
研究探明新型耐药基因mcr流行和传播特征

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20085.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究探明新型耐药基因mcr流行和传播特征。

近日，江苏省动物重要疫病与人兽共患病协同创新中心、扬州大学兽医学院教授王志强研究团队与四川省疾病预防控制中心合作，在《感染杂志》（Journal of Infection）发表了最新研究论文。该研究调查了2014年~2017年间多粘菌素耐药基因mcr在四川省临床沙门氏菌株中的流行特征，以及全球mcr-1阳性沙门氏菌的基因组学特征，发现鼠伤寒沙门氏菌的单项变体S. 4,[5],12:i:-为mcr-1基因流行的优势血清型。

细菌耐药性问题是威胁全球的公共卫生和生物安全问题，长久以来威胁着人类健康和畜禽健康。沙门氏菌是重要的食源性致病菌，对畜禽健康和食品安全构成重要威胁。多粘菌素被认为是治疗多重耐药革兰阴性菌感染的最后一道防线。然而，多粘菌素耐药基因mcr在沙门氏菌中的出现，给临床治疗带来了进一步的挑战。了解并探明新型耐药基因mcr在重要病原菌如沙门氏菌中的全球流行和传播特征，对预防耐药菌的发生和遏制mcr基因的传播具有重要意义。

研究团队首先对2014~2017年间临床分离得到的1064株沙门氏菌进行了筛查，确定了10株mcr-1阳性菌和2株mcr-3阳性菌，随后的基因组学研究发现多数mcr阳性沙门氏菌为鼠伤寒沙门氏菌的单项变体S. 4,[5],12:i:-，而这一血清变型正是近年来全球流行的重要血清型。

结合单分子测序和生物信息学分析，发现mcr-1基因多由IncHI2型质粒携带，该类质粒可以携带许多不同耐药基因，使得宿主菌表现出多重耐药的表型。进一步对公共数据库进行数据挖掘，共发现全球有456株mcr-1阳性沙门氏菌。

超过50%的mcr-1阳性沙门氏菌分离自临床，并且2012年之后，mcr-1阳性沙门氏菌流行血清型为S. 4,[5],12:i:-。2017年以后，全球针对粘菌素作为饲料添加剂谨慎管理后，mcr-1阳性沙门氏菌检出数量显著下降。同时，不同血清型的mcr-1阳性沙门氏菌所携带的耐药基因多样性也具有明显差异，相对于其他血清型，S. Typhimurium及其单相变体明显表现出多重耐药；进一步对不同血清

型沙门氏菌进行质粒特征解析，发现质粒分布模式对不同血清型沙门氏菌的耐药表型起到了关键塑造作用。

该研究通过大规模的基因组学分析，重点调查了mcr-1基因在沙门氏菌中的流行分布规律，并发现全球流行的高风险多重耐药鼠伤寒沙门氏菌单相变体S. 4,[5],12:i:-为mcr-1的主要载体，该克隆的传播对公共卫生安全带来了威胁。同时，上述研究也为其它新发耐药基因的流行传播规律研究提供了参考。

扬州大学协同创新中心特聘教授李瑞超、博士研究生彭凯和四川省CDC黄伟峰为并列第一作者，王志强和四川省CDC主任技师杨小蓉为共同通讯作者。该研究由四川省科技厅重大科技专项重大传染病监测预警与应对项目和江苏高校优势学科建设工程资助项目资金支持。研究工作先后获得了国家自然科学基金委国际合作项目和面上项目等资助。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.jinf.2022.08.042>

作者：王志强等 来源：《感染杂志》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发