Title

Bacterial assessment of acute diarrhea and evaluation of *Campylobacter jejuni* genetic relatedness isolated from human and poultry in west of Iran

Abstract

The aim of current study was determine of present rate of *shigella* spp. *Campylobacter* spp. and *E.coli* O157H7 in diarrheic samples. Also comparison of genetic relatedness of *C. jejuni* isolated from human and poultry. In six month of summer and fall all of referred diarrhea samples to labs and hospital in Saqqez city were collected. To detection of *Shigella* spp. *Campylobacter* spp. and *E. coli* O157:H7 two set of multiplex PCR and one simple PCR performed, respectively. Also cultural method was used to identification of *Campylobacter spp*. To *Campylobacter* spp. antibiotic resistance screening, Agar dilution and disc diffusion methods were performed. Also ERIC-PCR performed to comparison of genetic relatedness of *C. jejuni* isolated from human and poultry. Of all enrolled diarrhea one hundred was acute diarrhea. From 100 samples burden to acute diarrhea 23 patients were infected by *Shigella* spp. (n=17) and *Campylobacter* spp. (n=8). Also *S. flexneri* and *C. jujuni* were predominant *shigella* and *Campylobacter* isolated species respectively. Similar results were obtained in Agar dilution and disc diffusion methods. All of *Campylobacter* spp. isolates were sensitive to erythromycin, gentamycin and meropenem. Obtained ERIC-PCR show that *C. jejuni* isolated from human and poultry make seven profiles. Most of human isolates placed in profiles that contain poultry isolates. This study demonstrated that erythromycin so far is drug choice. ERIC-PCR analyses suggested that poultry is major source of human campylobacteriosis. Thus the best approach to control of campylobacteriosis is focus on reduction of *Campylobacter* contamination in poultry meat.

باکتری های درگیر در اسهال حاد و بررسی قرابت ژنتیکی کمپیلوباکتر ژژونی جدا شده ا ز نمونه های انسانی و طیور در غرب ایران

هدف از مطالعه حاضر بررسی میزان حضور *کمپیلوباکتر*، *شیگلا* و *E. coli* در نمونه های اسهالی می باشد. همچنین ارتباط ژنتیکی کمپیلوباکتر های جدا شده از نمونه های انسانی و طیور مورد بررسی قرار گرفت. در یک دوره ٦ ماهه در تابستان و پاییز نمونه های اسهال ارجاعی به بیمارستان و آزمایشگاه های شهرستان سقز جمع آوری شدند. از روش مولکولی برای تشخیص *کمپیلوباکتر*، *شیگلا* و *E. coli* استفاده شد و همچنین برای تشخیص کمپیلوباکتر از روش کشت هم بهره گرفته شد. مقاومت آنتی بیوتیکی ایزوله های بدست آمده با روش کشت با آگار دیلوشن و دیسک دیفیوژن بررسی شدند. همچنین برای بررسی میزان قرابت ژنتیکی از روش ERIC-PCR استفاده شد. صد نمونه اسهالی به عنوان اسهال حاد در نظر گرفته شدند. از صد نمونه اسهال حاد ۲۳ نمونه آلوده به کمپیلوباکتر (۸) و یا شیگلا (۱۷) بودند. در این مطالعه گونه های ژژونی و فلکسنری به ترتیب گونه ئ غالب در *کمپیلوباکتر* و *شیگلا* بودند. نتایج آگار دایلوشن و دیسک دیفیوژن مشابه بودند. همه نمونه ها به اریترومایسین، مروپنم و جنتامایسین حساس بودند. با روش ERIC-PCR ایزوله های انسانی و طیور به هم مشابه بودند. این مطالعه نشان داد که اریترومایسین داروی مناسب می باشد. آنالیز پروفایل های آنتی بیوتیکی نشان داده است که طیور می تواند منبع کمپیلوباکتریوزیس انسانی باشد.