

Thesis Title Epidemiology and Genotypic Diversity of
Campylobacter spp. Isolated from Broiler Flock in Chiang
Mai, Thailand

Author Ms. Chomporn Chokboonmongkol

Degree Master of Veterinary Public Health

Thesis Advisory Committee

Prof. Dr. Thomas Alter Advisor (FU- Berlin)

Prof. Dr. Karl-Hans Zessin Advisor (FU- Berlin)

Dr. Prapas Patchanee Advisor (CMU)

ABSTRACT

This study was conducted to determine the prevalence of *Campylobacter* spp. in broiler flocks at the end of rearing period and on broiler carcasses by using conventional microbiological and the PCR methods, to determine antimicrobial resistance patterns (R-type) of the *Campylobacter* isolates from the broiler flocks and to characterize *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* genotypically using MLST. Ninety-eight broiler flocks were included in the study. The sample collection followed the EU COMMISSION DECISION protocol (2007/516/EC). In brief, ten intact caeca were randomly taken at the time of evisceration throughout a slaughter batch in order to detect *Campylobacter* spp. at broiler flock level and one whole carcass per slaughter batch was taken for the detection of *Campylobacter* spp. in broiler carcasses. Caeca and carcass samples were collected from the same slaughter batch. Prevalences of *Campylobacter* spp. in broiler flocks and broiler carcasses were 11.2% (11/98) and 51% (50/98), respectively. It was found that *C. jejuni* was detected in higher

proportion than *C. coli*; *C. jejuni* was found in 60% of carcasses (6/10) and 54.4% (25/46) of caeca, whereas *C. coli* was found in only 2.2% (1/46) of broiler carcasses and was not found in broiler caeca at all. The lowest average level of *Campylobacter* spp. contamination on chicken carcasses was 145 cfu/g. The highest amount of resistance of the 32 identified *Campylobacter* isolates was for ciprofloxacin (81.3%), followed by tetracycline (40.6%), ampicillin (31.3%) and erythromycin (9.38%). All isolates were sensitive to gentamicin. For the isolates tested, 42.9% were resistant to one drug, 32.1% to two drugs, 21.4% to three drugs, and 3.6% to four drugs. There were eight different antimicrobial resistance patterns. Nine different STs of *C. jejuni* were identified in this study and were assigned into five clonal complexes. There are three new STs in Thailand which were firstly reported by this study. *C. jejuni* isolated from the skins and caeca of broilers from the same farm demonstrated a similar pattern of seven housekeeping genes, the contamination of the chicken carcasses in the slaughterhouse therefore was due to *C. jejuni* colonizing the chicken intestines. However, the prevalence of *Campylobacter* spp. on broiler carcasses is higher than the prevalence in broiler flocks. Different STs of *C. jejuni* isolated from skin samples reflect the routes of horizontal transmission during the steps of the slaughter process. These findings provide solid scientific evidence for cross contamination during the slaughtering process. Thus, control measures in the slaughterhouse should be applied strictly and in order to reduce *Campylobacter* prevalence on carcasses, improved slaughter technologies need to be implemented in the near future.

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ ระบาดวิทยาและความหลากหลายทางพันธุกรรมของ
เชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ที่เพาะแยกจากฟาร์มไก่กระทง
เขตจังหวัดเชียงใหม่

ผู้เขียน นางสาว ชมพร โชคบุญมงคล

ปริญญา สัตวแพทยศาสตรมหาบัณฑิต

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

ศ.ดร. โทมัส อัลเทอร์ อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก (FU-Berlin)
ศ.ดร. คาร์ล-ฮานส์ เซสชิน อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม (FU-Berlin)
อ.น.สพ.ดร. ประภาส พันชี อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก (CMU)

บทคัดย่อ

ทำการศึกษาเพื่อหาค่าความชุกของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ในฝูงไก่กระทงช่วงระยะท้ายของการเลี้ยง และในซากไก่สด ด้วยวิธีการเพาะเลี้ยงเชื้อทางจุลชีววิทยาแบบดั้งเดิม และด้วยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส การศึกษารูปแบบการกระจายด้านจุลชีพ รวมทั้งการจำแนกคุณลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ เจจูไน ด้วยวิธี Multi Locus Sequence Typing (MLST) จากฝูงไก่กระทงจำนวน 98 ฝูง ด้วยวิธีการเก็บตัวอย่างตามรูปแบบคำแนะนำของ EU COMMISSION DECISION (2007/516/EC) กล่าวโดยสรุป เก็บตัวอย่างจากลำไส้ ส่วน caecum จำนวน 10 ตัวอย่างจากฝูงไก่กระทง ซึ่งตัวอย่างจะถูกเก็บแบบสุ่ม ในระหว่างกระบวนการควักฆ่าและอวัยวะภายในเพื่อตรวจหาเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ระดับฝูง และ ซากไก่สด จำนวนหนึ่งตัวต่อหนึ่งฝูงไก่กระทง เพื่อตรวจหาเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ที่ปนเปื้อนในซากไก่สด ทั้งนี้ ตัวอย่างลำไส้ส่วน caecum และตัวอย่างซากไก่สดจะมาจากฝูงไก่กระทงเดียวกัน

ความชุกของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ในฝูงไก่กระทงและซากไก่สด มีค่าเท่ากับ 11.2% (11/98) และ 51% (50/98) ตามลำดับ โดยพบแคมไพโลแบคเตอร์ เจจูไน ในสัดส่วนที่สูงกว่า แคมไพโลแบคเตอร์ โคไล โดยพบว่า แคมไพโลแบคเตอร์ เจจูไน ปนเปื้อนในซากไก่เท่ากับ 60% และในลำไส้ส่วน caecum เท่ากับ 54.4% ในขณะที่พบแคมไพโลแบคเตอร์ โคไล ในซากไก่สด เพียง

2.2% (1/46) และไม่พบ แคมไพโลแบคเตอร์ โคไล ในลำไส้ส่วน caecum ของไก่กระทง ค่าเฉลี่ยของค่าต่ำสุดของปริมาณเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ที่ปนเปื้อนซากไก่สดเท่ากับ 145 cfu/g ของตัวอย่าง

จากการทดสอบความไวของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ จำนวน 32 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ คือตัวยา ciprofloxacin สูงที่สุดเท่ากับ 81.3% ตามด้วยการคือตัวยา tetracycline เท่ากับ 40.6% ยาampicillin เท่ากับ 31.3% และยา erythromycin เท่ากับ 9.4% และเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ทั้งหมด ไวต่อยา gentamicin รูปแบบการคือยาด้านจุลชีพของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์พบได้ทั้งหมด 9 รูปแบบ โดยจากเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ที่คือตัวยาต้านจุลชีพที่ทำการทดสอบ พบว่า 42.9% คือยาด้านจุลชีพ 1 ชนิด 32.1% คือยาด้านจุลชีพ 2 ชนิด 21.4% คือยาด้านจุลชีพ 3 ชนิด และ 3.6% คือยาด้านจุลชีพ 4 ชนิด

รูปแบบลำดับเบสของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ พบทั้งหมด 9 รูปแบบ 5 clonal complex โดย 3 รูปแบบอะลีลของยีน Housekeeping ที่พบโดยการศึกษาเป็นการรายงานครั้งแรกในประเทศไทย และเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ เจอใน ที่เพาะแยกจากตัวอย่างลำไส้ส่วน caecum และซากไก่ที่มาจากฟาร์มเดียวกัน แสดงรูปแบบอะลีลของยีน Housekeeping เหมือนกัน

การศึกษานี้ บ่งบอกว่า มีการแพร่กระจายของเชื้อในแนวขวางระหว่างกระบวนการฆ่าชำแหละ ดังนั้น มาตรการการควบคุมการแพร่กระจายของเชื้อ ควรได้รับการพิจารณานำมาประยุกต์ใช้ เพื่อควบคุมและลดจำนวนการปนเปื้อน รวมถึงการใช้เทคโนโลยีในการฆ่าชำแหละ ควรได้รับการพิจารณาในอนาคต