به آزمایشگاه میکروبیولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران منتقل گردید.

استخراج DNA: با توجه به دشواری کشت و روش‌های بیوشیمیایی در شناسایی کمپیلوباکتر، استخراج DNA با استفاده از کیت AccuPrep Stool Genomic DNA Extraction (Bioneer, Korea) صورت گرفت.

واکنش زنجیرهای پلیمراز: به منظور تشخیص جنس کمپیلوباکتر و گونه‌های ژژونی و کولای، از واکنش زنجیرهای پلیمراز سه گانه بر پایه ژن‌های mapA، ۱۶srRNA، و ceuE استفاده گردید (۷،۱۰،۱۵،۱۷). توالی پرایمرها (ساخت شرکت سینا کلون) و شرایط دمایی مورد استفاده در جدول شماره یک درج گردیده است. واکنش زنجیرهای پلیمراز در حجم نهایی ۲۵ µL شامل DNA ۵ ng، ۰/۱µmol از هریک از پرایمرها دو واحد Taq DNA polymerase، dNTP ۲۰۰ mmol، ۲/۵µL بافر ۱۰X و ۲/۵ mmol کلرید منیزیوم (سینا کلون-ایران) صورت گرفت. تکثیر قطعهٔ DNA توسط دستگاه ترموسایکلر (Techne TC-۵۱۲, England) انجام شد.

از نمونه تهیه شده در مجموعه میکروبی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران به عنوان کنترل مثبت (نمونه واجد هر سه ژن) و آب مقطر استریل به عنوان کنترل منفی استفاده گردید. محصولات به دست آمده در ژل آگارز دو درصد با ولتاژ ۸۰mV به مدت یک ساعت الکتروفورز گردید و پس از رنگامیزی با اتیدیوم بروماید، تحت تابش اشعه ماوراء بنفش مورد مشاهده قرار گرفت.

نتایج

از میان هفتاد و پنج نمونه مورد بررسی در این مطالعه، ۱۳ مورد (۱۷/۳۳درصد) واجد کمپیلوباکتر تشخیص داده شدند. از این تعداد یازده نمونه (۸۴/۶درصد) حاوی ژن mapA و دو نمونه (۱۵/۴ درصد) واجد ژن ceuE بودند که به ترتیب به عنوان کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای معرفی گردیدند. میزان حضور کمپیلوباکتر ژژونی به طور معنی‌داری بیشتر از کمپیلوباکتر کولای گزارش گردید($P<۰/۰۵$) (تصویر ۱).

بحث

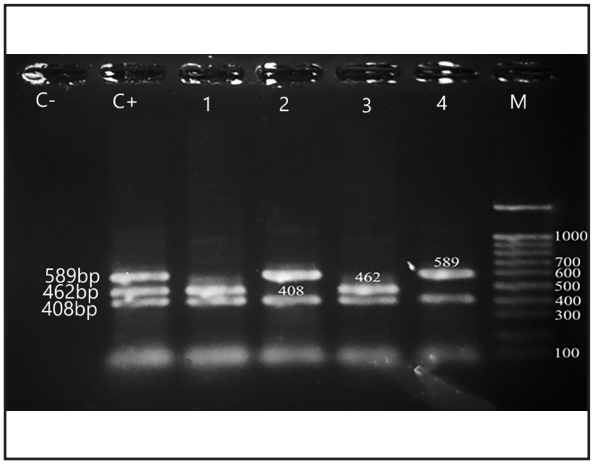
در کشور ما آمار دقیقی از میزان ابتلا به عفونت‌های ناشی از کمپیلوباکتر در دست نیست. اما از آنجایی که تحقیقات اخیر نشان می‌دهد میزان ابتلا به عفونت‌های ناشی از این باکتری در بسیاری از کشورهای توسعه یافته بسیار زیاد است. به نظر می‌رسد طیف گستردهای از عفونت‌های گوارشی ایجاد شده به خصوص در کودکان، در کشور ما نیز بر اثر این باکتری ایجاد می‌شود (۹،۱۲).

مطالعات مختلف صورت گرفته در ارتباط با ارزیابی میزان شیوع گونه‌های مختلف کمپیلوباکتر عمدتاً بر منابع غذایی آلوده متمرکز شده است. امروزه در سراسر جهان، مصرف گوشت و فرآورده‌های طیور به عنوان اصلی‌ترین منبع عفونت ناشی از کمپیلوباکتر شناخته شده (۱،۳،۹،۱۱،۱۲) و مطالعه برروی انتقال باکتری از طریق محیط آلوده به مدفوع پرندگان وحشی نادر است (۱۱). در کشور ما تاکنون مطالعه‌ای جهت ارزیابی میزان حضور گونه‌های مهم کمپیلوباکتر در مدفوع اردک صورت نگرفته است و کلیه گزارشات مربوط به فراوانی گونه‌های مختلف کمپیلو باکتر در پرندگان مربوط به آلودگی لاشه و یا گوشت پرندگانی نظیر مرغ، بوقلمون، بلدرچین و اردک می‌باشد. در این مطالعه که برای اولین بار به منظور بررسی میزان حضور کمپیلوباکتر در مدفوع اردک‌های آزاد برخی مناطق شمال ایران صورت گرفت، از هفتاد و پنج نمونه مورد بررسی ۱۳ مورد (۱۷/۳درصد) واجد کمپیلوباکتر شناخته شدند و همانگونه که انتظار میرفت میزان کمپیلوباکتر ژژونی (۸۴/۶درصد) به طور معنی‌داری بیشتر از کمپیلوباکتر کولای (۱۵/۴درصد) بود.

در مطالعات مختلف صورت گرفته در بیشتر نقاط دنیا میزان آلودگی به کمپیلوباکتر بسیار متغیر است. در مطالعه‌ای که توسط Economu و همکاران در سال ۲۰۱۵ در یونان صورت گرفت، ۲۹درصد از نمونه‌های گوشت پرندگان واجد کمپیلوباکتر تشخیص داده شدند. درحالی که Wei و همکاران در سال ۲۰۱۶ در کره جنوبی میزان آلودگی به این باکتری را ۸۰/۱ درصد گزارش کردند. در مطالعه صورت گرفته توسط Raeisi و همکاران در سال ۲۰۱۷ در ایران، میزان آلودگی به کمپیلوباکتر در گوشت مرغ ۶۲درصد، بوقلمون ۲۲/۵درصد و اردک ۳۳/۳درصد گزارش گردید. در

www.SID.ir

Archive of SID



تصویر ۱. محصولات حاصل از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به وسیله پرایمرهای ۱۶srRNA، mapA، و ceuE. چاهک M، مارکر (سیناژن-۱۰۰bp DNA ladder) چاهک۱ و ۳ نمونه واجد کمپیلوباکتر ژژونی، چاهک ۲ و ۴ نمونه واجد کمپیلوباکترکولای، چاهک ۵ نمونه کنترل مثبت موجود در گنجیه میکروبی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، چاهک شماره ۶ آب مقطر استریل.

همین مطالعه میزان آلودگی به کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای به ترتیب در گوشت مرغ ۶۱/۳درصد و ۲۲/۵درصد، بوقلمون ۴۴/۴ و ۴۴/۴ درصد و در اردک ۷۰ و ۲۰درصد مشاهده شد(۱۲).

در ارتباط با میزان حضور گونه‌های مختلف کمپیلوباکتر در اردک در مقایسه با پرندگان دیگر مطالعات زیادی صورت نگرفته و گستره حضور این باکتری در مدفوع، گوشت و احشاء، محل پرورش و کشتار اردک‌ها، بسیار متغیر (صفر تا ۹۶/۷درصد) گزارش شده است. شیوع بیش از ۸۰درصد عمدتاً در کشورهایی نظیر انگلستان، تایوان و تانزانیا گزارش شده است. در انگلستان بیشترین میزان آلودگی (۹۶/۷درصد) در محل پرورش و فرآوری گوشت اردک گزارش گردید که ۷۴/۶درصد آن مربوط به کمپیلوباکتر ژژونی و ۲۵/۴درصد مربوط به کمپیلوباکتر کولای بود. درحالی که میزان آلودگی در گوشت اردک ۴۵/۴درصد مشاهده شد که ۱۲/۵درصد مربوط به کمپیلوباکتر ژژونی و ۸۷/۵درصد مربوط به کولای بود (۱).

جالب است که تا سال ۲۰۱۱ در کشور غنا هیچگونه آلودگی به این باکتری در اردک‌ها مشاهده نشده است (احتمالاً مطالعه‌ای در این ارتباط صورت نگرفته است)، درحالی که در سایر کشورهای آفریقایی مانند مصر (۱۹درصد)، نیجریه (۶۳/۵درصد) و تانزانیا (۸۰درصد) آلودگی به کمپیلوباکتر در اردک گزارش شده است. در آسیا (ایران، مالزی، و تایوان) میزان آلودگی از ۳۵/۵درصد تا ۹۲درصد متغیر است. در ایالات متحده میزان آلودگی به کمپیلوباکتر در گوشت اردک ۱۲/۵درصد ثبت گردیده است (۱).

Raeisi و همکاران در سال ۲۰۱۷ بیان کردند اختلاف در میزان شیوع آلودگی به کمپیلوباکتر در مطالعات مختلف ممکن است به علت تفاوت در منطقه جغرافیایی مورد مطالعه، فصل، تعداد نمونه، روش‌های نمونه گیری و شرایط بهداشتی متفاوت محل پرورش و کشتار باشد (۸،۱۲،۱۹). براساس نتایج Boonmar و همکاران در سال ۲۰۰۷ علت دیگر این تفاوت ممکن است مربوط به حساسیت روش‌های مختلف آزمایشگاهی در شناسایی این باکتری باشد (۲). حساسیت روش‌های مولکولی نظیر واکنش زنجیرهای پلیمراز (۳۱درصد) در شناسایی گونه‌های مختلف کمپیلوباکتر، بسیار بیشتر از روش‌های استاندارد مبتنی بر آزمون‌های بیوشیمیایی (۲۰درصد) است (۲). همچنین براساس نتایج مطالعه Tsaiو Hsing در سال ۲۰۰۴ آلودگی به کمپیلوباکتر در جوجه اردک‌های زیر دو هفته به طور معنی‌داری کمتر از اردک‌های بالغ می‌باشد (۱۶).

مطالعات Adzitey و همکاران در سال ۲۰۱۲ نشان می‌دهد در اردک میزان آلودگی به کمپیلوباکتر ژژونی نسبت به سایر گونه‌های کمپیلوباکتر بیشتر است که این الگو مشابه الگوی آلودگی در انسان، پرندگان و سایر حیوانات است. و با نتایج حاصل از مطالعه حاضر مطابقت دارد.

نتایج این مطالعه نشان می‌دهد میزان حضور کمپیلوباکتر در مدفوع اردک‌های آزادی که در تماس نزدیک با انسان، در روستاهای برخی از مناطق شمال ایران نگهداری می‌شوند، نسبتاً زیاد است و این امر موجب انتشار آلودگی در آب‌های سطحی و محل بازی کودکان شده و با توجه به گرمادوست بودن این باکتری و بقاء آن در فصول گرم، احتمال ابتلا به عفونت‌های ناشی از کمپیلوباکتر در ساکنین این مناطق به خصوص کودکان بسیار زیاد است.

از آنجایی که اردک‌های آزاد مناطق شمال ایران در تماس نزدیک با جمعیت‌های انسانی مناطق روستایی، طیور بومی و سایر حیوانات نظیر گوسفند، گاو، اسب، سگ و گربه زندگی میکنند، مطالعه مولکولی تنوع ژنتیکی و تعیین قرابت آن‌ها با سویه‌های جدا شده از موارد انسانی بسیار با اهمیت است. به همین خاطر توصیه می‌شود با توجه به گرمادوست بودن باکتری و احتمال افزایش میزان شیوع آن در فصول گرم سال و نیز به دلیل تغییرات فیزیولوژیک ناشی از تغییرات جیره غذایی در دستگاه گوارش پرنده و تأثیر آن در ترکیب جمعیت میکروارگانیسم‌های دستگاه گوارش، حضور این باکتری و تنوع ژنتیکی آن در فصول مختلف سال مورد بررسی قرار گرفته و با سویه‌های جدا شده از موارد انسانی مقایسه گردد. همچنین با توجه به تماس نزدیک اردک‌های این منطقه با سایر حیوانات اهلی به نظر می‌رسد علاوه بر کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کولای که گونه‌های غالب در ماکیان و انسان می‌باشند، حضور گونه‌های غالب در سایر میزبان‌ها، در مدفوع این اردک‌ها دور از انتظار نباشد.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مقاله بر خود لازم می‌دانند از زحمات کارکنان آزمایشگاه میکروبشناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران صمیمانه قدردانی نمایند.

تعارض در منافع

بین نویسندگان هیچ گونه تعارض در منافع گزارش نشده است.

www.SID.ir

Archive of SID

References

1. Adzitey, F., Huda, N., Rahmat, G.R. (2012). Prevalence and antibiotic resistance of Campylobacter, Salmonella, and *L. monocytogenes* in ducks: A Review. Foodborne Pathog Dis, 9, 498-505. https://doi.org/10.1089/fpd.2011.1109 PMID: 22571641
2. Boonmar, S., Yingsakmongkon, S., Songserm, T., Hanhaboon, P., Passadurak, W. (2007). Detection of Campylobacter in duck using standard culture method and multiplex polymerase chain reaction. Southeast Asian J Trop Med Pub Health, 38, 728-731.
3. Colles, F.M., Ali, J.S., Sheppard, S.K., McCarthy, N.D., Maiden, M.C. (2011). Campylobacter populations in wild and domesticated mallard ducks (*Anas platyrhynchos*). Environ Microbiol Rep, 3, 574-580. https://doi.org/10.1111/j.1758-2229.2011.00265.x PMID: 22164198
4. Colles, F.M., Dingle, K.E., Cody, A.J., Maiden, M.C.J. (2008). Comparison of Campylobacter populations in wild geese with those in starlings and free-range poultry on the same farm. Appl Environ Microbiol, 74, 3583-3590. https://aem.asm.org/content/74/11/3583 PMID: 18390684
5. Economou, V., Zisides, N., Gousia, P., Petsios, S., Sakkas, H., Soultos, N., Papadopoulou, C. (2015). Prevalence and antimicrobial profile of Campylobacter isolates from freerange and conventional farming chicken meat during a 6- year survey. Food Control, 56, 161-168. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.03.022
6. Ganan, M., Silvan, J.M., Martinez-Rodriguez, A.J., Carrascosa, A.J. (2012). Alternative strategies to use antibiotics or chemical products for controlling Campylobacter in the food chain. Food Control, 24, 6-14. http://dx.doi.org/10.1016/j.foodcont.2011.09.027
7. Gonzalez, I., Grant, K.A., Richardson, P.T., Park, S.F., Collins, M.D. (1997). Specific identification of the enteropathogens *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* by using a PCR test based on the ceuE gene encoding aputative virulence determinant. J Clin Microbiol, 35, 759-763. PMID: 9041429
8. Jamali, H., Ghaderpour, A., Radmehr, B., Wei, K.S.C., Ching, C.L., Ismail, S. (2015). Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* species isolates in ducks and geese. Food Control, 5, 328-330. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2014.09.016
9. Kaakoush, N.O., Castaño-Rodríguez, N., Mitchell, H.M., Man, S.M. (2015). Global epidemiology of Campylobacter infection. J Clin Microbiol, 28, 687-720. https://doi.org/10.1128/CMR.00006-15
10. Linton, D., Lawson, A., Owen, R., Stanley, J. (1997). PCR detection, identification to species level, and fingerprinting of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* direct from diarrheic samples. J Clin Microbiol, 35, 2568-2572.
11. Mohan, V. (2015). Faeco-prevalence of *Campylobacter jejuni* in urban wild birds and pets in New Zealand. BMC Research Notes, 8, (1-7). https://doi.org/10.1186/1756-0500-8-1 PMID: 25645429
12. Raeisi, M., Khoshbakht, R., Ghaemi, E.A., Bayani, M., Hashemi, M., Seyedghasemi, N.S., Shirzad-Aski, H. (2017). Antimicrobial resistance and virulence-associated genes of Campylobacter spp. isolated from raw milk, fish, poultry, and red meat. Microb Drug Resist, 23, 925-933. https://doi.org/10.1089/mdr.2016.0183 PMID: 28177853
13. Shojaei, Kavan, R., Hassanzadeh, M., Bozorgmehri Fard, M.H., Pourbakhsh, S.A., Akhondzadeh, Basti, A., Barin, A., Ashrafi, I. (2015). Detection of cytolethal distending toxin (cdt) Genes in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated from the intestinal of commercial broiler chickens, turkey and quail of Iran. Iran J Vet Med, 9, 109-116. https://dx.doi.org/10.22059/ijvm.2015.54009
14. Somroop, S., Hatanaka, N., Awasthi, S.P., Okuno, K., Asakura, M., Hinenoya, A., Yamasaki, S. (2017). *Campylobacter upsaliensis* isolated from dogs produces high titer of cytolethal distending toxin. J Vet Med Sci, 79, 683-691. https://doi.org/10.1292/jvms.16-0654 PMID: 28202878
15. Stucki, U., Frey, J., Nicolet, J., Burnens, A.P.

www.SID.ir

Archive of SID

(1995). Identification of *Campylobacter jejuni* on the basis of aspecies-specific gene that encodes a membrane protein. J Clin Microbiol, 33, 855-859. PMID: 7790451

16. Tsai, H.J., Hsiang, P.H. (2004). The prevalence and antibiotic susceptibilities of Salmonella and Campylobacter in ducks in Taiwan. J Vet Med Life Sci, 67, 7-12. PMID: 15699587
17. Wangroongsarb, P., Jittaprasatsin, C., Suwannasing, S. (2011). Identification of Genus Campylobacter and Four Enteropathogenic *Campylobacter* Species by PCR. J Trop Med Parasitol, 34, 17-29.
18. Wei, B., Cha, S., Yoon, R., Kang, M., Roh, J., Seo, H., Lee, J., Jang, H. (2016). Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* spp. isolated from retail chicken and duck meat in South Korea. Food Control, 62, 63-68. http://dx.doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.10.013
19. Zendehbad, B., Arian, A.A., Alipour, A. (2013). Identification and antimicrobial resistance of *Campylobacter* species isolated from poultry meat in Khorasan province, Iran. Food Control, 32, 724-727. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.01.035
20. Zhang, Q. (2013). Campylobacteriosis, In: Saif, Y. M. (editor in chief), Diseases of Poultry. (13th ed.), Blackwell publishing, New Jersey, US. p 675- 689.

www.SID.ir

Detection of Faecal Contamination With *Campylobacter jujuni* and *Campylobacter coli* in Urban Ducks in the North of Iran

Khatereh Kafshdouzan[1], Iradj Ashrafi Tamai[2], Saba Pouyan[3]

[1]*Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Semnan University, Semnan, Iran*
[2]*Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Tehran University, Tehran, Iran*
[3]*Graduated from the Faculty of Veterinary Medicine, Semnan University, Semnan, Iran*
(Received 4 December 2018, Accepted 27 February 2019)

Abstract:

BACKGROUND: The incidence of Campylobacter associated food-poisoning has gradually increased and it is considered to be the major cause of widespread infectious disease of the recent century. Although the poultry are the most important reservoirs and source of transmission of Campylobacter to human, urban wild birds like the ducks with faecal contamination of environment cannot be excluded from being the contributing source of *Campylobacter* spp. for human and animals.

OBJECTIVES: The aim of this study was to evaluate the faecal contamination of *C.jujuni* and *C.coli* in urban ducks in the North of Iran.

METHODS: From March to April 2016, a total of 75 stool samples were collected from urban ducks in Sari, Amol, Ghaem Shahr and Babol, Mazandaran province, Iran to evaluate the presence of *Campylobacter* spp. using triplex PCR. 16srRNA, mapA and ceuE genes were targeted for *Campylobacter* spp., *C.jujuni* and *C.coli* respectively.

RESULTS: 13 of 75 samples (17.33%) were contaminated with *Campylobacter* spp. Faeco prevalence of *C.jujuni* and *C.coli* was 84.6% and 15.4% .The prevalence of *C.jujuni* was significantly more (p< 0-0.5).

CONCLUSIONS: The results of this study have shown prevalence of *Campylobacter* spp. in urban ducks in the North of Iran is relatively high and may be considered a potential risk factor for human Campylobacteriosis in Iran, especially in children.

Keyword:

Fecal contamination, *C. jujuni*, *C. coli*, Duck, PCR

Figure Legends and Table Captions

Table 1. Characteristics of primers used in this study.

Figure 1. PCR products using primer set 16srRNA, (408bp), mapA (589bp) and ceuE (462bp). lane M: 100 bp marker. lanes 1 and 3 *C.jejuni*, lanes 2 and 4: *C.coli*. Lane 5: positive control, lane 6: negative control (distilled water).

***Corresponding author's email: kafshdouzan@semnan.ac.ir, Tel: 023-33654214, Fax: 023-33654214**

www.SID.ir