

泌尿系大肠埃希菌质粒携带特征与耐药表型关联性分析

杨海霞*, 刘紫玲, 孟晓辉#

包头市中心医院检验科, 内蒙古 包头

收稿日期: 2025年11月29日; 录用日期: 2025年12月22日; 发布日期: 2025年12月31日

摘要

目的: 探究泌尿系感染来源的84株大肠埃希菌质粒携带特征, 分析质粒类型与抗菌药物耐药表型的关联性, 为临床耐药防控和抗菌药物选择提供参考。方法: 采用全基因组测序技术鉴定84株大肠埃希菌的质粒类型, 通过BD Phoenix 100微生物全自动鉴定药敏仪检测菌株对6类常用抗菌药物的耐药性, 统计分析质粒携带与耐药表型的关联。结果: 84株大肠埃希菌均携带质粒, 多质粒(≥ 3 个)携带率为89.29% (75/84); 优势质粒类型为IncF家族(85.71%, 72/84)、Col质粒(50%, 42/84)和IncI质粒(17.86%, 15/84)。菌株多重耐药率(75.00%, 63/84); IncF质粒与头孢菌素类、喹诺酮类耐药呈显著正相关(<0.001)。结论: 泌尿系大肠埃希菌IncF家族为优势质粒类型, 不同质粒类型与特定抗菌药物耐药存在靶向关联, 可作为临床耐药防控的重要靶点。

关键词

大肠埃希菌, 质粒, 耐药表型, 泌尿系感染, 抗菌药物

Analysis of the Correlation between Plasmid Carrying Characteristics and Drug Resistance Phenotype of Uropathogenic *Escherichia coli*

Haixia Yang*, Ziling Liu, Xiaohui Meng#

Department of Clinical Laboratory, Baotou Central Hospital, Baotou Inner Mongolia

Received: November 29, 2025; accepted: December 22, 2025; published: December 31, 2025

*第一作者。

#通讯作者。

文章引用: 杨海霞, 刘紫玲, 孟晓辉. 泌尿系大肠埃希菌质粒携带特征与耐药表型关联性分析[J]. 临床个性化医学, 2026, 5(1): 253-257. DOI: 10.12677/jcpm.2026.51037

Abstract

Objective: To explore the plasmid carrying characteristics of 84 strains of *Escherichia coli* from urinary tract infection, and analyze the correlation between plasmid types and antimicrobial resistance phenotype, so as to provide reference for clinical drug resistance prevention and control and antimicrobial drug selection. **Methods:** The plasmid types of 84 strains of *Escherichia coli* were identified by genome-wide sequencing technology, and the drug resistance of the strains to six kinds of commonly used antibacterial drugs was detected by BD Phoenix 100 microbial automatic drug sensitivity analyzer, and the relationship between plasmid carrying and drug resistance phenotype was statistically analyzed. **Results:** 84 strains of *Escherichia coli* all carried plasmids, and the carrying rate of multiple plasmids (≥ 3) was 89.29% (75/84). The dominant plasmid types are IncF family (85.71%, 72/84), Col plasmid (50%, 42/84) and IncI plasmid (17.86%, 15/84). The multidrug resistance rate of the strain was 75.00% (63/84). IncF plasmid was positively correlated with cephalosporins and quinolones resistance (< 0.001). **Conclusion:** IncF family of urinary *Escherichia coli* is the dominant plasmid type, and different plasmid types have targeted correlation with specific antimicrobial resistance, which can be used as an important target for clinical drug resistance prevention and control.

Keywords

Escherichia coli, Plasmid, Drug Resistance Phenotype, Urinary Tract Infection, Antimicrobial Agents

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

泌尿系感染是临床常见感染性疾病, 大肠埃希菌是其首要致病菌, 分离率占 60%~80% [1]。随着抗菌药物的广泛使用, 大肠埃希菌耐药性问题日益突出, 多重耐药菌株检出率逐年上升, 给临床治疗带来挑战。质粒作为细菌染色体外的可移动遗传元件[2], 是耐药基因水平传播的核心载体, 其携带特征与菌株耐药表型密切相关。本研究基于 84 株泌尿系大肠埃希菌的质粒检测数据和药敏结果, 系统分析质粒类型与耐药表型的关联性, 为临床精准用药和耐药防控提供科学依据。

2. 材料与方法

2.1. 研究对象

选取包头市中心医院 2023 年 1 月~2023 年 12 月分离的 84 株泌尿系感染来源大肠埃希菌, 经 BD Phoenix 100 全自动微生物鉴定仪鉴定(可信度 $\geq 99\%$), 临床资料完整, 排除混合感染、重复分离及资料缺失的菌株。

2.2. 主要试剂与仪器

BD Phoenix 100 微生物全自动鉴定药敏仪、BD Phoenix NMIC/ID-9 鉴定药敏复合卡片(含 6 类临床常用抗菌药物)、细菌基因组 DNA 提取试剂盒、Nanodrop 2000 核酸检测仪、Illumina NovaSeq 测序平台。

2.3. 实验方法

2.3.1. 质粒检测

提取菌株基因组 DNA，经纯度、浓度及完整性验证后，采用 Illumina NovaSeq 平台进行全基因组测序(测序深度 $\geq 50\times$)。利用 Prokka 软件进行基因注释，PlasmidFinder2.0 软件预测质粒序列及类型[3][4]。

2.3.2. 耐药表型检测

采用 BD Phoenix 100 微生物全自动鉴定药敏仪检测耐药性，检测药物包括碳青霉烯类(亚胺培南)、氨基糖苷类(阿米卡星)、头孢菌素类(头孢他啶)、喹诺酮类(环丙沙星)、青霉素类(氨苄西林)、磺胺类(复方新诺明)。结果判读遵循 CLSI 2023 年版标准[5]，以大肠埃希菌 ATCC 25922 作为质量控制菌株。

2.4. 统计学方法

采用 SPSS 26.0 软件分析数据，计数资料以例数(率)表示，组间比较用 χ^2 检验；相关性分析用 Spearman 相关系数； $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

3. 结果

3.1. 质粒携带总体情况

84 株大肠埃希菌中，均携带质粒，单质粒携带株占 3 株(3.57%)，多质粒(≥ 3 个)携带 75 株(89.29%)，单株菌株最多携带 9 种不同质粒。优势质粒类型为 IncF 家族，共 72 株(85.71%)，总体质粒携带率为 85.71%，其中 IncFIB (AP001918)占 67.86% (57/84)，IncF 家族携带率显著高于其它类型质粒($P < 0.05$)。

3.2. 质粒类型分布特征

共检测到 8 类质粒，各类质粒携带情况如下：

质粒类型	总体携带情况	主要亚型	亚型携带率(%)
IncF 家族	72/84 (85.71%)	IncFIA	50.00% (42/84)
		IncFIB	69.05% (58/84)
		IncFII	71.43% (60/84)
Col 质粒	42/84 (50.00%)	Co156	39.29% (33/84)
		Col (BS512)	14.29% (12/84)
		Col (MG828)	14.29% (12/84)
IncI 质粒	15/84 (17.86%)	-	-
IncH	15/84 (17.86%)	-	-
IncB/O/K/Z	15/84 (17.86%)	-	-
IncX 质粒	9/84 (10.71%)	-	-
IncY 质粒	12/84 (14.29%)	-	-
IncQ 质粒	3/84 (3.57%)	-	-

3.3. 药敏检测结果

84 株大肠埃希菌对 6 类抗菌药物的耐药情况为：碳青霉烯类：亚胺培南耐药率 0，氨基糖苷类：阿

米卡星耐药率 14.29%，头孢菌素类：头孢他啶 64.29%，喹诺酮类：环丙沙星 75.00%，青霉素类：氨苄西林 100%，磺胺类：复方新诺明耐药率 71.43%。三类抗生素同时耐药的菌株即多重耐药株占 75.00% (63/84)。

3.4. 质粒携带与耐药表型的关联

相关性分析显示，IncF 质粒携带与头孢他啶(头孢菌素类)、环丙沙星(喹诺酮类)呈显著正相关(P 均 < 0.001)。

4. 讨论

本研究基于 84 株泌尿系大肠埃希菌的质粒数据和药敏结果，明确了该群体的质粒携带特征及与耐药表型的关联规律。结果显示，多质粒携带现象普遍，且提示质粒在泌尿系大肠埃希菌中广泛分布，是其遗传多样性的重要来源，本地区质粒携带分析发现 IncF 家族质粒以 85.71% 的携带率成为绝对优势类型，其高携带率可能与该类质粒的高复制效率和强接合转移能力相关，使其更易在大肠埃希菌间传播。其中最占比最高的是 IncFIB 质粒，它是大肠埃希菌中常见的接合性质粒之一，能够携带多种耐药基因(如 blaCTX-M、qnr, sul1, sul2 等)，在耐药性传播中起到关键载体作用，尤其在医院感染和社区获得性感染中具有重要意义[6]。

Col 质粒作为第二大优势质粒，最显著的作用是携带大肠杆菌素合成基因[7][8]，可产生特异性杀伤近缘细菌的蛋白质(大肠杆菌素)，而宿主菌自身因表达免疫蛋白不受影响。这种“杀伤-保护”机制帮助宿主在肠道等复杂菌群环境中占据生存优势，例如抑制不含 Col 质粒的大肠杆菌或沙门氏菌生长。次要功能：携带耐药基因参与抗性传播，部分 Col 质粒可整合磺胺类耐药基因(如 sul2) [9]，通过水平基因转移增强细菌耐药性。例如，临床分离的大肠埃希菌中，Col 质粒与磺胺耐药基因的共现率达 30%~50%，成为耐药性扩散的辅助载体。

本研究的局限性在于样本来源单一，基本上用于测序的标本株均为 ESBL 阳性株，MDR 率，未来需扩大样本量开展多中心研究，以构建更全面的质粒携带与耐药关联数据库。此外，未进行体外质粒接合转移实验，无法直接验证优势质粒的水平传播效率，后续可补充相关实验明确其传播机制。

84 株泌尿系大肠埃希菌多质粒携带普遍，IncF 家族为优势质粒类型。质粒携带与菌株多重耐药密切相关，不同质粒类型与特定抗菌药物耐药存在靶向关联，其中 IncF 质粒主要介导头孢菌素类、喹诺酮类耐药。研究结果为临床抗菌药物选择提供了参考，可通过质粒分型筛查辅助精准用药，同时为耐药防控提供了明确的监测标志物。

声 明

本研究已获得患者的知情同意，不存在泄露患者个人隐私。

基金项目

内蒙古自治区自然科学基金资助项目(2021BS08018)。

参考文献

- [1] Niranjan, V. and Malini, A. (2014) Antimicrobial Resistance Pattern in *Escherichia coli* Causing Urinary Tract Infection among Inpatients. *Indian Journal of Medical Research*, **139**, 945-948.
- [2] Al Mamun, A.A.M., Kissoon, K., Li, Y.G., Hancock, E. and Christie, P.J. (2024) The F Plasmid Conjutome: The Repertoire of *E. coli* Proteins Translocated through an F-Encoded Type IV Secretion System. *mSphere*, **9**, e0035424. <https://doi.org/10.1128/msphere.00354-24>

-
- [3] Carattoli, A. and Hasman, H. (2019) PlasmidFinder and in Silico pMLST: Identification and Typing of Plasmid Replicons in Whole-Genome Sequencing (WGS). In: *Methods in Molecular Biology*, Springer, 285-294. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9877-7_20
 - [4] Carattoli, A., Zankari, E., García-Fernández, A., Voldby Larsen, M., Lund, O., Villa, L., *et al.* (2014) *In Silico* Detection and Typing of Plasmids Using PlasmidFinder and Plasmid Multilocus Sequence Typing. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, **58**, 3895-3903. <https://doi.org/10.1128/aac.02412-14>
 - [5] Wayne, P. (2022) Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI).
 - [6] Rocha-Gracia, R.D.C., Lozano-Zarain, P., Gutierrez Cazarez, Z., *et al.* (2022) IncFIB Plasmids Carrying the Resistance Gene blaCTX-M-15 in ESBL-Producing *Escherichia coli* Clones from Pediatric Patients. *The Journal of Infection in Developing Countries*, **16**, 500-506. <https://doi.org/10.3855/jidc.15080>
 - [7] Riley, M.A. and Gordon, D.M. (1992) A Survey of Col Plasmids in Natural Isolates of *Escherichia coli* and an Investigation into the Stability of Col-Plasmid Lineages. *Journal of General Microbiology*, **138**, 1345-1352. <https://doi.org/10.1099/00221287-138-7-1345>
 - [8] Clewell, D.B., Evenchik, B. and Cranston, J.W. (1972) Direct Inhibition of Col E1 Plasmid DNA Replication in *Escherichia coli* by Rifampicin. *Nature New Biology*, **237**, 29-31. <https://doi.org/10.1038/newbio237029a0>
 - [9] Mitra, S.D., Irshad, P., Anusree, M., Rekha, I., Shailaja, S., Suresh, J., *et al.* (2021) Whole Genome Global Insight of Antibiotic Resistance Gene Repertoire and Virulome of High-Risk Multidrug-Resistant Uropathogenic *Escherichia coli*. *Microbial Pathogenesis*, **161**, Article 105256. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.105256>