



# 全球病毒组介导沙门氏菌毒力基因传播 和宿主反馈机制

余恬静<sup>1</sup>, 谭德猛<sup>2</sup>, Jose Luis Balcazar<sup>3\*</sup>, Ville-Petri Friman<sup>4</sup>,  
王丹蕊<sup>1</sup>, 朱冬<sup>5</sup>, 叶茂<sup>6</sup>, 孙明明<sup>1\*</sup>,  
苑书建<sup>1</sup>, 胡锋<sup>1</sup>

<sup>1</sup>江苏省沿海盐土资源利用与生态保护重点实验室,  
南京农业大学土壤生态实验室

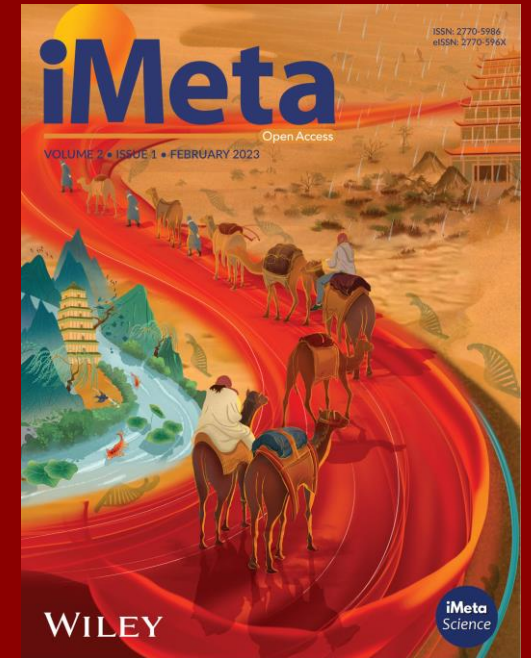
<sup>2</sup>复旦大学附属上海市公共卫生临床中心

<sup>3</sup>加泰罗尼亚水研究所 (ICRA)

<sup>4</sup>赫尔辛基大学微生物学系

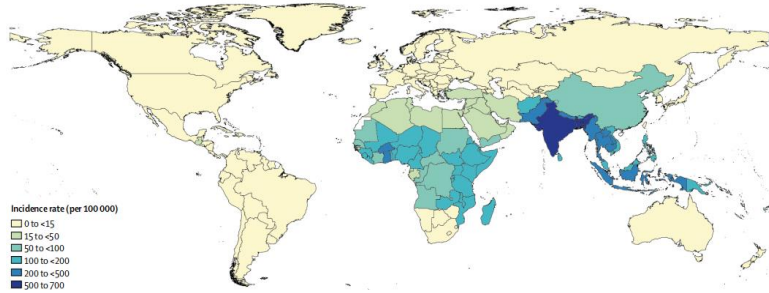
<sup>5</sup>中国科学院宁波城市环境观测研究站, 浙江省城市环境过程与污染控制重点实验室

<sup>6</sup>中国科学院土壤研究所, 国家土壤养分管理与污染修复工程技术研究中心



She, Tianjing, Demeng Tan, Jose Luis Balcazar, Ville-Petri Friman, Danrui Wang, Dong Zhu, Mao Ye, Mingming Sun, Shujian Yuan, and Feng Hu. 2025. "Phage-Mediated Horizontal Transfer of *Salmonella enterica* Virulence Genes with Regulatory Feedback From the Host." *iMeta* 4: e70042. <https://doi.org/10.1002/imt2.70042>

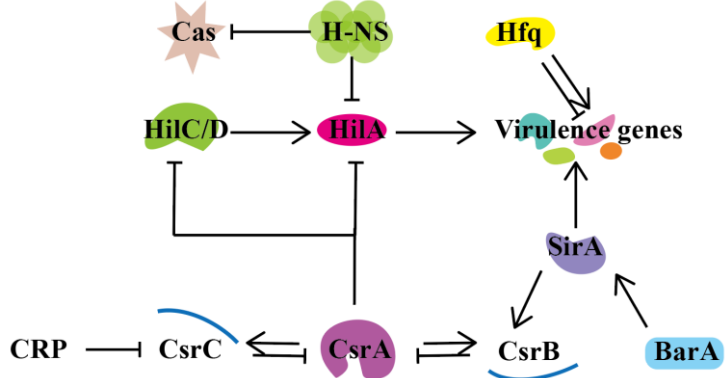
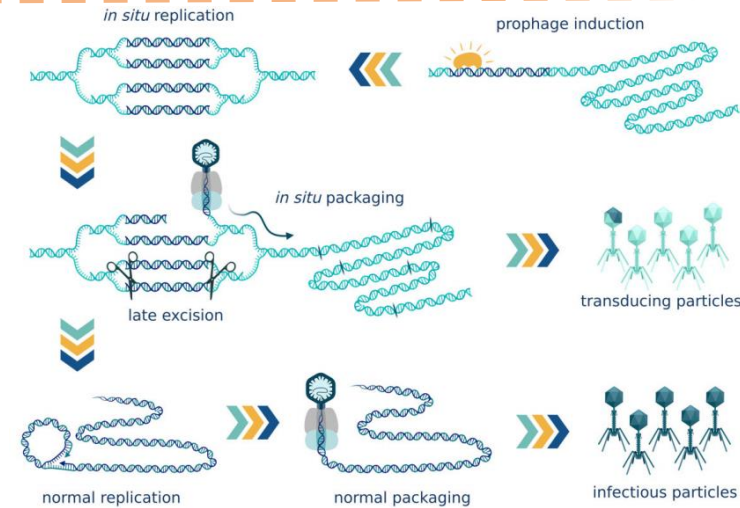
# 简介



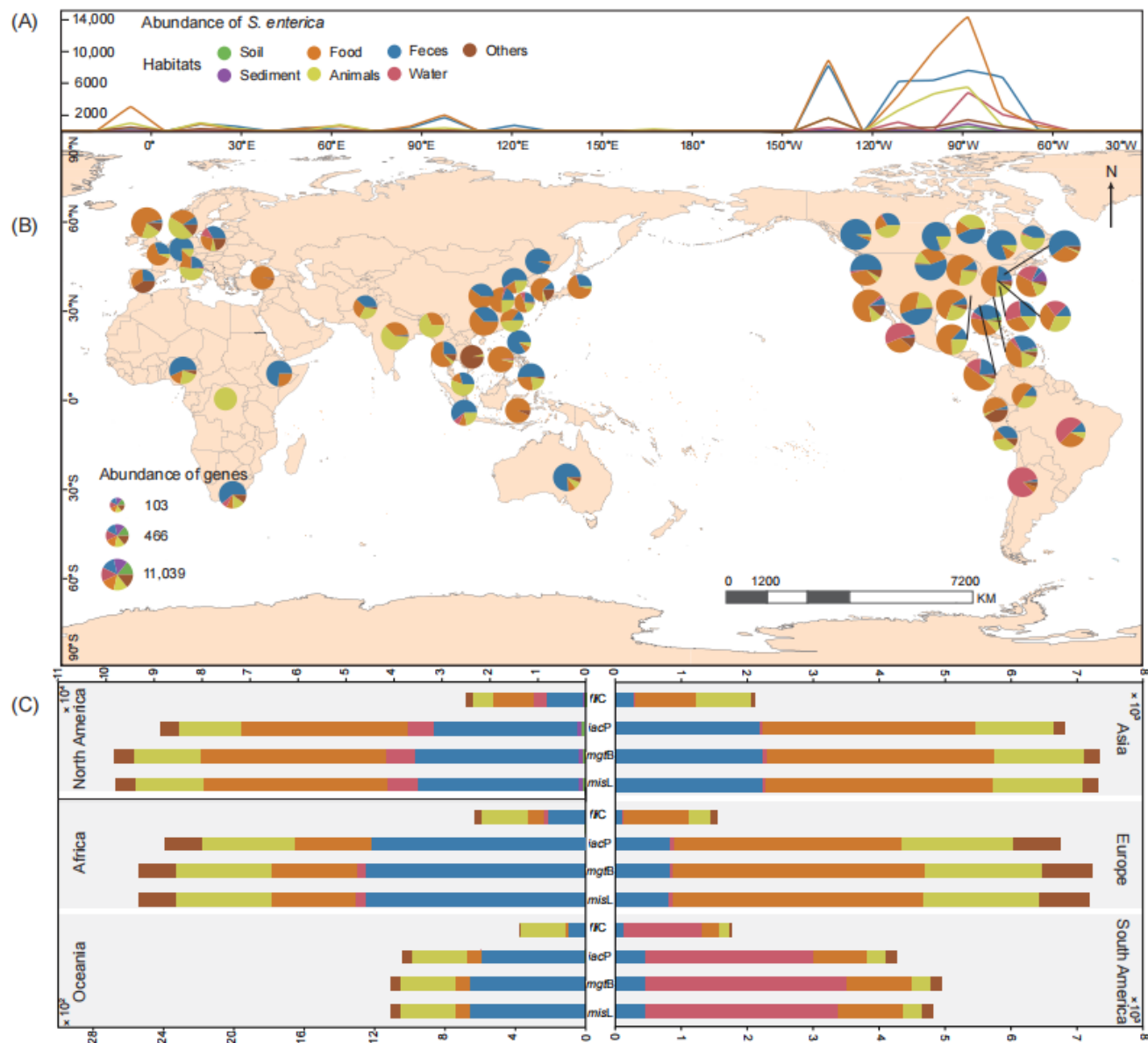
1. 沙门氏菌是世界范围内食源性疾病的主要原因，引起了严重的公共卫生问题。它引起伤寒、副伤寒和腹泻病，在低收入和中等收入国家估计每年有1780万例病例。

2. 毒力因子如毒力质粒、毒素、菌毛和鞭毛对沙门氏菌的致病性至关重要。水平基因转移（HGT）是沙门氏菌获取和传播这些毒力因子，增强其在各种环境中的适应性和生存能力的关键机制。

3. 沙门氏菌编码多种调控基因来调节毒力基因的表达，包括*csrA*、*hns*、*hfq*、*crp*、*barA*和*sirA*。这些调节因子可能影响HGT，促进或抑制其进入宿主细胞后的表达，并在控制细菌感染中发挥关键作用。



# 沙门氏菌的全球分布格局



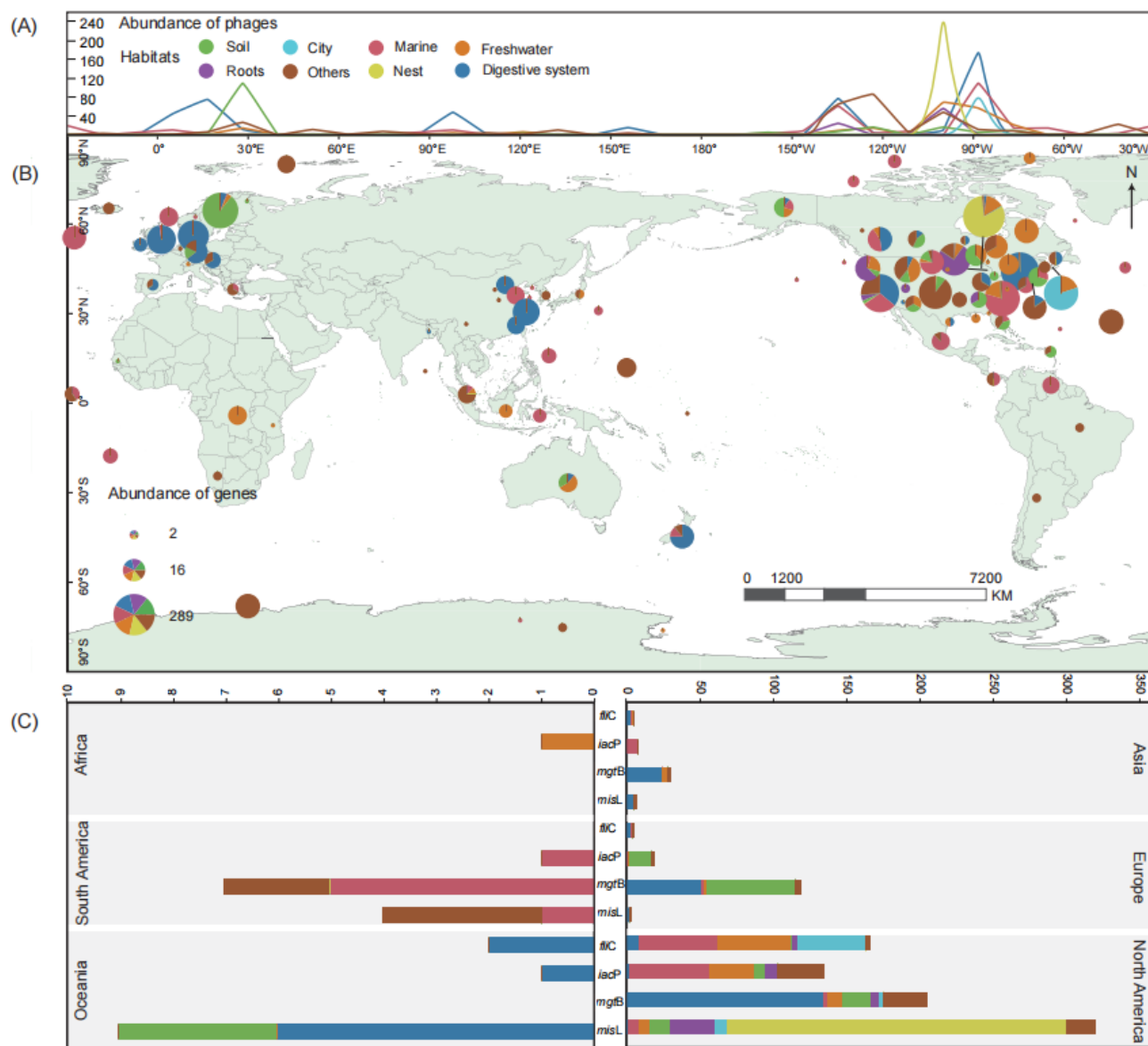
1. 从EnteroBase数据库中共获得**466136**个沙门氏菌基因组。这些菌株分别属于**548**种血清型，分布在**66**个国家。

2. 沙门氏菌主要在**美洲、欧洲和亚洲**被检测到，在**北美洲**的丰度最高。

3. 沙门氏菌存在的主要生境包括**食物、人畜粪便、动物、水体、沉积物和土壤**。

图1. 沙门氏菌的全球地理分布

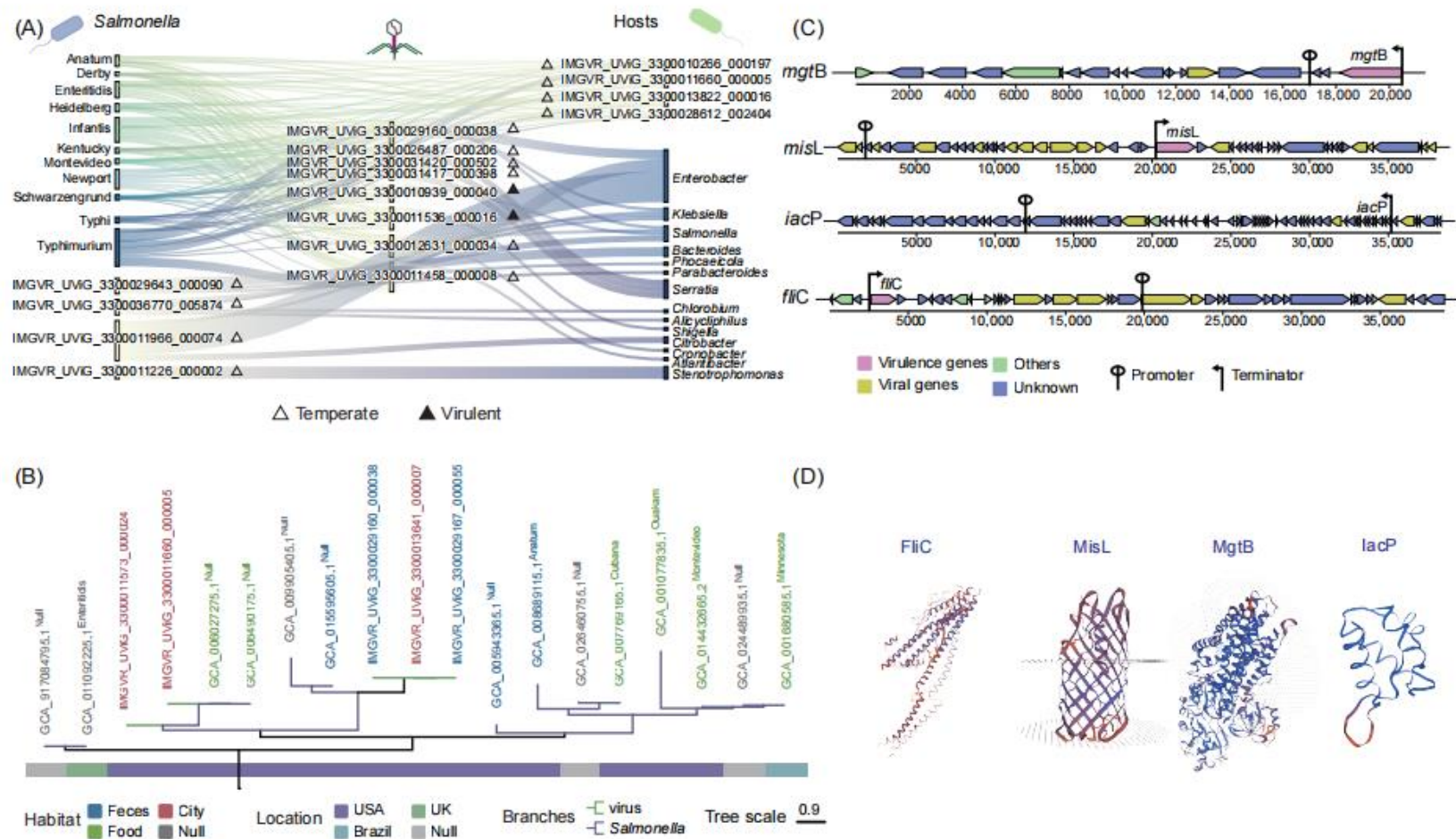
# 噬菌体的全球分布格局



1. 从IMG/VR数据库中共鉴定出**5178**个这样的噬菌体，主要是***Caudoviricetes***。其中，**45.73%**为温和性噬菌体，**33.49%**为裂解性噬菌体。
2. 这些噬菌体在**北美洲、欧洲和亚洲**最为丰富。
3. 噬菌体主要存在于**哺乳动物的消化系统、海洋环境、巢穴、淡水、土壤和植物根系**中。

图2. 编码沙门氏菌毒力基因的噬菌体的全球分布

# 噬菌体-宿主互作与水平基因转移

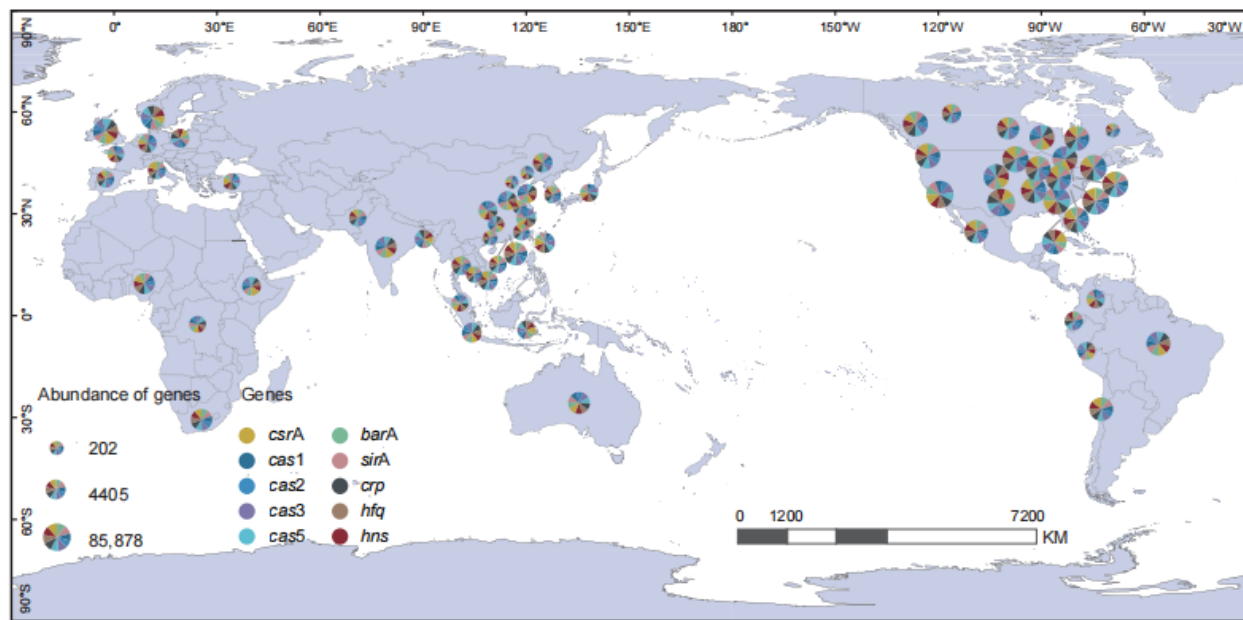


1. 携带毒力基因的噬菌体能够侵染不同的血清型的沙门氏菌，表明噬菌体与宿主细菌之间存在基因交换。
2. 噬菌体编码的毒力基因，如*fliC*、*mgtB*和*misL*，与沙门氏菌编码的毒力基因序列高度相似，提示有历史上的HGT事件。
3. 通过启动子和终止子分析和蛋白质结构预测，说明这些噬菌体编码的毒力基因的功能潜力。

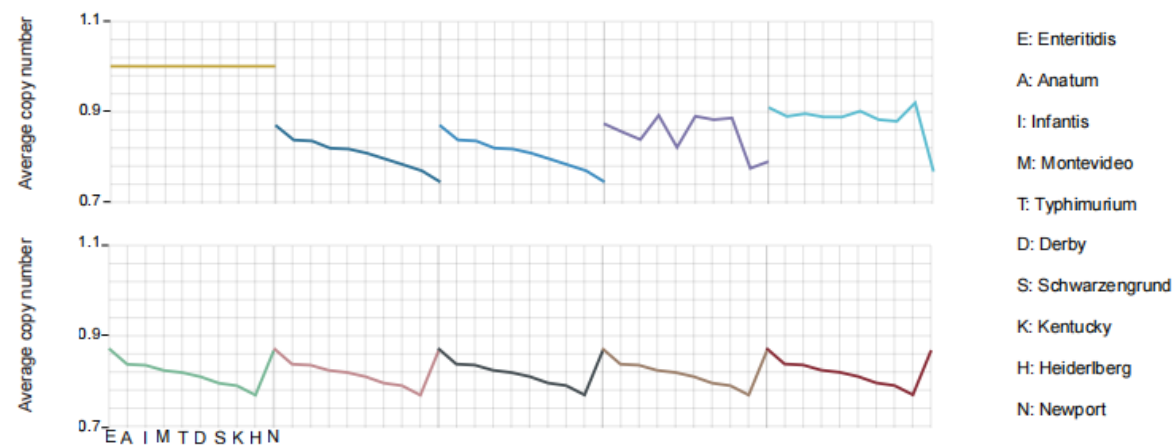
图3. 噬菌体宿主预测和毒力基因的系统发育分析

# 调节基因的分布与保守性

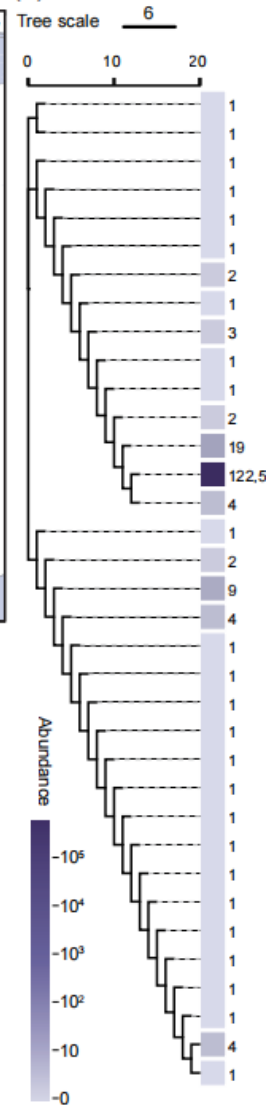
(A)



(B)



(C)



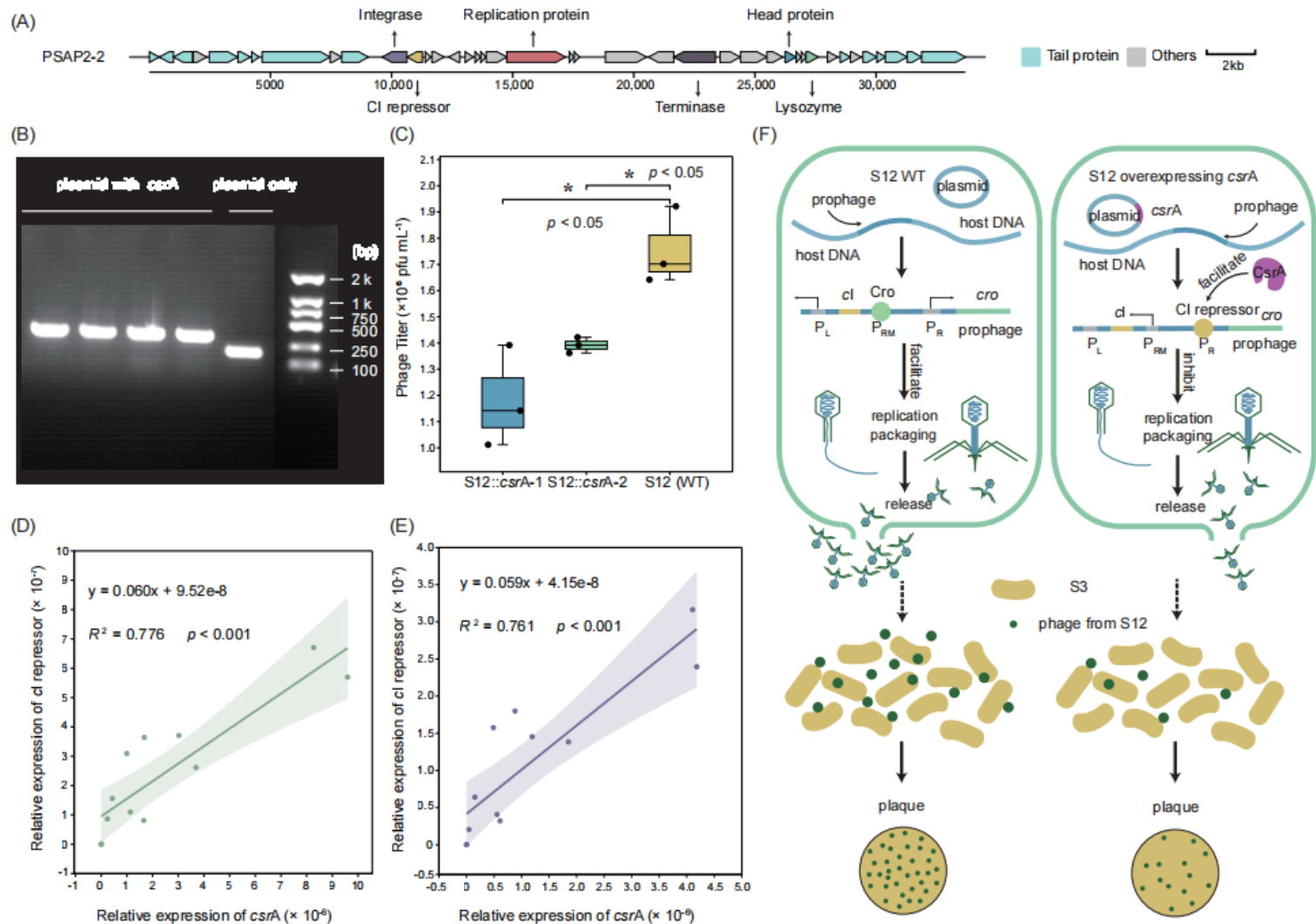
1. 沙门氏菌的10个关键的调控因子主要分布在北美洲，其次是亚洲和欧洲。

2. 其中，*csrA*是在沙门氏菌中最经常被检测到的，并且在所有血清型中具有最高的平均拷贝数，接近100%。

3. 99.94%的*csrA*的氨基酸序列相同，在沙门氏菌中具有较高的保守性。

图4. 沙门氏菌调节因子的全球分布

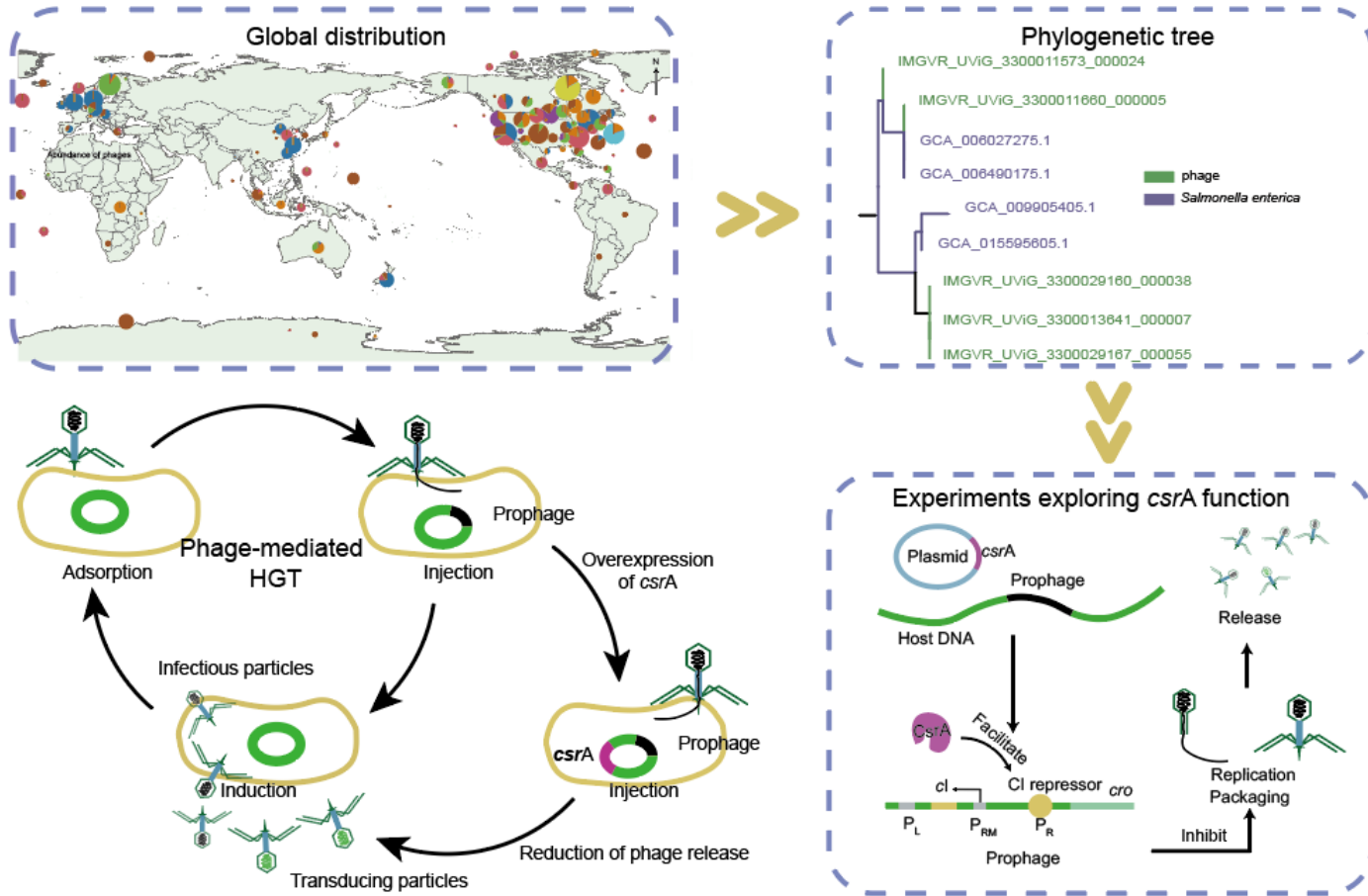
# *csrA*影响噬菌体介导的水平基因转移



1. 将构建好的携带*csrA*的质粒导入鼠伤寒沙门氏菌S12菌株后，过表达*csrA*，其噬菌体释放量相比于野生型显著减少，噬菌体滴度显著降低 ( $p < 0.05$ )。
2. 通过qPCR进一步分析发现，*csrA*与*cI*抑制子表达呈显著的正相关，表明*csrA*通过上调*cI*抑制前噬菌体环化。

图5.实验验证*csrA*对噬菌体环化和*cI*抑制因子的影响

# 总结



在这项研究中，我们从分子进化的角度发现了噬菌体介导的沙门氏菌毒力基因在全球各生境的水平转移的证据。值得注意的是，沙门氏菌的调节因子 *csrA* 通过抑制前噬菌体的环化和释放来抑制水平基因转移。这是噬菌体-细菌相互作用的新发现，为控制环境中的致病菌提供了新的思路。

She, Tianjing, Demeng Tan, Jose Luis Balcazar, Ville-Petri Friman, Danrui Wang, Dong Zhu, Mao Ye, Mingming Sun, Shujian Yuan, and Feng Hu. 2025. "Phage-Mediated Horizontal Transfer of *Salmonella enterica* Virulence Genes with Regulatory Feedback From the Host." *iMeta* e70042. <https://doi.org/10.1002/imt2.70042>



# 数据可用性

**Data for Phage-mediated global horizontal transfer of *Salmonella enterica* virulence genes (1)**

Cite Download all (9.39 GB) Share Embed + Collect ...

Dataset posted on 2024-08-11, 10:08 authored by [tianjing\\_she](#)

122,680 *Salmonella enterica* genomes were downloaded from Enterobase (<https://enterobase.warwick.ac.uk/>, accessed on 29 May 2023), and 2,186 phages encoding *S. enterica* virulence genes were download from IMG/VR database (<https://img.jgi.doe.gov/cgi-bin/vr/main.cgi>). This dataset under the web link contains the above phage genomes and some of *S. enterica* genomes.

USAGE METRICS [↗](#)

49 views	20 downloads	0 citations
----------	--------------	-------------

CATEGORIES

- [Microbial ecology](#)

KEYWORDS

Salmonella outbreak

HISTORY

- 2024-08-11 - First online date, Posted date

TianjingShe / Salmonella-enterica

Code Issues Pull requests Actions Projects Wiki Security Insights Settings

Salmonella-enterica Public Pin Unwatch 1

main 3 Branches 0 Tags Go to file + Code

TianjingShe Initial commit 957a353 · last week 1 Commit

README.md Initial commit last week

README

## Salmonella-enterica

1. 沙门氏菌基因组和噬菌体基因组可以在 **Figshare** 平台下载。

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.26493310>

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.26527759>

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.26531836>

2. 所有图表和支持信息都可以通过 **GitHub** 访问。<https://github.com/TianjingShe/Salmonella-enterica>。

3. 补充资料（图表、表格和图形摘要）可在在线 **DOI** 或 **iMeta Science**

<http://www.imeta.science/> 中找到。

# 致谢

这项工作得到了

国家自然科学基金（42077106和42277115）

江苏省重点研发项目（现代农业；BE2022322）

中央高校基本科研业务费专项资金（KJJQ2025028）

江苏省农业自主创新项目（CX(24)3102）

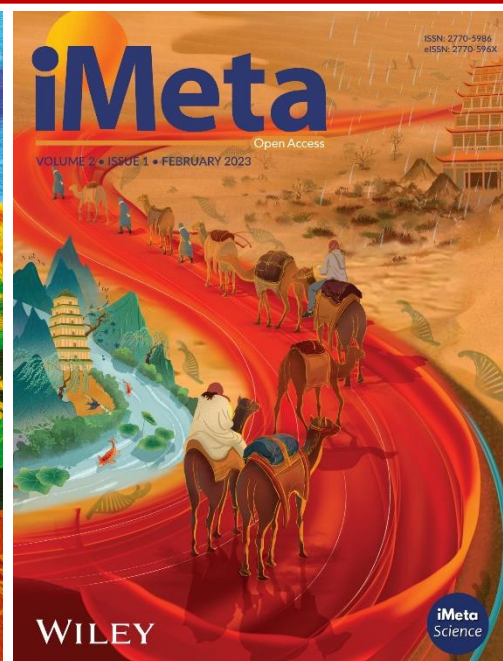
中国博士后科学基金（资助号：2024M761435）

加泰罗尼亚政府联合研究小组（ICRA-ENV 2021 SGR 01282）

加泰罗尼亚政府**CERCA**项目

的支持。

She, Tianjing, Demeng Tan, Jose Luis Balcazar, Ville-Petri Friman, Danrui Wang, Dong Zhu, Mao Ye, Mingming Sun, Shujian Yuan, and Feng Hu. 2025. “Phage-Mediated Horizontal Transfer of *Salmonella enterica* Virulence Genes with Regulatory Feedback From the Host.” *iMeta* 4: e70042. <https://doi.org/10.1002/imt2.70042>



**iMeta**期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物/医学/环境综合期刊群(对标Cell/Nature/Science), 任何高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注技术、信息和组学等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, IF 23.8位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类全球第一, 中科院生物学双1区Top; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。  
子刊***iMetaOmics***(主编赵方庆和于君教授)、***iMetaMed*** 定位IF>10和15的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](http://www.imeta.science)



更新日期  
2025/5/21