

时明真, 郝东敏, 崔莹莹, 等. 2017—2023年安徽砀山鸭疫里氏杆菌的血清型与耐药性分析 [J]. 畜牧与兽医, 2024, 56 (5): 113–118.

SHI M Z, HAO D M, CUI Y Y, et al. Serotype and antimicrobial resistance of *Riemerella anatipestifer* from Dangshan Anhui Province from 2017 to 2023 [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 56 (5): 113–118.

2017—2023年安徽砀山鸭疫里氏杆菌的血清型与耐药性分析

时明真¹, 郝东敏², 崔莹莹¹, 刘锦涛¹, 刘俊峰¹, 胡慧¹, 张越¹, 陈丽颖^{1*}

(1. 河南农业大学动物医学院, 河南 郑州 450046;

2. 强英食品集团有限公司, 安徽 砀山 235300)

摘要: 从2017—2023年安徽砀山不同鸭场的病鸭样本中, 共鉴定出120株鸭疫里氏杆菌。血清型鉴定结果显示其最主要的流行血清型为2型, 其次分别是11型、1型。120株鸭疫里氏杆菌分离株呈现多重耐药性, 对多黏菌素B耐药率为100%, 对四环素的耐药率较高(82.7%), 对头孢噻肟耐药率较低(8.5%), 对亚胺培南不耐药(0); 对甲氧苄啶、卡那霉素、四环素、氨苄西林、恩诺沙星、氟苯尼考和环丙沙星的耐药率逐年上升。对多重耐药菌株2020118-AF27进行全基因组测序以及耐药基因分析, 检测到该分离菌有10种不同的耐药基因, 其中9种耐药基因和药敏表型符合。将测序菌株基因组序列经多位点序列分型(MLST)数据库分析, 得到序列型(ST)为ST222。本研究结果为安徽砀山地区鸭疫里氏杆菌病的防控提供了依据。

关键词: 鸭疫里氏杆菌; 血清型; 抗生素耐药; 耐药基因

中图分类号: S858.32

文献标志码: A

文章编号: 0529-5130(2024)05-0113-06

Serotype and antimicrobial resistance of *Riemerella anatipestifer* from Dangshan Anhui Province from 2017 to 2023

SHI Mingzhen¹, HAO Dongmin², CUI Yingying¹, LIU Jintao¹, LIU Junfeng¹, HU Hui¹,
ZHANG Yue¹, CHEN Liying^{1*}

(1. College of Animal Science and Veterinary Medicine, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, China;

2. Qiangying Food Group, Dangshan 235300, China)

Abstract: A total of 120 strains of *Riemerella anatipestifer* were identified from the samples of ducks from different farms in Dangshan, Anhui Province from 2017 to 2023. Serotype identification showed that the most prevalent serotype was type 2, followed by type 11 and type 1. From 2017 to 2023, 120 strains of *Riemerella anatipestifer* isolated from duck farms in Dangshan showed multi-antibiotic resistance, among which the resistance rate to polymyxin B was 100%, the resistance rate to tetracycline was rather high (82.7%), the resistance rate to cefotaxime was quite low (8.5%), and the resistance rate to imipenem was 0. From 2017 to 2023, the resistance rate of the 120 strains of *Riemerella anatipestifer* isolated from ducks in Dangshan to trimethoprim, kanamycin, tetracycline, ampicillin, enrofloxacin, florfenicol and ciprofloxacin were increasing year by year. A multi-antibiotic resistant strain 2020118-AF27 was sequenced by whole genome and antimicrobial resistance gene analysis. Six different antibiotic resistance genes were detected, nine of which were consistent with the antibiotic resistance phenotype. The genome sequence of the sequenced strain was analyzed by MLST database, and the ST type was ST222.

Keywords: *Riemerella anatipestifer*; serotype; antimicrobial resistance; resistance genes

鸭疫里氏杆菌 (*Riemerella anatipestifer*, RA) 属黄杆菌科, 是一种重要的引起家禽和野生水禽疾病的革兰阴性病原菌^[1]。RA引起的感染以纤维性心包炎、肝炎、脑膜炎和腹泻为特征, 导致高感染率和高死亡率, 这种感染给全球养鸭业带来了重大的经济损

失。外膜蛋白 A (OmpA) 是鸭疫里氏杆菌的主要免疫蛋白, 也是 RA 的毒力因子之一, 在不同血清型间具有较好的保守性。RA 血清型众多且各个血清型之间没有交叉保护^[2-3], 至今全球至少有 21 种血清型, 其中血清型 1 型、2 型和 10 型是中国主要流行的血清型^[4-5]。当前治疗 RA 感染的有效方法仍然是抗生素^[6], 然而, 抗生素的滥用或误用会导致细菌多重耐药性 (MDR) 的出现和演变, 严重影响了抗生素临床用药。

了解 RA 的流行及其耐药性是预防和控制鸭疫里

收稿日期: 2023-08-07; 修回日期: 2024-03-16

基金项目: 河南省重点研发项目 (221111111300)

第一作者: 时明真, 女, 硕士研究生

* 通信作者: 陈丽颖, 教授, 博士生导师, 主要从事动物源性食

品安全及其分子病原学研究, E-mail: chliying@henau.edu.cn.

氏杆菌病的重要基础。据报道我国不同地区流行的 RA 菌株对各种抗生素的耐药性具有差异性^[7-9]。因此,本研究针对对 2017—2023 年安徽砀山 RA 分离株进行血清型鉴定、耐药表型检测,并选取 1 株多重耐药菌株进行全基因组测序分析,以期对 RA 感染监测和临床治疗提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品与菌株

2017—2023 年在安徽砀山种鸭以及肉鸭养殖场中分别从病鸭的心脏、脑组织、血液、肝组织等进行细菌分离,共分离出 120 株疑似 RA 分离株,其中 2017 年 3 株,2018 年 26 株,2019 年 28 株,2020 年 20 株,2021 年 18 株,2022 年 21 株,2023 年 4 株。

1.2 主要试剂

RA 参考阳性血清购自齐鲁动物保健品有限公司和南京天邦生物科技有限公司,胰蛋白胨大豆液体培养基(TSB)、大豆酪蛋白琼脂培养基(TSA)购于海博生物技术有限公司,MH(B)、MH(A)购于奥博星生物技术有限公司,胎牛血清购于杭州四季青有限公司,2×Taq MasterMix、DNA Marker 购于诺维赞生物科技股份有限公司,快速革兰染色液购于北京索莱宝公司。卡那霉素、庆大霉素、氨苄西林、亚胺培南、头孢噻肟、氟苯尼考、氯霉素、四环素、多西环素、替加环素、恩诺沙星、环丙沙星、利福平、甲氧苄啶、多黏菌素 B 分别购于北京索莱宝公司和麦克林生化科技有限公司。

1.3 细菌分离与 PCR 鉴定

将疑似 RA 分离株接种于含 10% 牛血清的 TSA 上,置于 5% CO₂ 37 °C 恒温培养箱中培养 24 h。从每个样本中选择具有典型形态的疑似菌落,经革兰染色镜检后再次将疑似菌划线接种于含 10% 牛血清的 TSA,培养后挑取 3~5 个疑似菌落接种于含有 10% 胎牛血清的 TSB,200 r/min 培养 16~18 h。以水煮法提取细菌总 DNA,基于 RA *OmpA* 和 16S rRNA 基因测序对分离菌株进行 PCR 鉴定。所用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)。

OmpA 的 PCR 反应体系为:2×Ripad Taq Master Mix 10 μL, *OmpA*-F 0.5 μL, *OmpA*-R 0.5 μL, DNA 2 μL,加 ddH₂O 补足至 20 μL。PCR 反应程序:94 °C 2 min; 94 °C 30 s, 54 °C 30 s, 72 °C 10 s, 35 个循环; 72 °C 10 min, 4 °C 保存。

16S rRNA PCR 反应体系为:2×Ripad Taq Master Mix 10 μL, 16S rRNA-F 0.5 μL, 16S rRNA-R 0.5 μL, DNA 2 μL,加 ddH₂O 补足至 20 μL。PCR 反应程序:95 °C 3 min; 94 °C 15 s, 55 °C 30 s,

72 °C 15 s, 35 个循环; 72 °C 5 min, 4 °C 保存。

PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,用凝胶成像系统观察并拍照保存。将纯化的 PCR 产物送至北京擎科生物科技有限公司测序,然后在 NCBI 数据库将测序结果进行 BLAST 比对,以确认分离菌的种属。

表 1 *OmpA* 及 16S rRNA 引物序列

引物名称	序列 (5'→3')	大小/bp
<i>OmpA</i> -F	TAGCATCTCTTGGATTCCCTTC	338
<i>OmpA</i> -R	CCAGTTTTTAACCACCATTACCC	
16S rRNA-F	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	1 466
16S rRNA-R	ACGGCTACCTTGTACGACT	

1.4 血清型鉴定

将 120 株 RA 进行玻片凝集试验鉴定其血清型。

1.5 药物敏感性试验

采用美国临床实验室标准化协会(CLSI)提供的微量肉汤稀释法,以大肠杆菌 ATCC 25922 为质控菌株^[10],测定 RA 最小抑菌浓度(MIC)。选取 15 种抗生素:氯霉素、卡那霉素、庆大霉素、氨苄西林、亚胺培南、头孢噻肟、氟苯尼考、四环素、多西环素、替加环素、恩诺沙星、环丙沙星、利福平、甲氧苄啶、多黏菌素 B 进行药物敏感性试验。

1.6 全基因组测序

将 1 株编号为 2020118-AF27 的多重耐药 RA 按照天根细菌基因组提取试剂盒提取其基因组,由武汉希望组生物科技有限公司进行全基因组测序与拼接。

1.7 耐药基因对比分析

使用 RAST 进行线上基因注释,使用 Abriicate 软件在 3 种不同数据库(NCBI、CARD、RESfinder)中搜索该菌株的耐药基因。

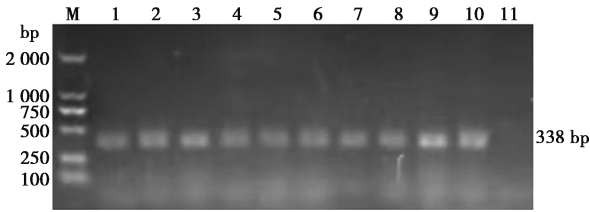
1.8 多位点序列分型(MLST)

将全基因组测序结果上传至 Pubmlst,进行序列型(ST)鉴定。

2 结果与分析

2.1 RA 菌株鉴定

疑似 RA 分离株在血清营养琼脂上长出的菌落呈光滑、透明、露珠状,直径 1~2 mm,斜射对光观察时可见浅蓝色荧光,在麦康凯培养基上不生长。镜检单个或成双排列,革兰染色为红色。将 *OmpA* 基因进行 PCR 扩增得出的条带与目的条带相符(338 bp),如图 1。对 *OmpA* 阳性菌株进行 16S rRNA 基因测序,测序结果经 BLAST 比对结果显示,120 株分离菌株均为 RA。



M. DL2000 DNA Marker; 1~10. 部分分离株; 11. 阴性对照。

图1 部分分离株 OmpA 基因 PCR 产物电泳

2.2 RA 分离株的血清型分布

经玻片凝集试验, 120 个菌株中有 99 个菌株分别属于 8 个血清型: 1 型 (14 株)、2 型 (46 株)、7 型 (3 株)、5 型 (9 株)、11 型 (15 株)、10 型 (3 株)、3 型 (9 株) 和 6 型 (2 株), 见图 2; 其余 21 株未能定型。2017—2023 年安徽砀山 RA 分离株的主要流行血清型为 2 型 (46.5%)、11 型 (15.2%)、1 型 (13.1%), 其中 2 型在 2019 和 2018 年检出较多。

2.3 RA 分离株的耐药性及其变化动态

2017—2023 年在安徽砀山 120 株 RA 分离株对 15 种抗生素的耐药率变化见表 2 和图 3。总体上 120

株 RA 分离株耐药率最高的是多黏菌素 B (100%), 其次是四环素 (82.70%), 对甲氧苄啉、卡那霉素、庆大霉素、氨苄西林、氯霉素、氟苯尼考、多西环素、替加环素、恩诺沙星、环丙沙星和利福平的耐药率介于 14.29% ~ 69.50%, 对头孢噻肟耐药率为 8.5%, 对亚胺培南均不耐受。比较 2017—2023 年的耐药数据, 多黏菌素 B 耐药率均为 100%, 对四环素的耐药率均在 60% 以上, 对亚胺培南耐药率均为 0。

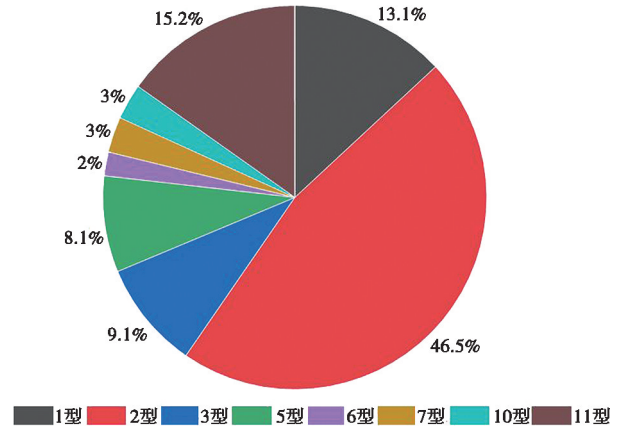


图2 99 株 RA 的血清型分布

表2 RA 分离株对 15 种抗菌药的耐药率

药物名称	2017 年	2018 年	2019 年	2020 年	2021 年	2022 年	2023 年	总耐药率
CHL	0	0	23.10	15.80	8.30	22.22	0	14.29
KAN	100	23.08	38.50	41.70	71.40	61.11	75.00	51.30
GEN	50.00	50.00	57.10	33.30	71.40	50.00	66.70	61.10
AMP	0	34.60	30.80	31.60	46.70	42.10	50.00	36.00
IPM	0	0	0	0	0	0	0	0
CTX	0	88.89	90.00	81.25	61.54	80.00	75.00	8.50
FF	33.30	11.50	11.10	21.10	55.60	54.50	75.00	30.50
TCY	66.70	75.00	100	76.90	85.70	80.95	100	82.70
DOX	66.70	57.70	55.60	68.40	22.20	54.50	66.70	53.40
TGC	0	50.00	80.00	61.50	41.20	52.38	66.70	60.30
ENR	50.00	33.30	61.50	84.60	75.00	87.50	80.00	69.50
CIP	8.30	14.30	27.30	66.70	77.80	55.60	80.00	38.40
RIF	66.70	40.00	46.40	60.00	11.10	40.90	33.30	39.00
TMP	0	30.77	15.38	33.33	64.29	66.67	75.00	44.00
POL	100	100	100	100	100	100	100	100

注: CHL, 氯霉素; KAN, 卡那霉素; GEN, 庆大霉素; AMP, 氨苄西林; IPM, 亚胺培南; CTX, 头孢噻肟; FF, 氟苯尼考; TCY, 四环素; DOX, 多西环素; TGC, 替加环素; ENR, 恩诺沙星; CIP, 环丙沙星; RIF, 利福平; TMP, 甲氧苄啉; POL, 多黏菌素 B。下同。

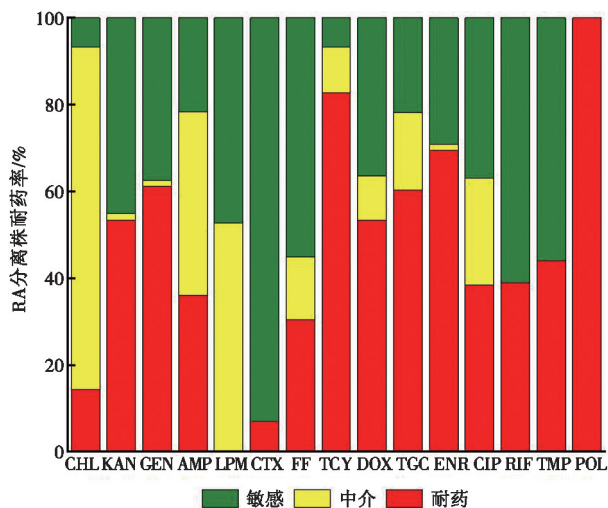


图 3 120 株 RA 分离株的总体耐药情况

株 RA 分离株对多黏菌素 B 耐药率始终为 100%；对卡那霉素、庆大霉素、氨苄西林、氟苯尼考、四环素、恩诺沙星和环丙沙星的耐药率逐年上升，其中升高幅度大的是氨苄西林、氟苯尼考、环丙沙星和甲氧苄啉；对头孢噻肟、多西环素和替加环素的耐药率随年份变化不大；对利福平的耐药率出现逐年下降趋势。2017 年 RA 分离菌对氨苄西林、头孢噻肟、替加环素、甲氧苄啉不耐药，而 2018 年 RA 分离菌对该 4 种药物耐药率从 0 到表现为不同程度的耐药 (30%~88.89%)。

120 株 RA 分离株普遍存在严重的多重耐药现象 (90.83%)，120 株 RA 分离株最少耐 3 种抗生素，最多耐 13 种抗生素。其中大部分 RA 分离株同时耐受 3~6 种抗生素 (10.83%~20%)，最常见的是 3 种 (20%)，如表 3 所示。

从耐药趋势来看，2017—2023 年所分离的 120

表 3 120 株 RA 分离株的多重耐药性

指标	多重耐药数										
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
菌株数	24	13	13	16	3	7	7	7	5	2	5
比例/%	20.00	10.83	10.83	13.33	2.50	5.83	5.83	5.83	4.17	1.67	4.17

2.4 测序菌株药物敏感性

用微量肉汤稀释法测得菌株 2020118-AF27 对 15 种抗菌药的最小抑菌浓度，结果见表 4。该菌株对氯霉素、卡那霉素、庆大霉素、氨苄西林、头孢噻肟、氟苯尼考、多黏菌素 B、四环素、多西环素、替加环素、恩诺沙星、环丙沙星、利福平、甲氧苄啉等 14 种抗生素均表现为耐药，对亚胺培南表现为敏感。

2.5 测序菌株耐药基因分析

RA 分离株 2020118-AF27 经全基因组测序分析，并通过 CGE 和 RAST 检索该菌携带的耐药基因，发现其共携带 10 个耐药基因，包括 β-内酰胺类耐药基因 *blaOXA-209*，四环素类耐药基因 *tet (X6)*、*tet (X)*，大环内酯类耐药基因 *ereD*、*estT*，酰胺醇类耐药基因 *floR*，万古霉素耐药基因 *vanT*，氨基糖苷类耐药基因 *ranb*、*ranA*，林可酰胺类耐药基因 *lnuH*。其中酰胺醇类耐药基因 *floR* 存在多拷贝。

该测序菌株共有 10 种耐药基因，本研究检测了该菌株对 15 种药物的敏感情况，15 种药物的表型和该菌株的 6 种耐药基因对应，其中 5 种耐药基因与其抗生素类型的耐药表型表现一致，而该菌携带 β-内酰胺类耐药基因 *blaOXA-209* 对亚胺培南表现为不耐药，具体见表 5。

表 4 测序菌株的药物敏感性试验结果

抗生素	MIC/ (μg · mL ⁻¹)	敏感性判定
氯霉素	16	R
卡那霉素	128	R
庆大霉素	64	R
氨苄西林	4	R
亚胺培南	0.062 5	S
头孢噻肟	0.125	R
氟苯尼考	8	R
多黏菌素 B	128	R
四环素	8	R
多西环素	1	R
替加环素	8	R
恩诺沙星	4	R
环丙沙星	4	R
利福平	128	R
甲氧苄啉	4	R

注：S 表示敏感，R 表示耐药。

2.6 MLST 分型

将测序菌株 2020118 - AF27 基因组上传至 Pubmlst，确定其为 ST222 型。

表5 RA的耐药基因与耐药表型

抗生素类型	耐药基因	抗生素名称	耐药表型	一致性
氨基糖苷类	<i>ranA</i>	卡那霉素	耐药	一致
	<i>ranB</i>	庆大霉素	耐药	一致
β-内酰胺类	<i>blaOXA-209</i>	氨苄西林	耐药	一致
		亚胺培南	不耐药	不一致
		头孢噻肟	耐药	一致
酰胺醇类	<i>floR</i>	氟苯尼考	耐药	一致
		氯霉素	耐药	一致
四环素类	<i>tet (X)</i> <i>tet (X6)</i>	四环素	耐药	一致
		多西环素	耐药	一致
		替加环素	耐药	一致

3 讨论

本试验对2017—2023年安徽砀山地区从病鸭的心脏、脑、血液、肝组织等共分离出的120株RA进行了血清型鉴定、药物敏感性检测，并选择1株多重耐药菌株进行全基因组测序分析。在分离得到的120株RA中，1型（14株）、2型（46株）和11型（15株）为优势血清型。2017—2023年期间安徽砀山血清型分布复杂，与我国主要血清型是1、2型^[11]相符合。

120株RA表现出多重耐药性，对氨基糖苷类（庆大霉素、卡那霉素）、四环素类（四环素、多西环素、替加环素）、喹诺酮类（恩诺沙星、环丙沙星）耐药性都较强。大部分RA分离株对酰胺醇类（氟苯尼考、氯霉素）、β-内酰胺类（氨苄西林、头孢噻肟）敏感。所有RA分离株对多黏菌素耐药，对新型β-内酰胺类（亚胺培南）敏感，这与Li等^[12]研究的结果相符。多黏菌素被认为是抵抗碳青霉烯类耐药病原菌致命感染的最后手段，而RA对多黏菌素普遍耐药。Chen等^[13]鉴定出RA中编码脂质A-PEA转移酶（EptA）基因，证明EptA参与黏菌素耐药性和致病性，并在黏菌素选择压力下，关键氨基酸P309K的突变可能会增加黏菌素耐药性从RA向其他革兰阴性菌的传播。

有报道显示，2018—2019年苏北及周边地区鸭养殖场分离的RA对环丙沙星、多西环素、氟苯尼考高度敏感^[14]。商丘市养鸭场病鸭分离出的6株RA对卡那霉素、氟苯尼考、诺氟沙星、恩诺沙星高度敏感^[15]。本研究中安徽砀山的鸭养殖场RA分离株对环丙沙星、恩诺沙星、多西环素、氟苯尼考有不同程度的耐药，对卡那霉素有较高的耐药性，说明RA具有地域性耐药的特点，不同地区的耐药谱也不尽相同，同时表现出多重耐药性。这种差异可能与地区不

同的用药习惯有关。

本研究中，2017—2023年安徽砀山分离的120株RA分离株对氨苄西林、氟苯尼考、恩诺沙星和甲氧苄啶这4种抗生素随年份其耐药率升高幅度较大，可能是由于该地区频繁用药，导致耐药率大幅升高，因此当地应减少这4种抗生素的使用。多重耐药结果分析可得：120株RA分离株最多耐13种抗生素。现阶段主要是靠抗生素来预防和治疗鸭疫里氏杆菌病，但是近年来研究表明RA对抗生素耐药情况越来越严重，出现多重耐药并其耐药谱不断扩大^[16-17]。

RA流行情况十分复杂，在环境上难以清除，这使得RA的检测及防控变得极为困难^[18]。为了解其耐药基因携带情况，选取1株多重耐药的RA进行全基因组测序，共检测出10个耐药基因，其中1个耐药基因与耐药表型不符合：β-内酰胺类耐药基因*blaOXA-209*，在测序菌株的基因组中检测到这种耐药基因，并且经PCR验证其存在，但是该菌株对亚胺培南这种新型β-内酰胺类药物并不表现耐药，可能和耐药基因的遗传环境有关。

综上，本研究确定2017—2023年安徽砀山120株RA分离株的优势血清型为1、2、11型，RA耐药情况严峻，存在多重耐药情况，该研究结果为指导安徽砀山地区鸭养殖场防治鸭疫里氏杆菌病具有重要意义。

参考文献：

- [1] 冯雅婷, 朱敏, 刘丹, 等. 鸭疫里氏杆菌流行菌株的分离鉴定及生物学特性 [J]. 微生物学通报, 2022, 49 (11): 8.
- [2] KANG M, SEO H S, SOH S H, et al. Immunogenicity and safety of a live *Riemerella anatipestifer* vaccine and the contribution of IgA to protective efficacy in Pekin ducks [J]. Vet Microbiol, 2018, 222: 132-138.
- [3] CHU C Y, LIU C H, LIU J J, et al. Development of a subunit vaccine containing recombinant *Riemerella anatipestifer* outer membrane protein A and CpG ODN adjuvant [J]. Vaccine, 2015, 33 (1): 92-99.
- [4] HU Q, DING C, TU J, et al. Immunoproteomics analysis of whole cell bacterial proteins of *Riemerella anatipestifer* [J]. Vet Microbiol, 2012, 157 (3/4): 428-438.
- [5] WANG X, LIU W, ZHU D, et al. Comparative genomics of *Riemerella anatipestifer* reveals genetic diversity [J]. BMC Genomics, 2014, 15 (1): 479.
- [6] VO T T, DANG V T, LE D H, et al. Identification, serotyping, and antimicrobial susceptibility of *Riemerella anatipestifer* isolated from ducks in Vietnam [J]. Open Vet J, 2022, 12 (3): 391-398.
- [7] CHANG F F, CHEN C C, WANG S H, et al. Epidemiology and anti-tiogram of *Riemerella Anatipestifer* isolated from waterfowl slaughterhouses in Taiwan [J]. J Vet Res, 2019, 63 (1): 79-86.

- [8] XIHUI Z, YANLAN L, ZHIWEI W, et al. Antibiotic resistance of *Riemerella anatipestifer* and comparative analysis of antibiotic-resistance gene detection methods [J]. *Poult Sci*, 2023, 102 (3): 102405.
- [9] LYU Z, HAN S, LI J, et al. Epidemiological investigation and drug resistance characteristics of *Riemerella anatipestifer* strains from large-scale duck farms in Shandong Province, China from March 2020 to March 2022 [J]. *Poult Sci*, 2023, 102 (7): 102759.
- [10] HUMPHRIES R, BOBENCHIK A M, HINDLER J A, et al. Overview of changes to the clinical and laboratory standards institute *Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing*, M100, 31st Edition [J]. *J Clin Microbiol*, 2021, 59 (12): e0021321.
- [11] ZHAI Z, LI X, XIAO X, et al. Immunoproteomics selection of cross-protective vaccine candidates from *Riemerella anatipestifer* serotypes 1 and 2 [J]. *Vet Microbiol*, 2013, 162: 850-857.
- [12] LI R, JIANG Y, PENG K, et al. Phenotypic and genomic analysis reveals *Riemerella anatipestifer* as the potential reservoir of tet (X) variants [J]. *J Antimicrob Chemother*, 2022, 77 (2): 374-380.
- [13] CHEN Q, QUAN H, YU Y, et al. EptA of *Riemerella anatipestifer* mediates phenotypes involved in colistin resistance and virulence [J]. *Faseb J*, 2023, 37 (5): e22928.
- [14] 王卓昊, 胡紫萌, 吴坤, 等. 苏北及周边地区鸭疫里默氏杆菌分离鉴定与药敏试验 [J]. *畜牧与兽医*, 2019, 51 (12): 70-75.
- [15] 刘传辉, 韩楠. 鸭疫里默氏杆菌商丘流行株的分离鉴定及耐药性分析 [J]. *中国兽医杂志*, 2022, 58 (8): 64-68.
- [16] 顾庆林, 包涛涛, 鲜思美, 等. 23株鸭疫里默氏杆菌贵州株的耐药及耐消毒剂基因分析 [J]. *中国预防兽医学报*, 2023, 45 (1): 95-99.
- [17] 关椿久, 朱寅初, 郑雪, 等. 鸭疫里默氏杆菌耐药现状及耐药机制研究进展 [J]. *中国家禽*, 2022, 44 (2): 87-95.
- [18] TAO M, WANG J, LI K, et al. Development of signature-tagged mutagenesis in *Riemerella anatipestifer* to identify genes essential for survival and pathogenesis [J]. *Vet Microbiol*, 2020, 250: 108857.