

DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20241219006

引用格式: 许艳平, 渠淑晴, 王潇, 等. 2023—2024年徐州市空肠弯曲菌耐药及毒力基因分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(10): 112–118.

XU YP, QU SQ, WANG X, *et al.* Analysis of drug resistance and virulence genes of *Campylobacter jejuni* in Xuzhou City from 2023 to 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(10): 112–118. (in Chinese with English abstract).

# 2023—2024年徐州市空肠弯曲菌耐药及毒力基因分析

许艳平, 渠淑晴, 王潇, 冯欢欢, 崔雯雯, 张心驰, 童晶, 余峰玲\*

(徐州市疾病预防控制中心, 徐州 221006)

**摘要:** **目的** 探究2023—2024年徐州市空肠弯曲菌的耐药表型、耐药基因及毒力基因携带情况、血清型、序列类型(sequence type, ST)分型。**方法** 对2023—2024年徐州市分离的空肠弯曲菌进行全基因组测序分析了毒力基因、耐药基因、多位点序列分型等分子特征, 通过实时荧光定量聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)法了解格林-巴利综合征相关的血清型, 通过琼脂稀释法了解其耐药表型。**结果** 48株空肠弯曲菌共有24个ST型, ST137最多, 占比18.75% (9/48), 有15株菌检出格林-巴利综合征相关的血清型, 共检出24种耐药基因和121种毒力基因。耐药率排前3位的抗生素分别是萘啶酸(100.00%)、环丙沙星(100.00%)、四环素(97.92%), 对红霉素100.0%敏感, 多重耐药率达到62.50% (30/48)。**结论** 徐州地区空肠弯曲菌具有多重耐药率高、部分耐药基因携带率高等特征, 并且毒力基因携带率高, ST型较多, 表现出较高的遗传多样性。**关键词:** 空肠弯曲菌; 全基因组测序; 血清型; 多重耐药

## Analysis of drug resistance and virulence genes of *Campylobacter jejuni* in Xuzhou City from 2023 to 2024

XU Yan-Ping, QU Shu-Qing, WANG Xiao, FENG Huan-Huan, CUI Wen-Wen,  
ZHANG Xin-Chi, TONG Jing, YU Feng-Ling\*

(Xuzhou Center for Disease Control and Prevention, Xuzhou 221006, China)

**ABSTRACT: Objective** To understand the drug resistance phenotypes, carriage of drug resistance genes and virulence genes, serotypes and sequence type (ST) classification of *Campylobacter jejuni* in Xuzhou from 2023 to 2024. **Methods** Whole genome sequencing was conducted on *Campylobacter jejuni* isolated from Xuzhou City in 2023—2024 to understand the molecular characteristics such as virulence genes, drug resistance genes, and multilocus sequence typing. The serotypes related to Guillain-Barré syndrome were identified by real-time fluorescent quantitative polymerase chain reaction (PCR), and the drug resistance phenotypes were determined by agar dilution method. **Results** Forty-eight strains of *Campylobacter jejuni* were classified into 24 ST types. ST137

收稿日期: 2024-12-19

基金项目: 徐州市重点研发计划(社会发展)项目(KC22225); 江苏省卫生健康委科研项目(Y12023007, Ym2023072)

第一作者: 许艳平(1990—), 女, 主管技师, 主要研究方向为食源性致病菌。E-mail: 420368808@qq.com

\*通信作者: 余峰玲(1986—), 女, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为食品风险监测和食源性致病菌检测。E-mail: 1297721853@qq.com

was the most numerous, accounted for 18.75% (9/48). Fifteen strains were found to have serotypes related to Guillain-Barré syndrome. A total of 24 drug resistance genes and 121 virulence genes were detected. The top 3 antibiotics with the highest resistance rates were nalidixic acid (100.00%), ciprofloxacin (100.00%), and tetracycline (97.92%). They were 100.0% sensitive to erythromycin, and the multi-drug resistance rate reached 62.50% (30/48).

**Conclusion** *Campylobacter jejuni* in Xuzhou area is characterized by a high rate of multi-drug resistance, a relatively high carrying rate of some drug resistance genes, a high carrying rate of virulence genes, a large number of sequence types (ST types), and shows relatively high genetic diversity.

**KEY WORDS:** *Campylobacter jejuni*; whole genome sequencing; serotype; multi-drug resistance

## 0 引言

空肠弯曲菌(*Campylobacter jejuni*)为革兰阴性菌,属于弯曲菌属,生长营养要求高,在微需氧环境中生长,最适生长温度为 42 °C,是一种重要的人畜共患病原菌<sup>[1]</sup>,该菌一般寄居于禽畜的肠道中<sup>[2]</sup>,在禽畜之间相互感染,人主要通过摄入被污染的食物(如未煮熟的鸡肉、牛奶等)和水而感染<sup>[3]</sup>,也可通过接触感染动物及其排泄物传播,人感染空肠弯曲菌后,可引起腹泻、腹痛等胃肠道疾病,严重时可能引发周围神经系统的严重疾病,如格林-巴利综合征(Guillain-Barresyndrome, GBS)和米勒综合征<sup>[4-7]</sup>。空肠弯曲菌是导致人类弯曲菌病的主要病原菌之一,全球发病率近十年来逐渐增加<sup>[8]</sup>,有研究显示空肠弯曲菌引发的腹泻病例数量超过了食源性沙门氏菌所致的病例数<sup>[9-10]</sup>。据世界卫生组织报道,空肠弯曲菌是腹泻病的全球四大主要病因之一,也是最常见的食源性致病菌之一<sup>[11]</sup>。

空肠弯曲菌的耐药性和多重耐药性的快速增加已成为全球关注焦点<sup>[12]</sup>。空肠弯曲菌对多种常用的抗生素的耐药性呈上升趋势,尤其是对氟喹诺酮类抗生素(如环丙沙星)的耐药率增长明显。全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)属于基因层面的检测技术,能应用于菌种鉴定、分型、基因突变、耐药基因、毒力基因分析以及聚类分析等方面<sup>[13]</sup>。了解徐州市空肠弯曲菌耐药性及基因组特征,对于监测及防控其引发的感染性疾病具有重要意义,但目前关于徐州市空肠弯曲菌的研究较少,因此,本研究借助耐药表型、血清型及全基因组测序,对徐州市 2023 和 2024 年分离出的空肠弯曲菌开展检测分析,包括其耐药表型、耐药基因、毒力基因、多位点序列分型(multi-locus sequence typing, MLST)以及 GBS 相关血清型等分子特征,揭示徐州地区空肠弯曲菌的流行特点、潜在致病风险与耐药状况,构建徐州市空肠弯曲菌分子分型数据库,为防控空肠弯曲菌及追溯暴发源头给予数据支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与试剂

药敏质控菌株空肠弯曲菌 ATCC33560(美国

MicroBioLogics 公司); 哥伦比亚血琼脂平板(青岛高科技工业园海博生物技术有限公司); 质谱基质液(郑州安图生物工程股份有限公司); 空肠弯曲菌核酸扩增荧光检测试剂盒(F20240514, 北京卓诚惠生生物科技股份有限公司); GBS 高风险空肠弯曲菌血清型筛查试剂盒(240527)、弯曲菌药敏板、菌种保存管(青岛中创汇科生物科技有限公司)。

### 1.2 仪器与设备

Bugbox M 型厌氧培养箱(英国 Ruskinn 公司); VITEK DENSIMAT 浊度仪(法国梅里埃公司); Thermo Fisher 1300 生物安全柜(美国赛默飞世尔科技有限公司); Autof ms1000 全自动微生物质谱检测系统(郑州安图生物工程股份有限公司); KingFisher Flex 全自动核酸提取系统(美国 Thermo 公司); CFX96 Deepwell 实时荧光聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)仪(美国伯乐生命医学产品有限公司)。

### 1.3 实验方法

#### 1.3.1 菌株来源

48 株空肠弯曲菌,其中 41 株分离自 2023—2024 年生禽样本,7 株分离自 2023—2024 年徐州市儿童医院及徐州市肿瘤医院腹泻病人粪便样本。所有菌株按照年度分离顺序进行本实验室编号。

#### 1.3.2 菌株复苏及鉴定

从-80 °C 冰箱取出菌株保存管,待室温下保存液溶解后,用无菌接种环取一环菌液接种于哥伦比亚血平板,在微需氧(5% O<sub>2</sub>、10% CO<sub>2</sub>、85% N<sub>2</sub> 的混合气体)条件下 42 °C 培养 36~48 h 后,将生长良好的单个菌落再次转种血平板进行微需氧培养。纯培养的空肠弯曲菌利用全自动核酸提取系统提取核酸,具体方法按仪器操作规程操作。采用空肠弯曲菌核酸扩增荧光检测试剂盒和全自动微生物质谱检测系统鉴定相结合的方法进行菌株鉴定<sup>[14-15]</sup>。

#### 1.3.3 药敏实验

空肠弯曲菌(ATCC33560)为本次药敏实验的质控菌株,使用 96 孔板琼脂稀释法来检测,选用 7 类共 11 种抗生素。分别为大环内酯类:红霉素(erythromycin, ERY)、阿奇霉素(azithromycin, AZM);喹诺酮及氟喹诺酮类:萘啶酸

(nalidixic acid, NAL)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP); 氨基糖苷类: 庆大霉素(gentamicin, GEN)、链霉素(streptomycin, STR); 氯霉素类: 氯霉素(chloramphenicol, CHL)、氟苯尼考(florfenicol, FLO); 四环素类: 四环素(tetracycline, TET); 酮内酯类: 泰利霉素(telithromycin, TEL); 林可酰胺类: 克林霉素(clindamycin, CLI); 检测过程: 用无菌棉签挑取生长良好的待测菌与质控菌菌落 3~4 个, 悬浮于 3 mL 无菌稀释液中, 充分混匀, 将悬液调整到 0.5 麦氏单位后再用无菌稀释液进行 10 倍稀释, 此时弯曲菌的浓度大约为  $10^4$  CFU/mL; 将稀释好的待检菌液点加到药敏培养板检测列以及质控孔中进行检测; 将药敏板置于微需氧环境下  $42\text{ }^{\circ}\text{C}$  培养 24 h, 肉眼判断检测结果, 读取最低抑菌浓度(minimum inhibitory concentration, MIC)值, 药敏结果判定依据美国临床与实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)<sup>[16]</sup>以及美国国家抗生素耐药监测系统(National Antimicrobial Resistance Monitoring, NARMS)(<https://www.cdc.gov/narms/antibiotics-tested.html>)所推荐的耐药标准来执行。菌株对 3 类及 3 类以上的抗生素产生耐药性, 则被判定为多重耐药(multi-drug resistance, MDR)。

#### 1.3.4 血清型实验

根据空肠弯曲菌的 DNA 序列鉴定 9 类 GBS 相关的空肠弯曲菌的血清型(包括 HS:2, HS:19, HS:41, HS:1, HS:23-36, HS:5-31, HS:44, HS:4 和 HS:37 共 11 种血清型), 将提取好的核酸采用 GBS 高风险空肠弯曲菌血清型筛查试剂盒通过荧光 PCR 鉴定; PCR 反应操作如下: 分别吸取 2  $\mu\text{L}$  的待测菌液核酸标本、阴性对照、阳参试剂(试剂阳性对照品)以及提取好的标准菌株的核酸, 将其分别加入已配制好反应液的 PCR 反应管内, 使每管的终体积达到 20  $\mu\text{L}$ 。扩增条件:  $94\text{ }^{\circ}\text{C}$  预变性 30 s;  $94\text{ }^{\circ}\text{C}$  变性 5 s,  $60\text{ }^{\circ}\text{C}$  退火、延伸及检测荧光 30 s, 40 个循环; Ct 值 < 35 为阳性。

#### 1.3.5 全基因组测序

把提取好的核酸运送至北京诺禾致源有限公司开展二代测序分析。先是在 CLC Genomics Workbench 23.0.5 软件上运用 Trimming 模块, 将测序所得的原始序列(Raw reads)里的 adapter 及数据质量低的去除, 接着进行从头拼接(De Novo Assembly), 且用本研究的菌株编号为组装后的 contigs 命名。

### 1.4 数据处理

测序数据由北京诺禾智源生物信息科技有限公司提供。毒力基因分析以毒力因子数据库(virulence factors database, VFDB)数据库为基础, 耐药基因分析则依据 ResFinder 数据库, 同时把基因结果比对到 PubMLST 数据库(<https://pubmlst.org/>), 用以完成空肠弯曲菌的 MLST 分型注释。利用 CLC Genomics Workbench 23.0.5 软件构建单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNP)系统

发育树, 参考菌株为 ATCC33560 (GenBank ID: CP019838.1), 采用最大似然法。使用 ChiPlot 工具进行图形的注释与美化<sup>[17]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 耐药表型及耐药基因携带情况

48 株空肠弯曲菌对 11 种抗生素耐药性检测结果显示, 对红霉素最敏感, 没有耐药菌株, 对其余抗生素均有不同程度耐药, 耐药率排前 3 位分别是萘啶酸(100.00%)、环丙沙星(100.00%)、四环素(97.92%)。多重耐药率高达 62.50% (30/48), 多重耐药模式较多, 其中检出最多的为喹诺酮及氟喹诺酮类, 四环素类, 氯霉素类同时存在耐药, 占多重耐药的 80.00% (24/30), 见表 1。

耐药基因分析结果发现, 48 株菌一共检测出了属于 5 类的 24 种耐药基因。分别为氨基糖苷类、 $\beta$ -内酰胺类、大环内酯类、氯霉素类、四环素类, 其中 *blaOXA-193*、*blaOXA-448*、*blaOXA-450*、*blaOXA-451*、*blaOXA-452*、*blaOXA-453*、*blaOXA-489* 携带率最高为 87.50% (42/48), 其次为 *blaOXA-489* 携带率为 85.42% (41/48), 第三为 *tet (O)* 携带率为 81.25% (39/48), 携带最低的为 *cat (pC194)*、*tet (39)*、*tet (L)*、*blaOXA-185*、*blaOXA-460*、*blaOXA-461*、*blaOXA-465*、*blaOXA-466*, 携带率为 2.08% (1/48), 详见图 1。

表 1 48 株空肠弯曲菌对 7 类 11 种抗生素的耐药结果  
Table 1 Resistance results of 48 *Campylobacter jejuni* strains to 11 kinds of antibiotics of 7 categories

类别	药物名称	耐药判定 /( $\mu\text{g}/\text{mL}$ )	耐药率/%
大环内酯类	ERY*	$\geq 32$	0.00 (0/48)
	AZM	$\geq 1$	8.33 (4/48)
喹诺酮及氟喹诺酮类	NAL	$\geq 32$	100.00 (48/48)
	CIP*	$\geq 4$	100.00 (48/48)
氨基糖苷类	GEN	$\geq 4$	6.25 (3/48)
	STR	$\geq 16$	6.25 (3/48)
氯霉素类	CHL	$\geq 32$	8.33 (4/48)
	FLO	$\geq 8$	54.17 (26/48)
四环素类	TET	$\geq 16$	97.92 (47/48)
酮内酯类	TEL*	$\geq 8$	27.08 (13/48)
林可酰胺类	CLI	$\geq 1$	16.67 (8/48)

注: \*为 CLSI 标准, 其余为参考 NARMS 标准。

### 2.2 血清型结果

48 株空肠弯曲菌共有 15 株检出 GBS 综合征相关的空肠弯曲菌血清型, 其中 1 株检出 HS:2, 4 株检出 HS:1, 5 株检出 HS:5-31, 1 株检出 HS:4, 4 株检出 HS:37, 其余均未检出, 见表 2。

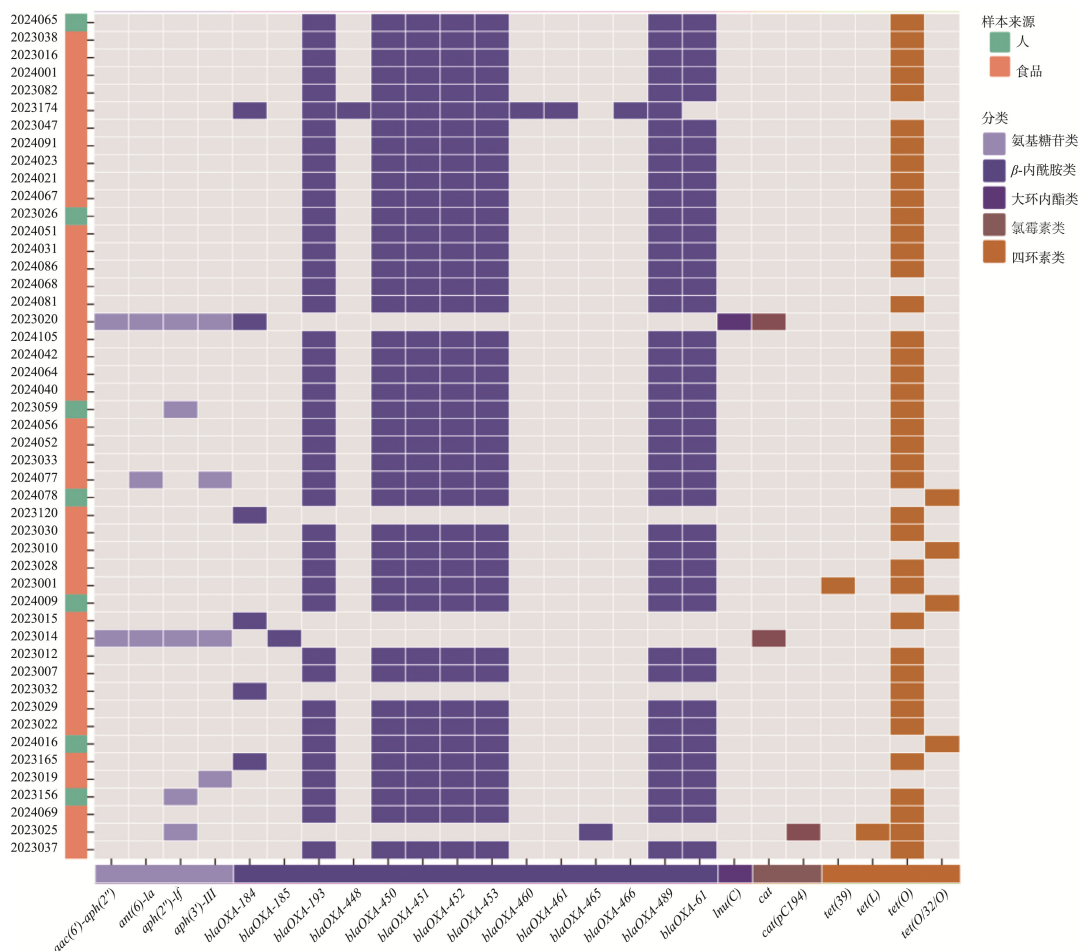


图 1 48 株空肠弯曲菌耐药基因分布热图

Fig.1 Distribution map of drugresistance genes in 48 *Campylobacter jejuni* strains

表 2 9 种 GBS 综合征相关的空肠弯曲菌血清型检出结果  
Table 2 Detection results of 9 kinds of *Campylobacter jejuni* serotypes associated with GBS

血清型	菌株编号	检出菌株数
HS:19	—	0
HS:41	—	0
HS:2	2023030	1
HS:1	2023001、2023059、2023156、 2024042	4
HS:5-31	2023028、2023029、2024031、 2024065、2024068	5
HS:23-36	—	0
HS:44	—	0
HS:4	2024052	1
HS:37	2023007、2023015、2023119、 2023120	4

注: —为无此项。

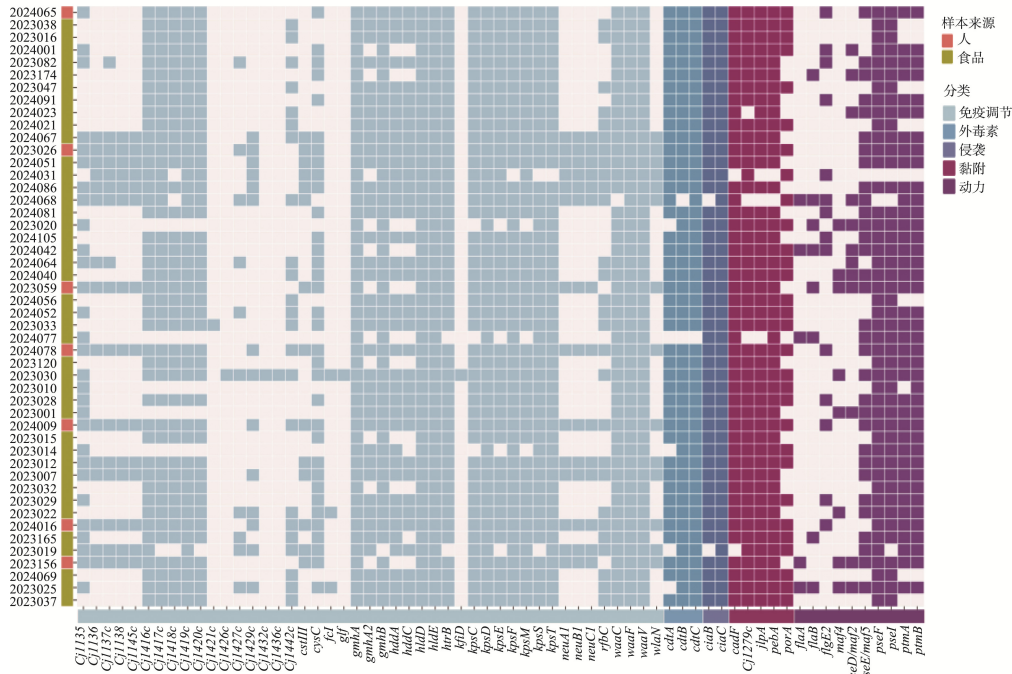
### 2.3 毒力基因携带情况

在对 48 株空肠弯曲菌的检测中, 共发现了 121 种毒力基因, 包括黏附、侵袭、动力、免疫调节、外毒素 5 大功能模块。每一株菌株所携带的毒力基因数量均不少于 71 种, 部分菌株多达 103 种。在这 5 大功能模块当中, 动力

模块所检出的毒力基因数量尤为突出, 位列各模块之首, 占 54.55% (66/121); 其次为免疫调节模块, 占 37.19% (45/121); 外毒素基因中 *cdtB*、*cdtC*、*cdtA* 的携带率分别为 95.83% (46/48)、97.92% (47/48)、89.58% (43/48), 侵袭相关基因中 *ciaB* 的携带率为 95.83% (46/48); 免疫调节相关基因 *wlaN* 携带率为 29.17% (14/48)。48 株菌中全部携带的毒力基因有 63 种, 包括 *waaC*、*waaV*、*ciaC*、*gmhA*、*kpsD*、*hldD*、*hldE* 以及运动动力相关的 56 种毒力基因。见图 2。

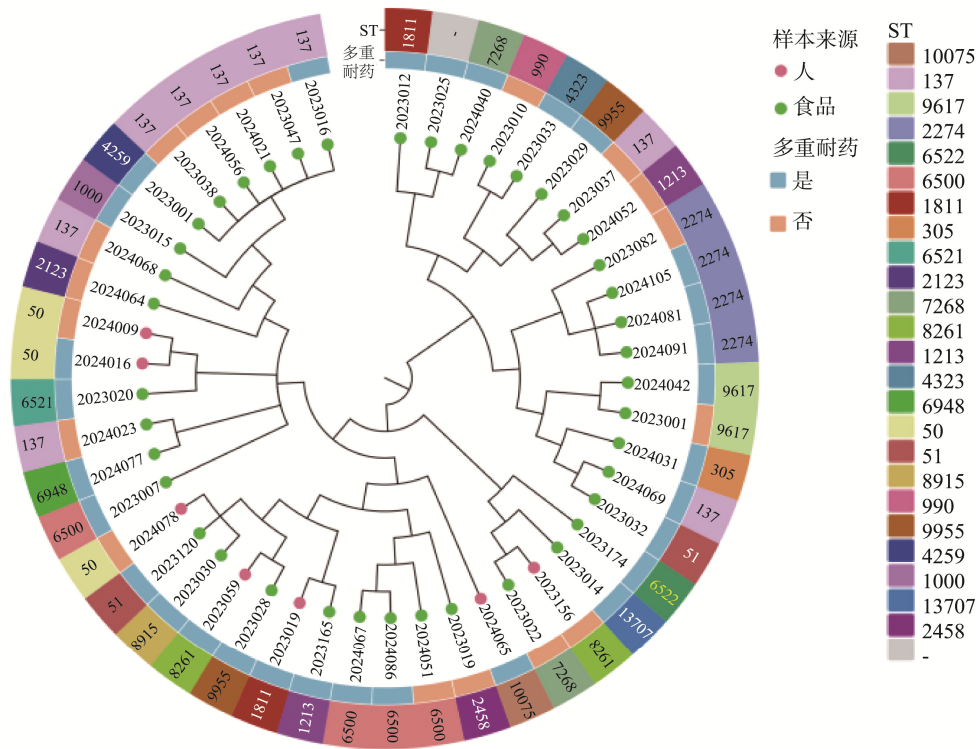
### 2.4 MLST 分型结果

空肠弯曲菌 MLST<sup>[18]</sup>是按照 7 个管家基因进行分类的, 结果发现 48 株空肠弯曲菌共检出 24 种序列类型(sequence type, ST)型, 有 1 株菌未能通过 PubMLST 数据库鉴定出 ST 型。ST 型呈现出多样化的特征。其中, ST137 所占比例最高, 达到 18.75% (9/48); 其次为 ST2274 和 ST6500, 它们的占比均为 8.33% (4/48)。30 株多重耐药菌, 共有 21 种 ST 型, 7 株人源型菌株共 5 种 ST 型, 多重耐药占 42.86% (3/7), 41 株食源型菌株共 21 种 ST 型, 多重耐药占 65.85% (27/41)。两种不同来源的菌株型别较为分散, 无明显的聚类特征。详见图 3。



注：白色方块为未检测，彩色方块为检出。动力模块中的 *pseH*、*flgL*、*flaC*、*flhB*、*fliQ*、*Cj0371*、*flgG*、*flgD*、*fliK*、*motB*、*flhF*、*flgJ*、*flgR*、*flgS*、*pseA*、*fliI*、*flgB*、*flgC*、*fliF*、*cheA*、*cheW*、*fliM*、*fliN*、*flhA*、*pseC*、*fliY*、*fliG*、*fliH*、*rpoN*、*fliE*、*flgI*、*flgP*、*flgQ*、*fliW*、*cheY*、*flgH*、*flgG2*、*fliD*、*pseG*、*flgK*、*flgM*、*Cj0883c*、*flaG*、*eptC*、*fliL*、*pflA*、*motA*、*flhG*、*pseB* 等 56 种基因携带率均为 100.00%，未在上图列出。

图 2 48 株空肠弯曲菌部分毒力基因分布热图  
Fig.2 Distribution map of virulence genes in 48 *Campylobacter jejuni* strains



注：-表示未知。

图 3 48 株空肠弯曲菌系统进化分析  
Fig.3 Phylogenetic analysis of 48 *Campylobacter jejuni* strains

### 3 讨论与结论

空肠弯曲菌是导致人类患胃肠炎的主要病原菌, 此问题已演变为全球瞩目的食品安全焦点<sup>[19]</sup>, 给世界范围内的疾病防控与公共卫生体系带来了极为沉重的负担<sup>[20-21]</sup>。相关文献报道近年来弯曲菌耐药率一直在增长<sup>[22-23]</sup>, 治疗弯曲菌病的抗生素为大环内酯类和喹诺酮类及氨基糖苷类药物, 本研究分离的 48 株空肠弯曲菌对萘啶酸和环丙沙星耐药率为 100.00%, 四环素耐药率为 97.92%, 呈现出高度的耐药性, 与相关研究一致<sup>[24-25]</sup>, 大环内酯类抗生素是当下临床方面用于治疗弯曲菌感染而被推荐的一线用药类别<sup>[24]</sup>。据其他不同地区的研究发现<sup>[26-27]</sup>, 从不同地区、不同来源所分离出的空肠弯曲菌研究发现, 其对红霉素的耐药率具有明显差异, 耐药率在 8.20%到 100.00%的范围内, 本研究发现, 全部菌株均呈现出对红霉素的高度敏感性, 未发现有耐药情况, 这与王小龙等<sup>[28]</sup>研究一致, 提示在本地区针对空肠弯曲菌感染开展治疗时, 红霉素可作为优先选用的药物。本研究发现多重耐药率达到 62.50% (30/48), 多种多重耐药模式并存, 其中喹诺酮类、四环素类与氯霉素类的组合模式最为常见, 说明徐州地区空肠弯曲菌耐药严重, 本研究中, 耐药基因与耐药表型存在着特定的相关性, 不过二者并非全然匹配。一方面, 存在表型耐药率低于耐药基因携带率的情形, 例如氨基糖苷类的两种抗生素, 其耐药率均为 6.25%, 而耐药基因 *aph* (2'')-I<sub>f</sub> 的携带率则达 10.42%, 这可能是由于部分菌株的相关耐药基因并未表达<sup>[29]</sup>。另一方面, 还存在耐药基因携带率低于耐药表型的情况, 比如四环素耐药率为 97.92%, 耐药基因 *tet* (O) 携带率为 81.25%, 氯霉素类中氟苯尼考和氯霉素耐药率分别为 54.17%、8.33%, 耐药基因 *cat* 携带率为 4.20%, 大环内酯类中阿奇霉素耐药率为 8.33%, 耐药基因 *lnu* (C) 携带率为 2.08%。可能由于耐药基因数据库的局限性, 没有覆盖全部的耐药基因, 还可能与细菌存在复杂的耐药机制有关。

48 株空肠弯曲菌共有 15 株检出 GBS 相关的空肠弯曲菌的血清型, 提示在这些空肠弯曲菌中, 大约 31.25% (15/48) 的菌株属于可能引发 GBS 的特定血清型, 存在引起 GBS 的风险, 它们可能具有独特的表面抗原或其他特性, 这些特性可以激发人体免疫系统的交叉反应, 进而攻击自身的周围神经系统, 最终引发 GBS。有研究证实弯曲菌的黏附、动力、侵袭能力以及产毒能力等均与细菌的毒力及致病能力密切相关<sup>[30]</sup>。本研究发现 48 株菌共检出 121 种毒力基因, 48 株菌共含有 66 种动力相关基因, 细菌活动能力是致病能力的关键, 细菌通过运动达到肠道的黏液层<sup>[31]</sup>。本研究中, 空肠弯曲菌未检测出格林巴利综合征相关基因 *cst-II*, 部分菌株携带了诸如 *cstIII*、*neuA1*、*neuB1*、*neuC1*、*waaF*、*waaV* 以及 *wlaN* 等格林巴利综合征相关基因, 或许存在因空肠弯曲菌感染而诱发格林巴利综合征的潜在风险, 提示

本地区空肠弯曲菌分离株有较强的致病潜力。

48 株空肠弯曲菌共检出 24 种 ST 型, 总体呈现多样性, 排前 3 的 ST 型为 ST137、ST6500、ST2274, 这与张志敏等<sup>[32]</sup>报道不一致, 检出最多的为 ST137 的 9 株菌均来自于食品, 两年检测均有此型别, 提示菌株可能有延续性, 有 2 株空肠弯曲菌的型别为 ST50, 它们均来自同一家医院的 2 例患者, 且这 2 例患者的就诊时间较为相近。从遗传进化的角度来看, 这 2 株菌具有较高的相似度。然而, 由于流行病学调查数据存在缺失, 难以获取更具参考价值的信息, 在后期研究中建议加强信息收集, 进行完整的动态监测, 以便对空肠弯曲菌遗传特性做更深入的研究。本研究发现有一株为 ST 未分型菌株, 新 ST 型的出现提示空肠弯曲菌发生新的变异, 需要加强监测。研究表明, 相同 ST 型的菌株在遗传进化层面未必比不同 ST 型的菌株更具亲缘性。原因在于 ST 型仅仅是依据 7 个管家基因的序列来确定的, 无法全面体现整个基因组的差异状况。

本研究显示徐州市空肠弯曲菌的 ST 型较多, 携带较多的毒力基因, 部分菌株携带 GBS 相关血清型, 总体耐药较严重, 相关部门应加强监督, 防止抗生素在人和禽畜中的过度使用, 所有菌株对红霉素敏感, 可继续加强监测。由于本研究中检测的菌株数量有限, 在后续的研究进程中, 宜进一步扩充检测样本的规模, 从而提升数据的可信度与可靠性。

### 参考文献

- [1] YOUNG KT, DAVIS LM, DIROTA VJ. *Campylobacter jejuni*: Molecular biology and pathogenesis [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, 5(9): 665-679.
- [2] WANG JQ, CHEN XL, ZHOU GL, *et al.* Genetic characteristics of lipooligosaccharide and capsular polysaccharide of *Campylobacter jejuni* from different sources in China [J]. *Biomedical and Environmental Sciences*, 2022, 35(12): 1106-1114.
- [3] KAAKOUSH NO, CASTANO-RODRIGUEZ N, MITCHELL HM, *et al.* Global epidemiology of *Campylobacter* infection [J]. *Clinical Microbiology Reviews*, 2015, 28(3): 687-720.
- [4] STCHARLES JL, BELL JA, GADSDEN BJ, *et al.* Guillain barré syndrome is induced in non-obese diabetic (NOD) mice following *Campylobacter jejuni* infection and is exacerbated by antibiotics [J]. *Journal of Autoimmunity*, 2017, 77: 11-38.
- [5] SILVA J, LEITE D, FERNANDES M, *et al.* *Campylobacter* spp. as a foodborne pathogen: A review [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, 2: 1-12.
- [6] ZHANG M, GILBERT M, YUKI N, *et al.* Association of anti-GT1a antibodies with an outbreak of Guillain-Barré syndrome and analysis of ganglioside mimicry in an associated *Campylobacter jejuni* strain [J]. *Public Library of Science ONE*, 2015, 10(7): e131730.
- [7] 彭静, 邢燕蒙, 吴川杰. 空肠弯曲杆菌感染相关的吉兰-巴雷综合征易感基因的研究进展[J]. *中风与神经疾病杂志*, 2017, 34(7): 660-663.  
PENG J, XING YM, WU CJ. Research progress on susceptibility genes of guillain-barré syndrome associated with *Campylobacter jejuni* infection [J]. *Journal of Apoplexy and Nervous Diseases*, 2017, 34(7): 660-663.
- [8] European Union. One health 2019 zoonoses report [J]. *EFSA Journal*,

- 2021, 19(2): 6406.
- [9] European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2016 [J]. EFSA Journal, 2017, 15(12): e05077.
- [10] SCHIELKE A, ROSNER BM, STARK K. Epidemiology of campylobacteriosis in Germany—insights from 10 years of surveillance [J]. BMC Infectious Diseases, 2014, 14(1): 30.
- [11] BAILEY RA, KRANIS A, PSIFIDI A, *et al.* Colonization of a commercial broiler line by *Campylobacter* is under limited genetic control and does not significantly impair performance or intestinal health [J]. Poultry Science, 2018, 97(12): 4167–4176.
- [12] 朱亚磊. 乌鲁木齐市不同动物源空肠弯曲菌耐药性分析及生物膜形成特性研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2022.
- ZHU YL. Research on antibiotic resistance and biofilm formation characteristics of *Campylobacter jejuni* from different animal sources in Urumqi [D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2022.
- [13] RIBOT EM, FREEMAN M, HISE KB, *et al.* PulseNet: Entering the age of next-generation sequencing [J]. Foodborne Pathogens & Disease, 2019, 16(7): 451–456.
- [14] 刘海波, 刘颖, 王云霞, 等. 2018年北京市房山区弯曲菌监测结果及耐药性分析[J]. 职业与健康, 2020, 36(9): 1197–1200, 1204.
- LIU HB, LIU Y, WANG YX, *et al.* Monitoring results and antibiotic resistance analysis of *Campylobacter* in Fangshan District of Beijing in 2018 [J]. Occupation and Health, 2020, 36(9): 1197–1200, 1204.
- [15] 张乐怡, 楼辉煌, 胡玉琴, 等. 温州市食源性弯曲菌耐药特征与分子分型研究[J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(7): 583–588.
- ZHANG LY, LOU HH, HU YQ, *et al.* Study on antibiotic resistance characteristics and molecular typing of foodborne *Campylobacter* in Wenzhou City [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2020, 36(7): 583–588.
- [16] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals; approved standard—third edition [Z]. CLSI document M31-A3. Wayne, PA: CLSI; 2008.
- [17] XIE J, CHEN Y, CAI G, *et al.* Tree visualization by one table(tvBOT): A web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees [J]. Nucleic Acids Research, 2023, 51(W1): 587–592.
- [18] 孙磊, 杨臻辉, 恽茜, 等. 基于全基因组序列的弯曲菌特征分析[J]. 生物信息学, 2020, 18(4): 254–262.
- SUN L, YANG ZH, YUN X, *et al.* Characteristic analysis of *Campylobacter* based on whole genome sequences [J]. China Biinformatics, 2020, 18(4): 254–262.
- [19] ACHESON D, ALLOS BM. *Campylobacter jejuni* infections: Update on emerging issues and trends [J]. Clinical Infectious Diseases, 2001, 32(8): 1201–1206.
- [20] CARRON M, CHANG YM, MOMANYI K, *et al.* *Campylobacter*, a zoonotic pathogen of global importance: Prevalence and risk factors in the fast-evolving chicken meat system of Nairobi [J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2018, 12(8): e0006658.
- [21] JANSSEN R, KROGFELT KA, CAWTHRAW SA, *et al.* Host pathogen interactions in *Campylobacter* infections: The host perspective [J]. Clinical Microbiology Reviews, 2008, 21(3): 505–518.
- [22] MORITA D, ARAI H, ISOBE J, *et al.* Whole-genome and plasmid comparative analysis of *Campylobacter jejuni* from human patients in Toyama, Japan, from 2015 to 2019 [J]. Microbiol Spectrum, 2023, 11(1): e0265922.
- [23] ZHANG D, ZHANG X, LIU B, *et al.* Genomic analysis and antimicrobial resistance of *Campylobacter jejuni* isolated from diarrheal patients—Beijing municipality, China, 2019–2021 [J]. China CDC Weekly, 2023, 5(19): 424–433.
- [24] 陈洪升, 黄盼盼, 宋曼丹, 等. 广东省 2016—2019 年市售畜禽肉产品中空肠弯曲菌污染状况分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(19): 7170–7173.
- CHEN HS, HUANG PP, SONG MD, *et al.* Analysis on the contamination status of *Campylobacter jejuni* in commercially available livestock and poultry meat products in Guangdong Province from 2016 to 2019 [J]. Journal of Food Safety Quality, 2020, 11(19): 7170–7173.
- [25] 刘晓, 李星, 翟卫帅, 等. 2017—2018 年山东省青岛地区畜禽源弯曲菌耐药性调查[J]. 疾病监测, 2020, 35(1): 29–33.
- LIU X, LI X, ZHAI WS, *et al.* Investigation on antibiotic resistance of *Campylobacter* from livestock and poultry sources in Qingdao Area of Shandong Province from 2017 to 2018 [J]. Disease Surveillance, 2020, 35(1): 29–33.
- [26] 刘德俊, 刘晓, 李星, 等. 动物源弯曲菌流行及耐药性现状[J]. 疾病监测, 2020, 35(1): 39–45.
- LIU DJ, LIU X, LI X, *et al.* Epidemic and antibiotic resistance status of *Campylobacter* from animal sources [J]. Disease Surveillance, 2020, 35(1): 39–45.
- [27] 吴跃进, 林冠凯, 章乐怡, 等. 温州市禽肉中空肠弯曲菌检测结果及耐药性分析[J]. 预防医学, 2020, 32(7): 686–688.
- WU YJ, LIN GK, ZHANG LY, *et al.* Detection results and antibiotic resistance analysis of *Campylobacter jejuni* in poultry meat in Wenzhou City [J]. Preventive Medicine, 2020, 32(7): 686–688.
- [28] 王小龙, 张梦寒, 汤全英, 等. 苏州市空肠弯曲菌耐药与分子特征分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2024, 40(2): 116–122.
- WANG XL, ZHANG MH, TANG JY, *et al.* Analysis on antibiotic resistance and molecular characteristics of *Campylobacter jejuni* in Suzhou City [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2024, 40(2): 116–122.
- [29] 章乐怡, 楼辉煌, 李毅, 等. 一起由空肠弯曲菌所致食源性疾病暴发事件的流行病学及病原学溯源分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2022, 38(11): 1012–1017.
- ZHANG LY, LOU HH, LI Y, *et al.* Epidemiological and etiological traceability analysis of a foodborne disease outbreak caused by *Campylobacter jejuni* [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2022, 38(11): 1012–1017.
- [30] SHIBUTANI M, MAEDA K, NAGAHARA H, *et al.* Prognostic significance of the lymphocyte-to-monocyte ratio in patients with metastatic colorectal cancer [J]. World J Gastroenterol, 2015, 21(34): 9966–9973.
- [31] KEMPER L, HENSEL A. *Campylobacter jejuni*: Targeting host cells, adhesion, invasion, and survival [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2023, 107(9): 2725–2754.
- [32] 张志敏, 王兆娥, 董晓根, 等. 2018—2022 年北京市丰台区人源弯曲菌流行状况及毒力基因与耐药分析[J]. 江苏预防医学, 2024, 35(3): 324–327, 387.
- ZHANG ZM, WANG ZE, DONG XG, *et al.* Epidemiological status of human-derived *Campylobacter* and analysis of virulence genes and antibiotic resistance in Fengtai District of Beijing from 2018 to 2022 [J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2024, 35(3): 324–327, 387.

(责任编辑: 韩晓红 于梦娇)