

COM-07

## Frecuencia de colonización y diversidad genética de *Campylobacter* termófilos en granjas avícolas de autoconsumo

E. MORE<sup>1\*</sup>, N. ANTILLES<sup>1</sup>, I. GARCIA-BOCANEGRA<sup>2</sup> y M. CERDÀ-CUÉLLAR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centre de Recerca en Sanitat Animal (CRESA), IRTA, Campus UAB, 08193-Bellaterra, Barcelona, España.

<sup>2</sup>Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba-Agrifood Excellence International Campus (ceiA3), Córdoba, España.

\*email: elisabet.more@irta.cat

---

*Campylobacter jejuni* y *C. coli* son la causa más importante de gastroenteritis humana en la Unión Europea y la carne de ave contaminada es la principal fuente de infección. Se dispone de poca información acerca de la distribución de *Campylobacter* spp. en sistemas de cría alternativos, cada vez más relevantes en avicultura. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de colonización y diversidad genética de *Campylobacter* spp. en una selección de granjas avícolas de autoconsumo del norte y sur de España.

Se realizaron muestreos en 11 granjas de gallinas, 7 ubicadas en la provincia de Málaga (Andalucía) y 4 en la isla de Ons (Galicia) durante 2009-2011. Se recogieron hisopos cloacales de un máximo de 10 individuos por granja. El aislamiento de *Campylobacter* spp. se realizó mediante cultivo en agar selectivo mCCDA; los aislados se identificaron a nivel de especie mediante PCR y se analizó su diversidad genética mediante PFGE (enzimas *SmaI* y *KpnI*). Todas las granjas estudiadas fueron positivas a *Campylobacter* spp. con una frecuencia de colonización que osciló entre el 10% y el 90%. El porcentaje global de individuos positivos fue del 46,7% (49/105). Se aisló *C. jejuni* en todas las granjas y en una de ellas se detectó también *C. coli*. El genotipado de 94 aislados mostró un total de 24 perfiles de macrorestricción diferentes. A nivel de granja se detectaron hasta 4 perfiles diferentes. Aunque la mayoría de animales eran portadores de una única cepa (73,5%), se encontraron coinfecciones de 2 y 3 cepas diferentes de *C. jejuni*. También se observaron cepas predominantes presentes en varios animales de una misma granja, así como 7 cepas circulantes en distintas granjas, 2 de las cuales estaban presentes tanto en granjas de Málaga como de Is. Ons. El elevado número de animales colonizados por *Campylobacter* en granjas de autoconsumo y la presencia de las mismas cepas en regiones alejadas geográficamente señalan la importancia de este tipo de granjas en el mantenimiento y transmisión de *Campylobacter* y su posible impacto en salud pública.

*Campylobacter jejuni* and *C. coli* are the most important causes of human gastroenteritis in the European Union. Contaminated poultry meat is the main source of infection. Despite the increasing importance of alternative poultry breeding systems, the information about the distribution of *Campylobacter* spp. in those systems is scarce. The aim of this study was to determine the frequency of colonization and genetic diversity of *Campylobacter* spp. on a set of backyard farms from northern and southern Spain. Sampling was conducted in 11 backyard

farms, 7 of which were located in Malaga (Andalucia) and 4 in the Ons Island (Galicia), during 2009-2010. Cloacal swabs of up to 10 individuals per farm were collected. Isolation of *Campylobacter* spp. was performed by cultivation on selective agar mCCDA; isolates were identified to species level by PCR and its genetic diversity was analysed by PFGE (*Sma*I and *Kpn*I enzymes). All studied farms were positive for *Campylobacter* spp. with a frequency of colonization in between 10% and 90%. The overall percentage of positive birds was 46.7% (49/105). *C. jejuni* was isolated in all farms and *C. coli* was also detected in one of them. Genotyping of 94 isolates showed a total of 24 different macrorestriction profiles. Up to 4 different strains of *C. jejuni* were found at farm level. Although most animals were carriers of a single strain (73.5%), co-infections of 2 and 3 different strains of *C. jejuni* were found. Predominant strains present in several animals from a farm were also observed, as well as 7 strains circulating in different farms, 2 of them were present in farms from both Malaga and Ons Is. The high number of animals colonized by *Campylobacter* in backyard farms and the presence of the same strains in geographically distant regions highlight the importance of such farms in the maintenance and transmission of *Campylobacter* and its possible impact on public health.

---

**Palabras clave:** *Campylobacter*; granjas de autoconsumo; diversidad genética

**Keywords:** *Campylobacter*; backyard farms; genetic diversity

## Introducción

*Campylobacter jejuni* y *C. coli* son los principales agentes infecciosos implicados en gastroenteritis humana en la Unión Europea, siendo la carne de ave contaminada por éstos patógenos la principal fuente de infección (EFSA, 2015). Existen numerosos estudios sobre la epidemiología de *Campylobacter* en sistemas avícolas de producción intensiva. Sin embargo, se dispone de poca información acerca de la distribución de este *Campylobacter* spp. en sistemas de cría alternativos, cada vez más relevantes en avicultura. Las aves de autoconsumo tienen acceso al aire libre, lo que propicia una mayor exposición a fuentes de contaminación ambiental.

El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de colonización y diversidad genética de *Campylobacter* spp. en una selección de granjas avícolas de autoconsumo del norte y sur de España.

## Material y métodos

Se realizaron muestreos en 11 granjas de gallinas ponedoras, 7 ubicadas en Málaga (Andalucía) y 4 en la isla de Ons (Galicia) entre los años 2009 y 2010. Se recogieron hisopos cloacales de un máximo de 10 individuos por granja seleccionados aleatoriamente. El aislamiento de *Campylobacter* spp. se realizó mediante cultivo en agar selectivo mCCDA. Los aislados se identificaron a nivel de especie mediante PCR (Klena et al., 2004). Se analizó la diversidad genética de los aislados mediante PFGE con las enzimas de restricción *Sma*I y *Kpn*I (Ribot et al., 2001).

## Resultados y discusión

Todas las granjas estudiadas fueron positivas a *Campylobacter*, con una frecuencia de colonización que osciló entre el 10% y el 90% (Figura 1). El porcentaje global de individuos positivos en las 11 granjas fue del 46.7% (49/105). Se aisló *C. jejuni* en todas las granjas y en una de ellas se detectó tanto *C. jejuni* como *C. coli*.

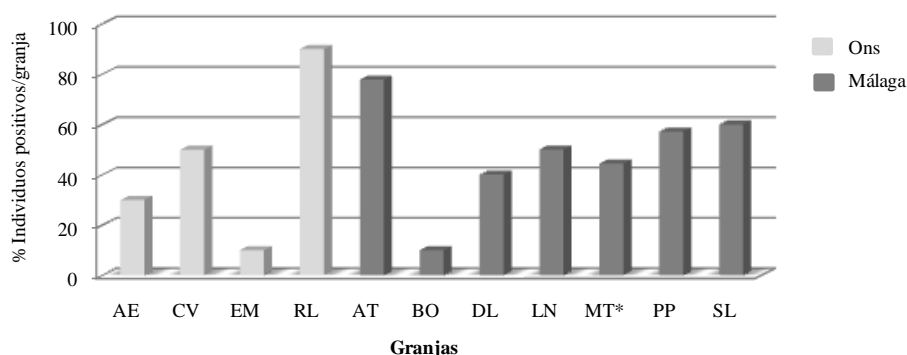


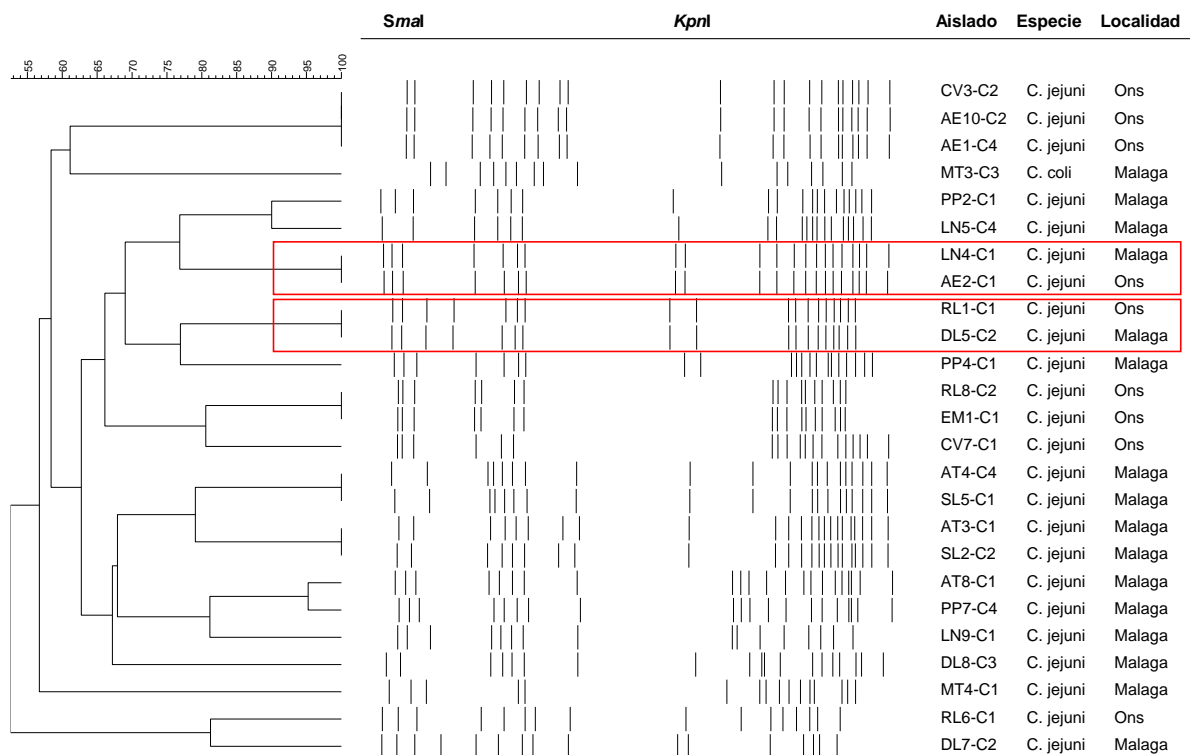
Figura 1. Frecuencia de colonización de *Campylobacter* en las granjas. \*Granja con presencia de *C. jejuni* y *C. coli*.

El genotipado de 94 aislados mostró un total de 24 perfiles de macrorestricción diferentes (18 en Málaga y 9 en Ons) (Tabla 2). A nivel de granja se detectaron hasta 4 perfiles diferentes. Aunque la mayoría de animales eran portadores de una única cepa (73,5%), se encontraron coinfecciones de 2 (12 animales) y 3 (1 animal) cepas diferentes de *C. jejuni*.

Tabla 2. Perfiles de PFGE y granjas donde fueron aislados. En negrita se muestran los perfiles comunes a granjas de Málaga y Ons.

Perfil PFGE <i>Sma I &amp; Kpn I</i>	Granja (n° indiv.)
1	AE (1), CV (1)
2	AE (1)
3	LN (2)
4	MT (1)
5	AT (1)
6	BO (1)
7	PP (2)
8	CV (1)
9	RL (5), EM (1)
10	LN (2)
11	PP (2)
<b>12</b>	<b>AE (1), LN (1)</b>
13	RL (2)
14	DL (1)
15	CV (2)
16	MT (1)
<b>17</b>	<b>RL (5), DL (4)</b>
18	AT (5), SL (4)
19	AT (2), PP (1)
20	RL (4)
21	MT (2)
22	LN (1)
23	DL (1)
24	AT (2), SL (2)

A pesar de la elevada diversidad genética, también se observaron cepas predominantes presentes en varios animales dentro de una misma granja. Por otro lado, se detectaron 7 cepas circulantes entre distintas granjas, 2 de las cuales estaban presentes tanto en granjas de Málaga como de Ons (Tabla 2, Figura 3), lo que pone de manifiesto la presencia de las mismas cepas en regiones muy alejadas geográficamente.



**Figura 3.** Dendrograma combinado con los perfiles de PFGE *SmaI* y *KpnI* de una selección de aislados de *Campylobacter*. La similitud entre aislados se evaluó mediante el coeficiente de Dice y el método UPGMA. Los recuadros señalan los *clusters* que agrupan aislados de granjas alejadas geográficamente que presentan un perfil común.

El elevado número de animales colonizados por *Campylobacter* en granjas de autoconsumo, la diversidad genética detectada, la frecuencia de coinfecciones, así como la presencia de cepas comunes entre granjas, señalan la importancia de este tipo de granjas en el mantenimiento y transmisión de *Campylobacter* y su posible impacto en salud pública.

## Referencias

- EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control).** (2015) The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2013. *EFSA Journal*, 13(1):3991.
- KLENA, J.D., PARKER, C.T., KNIBB, K., IBBITT, J.C., DEVANE, P.M., HORN, S.T.,**



ASOCIACIÓN ESPAÑOLA  
DE CIENCIA AVÍCOLA  
Sección Española de WPSA  
www.wpsa-aeca.es



**MILLER, W.G., KONKEL, M.E.** (2004) Differentiation of *Campylobacter coli*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter upsaliensis* by a Multiplex PCR Developed from the Nucleotide Sequence of the Lipid A Gene *lpxA*. *J Clin Microbiol.* 42(12): 5549–5557.

**RIBOT, E.M., FITZGERALD, C., KUBOTA, K., SWAMINATHAN, B., BARRETT, T.J.** (2001) Rapid pulsed-field gel electrophoresis protocol for subtyping of *Campylobacter jejuni*. *J Clin Microbiol.* 39(5):1889-1894.