

我国十省市空肠/结肠弯曲菌的生物型和血清型分布

中国预防医学科学院流行病学微生物学研究所 付海燕 贾明和 蔡润河

提要 本文采用Lior法对我国十省市不同来源的301株空肠/结肠弯曲菌进行了生物学分型与血清学分型研究。研究结果表明弯曲菌的生物型分布无明显地区差异,血清学总分型率为86.71%,共分出41个血清型。人源菌与鸡、猪、鸭源菌的血清型分布关系密切,其最常见的5个血清型中均包括LIO46、45和8。建立了3种新血清型LION-1、N-2和N-3。同一宿主可以同时感染2种血清型的弯曲菌。生物型和血清型分布之间未见特殊联系。

关键词 空肠/结肠弯曲菌 生物学分型 血清学分型

自1977年Skirrow等^[1]建立了有效的选择培养基以来,大量研究证实,空肠/结肠弯曲菌(简称弯曲菌)广泛存在于自然界,是世界各地人类腹泻病,尤其是婴幼儿腹泻的重要病原体之一。本文采用Lior建立的生物学分型^[3]和以不耐热抗原为依据的血清学分型法^[2],对我国十省市1983~1987年分离的301株弯曲菌进行了研究,目的在于了解我国弯曲菌生物型和血清型分布规律及其流行病学意义,并对该技术的可行性作出评价。

材料与方法

一、菌株与培养基:制备分型血清的41株标准菌株由加拿大学者H.Lior赠送。301株实验菌株,为1983~1987年自北京、河南(郑州)、山东、江苏、江西、吉林、福建、安徽、贵州和辽宁等十省市腹泻病患者、健康带菌者及不同动物粪便中分离的菌株。其中人源菌173株、动物源菌128株,均经形态学和一般生物学方法鉴定为弯曲菌。

增菌培养用Mueller-Hinton肉汤,传代培养用Mueller-Hinton卵黄琼脂,置42℃,微氧(O₂5%, CO₂10%, N₂85%)培养24~48小时/代。菌株保存于FMPEG半固体培养基(-20℃)。

二、生物学分型:按Lior法将弯曲菌分为3个亚种8个生物型^[3]。

三、分型血清:为本实验室自备。

四、血清学分型:采用Lior的玻璃凝集法^[2]。被检菌株需经DNA酶处理。

结 果

一、生物学分型:301株弯曲菌的生物学分型结果表明,在173株人源菌中,74.5%为空肠弯曲菌(*C. jejuni*),24.86%为结肠弯曲菌(*C. coli*),仅1株为海鸥弯曲菌(*C. laridis*),其中*C. jejuni* I 48.55%, *C. jejuni* II 24.28%, *C. jejuni* IV 1.73%, *C. coli* I 16.76%, *C. coli* II 8.09%, *C. laridis* I 0.58%。47株鸡源菌中,*C. jejuni* I 46.81%, *C. jejuni* II 17.02%, *C. coli* I 21.28%, *C. coli* II 14.89%。50株猪源菌中,*C. jejuni* I 4%, *C. jejuni* II 12%, *C. coli* I 60%, *C. coli* II 24%。鸭源菌共28株,分为*C. coli* II 46.43%、*C. jejuni* II 35.71%、*C. coli* I 10.71%和*C. jejuni* I 7.14%。

各地菌株的生物型分布未见明显差异。

二、血清学分型:共制备44型分型血清。其中41型用标准菌株制备抗原免疫家兔所得,3个型用与标准血清不发生凝集的3株菌株作为

抗原, 为本文建立的新型, 分别称为 LIO N-1、N-2和N-3型。

对301株不同来源弯曲菌的总分型率为86.71%。人源菌中共检出41型, 鸡、猪和鸭源菌中分别检出11、12和8个型。不同来源菌株间血清型分布关系较密切(表1)。各地区不

同来源菌株的血清型分布也密切相关。北京地区人源菌和鸡、猪、鸭源菌最常见的5种血清型均包括LIO46、8和45, 福建省不同来源菌株中LIO45、20和48均属于优势血清型。提示某些动物带菌与人类弯曲菌病有关。

表1 我国十省市不同来源的301株空肠/结肠弯曲菌血清型分布的比较

位次	人源株			鸡源株			猪源株			鸭源株			羊源株		
	血清型	菌株数	%	血清型	菌株数	%	血清型	菌株数	%	血清型	菌株数	%	血清型	菌株数	%
1	46	13	7.51	46	11	23.40	46	12	24	46	10	35.71	46	2	66.67
2	45	10	5.78	8	3	6.38	8	9	18	20	4	14.29			
3	1:2	9	5.20	48	3	6.38	29	4	8	45	4	14.29			
4	8	7	4.05	59	3	6.38	45	4	8	8	2	7.14			
5	11	7	4.05	12	2	4.26	48	4	8	31	1	3.57			
6	6	6	3.47	17	2	4.26	1:2	3	6	36	1	3.57			
7	9	6	3.47	21	2	4.26	59	3	6	44	1	3.57			
8	57	6	3.47	29	2	4.26	20	2	4	57	1	3.57			
9	44	5	2.89	45	2	4.26	21	2	4						
10	N-1:2*	5	2.89	57	2	4.26	12	1	2						
11	4	4	2.31	44	1	2.13	30	1	2						
12	7	4	2.31				44	1	2						
13	17	4	2.31												
14	20	4	2.31												
15	38	4	2.31												
16	N-3	4	2.31												
	其它	40	23.13												
	P**	14	8.09	P	3	6.38				P	1	3.57			
合计		152	87.86		36	76.60		46	92		25	89.29		2	66.67

* N-1, N-2和N-3为本实验室建立的新血清型; **P (polyagglutinable) 菌株与多型血清凝集;

人源株、鸡源株、猪源株、鸭源株和羊源株不能分型分别为21株(12.14%)、11株(23.40%)、4株(8%)、3株(10.71%)和1株(33.33%)

不同地区弯曲菌血清型分布的差别显著(表2)。生物型和血清型分布之间未见特殊联系。

讨 论

本文301株弯曲菌的生物型分布在十省市之间无明显差别, 与加拿大^[3]、尼日利亚^[4]、法国^[5]、奥地利^[6]及我国上海^[7]菌株的分布类似。可见不同国家和地区的弯曲菌生物型分

布基本相同, 无明显地区差异。因此, 弯曲菌的生物学分型不适于弯曲菌病地区分布特征的研究。

比较人源菌与动物源菌的生物型分布, 我们认为, 我国部分地区人空肠弯曲菌病的主要传染源是鸡; 结肠弯曲菌肠炎主要来源于猪; 鸭和羊在传播人弯曲菌病中也起一定作用。

血清学分型结果表明, 其分型率较高。其

表2 我国十省市173株人源空肠/结肠弯曲菌的血清型分布 (Lior's法)

位次	省 (市)									
	辽宁	郑州	山东	北京	安徽	江苏	江西	福建	吉林	贵州
1	7(16) ^①	1: 2(27.74)	45(18.18)	46(26.32)	6(15.38)	11(29.41)	8(44.44)	45(41.67)	1: 2(25)	4(14.29)
2	44(12)	23(8.76)	46(18.18)	6(7.89)	38(15.38)	17(11.76)	9(11.11)	20(16.67)	5(25)	N-3(9.52)
3	9(8)	39(8.76)	21(18.18)	45(7.89)	8(7.69)	24(11.76)	12(11.11)	12(8.33)	8(25)	20(4.76)
4	36(8)	11(4.35)	8(9.09)	57(7.89)	9(7.69)	1: 2(5.88)	46(11.11)	28(8.33)		22(4.76)
5	59(8)	15(4.35)	60(9.09)	2(5.26)	13(7.69)	4(5.88)	57(11.11)			28(4.76)
6	60(8)	19(4.53)	N-3(9.09)	9(5.26)	20(7.69)	29(5.88)	N-1(11.11)			29(4.76)
7	N-3(8) ^②	28(4.35)		31(5.26)	17(7.69)	41(5.88)				50(4.76)
8	6(4)	30(4.35)		38(5.26)	26(7.69)	48(5.88)				N-1(4.76)
9	21(4)	35(4.35)		44(5.26)	28(7.69)	57(5.88)				N-1,2(4.76)
10	50(4)			8(2.63)		N-1,2(5.88)				
11	53(4)			12(2.63)						
12	57(4)			17(2.63)						
13	N-1(4)									
P ^③	—	21.74	9.09	2.63	—	—	—	16.67	25	19.05
合计 ^④	92	86.96	90.91	84.84	84.62	94.12	100	91.67	100	76.19
UT ^⑤	8	13.04	9.09	13.16	15.38	5.88	—	8.33	—	23.81

①括号内外的数字分别表示血清型和该血清型所占百分比；②N-1、N-2、N-3分别为本实验建立的新血清型；③P即 polgagg'utunable，表示菌株与多型血清发生凝集；④为以上各血清型的合计百分比；⑤UT: untypable，表示用本实验的分型血清不能确定其血清型

中有9株人源菌属于本文建立的新血清型,LIO N-1、N-2和N-3占人源菌的5.20%，可见这3种血清型在我国人群感染中并不少见，但是否为我国所特有，有待进一步研究。动物源菌中未检出这3种新型，可能与标本量较少有关。新型的建立，是对Lior's分型系统的重要补充，将有助于我国弯曲菌病的流行病学研究。

本文的大多数人源株属于10个常见血清型，最多见的5种血清型依次为 LIO46、45、1: 2、8和11，与其它许多国家^[4~6,8~10]菌株的血清型分布明显不同，其中居首位的血清型为许多国家不常见的LIO46。同时发现，本文301株弯曲菌的血清型分布因地区而异。弯曲菌这种血清型分布的显著地区差别，可能导致国家或地区间弯曲菌病流行特征的不同。

尽管不同地区间菌株血清型分布差别显著，但人源菌与鸡、猪和鸭源菌株在血清型分布上联系较为密切，同一地区不同来源菌株间

存在较一致的血清型关系。本文进一步证实，我国鸡、猪是人类弯曲菌病的重要传染源。以往的研究表明，鸭和羊普遍携带弯曲菌，且与人接触较密切。因此我们认为，鸭可能是我国南方人群弯曲菌病的重要传染源之一。如果密切接触，羊亦可能将携带的弯曲菌传播给人。

301株菌株中,复合血清型占5.98%，这可能与某些菌株含有多种不耐热抗原决定簇有关；也有人认为，同一宿主可携带多种血清型的菌株。后者为本文所证实。本文有3株同时自同一弯曲菌胃肠炎患儿粪便中分离的菌株，其中2株为LIO 46，1株用现有的血清则不能分型，表明某些宿主可能同时感染多种血清型的弯曲菌。但由于弯曲菌往往呈迁徙性生长，不易形成单个菌落而获得纯培养，表现为能与两种以上分型血清反应。若在分离培养过程中尽可能分出纯培养，可以减少复合血清型。

同一生物型菌株的血清型可以不同，相同

血清型的菌株可能属于不同的生物型, 即生物型分布与血清型分布之间无特殊联系。

由于本文收集的仅是我国部分省市的弯曲菌菌株, 且标本量有限, 虽能反映我国弯曲菌病的某些分布特征, 但要弄清我国弯曲菌病的流行规律, 尚需进一步对更多地区的菌株进行研究, 从而为该病的防治提供依据。

Distribution of Serotypes and Biotypes of *Campylobacter jejuni/coli* Strains from Ten Provinces/Cities in China *Fu Haiyan, et al., Institute of Epidemiology and Microbiology, Chinese Academy of Preventive Medicine, Beijing*

The Lior's schemes were used for serotyping and biotyping 301 *C. jejuni/coli* strains isolated from different hosts in ten provinces/cities of China. No difference was found between the serotype distributions of the strains isolated from various areas. Forty-one serotypes were detected. Of the isolates, 86.71% were typable and 3 new serotypes, LIO N-1, N-2 and N-3, were developed. The differences were proved among the serotype distributions of the isolates from different areas. It was shown that one host could be infected by two (or more) strains belonging to different serotypes at the same time. No association between a particular biotype and serotype was observed.

Key words *Campylobacter jejuni/coli*
Biotype Serotype

参 考 文 献

1. Skirrow MB, et al. *Campylobacter enteritis*-a

new disease. *Br Med J* 1977; ii: 9.

2. Lior H, et al. Serotyping of *Campylobacter jejuni*: by slide agglutination based on heat-labile antigenic factors. *J Clin Microbiol* 1982; 15: 761.
3. Lior H. et al. New extended biotyping scheme for *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* and *Campylobacter lariidis*. *J Clin Microbiol* 1984; 20: 636.
4. Alabi SA, et al. Biotype and serogroup distribution of *Campylobacter* isolates from children in Nigeria. *J Clin Microbiol* 1986; 24: 856.
5. Megraud F. et al. Serogroups and biotypes of human strains of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated in France. *Eur J Microbiol* 1987; 6: 641.
6. Hirschl AM, et al. Occurrence, serotypes and biotypes of thermophilic campylobacter isolated in Vienna. *Zbl Bakt Hyg* 1987; A266: 94.
7. 孙自捷, 等. 急性腹泻患儿空肠弯曲菌血清学和生物学分型. *中华传染病杂志* 1987; 5: 152.
8. Patton CM, et al. Comparison of Penner and Lior methods for serotyping *Campylobacter* spp. *J Clin Microbiol* 1985; 22: 558.
9. Kaiser B, et al. *Campylobacter* strains in Sweden: serotyping and correlation to clinical symptom. *Acta Pathol Microbiol Immunol Scand* 1985; 93B: 315.
10. Lior H, et al. Serotyping and biotyping of campylobacter: an update. In: Pearson AD, ed. *Campylobacter III*. Public Health Laboratory Service: London, 1985: 217.

(本文得到全国许多省、市卫生防疫站及中国预防医学科学院流研所陈晶晶、王枢群副研究员的大力协助, 谨此致谢)

(1989年11月8日收稿, 1989年12月27日修回)

154月