

肉鸡屠宰加工生产链中弯曲菌 污染状况及耐药性分析

唐梦君,周倩,张小燕,周生,张静,唐修君,高玉时

摘要:目的 了解江苏某肉鸡屠宰加工厂不同环节弯曲菌的污染状况及耐药现状。**方法** 采集屠宰前肉鸡泄殖腔、不同环节鸡胴体以及环境等样品,运用无血弯曲杆菌选择性培养基(modified charcoal-cefoperazone-deoxycholate agar,CCDA)平板法进行分离纯化,PCR 鉴定后,采用 K-B 法测定 6 大类 14 种抗生素耐药情况。PCR 检测弯曲菌 I 型整合子、四环素耐药基因 *tet(O)*、氨基糖苷类耐药基因簇 *aadE-sat4-aphA-3* 以及弯曲菌 *gyrA* 基因第 257 位碱基的突变情况。**结果** 细菌分离结果显示 170 份样品分离到 124 株弯曲菌(72.95%)。分离株对链霉素、妥布霉素、卡那霉素、环丙沙星、氧氟沙星、萘啶酸、红霉素和四环素耐药率为 100%,多重耐药现象普遍,多重耐药率高达 100%,其优势耐药谱主要为 CTX-CRO-cDA-K-NOR-S-AZM-CIP-TE-NA-E-LEV-ENR-TOB。分离株经 PCR 扩增未检测到 I 型整合子,所有菌株在 *gyrA* 喹诺酮类耐药决定区发生了 C-257-T 点突变,*tet(O)* 基因和 *aadE-sat4-aphA-3* 检出率分别为 100% 和 90.23%。**结论** 江苏某肉鸡屠宰加工生产链中弯曲菌污染及耐药情况比较严重,*gyrA* 基因突变、*tet(O)* 基因及 *aadE-sat4-aphA-3* 耐药基因簇的携带,与弯曲菌对喹诺酮类、四环素类和氨基糖苷类耐药密切相关。

关键词:弯曲菌;耐药性;耐药基因;肉鸡屠宰加工

中图分类号:R378.99,S852.61

文献标识码:A

文章编号:1002-2694(2018)12-1131-06

Prevalence and antimicrobial resistance analysis of *Campylobacter* spp. from broiler slaughter and processing chain

TANG Meng-jun, ZHOU Qian, ZHANG Xiao-yan, ZHOU Sheng,
ZHANG Jing, TANG Xiu-jun, GAO Yu-shi

(Jiangsu Institute of Poultry Science, Yangzhou 225125, China)

Abstract: The aim of this study is to investigate the contamination of *Campylobacter* spp. from broiler slaughter and processing in chicken chain and its antimicrobial resistance, the drug resistant genes in Jiangsu Province, China. A total of 170 samples were collected from each section during chicken slaughtering and processing. CCDA plate was selected for separation and purification. PCR was performed to identify *Campylobacter* species including *Campylobacter jejuni* (*C. jejuni*) and *Campylobacter coli* (*C.coli*). Susceptibility of bacteria to 14 antibiotics belong to 6 categories was determined by the Kirby-Bauer (K-B) method as recommended by the CLSI. The class I integron was detected through the *int1* gene amplification by PCR. *Tet(O)* and *aadE-sat4-aphA-3* were found by PCR. The *Campylobacter* isolates of the point mutation of *gyrA* gene at DNA sequence position 257 was examined by PCR and sequencing. Results showed that 124 *Campylobacter* isolates were obtained from 170 samples (72.95%). The resistant rates for *Campylobacter* isolates were 100% against Streptomycin, Tobramycin, Kanamycin, Ciprofloxacin, Ofloxacin, Nalidixic acid, Erythromycin and Tetracycline. The multi-drug resistance was common among *Campylobacter* isolates and the multiple resistant rate was 100%. The regnant drug-resistant spectrum is CTX-CRO-cDA-K-NOR-S-AZM-CIP-TE-NA-E-LEV-ENR-TOB. The class I integron of *Campylobacter* isolates did not detected. The sequencing results showed that all of the *Campylobacter* isolates had the Thr-86-Ile point mutation in *gyrA* at

quinolone resistant determining region. The detection rate of *tet(O)* and *aadE-sat4-aphA-3* gene cluster were 100% and 90.32%, respectively. This study provided that the *Campylobacter* contamination occurred in the broilers slaughter and processing chain, and the antimicrobial resistance of *Campy-*

国家自然科学青年基金项目(No.31700005);江苏省现代农业(肉鸡)产业技术体系质量控制创新团队[No.JATS(2018)251]和扬州市社会发展面上项目(No.YZ2017079, No.YZ2016058)联合资助

通讯作者:高玉时, Email: 475002207@qq.com

作者单位:江苏省家禽科学研究所,扬州 225125

Campylobacter isolates was relatively serious. There was significant correlation between antimicrobial phenotypes of *Campylobacter* isolates with their gene.

Keywords: *Campylobacter* spp.; antimicrobial resistance; drug resistance gene; broiler slaughter and processing

Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 31700005), the Modern Agro-Industry Technology Research System of Jiangsu Province [No. JATS(2017)256], and the Yangzhou Social Development Project (Nos. YZ2017079 and YZ2016058)

Corresponding author: Gao Yu-Shi, Email: 475002207@qq.com

弯曲菌(*Campylobacter*)是一种重要的人兽共患病原菌,能够引起人细菌性腹泻、急性肠炎以及吉兰巴雷综合征,同时也能引起牛和绵羊流产。导致人致病的弯曲菌主要有空肠弯曲菌(*Campylobacter jejuni*, *C. jejuni*)和结肠弯曲菌(*Campylobacter coli*, *C. coli*)^[1-2]。弯曲菌可通过食物链传播给人,禽肉是感染人的主要来源。

弯曲菌是畜禽动物肠道的常在菌。近年来,在畜禽养殖过程中,抗生素的广泛应用使弯曲菌产生了耐药性,随着时间的推移,耐药性不断增强,并且耐药谱不断扩增。耐药弯曲菌的出现有可能通过食物链转移到人体,从而对人类的健康和公共卫生造成威胁。为了控制细菌耐药性,我国农业部制定了《全国遏制动物源性细菌耐药行动计划(2017—2020)》,弯曲菌耐药监测也纳入行动计划,在全国范围内进一步加强动物源弯曲菌耐药性监测。鉴于此,本研究对江苏某大型肉鸡屠宰加工厂不同环节弯曲菌的分离、鉴定及其耐药性进行分析,为我国动物源性弯曲菌耐药性现状的了解和评估提供可靠的数据。

1 材料与方法

1.1 材 料

1.1.1 标准菌株 空肠弯曲菌标准菌株(NCTC-11168)、结肠弯曲菌标准菌株(ATCC33559)和大肠埃希氏菌(ATCC25922)由本实验室保存。

1.1.2 培养基 Cary-Blair 运送培养基、CCDA 培养基、MH 培养基、BHI 培养基均购自于英国 OXOID 公司;弯曲菌分离用抗生素三甲氧苄氨嘧啶、头孢哌酮、多粘菌素 B、两性霉素 B、利福平和放线菌酮等购自日本 WAKO 公司;脱纤维绵羊血购买于青岛海博生物技术有限公司;厌氧罐购自日本 MGC 公司;混合气(5% O₂、10% CO₂ 和 85% N₂)购于南京特种气体厂有限公司。

1.1.3 试剂 Ex Tag premix、PrimeSTAR[®] HS DNA Polymerase premix、DL2000 Marker 均购自大连宝生物工程有限公司;细菌 DNA 提取试剂盒

购自上海生工生物技术服务有限公司;其它均为常规试剂。

1.1.4 药敏纸片 共选择 6 大类抗生素中的 14 种常规药敏纸片,包括青霉素类的氨苄西林(Ampicillin, AMP, 10 μg)、阿莫西林(Amoxicillin, AML, 10 μg);第三代头孢中的头孢噻肟(Cefotaxime, CTX, 30 μg)和头孢曲松(Ceftriaxone, CRO, 30 μg);氨基糖苷类的链霉素(Streptomycin, S, 10 μg)、庆大霉素(Gentamicin, CN, 10 μg)、阿米卡星(Amikacin, AK, 30 μg)、妥布霉素(Tobramycin, TOB, 10 μg)和卡那霉素(Kanamycin, K, 30 μg);喹诺酮类的萘啶酸(Nalidixic acid, N, 30 μg)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP, 5 μg)和氧氟沙星(Ofloxacin, LEV, 5 μg);大环内酯类的红霉素(Erythromycin, E, 15 μg)以及四环素类的四环素(Tetracycline, TE, 30 μg);以上药敏纸片均购买于英国 OXOID 公司。

1.2 方 法

1.2.1 样品采集 根据肉鸡屠宰流程随机进行采样,主要包括:屠宰前泄殖腔棉拭子、脱毛后的胴体、开膛后的胴体、消毒预冷后胴体、成品鸡、工作台面及工人手拭子样品。泄殖腔棉拭子采用无菌棉签擦拭法,棉拭子采集后存放于 Cary-Blair 运送培养基中;(胴)体、工作台面及工人的手使用含 PBS 的灭菌棉球均匀擦拭,将擦拭好的棉球置于采样袋内。所有样品均低温保存运回实验室进行检测。

1.2.2 样品处理 样品处理方法参照文献[3]。其具体的步骤为:泄殖腔样品的处理,从运送培养基中取出棉拭,置于含 1 mL 灭菌 PBS 的指形管中,充分浸透,胴体擦拭样品挤出 PBS 溶液;分别将浸液和挤出的 PBS 溶液经适当倍比稀释后取 100 μL 涂布 CCDA 平板;微需氧条件 42 ℃ 培养 36 h,同时设阴性和阳性对照。

1.2.3 菌株分离纯化 细菌的分离鉴定参照文献[3]并略作修改。其步骤为:挑取 CCDA 平板上的可疑菌落接种于 MH 血平板 42 ℃ 微需氧培养 36 h,重复 2~3 次,直至得到单一纯培养菌落。挑取单菌落加入 20 μL 超纯水中混匀,煮沸 15 min,取出

立即置于冰上,8 000 r/min 离心 5 min,取 1 μL 上清进行 PCR 检测,引物序列见表 1。鉴定阳性的菌落以密集划线的方式接种于 MH 血平板上培养 36 h 后,用适量的含有 20% 甘油的 BHI 培养基洗脱菌苔,置于 -80 °C 冷冻保存。

1.2.4 药敏试验 采用 CLSI 推荐的纸片扩散法 (Kirby-Bauer, K-B) 进行抗生素药物敏感性试验^[4], 选择 6 大类 14 种抗生素, 14 种药敏纸片名称及判断标准见表 2。结果按照 CLSI(2015) 标准进行结果判断。

1.2.5 耐药基因检测 对分离得到的菌株分别扩增 I 型整合子携带情况; 检测分离得到的弯曲菌 *tet*(O) 基因携带情况以及氨基糖苷类耐药基因簇

aadE-sat4-aphA-3 的分布, 所用引物序列如表 1。PCR 反应体系: Ex Taq premix 12.5 μL, 上下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, 模板 DNA 1 μL, 无菌去离子水 9.5 μL。PCR 反应条件为: 95 °C 预变性 1 min; 95 °C 变性 30 s, 根据不同引物选择相应的退火温度, 72 °C 延伸 1 min, 共 30 个循环; 72 °C 延伸 10 min。对耐氟喹诺酮类药物的弯曲菌进行 *gyrA* 相关区域扩增测序, PCR 反应体系为: PrimeSTAR HS(Premix) 12.5 μL, 上下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, 模板 DNA 1 μL, 无菌去离子水 9.5 μL; PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳成像。选取 PCR 阳性样品送上海生工生物工程技术服务有限公司进行序列测定, 测序结果在 NCBI 上进行 BLAST 分析。

表 1 目的基因引物序列及片段长度
Tab.1 Primer sequences of target gene and gene length

目的基因	引物序列(5'-3')	扩增产物/bp	参考文献
16s RNA	F: ATCTAACGGCTTAACCATTAAAC R: GGACGGTAACTAGTTAGTATT	857	参考文献[3]
<i>map A</i>	F: CTATTTATTTTGAGTGCTTGTG R: GCTTATTTGCCATTGTTTATT	589	
<i>ceu E</i>	F: AATTGAAAAATTGCTCCAACATATG R: TGATTATTATTGTAGCAGCG	462	
<i>int1</i>	F: ATCATCGTCGTAGAGACGTCGG R: GTCAAGGTTCTGGACCAGTTGC	892	参考文献[5]
<i>gyrA</i>	F: ATTTTAGCAAAGATTCTGAT R: CCATAAATTATTCCACCTGT	673	参考文献[6]
<i>tetO</i>	F: AACTTAGGCATTCTGGCTCAC R: TCCCACGTCCATATCGTCA	515	参考文献[7]
<i>aadE-sat4-aphA-3</i>	F: GGAGAAACTTTGTCCACCTACC R: AATGTCATACCACTTGTCCGC	1538	参考文献[8]

2 结 果

2.1 肉鸡屠宰加工各环节中弯曲菌检出情况 共检测样品 170 份, 检出弯曲菌 124 株, 空肠弯曲菌 16 株, 结肠弯曲菌 108 株, 分离率为 72.95%。肉鸡屠宰前其弯曲菌分离率为 23.3%, 鸡只经过电晕、放血、褪毛、掏出内脏等过程其污染率迅速上升, 经过预冷消毒后, 鸡胴体污染率有所下降, 但到成品鸡其污染率又升高达到 90%, 具体结果见表 2。

2.2 弯曲菌分离株药敏试验结果 由表 3 药敏实验结果表明, 弯曲菌分离株对链霉素、妥布霉素、卡那霉素、环丙沙星、氧氟沙星、萘啶酸、红霉素和四环素产生了很强的耐药性, 耐药率 100%; 对氨基糖苷

类的庆大霉素和阿米卡星较敏感; 对青霉素的氨苄西林和阿莫西林也较敏感, 其耐药率分别为 11.36% 和 13.64%。弯曲菌耐药情况严重, 多重耐药(耐 3 类及以上抗生素)率达 100%, 其优势耐药谱主要为 CTX-CRO-cDA-K-NOR-S-AZM-CIP-TE-NA-E-LEV-ENR-TOB, 占 79.5%。活鸡泄殖腔、脱毛后胴体、开膛后胴体以及成品鸡各阶段的耐药谱型都比较单一, 工人手和工作台面的耐药谱型相对比较复杂。从活鸡到成品鸡是同一批次同一来源, 所以耐药谱型相对比较单一, 而工人手和工作台面接触了不同批次的鸡, 消毒不彻底就会相互污染, 其耐药谱型相对比较多样。

表 2 肉鸡屠宰加工环节弯曲菌检出情况

Tab.2 Isolation of *Campylobacter* strains from different section in slaughter and processing chain

采样环节	采样数量(份数)	<i>C.jejuni</i> /株(%)	<i>C.coli</i> /株(%)	菌株数(%)
活鸡泄殖腔	30	0(0.00)	7(23.3)	7(23.3)
脱毛后胴体	30	0(0.00)	24(80.0)	24(80.0)
开膛后胴体	30	8(26.67)	20(66.67)	28(93.3)
消毒后胴体	30	5(16.67)	16(53.33)	21(70.0)
成品鸡	30	0(0.00)	27(90.0)	27(90.0)
工作台面	10	1(10.0)	8(80.0)	9(90.0)
工人手	10	2(20.0)	6(60)	8(80.0)
总计	170	16(9.4)	108(63.53)	124(72.95)

表 3 弯曲菌分离株对抗生素的耐药性

Tab.3 Results of antimicrobial resistance testing of *Campylobacter* isolates

种类	抗生素名称	判定标准/mm			实验结果(%)		
		耐药	中敏	高敏	耐药	中敏	高敏
青霉素类	AMP	≤13	14~16	≥17	11.36	0	88.64
	AML	≤13	14~17	≥18	13.64	0	86.36
第三代头孢类	CTX	≤22	23~25	≥26	95.45	4.55	0
	CRO	≤19	20~22	≥23	95.45	4.55	0
氨基糖苷类	S	≤11	12~14	≥15	100	0	0
	CN	≤12	13~14	≥15	11.36	0	88.64
	K	≤13	14~17	≥18	100	0	0
	AK	≤14	15~16	≥17	4.55	0	95.45
	TOB	≤12	13~14	≥15	100	0	0
喹诺酮类	CIP	≤15	16~20	≥21	100	0	0
	LEV	≤13	14~16	≥17	100	0	0
	NA	≤13	14~18	≥19	100	0	0
大环内酯类	E	≤13	14~22	≥23	100	0	0
四环素类	TE	≤11	12~14	≥15	100	0	0

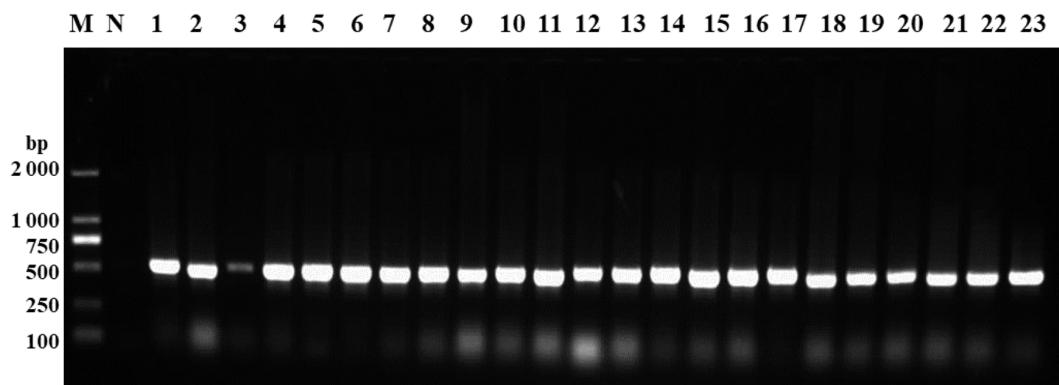
2.3 I类整合子的携带情况 对分离得到的124株弯曲菌进行I型整合子扩增,未扩增到目的条带,说明在分离得到的耐药菌中整合子介导耐药机制没有起主导作用。

2.4 PCR检测弯曲菌分离株 $gyrA$ 基因点突变结果 对124株弯曲菌 $gyrA$ 基因耐药决定区进行序列分析发现,耐氟喹诺酮药物的菌株在第257位碱基均发生了C-T的突变,导致苏氨酸突变为异亮氨酸。

2.5 四环素类耐药基因tet(O)基因检测结果 124

株四环素表型耐药的弯曲菌分离株中,均检测出tet(O)基因,检出率为100%,PCR扩增结果见图1。对部分菌株PCR产物进行了测序确定为目的片段。

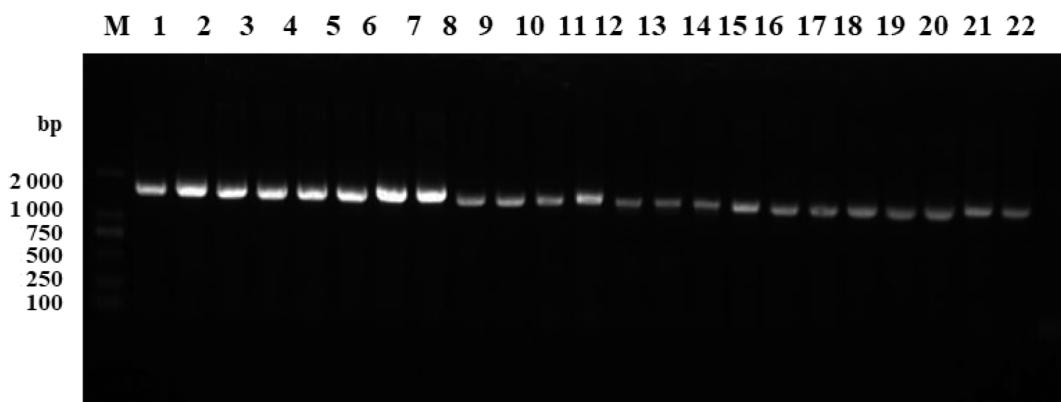
2.6 *aadE-sat4-aphA-3*耐药基因簇检测结果 图2为弯曲菌的检测结果,*aadE-sat4-aphA-3*耐药基因簇PCR扩增片段为1 538 bp,对部分菌株PCR产物进行了测序,确定为目的片段。124株弯曲菌中*aadE-sat4-aphA-3*阳性菌株有112株,检出率为90.32%。



M:核酸分子量标准 DL2000;泳道 N:阴性对照;泳道 1-23:弯曲杆菌分离株 *tet(O)* 的 PCR 扩增结果

图 1 弯曲菌分离株 *tet(O)* 扩增结果

Fig.1 PCR amplification of *tet(O)* in *Campylobacter* isolates



M:核酸分子量标准 DL2000;泳道 1-22:为弯曲杆菌分离株 *aadE-sat4-aphA-3* 耐药基因簇的 PCR 扩增结果

图 2 弯曲菌分离株 *aadE-sat4-aphA-3* 耐药基因簇 PCR 扩增结果

Fig.2 PCR amplification of *aadE-sat4-aphA-3* gene cluster in *Campylobacter* isolates

3 讨 论

由于弯曲菌能够在家禽肠道内大量定植,在屠宰的过程中如果肠道破裂很容易污染屠宰场地、设施和水从而污染禽肉产品^[9-10]。对 30 多个国家调查表明,市场上出售的 75% 的活禽和 80% 的禽肉中含有弯曲菌,弯曲菌在鸡中已经广泛分布^[11]。本研究从 170 份样品中共分离出 124 株弯曲菌,总分离率为 72.95%。在屠宰前,肉鸡泄殖腔棉拭子分离率为 23.3%,与张秀丽^[12]报道活鸡泄殖腔的分离率相似,在屠宰过程中鸡胴体的平均检出率为 83.33%,与焦扬等^[13]报道的鸡胴体分离率 88.97% 接近。本试验结果表明肉鸡经过屠宰加工环节后,其胴体弯曲菌污染率高于屠宰前活鸡的检出率,表明肉鸡加工环节是弯曲菌发生交叉污染的主要原因,应加强家禽屠宰环节弯曲菌的监测与控制。

由于疾病治疗及抗生素类饲料添加剂的大量使用,使弯曲菌耐药性迅速传播,且其耐药性逐渐增强。食源性动物中弯曲菌的耐药性已经成为发达国

家和发展中国家共有的主要公共卫生问题。国内外已有大量的研究论文报道弯曲菌的多重耐药现象^[14-16]。Lim SK 等^[14]对从鸡的泄殖腔和胴体分离到的弯曲菌进行耐药性检测,结果表明:空肠弯曲菌和结肠弯曲菌对环丙沙星、萘啶酸都具有较高的耐药率。张艾煜等^[17]对我国不同来源的弯曲菌进行了抗生素敏感性分析,结果显示我国菌株对喹诺酮类为接近 95% 的高耐药率。本研究分离的 124 株弯曲菌药敏试验结果显示:弯曲菌对链霉素、妥布霉素、卡那霉素、环丙沙星、氧氟沙星、萘啶酸、红霉素和四环素产生了很强的耐药性,耐药率 100%;对庆大霉素、阿米卡星、氨苄西林和阿莫西林较敏感,结果显示本试验所分离弯曲菌的多重耐药情况相当普遍和严重。

整合子-基因盒(Integron gene cassette)系统可将耐药基因在同种甚至不同种菌株间水平转移,加速多重耐药菌株的产生,危害严重。本试验的 124 株多重耐药细菌中,未检出 I 型整合子,与 Alessan-

dra Piccirillo^[18]的结果一致,远低于国内胡欣洁^[19]报道的98.6%。喹诺酮类耐药决定区*gyrA*基因核苷酸C-257-T的点突变是导致弯曲菌对氟喹诺酮类药物产生耐药的主要原因之一^[20],本研究对124株弯曲菌*gyrA*基因耐药决定区测序发现在257位碱基发生了C-T的突变,推测这是导致弯曲菌分离株对喹诺酮类耐药的主要原因。*tet(O)*基因编码的核糖体保护蛋白是弯曲菌对四环素耐药的主要机制之一^[21]。124株弯曲菌*tet(O)*检出率为100%,与Qin(100%)等的结果相似^[22]。氨基糖苷类耐药的基因簇—*aadE-sat4-aphA-3*能介导链霉素、卡那霉素和新霉素等耐药,但不能介导庆大霉素耐药,该基因簇的存在是耐药菌株在多重氨基糖苷类抗生素压力下的选择结果,因此,选择该基因监测对于耐药弯曲菌的监测具有重要意义。本研究对124株弯曲菌进行了*aadE-sat4-aphA-3*耐药基因簇的检测,其阳性率为90.32%,高于张艾煜的10.86%检出率^[8],其原因可能是本研究鸡源分离株来源比较单一导致了比较高的检出率。

本研究分析了江苏省某肉鸡屠宰加工过程中不同环节弯曲菌的污染和耐药表型及耐药基因携带情况,结果显示,肉鸡屠宰加工过程中弯曲菌的污染较为严重,分离株耐药率较高且多重耐药现象严重。

参 考 文 献:

- [1] Gillespie IA, O'Brien SJ, Frost JA, et al. A case-case comparison of *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* infection: a tool for generating hypotheses [J]. Emerg Infect Dis, 2002, 8 (9): 937-942. DOI:10.3201/eid0809.010187
- [2] Scallan E, Hoekstra RM, Angulo FJ, et al. Foodborne illness acquired in the United States—major pathogens [J]. Emerg Infect Dis, 2011, 17(1): 7-15. DOI: 10.3201/eid1701.091101p1
- [3] 张小燕,周倩,唐梦君,等.江苏地区鸡源弯曲杆菌分离鉴定及耐药性研究[J].中国家禽,2017,69(18): 23-27. DOI:10.16372/j.issn.1004-6364.2017.18.005
- [4] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing; Twenty-Fifth Informational Supplement. CLSI document M100-S25[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2015,44-51.
- [5] 唐梦君,周倩,张小燕,等.江苏省鸡肉产品中弯曲菌耐药特征及I型整合子分析[J].现代食品科技,2018,34(2):1-7. DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2018.2.019
- [6] Zirnstein G, Li Y, Swaminathan B, et al. Ciprofloxacin resistance in *Campylobacter jejuni* isolates: detection of *gyrA* resistance mutations by mismatch amplification mutation assay PCR and DNA sequence analysis [J]. J Clin Microbiol, 1999, 37 (10):3276-3280.
- [7] Abdi-Hachesoo B, Khoshbakht R, Sharifiyazdi H, et al. Tetracycline resistance genes in *Campylobacter jejuni* and *C. coli* isolated from poultry carcasses [J]. Jundishapur J Microbiol, 2014, 7(9):12-129. DOI: 10.5812/jjm.12129
- [8] 张艾煜,顾一心,梁昊,等.我国607株不同宿主来源弯曲菌耐药基因簇*aadE-sat4-aphA-3*分布分析[J].疾病监测,2015,30 (6):479-484. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2015.06.012
- [9] Gripp E, Hlahla D, Didelot X, et al. Closely related *Campylobacter jejuni* strains from different sources reveal a generalist rather than a specialist lifestyle [J]. BMC Genomics, 2011, 12: 584. DOI: 10.1186/1471-2164-12-584
- [10] Rasschaert G, Houf K, Van Hende J, et al. *Campylobacter* contamination during poultry slaughter in Belgium [J]. J Food Prot, 2006, 69(1): 27-33.
- [11] 焦新安,黄金林.世界禽病的研究进展[J].中国牧业通讯, 2005, (01): 76-79.
- [12] 张秀丽,炊慧霞,廖兴广,等.2011年河南省肉鸡养殖和屠宰加工过程中弯曲菌污染状况主动监测[J].中国卫生检验杂志, 2013,9(23): 2133-2135.
- [13] 焦扬,翟伟华,黄金林.鸡肉屠宰加工环节弯曲菌流行病学调查与分析[J].肉类工业, 2011,4:44-46.
- [14] Lim SK, Moon DC, Chae MH, et al. Macrolide resistance mechanisms and virulence factors in erythromycin-resistant *Campylobacter* species isolated from chicken and swine feces and carcasses [J]. J Vet Med Sci, 2017, 78(12): 1791-1795. DOI:10.1292/jvms.16-0307
- [15] Nguyen TN, Hotzel H, Njeru J, et al. Antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolates from small scale and backyard chicken in Kenya [J]. Gut Pathog, 2016, 8(1): 39. DOI: 10.1186/s13099-016-0121-5
- [16] Shobo CO, Bester LA, Baijnath S, et al. Antibiotic resistance profiles of *Campylobacter* species in the South Africa private health care sector [J]. J Infect Dev Ctries, 2016, 10 (11): 1214-1221.
- [17] 张艾煜.弯曲菌抗生素敏感性及遗传特征分析[D].北京:中国疾病预防控制中心,2015.
- [18] Piccirillo A, Dotto G, Salata C, et al. Absence of class I and class II integrons among *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated from poultry in Italy [J]. J Antimicrob Chemother, 2013, 20: 2683-2685. DOI: 10.1093/jac/dkt242
- [19] 胡欣洁,韩新锋,朱冬梅,等.肉鸡源多重耐药空肠、结肠弯曲菌的耐药分子特征[J].中国人兽共患病学报,2015,31 (08): 694-699. DOI:10.3969/j.issn.1002-2694.2015.08.002
- [20] Wang Y, Huang WM, Taylor DE. Cloning and nucleotide sequence of the *Campylobacter jejuni* *gyrA* gene and characterization of quinolone resistance mutation [J]. Antimicrobial Agents Chemother, 1993, 37(3): 457-463.
- [21] Gibreel A, Tracz DM, Taylor DE, et al. Incidence of antibiotic resistance in *Campylobacter jejuni* isolated in Alberta, Canada, from 1999 to 2002, with special reference to *tet(O)*-mediated tetracycline resistance [J]. Antimicrob Agents Chemother, 2004, 48 (9): 3442-3450. DOI: 10.1128/AAC.48.9.3442-3450.2004
- [22] Qin SS, Wu CM, Wang Y, et al. Antimicrobial resistance in *Campylobacter coli* isolated from pigs in two provinces of China [J]. Int J Food Microbiol, 2011, 146 (1): 94-98. DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.035