

# 家禽养殖过程中弯曲菌流行病学研究进展

阴甜甜, 黄金林\*, 焦新安

(扬州大学, 江苏省人兽共患病学重点实验室, 江苏省动物重要疫病与人兽共患病防控协同创新中心, 扬州 225009)

**摘要:** 弯曲菌作为一种人兽共患的食源性病原菌, 是引起全球范围内人类细菌性胃肠炎的主要病原菌。家禽是弯曲菌的自然宿主, 在弯曲菌的流行中扮演着非常重要的角色。养殖过程中家禽感染弯曲菌后不表现出任何临床症状, 但可持续向外界排菌, 引起人类及其他动物感染发病, 造成了严重的健康危害和经济损失。因此, 控制或清除家禽弯曲菌是预防和控制人类弯曲菌病的重要前提。而在家禽养殖过程中开展弯曲菌的流行性监测工作对预防和控制弯曲菌具有重要意义。本文旨在对近年来家禽养殖过程中弯曲菌的流行现状、感染与传播及分子溯源技术等研究进展进行综述, 以期为今后农场中家禽弯曲菌的流行和防控提供数据支持。

**关键词:** 弯曲菌; 养殖过程; 流行; 感染; 传播; 分子溯源技术

## Research progress on the epidemiology of *Campylobacter* during poultry rearing periods

YIN Tian-Tian, HUANG Jin-Lin\*, JIAO Xin-An

(Jiangsu Key Lab of Zoonosis/Jiangsu Co-Innovation Center for Prevention and Control of Important Animal Infectious Diseases and Zoonoses, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

**ABSTRACT:** *Campylobacter* as a zoonotic foodborne pathogen, is the main cause of human gastroenteritis worldwide. Poultry is the natural host for *Campylobacter*, which plays a very important role in the epidemiology. Many chicken flocks are infected with *Campylobacter* but showed no signs of illness during their rearing periods. *Campylobacter* are shedding sustainable to the outside world, which form a source of infection, causing human and other animals' infections, and it has caused serious health hazards and economic losses. Therefore, it is an important prerequisite to control human campylobacteriosis through control and clear *Campylobacter* in intestinal tract of poultry. During poultry rearing periods, it is important to carry out the epidemic monitoring work of *Campylobacter*. In this paper, the research of new progress for the epidemic status, infection, spread, and molecular tracing techniques during poultry rearing periods is reviewed to provide a reference for the further research in this area.

**KEY WORDS:** *Campylobacter*; rearing periods; prevalence; infection; spread; molecular tracing technique

基金项目: 国家科技支撑计划(2014BAD13B02)、江苏省农业科技自主创新资金(CX(15)1009)、国家自然科学基金项目(31372449)、江苏高校优势学科建设工程项目

**Fund:** Supported by National Key Technology R&D Program (2014BAD13B02), Jiangsu Province Agricultural Science and Technology Independent Innovation Fund (CX(15)1009), National Natural Science Foundation of China (31372449), and the Priority Academic Program Development of Jiangsu Higher Education Institutions

\*通讯作者: 黄金林, 教授, 主要研究方向为食品安全与动物疫病防治。E-mail: jinlin@yzu.edu.cn

\*Corresponding author: HUANG Jin-Lin, Professor, College of Life Science, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China. E-mail: jinlin@yzu.edu.cn

## 1 引言

弯曲菌(*Campylobacter*)是世界范围内引起人类细菌性胃肠炎最常见的病原菌之一,大多数人患病是由空肠弯曲菌和结肠弯曲菌引起的。弯曲菌病是一种自限性疾病,其临床症状主要表现为发热、头痛、呕吐、水样腹泻等,严重的可引起反应性关节炎和格林巴利综合征<sup>[1-3]</sup>。流行病学研究结果表明,高达30%的人类弯曲菌病是由于处理、制备和消费生的或未煮熟的禽肉引起的<sup>[4]</sup>。因此,家禽是人类食物链的一个重要污染源。在家禽养殖过程中,家禽感染弯曲菌后不表现出任何临床症状,但可持续向外界排菌,并可终生携带<sup>[5]</sup>。这就很容易造成屠宰、加工及零售环节禽肉及其产品的污染。因此,对养殖过程中家禽弯曲菌进行预防和控制将能减少人们暴露于这种病原的风险,同时对维持食品安全和公共卫生具有重要意义。为了对养殖过程中家禽弯曲菌的流行病学进行更加深入、系统地研究,本文对家禽养殖过程中弯曲菌的流行现状、感染与传播途径及分子溯源技术等进行了综述。

## 2 家禽养殖过程中弯曲菌的流行现状

在国外,弯曲菌流行性监测调查开展早、范围广、手段多样,为预防人类弯曲菌感染、保障食品安全提供了较多的数据和干预理论基础。很多国家开展了针对食品及动物的弯曲菌监测工作,如北爱尔兰、瑞典、丹麦、挪威等。在美国,最新的监测显示近90%的禽群呈阳性,在欧洲流行率为18%~90%<sup>[6,7]</sup>。在北爱尔兰,McDowell等<sup>[8]</sup>从2001年6月到2002年5月对88个肉鸡养殖场连续五个批次的肉鸡群进行了弯曲菌的流行病学调查及弯曲菌污染的重要风险因素研究。结果显示,农场中弯曲菌普遍流行:388个鸡群中有163个鸡群检测到弯曲菌,阳性率为42.01%;另外,上一批次肉鸡群弯曲菌检测阳性时,下批肉雏鸡进入该场发生弯曲菌感染的可能性较大。在匈牙利,Damjanova等<sup>[9]</sup>从2006年3月到2007年2月对农场中同一鸡舍内连续五个批次的肉鸡进行了弯曲菌的跟踪调查,并在每个批次的不同时间点采集粪便样品进行弯曲菌的分离,共分离到101株空肠弯曲菌和13株结肠弯曲菌;与McDowell的研究发现相同:当上一批次肉鸡群弯曲菌检测阳性时,下批肉雏鸡进入该鸡舍发生弯曲菌感染的可能性较大。Torralbo等<sup>[10]</sup>为了确定安达卢西亚(西班牙南部)肉鸡养殖场弯曲菌的流行率及危险因素,在2010年4月到2012年5月期间从291个肉鸡群采集了2221份泄殖腔棉拭子和747份环境样品。结果显示,动物个体的弯曲菌阳性率为38.1%,肉鸡群的弯曲菌阳性率为62.9%。Melero等<sup>[11]</sup>在2011年1月和2月对西班牙两个农场的两个鸡群进行弯曲菌的流行病学调查,两个鸡群的弯曲菌阳性率分别为88.88%和44.44%。Carrique-Mas等<sup>[12]</sup>在2012年2月到5月对越南湄

公河三角洲的343个农场(家禽养殖场和猪场)进行弯曲菌的流行病学调查。结果显示,动物个体水平鸡、鸭、猪的弯曲菌平均患病率分别为31.9%、23.9%和53.7%。

随着近些年来进出口贸易的不断繁荣,我国对动物源性及食品源性弯曲菌的流行性检测也越来越重视,但对养殖过程中家禽弯曲菌的流行性研究还较少。黄金林等<sup>[13]</sup>从2005年7月到2007年12月对我国部分省市不同品种、不同类型的40个鸡群进行弯曲菌的流行病学调查,结果在40个鸡群中空肠弯曲菌阳性的有34个,阳性率为85%,结肠弯曲菌阳性的有16个,阳性率为40%。另外,在4891份鸡肛门棉拭样品中,弯曲菌检出率为16.54%;不同鸡群感染率悬殊较大,空肠弯曲菌阳性率从0%~73.3%、结肠弯曲菌阳性率从0%~10%。农场鸡群饲养环境样品217份,空肠弯曲菌阳性检出率为2.76%,结肠弯曲菌未检出。张弓等<sup>[14]</sup>从2007年12月到2009年12月对江苏地区鹅源、鸭源的15个水禽群体及江苏、山东、安徽的5个鸡群进行弯曲菌的流行病学调查。调查显示,15个水禽群体中,空肠弯曲菌阳性的有12个,阳性率为80.0%,结肠弯曲菌阳性的有7个,阳性率为53.33%;2182份水禽泄殖腔棉拭样品中,弯曲菌检出率为17.87%。5个鸡群均为空肠弯曲菌阳性,群体阳性率为100%、结肠弯曲菌群体阳性率为80%;960份鸡泄殖腔棉拭样品中,弯曲菌检出率为28.33%。不同鸡群感染率悬殊较大,空肠弯曲菌阳性率从7.58%~73.08%、结肠弯曲菌阳性率从0%~5.77%。Ma等<sup>[15]</sup>在2012年10月到11月对上海一家家禽养殖屠宰加工一体化的企业进行了弯曲菌的流行病学调查。采集农产中142份肉鸡盲肠样品、屠宰场135份肉鸡胴体、超市128份肉鸡胴体,其中农场水平弯曲菌检出率最高,达72.5%。隆昌飞等<sup>[16]</sup>在花溪地区规模化养殖场和大型农贸市场采集了150份鸡泄殖腔棉拭样品。其中,空肠弯曲菌阳性检出率为17.3%。林玫等<sup>[17]</sup>采集养鸡场及市场售活鸡摊位鸡粪便样品105份,弯曲菌检出阳性率为2.86%,检出率偏低。以上报道综合表明我国家禽养殖过程中弯曲菌普遍流行且多样化。

## 3 家禽养殖过程中弯曲菌的感染与传播

无论在发达国家还是发展中国家,弯曲菌是肠道感染最常见的病原菌之一。目前世界卫生组织(WHO)已将弯曲菌病列为最常见传染病之一,2003年我国国家食源性疾病预防监测网也将弯曲菌列为监测对象。

### 3.1 易感动物

弯曲菌能定植于大多数温血动物的肠粘膜,几乎包括所有的食物源性动物和人类,尤其是在鸡、野鸟、火鸡、鹌鹑、鸭和鸵鸟等几乎所有禽的肠道<sup>[18,19]</sup>。

鸡感染弯曲菌具有明显的季节性<sup>[1]</sup>,夏季的感染率高于冬季。但也有研究认为鸡空肠弯曲菌的流行无季节性差异<sup>[20]</sup>。季节性对弯曲菌流行的影响机制仍不清楚。当然,夏

季禽舍的通风次数和频率增多,增加了与外界环境的接触;以及,现已被证明是弯曲菌重要携带者的蝇类,在夏季活动比较频繁,且可伴随着通风设备等进入禽舍<sup>[1]</sup>。阳性禽群弯曲菌的流行还依赖于禽群的规模<sup>[21]</sup>和饲养管理的水平,规模化饲养通常感染率均较高,有时能达到 100%,而自由散养鸡群的感染率相对较低<sup>[22]</sup>。定植于鸡肠道的弯曲菌 80%~90%为空肠弯曲菌,其次是结肠弯曲菌,偶尔发现海鸥弯曲菌<sup>[23,24]</sup>。

大多数研究认为刚孵化的雏鸡呈弯曲菌阴性。在欧洲这种状态至少 10 d(即感染停滞期),但进入禽舍后 2~3 wk 内多数禽群会呈阳性<sup>[25]</sup>。弯曲菌在禽的定植与排泄周期还存在争议,一般认为通常饲养 47 d 的鸡会终身带菌。但攻毒实验显示,不同菌株在鸡的定植存在差异<sup>[26]</sup>。此外,8 wk 后弯曲菌在肠道的定植量和复苏量都呈逐渐下降趋势<sup>[27]</sup>。

### 3.2 传染源

患病动物和病原携带者为传染源。在家禽养殖过程中,家禽感染弯曲菌后通常缺乏临床症状,但可长期向外界排菌,通过粪便或水源传播至整个禽群,且可终生携带<sup>[4]</sup>,成为弯曲菌的重要传染源。

### 3.3 传播途径

从肉鸡孵化的第一天到被运送到屠宰场,可能会遇到一系列促使弯曲菌定植的危险因素。因此,预防与控制家禽养殖过程中弯曲菌的感染需对其感染源和传播途径进行调查。

#### 3.3.1 垂直传播

弯曲菌的垂直传播是当前养鸡业弯曲菌流行病学最有争议的领域。垂直传播主要是指弯曲菌通过污染的种蛋从母代传播给子代。有研究表明,这条线路是可能的,因为少数鸡群能在孵化后 1~2 d 分离得到弯曲菌<sup>[28]</sup>。在鸡输卵管中可以分离到弯曲菌,这表明鸡蛋通过输卵管时可能被弯曲菌污染;另外,在种公鸡的精液样本中也可以分离到弯曲菌,可能在性交过程中感染母鸡生殖道<sup>[29]</sup>。弯曲菌可以从刚孵出的鸡中分离到,但并不能明确证实这是垂直传播的结果。事实上,室内饲养的鸡群直到约 4 wk 的年龄时才会被感染,这与垂直传播相对。此外,越来越多的农场在生产无弯曲菌的鸡群,这也使得垂直传播不大可能作为一个主要的传播途径。此外,弯曲菌在蛋内容和蛋壳上生存能力很差<sup>[1]</sup>。因此,目前控制弯曲菌最实际的方法是控制水平传播路径,完全控制水平传播后对垂直传播的研究会更为深入。

#### 3.3.2 水平传播

水平传播被认为是肉鸡感染弯曲菌最可能的来源。目前多种传播媒介已得到公认,禽群周围动物、野生动物、宠物、粪便和昆虫等均可能携带弯曲菌。另外,水、饲料和土壤等环境中也能分离到弯曲菌,并能通过设备、人的活动等导致感染。现行标准的生物安全措施不能保证禽群

无弯曲菌,这与弯曲菌的高暴露率、低剂量感染和禽群间传播的高速率有关。然而,严格的生物安全措施如高效的卫生栅栏、洗手和靴子消毒等,可推迟禽群感染弯曲菌的时间和减少禽群的阳性率。弯曲菌水平传播的影响因素包括以下几方面:

(1) 禽舍的清洁和消毒措施可降低弯曲菌生存及传递给下一批的几率<sup>[14]</sup>。目前,规模化集中饲养禽舍通常是一个密闭的环境。而弯曲菌不能在清洁和干燥的垃圾中分离到<sup>[30]</sup>,因此,保持饲养环境的干燥及粪便、垃圾的及时清运是控制弯曲菌的重要措施。

(2) 野生和家养动物的粪便以及昆虫等均能分离到弯曲菌,被认为是弯曲菌的重要来源。农场中混合饲养的其他家畜(如牛、猪等)和宠物(如猫犬)也可传播弯曲菌<sup>[31]</sup>。虽然这些动物不能进入禽舍,但其含有大量弯曲菌的排泄物可污染靴子、外衣和设备等,从而间接污染禽群<sup>[1]</sup>。此外,农场中采集的苍蝇大约 50%可分离到弯曲菌<sup>[32]</sup>。

(3) 水和饲料也是弯曲菌水平传播的媒介。农场中水和饲料中能分离到弯曲菌,而且分离株的表型和基因型与同舍禽群粪便分离株有高度同源性;水的污染与禽群阳性通常是同步的<sup>[14]</sup>。弯曲菌对干燥条件非常敏感,在干燥的饲料里会较快死亡,但当饲料长期存放于禽舍时,也较容易被污染,之后再传播给禽群<sup>[1,2]</sup>。水源性污染相对于饲料食品污染更容易控制,因为它可能只需加入化学物品进行处理即可消除弯曲菌,但这可能会影响水的品质<sup>[1]</sup>。

(4) 鸡群大小的变化也会增加弯曲菌定植和传播的风险。当鸡群接近屠宰重量时,为避免空间变得过于拥挤,会在出栏前淘汰部分鸡,但这增加了剩余鸡感染弯曲菌的风险<sup>[33]</sup>。因为它打破了鸡群原有的卫生屏障,损害了生物安全。

(5) 空气中也能分离到弯曲菌。尽管弯曲菌在干燥的空气微粒中不能存活很长时间,但当空气中菌体浓度高、湿度较大时,弯曲菌能传播较长距离,且具有感染活力<sup>[14]</sup>。因此,空气微粒对家禽和人弯曲菌感染具有潜在的威胁。

(6) 人类活动与交通是影响弯曲菌传播的重要因素。弯曲菌能通过靴子、衣服等携带进入禽舍内,饲养人员也可传播弯曲菌<sup>[14]</sup>。管理人员的增加会增加禽群阳性的机率,同时,如果饲养人员还参与饲养其它禽群,可导致不同禽群间的传播<sup>[4,5]</sup>。因此,对管理、饲养人员及参观者应采取必要的安全措施,防止其携带的弯曲菌传播给禽群。用于运输使用的板条箱、车辆和模块等都应该是无弯曲菌的,但在目前的商业实践中还很难实现<sup>[1]</sup>。

## 4 家禽养殖过程中弯曲菌流行的分子溯源技术研究

由于弯曲菌在整个环境及多种动物的普遍流行,跟

踪该生物体的来源具有一定的挑战性。常规的流行病学方法一般不能准确地确定病原菌的传染源,因此分子分型研究成为追溯弯曲菌传染源,调查其传播途径的主要手段。目前已建立了多种弯曲菌的分子分型方法,但只有少数被常用于分子流行病学研究,如脉冲场凝胶电泳(PFGE)分型、多位点序列(MLST)分型、限制酶片段长度多态性(RFLP)分型等<sup>[18,34]</sup>。

#### 4.1 脉冲场凝胶电泳(PFGE)

PFGE 的基本原理是在琼脂糖中提取完整基因组 DNA,利用限制性内切酶消化后,通过脉冲场电泳分离获得 DNA 片段。根据片段大小、数量和相对位置关系的不同,弯曲菌可分为不同的基因型。最常用的内切酶有 *Sma* I、*Kpn* I 等。PFGE 已被广泛应用于探索家禽农场、屠宰直至最终产品等不同阶段之间弯曲菌的流行病学联系<sup>[34,35]</sup>。欧美多国的公共卫生实验室的科学家采用这一方法,快速地对菌株进行 PFGE 指纹图谱分型,从而确定菌株之间的相似程度追踪来源。Melero 等应用 PFGE 对从农场到零售整个禽肉生产链的弯曲菌分离株进行分型研究。结果表明,PFGE 对弯曲菌具有很好的区分和分型能力;另外,研究发现弯曲菌在整个生产链中存在交叉污染,表明 PFGE 可以作为溯源技术应用于追踪弯曲菌来源<sup>[36]</sup>。

PFGE 能够对整个染色体进行分析,具有特异性高、分辨力强、重复性好、易于标准化等优势,被誉为细菌分子分型研究的“金标准”<sup>[37]</sup>。但 PFGE 操作过程复杂、耗时、影响因素多,需要昂贵的仪器,且各实验室所采用的酶切电泳等条件不同,造成结果无法比较。另外,弯曲菌的基因组相对其它病原菌较小,这可能是导致对弯曲菌的分辨力降低的一个原因<sup>[38]</sup>。

#### 4.2 多位点序列分型(MLST)

MLST 方法是通过对多个管家基因(一般为 6 至 11 个位点)进行测序,通过序列的变化反应菌株之间的进化关系<sup>[39]</sup>。MLST 最常被用来描述不同地理区域或一段时间内特定宿主弯曲菌种群的动力学,有助于更好地了解弯曲菌的流行病学<sup>[40]</sup>。Manning 等<sup>[41]</sup>应用 MLST 对 216 株不同来源的弯曲菌进行分型研究,结果表明该分型方法非常适合弯曲菌的流行病学调查。

MLST 具有分辨率高、技术流程标准化、重复性强、可进行高通量分析、数据易于保存和共享、可用于不同实验室之间进行交流等优点。但由于 MLST 要求管家基因具有一定的变异性,因此亦有局限性如基因较为保守的细菌(如炭疽杆菌、结核杆菌)不适合用该方法进行分型;另外,其对伤寒沙门菌的分型也不理想<sup>[14]</sup>。

#### 4.3 限制酶片段长度多态性(RFLP)

RFLP 分型通过探针杂交方法来检测染色体 DNA 在限制性酶切后形成的 DNA 片段的多样性<sup>[42]</sup>。现应用于流

行病学的多是以 PCR 为基础的标记,弯曲菌常用的为 *flaA* PCR-RFLP<sup>[43]</sup>。黄金林等选择空肠弯曲菌鞭毛基因,应用限制性内切酶 *Dde* I,建立针对空肠弯曲菌的 *flaA*-PCR-RFLP 方法,并对来源于腹泻病人和鸡的 280 株空肠弯曲菌分离株进行分型研究,结果表明 *flaA*-PCR-RFLP 具有较强的分型能力<sup>[44]</sup>。

RFLP 能在短时间内对大量的菌株进行调查研究。其分辨率较高、重复性好、不需要特殊设备、操作简单快速、比较适合于在临床实验室开展,且方法标准化后,能将世界各地获得的数据进行比较,从而能更好的了解各个基因型的区域分布和流行趋势。但酶切位点的变异突变,碱基的插入、缺失、重排等均会导致限制性片段长度的多态性<sup>[43]</sup>。

## 5 展 望

作为主要的食源性致病菌之一,弯曲菌已经引起世界各国的广泛关注。但各国对家禽养殖过程中弯曲菌的流行性监测还远远不够。很多国家虽已采取了一系列的防控措施,如加强家禽饲养卫生、严格消毒、预防接种、噬菌体和细菌素治疗等,但是这些措施并不能完全消除禽群、禽舍及环境中存在的弯曲菌。因此,应有更多的专家和学者致力于家禽养殖过程中弯曲菌的流行和防控研究,充分利用各种现代分子技术进行弯曲菌的分子流行病学分析,为养殖过程中不同来源弯曲菌的流行传播和防控提供可靠的理论数据。随着未来人类对弯曲菌流行更全面的认知以及防控技术的发展,弯曲菌的流行将得到更好的控制。

#### 参考文献

- [1] Humphrey T, O'Brien S, Madsen M. *Campylobacters* as zoonotic pathogens: a food production perspective [J]. *Int J Food Microbiol*, 2007, 117(3): 237-257.
- [2] Silva J, Leite D, Fernandes M, et al. *Campylobacter* spp. as a foodborne pathogen: a review [J]. *Front Microbiol*, 2011, 2: 1-12.
- [3] Kaakoush NO, Castaño-Rodríguez N, Mitchell HM, et al. Global Epidemiology of *Campylobacter* Infection [J]. *Clin Microbiol Rev*, 2015, 28(3): 687-720.
- [4] Panel on Biological Hazards. Scientific opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain [J]. *EFSA J*, 2011, 9: 68-141.
- [5] Lin J. Novel approaches for *Campylobacter* control in poultry [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2009, 6(7): 755-765.
- [6] Stern NJ, Bannov VA, Svetoch EA, et al. Distribution and characterization of *Campylobacter* spp. from Russian poultry [J]. *J Food Prot*, 2004, 67(2): 239-245.
- [7] Stern NJ, Fedorka-Cray P, Bailey JS, et al. Distribution of *Campylobacter* spp. in selected US poultry production and processing operations [J]. *J Food Prot*, 2001, 64(11): 1705-1710.
- [8] McDowell SWJ, Menzies FD, McBride SH, et al. *Campylobacter* spp. in

- conventional broiler flocks in Northern Ireland: Epidemiology and risk factors [J]. *Prev Vet Med*, 2008, 84(3-4): 261-276.
- [9] Damjanova I, Jakab M, Farkas T, *et al.* From farm to fork follow-up of thermotolerant *Campylobacters* throughout the broiler production chain and in human cases in a Hungarian county during a ten-months period [J]. *Int J Food Microbiol*, 2011, 150(2-3): 95-102.
- [10] Torralbo A, Borge C, Allepuz A, *et al.* Prevalence and risk factors of *Campylobacter* infection in broiler flocks from southern Spain [J]. *Prev Vet Med*, 2014, 114(2): 106-113.
- [11] Melero B, Juntunen P, Hänninen ML, *et al.* Tracing *Campylobacter jejuni* strains along the poultry meat production chain from farm to retail by pulsed-field gel electrophoresis, and the antimicrobial resistance of isolates [J]. *Food Microbiol*, 2012, 32(1): 124-128.
- [12] Carrique-Mas JJ, Bryant JE, Cuong NV, *et al.* An epidemiological investigation of *Campylobacter* in pig and poultry farms in the Mekong delta of Vietnam [J]. *Epidemiol Infect*, 2013, 142(7): 1425-1436.
- [13] 黄金林. 我国部分地区鸡源空肠弯曲菌流行病学及运送 *flaA* 基因的壳聚糖纳米 DNA 疫苗免疫生物学特性研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2008: 3-46.
- Huang JL. Epidemiological survey of *Campylobacter jejuni* in chickens in parts of China and the immunobiological properties of Chitosan harboring recombinant plasmid expressing *flaA* [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2008: 3-46.
- [14] 张弓. 水禽空肠弯曲菌流行病学及分离株的多位点序列分型分析[D]. 扬州: 扬州大学, 2010: 3-46.
- Zhang G. Epidemiological Survey of waterfowl and MLST genotypes of *Campylobacter jejuni* isolates from different origins [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2010: 3-46.
- [15] Ma LC, Wang Y, Shen JZ, *et al.* Tracking *Campylobacter* contamination along a broiler chicken production chain from the farm level to retail in China [J]. *Int J Food Microbiol*, 2014, 181(2014): 77-84.
- [16] 隆昌飞, 谭艾娟, 吕世明, 等. 猪、鸡空肠弯曲杆菌的分离鉴定及药敏试验[J]. *天津农业科学*, 2013, 19(3): 43-45.
- Long CF, Tan AJ, Lyu SM, *et al.* Antimicrobial resistance analysis of *Campylobacter jejuni* isolated from poultry and swine [J]. *Tianjin Agric Sci*, 2013, 181(2014): 77-84.
- [17] 林玫, 周凌云, 王鸣柳, 等. 广西空肠弯曲菌和结肠弯曲菌流行病学调查[J]. *中国人兽共患病学报*, 2012, 28(11): 1143-1147.
- Lin M, Zhou LY, Wang ML, *et al.* Epidemiological investigation on *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in Guangxi [J]. *Chin J Zoonoses*, 2012, 28(11): 1143-1147.
- [18] Sheppard SK, Maiden MC. The evolution of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* [J]. *Cold Spring Harb Perspect Biol*, 2015, 7(8): 1-13.
- [19] Bolton DJ. *Campylobacter* virulence and survival factors [J]. *Food Microbiol*, 2015, 48: 99-108.
- [20] Humphrey TJ, Henley A, Lanning DG. The colonization of broiler chickens with *Campylobacter jejuni*: some epidemiological investigations [J]. *Epidemiol Infect*, 1993, 110(3): 601-607.
- [21] Berndtson E, Danielsson-Tham ML, Engvall A. *Campylobacter* incidence on a chicken farm and the spread of *Campylobacter* during the slaughter process [J]. *Int J Food Microbiol*, 1996, 32(1-2): 35-47.
- [22] Heuer OE, Pedersen K, Andersen JS, *et al.* Madsen. Prevalence and antimicrobial susceptibility of thermophilic campylobacters in organic and conventional broiler flocks [J]. *Lett Appl Microbiol*, 2001, 33(4): 269-274.
- [23] Colles FM, McCarthy ND, Layton R, *et al.* The prevalence of *Campylobacter* amongst a free-range broiler breeder flock was primarily affected by flock age [J]. *PLoS One*, 2011, 6(12): 1-7.
- [24] Uyttendaele M, Schukkink R, Vangemen B, *et al.* Comparison of the nucleic acid amplification system of NASBA and agar isolation for detection of pathogenic *Campylobacter* in naturally contaminated poultry products [J]. *J Food Protect*, 1996, 59(7): 683-687.
- [25] Evans SJ, Sayers AR. A longitudinal study of *Campylobacter* infection of broiler flocks in Great Britain [J]. *Prev Vet Med*, 2000, 46(3): 209-223.
- [26] Ringoir DD, Korolik V. Colonisation phenotype and colonization differences in *Campylobacter jejuni* strains in chickens before and after passage *in vivo* [J]. *Vet Microbiol*, 2002, 92(3): 225-235.
- [27] Achen M, Morishita TY, Ley EC. Shedding and colonization of *Campylobacter jejuni* in broilers from day-of-hatch to slaughter age [J]. *Avian Dis*, 1998, 42(4): 732-737.
- [28] Kazwala RR, Collins JD, Hannan RA, *et al.* Factors responsible for the introduction and the spread of *Campylobacter jejuni* in commercial poultry production [J]. *Vet Rec*, 1990, 126(13): 305-306.
- [29] Van de Giessen A, Mazurier SI, Jacobs-Reitsma W, *et al.* Study on the epidemiology and control of *Campylobacter jejuni* in poultry broiler flocks [J]. *Appl Environ Microbiol*, 1992, 58(6): 1913-1917.
- [30] Berndtson EU, Emanuelson V, Engvall A, *et al.* A 1-year epidemiological study of campylobacters in 18 Swedish chicken farms [J]. *Prev Vet Med*, 1996, 26(3): 167-185.
- [31] Giacomelli M, Follador N, Coppola LM, *et al.* Survey of *Campylobacter* spp. in owned and unowned dogs and cats in Northern Italy [J]. *Vet J*, 2015, 204(3): 333-337.
- [32] Rosef O, Kapperud G. House flies (*Musca domestica*) as possible vectors of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* [J]. *Appl Environ Microbiol*, 1983, 45(2): 381-383.
- [33] Hald B, Rattenborg E, Madsen M. Role of batch depletion of broiler houses on the occurrence of *Campylobacter* spp. in chicken flocks [J]. *Lett in Appl Microbiol*, 2001, 32(4): 253-256.
- [34] Taboada EN, Clark CG, Sproston EL, *et al.* Current methods for molecular typing of *Campylobacter* species [J]. *J Microbiol Meth*, 2013, 95(1): 24-31.
- [35] Silva DT, Tejada TS, Blum-Menezes D, *et al.* *Campylobacter* species isolated from poultry and humans, and their analysis using PFGE in southern Brazil [J]. *Int J Food Microbiol*, 2015, 217: 189-194.
- [36] Melero B, Juntunen P, Hänninen ML, *et al.* Tracing *Campylobacter jejuni* strains along the poultry meat production chain from farm to retail by pulsed-field gel electrophoresis, and the antimicrobial resistance of isolates [J]. *Food Microbiol*, 2012, 32(1): 124-128.
- [37] Imai Y, Kikuchi M, Matsuda M. Macro-fingerprinting analysis at the chromosomal genomic DNA level of isolates of thermophilic *Campylobacter coli* and *C. jejuni* by pulsed field gel electrophoresis [J]. *Cytobios*, 1994, 78(313): 115-122.
- [38] 邢丽萍, 薛永春, 杨月清. 空肠弯曲菌分型技术的研究进展[J]. *公共卫生与预防医学*, 2012, 23(6): 58-60.
- Xing LP, Xue YC, Yang YQ. Research progress of typing technology of *Campylobacter jejuni* [J]. *J Public Health Prev Med*, 2012, 23(6): 58-60.

- [39] Rahaman MH, Islam T, Colwell RR, *et al.* Molecular tools in understanding the evolution of *Vibrio cholerae* [J]. *Front Microbiol*, 2015, 6(1040): 1–13.
- [40] Zhang G, Zhang X, Hu Y, *et al.* Multilocus Sequence Types of *Campylobacter jejuni* Isolates from Different Sources in Eastern China [J]. *Curr Microbiol*, 2015, 71(3): 341–346.
- [41] Manning G, Dowson CG, Bagnall MC, *et al.* Multilocus sequence typing for comparison of veterinary and human isolates of *Campylobacter jejuni* [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2003, 69(11): 6370–6379.
- [42] Carreira AC, Cunha MV. Characterization of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* genotypes in poultry flocks by restriction fragment length polymorphism (RFLP) analysis [J]. 2015, 1247: 311–321.
- [43] Petersen L, Nielsen EM, On SL. Serotype and genotype diversity and hatchery transmission of *Campylobacter jejuni* in commercial poultry flocks [J]. *Vet Microbiol*, 2001, 82(2): 141–154.
- [44] 黄金林, 许海燕, 尹衍新, 等. 空肠弯曲菌 *flaA*-PCR-RFLP 分子检测技术的初步应用[J]. *中华微生物学和免疫学杂志*, 2009, 29(4): 380–381.

Huang JL, Xu HY, Yin YX, *et al.* Preliminary application of *flaA*-PCR-RFLP molecular detection technology of *Campylobacter jejuni* [J]. *Chin J Microbiol Immunol*, 2009, 29(4): 380–381.

(责任编辑: 白洪健)

## 作者简介



阴甜甜, 硕士研究生, 主要研究方向为人兽共患病与食品安全。

E-mail: yintian0129@163.com



黄金林, 教授, 主要研究方向为食品安全与动物疫病防治。

E-mail: jinlin@yzu.edu.cn