

Research  
Animal Disease Research—Article

## 首次从猪体内分离鉴定人苍白杆菌

谷世江<sup>a, #</sup>, 侯瑞卿<sup>a, #</sup>, 高盛果<sup>a</sup>, 孙哲<sup>a</sup>, 李向东<sup>a</sup>, 翟路峰<sup>a</sup>, 金云云<sup>a</sup>, 朱巧艳<sup>a</sup>, 廖永洪<sup>a, \*</sup>, 田克恭<sup>a, b, \*</sup><sup>a</sup> National Research Center for Veterinary Medicine, Luoyang 471000, China<sup>b</sup> College of Animal Science and Veterinary Medicine, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China

## ARTICLE INFO

## Article history:

Received 18 March 2019

Revised 31 July 2019

Accepted 2 August 2019

Available online 25 October 2019

## 关键词

人苍白杆菌

猪脑

## 摘要

从具有神经症状的临床发病猪的脑中分离出一株革兰氏阴性杆菌，该猪脑组织病理检查结果显示有脑膜炎。从大脑样本中成功分离的这株菌经生化反应（API 20 NE）鉴定为人苍白杆菌（*O. anthropi*），并通过基因测序进行了确证。该菌株对β-内酰胺类抗生素高度耐药。用该*O. anthropi*分离株对小鼠进行攻毒试验，结果感染小鼠显示出典型的脑膜炎症状。这是首次报道从猪体内分离*O. anthropi*，表明*O. anthropi*可能具有更广泛的宿主感染谱。

© 2020 THE AUTHORS. Published by Elsevier LTD on behalf of Chinese Academy of Engineering and Higher Education Press Limited Company This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

## 1. 引言

人苍白杆菌（*O. anthropi*）是一种在环境中广泛存在的革兰氏阴性杆菌。它最先被归类于CDC Vd群[1]，属于布鲁氏菌科[2]。*O. anthropi*曾被认为是一种人类条件致病菌，主要感染免疫功能低下的患者[1,3,4]。然而，一些报道表明*O. anthropi*也可以引起健康人的感染[5–7]。*O. anthropi*感染的表现包含眼内炎[6]、心内膜炎、脑膜炎、骨关节炎、骨髓炎、胰腺脓肿、穿刺伤口、骨盆脓肿和尿路感染[8–14]。据报道，除感染人类以外，*O. anthropi*还可以感染其他哺乳动物。Franci等[15]首次报道了健康犬被*O. anthropi*感染的报告，该犬在常规牙齿清洁后被感染，原因是麻醉液被*O. anthropi*污染。ElAdawy等[16]从火鸡的盲肠中分离出*O. anthropi*。迄今为止，尚未有从其他物种中分离到*O. anthropi*的报

道。在本研究中，我们首次从猪体内分离并鉴定了一株*O. anthropi*。

## 2. 材料与方法

## 2.1. 猪临床样本中细菌的分离

猪脑样本来自于中国江西省的一家商业化的养猪场。该猪有神经症状，剖检观察显示有脑膜炎。对该猪脑样本进行组织病理学检查和细菌分离。在无菌条件下用棉拭子从脑样本中取样以避免污染。将分离物在含有10%新生牛血清（浙江天杭生物技术有限公司，中国）的胰蛋白胨大豆琼脂（TSA; BD Difco™，美国BD公司）上于37℃培养24 h。革兰氏染色根据Gerhardt等[17]描述的方法进行。使用API 20 NE（法国生物梅里埃公司）对分离菌进行生化鉴定，方法参照厂家的说明书。

\* Corresponding author.

E-mail address: [ebrain04@163.com](mailto:ebrain04@163.com) (Y. Liao), [tiankg@263.net](mailto:tiankg@263.net) (K. Tian).

# These authors contributed equally to this work.

## 2.2. DNA 模板的制备

使用金唯智公司(中国)的细菌基因组DNA试剂盒,对24 h的细菌培养物进行DNA模板提取,方法参照厂家的说明书。

## 2.3. PCR 扩增 16S rRNA 和 *recA* 基因及测序分析和系统进化树的构建

参照Scholz等[18]描述的方法对细菌16S rRNA基因和*recA*基因进行扩增。正向引物27f (5'-AGAGTTTGATCMTGGCTCAG-3')和反向引物1492r (5'-AAGTCGTAACAAGGTARCCG-3')用于扩增16S rRNA基因,扩增的目的片段大小约1400 bp。聚合酶链反应(PCR)程序如下:94℃ 5min;随后94℃ 60 s, 56℃ 30 s, 72℃ 90 s, 30个循环;最后72℃ 10 min。PCR产物使用1%琼脂糖凝胶进行电泳分析。*recA*基因扩增引物为*recA-f* (5'-ATGTCTCAAAAAA TTCATTGCGAC-3')和*recA-r* (5'-AGCATCTTCTCCG GTCCGC-3');扩增*recA*基因条带大小为1065 bp。PCR程序如下:94℃ 5 min;随后94℃ 30 s, 58℃ 30 s, 72℃ 60 s, 30个循环;最后72℃ 10 min。PCR产物使用1%琼脂糖凝胶进行电泳分析。

将PCR产物送至金唯智公司进行测序。序列在美国国家生物技术信息中心(NCBI)数据库中使用BLASTnx进行了BLASTed处理(其中, BLAST为基本局部比对搜索工具)。使用CLUSTAL X [19]来比对序列。系统进化树基于16S rRNA基因(*rrs*)和*recA*基因,使用软件MEGA版本5 [21,22]采用Kimura的双参数模型进行分析[20]。进化树枝干上的数字表示bootstrap test重复测试(1000次重复)时相关物种成簇的树的树的比例[23]。

## 2.4. 基因组测序和 BLAST 分析

基因组序列在NCBI数据库中通过基因组BLAST工具进行BLAST分析。苍白杆菌属(*Ochrobactrum* sp.)和布鲁氏菌属(*Brucella* sp.)的*recA*、16S rRNA基因的部分序列的GenBank登录号,以及部分苍白杆菌(*Ochrobactrum*)的全基因组序列的GenBank登录号见Appendix A中的Table S1。

## 2.5. 药敏试验

参照Bauer等[24]描述的纸片扩散法对分离株进行抗生素敏感性试验。将分离菌株接种于含10%新生牛血

清的TSA平板,37℃培养24 h。将培养物用磷酸盐缓冲液(PBS, 0.01 mol·L<sup>-1</sup>, pH 7.2)制备成菌悬液,浓度为1×10<sup>8</sup> CFU·mL<sup>-1</sup>(其中,CFU代表菌落形成单位)。用无菌棉签沾取菌悬液涂布于含有10%新生牛血清的TSA平板上,随后将药敏纸片(杭州微生物试剂有限公司)放在接种后的琼脂表面上。将平板底部朝上置于35℃孵育24 h,测量抑菌圈直径。参照动物细菌纸片和稀释法药敏试验判定标准发布的参数进行结果判定[25]。

## 2.6. 小鼠感染试验

将分离株接种含有10%新生牛血清的TSA平板,37℃下培养24 h,用PBS(0.01 mol·L<sup>-1</sup>, pH 7.2)制成活菌含量为5×10<sup>9</sup>~2×10<sup>10</sup> CFU·mL<sup>-1</sup>的系列菌悬液。通过腹腔注射感染BALB/c小鼠,每只小鼠注射菌液0.2 mL,剂量为每只小鼠1×10<sup>9</sup>~4×10<sup>9</sup> CFU。对死亡小鼠脑组织样本进行组织病理学观察。该动物试验参照国家兽用药品工程技术研究中心动物保健和伦理委员会批准的规定进行。

## 2.7. 组织病理学观察

将脑样品用10%福尔马林溶液固定过夜,然后包埋在石蜡中。将脑组织切片并用苏木精和伊红染色以进行组织病理学评估。

## 3. 结果

### 3.1. 组织病理学检查和细菌分离鉴定

猪脑样本的组织病理学结果显示脑白质有坏死性结节、灰质神经元坏死和大量中性粒细胞浸润,如图1所示。将脑样本划线TSA平板分离到纯的光滑小菌落。革兰氏染色为阴性杆菌(图2)。

该分离株为氧化酶和过氧化氢酶阳性,API 20 NE生化鉴定为人苍白杆菌(*O. anthropi*)(概率为99.9%)(表1)。命名为JXLH03B。

### 3.2. 测序和系统发育分析

JXLH03B株16S rRNA基因的序列与苍白杆菌属(*Ochrobactrum* sp., GenBank登录号: MH201346.1)、*O. anthropi*(GenBank登录号: LT671861.1)和羽扇豆苍白杆菌(*O. lupini*, GenBank登录号: KU217325.1)的序列完全相同。*recA*基因经BLAST分析,结果显示

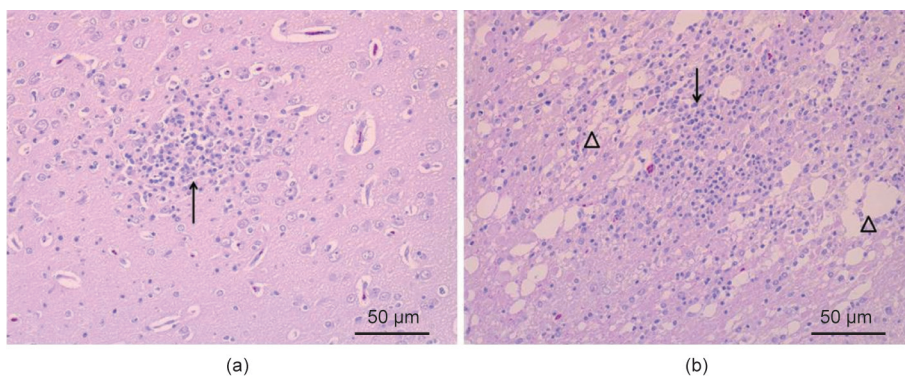


图1. 猪脑样品的组织病理学观察 (H&E, 20 $\times$ )。 (a) 脑白质中的坏死性结节 (如箭头所示); (b) 灰质神经元坏死 (如三角形所示) 和中性粒细胞浸润 (如箭头所示)。

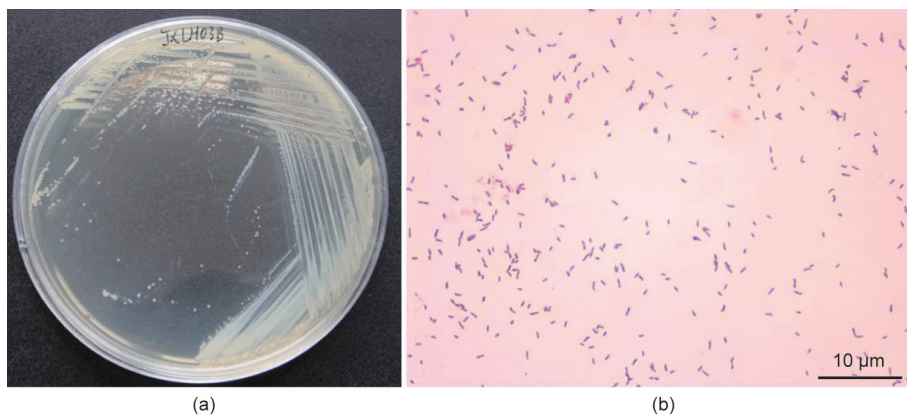


图2. 分离物的菌落形态和细胞形态。(a) 分离物的菌落形态; (b) 革兰氏染色后显微镜观察的细胞形态 (100 $\times$ )。

表1 JXLH03B分离株的API 20 NE 鉴定结果

Test name	Reaction/enzyme	Incubation time (h)	Result
NO3	Nitrates reduction		+
TRP	Indole formation		-
GLU	Glucose fermentation		-
ADH	Arginine dihydrolase production		-
URE	Urease production		+
ESC	Hydrolysis ( $\beta$ -glucosidase)		-
GEL	Hydrolysis (protease)		-
PNPG	$\beta$ -galactosidase		-
GLU	Glucose assimilation	24	-
		48	+
ARA	Arabinose assimilation	24	-
		48	+
MNE	Mannose assimilation	24	-
		48	+
MAN	Mannitol assimilation	24	+
		48	+
NAG	<i>N</i> -acetyl-glucosamine assimilation	24	+
		48	+
MAL	Maltose assimilation	24	-
		48	-

Test name	Reaction/enzyme	Incubation time (h)	Result
GNT	Potassium gluconate assimilation	24	+
		48	+
CAP	Capric acid assimilation	24	-
		48	-
ADI	Adipic acid assimilation	24	-
		48	-
MLT	Malic acid assimilation	24	+
		48	+
CIT	Trisodium citrate assimilation	24	+
		48	+
PAC	Phenylacetic acid assimilation	24	-
		48	-
OX	Cytochrome oxidase	24	+
		48	+
API 20 NE			<i>O. anthropi</i> 99.9%

与 *O. anthropi* (GenBank 登录号: LT671861.1) 序列完全相同。

基于 16S rRNA 基因进行了系统发育分析。如图 3 所示, JXLH03B 株与 *O. anthropi* LMG7991、*O. anthropi* OAB、*O. anthropi* LMG5140、*O. anthropi* LMG3333、*O. anthropi* LMG3333T、*O. anthropi* DSM14396、*O. anthropi* ATCC49188、*O. anthropi* 7b2C 和 *O. lupini* LMG1821 处于一个分支。另外, 基于 *recA* 基因, JXLH03B 株与 *O. anthropi* DSM14396、*O. anthropi* LMG3333 和 *O. anthropi* 10CS0094 处于一个分支 (图 4)。

### 3.3. 基因组测序和 BLAST

分离菌株基因组测序结果为有两个序列, 总长度为 4 725 913 bp。G + C 含量为 56.01%。序列 1 和序列 2 的长度分别为 2 641 072 bp 和 2 088 481 bp。BLAST 结果表明, 分离株的基因组序列与已发表的两株 *O. anthropi* 基因组序列之间的相似度为 97.54%~98.08% (表 2)。

### 3.4. 小鼠感染试验

JXLH03B 株感染 BALB/c 小鼠的剂量为每只小鼠  $1 \times 10^9 \sim 4 \times 10^9$  CFU。小鼠死亡率为 0/5~5/5 (表 3)。对所有死亡小鼠的大脑取样进行组织病理学检查。所有感染后死亡小鼠的脑组织都有炎症。组织病理学结果显示大脑中有多个坏死灶。脑实质液化, 大量嗜中性粒细胞坏死聚集形成结节 (如图 5 中箭头所示)。一些神经胶质细胞崩解 (图 5)。

### 3.5. 药敏试验

药敏试验根据动物细菌纸片和稀释法药敏试验判定标准的指导原则, 使用纸片扩散试验进行 [25]。JXLH03B 株对硫酸庆大霉素、丁胺卡那霉素、恩诺沙星、环丙沙星、多西环素和氟苯尼考敏感, 但对青霉素钠、头孢噻唑、卡那霉素硫酸盐、林可霉素和泰乐菌素耐药 (表 4)。

## 4. 讨论

*O. anthropi* 是一种需氧、非发酵、运动、氧化酶阳性、脲酶阳性的革兰氏阴性杆菌, 曾被称为“无色杆菌 Vd 群” [1]。生化反应图谱 (API 20 NE) 将 JXLH03B 株鉴定为 *O. anthropi*。*Ochrobactrum* 属属于布鲁氏菌科, 与布鲁氏菌有着较近的系统发育关系 [26]。*Ochrobactrum* 属包含约 16 个种 [27]。16S rRNA 基因分析用于鉴定和区分 *O. anthropi* 和布鲁氏菌属 [2,26,27]。但是, 这种方法 (尤其是部分测序) 由于其高度的序列相似性而容易误判这些病原体 [27]。同时, *recA* 基因分析提供了更准确的识别和区分 [18,27]。我们对 JXLH03B 分离株进行 16S rRNA 基因测序比对, 16S rRNA 基因比对结果不能完全将该菌株鉴定为 *O. anthropi*, 结合 *recA* 基因测序比对的结果将分离株鉴定为 *O. anthropi*。

对小鼠感染试验表明, 该菌株具有一定的致病性, 可导致小鼠脑部病变。为了测试 JXLH03B 株对猪的致

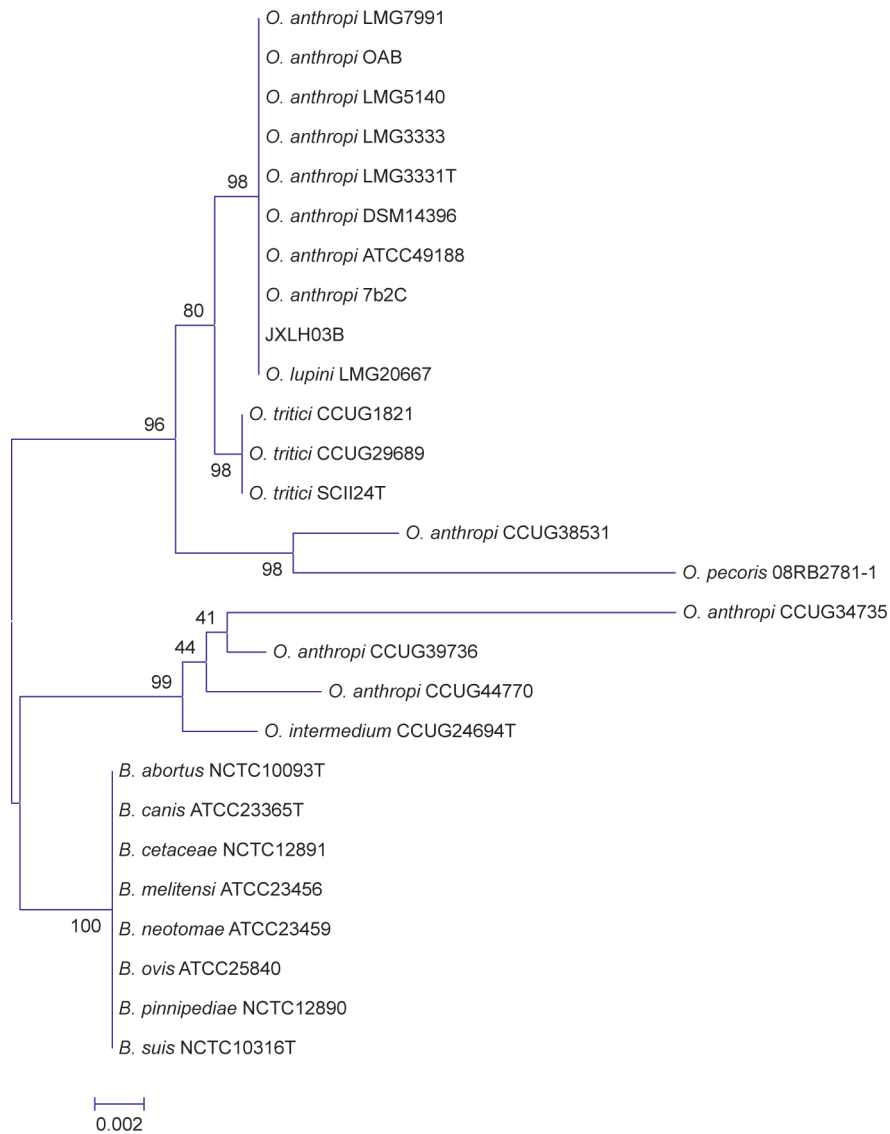


图3. 基于16S rRNA基因使用CLUSTREE邻接法进行的系统发育分析。比例尺：每个位点0.002个不同的残基。每个分枝的显著性用1000次检验的bootstrap值来表示。

病性，分别对9头80日龄的健康猪进行攻毒，分别以每头猪 $1.2 \times 10^9$  CFU、 $1.2 \times 10^{10}$  CFU和 $1.2 \times 10^{11}$  CFU的剂量，通过气管注射攻毒。但是，攻毒后没有猪只表现出临床症状，并且攻毒猪的脑样本的组织病理学检查未发现异常（数据未显示）。因此，未能建立*O. anthropi* JXLH03B株对健康猪的感染模型。在人类中，*O. anthropi*主要感染免疫功能低下的患者[1,3,4]。我们怀疑感染*O. anthropi*的猪可能是因其他病原感染导致免疫功能受损引起的，因在患病的猪中检测到猪繁殖与呼吸综合征病毒（PRRSV）（数据未显示），而PRRSV会引起免疫抑制性呼吸系统疾病[28]。*O. anthropi*广泛分布于土壤和水中[2]，因此，我们怀疑这只猪由于免疫力低下

而通过以上途径感染了人苍白杆菌。

人苍白杆菌对除碳青霉烯类以外的几乎所有 $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药，原因是其能产生AmpC  $\beta$ -内酰胺酶[29]。我们的研究表明，分离株对青霉素和头孢噻呋具有抗性，与文献报道一致[30]。

## 5. 结论

在本研究中，我们首次从猪体内分离并鉴定了人苍白杆菌（*O. anthropi*）。这种细菌能够通过试验感染小鼠并导致典型的脑膜炎，这表明*O. anthropi*可能具有更广泛的宿主感染谱。

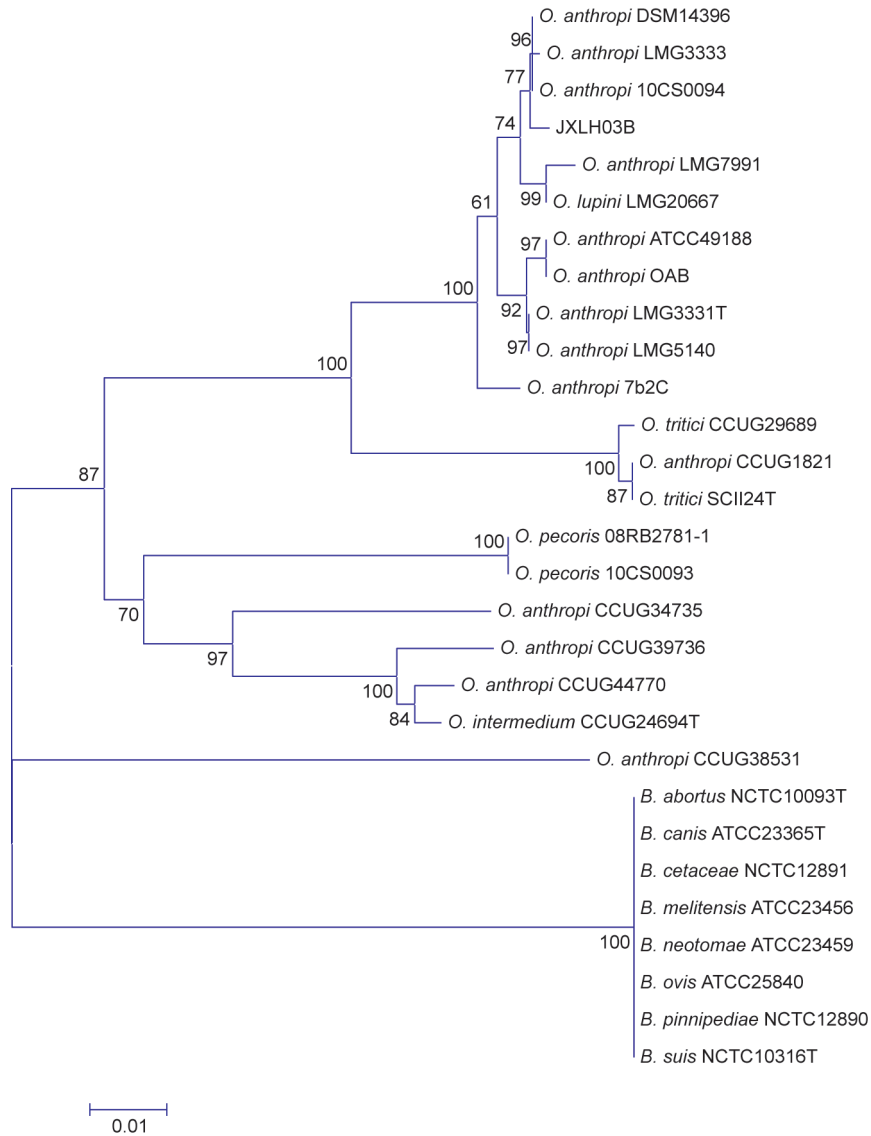


图4. 基于*recA*基因使用CLUSTREE邻接法进行的系统发育分析。比例尺：每个位点0.01个不同的残基。每个分枝的显著性用1000次检验的bootstrap值来表示。

表2 JXLH03B株与另外两株*O. anthropi*基因组序列的相似性

<i>O. anthropi</i> strain	Chromosome	GenBank Number	Sequence similarity	
			JXLH03B Sequence 1	JXLH03B Sequence 2
ATCC 49188	Chromosome 1	CP000758.1	98.08%	—
	Chromosome 2	CP000759.1	—	97.82%
OAB	Chromosome 1	CP008820.1	98.08%	—
	Chromosome 2	CP008819.1	—	97.54%

表3 JXLH03B株感染小鼠结果

Infection dose (CFU per mouse)	Mortality
$4 \times 10^9$	5/5
$2 \times 10^9$	3/5
$1 \times 10^9$	0/5

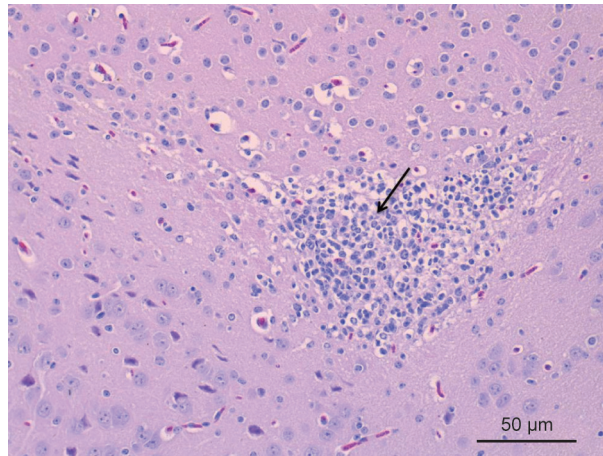


图5. 小鼠脑样品的组织病理学观察 (H & E, 20×)。脑中出现坏死灶, 中性粒细胞坏死聚集形成结节 (如箭头所示)。

表4 JXLH03B分离株纸片扩散法药敏结果和判定

Antimicrobial agent	Disk content	Zone diameter (mm)	Interpretation	Interpretive categories and zone diameter breakpoints (mm)		
				R	I	S
Penicillin sodium	10 units	0	R	≤ 17	18–20	≥ 21
Ceftiofur	30 µg	6	R	≤ 17	18–20	≥ 21
Kanamycin sulfate	30 µg	13	R	≤ 13	14–17	≥ 18
Gentamicin sulfate	10 µg	35	S	≤ 12	13–14	≥ 15
Amikacin	30 µg	34	S	≤ 14	15–16	≥ 17
Enrofloxacin	10 µg	34	S	≤ 12	13–16	≥ 17
Ciprofloxacin	5 µg	33	S	≤ 20	21–30	≥ 31
Lincomycin	2 µg	10	R	≤ 14	15–20	≥ 21
Doxycycline	30 µg	45	S	≤ 10	11–13	≥ 14
Florfenicol	30 µg	38	S	≤ 14	15–18	≥ 19
Tylosin	30 µg	10	R	≤ 15	16–20	≥ 21

S: sensitive, R: resistant, I: intermediate.

## 致谢

本工作得到了国家“万人计划”青年拔尖人才（李向东）和洛阳市“河洛英才计划”（新型兽用生物制品研发及产业化）（田克恭）的资助。

## Compliance with ethics guidelines

Shijiang Gu, Ruiqing Hou, Shengguo Gao, Zhe Sun, Xiangdong Li, Lufeng Zhai, Yunyun Jin, Qiaoyan Zhu, Yonghong Liao, and Kegong Tian declare that they have no conflict of interest or financial conflicts to disclose.

## Appendix A. Supplementary data

Supplementary data to this article can be found online

at <https://doi.org/10.1016/j.eng.2019.08.014>.

## References

- [1] Holmes B, Popoff M, Kiredjian M, Kersters K. *Ochrobactrum anthropi* gen. nov., sp. nov. from human clinical specimens and previously known as group Vd. *Int J Syst Bacteriol* 1988;38(4):406–16.
- [2] Leuhn M, Achouak W, Schlöter M, Berge O, Meier H, Barakat M, et al. Taxonomic characterization of *Ochrobactrum* sp. isolates from soil samples and wheat roots, and description of *Ochrobactrum tritici* sp. nov. and *Ochrobactrum grignonense* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2000;50(Pt 6):2207–23.
- [3] Alnor D, Frimodt-Møller N, Espersen F, Frederiksen W. Infections with the unusual human pathogens *Agrobacterium* species and *Ochrobactrum anthropi*. *Clin Infect Dis* 1994;18(6):914–20.
- [4] Cieslak TJ, Robb ML, Drabick CJ, Fischer GW. Catheter-associated sepsis caused by *Ochrobactrum anthropi*: report of a case and review of related nonfermentative bacteria. *Clin Infect Dis* 1992;14(4):902–7.
- [5] Berman AJ, Del Priore LV, Fischer CK. Endogenous *Ochrobactrum anthropi* endophthalmitis. *Am J Ophthalmol* 1997;123(4):560–2.
- [6] Braun M, Jonas JB, Schönherr U, Naumann GO. *Ochrobactrum anthropi* endophthalmitis after uncomplicated cataract surgery. *Am J Ophthalmol* 1996;122(2):272–3.
- [7] Galanakis E, Bitsori M, Samonis G, Christidou A, Georgiladakis A, Sbyrakis S, et al. *Ochrobactrum anthropi* bacteraemia in immunocompetent children. *Scand J Infect Dis* 2002;34(11):800–3.
- [8] Romero Gómez MP, Peinado Esteban AM, Sobrino Daza JA, Sáez Nieto

- JA, Alvarez D, Peña García P. Prosthetic mitral valve endocarditis due to *Ochrobactrum anthropi*: case report. *J Clin Microbiol* 2004;42(7):3371–3.
- [9] Appelbaum PC, Campbell DB. Pancreatic abscess associated with achromobacter group Vd biovar 1. *J Clin Microbiol* 1980;12(2):282–3.
- [10] Barson WJ, Cromer BA, Marcon MJ. Puncture wound osteochondritis of the foot caused by CDC group Vd. *J Clin Microbiol* 1987;25(10):2014–6.
- [11] Chang HJ, Christenson JC, Pavia AT, Bobrin BD, Bland LA, Carson LA, et al. *Ochrobactrum anthropi* meningitis in pediatric pericardial allograft transplant recipients. *J Infect Dis* 1996;173(3):656–60.
- [12] Christenson JC, Pavia AT, Seskin K, Brockmeyer D, Korgenski EK, Jenkins E, et al. Meningitis due to *Ochrobactrum anthropi*: an emerging nosocomial pathogen. A report of three cases. *Pediatr Neurosurg* 1997;27(4):218–21.
- [13] Vaidya SA, Citron DM, Fine MB, Murakami G, Goldstein EJ. Pelvic abscess due to *Ochrobactrum intermedium* [corrected] in an immunocompetent host: case report and review of the literature. *J Clin Microbiol* 2006;44(3):1184–6.
- [14] Jelveh N, Cunha BA. *Ochrobactrum anthropi* bacteremia. *Heart Lung* 1999;28(2):145–6.
- [15] Franci P, Dotto G, Cattai A, Pasotto D. Lethal septic shock after dental scaling in a healthy dog due to *Ochrobactrum anthropi*-contaminated propofol. *J Small Anim Pract* 2015;56(5):345–7.
- [16] El-Adawy H, Hotzel H, Tomaso H, Neubauer H, Hafez HM. Isolation and characterization of *Ochrobactrum anthropi* and *Ochrobactrum pecoris* from caecal content of commercial turkeys. *Vet Microbiol* 2012;155(2–4):349–54.
- [17] Gerhardt P, Murray RGE, Wood WA, Krieg NR, editors. *Methods for general and molecular bacteriology*. Washington, DC: American Society for Microbiology; 1994.
- [18] Scholz HC, Tomaso H, Al Dahouk S, Witte A, Schloter M, Kämpfer P, et al. Genotyping of *Ochrobactrum anthropi* by recA-based comparative sequence, PCR-RFLP, and 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiol Lett* 2006;257(1):7–16.
- [19] Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG. The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res* 1997;25(24):4876–82.
- [20] Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 1980;16(2):111–20.
- [21] Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987;4(4):406–25.
- [22] Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol* 2011;28(10):2731–9.
- [23] Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 1985;39(4):783–91.
- [24] Bauer AW, Kirby WM, Sherris JC, Turck M. Antibiotic susceptibility testing by a standardized single disk method. *Am J Clin Pathol* 1966;45(4):493–6.
- [25] Clinical and Laboratory Standards Institute. *Performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals: approved standard*. 4th ed. Wayne: National Committee for Clinical Laboratory Standards; 2013.
- [26] Velasco J, Romero C, López-Goñi I, Leiva J, Díaz R, Moriyón I. Evaluation of the relatedness of *Brucella* spp. and *Ochrobactrum anthropi* and description of *Ochrobactrum intermedium* sp. nov., a new species with a closer relationship to *Brucella* spp. *Int J Syst Bacteriol* 1998;48(Pt 3):759–68.
- [27] Kämpfer P, Citron DM, Goldstein EJ, Scholz HC. Difficulty in the identification and differentiation of clinically relevant *Ochrobactrum* species. *J Med Microbiol* 2007;56(Pt 11):1571–3.
- [28] Renukaradhya GJ, Alekseev K, Jung K, Fang Y, Saif LJ. Porcine reproductive and respiratory syndrome virus-induced immunosuppression exacerbates the inflammatory response to porcine respiratory coronavirus in pigs. *Viral Immunol* 2010;23(5):457–66.
- [29] Higgins CS, Avison MB, Jamieson L, Simm AM, Bennett PM, Walsh TR. Characterization, cloning and sequence analysis of the inducible *Ochrobactrum anthropi* AmpC beta-lactamase. *J Antimicrob Chemother* 2001;47(6):745–54.
- [30] Oliver JW, Stapenhorst D, Warraich I, Griswold JA. *Ochrobactrum anthropi* and *Delftia acidovorans* to bacteremia in a patient with a gunshot wound. *Infect Dis Clin Pract* 2005;13(2):78–81.