

การระบาดของ *Campylobacter* spp. ในไก่ในแถบประเทศยุโรปและอเมริกาได้มีการพบการระบาดตั้งแต่ 0-100% เชื้อ *Campylobacter* ทำให้เกิดโรคท้องร่วงจากการบริโภคอาหารหรือเนื้อไก่ที่มีการปนเปื้อน เชื้อนี้ตั้งแต่อยู่ในฟาร์มหรือในขั้นตอนการฆ่าและการชำแหละเรื่อยมาจนกระทั่งถึงมือผู้บริโภค ความแตกต่างทางภูมิประเทศ อากาศ อุณหภูมิของสิ่งแวดล้อมในประเทศไทยน่าจะมีส่วนต่อการพบเชื้อ *Campylobacter* ได้อย่างมีความแตกต่าง ผลการศึกษาครั้งนี้พบว่า ระบบการเลี้ยงหลังบ้าน และเพื่อการค้าพบเชื้อ *Campylobacter* โดยเฉลี่ยที่ 4.41 ± 0.4 และ 4.06 ± 1.03 logcfu/ml ตามลำดับแต่ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ และความชุกของการพบเชื้อ ที่ 67% (2/3) และ 40% (3/5) ตามลำดับ ส่วนปริมาณ Normal Flora ของ 2 ระบบการเลี้ยงพบว่า การเลี้ยงเพื่อการค้ามีปริมาณเชื้อ โดยเฉลี่ยของ Anaerobe, Lactobacillus, Total bacteria และ Enterobacteriaceae มากกว่าแต่ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ส่วนการศึกษาหาความสัมพันธ์ของเชื้อ *Campylobacter* และแหล่งที่มาของเชื้อ โดยวิธี RAPD และ microsatellite เพื่อสร้าง Phylogenetic tree แล้วพบว่าเชื้อ *Campylobacter* มีความหลากหลายในพันธุกรรม และ *Campylobacter* ที่มาจากแหล่งเดียวกันมีความสัมพันธ์กันมากกว่า วิธีการศึกษาทางระบาด โดยวิธีนี้ของเชื้อนี้สามารถอธิบายปรากฏการกระจายตัวของ *Campylobacter* ได้

The epidemiological study on *Campylobacter* in poultry has been demonstrated in proportion of 0-100% in Europe and USA countries. Contaminated *Campylobacter* on poultry could cause diarrhea in human. The contamination has been found through the farm, slaughterhouse and the environment. Although the retail meat and cooking is risk having the *Campylobacter*. According to the different in temperature, housing and management between Thailand and western countries may cause on *Campylobacter* number. Our study was demonstrated that backyard and intensive rearing system were 4.41 ± 0.4 and 4.06 ± 1.03 logcfu/ml, respectively. Also the proportion of *Campylobacter* of backyard and intensive rearing system was 67% (2/3) and 40% (3/5), respectively but there were no statistically found. The normal flora number of Anaerobe, Lactobacillus, Total bacteria and Enterobacteriaceae found in backyard was lower than in their intensive system. The relationship of *Campylobacter* was demonstrated that high variation of the DNA profile of *Campylobacter* of chickens from backyard and commercial system was found. On the result of phylogenetic tree, the DNA profile of *Campylobacter* in the chicken feces was mostly divided into 2 groups as backyard and intensive rearing chickens. The use of RAPD cooperated with microsatellite on the distribution of *Campylobacter* was reasonable method.