Animal health and infectious diseases
Volume 2, Issue 2
Journal homepage: https://jahid.lu.ac.ir/

Molecular Detection of *Campylobacter* in Beef from Urmia County Using Nested-PCR

Ahmad Enferadi*[1], Mahdi Rezaverdinejad[1]

1. Department of Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, Urmia University, Urima, Iran.

ABSTRACT

Background and Aim: Campylobacter is considered one of the most common causes of bacterial gastroenteritis worldwide, and due to its high potential for contamination and transmission through food, especially red meats, it has garnered significant attention. The present study aimed to assess the prevalence of *Campylobacter* bacteria in beef samples collected from Urmia County.

Materials and Methods: In this research, 30 beef samples were randomly collected from various butcher shops in Urmia County in the year 2023 and subjected to molecular testing. DNA was extracted from the analyzed beef samples, and to identify the genus Campylobacter, the Nested-PCR method based on the *16S rRNA* gene was employed. This technique allowed us to accurately identify the presence of *Campylobacter* bacteria and differentiate between its various species.

Results: The results indicated that out of the 30 beef samples tested, 4 samples (equivalent to 13%) were contaminated with *Campylobacter* bacteria. These findings suggest that beef can play a significant role in the epidemiology and prevalence of Campylobacter in Urmia County.

Conclusion: The relatively high prevalence of *Campylobacter* in beef supports the notion that these animals act as potential reservoirs for the bacteria, and therefore, greater attention must be directed towards sources of contamination and routes of transmission to humans. Since Campylobacter is primarily transmitted through the consumption of undercooked meats and contamination resulting from a lack of hygiene during meat processing, these results underscore the necessity for broader studies focused on identifying and controlling this bacterium. Furthermore, implementing appropriate strategies for controlling and preventing Campylobacter-related diseases in the community can help reduce the incidence of gastroenteritis and improve public health. Ultimately, achieving successful outcomes in this regard requires interdisciplinary collaboration and consideration of the health, environmental, and economic aspects of this issue.

Keywords: *Campylobacter*, beef, Nested-PCR

Received: 02.10.2025 **Accepted:11.11.2025** **Final Edit: 06.12.2025** **Online Published:29.12.2025**

Corresponding Information: **Ahamd Enferadi,** Department of Microbilogy, Faculty of Veterinary Medicine, Urmia University, Urmia, Iran. Email: ahmad.tanyaie@gmail.com

Cite this article: Enferadi, Ahmad; & Rezaverdinejad, Mahdi (2025). Molecular Detection of *Campylobacter* in Beef from Urmia County Using Nested-PCR. *Animal health and infectious diseases*. 2(2), 88-93.

بهداشت و بیماری های عفونی دام
دوره ۲ ، شماره ۲
صفحه مجله: https://jahid.lu.ac.ir/

تشخیص مولکولی *کمپیلوباکتر* در گوشت گاو شهرستان اورمیه به روش Nested-PCR

احمد انفرادی*[۱] ، مهدی رضا وردی نژاد[۱]

۱. دانشگاه ارومیه، دانشکده دامپزشکی، گروه میکروبیولوژی، ارومیه، ایران.

چکیده

زمینه و هدف: *کمپیلوباکتر* یکی از شایع‌ترین عوامل گاستروآنتریت باکتریایی در سطح جهانی به شمار می‌آید و به دلیل ظرفیت بالای آلودگی و انتقال آن از طریق غذا، به ویژه گوشت‌های قرمز، توجه ویژه‌ای را به خود جلب کرده است. مطالعه حاضر به منظور ارزیابی شیوع باکتری‌های کمپیلوباکتر در نمونه‌های گوشت گاو جمع‌آوری‌شده از شهرستان ارومیه انجام شد.

مواد و روش ها: در این پژوهش، ۳۰ نمونه از گوشت گاو به‌طور تصادفی از قصابی‌های مختلف در سطح شهرستان ارومیه در سال ۱۴۰۲ جمع‌آوری و تحت آزمایش‌های مولکولی قرار گرفتند. برای استخراج DNA از نمونه‌های گوشت مورد بررسی استفاده شد و به‌منظور شناسایی جنس *کمپیلوباکتر*، از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای (Nested-PCR) بر پایه ژن *16S rRNA* بهره گرفته شد. این روش به ما این امکان را داد که با دقت بالا وجود باکتری‌های کمپیلوباکتر را شناسایی کنیم و به تشخیص گونه‌های مختلف آن‌ها بپردازیم.

یافته ها: نتایج نشان داد که از مجموع ۳۰ نمونه گوشت گاو، ۴ نمونه (معادل ۱۳ درصد) به باکتری کمپیلوباکتر آلوده بودند. این یافته‌ها بیانگر این هستند که گوشت گاو می‌تواند نقش قابل توجهی در اپیدمیولوژی و شیوع باکتری کمپیلوباکتر در شهرستان ارومیه داشته باشد.

نتیجه گیری: شیوع نسبتا بالای کمپیلوباکتر در گوشت گاو، موید این نکته است که این حیوانات به‌عنوان مخازن احتمالی *کمپیلوباکتر* عمل می‌کنند و در نتیجه باید توجه بیشتری به منابع آلودگی و راه‌های انتقال این باکتری به انسان معطوف گردد. از آن‌جایی که *کمپیلوباکتر* به ویژه از طریق مصرف گوشت‌های نپخته و آلودگی‌های ناشی از عدم رعایت بهداشت در فرآوری گوشت منتقل می‌شود، این نتایج ضرورت انجام مطالعات وسیع‌تر در زمینه شناسایی و کنترل این باکتری را بیش از پیش روشن می‌سازد. علاوه بر این، اتخاذ راهکارهای مناسب برای کنترل و پیشگیری از بیماری‌های ناشی از کمپیلوباکتر در جامعه، می‌تواند به کاهش شیوع گاستروآنتریت کمک کند و سلامت عمومی را بهبود بخشد. در نهایت، برای دستیابی به نتایج موفق در این راستا، نیاز به همکاری بین رشته‌ای و توجه به جنبه‌های بهداشتی، محیط زیستی و اقتصادی این مسئله وجود دارد.

کلیدواژه ها: *کمپیلوباکتر*، گوشت گاو، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای

دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۱۰ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۸/۲۰ ویرایش نهایی: ۱۴۰۴/۰۹/۱۵ انتشار آنلاین: ۱۴۰۴/۱۰/۰۸

اطلاعات نویسنده مسئول: احمد انفرادی، گروه میکروبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

Email: ahmad.tanyaie@gmail.com

استناد: انفرادی، احمد؛ و رضا وردی نژاد، مهدی. (۱۴۰۴) تشخیص مولکولی کمپیلوباکتر در گوشت گاو شهرستان اورمیه به روش Nested-PCR، *بهداشت و بیماری‌های عفونی دام*، ۲ (۲)، ۸۸-۹۳.

مقدمه

با توجه با ارزش غیر قابل انکار مواد غذایی، این مواد ارتباط نزدیکی با انتقال بیماری دارند. بیماری ناشی از مصرف مواد غذایی در تعریف سازمان بهداشت جهانی (WHO) به بیماری با خصوصیت عفونی یا سمی که به وسیله‌ی مصرف مواد غذایی آلوده ایجاد می‌شود اطلاق می‌گردد این تعریف همه بیماری‌های مربوط به غذا را شامل می‌شود و تنها به بیماری‌هایی که با ناحیه‌ی روئه–معده مرتبط هستند و علائمی از قبیل اسهال و یا استفراغ نشان می‌دهند، محدود نمی‌شود. در اروپا و شمال آمریکا مواد غذایی با منشا حیوانی مانند گوشت دام و طیور، شیر، تخم مرغ و محصولات ناشی از آن‌ها بیشترین نقش را در ایجاد بیماری‌های ناشی از غذا دارند. بسیاری از پاتوژن های پر خطر که باعث ایجاد بیماری در انسان می شوند از طریق مواد غذایی مختلف منتقل می شوند. با توجه به افزایش شیوع بیماری و مرگ و میر عمده ناشی از دست رفتن زمان در محل کار و کاهش بهره‌وری بیماری های ناشی از غذا در سراسر جهان سالانه میلیاردها دلار هزینه می‌شود. از آنجائیکه شیوع بیماری های ناشی از مواد غذایی ممکن است به اندازه یک عامل ۳۰ گزارش شود، تعداد موارد گاستروانتریت مرتبط با غذا بین ۶۸ میلیون تا ۲۷۵ میلیون در سال تخمین زده می شود. حتی در انتهای پایین این محدوده، بیماری های غذایی یک مشکل عمده بهداشت عمومی را تشکیل می دهند (Mostafavi and Asmand, 2012).

یکی از مشکلات ذاتی در شناسایی پاتوژن‌های مواد غذایی این است که آن‌ها به طور کلی در تعداد بسیار کم (CFU۱۰۰) در حدود یک میلیون و یا بیشتر باکتری دیگر وجود دارد. این میکروب‌ها ممکن است بین پس زمینه میکرو فلور بومی از بین رفته و مواد موجود در غذاها ممکن است مانع بهبودی شوند. همچنین مشکل نشان می‌دهد که سویه‌هایی که از یک نمونه غذایی حاصل می‌شوند، در واقع برای انسان بیماری‌زا هستند. تشخیص سریع و آسان موجودات پاتوژن، اقدامات احتیاطی برای حفظ غذای سالم را تسهیل می‌کند (Zhang et al., 2021).

جنس کمپیلوباکتر متعلق به خانواده کمپیلوباکتریاسه، راسته کمپیلوباکتریاس، طبقه اپسیلون پروتئوباکتریا از شاخه پروتئوباکتریا است که در سال ۱۹۶۳، شناسایی شد. بیش از ۲۰ گونه کمپیلوباکتر وجود دارد. که مهم‌ترین آن‌ها از نظر غذایی *کمپیلوباکتر ژژونی* زیر گونه ژژونی می‌باشد که عامل بیش از ۸۵ درصد از عفونت‌های روده‌ای کمپیلوباکتریایی می‌باشد (Gilbert et al., 2018).

گونه‌های *کمپیلوباکتر* گرم منفی، میکروآئروفیلیک، بدون اسپور، خمیده، با ظاهر میله‌ای شکل بوده که با دوسلول تشکیل یک زنجیره کوتاه شبیه بال مرغ دریایی می‌دهد. اکثر اعضای جنس کمپیلوباکتر بواسطه تاژک قطبی در یک یا دو انتها متحرک هستند. این میکروارگانیسم‌ها از کربوهیدارت‌ها تولید اسید نکرده و از اسیدهای آمینه به عنوان منبع انرژی استفاده می‌کنند. گزارش‌های اپیدمیولوژیکی نشان می‌دهند که گوشت مرغ هنوز عامل اصلی بیماری‌های ناشی از مواد غذایی در انسان است (Khan et al., 2013).

کمپیلوباکتریوزیس یک بیماری زئونوز می‌باشد که از حیوانات دامی مانند گاو، گوشفند، خوک و ماکیان از طریق مدفوعی دهانی به انسان منتقل می‌گردد. این عفونت به صورت اسهال ملایم و خود محدود شونده تا اسهال خونی و سخت می‌تواند بروز کند. از عوارض بعدی این عفونت می‌توان باکتریمی، آرتریت عود کننده، عفونت دستگاه ادارای، منتژیتیس، اندوکاردیت، سندروم گیلن باره و سندرم میلر فیشر را نام برد بیشترین جمعیت در معرض خطر کودکان می‌باشند (Abd El-Ghany, 2019).

در سال‌های اخیر نقش گونه‌های ترموفیلک *کمپیلوباکتر* به ویژه ژژونی و کلی به عنوان پاتوژن غذایی بسیار افزایش یافته است. در سال ۲۰۰۱، طی یک بررسی در آمریکا، ۳۴/۶ درصد عامل عفونت‌های معدی رودی کمپیلوباکتر بوده است، این میزان در انگلستان و ولز بین سال‌های ۱۹۹۱ تا ۲۰۰۰، ۶۵ درصد بوده است. در بسیاری از کشورهای اروپایی میزان کمپیلوباکتریوزیس از سالمونلوزیس سبقت گرفته است. از نگرانی‌های مهم سازمان جهانی بهداشت شیوع سویه‌های کمپیلوباکتر مقاوم به آنتی بیوتیک‌های رایج در درمان عفونت‌های معدی رودی مانند سیپروفلوکساسین می‌باشد (Nasiri and Motalebi, 2019).

تکنیک Nested-PCR یکی از مشتقات PCR است که راه حلی برای افزایش حساسیت و دقت PCR بوده و جداسازی محصول اختصاصی مورد نظر را از بین انبوه محصولات غیر اختصاصی میسر می‌سازد. هدف از این مطالعه، تعیین میزان شیوع *کمپیلوباکتر* در

گوشت گاو قصابی‌های منطقه اورمیه، به روش Nested-PCR می-باشد.

مواد و روش کار

نمونه برداری

با توجه به نامشخص بودن میزان آلودگی و شیوع باکتری‌های *کمپیلوباکتر* در نظر گرفتن میزان شیوع ۵۰ درصدی آن‌ها در اورمیه تعداد ۵۰ نمونه گوشت چرخ شده با مراجعه به قصاب‌ها جمع آوری خواهد شد. بلافاصله نمونه‌های جمع‌آوری شد در کنار یخ به آزمایشگاه باکتری شناسی دانشکده دامپزشکی منتقل شد.

استخراج DNA ژنومی باکتری

جهت استخراج DNA، از روش جوشاندن استفاده شد. ابتدا به میزان ۱۰ گرم از هر نمونه در سرم فیزیولوژی همگن شده، سپس نمونه‌ها با ۱۰۰۰۰ دور به مدت ۱۰ دقیقه سانتریفیوژ شد. پس از حذف مایع رویی، ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر استریل اضافه و پس از ورتکس، محتویات آن به تیوپ دوم انتقال داده شد. محتویات تیوب دوم پس از ورتکس، به ترمومیکسر، در دمای ۹۹ درجه سانتیگراد به مدت ۶ دقیقه منتقل، و در انتها به مدت ۵ دقیقه در ۱۰۰۰۰ دور سانتریفیوژ خواهد شد. در پایان کیفیت و کمیت DNA استخراج شده به کمک نانودراپ ارزیابی گردید.

واکنش زنجیره‌ای پلی مراز

واکنش زنجیره‌ای پلی مراز به حجم ۲۵ میکرولیتر و با ترکیب اجزای زیر جهت تکثیر دو ژن *16SrRNA* باکتری *کمپیلوباکتر* انجام شد.

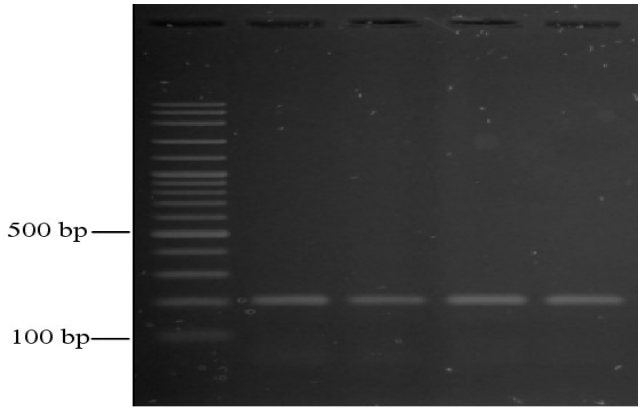
۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس (با غلظت دو برابر تهیه شده از شرکت پیشگام، ایران)، ۱ میکرولیتر از هر کدام از پرایمرهای رفت و برگشت برای هر ژن به طور جداگانه (توسط شرکت سیناکولون سنتز خواهند شد، کرج ایران)، DNA الگو به مقدار ۵ میکرولیتر و به کمک آب DEPC حجم به ۲۵ میکرولیتر رسانده خواهد شد. توالی پرایمرها و برنامه حرارتی واکنش PCR براساس جدول شماره آورده شده است. قابل ذکر می‌باشد که تمام تعداد سیکل‌های استفاده شده جهت تشخیص هر با باکتری ۳۵ سیکل بود. همچنین در این مطالعه پرایمرهای ژن *16SrRNA* کمپیلوباکتر از مقاله Halling و Bricker (۱۹۹۴) استفاده شد.

Primer	Sequence 5′----3′	Amplimer length (bp)	PCR conditions C/ of S				
			pre-Denaturation	Denaturation	Annealing	Extension	Final Extension
Campylio-F	AAGCTTTTGCAGCGACACCA	683	94/3m	94/60s	62/60 s	72/60s	72/10m
Campylio -R	TTTAGGAACAGGCGGAACGATAGC						
Cam-Nested-F	ACCCAAATCCCCAAAATCAGGAGA	203	94/2m	94/30	62/30 s	72/30s	72/5 m
Cam-Nested-R	GCGCTATGCGTCCATCAACTGTTA						

جدول شماره ۱) توالی پرایمرها و برنامه حرارتی

نتایج

در مجموع از ۳۰ نمونه گوشت مورد بررسی با استفاده از روش PCR براساس ژن *16S rRNA* برای باکتری کمپیلوباکتری تعداد ۴ نمونه (۱۳ درصد) مثبت بودند (شکل ۱).



شکل ۱) آزمایش PCR نمونه‌های گوشت براساس ژن *16S rRNA* باکتری کمپیلوباکتر
M، نشانگر استاندارد (۱۰۰bp): ردیف‌های ۱، ۲، ۳ و ۴ نمونه‌های مثبت *کمپیلوباکتر*

بحث

بیماری‌های منتقله از مواد غذایی از علل اصلی گاستروآنتریت انسان بوده و در میان عوامل باکتریایی، گونه‌های *کمپیلوباکتر* به خصوص *کمپیلوباکتر ژژونی* و کلی، اغلب عامل عمده التهابات معدی–روده‌ای در سراسر جهان در نظر گرفته می‌شود (۱۰،۹). بطوری که در میان گونه-هایی که باعث اسهال می‌شوند، اغلب گونه *کمپیلوباکتر ژژونی* (۹۳ درصد) و پس از آن *کمپیلوباکتر کلی* (۷ درصد)، *کمپیلوباکتر لاری* و *کمپیلوباکتر هیواینتستینالیس* جدا شده است (۷). کمپیلوباکترها غالبا در دستگاه گوارش حیوانات، به ویژه پرندگان یافت می‌شوند و معمولا محیط زیست، از جمله آب را آلوده می‌کنند (۱۱). شیوع گونه‌های کمپیلوباکتر در محوصلات مرغ خام در دامنه صفر تا ۱۰۰ درصد و بطور متوسط ۶۲ درصد است (۳) بطوری که گزارش‌های اپیدمیولوژیکی نشان می‌دهند که گوشت و محصولات مرغ هنوز عامل اصلی بیماری‌های ناشی از مواد غذایی در انسان است (۱۸) از طرفی تولید و مصرف محوصلات مرغ، روند رو به رشدی در سراسر جهان نشان می‌دهد (۱۸) که این افزایش عمدتا به دلایلی از قبیل کم بودن هزینه‌های تولید گوشت مرغ در مقایسه با گوشت گاو، افزایش استفاده در تهیه‌ی غذا، تقاضای زیاد مصرف کنندگان و غنی بودن از پروتئین (۲۳–۲۰ درصد) با هزینه معقول می‌باشد (۲۸،۲۵، ۱). دوز عفونی این باکتری، بسیار پایین است (cfu/g ۵۰۰)، که بستگی به سن و شرایط فیزیکی فرد دارد، در کودکان این دوز ممکن است به طور قابل توجهی کمتر باشد (۱۷). مهم‌ترین منابع الودگی عبارتند از شیر خام، گوشت و محصولات مرغ، گوشت چرخ شده که حرارت کافی ندیده و همچنین آب‌های سطحی تصیفه نشده که به مصرف آشامیدن می‌رسد نیز از عوامل ابتلا به عفونت هستند.

این میکروارگانیسم‌ها عامل عفونت‌های روده‌ای هستند. در بین آنها *کمپیلوباکتر ژوژنی* (Campylobacter jejuni) از اهمیت خاصی برخوردار است. مهم‌ترین منابع آلودگی شیر خام، گوشت و جگر مرغ و همچنین گوشت چرخ شده که حرارت کافی ندیده باشند می‌باشند.

Taremi و همکاران روی ۲۴۱ نمونه گوشت مرغ و گاو جمع‌آوری شده از فروشگاه‌های تهران به جستجوی کمپیلوباکتر پرداختند و ۶۳ درصد از نمونه‌های گوشت مرغ و ۱۰ درصد از گوشت گاو آلوده بودند (Taremi et al., 2006. Khalifeh Gholi) تعداد ۱۵۸ نمونه گوشت قرمز را مورد آزمون قرار دادند ولی هیچ گونه نمونه آلوده به *کمپیلوباکتر ژوژنی* مشاهده نشد (Rahimi, 2004). Khalifeh Gholi و همکاران در تحقیقی روی ۲۰۳ لاشه گاو کشتار شده در اصفهان، پس از کشت میکروبی هیچ نمونه مثبتی از نظر کمپیلوباکتر مشاهده نکردند (Rahimi et al., 2008) . Rahimi و همکاران روی ۹۴ لاشهٔ شتر آزمایش بعمل آوردند و درصد آلودگی به کمپیلوباکتر را ۵/۳ درصد اعلام کردند (Rahimi et al., 2010b) . رحیمی و همکاران جمعاً ۷۰۲ نمونه از گوشت قرمز (شتر ۱۰۷ نمونه، گاو ۱۹۰ نمونه، گوساله ۲۲۵ نمونه و بز ۱۸۰ نمونه) را از اطراف اصفهان و یزد جمع‌آوری کرده و کمپیلوباکتر را در آن‌ها جستجو کردند. بیشترین میزان آلودگی مربوط به گوشت گوساله (۱۲ درصد) بوده، پس از آن به ترتیب گوشت گاو (۲/۴ درصد) و گوشت شتر (۰/۹ درصد) آلوده‌ترین بودند (Rahimi et al., 2010a).

در مطالعه‌ی دیگری که توسط انستیتو تحقیقات دامپزشکی لهستان انجام شد شیوع مولکولی *کمپیلوباکتر ژژونی* و *کولای* مورد توجه قرار گرفت. در مطالعه از نمونه‌های گوشت موجود در خرده فروشی‌ها استفاده شد. در کل تعداد ۵۵۸ نمونه شامل ۱۰۵ نمونه گوشت گاو، نمونه گوشت خوک و تعداد ۳۶۸ نمونه از گوشت ماکیان تهیه شد. در مجموع تعداد ۳۲۱ نمونه به کمپیلوباکتر آلوده بود که تمام نمونه‌های آلوده از نمونه‌های گوشت ماکیان بودند. این مطالعه مجددا بیانگر پایین بودن میزان آلودگی گوشت گاو به باکتری کمپیلوباکتر می‌باشد.

در سال ۲۰۰۹ در شهر تهران ۳۷۹ نمونه گوشت مرغ و گوشت گاو برای بررسی آلودگی به کمپیلوباکتر جمع‌آوری شدند. از تعداد ۳۷۹ نمونه گوشت ۲۸/۸ درصد از نمونه‌ها آلوده به کمپیلوباکتر بودند. آلودگی برای گوشت گاو حدود ۸ درصد بدست آمد که از میزان بدست آمده در مطالعه ما کمتر می‌باشد. با توجه به مشابه بودن روش کار می‌توان به بالا بودن شیوع کمپیلوباکتر در این مطالعه اشاره نمود. ضمنا باید به تاثیر دما در زنده‌مانی و انتشار کمپیلوباکتر در دو استان باید اشاره کرد. مطالعه‌ی دیگری در دو استان چهارمحال و بختیاری و خوزستان که بر روی گشوت خام شتر، گاو و گاومیش انجام گرفته است از مجموع ۳۷۹ نمونه (۱۳۰ نمونه گوشت شتر، ۲۰۷ نمونه گوشت گاو و ۴۲ نمونه گوشت گاومیش) جمع‌آوری شده، در مجموع ۳۱ نمونه گوشت از ۳۷۹ نمونه آلوده به کمپیلوباکتر بودند. بررسی توسط PCR نشان داد که ۹/۲۱ درصد از نمونه‌های گاوی به کمپیلوباکتر آلوده هستند. که در مقایسه با تحقیق حاضر شیوع پایین‌تری را نشان می‌دهد.

نتیجه گیری

مطالعه‌ی حاضر اولین مطالعه‌ی مولکولی براساس در خصوص میزان آلودگی گوشت‌های چرخ شده گاو در منطقه ارومیه می‌باشد. نتایج آن می‌تواند بسیار کاربردی و حائز اهمیت باشد. نتایج این مطالعه، شیوع

باکتری *کمپیلوباکتر* را در نمونه‌های گوشت گاو قصاب‌های مناطق ارومیه نشان داد. نتایج این مطالعه حاکی از آن است که گوشت گاو می‌تواند از منابع مهم *کمپیلوباکتر* باشد. نتایج این مطالعه نشان داد که از تشخیص مولکولی *کمپیلوباکتر* در نمونه‌های گوشت می‌توان به‌عنوان یک روش آسان و قابل اعتماد برای تشخیص کمپیلوباکتر استفاده کرد. نتایج مطالعه حاضر نشان داد که گوشت گاو می‌توانند نقش مهمی در اپیدمیولوژی و شیوع کمپیلوباکتر در مهاباد داشته باشند. شیوع نسبتا بالای *کمپیلوباکتر* در گوشت گاو، این حیوانات را به‌عنوان مخازن *کمپیلوباکتر* تأیید کرد و در نتیجه این حیوانات می‌تواند به‌عنوان مهمترین منابع آلودگی برای انسان در کشور و مناطق مورد مطالعه باشند که این امر لزوم انجام مطالعات بیشتر در موارد گسترده‌تر و اتخاذ راهکارهای مناسب برای کنترل و پیشگیری بیماری را بیش از پیش نشان می‌دهد.

منابع

1. Mostafavi, E., and Asmand, M. (2012). Trend of brucellosis in Iran from 1991 to 2008. 20133003975.
2. Zhang, Q., Zhang, J.I.N., Zhang, J., Xu, D.U.O., Li, Y., Liu, Y., Weng, P. (2021). Antimicrobial effect of tea polyphenols against foodborne pathogens: A review. Journal of food protectio, 84(10):1801-1808.
3. Gilbert, Maarten J., Duim, B., Van der Graafvan Bloois, L., Wagenaar, J.A., Zomer, A.L. (2018). Homologous recombination between genetically divergent Campylobacter fetus lineages supports host-associated speciation. Genome Biology and Evolution, 10(3), 716- 722.
4. Khan, I.U., Hill, S., Nowak, E., Palmer, M.E., Jarjanazi, H., Lee, D.Y., Edge, T.A. (2013). Investigation of the prevalence of thermophilic Campylobacter species at Lake Simcoe recreational beaches. Inland aters, 3(1), 93-10.
5. Abd El-Ghany, W. A. (2019). One health approach of campylobacteriosis in Egypt: An emerging zoonotic disease. The Journal of Infection in Developing Countries, 13(11), 956-960.
6. Nasiri, D., & Motalebi, A. (2019). Investigation of campylobacter jejuni caused by Guillain-Barré syndrome in poultry meat and edible offal's. Journal of Advanced Biomedical Sciences, 9(3), 1675-1681.
7. Bricker, B. J. & Halling, S. M. (1994) Differentiation of Brucella abortus bv. 1, 2, and 4 Brucella melitensis, Brucella ovis, and Brucella suis bv. 1 by PCR. Journal of Clinical Microbiology 32, 2660-2666.
8. Friedman, C.R., Neimann, J., Wegener, H.C., Tauxe, R.V. (2000) In: American Society for Microbiology, Campylobacter. Nachamkin, I., Blaser, M.J. (eds.). (2nd ed.) Washington, DC. p. 121-138.
9. Frost, J.A. (2001) Current epidemiological issues in human campylobacteriosis. Journal of Applied Microbiology Symposium Supplement. 30: 85S-95S.
10. Taremi, M., Soltan Dallal, M.M., Gachkar, L., Moez Ardalan, S., Zolfagharian, K., Zali, M.R. (2006). Prevalence and antimicrobial resistance of Campylobacter species isolated from retail raw chicken carcasses and beef meat. International J. Food microbiology, 108: 401-403.
11. Brown, P.E., Christensen, O.F., Clough, H.E., Diggle, P.J., Hart, C.A., Hazel, S., Kemp, R., Leatherbarrow, A.J.H., Mooke, A., Sutherst, J., Turner, J., Williams, N.J., Wright, E.J., French, N.P. (2004) Frequency and spatial distribution of environmental Campylobacter spp. Appl Environ Microbiol. 70: 6501-6511.
12. Gunther, N.W., Chen, C.Y. (2009) The biofilm forming potential of bacterial species in the genus Campylobacter. Food Microbiol. 26: 44-51.
13. Arritt, F.M., Eifert, J.D., Pierson, M.D., Sumner, S.S. (2002) Efficacy of Anti microbials against Campylobacter jejuni on Chicken Breast Skin. J Appl Poult Res. 11: 358-366.
14. Kozacinski, L., Hadziosmanoviv, M., Zdolec, N. (2006) Micobiological quality of poultry meat on the Croatian market, Vetrinarski Arhiv. J Facul Vet Med. 76: 305-13.
15. Al- Dughaym, A., Al- Tabari, G. (2010) Safety and quality of some chicken meat products in AlAhsa markets- Saudi Arabia. J Biologic Sci.17: 37-42.
16. Khalifeh Gholi, M. (2004). Prevalence of Aeromonas and Campylobacter jejuni on retail broiler chicken carcasses and red meat in butcheries of Tehran. MSc. Thesis, Faculty of hygiene, Tehran University of Medical Sciences [In Farsi].
17. Rahimi, E., Momtaz, H., Hemmatzadeh, F. (2008). The prevalence of Escherichia coli O 157: H7, Listeria monocytogenes and Compylobacter spp. on bovine carcasses in Isfahan, Iran. Iranian Journal of Veterinary Research, 9 (4): 365-370.
18. Rahimi, E., Momtaz, H., Nozarpour, N. (2010b). Prevalence of Listeria spp., Campylobacter spp. and Escerichia coli O157: H7 isolated from camel carcasses during processing. Bulgarian Journal of Veterinary Medicine, 13(3): 179-185.
19. Rahimi, E., Ameri, M., Kazemeini, H.R. (2010a). Prevalence and Antimicrobial

Resistance of Campylobacter Species lsolated from Raw Camel, Beef, Lamb, and Goat Meat in Iran. Foodborne pathogens and Disease, 7(4): 443-447.

20. Havaii, S.A., Pishva, E., Tabibian, A., Rabbani, M., Haghshenas, F., and Narimani, T. 2007. Prevalence of Campylobacter jejuni and coli isolated from poultry meat Cytolethal distending toxin-producing cell culture method in Isfahan. Iranian journal of Medical Microbiology. 3: 17-23 (In Persian).