

运动马驯养与管理专业办学现状及发展思考

王怀栋,李明,王勇,葛茂悦,芒来
(内蒙古农业大学 职业技术学院,内蒙古 包头 014109)

中图分类号: S821.4

文献标识码: A

文章编号: 1004-7034(2014)10-0055-04

DOI:10.13881/j.cnki.hljxmsy.2014.1110

关键词: 内蒙古; 运动马; 驯养; 专业办学; 人才培养

摘要: 文章从运动马驯养与管理专业的创办入题,分析了创办专业的必要性,阐述了所办专业的指导思想,分析了目前专业存在的问题,提出了创新办学模式、广泛开展国际合作提高办学水平的发展思路和具体措施,旨在为运动马人才培养提供相关依据。

2011年3月24日,国家教育部正式批准内蒙古农业大学建立运动马驯养与管理专业,内蒙古农业大学成为全国第一所由国家教育部批准成立、颁发专科学历的培养现代运动马驯养与管理高级技能人才的学校。

1 创办运动马驯养与管理专业的重要意义

1.1 建设和完善运动马驯养与管理专业,是运动马品种引进、改良、繁育的需要

发展现代运动马产业的前提是马匹,近年来受诸多因素的影响,内蒙古自治区传统马匹品种不断退化,并且日益严重,现存的马匹品种特性已经不适应现代运动马产业的发展需要。为此,内蒙古自治区要发展现代运动马产业,必须从国外引进优良的纯血马、温血马等品种。目前,内蒙古自治区每年从英国、法国、澳大利亚等国家进口价格昂贵的马匹。为此,引进国外优良纯血马、温血马、夸特马等品种进行适应性驯养,以此进行品种繁育改良内蒙古现有品种,建立繁育基地,培养适合内蒙古气候环境特点的新的优良马匹品种,是发展运动马产业的首要因素。因此,建设和完善内蒙古运动马驯养与管理专业,对于运动马品种引进、繁育、改良具有重要意义。

1.2 建设和完善运动马驯养与管理专业,是培养运动马专业高级人才的需要

受国外运动马赛事及国内经济发展的影响,我国运动马赛事如雨后春笋一般在全国各地悄然兴起,对专业人才的需求与日俱增,近10年内专业人才需求约13万人,但目前的从业人员不足1万人,大部分均为马工出身,多数骑师仅有初中文化,高学历的技术及管理人才如教练、骑手、蹄铁师、兽医师尤为紧缺。

从北京奥运会和广州亚运会我国选手的表现来看,我国赛马无论是整体还是个人,与世界强国差距甚远。因此,建设和完善运动马驯养与管理专业,构建人才培养新模式,培养高级运动马技能与管理人才势在必行。

1.3 建设和完善运动马驯养与管理专业,是内蒙古运动马产业迅速发展的需要

目前,内蒙古自治区运动马产业处于传统马产业向现代运动马产业转型时期,现代运动马产业是具有巨大市场前景和巨大经济收益的新兴产业,能带动多层次劳动力就业及育马业、马匹拍卖业、饲草料加工业、物流运输业、皮革加工业、马具服饰加工业、兽药研制生产、赛事组织、运动马福利彩票发行、旅游文化等许多行业产业的发展,具有非常强大的市场生命力,能带来巨大的社会效益与经济效益。因此,建设和完善运动马驯养与管理专业,对于构建现代运动马产业体系,推动产业繁荣和内蒙古经济发展都具有不可替代的作用。

2 建设运动马驯养与管理专业的指导思想及目标

2.1 专业建设的指导思想

内蒙古农业大学开设了运动马驯养与管理专业,是全国第一所培养运动马繁育、驯养和疾病防治等高级实用技能人才的学校。该专业充分发挥内蒙古农业大学教学资源、科研优势,以国际化要求为标准,以市场为导向,以运动马驯养为切入点,以高技能运动马专业应用人才培养为目标,以行业协会为依托,推动马匹品种引进与繁育,探索高级运动马专业应用型人才培养模式,满足社会对优良运动马品种及专业人才的需求,倡导“时尚、运动、健康”的理念,推动内蒙古运动马产业向规范化、可持续化、国际化方向发展。

2.2 专业建设的目标

积极加强与香港赛马会、法国赛马会、国内国际马术俱乐部的合作,引进国际先进的管理模式,创新运行体制,以马匹驯养促进人才培养,以人才培养带

收稿日期: 2013-10-23; 修回日期: 2014-06-29

基金项目: 内蒙古自治区2013年社科规划项目

作者简介: 王怀栋(1971-),男,副教授,硕士,研究方向为农业产业化与现代管理, jiming19750811@163.com.

动马匹驯养,实行双证制度,建成国内领先、符合国际行业要求、与国际广泛合作的高级运动马繁育和驯养基地及高级运动马专业应用型人才培养基地。

1) 建立支撑运动马驯养与管理专业学生开展科学研究,同时培养、提高学生实践操作能力的实训教学平台;2) 建立支撑运动马遗传育种、马匹驯养、饲草料配制、运动马兽医等学科校内共享的教学、科研、实训、实习基地;3) 建立体现内蒙古农业大学办学特色的以“产、学、研”相结合为目标,培养学生开放创新的实训基地;4) 建立符合国际行业规范与行业发展要求,资源共享,共同发展的运动马品种引进、繁育、驯养和专业人才培养基地。

3 运动马驯养与管理专业实训基地建设概况

为实现教学、实训、科研一体化教学,内蒙古农业大学投资500余万元建设了设施较为齐全的运动马驯养与管理专业实训基地。

1) 马厩。按照国际行业要求,建造了标准马厩40间。2) 训练场地。建设基本速度训练场1个,标准障碍赛场地1个,休闲训练场地1个、调教圈8个。3) 马匹福利设施。包括室内马洗澡房、马剪毛房等。4) 马兽医院。按照防疫和诊疗方便的原则,马兽医院的功能室包括消毒室、注射处置室、麻醉室、诊疗室、病房、隔离马房、化验室、器械室、药房、B超室等,配备相应的设备设施。室外安装六柱栏、四柱栏,并配备相应遮阳物。5) 马装蹄室。安装六柱栏保定架,进行马蹄的修护和蹄铁的安装。配备高温炉及装蹄、护蹄工具。6) 马业人才培训中心。主要功能是培养全日制高技能运动马驯养与管理技术专门人才和非学历教育学员。该中心包括教室、教师办公室、学生(学员)宿舍等配套设施。7) 实验室。包括马标本陈列室、马营养分析化验室、马病理实验室、马生理生化分析实验室。8) 饲草料研究生产基地。优质高产苜蓿和羊草示范基地699 683 m²、饲料研究所及加工厂。9) 综合办公区。包括保安值班室、马房经理室、马房值班室、练马师办公室等。10) 功能性建筑。包括鞍具房、饲料加工间、饲料储存间、干草储存加工间等。11) 其他。马具及马匹护理设施设备,马粪、医疗垃圾无害化处理设施。

4 运动马驯养与管理专业招生教学概况

运动马驯养与管理专业是内蒙古农业大学职业技术学院的特色专业之一,也是“十二五”发展规划的重点建设专业。2010年开始招生,到2013年9月份,该专业已经招生四届,第一届毕业生56人已经顺利就业,目前在校生共计93人。

学校聘请香港赛马会的教练、北京天星调良国际马术俱乐部的资深教练教学。制定了教学计划,在校学习期间,学生基本能够掌握马匹饲养、训练、基本骑乘、修蹄和日常疾病的防治,毕业前一年到各地马术

俱乐部实训实习,大部分学生能适应并完成俱乐部相关工作。

5 存在的问题

5.1 社会对该专业认知程度低,招生体制制约招生

在国际上运动马产业已经是发展非常成熟的产业,并成为许多国家的支柱产业,在拓展解决就业渠道、社会慈善和创造利税等方面都起着非常重要的作用。但是,由于我国政策因素,目前现代运动马的活动还只是部分群体的娱乐内容,社会参与度很低。因此,运动马驯养与管理专业的社会认知度也很低,认为该专业“就是喂马的,没出息”,分数高的考生根本不报这个专业,分数低的考生被录取后又转到其他专业学习;另一方面,国家高考招生制度要求只能按照既定的名额通过普通高考招生,学校没有自主招生的权利,既限制了招生的规模,又限制了招收具有特别天赋的少年学员。骑手应该从少年就培养,才有可能成为高级骑手参加高级别的赛事。通过高考录取进来的学生,大都在20岁左右,已经错过了最佳训练年龄,只能进行马房管理、初级教练、修蹄等培养,很难成为行业高端骑手。因此,招生渠道单一,社会民众还不能正确认识专业,限制了招生规模、也制约了特殊人才招录和优势人才的培养。

5.2 教师技能水平尚待提高,学生学习兴趣尚需培养

运动马驯养与管理专业是开放性很强的专业,也是技能要求很强的专业,对师资力量要求很高,没有丰富的实践经验,没有非常熟练的操作技能,没有深厚的理论基础,特别是没有高级别比赛经历,那么在教学过程中,学生会因为教师的苍白无力而对所讲内容索然无味,更无从激发或培养学生足够的学习兴趣,教学效果会受到严重影响。

内蒙古农业大学运动马驯养与管理专业现有专任教师5名,都经过一定时间的专业学习培训,其中有2位教师在法国赛马会培训6个月。但是,由于几位教师教学时间短,没有丰富的实践经验,特别是没有参加过各项专业赛事,因此授课教学能力比较薄弱。学校为提高教学质量,聘任香港赛马会2位教练和北京天星调良国际马术俱乐部3名教练为客座教授,但由于种种原因,他们只是定时来校上课。因此,目前的师资水平、教学效果与专业要求仍有一定差距,特别是高端师资不足,影响了学生的培养质量和就业,进而影响了社会对该专业的信心。

5.3 与境外合作体系不明晰,优势资源难以利用

自该专业创建以来,学校先后与北京天星调良国际马术俱乐部、蒙俊马术俱乐部、邦成马术俱乐部、香港赛马会、马来西亚TAK控股集团、法国赛马会、英国利物浦大学等建立了相关合作关系,并签订了合作意向或备忘录。如香港赛马会捐赠了25匹退役赛马

用于教学;法国赛马会与马来西亚 TAK 控股集团共同为内蒙古农业大学培训了4名学生和3名教师;北京天星调良国际马术俱乐部、蒙俊马术俱乐部、邦成马术俱乐部多次为学生提供实训机会等。

但从目前情况来看,合作效果不尽人意,如香港赛马会捐赠25匹退役赛马之后,为学校培训教师事宜仍未确定;由于学校未能为马来西亚 TAK 控股集团提供足够的育马场地,继续推进深入合作仍需探讨;与英国利物浦大学、英国动物健康基金会的合作依然需要商榷;与北京天星调良国际马术俱乐部的合作止于学生实训锻炼,还未将资格认证体系纳入合作领域。一方面是学校自身办学资源不足,另一方面是外部的优势资源不能被充分利用。因此,理顺合作体制,明晰合作体系,明确利益与职责,是建立良好合作关系的前提。

5.4 教学体系处于摸索阶段,与行业要求尚有差距

运动马驯养与管理专业招生已经四届,虽然制定了教学大纲、教学计划,但由于可参考的行业规范少,没有完全打破传统的教学模式,教材体系不全面,系统性不强;理论与实训课时安排、考核考评体系、技能测试等都处在边摸索边实践边完善的过程之中。因此,构建符合运动马专业特点、行业规范、与国际接轨的教学体系已经迫在眉睫。

6 思路与对策

6.1 加大教师培养力度,建设一支国际化的教师队伍

教师水平的高低直接影响学生的学习效果。改善教师结构、提高技术水平、建立国际化教师队伍是办好运动马驯养与管理专业的首要任务。根据专业发展趋势与要求,按计划选送教师到国内、国外权威机构进行专业培养,必须取得权威机构认可的职业资格证书和从教资格认定,方可回国任教。也可以直接聘用国内、国际知名教练和教师来校长期任教,一方面给学生上课,另一方面培养一批教师,并按照国际专业行业要求,对培养的教师进行资格认证考试,取得相关认证后可继续任教。利用5年时间培养一支专业性强、技术过硬、实践技能高、熟悉掌握国际行业规范、具有现代运动马管理理念的国际化教师队伍。

6.2 拓宽招生渠道,扩大招生规模,全方位培养运动马产业高级人才

积极与各级教育主管部门沟通协调,争取自主招生,招录有特长、有天赋、有培养潜力的学生,培养高端人才。

6.2.1 3+2 联合培养 目前,内蒙古农业大学与呼伦贝尔市鄂温克旗职业中学建立了3+2马术专业培养协议,鄂温克旗职业中学招收的马术班学生学习3年后,直接升入内蒙古农业大学继续深造,毕业后取得内蒙古农业大学毕业证书,第一批41名3+2学员

将于2014年到内蒙古农业大学学习。

6.2.2 俱乐部订单培养 目前,内蒙古自治区乃至全国各地纷纷建立马术俱乐部,据不完全统计,全国大约有1000家马术俱乐部,专业从业人员不足1万人,人才严重短缺是制约我国运动马产业发展的重要瓶颈。为此,内蒙古农业大学应积极与马术俱乐部联系,建立委托培养、订单培养新模式。根据马术俱乐部的要求,由学校负责招生并为之培养,学生毕业后到该俱乐部就业;或由马术俱乐部选派人员,学校按照马术俱乐部的要求进行系统培养学习,学习时间可以灵活掌握,经考核达到行业相关要求后,到马术俱乐部工作。

6.2.3 少年班全程式培养 运动马高级骑手、高端人才必须从少年抓起。从初中学生中选拔热爱马术运动的学生,创建少年全程式封闭特色班,进行专业培养,设置文化课、外语课及专业课,以参加或服务高端比赛为目标,培养能参加国际比赛项目的高级骑手和专业人才。

6.2.4 拓展培养方向,建立现代运动马产业人才培养体系 运动马驯养与管理专业进行马房管理、教练、骑手等培养的同时,积极创建相关运动马产业人才培养,比如马兽医、马匹繁育、赛事组织与管理、马具服装设计与生产等,将内蒙古农业大学建成国内一流、与国际接轨的运动马产业各类人才培养基地。

6.3 改革教育体系,引进国际教育模式,培养与国际接轨的高级人才

在加强教师队伍培养、构建高技能教师队伍的同时,积极选用编撰适合与国际接轨的运动马驯养与管理专业教材。改革教学大纲,制订科学的教学计划,引进国外运动马行业规范与人才培养理念,构建国际化教学模式,采用双语授课。技能锻炼与系统培养并重,培养国际化运动马高端人才。

6.4 加强国际合作,构建科学的合作体系

充分利用国际优势资源,继续推进加强与国际行业协会的广泛合作,建立长期合作伙伴关系,扩大运动马人才培养合作领域,从优良马品种引进与驯养向马匹品种资源保护、优良品种选育拓展;从高级应用型人才向运动马产业与相关行业拓展;从驯养实训基地向马术俱乐部、赛事组织拓展,保持运动马驯养与管理实训基地的生命力,实现可持续发展。

香港赛马会作为教师培养基地和学生实训基地,主要进行实践技能的培养与锻炼;法国赛马会作为学生系统教学基地,主要进行马匹繁育、疾病防治、马匹训练、马房管理、修蹄等系统理论及实训;英国利物浦大学兽医学院和英国动物健康基金会主要作为学生的马医院与动物福利体系的研究。

6.5 创新运行模式,转变办学理念,扩大社会影响,提高社会知名度

目前,由于运动马驯养与管理专业的专业特点,导致办学成本过高,学校不得不从其他方面挤出经费来补充该专业的经费不足。为适应社会运动马产业发展,应尽快改变运动马驯养与管理基地的运行模式,采取俱乐部实体运行,对内是运动马驯养与管理教学实训基地,对外是运动马驯养与管理俱乐部。积极培养优秀学员,组织参加全国相关比赛,或带领学员团队,到比赛现场进行表演;邀请友好俱乐部来学校进行联合表演或比赛;广泛发展会员,组织会员开展相关活动;积极争取电视网络媒体的宣传报道,扩大社会影响,提高社会知名度。

6.6 积极筹集资金,改善基础设施,建设现代化教学实训基地

学校积极争取国家科技部、教育部、自治区项目投资,引进企业联合办学,或发展会员,以解决资金不足等问题,加大资金投入力度,改善基础设施,建设完善的现代运动马驯养与管理基地。

1) 引进优良种马,目前基地需要继续引进国内、国外良种马匹,如速度赛、障碍赛、盛装舞步、轻驾马车、耐力赛的种马,进行马匹品种改良与繁育,建立品种齐全、品质优良的现代运动马繁育基地。2) 完善基础设施建设,改造运动马驯养与管理实训基地的比赛场地,达到相关赛事比赛要求;建造一个占地面积为 5 000 m² 左右的室内训练馆及相关配套设施,改善马匹训练环境。3) 建设牧草生产基地,实现马匹草料的自给自足,确保草料的质量与科学饲养,同时探索建设商品牧草生产加工基地,为国内运动马提供优质牧草。4) 购置马匹医疗保健专业仪器设备,马匹驯养及调教所需的相应马具、设备;购置马匹训练设施,如大型移动 X 光机、大型手术台、自动遛马机、马匹专用运输车、马匹训练指标检测机等,满足运动马福利需求,为马匹调教及训练提供更好的条件。

(004)

禽病原性大肠杆菌致病因子的研究进展

刘静¹, 陈祥², 徐亚亚¹, 卢炜¹, 高崧³

(1. 江苏农牧科技职业学院, 江苏 泰州 225300; 2. 扬州大学 江苏省人兽共患病学重点实验室, 江苏 扬州 225009; 3. 扬州大学 农业部畜禽传染病学重点开放实验室, 江苏 扬州 225009)

中图分类号: S852.61⁺2

文献标识码: A

文章编号: 1004-7034(2014)10-0058-04

禽大肠杆菌病是指部分或全部由禽病原性大肠杆菌(APEC)所引起的局部或全身性感染的疾病,可以引起胚胎死亡、脐炎、败血症、肉芽肿、卵黄性腹膜炎、全眼球炎、气囊病、禽蜂窝织炎、肿头综合征、腹膜炎、输卵管炎、滑膜炎、卵黄囊感染等一系列病症^[1-2],是 2~12 周龄鸡和火鸡的一种常见传染病,给养禽业造成了严重的经济损失。禽病原性大肠杆菌的优势血清型为 O₁:K₁、O₂:K₁ 和 O₇₈:K₈₀,与其致病相关的毒力因子已相继报道,如脂多糖复合物、荚膜、黏附素、温度敏感性血凝素、铁摄取系统、外膜蛋白、毒素、AGI-3 基因组岛、侵袭素 IbeA、Pst 系统、大肠杆菌素等^[3]。本文对这些致病因子的最新研究进展综述如下。

1 禽病原性大肠杆菌的血清型

大肠杆菌主要有 O、K、H、F 4 种抗原,它们是其血清型鉴定的物质基础。迄今,已确定的大肠杆菌 O 抗原有 173 种, K 抗原有 80 种, H 抗原有 56 种, F 抗

原不少于 17 种。O 抗原(菌体抗原)是光滑型细菌溶解后释放出来的内毒素,其化学组成是多糖-磷脂复合物。K 抗原(荚膜抗原)是含有 2% 还原糖的聚合酸,存在于细菌表面,能干扰 O 凝集反应。根据 K 抗原的热稳定性,可将其分为 L、A、B 3 种。H 抗原(鞭毛抗原)在大肠杆菌分离株的鉴定中不常用,与细菌致病力无相关性。F 抗原(菌毛抗原)与细菌对细胞的黏附作用有关。根据 F 抗原对红细胞的凝集作用能否被甘露糖抑制,可将 F 抗原划分为甘露糖敏感血凝(MSHA)型和甘露糖耐受血凝(MRHA)型。

O 血清型以 O₁、O₂ 和 O₇₈ 最为常见。20 世纪 90 年代,高崧等^[2]从临床诊断上有典型大肠杆菌病变的 1 051 羽病禽所采集的病料中分离鉴定出 595 株大肠杆菌。经 O 血清型测定,除 144 株未能定型、11 株自凝外,共鉴定出 440 株 O 血清型。这些分离株覆盖了 60 种血清型,但以 O₁₈、O₇₈、O₂、O₈₈、O₁₁、O₂₆、O₄、O₁、O₁₂₇ 和 O₁₃₁ 等 10 种血清型为主,共 264 株,占定型菌株的 60%;前 6 种血清型在种类上只占定型菌株血清型总数的 10%,却拥有 204 株分离株,占定型菌株的 46.36%,可以认定 O₁₈、O₇₈、O₂、O₈₈、

收稿日期: 2013-12-17; 修回日期: 2014-07-04

作者简介: 刘静(1982-),男,讲师,硕士,研究方向为预防兽医学, ydliujing@sina.com.

O₁₁和O₂₆这6种血清型为优势血清型^[2]。值得注意的是,O₁₈作为禽病原性大肠杆菌新的优势血清型在西班牙和中国是同时出现的^[2-3]。

2 荚膜

K抗原存在于被膜或荚膜中,个别位于菌毛中,与细菌的致病性有关,荚膜的化学组成因细菌的种属不同而不同。在大肠杆菌中,至少发现了80种荚膜抗原,其中K₁、K₂、K₃、K₅、K₁₂及K₁₃常与致病性大肠杆菌相关联。荚膜多糖是大肠杆菌引起肠道外感染的重要致病因素。禽病原性大肠杆菌之所以能够抵抗免疫防御系统与K₁抗原有关。在抵抗血清杀菌作用中,拥有K₁抗原的禽病原性大肠杆菌菌株比表达其他K抗原的菌株能力更强。

3 脂多糖

大肠杆菌O抗原是细菌溶解后释放的内毒素,是一种耐热菌体抗原,它的抗原特异性决定于其脂多糖(LPS)的侧链多糖结构,当S型(光滑型)菌体丢失该部分结构时,即变成粗糙型(R型)菌,O抗原也随之丢失,这种菌株无法进行分型鉴定。每株菌株只含有一种O抗原,其种类以阿拉伯数字表示,由于O抗原本身的复杂性,某些菌株的O抗原之间存在一定的交叉反应,需通过试管凝集试验加以判定。据报道,至今已发现大肠杆菌有170多种不同的抗原^[4]。

4 黏附素(1型菌毛、P菌毛)

1型菌毛不仅存在于禽病原性大肠杆菌中,而且普遍存在于尿道致病性大肠杆菌(UPEC)、肠出血性大肠杆菌(EHEC)及大多数非致病性大肠杆菌中。1型菌毛主要由亚单位FimA(PilA)及相关辅助亚单位如FimF、FimG、FimH构成,可吸附多种动物的红细胞、酵母细胞及其他细胞,具有甘露糖敏感血凝特性,因而又称为甘露糖敏感血凝特性菌毛。禽病原性大肠杆菌1型菌毛的血凝谱较窄,仅能凝集豚鼠、鸡、鸭、犬的红细胞,血凝特性也不完全相同,对豚鼠红细胞、鸡红细胞表现为完全强凝集,且凝集速度较快,而对鸭和犬的红细胞表现为不完全弱凝集,凝集速度慢。P菌毛的血凝性对甘露糖不敏感,因此称为甘露糖耐受血凝菌毛。和1型菌毛相似,P菌毛也是由一个短的、柔软的顶端菌毛连着一个粗的棒状结构组成的复合细胞器。P菌毛由pap操纵子编码,该操纵子带有papA、papB、papC、papD、papE、papF、papG、papH、papI 9种基因,编码10种多肽。P菌毛按照血清型分类至少有10种,依次为F7~F16,这是根据主要亚单位和PapG的抗原差异而分类的。K. Denich对3个来源不同的人源大肠杆菌P菌毛papA基因进行序列测定,结果表明,papA开放阅读框架为560~566 bp,3个序列的同源性达80%以上,基因两端部分高度保守,基因所编码的信号肽也基本一样。人源

与鸡源大肠杆菌P菌毛之间存在一定的共同抗原。

5 温度敏感性血凝素

1994年,温度敏感性血凝素(Tsh)首先发现于O₇₈禽病原性大肠杆菌菌株χ7122中。低温时(26~30℃)Tsh易表达,在26℃时表达最好,而在42℃时表达受到抑制,Tsh为丝氨酸蛋白酶,是蛋白转运家族中的一个成员,纯化的Tsh能够黏附红细胞、血色素、外膜基质纤维连接蛋白及IV胶原。像大多数其他编码转运蛋白的基因一样,tsh基因位于大的质粒上,经常在ColV质粒上,tsh基因紧靠大肠杆菌素(colicin)V基因,Tsh可能与禽病原性大肠杆菌的铁摄取能力相关,也可能起着黏附作用。Tsh在禽病原性大肠杆菌早期感染中发挥作用,特别是在气囊损伤中,但在深部组织的持续感染中是不需要的。

6 铁摄取系统

细菌生长需要的铁浓度为 1×10^{-6} mol/L,而正常体液中铁的浓度只有 1×10^{-18} mol/L,细菌具有特殊的铁转运系统,使之在环境中获得所需要的铁。许多细菌都具备从宿主获取铁的能力,这种能力的大小亦决定着细菌的致病性。大肠杆菌摄取铁的机制有两种:即产生铁结合性复合物和溶血素。禽病原性大肠杆菌较少产生溶血素,多产生铁结合性复合物。这种复合物又称siderophore,可分为二种:一种是气杆菌素(hydroxamate),为含1个或多个氧化型肽键的复合蛋白;另一种是肠菌素(phenolate),为含1个或多个2,3-二羟基苯团的复合物。

6.1 气杆菌素

气杆菌素为一种低分子质量的复合物,由5个基因编码,它们处于一个操纵子中,其中iucA、iucB、iucC和iucD这4个基因参与气杆菌素的合成,第5个基因iutA编码一种膜受体。气杆菌素的操纵子大多在ColV质粒上,这些质粒至少有80 kb。携带ColV质粒的大肠杆菌存在铁摄取系统,它控制气杆菌素的合成,当培养基中铁充足时,其合成减少95%,当培养基中加入螯合剂如2,2'-dipyridyl或三醋酸胺时,由于铁缺乏则合成增加,细菌生长则不受影响。

6.2 铁系统

研究发现,在肠炎沙门菌iroA位置上,有2个操纵子,即iroN和iroBCDE。iroN被认为是苯磷二酚铁结合性复合物的受体。iroN的表达是通过铁摄取系统来调控的,大肠杆菌在人的尿道、体液和血液中可使iroN的表达增强。T. A. Russo等人认为,iroN可增强大肠杆菌苯磷二酚铁结合性复合物——肠菌素的铁摄取能力。

6.3 耶尔森菌强毒力岛

另一种铁摄取系统——耶尔森菌素得到了证实,编码它的基因被称作强毒力岛(HPI)。最近的一些研究表明,几乎所有的O₇₈和O₂菌株都含有irp2和

fyuA,它们是强毒力岛很关键的2个基因。强毒力岛最早发现于耶尔森菌属,与小鼠致死表型密切相关,被命名为强毒力岛。S. Schubert 研究发现,一些大肠杆菌菌株也携带有强毒力岛,且 irp2、fyuA 与耶尔森菌几乎相同,这提示强毒力岛可在鼠疫耶尔森菌和致病性大肠杆菌之间水平传播。致病性耶尔森菌的突出特性之一就是称为 Ybt 的铁载体从宿主摄取铁,这也被认为是强毒力岛的主要功能。

7 毒素

禽病原性大肠杆菌可产生 Vero 细胞毒素、不耐热肠毒素、空泡形成毒素等。但是对它们各自的蛋白及基因的研究并不透彻,到目前为止,它们在致病性中扮演何种角色也没有得到证实。

7.1 肠毒素和 Vero 细胞毒素

D. A. Emery 等人证明,从大肠杆菌性败血症的鸡和火鸡中分离的大肠杆菌可产生热敏肠毒素 (LT) 和 Vero 细胞毒素 (VT)。5.7% (24/420) 的火鸡分离株和 7.5% (6/80) 的鸡分离株产生 LT,对 Vero 细胞和 Y-1 细胞都有细胞毒作用。用细菌裂解液接种细胞后 12 小时,细胞出现病变,48 小时 50% 的细胞死亡。同时还发现,22.5% (18/80) 的鸡分离株和 11.4% (48/420) 的火鸡分离株只产生 Vero 细胞毒素。

7.2 空泡形成毒素

禽病原性大肠杆菌可产生一种细胞毒素——空泡形成毒素 (Vat),该毒素和幽门螺旋杆菌的幽门空泡形成毒素 (VacA) 相似,位于禽病原性大肠杆菌和幽门螺旋杆菌表面的这种细胞毒素对靶细胞造成的病变在形态上很相似,它们在热不稳定性及对蛋白水解酶敏感性方面也相似。Vat 毒素分子质量约为 148.3 ku,为典型的肠杆菌丝氨酸蛋白酶自转运系统,它拥有 3 个结构域:1) 在 N 端有 55 个氨基酸的信号肽序列;2) 分泌 111.8 ku 成熟蛋白的结构域,它包含修饰的丝氨酸蛋白酶位点 (ATSGSG);3) C 端为 30.5 ku 的外膜蛋白转运位置,使成熟蛋白运送到细胞表面。通过氨基酸比较,空泡形成毒素与肠杆菌其他丝氨酸蛋白酶自转运系统的同源性分别为 78% (Tsh)、47% (Pic)、45% (SepA)、36% (EspP)、36% (Sat) 和 35% (Pet)。在鸡的呼吸系统和蜂窝织炎感染模型中,Ec222 的 Vat 缺失株没表现出任何毒力,说明 Vat 可能是禽病原性大肠杆菌的一个重要致病因子。

8 外膜蛋白

外膜蛋白 (Omps) 是革兰阴性菌细胞壁中所特有的结构,也是细菌的一种致病因子。外膜蛋白型 (Omp 型) 由主要 Omps 及其差异决定。主要 Omps 的亚单位在 SDS-PAGE 中的相对分子质量为 30 000~40 000。相对分子质量由大到小的顺序是

微孔蛋白、K 蛋白、热修饰蛋白和质粒编码蛋白 (PCP) 等,除 PCP 外,主要 Omps 为染色体编码。因此,主要 Omps 条带的多少及其迁移率的差异,也间接反映分离株染色体上外膜蛋白编码基因的差异。Omp 具有较强的免疫原性,可加快巨噬细胞对抗原的摄取,不仅刺激机体的体液免疫,还对细胞免疫有刺激作用,并可抵抗同源菌和异源菌的攻击。细菌 OmpF 和铁调节蛋白可以增强吞噬细胞对抗原的摄取及淋巴细胞的增殖能力。用大肠杆菌 (O₇₈:K₈₀:H₉) 的铁调节蛋白免疫兔子获得的抗血清免疫 18 日龄火鸡 2 h 后能抵抗通过呼吸道接种的同型大肠杆菌的攻击。这表明 Omp 的抗体具有被动免疫保护作用。不同血清型大肠杆菌的 Omp 存在共同的免疫成分,提纯的 Omp 和基因工程表达蛋白的免疫作用相同。

9 大肠杆菌素

某些具有 ColV 质粒的菌株能产生 colicin V,与鸡大肠杆菌致病力的关系密切。在禽病原性大肠杆菌致病过程中, colicin V 不直接发挥致病作用,同源携带 ColV 质粒,但 colicin V 合成基因因插入氨苄西林转座子 Tn1 引起插入失活,从而抑制 colicin V 的合成,这种菌株对小白鼠的致病力仍比 ColV⁻菌强,表明 colicin V 的产生并非致病力增加必不可少的因素。但产生 colicin V 的菌株存在 ColV 质粒,该质粒可显著提高细菌的毒力。在禽大肠杆菌分离株中,产 colicin 的菌株往往致病力较强,且以产生 colicin V 为多。国内分离株有 64.7% 的菌株产生 colicin,大多数禽病原性大肠杆菌可产生 colicin。对来自西班牙的禽病原性大肠杆菌的研究发现, colicin 对其致病性作用最大。

10 一些新的大肠杆菌致病因子

10.1 TraT

大肠杆菌中由质粒编码的外膜蛋白在其致病过程中起重要作用。如 traT 基因编码菌体外膜的脂蛋白 (TraT 蛋白),相对分子质量为 23 709,位于外膜外侧。TraT 蛋白与菌体的补体抗性和致病力关系密切,使血浆中补体和其他杀菌因子不能直接作用于菌体,使细菌表现出补体抗性。TraT 蛋白可增强细菌对血清中补体裂解活性的抗性,从而使细菌的侵袭力加强,但其作用机制还不十分清楚。

10.2 Iss

Iss 基因存在于 ColV 质粒上,Iss 基因编码的 Iss 蛋白属于外膜蛋白的一部分,与细菌抗补体作用有关,可增强大肠杆菌血清抗性^[5-7]。已有研究证实,Iss 基因的表达与哺乳动物大肠杆菌的补体抗性和毒力有关,但关于 Iss 基因与鸡大肠杆菌毒力的相关性还需要进一步研究。M. Mellata 等^[8] 研究发现,在禽病原性大肠杆菌 χ 7122 株的血清耐受中,Iss 基因并

不起主要作用。

10.3 AGI-3 基因组岛

从禽病原性大肠杆菌 BEN2908 株分离到一个新的基因组岛 AGI-3, 通过全基因序列测定和结构分析, 该基因组岛插在 *selC* 基因位置, 全长 49 600 bp, 两侧含有可移动成分(噬菌体相关的整合酶基因、转座酶基因、同向重复序列)。AGI-3 基因组岛的 5 个结构域呈镶嵌式分布, 一些结构域已经出现在其他种类大肠杆菌和肠杆菌中。第一个结构域的 *aec-35*、*aec-36*、*aec-37* 基因编码碳水化合物相关蛋白, 该基因簇与 *selC* 密切相关(97%), 通过缺失 *aec-35*、*aec-36*、*aec-37* 基因发现 BEN2908 突变株生长速率减慢, 对鸡的致病力明显下降, 说明 AGI-3 是禽病原性大肠杆菌的一个新的致病因子^[9]。

10.4 侵袭素 *ibeA*

侵袭素 *ibeA* 基因为新生儿脑膜炎大肠杆菌的一个致病基因, 通过对 213 株禽病原性大肠杆菌和 55 株无致病性大肠杆菌的 *ibeA* 基因进行检测, 有 53 株大肠杆菌 *ibeA*⁺, 它们全部来自禽病原性大肠杆菌中 ($P < 0.01$), *ibeA* 与禽病原性大肠杆菌密切相关。*ibeA*⁺ 菌株的血清型主要为 O₁₈、O₈₈ 和 O₂, 仅有 1 株为 O₇₈。通过构建禽病原性大肠杆菌 BEN2908 的 *ibeA* 突变株, 对 3 周龄鸡进行致病性评价, 发现 *ibeA* 突变株的毒力下降, 同时 *ibeA* 突变株对脑微血管上皮细胞的侵袭力显著降低。这些结果表明在部分禽病原性大肠杆菌中, *ibeA* 是一个重要的致病因子^[10]。

11 与其他致病因子的相互作用

禽大肠杆菌病的发生往往存在一些诱因, 与某些传染性致病因子间协同致病较为常见。早在 20 世纪 60 年代, W. B. Gross^[11] 研究发现, 感染新城疫病毒 (NDV) 后, 能诱发鸡大肠杆菌病。低致病性禽流感病毒 (MPAIV) 在实验室人工感染易感鸡, 低致病性禽流感的死亡率很低或根本不死亡, 但在现场却可引起易感鸡特别是肉鸡出现较高的死亡率, 甚至成年蛋鸡也会出现散发性死亡, 而且常与大肠杆菌病并发。这一结果说明, MPAIV 与禽病原性大肠杆菌间存在较强的致病协同作用, 也在一定程度上解释了 MPAIV 在现场会产生较高死亡率这一现象。实际上, 除上述病毒、支原体外, 其他病毒、细菌及寄生虫感染所造成的黏膜损伤, 可增加家禽对大肠杆菌的易感性。此外, 单核吞噬细胞系统受到损害(如病毒感染、毒素、营养缺乏)、免疫抑制、鸡群拥挤、通风不良、水源污染、氨浓度过高等均可促使大肠杆菌病的

发生。因此, 在预防和控制禽大肠杆菌病方面, 消除其诱发因素, 往往比控制禽大肠杆菌病本身更为重要。然而, 关于禽病原性大肠杆菌引起侵入性感染的机理还不十分清楚^[12]。尽管最近一段时期证实了一些致病相关因子, 但是由于某些原因, 它们的致病机理仍不能阐述清楚。首先, 在研究中使用了具有不同基因序列的菌株, 基于这个原因, 把它们的结果拿来比较是不可取的。其次, 这些不同的菌株用于不同的动物感染模型。第三, 至今, 这些致病相关基因的证实只是基于体外试验或对少许禽病原性大肠杆菌病例的流行病学调查。

参考文献:

- [1] CALNEK B W. 禽病学[M]. 10 版. 高福, 苏敬良, 译. 北京: 中国农业出版社, 1999.
- [2] 高崧, 刘秀梵, 张如宽, 等. 我国部分地区禽病原性大肠杆菌的分离与鉴定[J]. 畜牧兽医学报, 1999, 30(2): 164-171.
- [3] BLANCO J E, BLANCO M, MORA A, et al. Serotypes of *Escherichia coli* isolated from septicemic chickens in Galicia (northwest Spain) [J]. *Vet Microbiol*, 1998, 61(3): 229-235.
- [4] HEINRICHS D E, YETHON J A, WHITFIELD C. Molecular basis for structural diversity in the core regions of the lipopolysaccharides of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica* [J]. *Mol Microbiol*, 1998, 30(2): 221-232.
- [5] JOHNSON T J, GIDDINGS C W, HORNE S M, et al. Location of increased serum survival gene and selected virulence traits on a conjugative R plasmid in an avian *Escherichia coli* isolate [J]. *Avian Dis*, 2002, 46(2): 342-352.
- [6] NOLAN L K, GIDDINGS C W, HORNE S M, et al. Complement resistance as determined by viable count and flow cytometric methods, and its association with the presence of *iss* and the virulence of avian *Escherichia coli* [J]. *Avian Dis*, 2002, 46(2): 386-392.
- [7] DOETKOTT D M, NOLAN L K, GIDDINGS C W, et al. Large plasmids of avian *Escherichia coli* isolates [J]. *Avian Dis*, 1996, 40(4): 927-930.
- [8] MELLATA M, DHO- MOULIN M, DOZOIS C M, et al. Role of virulence factors in resistance of avian pathogenic *Escherichia coli* to serum and pathogenicity [J]. *Infect Immun*, 2003, 71(1): 536-540.
- [9] CHOUKHA I, GERMON P, BREE A, et al. A *selC*-associated genomic island of the extraintestinal avian pathogenic *Escherichia coli* strain BEN2908 is involved in carbohydrate uptake and virulence [J]. *J Bacteriol*, 2006, 188(3): 977-987.
- [10] GERMON P, CHEN Y H, HE L N, et al. *IbeA*, a virulence factor of avian pathogenic *Escherichia coli* [J]. *Microbiol*, 2005, 151(Pt 14): 1179-1186.
- [11] GROSS W B. The development of "air sac disease" [J]. *Avian Dis*, 1961, 5(4): 431-439.
- [12] DOZOIS C M, CURTISS R. Pathogenic diversity of *Escherichia coli* and the emergence of 'exotic' islands in the gene stream [J]. *Vet Res*, 1999, 30(2/3): 157-179.

(004)