

## 食源性疾病

2019—2022年包头市肉及肉制品中弯曲菌监测结果  
及病原学特征分析

庞梦婷, 彭景贤, 薄力, 高蒙, 刘欣, 陈凯旋  
(包头市疾病预防控制中心, 内蒙古包头 014030)

**摘要:**目的 了解2019—2022年包头市市售肉及肉制品中弯曲菌(*Campylobacter*)带菌率,并对其分离菌株的抗生素敏感性、耐药基因及分子分型等病原学特征进行研究。方法 2019—2022年共采集市售肉及肉制品300份,分离培养获得弯曲菌,测定其抗生素敏感性、耐药基因及基因突变位点,并通过脉冲场凝胶电泳(PFGE)对菌株进行分子分型。结果 300份肉及肉制品中共检出弯曲菌142株,其中生禽肉中检出率为65.71%(138/210),结肠弯曲菌检出率显著高于空肠弯曲菌( $\chi^2=12.48, P<0.01$ );仅有3株弯曲菌对全部11种抗生素敏感,有26株细菌耐受全部11种抗生素并有130株发生多重抗生素耐药,主要耐药性表现在喹诺酮(萘啶酸、环丙沙星)及四环素类药物;在喹诺酮耐药弯曲菌中均检测到*gyrA*基因发生C-243-T的位点突变,并在91.09%的四环素耐药弯曲菌中检测到*tetO*耐药基因;142株弯曲菌分为105个PFGE型别,相似度在35.1%~100%,无明显优势型别条带。结论 包头市肉及肉制品中存在弯曲菌污染,且在生禽肉中污染尤为严重;弯曲菌对喹诺酮及四环素类抗生素耐药程度高且多重耐药情况较为严重,PFGE型别呈多态性。

**关键词:**肉及肉制品;弯曲菌;耐药基因;耐药性;脉冲场凝胶电泳;食源性致病菌

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)05-0588-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.05.012

Surveillance and pathogenic characteristics of *Campylobacter* isolated from meat products in  
Baotou City from 2019 to 2022

PANG Mengting, PENG Jingxian, BO Li, GAO Meng, LIU Xin, CHEN Kaixuan

(Baotou Center for Disease Control and Prevention, Inner Mongolia Baotou 014030, China)

**Abstract: Objective** To understand the contamination status of *Campylobacter* in meat products of Baotou, the pathogenic characteristics such as drug resistance genes, antibiotic sensitivities, molecular typing were analyzed. **Methods** Three hundred meat products were collected from 2019 to 2022, which were cultured for *Campylobacter* isolation. Sensitivities to antibiotics, drug resistance genes and mutation sites of isolated *Campylobacter* were detected and genetic characteristics were analyzed by pulsed field gel electrophoresis (PFGE) method as well. **Results** A total of 142 *Campylobacter* were isolated from 300 meat products, of which the isolation rate of raw poultry was 65.71% (138/210). The detection rate of *Campylobacter coli* was significantly higher than that of *Campylobacter jejuni* ( $\chi^2=12.48, P<0.01$ ). Only 3 strains were sensitive to all 11 antibiotics, and drug resistance were mainly manifested in quinolones (naphthalenic acid, ciprofloxacin) and tetracycline. 26 strains were resistant to all 11 antibiotics and 130 strains were resistant to multiple antibiotics. Mutations in C-257-T site of *gyrA* gene had occurred in quinolone-resistant campylobacter. And *tetO* gene was detected in 91.09% of tetracycline-resistant strains. All *Campylobacter* could be divided into 105 PFGE types. The similarity coefficients of different PFGE types ranged from 35.1% to 100% and there was no a dominant PFGE type. **Conclusion** *Campylobacter* pollution in meat products in Baotou have been detected, and the pollution is particularly serious in raw poultry products. *Campylobacter* has a high degree of resistance to quinolones and tetracycline antibiotics, and the PFGE types are polymorphic.

**Key words:** Meat and meat products; *Campylobacter*; drug resistance genes; drug resistance; pulsed field gel electrophoresis; foodborne bacterial pathogens

收稿日期:2023-03-16

基金项目:包头市青年创新人才项目(2021102530);包头市卫生健康科技计划(wsjkkj063)

作者简介:庞梦婷 女 主管检验师 研究方向为食品安全检验及病原微生物检测 E-mail: ruguo0921@126.com

通信作者:薄力 男 人力资源开发者 研究方向为生物信息统计及项目管理 E-mail: btsdcvip@163.com

弯曲菌属于革兰氏阴性菌,作为一种重要的人畜共患病病原体,广泛定植于禽、畜类动物体内,并通过被污染的食物传播至人体。弯曲菌引起的疾病称为弯曲菌病,表现为以腹痛、腹泻、呕吐为代表症状的肠胃炎,严重者可导致格林-巴列综合征(Guillain Barre syndrome, GBS)<sup>[1]</sup>。弯曲菌病目前是全球范围内最为流行的食源性疾病,其中90%以上是由空肠弯曲菌(*Campylobacter jejuni*, *C. jejuni*)与结肠弯曲菌(*Campylobacter coli*, *C. coli*)导致的,在一些国家其致病率已超过沙门菌、志贺菌等传统食源性致病菌<sup>[2]</sup>。包头市是我国中西部重要的禽畜养殖基地,近年来在包头市食源性疾病主动监测工作中发现,因食用被弯曲菌污染的肉及肉制品导致的食物中毒屡有发生。为充分掌握包头市肉及肉制品中弯曲菌的污染情况,本文研究了2019—2022年共300份市售肉及肉制品中弯曲菌的污染情况,并对获得的142株弯曲菌进行耐药基因、抗生素敏感性、脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)分型等研究。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

2019—2022年共采集肉及肉制品300份,其中生禽肉210份、生畜肉40份,调理肉制品20份、熟肉制品30份。样本采集覆盖了包头市9个区(旗、县)的养殖环节、农贸市场、超市等批发零售环节及餐馆食堂等餐饮环节。

### 1.2 主要仪器与试剂

厌氧产气盒及配套微需氧产气袋(日本三菱);MALDI-TOF-MS(德国BRUKER);细菌浊度仪(法国梅里埃生物公司);荧光定量PCR仪、脉冲场凝胶电泳系统、全自动凝胶成像仪(美国伯乐)。

弯曲菌培养检测试剂盒(双孔滤膜法)、Karmali选择性平板、哥伦比亚血平板、空结肠弯曲菌双重荧光PCR检测试剂盒、弯曲菌药敏板(琼脂稀释法)、弯曲菌保存培养基均购自青岛中创汇科生物科技公司;HCCA基质(色谱纯, BRUKER);革兰阴性菌DNA提取磁珠(北京卓诚惠生);Seakem Gold琼脂糖(美国Lonza);2×Taq PCR Mix Plus(兰博利德生物);100 bp DNA Ladder(Solarbio);蛋白酶K(Sigma);限制性内切酶Sma I(New England Biolabs);GelRed染液(Biotium)。所有试剂均在有效期内使用。

### 1.3 方法

#### 1.3.1 菌株分离与鉴定

弯曲菌分离培养参考GB 4789.9—2014《食品

安全国家标准 食品微生物学检验 空肠弯曲菌检验》及《2019—2022年国家食品污染和有害因素风险监测工作手册》,使用双孔滤膜法分离菌株<sup>[3]</sup>,疑似菌株通过MALDI-TOF-MS及荧光定量PCR进行确证并分型,获得阳性分离株,将菌株保存于弯曲菌保存液中置于-20℃冻存准备进行下一步试验。

#### 1.3.2 抗生素敏感性检测

本试验采用弯曲菌药敏板(琼脂稀释法)测定弯曲菌抗生素敏感性。取1.3.1中的菌株,传代复苏2代后,用无菌生理盐水配制成麦氏浊度0.5 MCF(McFarland, 麦氏浊度单位)的菌悬液,取菌悬液100 μL加入900 μL稀释液中,充分混匀后取2~3 μL加入药敏检测板的各测定孔中,以*C. jejuni* ATCC 33560作为质控菌株。药敏板加样后放置于42℃培养18~24 h,按说明书判读各孔细菌生长情况,得到最小抑菌浓度(Minimal inhibit concentration, MIC),根据美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)的标准判定弯曲菌对各种抗生素的敏感性。

#### 1.3.3 耐药基因检测

弯曲菌对喹诺酮及四环素类抗生素耐药程度较高<sup>[4-5]</sup>。*gyrA*与*parC*基因编码弯曲菌DNA异构酶中的喹诺酮作用靶点,其基因突变可能导致喹诺酮类药物脱靶而造成耐药;而弯曲菌携带核糖体保护蛋白*tetO*基因与四环素耐药密切相关。将冻存的弯曲菌接种于哥伦比亚血平板,于42℃培养18~24 h进行传代复苏,取两代后3~5个菌落,用磁珠法提取细菌DNA,对*gyrA*、*parC*、*tetO*3种耐药基因进行PCR扩增(扩增引物及条件<sup>[6-8]</sup>,见表1),取扩增产物进行电泳检测,获得*tetO*基因的携带情况,并对*gyrA*、*parC*基因扩增产物进行测序(基因测序由生工生物工程股份有限公司北京部完成),获得其突变位点。

#### 1.3.4 PFGE

按照中国疾病预防控制中心PulsNet China弯曲菌PFGE分型标准化方法进行试验。取1.3.2中传代复苏2代后的菌株,用无菌生理盐水配制成麦氏浊度为5.0~5.5 MCF的菌悬液,将菌悬液与等体积1% SDS-Seakem Gold均匀混合制备细菌包埋胶块。取蛋白酶K于55℃酶切胶块3 h,对胶块进行清洗切割,再以37.5 U/胶块的限制性内切酶Sma I 37℃酶切胶块3 h后进行脉冲场电泳。Bio-Rad脉冲场凝胶电泳仪电泳条件设置为:电压6 V/cm、转向时间6.76~35.38 s、电泳时间19 h。GelRed核酸染料对凝胶染色后通过凝胶成像仪拍摄凝胶图像。

表1 耐药基因PCR引物及条件

Table 1 PCR primers and conditions of drug-resistant genes

耐药基因	引物	反应条件	产物大小/bp
<i>gyrA</i>	5'-ATAGGTCGTGCTTTGCC-3'	90 °C, 50 s; 52 °C, 50 s; 72 °C, 30 s; 30 cycles	220
	5'-GCTCTCATCTCTTACTTCAGA-3'		
<i>parC</i>	5'-AAACCTGTTACAGCGCCGCATT-3'	94 °C, 1 min; 58 °C, 1 min; 72 °C, 1 min; 30 cycles	133
	5'-GTGGTGCCGTTAAGCAAA-3'		
<i>tetO</i>	5'-GTTTATCACGGAAGTGCAA-3'	93 °C, 30 s; 37 °C, 2 min; 72 °C, 4 min; 35 cycles	686
	5'-GGAGCCCAGAAAGGATTCCG-3'		

#### 1.4 统计学分析

数据管理采用 Excel2010, 检测结果采用  $\chi^2$  及配对 *t* 检验进行分析, 检验水准为  $\alpha=0.05$ , 分析软件采用 GraPad Prism 9.5.0; PFGE 凝胶图像使用 BioNumerics 软件进行聚类分析, 得到聚类分析图及不同条带间的相似度。  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

表2 2019—2022年包头市肉及肉制品种类及弯曲菌检出情况[% (n)]

Table 2 Meat products types and detection of *Campylobacter* in Baotou City from 2019 to 2022 [% (n)]

年份	生禽肉	生畜肉	调理肉制品		熟肉制品	
			禽肉	畜肉	禽肉	畜肉
2019	58.00(29/50)	—	—	—	—	—
2020	58.00(29/50)	—	6.25(1/16)	0.00(0/4)	—	—
2021	80.00(48/60)	5.00(1/20)	—	—	5.00(1/20)	0.00(0/10)
2022	64.00(32/50)	10.00(2/20)	—	—	—	—

注：“—”表示该年度未采集该类样本

ZBRUN 等<sup>[9]</sup>对全球范围内弯曲菌流行情况的 Meta 分析结果表明弯曲菌在禽肉样本中流行性最高。本研究中弯曲菌主要在生禽肉中检出, 其他样本中检出较少, 因此着重分析弯曲菌在生禽肉中的检出情况。在 210 份生禽肉样本中, *C. jejuni*、*C. coli* 检出率分别为 24.76%(52/210)、40.95%(86/210), *C. coli* 检出率显著高于 *C. jejuni* ( $\chi^2=12.48, P<0.01$ ); 弯曲菌检出率在 2019—2022 年间有显著差异 ( $\chi^2=8.141, P<0.05$ ), *C. coli* 检出率波动极显著 ( $\chi^2=18.61, P<0.01$ ), 而 *C. jejuni* 未呈现显著差异 ( $\chi^2=5.388, P>0.05$ )。四个季度间弯曲菌检出率无显著差异 ( $\chi^2=4.132, P>0.05$ ), 而每个季度中 *C. jejuni* 与 *C. coli* 检出率有显著性差异 ( $\chi^2=10.92, P<0.05$ ;  $\chi^2=11.83, P<0.01$ ), 春季 *C. jejuni* 检出率高于 *C. coli*, 其余三季度结果则相反。分别采集了活禽、冷鲜禽肉及冷冻禽肉 3 种状态的样本, 其中活禽中弯曲菌检出率显著高于其余二者 ( $\chi^2=69.95, P<0.0001$ ); 活禽样本采样环节分为养殖环节与零售环节, 二者弯曲菌检出率无显著性差异 ( $\chi^2=1.078, P>0.05$ ), 养殖环节 *C. jejuni* 检出率较高, 零售环节 *C. coli* 检出率较高, 且均有显著差异, 详见图 1。

#### 2.2 抗生素敏感性结果

本研究使用 6 大类 11 种抗生素进行抗生素敏感性试验, 结果显示 138 株弯曲菌除 3 株为敏感株外, 其余均表现出一定的抗生素耐药性。5 株表现

## 2 结果

### 2.1 弯曲菌检出情况

2019—2022 年共采集 300 份肉及肉制品, 检出弯曲菌 142 株, 检出率为 47.33%, 其中空肠弯曲菌 55 株, 结肠弯曲菌 87 株, 样本种类及检出情况见表 2。

为单一耐药, 130 株表现为 2 种以上的多重耐药, 并发现耐全部 11 种抗生素耐药菌 26 株; 共产生 63 种抗生素耐药谱, 但无明显优势谱, 表 3 为 52 株 *C. jejuni* 及 86 株 *C. coli* 耐药结果。试验结果显示, 弯曲菌对喹诺酮类抗生素耐药率最高(环丙沙星 80.43%、萘啶酸 78.99%), 四环素类(四环素 TET 73.19%)其次; 氯霉素类药物耐药率最低(氯霉素 41.30%、氟苯尼考 52.17%)。 *C. coli* 耐药性显著高于 *C. jejuni* ( $t=7.178, P<0.0001$ ), 见图 2。

### 2.3 耐药基因检测结果

对 138 株弯曲菌的 *gyrA*、*parC*、*tetO* 3 种耐药基因携带情况进行检测, 结果表明 *gyrA* 携带率为 100%, *parC* 携带率为 7.97%(11/138) *tetO* 携带率为 66.67%(92/138)。四环素耐药株共 101 株, 其中 92 株携带 *tetO* 基因, 而敏感株均不携带该基因。对 *gyrA* 基因的 PCR 扩增产物进行测序, 109 株喹诺酮耐药菌均检测到 C-243-T 位点的有义突变, 而 27 株敏感菌在该位点则无突变产生, 其余突变均为个别菌株中的无义突变, 包括 C-357-T、C-360-T 及 C-483-T 等, 且这些无义突变在耐药菌与敏感菌中均有少数检出。 *parC* 突变可与 *gyrA* 突变起到协同耐药作用, 使得喹诺酮对弯曲菌的最小抑菌浓度指数级升高<sup>[17]</sup>, 本研究中仅检测到 11 株弯曲菌携带该基因, 且在喹诺酮耐药菌及敏感菌中均未检测到该基因的有义突变, 未显示出 *parC* 基因的协同耐药

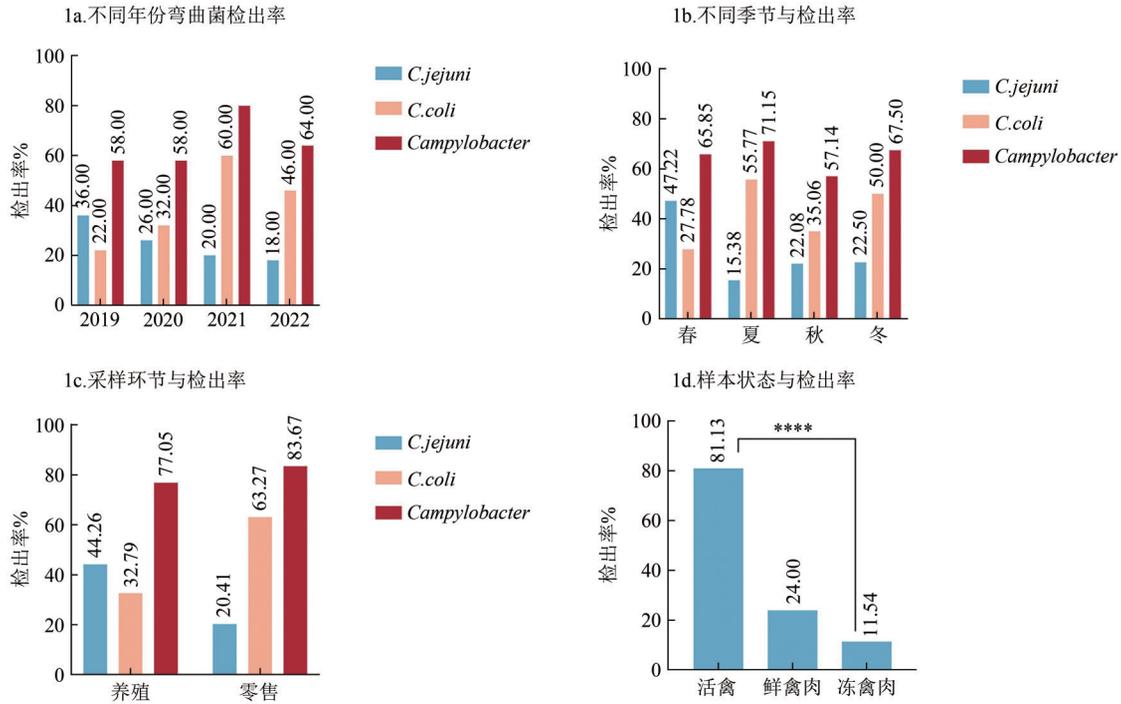


图1 2019—2022年包头市售肉及肉制品中弯曲菌检出情况统计图

Figure 1 Statistics on the detection of *Campylobacter* in meat products in Baotou City from 2019 to 2022

表3 2019—2022年包头市肉及肉制品中52株 *C. jejuni* 及86株 *C. coli* 耐药结果

Table 3 Drug resistance of 52 *C. jejuni* strains and 86 *C. coli* strains in meat products in Baotou City from 2019 to 2022

抗生素类别	抗生素名称	耐药判读标准/( $\mu\text{g}/\text{mL}$ )	<i>C. Coli</i> 耐药率/%				<i>C. jejuni</i> 耐药率/%			
			2019	2020	2021	2022	2019	2020	2021	2022
喹诺酮类	萘啶酸	$\geq 64$	100.00	87.50	88.89	69.57	66.67	92.31	66.67	44.44
	环丙沙星	$\geq 4$	90.91	62.50	97.22	78.26	88.89	76.92	66.67	44.44
四环素	四环素	$\geq 16$	90.91	87.50	94.44	52.17	44.44	84.62	75.00	33.33
氯霉素类	氟苯尼考	$\geq 8$	45.45	56.25	66.67	30.43	77.78	38.46	66.67	0
	氯霉素	$\geq 32$	36.36	56.25	63.89	17.39	38.89	38.46	41.67	0
林可酰胺类	克林霉素	$\geq 8$	90.91	87.50	69.44	34.78	44.44	53.85	25.00	0
大环内酯类	红霉素	$\geq 32$	90.91	62.50	86.11	60.87	50.00	46.15	33.33	44.44
	阿奇霉素	$\geq 8$	81.82	87.50	77.78	65.22	55.56	61.54	33.33	44.44
	泰利霉素	$\geq 16$	72.73	68.75	83.33	47.83	44.44	38.46	41.67	33.33
氨基糖苷类	庆大霉素	$\geq 8$	90.91	50.00	91.67	52.17	61.11	38.46	50.00	33.33
	链霉素	$\geq 16$	54.55	75.00	91.67	47.83	61.11	61.54	50.00	11.11

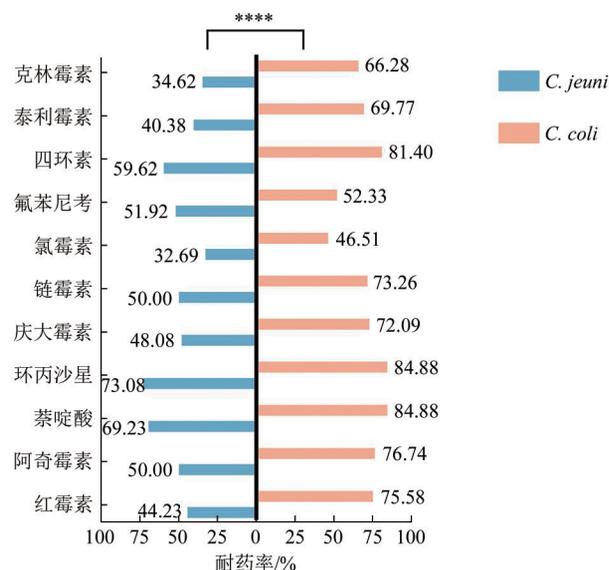


图2 空肠弯曲菌与结肠弯曲菌耐药性对比图

Figure 2 Comparison of drug resistance of *C. jejuni* and *C. coli*

作用。

## 2.4 PFGE 聚类分析结果

弯曲菌 DNA 用 *Sma* I 限制性内切酶酶切后进行 PFGE, 使用 BioNumerics 软件对凝胶条带进行分析, 得到 116 株弯曲菌 PFGE 指纹图谱及聚类结果 (图 3)。菌株分为两大簇、105 个不同的 PFGE 型别, 相似度为 35.1%~100%, 条带分散度较大, 未见明显优势条带。*C. jejuni*、*C. coli* 未呈现显著种属聚类结果, 且在不同年份、物种及季节等方面, PFGE 图谱均存在交叉。

## 3 讨论

包头市是我国中西部重要的禽畜养殖基地, 存在众多从家庭散养到大型养殖场等不同规模的禽畜养殖场所。近年来, 由于食用了不洁或烹饪不熟

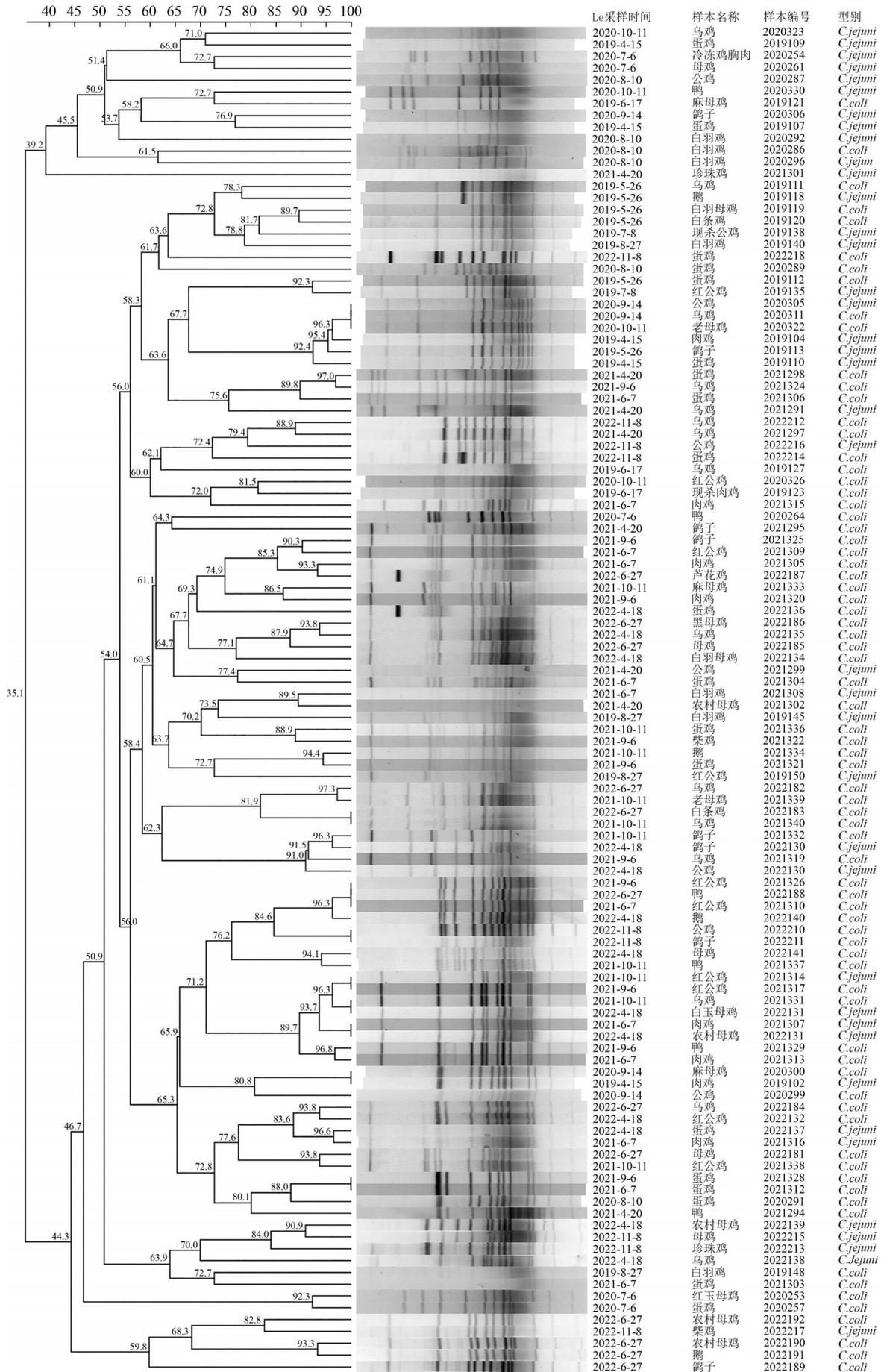


图3 2019—2022年包头市肉及肉制品中弯曲菌PFGE聚类分析图

Figure 3 PFGE clustering analysis of *Campylobacter* in meat products in Baotou City from 2019 to 2022

的肉与肉制品导致的食物中毒事件屡有发生,弯曲菌是其中重要的食源性致病菌,这类细菌分离培养条件较为苛刻,传统方法分离检出率较低。随着双孔滤膜法等新技术的使用,弯曲菌检出率大大增加,也使得越来越多的研究者对其展开深入研究。

本研究于2019—2022年间采集包头市肉及肉制品300份,在弯曲菌污染最为严重的生禽肉中,检出率达到65.71%,与近年来江苏<sup>[10]</sup>(2020年,37.20%)、广东<sup>[11]</sup>(2020年,58.82%)、山东<sup>[12]</sup>(2017—2018年,33.88%)、贵州<sup>[13]</sup>(2021年,43.50%)等国内省市研究结果相近,表明弯曲菌在禽畜肉中流行较高且存在一定的地域性差异。包头市四季分明且春冬季与夏秋季温差较大,在四个季度中*C. jejuni*、*C. coli*各自检出率则呈现显著差异,表明气温对两种弯曲菌在禽肉样本中的占比造成一定影响,但弯曲菌总检出率维持相对稳定。本研究中,包头市生禽肉中*C. coli*的流行性显著高于*C. jejuni*,与我国整体趋势相符;2021和2022年,*C. coli*检出率显著高于之前两年,并使得弯曲菌检出率也呈现出相同的变化;这种变化极可能与弯曲菌不断进化、新耐药机制不断出现相关,近年多项研究显示,相较于*C. jejuni*、*C. coli*由于获得更多的新型多药耐药基因(如MDRGIs<sup>[14]</sup>、REcmeABC<sup>[15]</sup>等),更能适应环境选择压力,从而在禽肉及弯曲菌病人中的分离率升高并逐渐占据主导地位,对于这一变化趋势及相关新型耐药元件仍需在今后工作中开展持续性监测分析;弯曲菌在零售环节与养殖环节的活禽样本中检出率无明显差异,与郭玉梅等<sup>[16]</sup>的研究结果一致,说明弯曲菌对禽肉样本的污染多发生在养殖与宰杀阶段,在零售环节则可能发生样本间进一步的交叉污染;在活禽样本中的检出率则高于冷鲜及冷冻样本,与ZBRUN等<sup>[9]</sup>的分析结果相同,提示了弯曲菌对低温的不耐受。此外,我市畜肉制品中弯曲菌检出率5%,显著低于禽肉制品,除考虑禽类动物体温较高(40℃~42℃),更适于弯曲菌生长这一因素外,也有研究报道<sup>[17]</sup>,屠宰过程中尸体的粪便污染是禽畜肉中弯曲菌的主要来源,畜肉宰杀过程较注重保护肠道的完整性,而禽类宰杀更容易产生粪便污染。

弯曲菌的抗生素耐药情况日趋严重<sup>[18]</sup>,WHO已将其列入全球抗生素耐药“重点病原体”清单<sup>[19]</sup>,从而指向对其治疗用新型抗生素的研发及耐药性的研究。本研究采用6大类11种抗生素对138株弯曲菌进行抗生素敏感性试验,仅有3株敏感菌,其余均表现出一定的抗生素耐药性;多重耐药情况较严重,并发现26株细菌对全部11种抗生素耐药

的现象;喹诺酮类药物环丙沙星、萘啶酸及四环素类药物四环素为耐药最严重的3种抗生素。抗生素类药物在临床及食用动物养殖行业的大量使用造成了弯曲菌耐药情况的加剧,而多重耐药细菌不断出现,限制了耐药弯曲菌治疗用药的选择。针对研究中耐药表型最为严重的喹诺酮及四环素对其相关耐药基因进行检测。弯曲菌对喹诺酮类抗生素耐药的主要机制为DNA解旋酶的*gyrA*基因及拓扑异构酶IV的*parC*基因发生突变导致喹诺酮类药物作用靶点的改变。本研究中,耐喹诺酮弯曲菌*gyrA*基因突变率为100%,均存在C-243-T位点,即Thr-86-Ile氨基酸突变,提示该位点为弯曲菌喹诺酮耐药关键位点;仅少数弯曲菌检测到*parC*基因,且未检测到有义突变发生,与文献中阐述的弯曲菌对该基因携带率较低<sup>[17]</sup>相符,推测该基因突变仅起到协同耐药作用,并不作为导致弯曲菌喹诺酮耐药的主要因素;除本研究中DNA解旋酶及拓扑异构酶构成的喹诺酮耐药决定区(QRDR)导致的喹诺酮耐药外,外排泵(MOMOP、OMP50、CmeABC、Re-CmeABC)等跨膜蛋白的过表达导致细菌细胞内抗生素含量减少也可导致弯曲菌对喹诺酮类抗生素产生耐药。耐四环素类药物的弯曲菌主要由携带*tetO*基因编码的核糖体保护蛋白导致四环素对核糖体的结合作用减弱,外排泵CmeABC在四环素获得性耐药中也发挥重要作用,本研究中,91.09%的耐四环素弯曲菌检测到*tetO*基因。

包头市2019—2022年肉与肉制品中弯曲菌PFGE带型分散,未出现典型优势条带,带型在不同年份呈现交叉分散,与多地研究结果<sup>[20-22]</sup>相近。*C. jejuni*、*C. coli*未呈现显著种属聚类结果,且在不同年份、物种及季节等方面,PFGE图谱均存在交叉,说明弯曲菌基因既存在较高的种内生物多样性,又可发生种属间的水平传播,其遗传变异及环境持久水平均较高。

本研究旨在通过监测包头市市售肉与肉制品弯曲菌检出率、耐药基因携带率、抗生素敏感性并建立初步的PFGE数据库,积累弯曲菌相关的食品安全风险监测数据,为我市食品安全风险研判、评估预警、标准修订提供可靠、充分的数据支持。

## 参考文献

- [1] WILSON D J, GABRIEL E, LEATHERBARROW A J H, et al. Tracing the source of campylobacteriosis [J]. *PLoS Genetics*, 2008, 4(9): e1000203.
- [2] World Health Organization. The global view of campylobacteriosis: Report of an expert consultation [EB/OL]. (2021-10-10) [2023-01-05]. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/80751>.

- [ 3 ] 张茂俊, 顾一心, 李颖, 等. 空肠弯曲菌、结肠弯曲菌检验方法团体标准解读[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(9): 1052-1054.  
ZHANG M J, GU Y X, LI Y, et al. Interpretation for the group standards of the isolation and identification of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2019, 40(9): 1052-1054.
- [ 4 ] ASAKURA H, SAKATA J, NAKAMURA H, et al. Phylogenetic diversity and antimicrobial resistance of *Campylobacter coli* from humans and animals in Japan[J]. Microbes and Environments, 2019, 34(2): 146-154.
- [ 5 ] VAN BOECKEL T P, PIRES J, SILVESTER R, et al. Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries[J]. Science, 2019, 365(6459): eaaw1944.
- [ 6 ] 付燕燕, 顾一心, 宋立, 等. 空肠弯曲菌喹诺酮类抗生素敏感性检测及其耐药机理分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2018, 34(2): 105-108.  
FU Y Y, GU Y X, SONG L, et al. Antibiotics susceptibility and genetic characteristics analysis for quinolone resistant *Campylobacter jejuni* isolated from China [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2018, 34(2): 105-108.
- [ 7 ] GIBREEL A, SJÖGREN E, KAIJSER B, et al. Rapid emergence of high-level resistance to quinolones in *Campylobacter jejuni* associated with mutational changes in *gyrA* and *parC* [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 1998, 42(12): 3276-3278.
- [ 8 ] AVRAIN L, VEROZY-ROZAND C, KEMPF I. Evidence for natural horizontal transfer of *tetO* gene between *Campylobacter jejuni* strains in chickens[J]. Journal of Applied Microbiology, 2004, 97(1): 134-140.
- [ 9 ] ZBRUN M, ROSSLER E, ROMERO-SCHARPEN A, et al. Worldwide meta-analysis of the prevalence of *Campylobacter* in animal food products[J]. Research in Veterinary Science, 2020, 132: 69-77.
- [ 10 ] ZHANG L Y, LI Y, SHAO Y Q, et al. Molecular characterization and antibiotic resistant profiles of *Campylobacter* species isolated from poultry and diarrheal patients in southeastern China 2017—2019[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 1244.
- [ 11 ] 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 H S, HUANG P P, SONG M D, et al. Analysis of *Campylobacter jejuni* pollution in meat products of livestock and poultry sold in Guangdong Province in 2016—2019[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2020, 11(19): 7170-7173.
- [ 12 ] 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 W S, et al. Drug resistance of *Campylobacter* from livestock and poultry in Qingdao, Shandong, 2017—2018[J]. Disease Surveillance, 2020, 35(1): 29-33.
- [ 13 ] 李轩, 谢春, 周黎, 等. 贵州省鸡源弯曲菌的流行现状及抗生素敏感谱研究[J]. 中国人兽共患病学报, 2021, 37(11): 995-1002.  
LI X, XIE C, ZHOU L, et al. Study of the prevalence and antibiotic sensitivity spectrum of *Campylobacter* from chickens in Guizhou Province[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2021, 37(11): 995-1002.
- [ 14 ] QIN S S, WANG Y, ZHANG Q J, et al. Report of ribosomal RNA methylase gene *erm*(B) in multidrug-resistant *Campylobacter coli*[J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2014, 69(4): 964-968.
- [ 15 ] ZHANG P H, ZHANG X A, LIU Y Z, et al. Genomic insights into the increased occurrence of campylobacteriosis caused by antimicrobial-resistant *Campylobacter coli* [J]. mBio, 2022: e0283522.
- [ 16 ] 郭玉梅, 秦丽云, 潘琢. 石家庄市肉鸡屠宰和市售环节弯曲菌污染状况及耐药分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2017, 29(3): 364-369.  
GUO Y M, QIN L Y, PAN Z. Contamination and antibiotic resistance of *Campylobacter* from chicken slaughters and markets in Shijiazhuang city [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2017, 29(3): 364-369.
- [ 17 ] PAYOT S, BOLLA J M, CORCORAN D, et al. Mechanisms of fluoroquinolone and macrolide resistance in *Campylobacter* spp[J]. Microbes and Infection, 2006, 8(7): 1967-1971.
- [ 18 ] ZHOU J, ZHANG M, YANG W, et al. A seventeen-year observation of the antimicrobial susceptibility of clinical *Campylobacter jejuni* and the molecular mechanisms of erythromycin-resistant isolates in Beijing, China[J]. International Journal of Infectious Diseases, 2016, 42: 28-33.
- [ 19 ] WHO. Global priority list of antibiotic resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics [EB/OL]. (2017.2.27) [2023-10-01]. <https://www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en/>
- [ 20 ] 杨舒, 姜永根, 盛峰松, 等. 2017—2019年松江区不同来源弯曲菌 PFGE 及耐药性研究. 现代预防医学, 2021, 48(20): 3794-3799.  
YANG S, JIANG Y G, SHENG F S, et al. Study on PFGE and drug resistance of *Campylobacter* from different sources in Songjiang 2017—2019[J]. Modern Preventive Medicine, 2021, 48(20): 3794-3799.
- [ 21 ] 龙奇志, 贾华云, 何礼, 等. 2016—2018年湖南省株洲市弯曲菌的流行特征及耐药性分析[J]. 疾病监测, 2020, 35(1): 34-38.  
LONG Q Z, JIA H Y, HE L, et al. Epidemiologic characteristics and drug resistance of *Campylobacter* in Zhuzhou, Hunan, 2016—2018[J]. Disease Surveillance, 2020, 35(1): 34-38.
- [ 22 ] NAFARRATE I, LASAGABASTER A, SEVILLANO E, et al. Prevalence, molecular typing and antimicrobial susceptibility of *Campylobacter* spp. isolates in northern Spain[J]. Journal of Applied Microbiology, 2021, 130(4): 1368-1379.