

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*  
55 (8) :977 - 982; 4 August 2015  
ISSN 0001 - 6209; CN 11 - 1995/Q  
http://journals.im.ac.cn/actamicrocn  
doi:10.13343/j.cnki.wsxb.20140534

## 人苍白杆菌研究进展

刘志国<sup>1,2,3</sup>, 崔步云<sup>4\*</sup>, 夏咸柱<sup>1,5\*</sup>

<sup>1</sup>内蒙古农业大学兽医学院, 内蒙古自治区 呼和浩特 010018

<sup>2</sup>乌兰察布市卫生局, 内蒙古自治区 乌兰察布 012000

<sup>3</sup>乌兰察布市地方病防治中心, 内蒙古自治区 乌兰察布 012000

<sup>4</sup>中国疾控中心传染病预防控制所, 传染病预防控制国家重点实验室, 感染性疾病诊治协同创新中心, 北京 102206

<sup>5</sup>中国人民解放军军事医学科学院军事兽医研究所, 吉林 长春 130062

**摘要:**人苍白杆菌是一种革兰氏阴性杆菌, 通常被认为是一种条件致病菌, 其感染多与机体全身或局部免疫低下有关, 主要引起菌血症、脑膜炎、化脓性感染等疾病。近年, 随着感染范围的扩大和病例数的增加, 目前已成为人类常见的病原菌。由于其临床表现多样化、耐药性较广以及与某些病原有交叉凝集等特点, 致使预防和临床诊疗变得较为复杂。就人苍白杆菌的生物学特性、鉴别诊断、免疫性、耐药性及基因组特征等研究进展予以概述, 为该病的预防、控制和诊疗管理提供参考。

**关键词:**人苍白杆菌, 生物学特性, 鉴别诊断, 免疫性, 基因组特征

**中图分类号:** R37      **文章编号:** 0001-6209(2015)08-0977-06

人苍白杆菌先前被视作低毒的条件致病菌, 是一种可产生氧化酶、过氧化氢酶、非发酵的革兰氏阴性杆菌, 主要感染免疫功能不全的患者<sup>[1]</sup>, 主要引起内置中心静脉导管患者的菌血症和心内膜炎<sup>[2]</sup>。目前, 该菌已在多种样本中被分离, 有关报道指出人苍白杆菌可感染未遭受疾病、免疫功能正常的宿主。人苍白杆菌不仅在表型和遗传进化方面与布鲁氏菌密切相关, 能与布鲁氏菌发生交叉凝集, 更重要的是感染后临床表现与布病极为相似<sup>[3]</sup>。另外, 该菌还具有较强的耐药性, 可对抗多种抗生素。不仅给临床的诊断带来困扰, 在治疗上极为棘手。目前无理想的治疗方案和特效的治疗药物, 主要依赖多种抗生素的联

合应用。人苍白杆菌分布广泛、感染途径较多, 亦无明确的预防控制措施; 单从近年不断增加的病例数来看, 人苍白杆菌已成为人类常见的病原, 应予以重视。对人苍白杆菌的生物学特性、鉴别诊断、免疫性、耐药性及基因组特征等的有关试验及研究内容进行综述, 对了解和认识人苍白杆菌以及采取预防和控制措施均具有重要的现实指导意义。

### 1 分类和来源

人苍白杆菌属布鲁氏菌科、苍白杆菌属细菌。迄今为止,  $\alpha$  变形杆菌门苍白杆菌属包括人苍白杆

**基金项目:** 2013 年内蒙古自治区卫计委医疗卫生科研项目 (201301094)

\* 通信作者。Tel: +86-40-58900768; Fax: +86-40-58900767; E-mail: 夏咸柱, xiaxzh@cae.cn; 崔步云, cuibuyun@icde.cn

**作者简介:** 刘志国 (1985 -), 男, 内蒙古自治区乌兰察布市人, 中级, 博士研究生, 主要研究方向为布病病原分子生物学。E-mail: wlclbzg@126.com

收稿日期: 2014-11-13; 修回日期: 2015-01-14

菌、中间苍白杆菌、假中间苍白杆菌、嗜血苍白杆菌、特瑞特西苍白杆菌 5 个种<sup>[4]</sup>，与产碱杆菌、无色菌、假单胞菌科成员等有较近的亲缘关系；然而，分子分类将苍白杆菌归为  $\alpha$  变形杆菌门亚群，与布鲁氏菌属密切相关，其中中间苍白杆菌与布鲁氏菌属关系最为密切<sup>[5]</sup>。苍白杆菌来源较广，包括水源、土壤、动物、植物、人类，其中人苍白杆菌和中间苍白杆菌分布更为广泛，并与医学相关。本实验室从布病患者的血液样本中分离到 20 余株人苍白杆菌。但由于菌落外形不典型，而常被错误鉴别，忽略其引起的致病作用<sup>[6]</sup>。人苍白杆菌的自然栖息地尚未确定，Holmes 等<sup>[7]</sup>推测人苍白杆菌可能来自于土壤和水源，包括医院的水源。然而，通过研究人苍白杆菌的参考菌株发现，仅有一小部分菌株来源于土壤、水源和医院的医疗器械，大多数的菌株分离自临床标本。

## 2 生物学特性

人苍白杆菌系非发酵、严格需氧、革兰氏阴性杆菌的成员，外形较直或一段略弯，有较强的运动能力；氧化酶阳性、触酶阳性、尿素阳性、硝酸盐还原阳性、动力试验阳性，硫化氢阳性、精氨酸双水解阳性，吲哚阴性；可分解葡萄糖，不水解七叶苷、明胶和 DNA。最适生长温度为 20–37 °C，在布鲁氏菌琼脂上生长良好，菌落光滑、明亮与布鲁氏菌的外观形态极为相似，而中间苍白杆菌菌落不透明。人苍白杆菌是唯一可以在 45 °C 的大豆胨蛋白胨琼脂培养基生长的苍白杆菌。任何一种苍白杆菌均不能在十六烷三甲基溴化铵琼脂生长。在哥伦比亚血琼脂中不溶血，容易在麦康凯培养基上生长<sup>[8]</sup>；不产生色素和周身鞭毛可用作假单胞菌和黄杆菌与人苍白杆菌的鉴别指标；氧化酶阳性反应可以区分与人苍白杆菌分类关系较近的不动杆菌属和黄色单胞菌，进一步区分人苍白杆菌与氧化酶阳性反应的细菌如：无色菌、产碱杆菌属、土壤杆菌属可用 3-酮乳糖、硫化氢产生试验、ONPG 试验、溴化十六烷基三甲铵培养基生长试验、水解尿素和七叶苷<sup>[9]</sup>。本实验室在布鲁氏菌鉴定过程中发现，人苍白杆菌的某些生物学特性与布鲁氏菌极为相似，鉴定时常常混淆。

## 3 致病性

人苍白杆菌先前被认为是低致病性，但有报道

称某些涉及化脓性感染的菌株可能毒力较强<sup>[10]</sup>。大多数苍白杆菌感染由人苍白杆菌引起，而肝脓肿则由中间苍白杆菌引起。目前已知人苍白杆菌可引起菌血症、败血症、脑膜炎、眼内炎等多种病症，其他感染和爆发病例不断增加，不仅引起透析住院患者的菌血症、眼科手术、神经外科手术、器官移植术、瓣膜替换术、白内障手术等术后感染；还可引起脑脓肿、肺炎、脊髓炎、人工瓣膜心内膜炎、化脓性感染，可造成免疫功能正常儿童菌血症，器官移植患者的菌血症、大脑积脓等疾病。Mattos 等<sup>[11]</sup>报道在实施白内障手术后引起了人苍白杆菌性眼内炎的暴发。人苍白杆菌引起骨科感染的病例极为罕见，Saveli 等<sup>[12]</sup>报道了人苍白杆菌脓毒性关节炎。Menezes 等<sup>[13]</sup>报道了人苍白杆菌引起早产婴儿的菌血症。同时，指出人苍白杆菌广泛存在和体内外耐药性的差异，使治疗极为困难，建议对人苍白杆菌的致病机理和临床治疗进行全面的评价。人苍白杆菌不仅可以感染人类，也可引起动物发病，Franci 等<sup>[14]</sup>报道由于人苍白杆菌污染了麻醉药丙泊酚而导致健康犬牙清垢术后的致命性休克。对于人苍白杆菌的致病性不同的报道有不同的观点，但不排除人苍白杆菌存在某些强毒株。因本实验室分离的 20 余株人苍白杆菌都来自于布病（布病试管凝集抗体滴度 1:100 > ++）患者的血样，也未在一份血样中同时获得人苍白杆菌和布鲁氏菌，提示人苍白杆菌有引起感染的可能。

## 4 免疫性

开展人苍白杆菌免疫性研究对于进一步深入研究和开发诊断试剂具有重要的意义。但目前基于人苍白杆菌免疫性研究的资料和数据较为罕见。据本实验室的试验结果显示人苍白杆菌与布鲁氏菌有血清学交叉反应，不仅可与布鲁氏菌的阳性参考血清发生凝集，而且可与布鲁氏菌的 A、M 因子血清发生凝集，甚至某些菌株也可被布鲁氏菌的特异性噬菌体裂解。国外学者 Velasco 等<sup>[15]</sup>对人苍白杆菌的免疫性相关内容进行了研究。指出布鲁氏菌和人苍白杆菌之间存在免疫交叉反应，人苍白杆菌的胞质蛋白与羊布鲁氏菌菌素的功能相似，而且引起迟发型变态反应的频率和强度亦十分相似。黄华等<sup>[16]</sup>对临床分离的人苍白杆菌菌株的部分生物学性状进行

了试验研究,其中免疫试验发现人苍白杆菌外膜蛋白组分对羊布氏杆菌无交叉保护作用,指出人苍白杆菌外膜蛋白组分不能用作预防布氏杆菌的候选疫苗抗原,其他组分是否有效,尚待证实。上述研究和试验进一步证实人苍白杆菌与布鲁氏菌在免疫学方面存在关联,至于二者之间的交叉凝集研究和人苍白杆菌抗体能否对抗布鲁氏菌的攻击等是目前亟待研究和解决的。

## 5 鉴定诊断及基因分型

人苍白杆菌、中间苍白杆菌和布鲁氏菌是一类表型相似、遗传相关性最为密切的人类病原菌,引发疾病的临床症状颇为相似,对该类细菌的鉴别相对较难。Teyssier 等<sup>[17]</sup>对苍白杆菌的分子和表型特征进行了研究。对 35 株临床分离苍白杆菌进行了核糖体分型、形态学和生化分析、药物敏感试验研究。试验表明 16S rDNA 测序可在种的水平上对人苍白杆菌进行鉴别。Scholz 等<sup>[18]</sup>基于 *recA* 基因序列比对, PCR-RFLP、16S rRNA 基因分型方法进行了临床分离人苍白杆菌的种内基因差异研究。38 株人苍白杆菌和 8 株布鲁氏菌被用于试验分析,试验结果显示该方法具有较强的鉴别能力,能明确地鉴别布鲁氏菌属、人苍白杆菌、中间苍白杆菌等,是一种新的可靠的分子分型工具,为人苍白菌属种间、种内水平进行系统发育研究提供了一种新的方法。Scholz 等<sup>[19]</sup>基于 *recA* 建立了多引物 PCR 方法,可在一个反应中同时鉴别人苍白杆菌、中间苍白杆菌和布鲁氏菌,检测下限分别为:100、10、100fg,表明该方法具有较高的敏感性和特异性。本实验室对该方法进行了验证,用 *recA*-PCR 对 20 余株人苍白杆菌、1 株羊布鲁氏菌 16M 和 1 株牛布鲁氏菌 544A 的 DNA 进行了扩增,结果显示该方法具有较强的特异性和实用性,可特异的鉴别人苍白杆菌和布鲁氏菌。Quirino 等<sup>[20]</sup>用 Rep-PCR、MALDI-TOF MS、PFGE 等基因分型方法,对现场分离的 23 株人苍白杆菌进行基因分型分析。指出人苍白杆菌临床分离株间有极高的相似性,同时,指出这些菌株同样具有克隆相关性,上述的分子分型方法不仅可以方便进行流行病学研究,而且能精确的描述评价分离株之间的克隆相关性,相对于表型分型,基因分型技术有准确、快速等优点,将在人苍白杆菌的诊断和预防控制中发挥重要作用。

## 6 误诊

布病与人苍白杆菌感染的互相误诊报道比较多见,尤其是羊种布鲁氏菌极易被错误鉴定为人苍白杆菌。在大多数的临床试验中细菌培养和生化分析是最常用的细菌鉴定方法,而基于培养和生化分析的商用的细菌鉴定系统通常不能正确的鉴别苍白杆菌。Elsaghir 等<sup>[21]</sup>用 API 20NE 细菌鉴定系统将羊种布鲁氏菌错误鉴定为人苍白杆菌,Hubalek 等<sup>[22]</sup>将人苍白杆菌鉴定为中间苍白杆菌,Hagiya 等<sup>[23]</sup>将人苍白杆菌错误鉴定为皮氏罗尔斯顿菌,且鉴定符合率为 99%,并指出 API 20NE 细菌鉴定系统的数据库中人苍白杆菌是苍白杆菌唯一的菌种,不能进行中间苍白杆菌和人苍白杆菌的鉴别。目前,应筛选能够准确、快速进行人苍白杆菌和布鲁氏菌鉴别的主要生化指标以及开展分子生物学鉴别方法等研究,尽可能减少误诊。

## 7 耐药性

人苍白杆菌是一种有较强耐药性的细菌之一,其对  $\beta$ -内酰胺类抗菌药物的耐药性最强,可能与其产 AmpC 酶有关<sup>[24]</sup>。Thoma 等<sup>[25]</sup>用浓度梯度法对 103 株临床分离的人苍白杆菌进行了 19 种相关抗生素的敏感性试验。指出人苍白杆菌对  $\beta$ -内酰胺类抗生素有极强的耐药性,而对盐酸环丙沙星敏感,97.1% (100/103) 的菌株对复方新诺明敏感。曾学辉等<sup>[26]</sup>分析了 231 株人苍白杆菌对 12 种抗菌药物的耐药性情况,指出人苍白杆菌临床分离株对哌拉西林、氨曲南、头孢唑啉、氨苄西林-舒巴坦、哌拉西林-他唑巴坦、头孢噻肟耐药率高,耐药率为 > 90%;对头孢吡肟、厄他培南、亚胺培南、庆大霉素、环丙沙星、美罗培南敏感性较好,耐药率 < 10%,而且随着时间的推移,其耐药率有逐年增加的趋势。作者建议在临床诊疗中应开展和加强人苍白杆菌的耐药监测,在治疗过程中应遵循规范、联合用药的原则,防止耐药或多重感染等的产生。

## 8 基因组特征

开展人苍白杆菌基因组特征研究不仅有助于充

分认识该病原的所有可能抗原,还可对该病原的生理功能、致病性、基因组结构、基因组进化及种群结构等进行全面的了解。Minogue 等<sup>[27]</sup>对人苍白杆菌参考菌株 ATCC 49687 的全基因组进行了分析。指出该菌株的全基因组包含 4630 个编码基因,57 个 tRNA 和 12 个 rRNAs,基因组的 G + C 含量为 56.1%。Chain 等对人苍白杆菌参考菌株 ATCC 49188 基因组进行了研究注释。研究表明该菌基因组含有 2 条染色体和 4 个质粒,染色体 G + C 含量为 56%,有 4424 个蛋白编码基因,有 31 个假基因;73 个结构性 RNAs,包括 rRNA, tRNA 和小 RNA。同时,指出该菌株的 2 条染色体与布鲁氏菌的两条染色体高度相似,但有 1.5 Mb 大小的差异,差异来源于人苍白杆菌获得了新的基因岛,而在布鲁氏菌基因组中该毒力岛已降解。4 个质粒分别为 pOAN01、pOAN02、pOAN03 和 pOAN04。其中 pOAN01、pOAN02 和 pOAN03 具有变形纲质粒的特点,pOAN04 的特点尚不明确,无已知的复制子、分区和接合系统,研究证实 4 个质粒同时存在是苍白杆菌具有感染性的保证。试验结论显示人苍白杆菌的比较基因组学研究不仅有助于了解其毒力机制,还可为采取适当的措施防止其发展成为危险的病原菌提供帮助<sup>[28]</sup>。作者对临床分离的 20 余株人苍白杆菌与布鲁氏菌的 16S rDNA 序列进行了测定,发现两种菌株的 16S rDNA 序列高度相似,相似性 > 98%,而人苍白杆菌临床分离株间的 16S rDNA 一致性为 100%,提示人苍白杆菌 16S rDNA 核苷酸序列高度保守。

## 9 防治措施

人苍白杆菌是一种无处不在的亲水的革兰氏阴性杆菌<sup>[29]</sup>,广泛地分布在周围环境中,包括水源、土壤、植物等。因所致疾病多发于院内感染,在医院的水源、医疗器械、医疗用具等处都有存在。最佳的控制措施是执行严格的无菌操作程序,认真彻底地做好医疗器械和相关医用设备的消毒工作,同时,加强水源污染监测,杜绝人苍白杆菌的感染。

## 10 展望

人苍白杆菌是一种新近发现有较强致病性的微

生物,其与布鲁氏菌有密切的亲缘关系,能与布鲁氏菌发生血清学交叉凝集,能引起与布病相似的症状;相对与布鲁氏菌的毒力和侵袭力,其危害低于羊种布鲁氏菌。但作者以为应该开展人苍白杆菌与布鲁氏菌免疫相关研究,为血清学鉴别诊断奠定基础;同时,利用分子生物学技术进行快速诊断和鉴别诊断,为临床诊疗提供参考。新近的有关研究表明人苍白杆菌及其过滤液可有效抑制各种植物病原体,如真菌菌丝的生长,可作为生物制剂预防茶叶叶枯病<sup>[30]</sup>,提示人苍白杆菌可作为潜在研制布鲁氏菌疫苗的候选菌株。总之,人苍白杆菌既是人类和动物的病原菌,也是潜在的可利用制备的天然生物制品,如能合理的研究利用,将会在布病的预防及微生物制剂领域发挥重要的作用。

## 参考文献

- [1] Mudshingkar SS, Choure AC, Palewar MS, Dohe VB, Kagal AS. *Ochrobactrum anthropi*: an unusual pathogen: are we missing them? *Indian Journal of Medical Microbiology*, 2013, 31 (3) : 306-308.
- [2] Stiakaki E, Galanakis E, Samonis G, Christidou A, Maraka S, Tselentis Y, Kalmanti M. *Ochrobactrum anthropi* bacteremia in pediatric oncology patients. *Pediatric Infectious Disease Journal*, 2002, 21 (1) : 72-74.
- [3] Ozdemir D, Soy pacaci Z, Sahin I, Bicik Z, Sencan I. *Ochrobactrum anthropi* endocarditis and septic shock in a patient with no prosthetic valve or rheumatic heart disease: case report and review of the literature. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 2006, 59 (4) : 264-265.
- [4] 周庭银. 临床微生物学诊断与图解. 第 3 版. 上海:上海科学技术出版社, 2012.
- [5] Velasco J, Bengoechea JA, Brandenburg K, Lindner B, Seydel U, González D, Zähringer U, Moreno E, Moriyón I. *Brucella abortus* and its closest phylogenetic relative, *Ochrobactrum* spp. differ in outer membrane permeability and cationic peptide resistance. *Infection and Immunity*, 2000, 68 (6) : 3210-3218.
- [6] Lebuhn M, Achouak W, Schlöter M, Berge O, Meier H, Barakat M, Hartmann A, Heulin T. Taxonomic characterization of *Ochrobactrum* sp. isolates from soil samples and wheat roots, and description of *Ochrobactrum triticisp* nov. and *Ochrobactrum grignonense* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary*

- Microbiology*, 2000, 50 (6) :2207-2223.
- [7] Holmes B, Popoff M, Kiridjian M, Kersters K. *Ochrobactrum anthropigen* gen. nov. sp. nov. from human clinical specimens and previously known as group vd. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1988, 38 (4) :406-416.
- [8] Teyssier C, Jumas-Bilak E, Marchandin H, Jean-Pierre H, Jeannot JL, Dusart G, Foulongne V, Siméon de Buochberg M. Species identification and molecular epidemiology of bacteria belonging to *Ochrobactrum* genus. *Pathologie Biologie (Paris)*, 2003, 51 (1) :5-12.
- [9] Bathe S, Achouak W, Hartmann A, Heulin T, Schloter M, Leubhn M. Genetic and phenotypic microdiversity of *Ochrobactrum* spp. *Fems Microbiology Ecology*, 2006, 56 (suppl. 2) :272-280.
- [10] Wheen L, Taylor S, Godfrey K. Vertebral osteomyelitis due to *Ochrobactrum anthropi*. *Internal Medicine Journal*, 2002, 32 (8) :426-428.
- [11] Mattos FB, Saraiva FP, Angotti-Neto H, PassosAF. Outbreak of *Ochrobactrum anthropi* endophthalmitis following cataract surgery. *The Journal of Hospital Infection*, 2013, 83 (4) : 337-440.
- [12] Saveli C, Levi M, Koeppe J. *Ochrobactrum anthropi* septic arthritis: case report and implications in orthopedic infections. *Infectious Disease Reports*, 2010, 2 (1) : e2.
- [13] Menezes FG, Abreu MGB, Kawagoe JY, Warth AN, Deutsch A DA, Dornaus MF PS, Martino M DV, Correa L. *Ochrobactrum anthropi* bacteremia in a preterm infant with cystic fibrosis. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2014, 45, (2) : 559-561.
- [14] Franci P, Dotto G, Cattai A, Pasotto D. Lethal septic shock after dental scaling in a healthy dog due to *Ochrobactrum anthropi*-contaminated propofol. *Journal of Small Animal Practice*, 2014. DOI: 10. 1111/jsap. 12284
- [15] Velasco J, Díaz R, Grilló M J, Barberán M, Marín C, Blasco J M, Moriyón I. Antibody and elayed-type hypersensitivity responses to *Ochrobactrum anthropi* cytosolic and outer membrane antigens in infections by smooth and rough *Brucelia* spp. *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology*, 1997, 4 (3) :279-284.
- [16] Huang H, Peng CJ, Li B, Xu CB, Gao GQ, Lu SQ. Study on the partial biological characteristics *Ochrobactrum anthropi* isolated. *Chinese Journal of Laboratory Medicine*, 2005, 28 (10) :1022-1024. ( in chinese ).
- 黄华, 彭常军, 李彬, 徐传彬, 高国全, 陆森泉. 人苍白杆菌分离株部分生物学性状的研究. *中华检验医学杂志*, 2005, 28 (10) :1022-1024.
- [17] Teyssier C, Marchandin H, Jean-Pierre H, Diego I, Darbas H, Jeannot JL, Gouby A, Jumas Bilak E. Molecular and phenotypic features for identification of the opportunistic pathogens *Ochrobactrum* spp.. *Journal of Medical Microbiology*, 2005, 54 (Pt 10) :945-953.
- [18] Scholz HC, Tomaso H, Al Dahouk S, Witt A, Schloter M, Kämpfer P, Falsen E, Neubauer H. Genotyping of *Ochrobactrum anthropi* by *recA*-based comparative sequence, PCR-RFLP, and 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiology Letters*, 2006, 257 (1) :7-16.
- [19] Scholz HC, Pfeffer M, Witte A, Neubauer H, Al Dahouk S, Wernery U, Tomaso H. Specific detection and differentiation of *Ochrobactrum anthropi*, *Ochrobactrum intermedium* and *Brucella* spp. by a multi-primer PCR that targets the *recA* gene. *Journal of Medical Microbiology*, 2008, 57 (Pt 1) :64-71.
- [20] Quirino A, Pulcrano G, Rametti L, Puccio R, Marascio N, Catania MR, Matera G, Liberto MC, Focà A. Typing of *Ochrobactrum anthropi* clinical isolates using automated repetitive extragenic palindromic-polymerase chain reaction DNA fingerprinting and matrix-assisted laser desorption/ionization-time-of-flight mass spectrometry. *Biology Medicin Central Microbiology*, 2014, 14 (1) :74-81.
- [21] Elsaghir AA, James EA. Misidentification of *Brucella melitensis* as *Ochrobactrum anthropi* by API 20NE. *Journal of Medicinal Microbiology*, 2003, 52 (pt 5) :441-442.
- [22] Hub álek Z, Scholz HC, Sedláček I, Melzer F, SanogoYO, Nesvadbová J. Brucellosis of the common vole (*Microtus arvalis*). *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 2007, 7 (4) :679-687.
- [23] HagiyaH, Ohnishi K, Maki M, Watanabe N, Murase T. Clinical Characteristics of *Ochrobactrum anthropi* Bacteremia. *Journal of Clinical Microbiology*, 2013, 51 (4) : 1330-1333.
- [24] ZHou H, Ling LY, Yang Q, Yue YS, CHen YG, Li LJ, ZHEN SS. Study on the antibiotic resistance and AmpC $\beta$ -lactamase of *Ochrobactrum anthropi*. *Chinese Journal of Laboratory Medicine*, 2005, 28 (4) : 378-380. ( in chinese )
- 周华, 凌丽燕, 杨青, 俞云松, 陈亚岗, 李兰娟, 郑树森. 人苍白杆菌耐药性及 AmpC 酶研究. *中华检验医学杂志*. 2005, 28 (4) :378-380.

- [25] Thoma B, Straube E, Scholz HC, Al Dahouk S, Zöller L, Pfeffer M, Neubauer H, Tomaso H. Identification and antimicrobial susceptibilities of *Ochrobactrum* spp. *International Journal Medical Microbiology*, 2009, 299 (3) :209-220.
- [26] Zeng XH, Zeng ZhY. Clinical distribution and antibiotic resistance of 231 strains of *Ochrobactrum anthropi* isolated from blood. *Central South Pharmacy*. 2014, 12 (7) : 714-716. (in chinese)  
曾学辉, 曾正英. 231 例血液感染人苍白杆菌临床分布及耐药性分析. *中南药学*, 2014, 12 (7) : 714-716.
- [27] Minogue TD, Daligault HA, Davenport KW, Bishop-Lilly KA, Bruce DC, Chain PS, Chertkov O, Coyne SR, Freitas T, Frey KG, Jaisle J, Koroleva GI, Ladner JT, Palacios GF, Redden CL, Xu Y, Johnson SL. Complete genome assembly of reference strain *Ochrobactrum anthropi* ATCC 49687. *Genome Announcements*, 2014, 2 (5). pii: e00962-14.
- [28] Chain PS, Lang DM, Comerci DJ, Malfatti SA, Vergez LM, Shin M, Ugalde RA, Garcia E, Tolmasey ME. Genome of *Ochrobactrum anthropi* ATCC 49188T, a versatile opportunistic pathogen and symbiont of several Eukaryotic hosts. *Journal of Bacteriology*, 2011, 193 (16) : 4274-4275.
- [29] Shrishrimal K. Recurrent *Ochrobactrum anthropi* and *Shewanella putrefaciens* bloodstream infection complicating hemodialysis. *Hemodialysis International*, 2012, 16 (1) : 113-115.
- [30] Sowndhararajan K, Marimuthu S, Manian S. Biocontrol potential of phylloplane bacterium *Ochrobactrum anthropi* BMO-111 against blister blight disease of tea. *Journal of Applied Microbiology*, 2013, 114 (1) :209-218.

## Research progress of *Ochrobactrum anthropi* – A review

Zhiguo Liu<sup>1,2,3</sup>, Buyun Cui<sup>4\*</sup>, Xianzhu Xia<sup>1,5\*</sup>

<sup>1</sup>College of Veterinary Medicine, Inner Mongolia Agriculture University, Hohhot 010018, Inner Mongolia Autonomous Region, China

<sup>2</sup>Ulanqab Center for Endemic Disease Control, Ulanqab 012000, Inner Mongolia Autonomous Region, China

<sup>3</sup>Ulanqab Bureau for Health, Ulanqab 012000, Inner Mongolia Autonomous Region, China

<sup>4</sup>State Key Laboratory for Infectious Disease Prevention and Control, Collaborative Innovation Center for Diagnosis and Treatment of Infectious Disease, National Institute of Infectious Diseases Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

<sup>5</sup>Institute of Military Veterinary AMMS, Changchun 130062, Jilin Province, China

**Abstract:** *Ochrobactrum anthropi* is a gram-negative bacillus, usually known as an opportunistic pathogen. Mostly its infection is related with systemic or local lower immunity, and manifested as bacteremia, meningitis, purulent infection. Recently, along with expanded infection, it has become an important human pathogen. The prevention, clinical diagnose and treatment become complicated because varied clinical symptoms increased antibiotic resistance and cross immune reaction with others pathogens. In this review, we summarized the biological characteristics, differential diagnosis, immunity, resistance and genomic characteristics of *Ochrobactrum anthropi*, to provide reference for prevention, control and treatment management of this disease.

**Keywords:** *Ochrobactrum anthropi*, biological characteristics, differential diagnosis, immunity, genome characteristics

(本文责编:张晓丽)

Supported by the 2013 Medical and Health Research Projects of Inner Mongolia Autonomous Region Health and Family Planning Commission (201301094)

\* Corresponding author. Tel: +86-40-58900768; Fax: +86-40-58900767; E-mail: Xianzhu Xia, xiazh@cae.cn; Buyun Cui, cuibuyun@icdc.cn

Received: 13 November 2014 / Revised: 14 January 2015