

COM-08

## Diversidad genética y dinámica de *Campylobacter* termófilos en granjas de pollos de engorde en Cataluña

G. CANTERO\* y M. CERDÀ-CUÉLLAR

Centre de Recerca en Sanitat Animal (CRESA), IRTA, Campus UAB, 08193-Bellaterra, Barcelona, España;

\*email: guillermo.cantero@irta.cat

La campilobacteriosis es una infección gastrointestinal aguda causada por *Campylobacter* termófilos. La principal fuente de infección es la carne de ave contaminada y la mayoría de granjas de aves de engorde (*broilers*) son positivas a *Campylobacter*. Con el objetivo de determinar la dinámica y diversidad de cepas de *Campylobacter* en granjas de *broilers*, se llevó a cabo el genotipado de una selección de los aislados obtenidos en todos los lotes positivos criados a lo largo de dos años en dos granjas (granja A y E) de Cataluña, distantes entre sí. En la granja A se analizaron un total de 55 aislados (27 *C. jejuni* y 28 *C. coli*) provenientes de 7 lotes positivos. En la granja E se analizaron 85 aislados (74 *C. jejuni* y 11 *C. coli*) provenientes de 10 lotes positivos. El genotipado se llevó a cabo mediante electroforesis en campo pulsado (PFGE) utilizando los enzimas *SmaI* y *KpnI*. En la granja A, se detectó una elevada diversidad genética, identificándose un total de 15 perfiles diferentes de macrorestricción con una similitud superior al 90%. Se detectaron entre 1 y 6 perfiles diferentes por lote; únicamente se observó un mismo perfil en dos lotes consecutivos. En la granja E, se identificaron un total de 24 perfiles diferentes, detectándose entre 1 y 5 cepas diferentes por lote; se detectó un mismo perfil en 4 lotes diferentes no consecutivos y otro común a dos lotes consecutivos. No se detectó ninguna cepa común a las dos granjas estudiadas. La colonización de diversos lotes con una misma cepa apunta a una insuficiente bioseguridad en la granja, especialmente a nivel de nave, donde algunas cepas que se mantienen en el ambiente exterior de las naves a lo largo de diversas crianzas son introducidas a las naves de forma sucesiva. Así mismo, la diversidad genética detectada en ambas granjas puede ser un reflejo de una diversidad de fuentes de *Campylobacter* en el medio ambiente exterior de las naves, que directa o indirectamente, pueden introducir dicho agente en las naves de pollos.

Campylobacteriosis is an acute gastrointestinal infection caused by thermophilic *Campylobacter* bacteria. The major source of infection is contaminated poultry meat and most broiler chicken farms are positive for *Campylobacter*. With the aim to determine the dynamics and genetic diversity of *Campylobacter* strains in broiler farms, genotyping of isolates obtained from all positive flocks reared throughout two years in two distant broiler farms (farm A and E) from Catalonia was performed. Overall, 55 isolates from 7 positive flocks were analysed from farm A (27 *C. jejuni* and 28 *C. coli*) and 85 isolates (74 *C. jejuni* and 28 *C. coli*) from 10 positive flocks were analysed from farm E. Genotyping was conducted using pulsed field gel electrophoresis (PFGE) using *SmaI* and *KpnI* enzymes. A high genetic diversity was detected in farm A, with an

overall 15 different macrorestriction profiles with a similarity over 90%. Between 1 and 6 different profiles per flock were detected; only one profile was detected in two consecutive flocks. Overall, 24 different profiles were identified in farm E, with 1 to 5 strains per flock. The same profile was detected in 4 non-consecutive flocks, while one profile was found in 2 consecutive flocks. No common strain to the two studied farms was detected. The colonization of different flocks with a common strain points out to an inadequate biosecurity at the farm, especially at the house level. Thus, some strains that survive in the external environment of the farm during the downtime, are introduced into broiler houses in consecutive flocks. Also, the genetic diversity detected in both farms may reflect diverse *Campylobacter* sources of infection from the external environment that directly or indirectly can introduce the pathogen into the broiler houses.

---

**Palabras clave:** *Campylobacter*; genotipado; PFGE; granjas de broilers

**Keywords:** *Campylobacter*; genotyping; PFGE; broilers farms

## Introducción

La campilobacteriosis es actualmente la principal infección zoonótica entérica bacteriana en la UE y en el resto de países industrializados (EFSA and ECDC, 2015; WHO, 2012). La principal fuente de infección es la carne de ave contaminada y la mayoría de granjas de aves de engorde son positivas a *Campylobacter* (EFSA and ECDC, 2015).

Con el objetivo de determinar la dinámica y diversidad de cepas de *Campylobacter* en granjas de *broilers*, se llevó a cabo el genotipado de una selección de los aislados obtenidos en todos los lotes positivos criados a lo largo de dos años en dos granjas (granja A y E) de Cataluña.

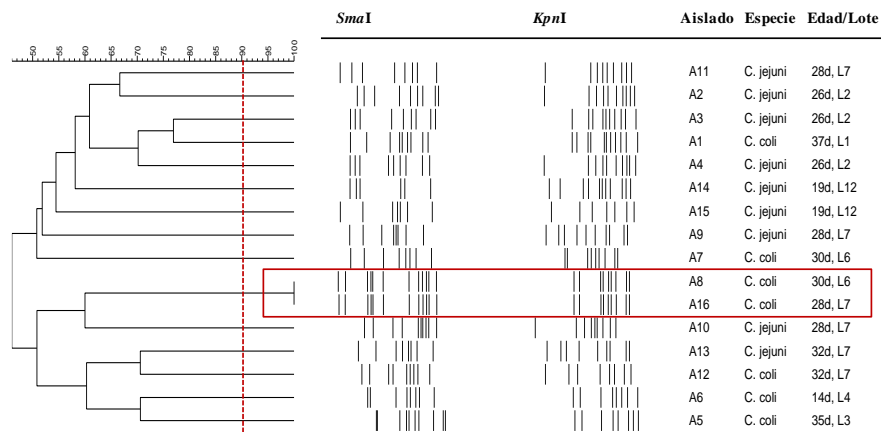
## Material y métodos

Las dos granjas estudiadas (granja A y granja E), distantes entre sí, poseían ventilación natural y una capacidad máxima por nave de 15.500 y 28.500 pollos (granja A y E, respectivamente). Los aislados objeto de estudio proceden de un estudio longitudinal previo, en el que se identificaron y conservaron 5 aislados por muestreo de cada lote positivo del total de lotes criados a lo largo de dos años (Urdaneta et al., 2013). En la granja A se analizaron un total de 55 aislados (27 *C. jejuni* y 28 *C. coli*) provenientes de 7 lotes positivos del total de 12 lotes criados. En la granja E se analizaron 85 aislados (74 *C. jejuni* y 11 *C. coli*) provenientes de 10 lotes positivos de un total de 12 lotes. El genotipado se llevó a cabo mediante electroforesis en campo pulsado (PFGE) utilizando los enzimas *SmaI* y *KpnI*.

## Resultados y discusión

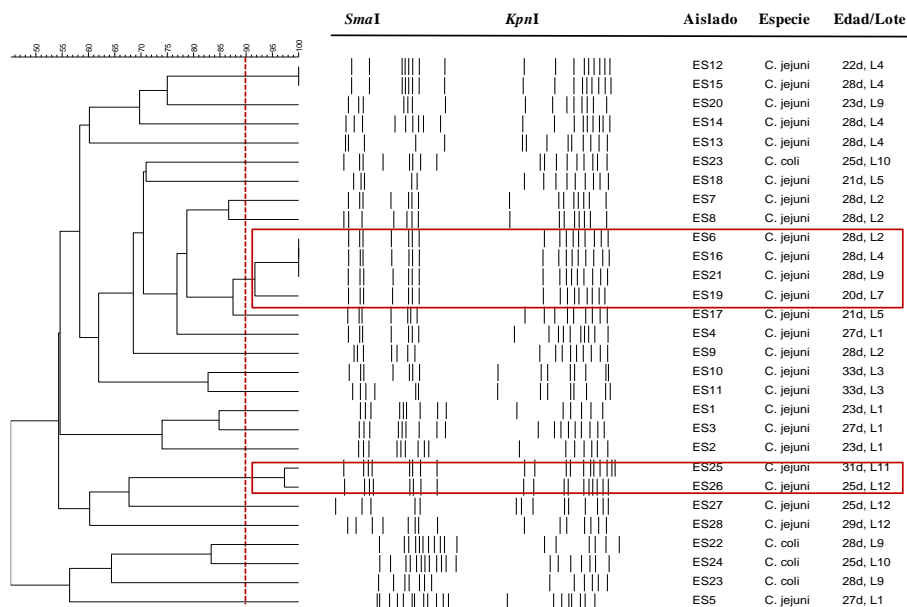
En la granja A, se detectó una elevada diversidad genética, identificándose un total de 15 perfiles diferentes de macroresctrcción (Figura 1). Se detectaron entre 1 y 6 cepas diferentes (perfiles

diferentes) por lote; únicamente se observó un mismo perfil de macrorestricción en dos lotes consecutivos (lotes 6 y 7).



**Figura 1.** Dendrograma de PFGE de los aislados de *C. jejuni* y *C.coli* de la granja A. La similitud entre aislados se evaluó mediante el coeficiente de Dice (tolerancia 1%, optimización 1%) y el método UPGMA. Los recuadros señalan los clusters que agrupan aislados con un nivel de similitud  $\geq 90\%$ .

En la granja E se identificaron un total de 24 perfiles diferentes de macrorestricción (Figura 2), detectándose entre 1 y 5 cepas diferentes por lote; se detectó un mismo perfil en 4 lotes diferentes no consecutivos (lotes 2, 4, 7 y 9) y otro común a dos lotes consecutivos (lotes 11 y 12). No se detectó ninguna cepa común a las dos granjas estudiadas.



**Figura 2.** Dendrograma de PFGE de los aislados de *C. jejuni* y *C.coli* de la granja E. La similitud entre aislados se evaluó mediante el coeficiente de Dice (tolerancia 1%, optimización 1%) y el método UPGMA. Los recuadros señalan los clusters que agrupan aislados con un nivel de similitud  $\geq 90\%$ .

La diversidad de cepas detectada en ambas granjas puede ser un reflejo de una diversidad de fuentes de *Campylobacter* en el medio ambiente exterior de las naves, que directa o indirectamente, pueden introducir dicho agente en las naves de pollos. Por otro lado, la colonización de diversos lotes con una misma cepa es indicativa de una insuficiente bioseguridad en la granja, especialmente a nivel de nave, donde algunas cepas que se mantienen en el medioambiente exterior de las naves a lo largo de diversas crianzas son introducidas a las naves de forma sucesiva. Se descarta la posibilidad de que alguna cepa sobreviva dentro de la nave entre crianzas, puesto que la limpieza y desinfección que se realiza en cada vacío sanitario elimina cualquier *Campylobacter* presente. Por otro lado, los pollitos de un día procedentes de las incubadoras, que se crían en cada nave están libres de dicho agente zoonótico. Así pues, un primer paso para el control de *Campylobacter* en granjas de pollos de engorde sería establecer unas sencillas pero estrictas medidas de bioseguridad, tanto a nivel de granja como a nivel de nave.

## 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* 2015; 13(1):3991
- URDANETA S., R. DOLZ, S. LÓPEZ-SORIA, M. CERDÀ-CUÉLLAR.** (2013) Dynamics of *Campylobacter* spp. infection in Spanish broiler farms: a longitudinal 18-months study. 17th International Workshop on *Campylobacter*, *Helicobacter* and Related Organisms (CHRO 2013). Aberdeen, p. 100.
- WHO.** (2012). The global view of campylobacteriosis. Report of an expert consultation. Utrecht, Netherlands, 9-11 July 2012.