

研究报告

云南地区鸭源沙门菌的分离鉴定及耐药性和毒力基因分析

王喜^{1,2}, 李珂¹, 常志顺¹, 高洪², 信爱国^{*1}

1 云南省畜牧兽医科学院养禽与禽病研究所, 云南 昆明 650224

2 云南农业大学动物医学院, 云南 昆明 650201

王喜, 李珂, 常志顺, 高洪, 信爱国. 云南地区鸭源沙门菌的分离鉴定及耐药性和毒力基因分析[J]. 微生物学通报, 2022, 49(9): 3770-3783

Wang Xi, Li Ke, Chang Zhishun, Gao Hong, Xin Aiguo. Isolation and identification of *Salmonella* from ducks in Yunnan province and analysis of its antimicrobial resistance and virulence gene[J]. Microbiology China, 2022, 49(9): 3770-3783

摘要: 【背景】沙门菌是一种重要的食源性人兽共患病原菌, 可引起多种食源性疾病。【目的】了解云南地区鸭源沙门菌病的流行现状、耐药现象及毒力基因携带等基本情况。【方法】无菌采集云南各地区病死鸭肝脏样品 169 份进行沙门菌分离, 对分离株进行血清分型鉴定、药敏及相关耐药基因、毒力基因筛查。【结果】分离到鸭源沙门菌 48 株, 分离率为 28.40%, 鉴定出 3 种血清型, 其中肠炎沙门菌为优势血清型。分离株对青霉素 G、林可霉素、克林霉素和利福平的耐药率达 100%, 每株菌至少对 3 类 6 种及以上的抗生素耐药, 单株最高可耐 14 种, 产生了 22 种耐药谱型。共检出耐药基因 5 种, *bla_{TEM}* 和 *tetB* 检出率分别为 27.08% 和 22.92%, *tetA*、*sul2* 和 EBC 的检出率较低。毒力基因共检出 10 种, 其中, SPI-1 (*avrA*)、SPI-3 (*mgtC*)、SPI-4 (*siiD*)、SPI-5 (*sopB*) 和 *bcfC* 检出率均高达 100%, SPI-2 (*ssaQ*)、*spvB*、*spvC*、*pefA* 和 *stn* 的检出率均达 60% 以上, *cdtB* 未检出。【结论】云南地区鸭源沙门菌主要流行血清型为肠炎沙门菌, 耐药性及多重耐药情况严重, 耐药机制复杂, 耐药基因与耐药表型符合率低, 毒力基因检出率较高。研究结果可为云南地区鸭群沙门菌病的防控和净化提供参考。

关键词: 鸭; 沙门菌; 耐药率; 耐药基因; 毒力基因

基金项目: 国家现代农业产业技术(水禽)体系资助项目(CARS-42-54); 云南省廖明专家工作站项目(202105AF150077); 云南省重大科技专项(202102AE090029); 云南省“万人计划”产业技术领军人才专项(YNWR-CYJS-2018-047)

Supported by: Program of China Agriculture Research System (CARS-42-54); Liaoming Expert Workstation Project of Yunnan Province (202105AF150077); Key Science and Technology Program of Yunnan Province (202102AE090029); Ten Thousand Talent Program in Yunnan Province (YNWR-CYJS-2018-047)

*Corresponding author: E-mail: aiguo_xin@hotmail.com

Received: 2022-01-20; Accepted: 2022-03-18; Published online: 2022-06-07

Isolation and identification of *Salmonella* from ducks in Yunnan province and analysis of its antimicrobial resistance and virulence gene

WANG Xi^{1,2}, LI Ke¹, CHANG Zhishun¹, GAO Hong², XIN Aiguo^{*1}

1 Poultry Husbandry and Disease Research Institute, Yunnan Academy of Animal Husbandry and Veterinary Sciences, Kunming 650224, Yunnan, China

2 College of Veterinary Medicine, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan, China

Abstract: [Background] *Salmonella* is an important food-borne zoonotic pathogen that causes a variety of food-borne diseases among humans and animals. [Objective] This research was to investigate the prevalence, antimicrobial resistance and virulence gene of salmonellosis in ducks in Yunnan province. [Methods] A total of 169 liver samples of dead ducks from various regions in Yunnan province were collected for *Salmonella* isolation, and the isolated strains were subjected to serotyping, drug sensitivity test, and screening for related drug resistance genes and virulence genes. [Results] Forty-eight *Salmonella* strains were isolated, with the isolation rate being 28.40%. Three serotypes were discovered, of which *Salmonella enteritidis* was the dominant one. The isolates had a 100% resistance to penicillin G, lincomycin, clindamycin and rifampicin. Each was resistant to at least 6 kinds of 3 categories of antibiotics, and there was one strain resisting as more as 14 kinds, resulting in 22 drug resistance spectra. A total of 5 resistance genes were detected, of which the detection rates of *bla*_{TEM} and *tetB* were 27.08% and 22.92%, respectively, while those of *tetA*, *sul2* and EBC were low. Ten virulence genes were detected, and the detection rates of SPI-1 (*avrA*), SPI-3 (*mgtC*), SPI-4 (*siiD*), SPI-5 (*sopB*) and *bcfC* were all 100%, whereas those of SPI-2 *ssaQ*, *spvB*, *spvC*, *pefA* and *stn* reached above 60%, with *cdtB* undetected. [Conclusion] *S. enteritidis* was the dominant serotype in ducks in Yunnan province, with severe drug resistance and multi-drug resistance, and the mechanism of drug resistance was complex. The coincidence rate of resistance gene and phenotype was low, while the detection rate of virulence gene was high. These results provide a reference for the prevention, control and eradication of salmonellosis in ducks in Yunnan province.

Keywords: duck; *Salmonella*; resistance rate; resistance gene; virulence gene

沙门菌属(*Salmonella*)是一种革兰氏阴性的胞内杆菌,血清型众多,在我国约分布有三百多种,宿主谱广泛,是肠杆菌科中重要的人畜共患病原菌^[1],世界卫生组织(World Health Organization, WHO)将其列入具有严重危害和中等危害的食物传播性病原(<https://www.who.int>)。大量证据表明,沙门菌不仅引起家禽感染发病,而且对禽类的受精率、孵化率和产蛋率也有较大

影响^[2]。有资料统计,我国70%–80%的细菌性食物中毒事件是由沙门菌引起的,而引起沙门菌中毒的食品中,禽类产品是最常见的传播媒介^[3-4]。我国作为传统的家禽养殖与消费大国,禽肉制品中以鸡肉所占比例最高,近年来水禽产业在我国也得到了快速发展,鸭鹅出栏量的年增长率均超过5%,养鸭总量已占全球总量的75%^[5-6]。2017年,我国出栏商品肉鸭32亿只,

鸭肉产量 500 万 t, 占我国禽肉总产量的 1/3^[7], 鸭肉及鸭蛋的产量居于世界首位。有研究显示, 养殖与生产中鸭 29.9% 的沙门菌污染率远远高于鸡 5.6% 或其他禽类 8.6% 的污染率^[8]。Niu 等^[9] 从湛江市及周边地区鸭场采集的 140 份鸭场环境样品中共分离到沙门菌 92 株, 尹皓等^[10] 也从四川省乐山市 204 份病死鸭组织中分离到沙门菌 75 株, 表明沙门菌在我国鸭养殖的各环节中均存在较高的污染率, 导致人们因食用受污染的鸭肉和鸭蛋而感染沙门菌病的几率会更高。

目前, 抗生素在家禽养殖生产中已被广泛应用于预防、治疗疾病和促进生长等环节, 但生产中长期不规范甚至滥用抗生素导致细菌耐药的现象越来越严重, 极大地促进了沙门菌耐药菌株的出现和传播, 对养殖业沙门菌病防控及净化工作造成了极大的困难, 还严重威胁人类公共卫生安全^[11]。大量研究表明, 毒力因子是影响沙门菌致病性的关键因素, 主要由存在于沙门菌染色体和质粒中的多种编码结构性毒力因子基因、毒素相关基因及部分调节基因参与表达, 携带的毒力基因越多, 预示沙门菌潜在的致病性越强^[12]。围绕动物源沙门菌的耐药性、毒力基因等的研究是近年来的热点问题, 但目前关于鸭源沙门菌的研究报道还较少。为了了解云南地区鸭源沙门菌的基本流行情况, 本研究对云南部分地区鸭源沙门菌进行分离鉴定, 并检测分析其耐药性及毒力基因携带情况, 以明确本地区沙门菌基本流行情况, 为沙门菌病的防控和净化工作提供参考。

1 材料与方法

1.1 病料来源与质控菌株

2014–2020 年由云南省畜牧兽医科学院养禽与禽病研究所收集自云南省宜良县、建水县、石林县、陆良县、元江县等地送检疑似沙门菌感染的病死鸭肝脏样品 169 份。质控菌株大肠埃希

氏菌 ATCC 25922, 中国微生物菌种保藏中心; 肠炎沙门菌 BNCC 103307 和鼠伤寒沙门菌 ATCC 14028, 北纳创联生物科技有限公司。

1.2 培养基、主要试剂和仪器

麦康凯培养基、SS 培养基、沙门菌微量生化鉴定管和革兰氏染色试剂盒, 广东环凯微生物科技有限公司; 沙门菌属诊断血清 60 种, 宁波天润药业有限公司; 抗生素药敏纸片, 杭州滨和微生物试剂有限公司; 2×San Taq PCR Mix, 生工生物工程(上海)股份有限公司。PCR 扩增仪, Applied Biosystems 公司; 凝胶成像紫外仪, 上海天能科技有限公司; 电泳仪, 北京六一生物科技有限公司。

1.3 沙门菌分离鉴定

无菌挑取病死鸭肝脏划线接种于麦康凯培养基, 于 37 °C 培养过夜后, 挑取沙门菌疑似菌落划线接种于 SS 培养基, 于 37 °C 培养过夜后进行革兰氏染色镜检并使用沙门菌微量生化鉴定管进行生化鉴定。

1.4 沙门菌血清型鉴定

对初步判定的可疑菌株使用沙门菌属诊断血清以玻片凝集法做血清型鉴定, 并以煮沸裂解法制备可疑菌株的 DNA 模板, 分装后 -20 °C 冻存用于后续实验。依照文献^[13-14]合成多重 PCR 及细菌 16S rRNA 基因的扩增引物, 对可疑菌株血清型做进一步 PCR 验证。随机选取部分阳性扩增产物进行测序, 所得序列进行 BLAST 比对分析。引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成, 引物序列见表 1, 测序由擎科生物科技有限公司完成。

1.5 沙门菌分离株耐药性检测

采用 K-B 纸片扩散法对沙门菌分离株进行药敏特性检测, 判断标准按抗生素类药敏纸片使用说明进行。根据耐药表型统计结果, 参照文献^[15-16]选取 β-内酰胺类部分耐药基因 *bla_{PSE-1}*、

bla_{TEM}、MOX、CIT、DHA、ACC、EBC、FOX, 氨基糖苷类 *aadA2*、*aadB*、*aac(3)-IV*、*aadA1-like*, 磺胺类 *sul1*、*sul2*、*sul3*、*dfrA1*, 以及四环素类 *tetA*、*tetB*、*tetC*、*tetG*、*tetR*、*tetX* 对分离株进行耐药基因检测, PCR 引物序列见表 2。PCR 反应体系: 2×San Taq PCR Mix 12.5 μL, Primer-F/R (10 μmol/L)各 1 μL, DNA 模板 1 μL, 用 ddH₂O 补足至 25 μL。PCR 反应条件: 95 °C 5 min; 95 °C 45 s, 57.5 °C 45 s (各引物均以此温度), 72 °C 1 min, 共 30 个循环; 72 °C 10 min; 4 °C 保存。PCR 反应结束后随机选取部分阳性扩增产物进行测序和比对分析。

1.6 沙门菌分离株毒力基因检测

依据文献[17-21]合成沙门菌毒力岛、毒力质粒、菌毛和毒素相关毒力基因 *avrA*、*ssaQ*、*mgcC*、*siiD*、*sopB*、*spvB*、*spvC*、*bcfC*、*pefA*、*stn*、*cdtB* 的引物, 引物序列见表 3, PCR 反应体系和反应条件按 1.5 进行, PCR 扩增后随机选取部分阳性

扩增产物进行测序和比对分析。

2 结果与分析

2.1 细菌分离鉴定结果

经过细菌分离纯化、革兰氏染色镜检、生化鉴定后, 从 169 份病死鸭肝脏样品中共分离到沙门菌属可疑菌株 48 株。可疑菌株在麦康凯琼脂上形成表面光滑、无色半透明、边缘整齐的圆形菌落; 在 SS 琼脂平板上菌落也呈半透明状, 部分菌株中心带有黑点。镜检为革兰氏阴性的短杆状。生化鉴定结果显示, 所有可疑菌株的赖氨酸脱羧酶、氨基酸、甘露醇和山梨醇均为阳性, 在三糖铁琼脂上均可产硫化氢, 靛基质、尿素、氰化钾和 β-半乳糖苷试验均为阴性, 按照沙门菌微量生化鉴定管说明书初步判定 48 株分离株均为沙门菌。

2.2 沙门菌分离株血清型鉴定结果

对分离到的 48 株沙门菌可疑株进行血清型

表 1 多重 PCR 引物信息

Table 1 Multiple PCR primer information

基因类别 Gene type	基因 Gene	引物序列 Sequence of primer (5'→3')	片段大小 Size (bp)
16S rRNA	16S (27-519)	F: AGAGTTTGATCCTGGCTCAG R: GWATTACCGCGGCKGCTG	500
	16S (357-1115)	F: CTCCTACGGGAGGCAGCAG R: AGGGTTGCGCTCGTTGC	750
	16S (926-1492)	F: AACTYAAAKGAATTGACGG R: TACGGCTACCTTACGACTT	560
<i>Salmonella</i>	<i>hut</i>	F: ATGTTGTCCTGCCCCTGGTAAGAGA R: ACTGGCGTTATCCCTTTCTCTGCTG	495
<i>S. enteritidis</i>	<i>SdfI</i>	F: TGTGTTTTATCTGATGCAAGAGG R: TGAACACTACGTTTCGTTCTTCTGG	304
<i>S. typhimurium</i>	<i>SPY</i>	F: TTGTTCACTTTTTACCCCTGAA R: CCCTGACAGCCGTTAGATATT	401
<i>S. pullorum</i> / <i>S. gallinarum</i>	<i>glc</i>	F: CGGTGTACTGCCCGCTAT R: CTGGGCATTGACGCAAA	252
<i>S. gallinarum</i>	<i>spec</i>	F: GATCTGCTGCCAGCTCAA R: GCGCCCTTTTCAAAAACATA	174

表 2 耐药基因引物信息

Table 2 Drug resistance genes primer information

基因类别 Gene type	基因 Gene	引物序列 Sequence of primer (5'→3')	片段大小 Size (bp)	
β-内酰胺类 β-lactam	<i>bla_{PSE-1}</i>	F: GCAAGTAGGGCAGGCAATCA R: GAGCTAGATAGATGCTCACAA	422	
	<i>bla_{TEM}</i>	F: ATCAGTTGGGTGCACGAGTG R: ACGCTCACCGGCTCCAGA	608	
	MOX	F: GCTGCTCAAGGAGCACAGGAT R: CACATTGACATAGGTGTGGTGC	520	
	CIT	F: TGGCCAGAAGTACAGGCAAA R: TTTCTCCTGAACGTGGCTGGC	462	
	DHA	F: AACTTTCACAGGTGTGCTGGGT R: CCGTACGCATACTGGCTTTGC	405	
	ACC	F: AACAGCCTCAGCAGCCGGTTA R: TTCGCCGAATCATCCCTAGC	346	
	EBC	F: TCGGTAAAGCCGATGTTGCGG R: CTTCCACTGCGGCTGCCAGTT	302	
	FOX	F: AACATGGGGTATCAGGGAGATG R: CAAAGCGCGTAACCGGATTGG	190	
	氨基糖苷类 Aminoglycosides	<i>aadA2</i>	F: CATTGAGCGCCATCTGGAAT R: ACATTTGCTCATCGCCGGC	500
		<i>aadB</i>	F: CTAGCTGCGGCAGATGAGC R: CTCAGCCGCTCTGGGCA	300
<i>aac(3)-IV</i>		F: GTTACACCGGACCTTGGA R: AACGGCATTGAGCGTCAG	674	
<i>aadA1-like</i>		F: GTGGATGGCGGCTGAAGCC R: ATTGCCAGTCGGCAGCG	526	
磺胺类 Sulfonamides	<i>sul1</i>	F: CGGACGCGAGGCCTGTATC R: GGGTGCGGACGTAGTCAGC	591	
	<i>sul2</i>	F: GCGCAGGCGCGTAAGCTGAT R: CGAAGCGCAGCCGCAATTC	514	
	<i>sul3</i>	F: GGGAGCCGCTTCCAGTAAT R: TCCGTGACACTGCAATCATT	500	
	<i>dfrA1</i>	F: CAATGGCTGTTGGTTGGAC R: CCGGCTCGATGTCTATTGT	254	
四环素类 Tetracyclines	<i>tetA</i>	F: GCTGTCCGATCGTTTCGG R: CATTCCGAGCATGAGTGCC	658	
	<i>tetB</i>	F: TTGGTTAGGGGCAAGTTTTG R: GTAATGGGCAATAACACCG	659	
	<i>tetC</i>	F: TCTACAATGCGCTCATCGT R: GGTTGAAGGCTCTCAAGGGC	589	
	<i>tetG</i>	F: TCTTGCAGGAGCCGAGTCGAT R: GGCCGGCATGCCAACACCC	721	
	<i>tetR</i>	F: AGGACGACGGTGCTTGCT R: ATGAGGACTGGCGGGTGT	297	
	<i>tetX</i>	F: CAATAATTGGTGGTGGACCC R: TTCTTACCTTGGACATCCCG	456	

表 3 毒力基因引物信息

Table 3 Virulence genes primer information

基因类别	基因	引物序列	片段大小
Gene type	Gene	Sequence of primer (5'→3')	Size (bp)
SPI-1	<i>avrA</i>	F: CCTGTATTGTTGAGCGTCTGG R: AGAAGAGCTTCGTTGAATGTCC	422
SPI-2	<i>ssaQ</i>	F: GAATAGCGAATGAAGAGCGTCC R: CATCGTGTATCCTCTGTCAGC	677
SPI-3	<i>mgtC</i>	F: TTCTGATCGCCGCTATTTCG R: GACCGAACCTAACCTTGT	200
SPI-4	<i>siiD</i>	F: GAATAGAAGACAAAAGCGATCATC R: GCTTTGTCCACGCCTTTCATC	1 231
SPI-5	<i>sopB</i>	F: CGGACCGGCCAGCAACAAAACAAGAAGAAG R: TAGTGATGCCCGTTATGCGTGAGTGTATT	220
毒力质粒 Virulent plasmid	<i>spvB</i>	F: CTATCAGCCCCGCACGGAGAGCAGTTTTTA R: GGAGGAGGCGGTGGCGGTGGCATCATA	717
	<i>spvC</i>	F: AAGGTCGTTCAACAAGCC R: CATTTCACCACCATCACG	252
菌毛 Fimbriae	<i>bcfC</i>	F: ACCAGAGACATTGCCTTCC R: TTCTGATCGCCGCTATTTCG	467
	<i>pefA</i>	F: GCGCCGCTCAGCCGAACCAG R: GCAGCAGAAGCCAGGAAACAGTG	157
毒素 Toxin	<i>stn</i>	F: CAACCAGATAGTAAAGACCG R: ATTAGCGTAGAGGCAAAAAGA	234
	<i>cdtB</i>	F: ACAACTGTCGCATCTCGCCCCGTCATT R: CAATTTGCGTGGGTTCTGTAGGTGCGAGT	268

鉴定, 结果表明, 48 株沙门菌分属 B 群鼠伤寒沙门菌(1 株)、C2 群科特布斯沙门菌(1 株)和 D 群肠炎沙门菌(46 株), 与多重 PCR 鉴定结果相符(图 1)。因多重 PCR 方法不能对 C2 群科特布斯沙门菌进行血清型验证, 因此通过扩增细菌 16S rRNA 基因以构建系统发育树做进一步验证, 结果显示科特布斯沙门菌分离株与科特布斯沙门菌参考株处于同一分支, 亲源关系较近(图 2)。送检病死鸭肝脏样品的沙门菌分离率为 28.40% (48/169), 其中肠炎沙门菌占分离菌株总数的 95.83% (46/48), 为云南地区鸭源沙门菌优势血清型。

2.3 沙门菌分离株耐药性检测结果

2.3.1 沙门菌分离株药敏特性检测结果

药敏特性检测结果(表 4)显示, 48 株分离菌对青霉素、头孢噻肟、卡那霉素等 20 种抗生素

存在不同的耐药率情况, 其中对青霉素 G、林可霉素、克林霉素、利福平 4 种抗生素的耐药率高达 100% (图 3), 单株细菌多种耐药最低为 6 耐, 最高为 14 耐, 以 6、7 和 8 耐占比相对较高, 14 耐仅 1 株, 每株菌至少对 3 类 6 种及以上的抗生素耐药(图 4)。敏感性达 89% 以上的抗生素主要有链霉素、阿米卡星、阿奇霉素、多粘菌素 B、氟苯尼考、恩诺沙星和复方新诺明。

2.3.2 分离株耐药谱型及多重耐药统计

分离的 48 株沙门菌对 β -内酰胺类、氨基糖苷类、四环素类、大环内酯类、林可胺类、多肽类、磺胺类和利福霉素类等 8 类抗生素存在不同的耐药率, 共产生了 22 种多重耐药谱型(表 5), 48 株沙门菌均耐 3 类及以上抗生素, 均为多重耐药株。

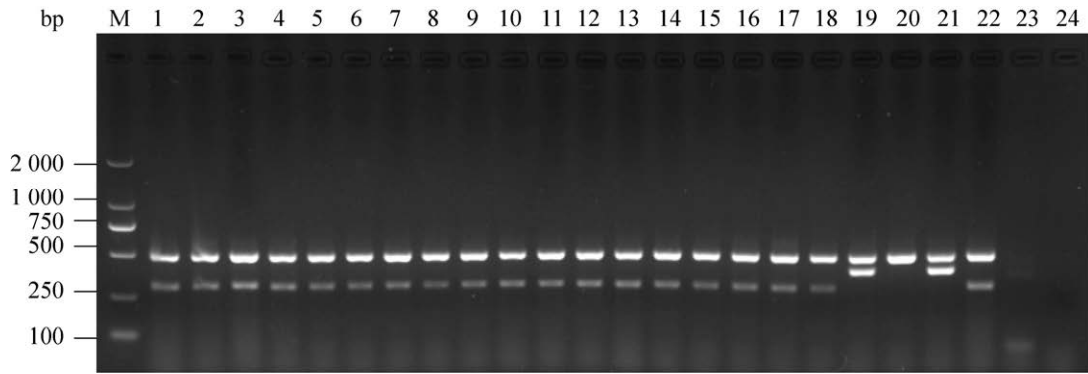


图 1 部分分离菌株多重 PCR 扩增结果 M: DL2000 DNA Marker; 1-18: 部分肠炎沙门菌分离株; 19: 鼠伤寒沙门菌分离株; 20: 科特布斯沙门菌分离株; 21: 鼠伤寒沙门菌标准株; 22: 肠炎沙门菌标准株; 23: 大肠杆菌标准株; 24: 阴性对照

Figure 1 Results of multiplex PCR amplification of some isolates strain. M: DL2000 DNA Marker; 1-18: Partial *S. enteritidis* isolates; 19: *S. typhimurium* isolates; 20: *S. kottbus* isolates; 21: *S. typhimurium* standard strain; 22: *S. enteritidis* standard strain; 23: *E. coli* standard strain; 24: Negative control.

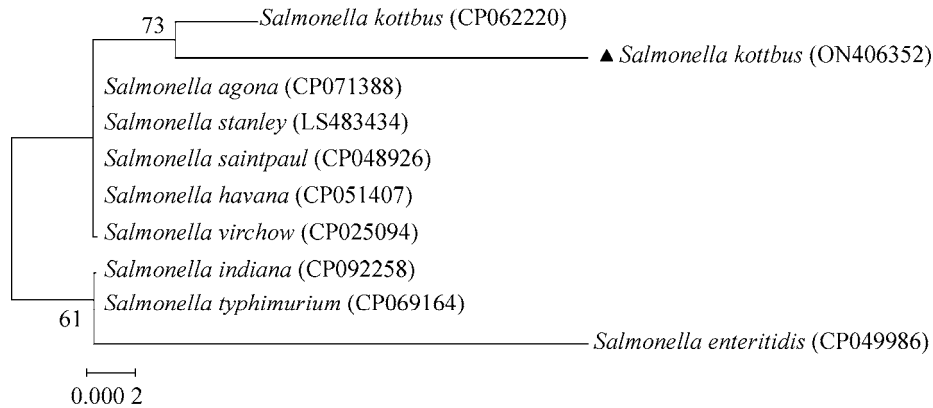


图 2 科特布斯沙门菌分离株基于 16S rRNA 基因序列建立的系统发育树 括号中序号是相关菌株的登录号; 分支点上的数字是 bootstrap 支持率; 标尺刻度 0.000 2 是序列差异的分支长度; ▲: 本试验分离株

Figure 2 Phylogenetic tree established based on 16S rRNA gene sequences of *S. kottbus* isolates. Numbers in parentheses are the accession numbers of related strains; The numbers in each branch points are percentages supported by bootstrap; Bar=0.000 2 is nucleotide divergence; ▲: Isolates from this test.

2.3.3 沙门菌分离株耐药基因检测结果

对分离的 48 株鸭源沙门菌进行 4 类 22 种抗生素耐药基因检测, 结果显示, 共检出 *bla*_{TEM}、*tetB*、*tetA*、*sul2* 和 EBC 这 5 个基因, 检出率分别为 27.08% (13/48)、22.92% (11/48)、8.33% (4/48)、8.33% (4/48) 和 2.08% (1/48), 但 5 个基

因在 3 种血清型沙门菌中的检出情况存在一定差异, *bla*_{TEM}、*tetB*、*tetA* 和 *sul2* 基因主要存在于肠炎沙门菌, 而 EBC 基因仅存在于鼠伤寒沙门菌, 科特布斯沙门菌未检出相关耐药基因, 仅有 4 株同时检出 *tetA* 和 *sul2* 基因, 其余基因独立存在于不同菌株。

表 4 48 株沙门菌药敏特性检测

Table 4 Drug sensitivity test of 48 strains of *Salmonella*

Antibiotics	The number of bacteria corresponding to inhibition zone diameters (mm)																																						
	0	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32													
Penicillin G	11	-	-	1	-	1	-	6	12	8	5	2	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Ampicillin	12	-	-	-	-	-	-	1	2	2	-	3	4	7	8	5	2	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Amoxicillin	5	1	2	1	-	2	1	-	-	-	-	-	-	1	-	4	10	13	3	4	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Cephalexin	-	-	-	-	-	-	-	3	1	2	6	4	9	13	1	8	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Cefotaxime	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	3	4	4	5	2	2	4	3	4	7	3	3	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Cefradine	-	-	-	-	-	1	-	2	4	5	7	8	9	5	3	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Streptomycin	4	-	-	-	1	-	-	-	3	2	2	6	7	10	4	6	1	1	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Kanamycin	15	-	1	-	-	-	-	-	1	5	4	4	5	4	3	2	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Gentamicin	14	-	-	-	-	-	-	1	3	3	7	6	3	4	5	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Amikacin	-	-	-	-	-	-	-	-	3	3	2	8	16	4	8	2	1	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Neomycin	-	-	1	-	4	7	2	1	-	1	2	6	6	9	4	3	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spectinomycin	2	-	-	-	-	-	4	3	7	2	-	5	4	3	1	4	5	3	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Tetracycline	15	-	-	-	3	-	3	3	4	2	8	6	2	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Doxycycline	19	-	3	3	7	8	4	2	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Erythromycin	1	1	3	6	10	16	8	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Azithromycin	1	-	-	-	-	-	2	1	2	4	3	12	14	4	2	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Lincomycin	48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Clindamycin	48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Polymyxin B	-	1	-	-	-	2	7	19	8	7	2	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Florfenicol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	4	6	10	12	7	4	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Enrofloxacin	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2	7	6	3	2	1	3	5	5	5	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Compound sulfamethoxazole	2	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	3	3	10	6	7	5	4	3	2	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rifampicin	37	-	9	1	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

注: -: 无数据

Note: -: No data.

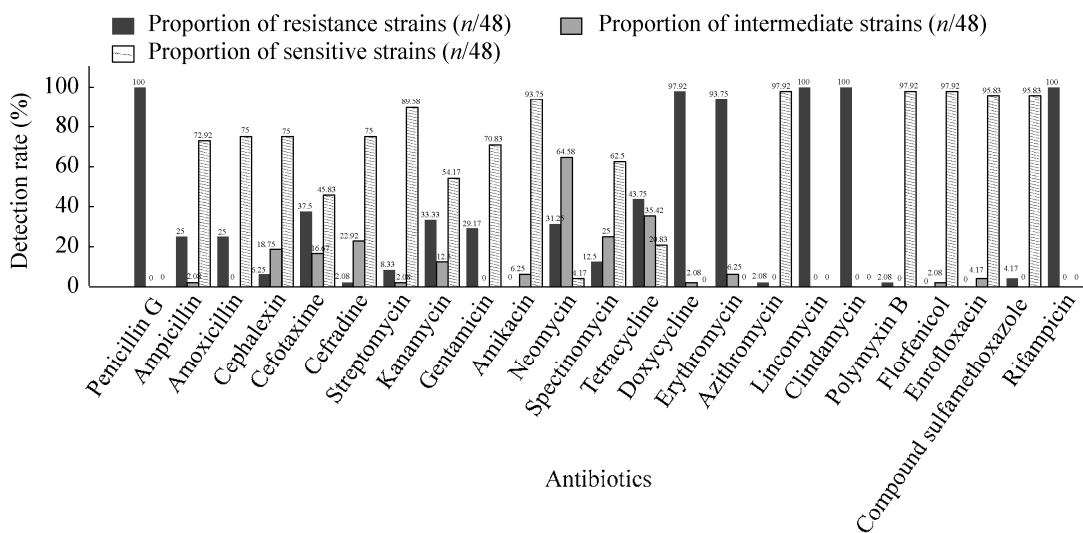


图 3 分离菌株耐药率

Figure 3 Drug resistance rate of the isolated bacteria.

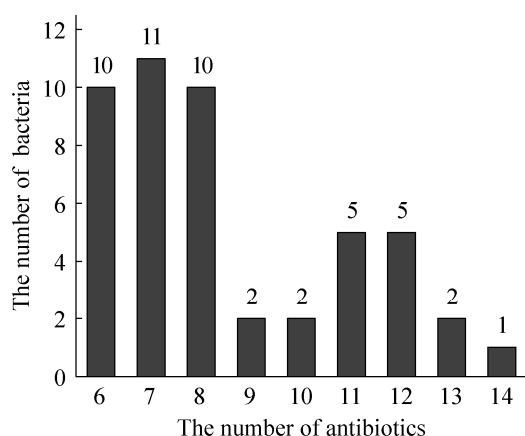


图4 分离菌株多种耐药情况

Figure 4 Multiple drug resistance of the isolates strain.

表5 沙门菌多重耐药谱型

Table 5 Multiple resistant phenotype of *Salmonella*

多重耐药型	抗生素耐药种类	耐药菌株占比
Multiple resistant phenotype	Types of antibiotic resistance	Proportion of drug-resistant strains (%) (n/48)
β-LAC-LIN-RIF	3	100 (48/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI	4	47.92 (23/48)
β-LAC-LIN-RIF-TET	4	97.92 (47/48)
β-LAC-LIN-RIF-MAC	4	93.75 (45/48)
β-LAC-LIN-RIF-POL	4	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-SUL	4	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET	5	45.83 (22/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-MAC	5	43.75 (21/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-POL	5	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-SUL	5	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-TET-MAC	5	91.67 (44/48)
β-LAC-LIN-RIF-TET-POL	5	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-TET-SUL	5	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-MAC-POL	5	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-MAC-SUL	5	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET-MAC	6	41.67 (20/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET-POL	6	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET-SUL	6	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-MAC-POL	6	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-MAC-SUL	6	4.17 (2/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET-MAC-POL	7	2.08 (1/48)
β-LAC-LIN-RIF-AMI-TET-MAC-SUL	7	4.17 (2/48)

注：耐药菌株数为耐同一大类中任意一种或几种抗生素的菌株之和。β-LAC：β-内酰胺类；LIN：林克胺类；RIF：利福霉素类；AMI：氨基苷类；TET：四环素类；MAC：大环内酯类；SUL：磺胺类；POL：多肽类

Note: The number of drug-resistant strains is the sum of strains resistant to any one or more antibiotics in the same category. β-LAC: β-lactam; LIN: Lincomycin; RIF: Rifamycin; AMI: Aminoglycosides; TET: Tetracyclines; MAC: Macrolides; SUL: Sulfonamides; POL: Peptides.

2.3.4 耐药基因检出与耐药表型符合率统计结果

根据公式：耐药基因和耐药表型符合率=(携带耐药基因且同时具有相应耐药表型的菌株数/具有相应耐药表型的菌株数或携带相应耐药基因的菌株数)×100%，对分离的48株鸭源沙门菌进行耐药表型和耐药基因型相关性分析，结果显示，48株分离菌中有14株耐β-内酰胺类抗生素，其中13株含 bla_{TEM} 耐药基因，1株含EBC耐药基因，符合率为29.17% (14/48)；耐四环素类抗生素共有15株，分别为耐 $tetA$ (4株)及 $tetB$ (11株)，符合率为31.25% (15/48)；含磺胺类耐药基因

sul2 的 4 株中, 有 2 株具有相应的耐药表型, 符合率为 50.00%; 耐氨基糖苷类菌株未检出相关耐药基因。

2.4 沙门菌分离株毒力基因检测结果

对分离的 48 株鸭源沙门菌进行 11 种毒力基因 PCR 检测, 结果显示, 共检出毒力基因 10 种 (图 5), 除了 *cdtB* 未检出以及 SPI-2 (*ssaQ*) (85.42%)、*spvB* (60.42%)、*spvC* (60.42%)、*pefA* (62.50%) 和 *stn* (66.67%) 等毒力基因的检出率稍低外, 其余 5 种毒力基因 SPI-1 (*avrA*)、SPI-3 (*mgtC*)、SPI-4 (*siiD*)、SPI-5 (*sopB*) 和 *bcfC* 检出

率均高达 100% (48/48)。毒力基因携带情况统计结果 (表 6) 显示, 共检出毒力基因携带 9 种谱型, 菌株间携带情况复杂多样, 而且检出 10 种毒力基因的菌株占比最高, 达 41.67%。

3 讨论与结论

沙门菌病为禽类养殖过程中的重要疾病之一, 该病原菌可以通过食品引起人食物中毒, 严重威胁人类健康, 其中 *S. enteritidis* 和 *S. typhimurium* 是全球最常见的菌株, 也是与人类沙门菌病相关的最常见血清型^[22]。Yang 等^[23]从

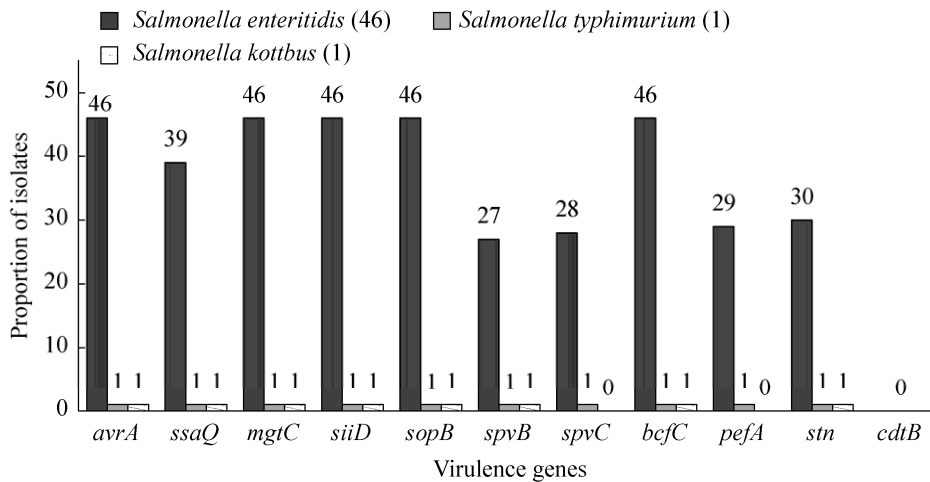


图 5 分离菌株毒力基因检出情况

Figure 5 Detection of virulence genes in isolates strain.

表 6 沙门菌毒力基因谱型

Table 6 Virulence genotype of *Salmonella*

毒力基因型	毒力基因数	菌株数百分比
Virulence genotype	Number of virulence genes	Percentage of strains (%) (n/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC</i>	5	10.42 (5/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ</i>	6	10.42 (5/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-stn</i>	7	10.42 (5/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-spvB-spvC-pefA</i>	8	4.17 (2/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-spvB-stn</i>	8	6.25 (3/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-pefA-stn</i>	8	2.08 (1/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-spvB-spvC-pefA</i>	9	8.33 (4/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-spvC-pefA-stn</i>	9	6.25 (3/48)
<i>avrA-mgtC-siiD-sopB-bcfC-ssaQ-spvB-spvC-pefA-stn</i>	10	41.67 (20/48)

我国山东省济南市和泰安市的 4 个养鸭场和 1 个屠宰场的 2 342 份样品中分离出 49 株沙门菌共计 6 个血清型, 优势血清型为肠炎沙门菌, 而且姚素霞等^[24]对山西省食源性疾病监测来源的 137 株沙门氏菌进行检测发现, 肠炎沙门菌同样为该地区食源性疾病的主要血清型。本研究从云南各地区送检的病死鸭肝脏组织中分离到鸭源沙门菌 48 株, 优势血清型同样为肠炎沙门菌, 表明肠炎沙门菌是云南鸭源沙门菌病中的主要血清型之一, 养殖生产的各环节中应加强对该血清型的监测, 防止其给人类健康安全带来严重危害。

随着高度集约化养殖的发展, 动物疾病的发病率也在不断增加, 抗生素被广泛用于预防和治疗动物细菌性传染病, 由于抗生素长时间、超剂量使用甚至滥用, 大量抗生素及其残留物加速了更多耐药菌株的出现, 这些耐药菌株及耐药基因便可能通过食物链传播给人类, 从而严重威胁人类公共卫生安全。药敏试验结果显示, 本次分离的 48 株鸭源沙门菌共存在 22 种多重耐药谱型, 所有菌株均对 3 类及 3 类以上抗生素耐药, 多重耐药率达 100%, 单株细菌最少对 6 种抗生素耐药, 单株最高可耐 14 种抗生素, 但这些菌株大部分对多肽类、酰胺醇类、喹诺酮类和磺胺类药物敏感, 该结果可能与这些养殖场在饲养过程中不常轮换用药等因素有关。Zeng 等^[25]从我国南北地区共 8 个省份的零售市场随机抽取猪肉 ($n=347$)、鸡肉 ($n=196$) 和鸭肉 ($n=129$) 样品共分离到沙门菌 92 株, 对磺胺类药物的耐药率高达 94.57%, 但本研究中磺胺类药物耐药率仅为 4.17%。Cao 等^[26]从广东省的病鸡、鸭和猪共采集 875 份样品, 鉴定出沙门菌 77 株, 对四环素的耐药率为 62.30%, 多西环素为 46.8%, 但本研究中四环素 43.75% 的耐药率低于该研究, 多西环素却远高于该研究, 达 97.92%, 表明各地

区耐药情况存在较大差异。与其他地区相比, 本次分离的云南鸭源沙门菌多重耐药谱型复杂、多重耐药现象严重, 在临床预防和治疗过程中应做到科学合理、规范使用抗菌药物, 严禁滥用。

作为一种新型的环境污染物, 耐药基因可以在菌株之间垂直传播, 稳定遗传给下一代菌株; 此外, 这些基因可经质粒、转座子或整合子之类的可移动性遗传元件在菌株与菌株、菌株与动物之间水平传播^[27]。本次分离菌携带编码 β -内酰胺类相关基因仅检出 bla_{TEM} 和 EBC, 张林吉^[28]研究发现, 该类耐药基因以 bla_{TEM} 的检出率最高, 但本研究中检出率较之极低; 徐耀辉等^[16]对分离的 9 种血清型(不含鼠伤寒沙门菌) 263 株沙门菌进行头孢类耐药基因检测, 检测到 MOX、DHA、ACC 和 CIT 基因, EBC 基因未检出, 但本研究仅在鼠伤寒沙门菌中检出了 EBC 基因; 本研究四环素类仅检出 $tetA$ 、 $tetB$ 基因, 磺胺类仅检出 $sul2$ 基因, 杨杰^[29]在分离于山东地区的 49 株鸭源沙门菌中未检出四环素类耐药基因, 磺胺类却检出了 $sul1$ 和 $sul2$ 基因。各地区检出情况差异较大, 推测耐药基因携带与血清型差异、宿主差异和地域差异等因素相关。耐药基因检出与耐药表型符合率统计结果表明, 4 类抗生素耐药基因与其相应耐药表型的检出结果差异较大, 如检出 23 株耐氨基糖苷类药物的菌株却未检出相关耐药基因, 耐 β -内酰胺类的所有分离株仅有 14 株检出相关耐药基因, 推测这些菌株存在其他耐药基因甚至其他耐药机制; 而磺胺类检出含相关耐药基因菌株 4 株, 却仅有 2 株表现出相关耐药表型, 推测其中 2 株耐药基因表达水平较低甚至不表达, 不同耐药基因在细菌产生耐药性过程中的表达量存在一定的差异, 表明本次分离的菌株存在较为复杂的耐药机制。

施开创等^[30]研究发现, 致病性沙门菌毒力基因携带量与致病性之间呈正相关。本研究对

48 株鸭源沙门菌分离株的 5 个主要毒力岛核心蛋白基因进行检测, 除 SPI-2 (*ssaQ*) 基因检出率稍低于彭峻烽等^[31]90.91% 的检出率外, 本研究其余 4 个基因在所有菌株中均被检出, 检出率均高于该研究的 *avrA* (93.94%)、*mgtC* (87.88%)、*siiD* (77.78%) 和 *sopB* (83.84%) 的结果, 2 种毒力质粒基因检出率也较该研究 *spvB* (29.29%) 和 *spvC* (11.11%) 高, 表明这些基因在不同血清型间的检出率存在一定的差异。肠毒素 *stn* 的检出率低于任士飞等^[32]在徐州及周边地区鸭源沙门菌中的检出率, 但也表明 *stn* 可能是鸭源不同血清型沙门菌的一个重要毒力因子。陈鸿鹄等^[33]研究发现甲型副伤寒沙门菌细胞致死性肿胀毒素 (cytolethal distending toxin, CDT) *cdtB* 基因能够通过核因子 κ B (Nuclear factor kappa-B, NF- κ B) 信号通路诱导巨噬细胞分泌 IL-6、IL-8 和 TNF- α 而促进相关炎症; 张捷等^[34]对 36 株不同来源的禽类沙门菌毒力基因 *cdtB* 进行检测发现, 该基因仅分布于鼠伤寒沙门菌和胥伐成格隆沙门菌等少数沙门菌血清型中, 但本研究中所有菌株均未检出 *cdtB*, 推测该基因携带情况可能与血清型差异、宿主差异等因素有关。本研究毒力基因携带率高、携带形式复杂多样, 预示这些分离株可能具有较强的毒力和潜在的高致病性。

2014–2020 年云南地区鸭源沙门菌主要优势流行株为肠炎沙门菌, 多重耐药率高达 100%, 毒力基因检出率较高且携带形式复杂, 在养殖生产中应加强沙门菌的防控和净化, 科学合理地使用抗菌药物, 禁止滥用, 避免耐药菌株出现更多的耐药种类。

REFERENCES

- [1] Bennasar A, de Luna G, Cabrer B, Lalucat J. Rapid identification of *Salmonella typhimurium*, *S. enteritidis* and *S. virchow* isolates by polymerase chain reaction based fingerprinting methods[J]. International Microbiology: the Official Journal of the Spanish Society for Microbiology, 2000, 3(1): 31-38
- [2] 杨瑞, 党儒尧, 何云凤, 李蕴玉, 李佩国, 张召兴. 2019 年–2020 年河北地区鸡源沙门菌流行病学调查及耐药性分析[J]. 中国预防兽医学报, 2021, 43(9): 924-929
Yang R, Dang RY, He YF, Li YY, Li PG, Zhang ZX. Epidemiological investigation and drug resistance analysis of *Salmonella* from chicken in Hebei province from 2019 to 2020[J]. Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine, 2021, 43(9): 924-929 (in Chinese)
- [3] Xu YH, Zhou X, Jiang ZH, Qi YR, Ed-Dra A, Yue M. Antimicrobial resistance profiles and genetic typing of *Salmonella* serovars from chicken embryos in China[J]. Antibiotics, 2021, 10(10): 1156
- [4] Gong BY, Li H, Feng YL, Zeng SH, Zhuo ZX, Luo JJ, Chen XK, Li XY. Prevalence, serotype distribution and antimicrobial resistance of non-typhoidal *Salmonella* in hospitalized patients in Conghua district of Guangzhou, China[J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2022, 12: 805384
- [5] 侯水生. 中国水禽业发展现状[J]. 中国畜牧兽医文摘, 2016, 32(9): 2-3
Hou SS. Development status of waterfowl industry in China[J]. China Animal Husbandry and Veterinary Abstracts, 2016, 32(9): 2-3 (in Chinese)
- [6] 章小婷, 郑卫江, 林勇, 袁婧, 姚文. 肉鸭养殖过程中发酵床垫料菌群结构变化的研究[J]. 微生物学通报, 2015, 42(7): 1263-1270
Zhang XT, Zheng WJ, Lin Y, Yuan J, Yao W. Succession of bacterial community in duck bio-bed over time[J]. Microbiology China, 2015, 42(7): 1263-1270 (in Chinese)
- [7] 韩占兵, 黄炎坤. 肉鸭产业开发现状与前景[J]. 科学种养, 2019(5): 43-45
Han ZB, Huang YK. Present situation and prospect of meat duck industry development[J]. Scientific farming, 2019, (5): 43-45(in Chinese)
- [8] Little CL, Richardson JF, Owen RJ, De Pinna E, Threlfall EJ. Prevalence, characterisation and antimicrobial resistance of *Campylobacter* and *Salmonella* in raw poultrymeat in the UK, 2003-2005[J]. International Journal of Environmental Health Research, 2008, 18(6): 403-414
- [9] Niu JL, Peng JJ, Ming YY, Ma QC, Liu WC, Ma Y. Identification of drug resistance genes and drug resistance analysis of *Salmonella* in the duck farm environment of Zhanjiang, China[J]. Environmental

- Science and Pollution Research International, 2020, 27(20): 24999-25008
- [10] 尹皓, 黄毅, 韩和祥. 四川乐山地区种鸭场沙门菌鉴定与耐药性分析[J]. 中国兽医杂志, 2021, 57(7): 67-70
Yin A, Huang Y, Han HX. Serotype identification and drug resistance analysis of *Salmonella* strains from breeding duck farms in Leshan area of Sichuan[J]. Chinese Journal of Veterinary Medicine, 2021, 57(7): 67-70 (in Chinese)
- [11] 仲艳, 王希玉, 李海宾, 冯政, 胡建乐, 费中杰, 杨铜, 钱程, 张凯云, 刘岳龙, 等. 2016年~2018年华东地区家禽沙门菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国预防兽医学报, 2020, 42(6): 549-554
Zhong Y, Wang XY, Li HB, Feng Z, Hu JL, Fei ZJ, Yang T, Qian C, Zhang KY, Liu YL, et al. Isolation, identification and antimicrobial resistance analysis of *Salmonella* from poultry in east China from 2016 to 2018[J]. Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine, 2020, 42(6): 549-554 (in Chinese)
- [12] 曹恬雪, 蒋文灿, 何文成, 纪凤仙, 魏志刚. 沙门氏菌毒力因子的研究进展[J]. 中国预防兽医学报, 2014, 36(4): 331-334
Cao TX, Jiang WC, He WC, Ji FX, Wei ZG. Research progress on virulence factors of *Salmonella*[J]. Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine, 2014, 36(4): 331-334 (in Chinese)
- [13] 中华人民共和国农业部. NY/T 2838—2015 禽沙门氏菌病诊断技术[S]. 北京: 中国标准出版社, 2015
The Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. NY/T 2838—2015 Diagnostic Techniques of Avian Salmonellosis[S]. Beijing: China Standards Press, 2015 (in Chinese)
- [14] 赵鹤庭, 严红亚, 何辉, 罗文华, 字吉祥, 常志顺, 信爱国. 一例鸡源金黄色葡萄球菌的分离鉴定与耐药性分析[J]. 云南畜牧兽医, 2019(4): 5-7
Zhao HT, Yan HY, He H, Luo WH, Zi JX, Chang ZS, Xin AG. Isolation, identification and drug resistance analysis of saureus from chickens in Yunnan[J]. Yunnan Journal of Animal Science and Veterinary Medicine, 2019(4): 5-7 (in Chinese)
- [15] Chuanchuen R, Padungtod P. Antimicrobial resistance genes in *Salmonella enterica* isolates from poultry and swine in Thailand[J]. Journal of Veterinary Medical Science, 2009, 71(10): 1349-1355
- [16] 徐耀辉, 齐亚如, 邓同炜, 卢建洲, 陈益, 张冲, 刘永元, 仝官云, 邢玉玲. 河南地区麻种鸡死胚中沙门菌的分离鉴定与耐药性分析[J]. 中国预防兽医学报, 2018, 40(10): 891-896
Xu YH, Qi YR, Deng TW, Lu JZ, Chen Y, Zhang C, Liu YY, Tong GY, Xing YL. Isolation and antimicrobial resistance identification of *Salmonella* from dead chicken embryos in Partridge Shank breeding farms in Henan[J]. Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine, 2018, 40(10): 891-896 (in Chinese)
- [17] Huehn S, la Ragione RM, Anjum M, Saunders M, Woodward MJ, Bunge C, Helmuth R, Hauser E, Guerra B, Beutlich J, et al. Virulotyping and antimicrobial resistance typing of *Salmonella enterica* serovars relevant to human health in Europe[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2010, 7(5): 523-535
- [18] 王晶钰, 董睿, 王利勤, 芮弦, 陈婷, 李成山, 张三东, 张彦明, 郭抗抗. 市售鲜鸡蛋中沙门氏菌的分离鉴定及毒力岛基因检测[J]. 食品科学, 2012, 33(16): 154-158
Wang JY, Dong R, Wang LQ, Rui X, Chen T, Li CS, Zhang SD, Zhang YM, Guo KK. Isolation, identification and pathogenicity island gene detection of *Salmonella* in commercial eggs[J]. Food Science, 2012, 33(16): 154-158 (in Chinese)
- [19] Tarabees R, Elsayed MSA, Shawish R, Basiouni S, Shehata AA. Isolation and characterization of *Salmonella enteritidis* and *Salmonella typhimurium* from chicken meat in Egypt[J]. Journal of Infection in Developing Countries, 2017, 11(4): 314-319
- [20] 程琼, 庞瑞亮, 王若晨, 苏方超, 刘军军, 李郁. 不同源沙门氏菌对小鼠致病力的比较与毒力基因检测[J]. 中国人兽共患病学报, 2013, 29(5): 460-465
Cheng Q, Pang RL, Wang RC, Su FC, Liu JJ, Li Y. Comparative study on pathogenicity of *Salmonella* isolates from different sources of laboratory mice and the detection of their virulence genes[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2013, 29(5): 460-465 (in Chinese)
- [21] 王德宁. 鸡源沙门氏菌耐药性、致病性与毒力基因相关性分析[D]. 哈尔滨: 东北农业大学硕士学位论文, 2014
Wang DN. Correlation analysis among drug-resistance, pathogenicity and virulence genes of *Salmonella* isolated from chickens[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Agricultural University, 2014 (in Chinese)
- [22] Yang XJ, Huang JH, Zhang YX, Liu SR, Chen L, Xiao C, Zeng HY, Wei XH, Gu QH, Li Y, et al. Prevalence, abundance, serovars and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from retail raw poultry meat in China[J]. Science of the Total Environment, 2020, 713: 136385
- [23] Yang J, Ju ZJ, Yang Y, Zhao XN, Jiang ZY, Sun SH. Serotype, antimicrobial susceptibility and genotype

- profiles of *Salmonella* isolated from duck farms and a slaughterhouse in Shandong province, China[J]. BMC Microbiology, 2019, 19(1): 202
- [24] 姚素霞, 郝瑞娥, 王洋, 张秋香, 杨红霞, 韩吉婷, 秦文彦. 2014–2017 年山西省沙门氏菌分子分型及耐药性研究[J]. 中国人兽共患病学报, 2021, 37(9): 815-820
Yao SX, Hao RE, Wang Y, Zhang QX, Yang HX, Han JT, Qin WY. Analysis of antimicrobial susceptibility and molecular typing of *Salmonella* in Shanxi province during 2014–2017[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2021, 37(9): 815-820 (in Chinese)
- [25] Zeng YB, Xiong LG, Tan MF, Li HQ, Yan H, Zhang L, Yin DF, Kang ZF, Wei QP, Luo LG. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* in pork, chicken, and duck from retail markets of China[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2019, 16(5): 339-345
- [26] Cao TT, Deng GH, Fang LX, Yang RS, Sun J, Liu YH, Liao XP. Characterization of quinolone resistance in *Salmonella enterica* from farm animals in China[J]. Journal of Food Protection, 2017, 80(10): 1742-1748
- [27] Law A, Solano O, Brown CJ, Hunter SS, Fagnan M, Top EM, Stalder T. Biosolids as a source of antibiotic resistance plasmids for commensal and pathogenic bacteria[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 606409
- [28] 张林吉. 徐州地区鸭源沙门菌分离鉴定、耐药性检测、LAMP 检测方法建立及中药防治研究[D]. 扬州: 扬州大学博士学位论文, 2018
Zhang LJ. Drug resistance of *Salmonella* isolates recovered from duck in Xuzhou, establishment of a LAMP method for *Salmonella* detection and control salmonellosis by traditional Chinese medicine[D]. Yangzhou: Doctoral Dissertation of Yangzhou University, 2018 (in Chinese)
- [29] 杨杰. 鸭源沙门菌流行特点及耐药特点分析[D]. 泰安: 山东农业大学硕士学位论文, 2019
Yang J. Epidemiological characteristics and drug resistance characteristics of *Salmonella* strains isolated from ducks[D]. Tai'an: Master's Thesis of Shandong Agricultural University, 2019 (in Chinese)
- [30] 施开创, 黎宗强, 屈素洁, 张珍, 尹彦文, 陆文俊. 鸡源沙门氏菌(*Salmonella*)致病基因与致病性的相关性研究[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, 39(6): 2513-2520
- Shi KC, Li ZQ, Qu SJ, Zhang Z, Yin YW, Lu WJ. Analysis on the relationship between virulence genes and pathogenicity of chicken *Salmonella* isolates[J]. Genomics and Applied Biology, 2020, 39(6): 2513-2520 (in Chinese)
- [31] 彭峻烽, 曾杭, 吴思凡, 邢天, 巫梦雨, 黄勇, 邹立扣, 刘书亮, 韩新锋. 成都地区鸭源沙门氏菌的分离鉴定及其耐药特征、毒力基因分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2018, 34(3): 217-223
Peng JF, Zeng H, Wu SF, Xing T, Wu MY, Huang Y, Zou LK, Liu SL, Han XF. Prevalence, antimicrobial resistance patterns and virulence gene analysis of *Salmonella* spp. originated from ducks in Chengdu area, China[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2018, 34(3): 217-223 (in Chinese)
- [32] 任士飞, 张林吉, 迟兰, 房超. 徐州及周边地区鸭源沙门菌的分离鉴定及其耐药性、毒力基因分析[J]. 畜牧与兽医, 2020, 52(9): 99-104
Ren SF, Zhang LJ, Chi L, Fang C. Isolation, identification, antimicrobial resistance and virulence gene analysis of *Salmonella* from ducks in Xuzhou and its surrounding areas[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2020, 52(9): 99-104 (in Chinese)
- [33] 陈鸿鹄, 吴圆圆, 占利, 梅玲玲. 甲型副伤寒沙门氏菌 *cdtB* 亚基的原核表达及对巨噬细胞 IL-6、IL-8、TNF- α 分泌的影响[J]. 中国人兽共患病学报, 2016, 32(6): 535-538, 546
Chen HH, Wu YY, Zhan L, Mei LL. Cloning and expression of recombinant *Salmonella* paratyphi A cytolethal distending toxin proteins and its effect on cytokine production by human monocyte-derived macrophages[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2016, 32(6): 535-538, 546 (in Chinese)
- [34] 张捷, 畅晓晖, 柳明, 李小林, 万晓楠, 槐硕, 赵琢. 禽类中沙门氏菌 MLST 分型及毒力基因筛查[J]. 食品研究与开发, 2021, 42(13): 174-179
Zhang J, Chang XH, Liu M, Li XL, Wan XN, Huai S, Zhao Z. MLST typing of *Salmonella* in poultry and screening of virulence genes[J]. Food Research and Development, 2021, 42(13): 174-179 (in Chinese)