

王丽群, 许诺, 吴菁菁, 等. 2023年苏南地区水禽源沙门菌的检测及耐药性分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (9): 73-80.

WANG L Q, XU N, WU J J, et al. Detection and antibiotic resistance analysis of *Salmonella* from waterfowl in southern Jiangsu in 2023 [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (9): 73-80.

2023年苏南地区水禽源沙门菌的检测及耐药性分析

王丽群¹, 许诺¹, 吴菁菁², 张凯³, 张智骞¹, 邱冬¹, 许志芹¹

(1. 江苏农林职业技术学院畜牧兽医学院, 江苏 句容 212400;

2. 句容市郭庄畜牧兽医站, 江苏 句容 212400;

3. 南京市溧水区畜牧兽医站, 江苏 南京 211200)

摘要: 旨在调查江苏南部地区水禽养殖场中沙门菌的感染情况及其耐药特性, 揭示其主要血清型和序列型 (ST) 特征, 并分析广泛耐药 (XDR) 菌株的耐药基因分布。采集苏南地区水禽样本, 采用细菌分离培养、PCR 鉴定、血清型鉴定和多位点序列分型 (MLST) 对沙门菌进行鉴定, 采用 K-B 纸片法进行耐药性检测, 并对 XDR 菌株进行全基因组检测。结果: 在 257 份水禽样本中, 分离到 30 株沙门菌, 阳性率为 11.67%。血清型鉴定显示包含 27 株鼠伤寒、2 株肠炎和 1 株纽波特沙门菌, ST 分型包括 19 株 ST19、4 株 ST2441、2 株 ST1546、2 株 ST40、2 株 ST34 和 1 株 ST68; 30 株细菌包含 9 株多重耐药 (MDR) 和 3 株 XDR 菌株, 耐药性检测结果显示出对 β -内酰胺类的耐药性较高。3 株 XDR 菌株同时携带针对氨基糖苷类、 β -内酰胺类、氯霉素类、喹诺酮类、四环素类和磺胺类抗生素的多种耐药基因。综上, 苏南地区水禽源沙门菌显示出高水平的耐药性和多样的基因型分布。

关键词: 水禽沙门菌; MLST; 耐药性; 全基因组测序

中图分类号: S852.6 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)09-0073-08

Detection and antibiotic resistance analysis of *Salmonella* from waterfowl in southern Jiangsu in 2023

WANG Liqun¹, XU Nuo¹, WU Jingjing², ZHANG Kai³, ZHANG Zhisu¹, QIU Dong¹, XU Zhiqin¹

(1. School of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Jiangsu Vocational College of Agriculture and Forestry, Jurong 212400, China;

2. Guozhuang Animal Husbandry and Veterinary Station, Jurong City, Jurong 212400, China;

3. Nanjing Lishui District Animal Husbandry and Veterinary Station, Nanjing 211200, China)

Abstract: This study aimed to examine the prevalence and resistance characteristics of *Salmonella* in waterfowl farms in southern Jiangsu Province, to identify its predominant serotypes and sequence types (ST), and to analyze the distribution of resistance genes in the extensively drug-resistant (XDR) strains. Samples were collected from waterfowl sources in southern Jiangsu Province for bacterial isolation and culture, PCR identification, serotype determination, and for MLST typing. The K-B disk diffusion method was used for antimicrobial susceptibility testing. The whole-genome sequencing technology was used to test the drug resistance of the isolated *Salmonella* strains. The results were as follows: From 257 waterfowl samples, 30 *Salmonella* strains were isolated, with a positive rate of 11.67%. The serotypes identified include 27 typhoidal strains, 2 enteritis strains, and 1 Newport strain. The ST typing revealed 19 strains of ST19, 4 of ST2441, 2 of ST1546, 2 of ST40, 2 of ST34, and 1 of ST68. Among these, 9 strains exhibited MDR, and 3 strains were classified as XDR, showing a high resistance to β -lactam antibiotics. The XDR strains carried multiple resistance genes targeting aminoglycosides, beta-lactams, chloramphenicol, quinolones, tetracyclines, and sulfonamide antibiotics. In conclusion, *Salmonella* strains in waterfowl farms in southern Jiangsu exhibited high levels of drug resistance and genetic diversity.

Keywords: waterfowl *Salmonella*; MLST; drug resistance; whole genome sequencing

收稿日期: 2024-11-12; 修回日期: 2025-06-25

基金项目: 江苏农林职业技术学院科技研究一般项目 (2020kj061); 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目 (2024D01A128)

第一作者: 王丽群, 女, 硕士, 高级实验师, 研究方向为畜禽病防治, E-mail: kankatong@163.com.

沙门菌是一种重要的食源性病原菌，普遍存在于全球家禽养殖业中，对人类健康和经济造成重大威胁。沙门菌能定殖在家禽的消化道中，通过粪便传播到环境中，从而导致饲养链中的交叉污染，增加食品安全风险^[1]。家禽感染或携带沙门菌会给家禽养殖业造成了巨大的损失^[2]。在家禽加工链的养殖、运输和屠宰各个环节过程中，沙门菌的污染依然严重^[3]。沙门菌是一种革兰阴性菌，目前其分类依据主要包括血清型和序列型（ST）。血清型分类基于鞭毛抗原 H 和体抗原 O，目前已鉴别出超过 2 600 种血清型，常见的血清型包括肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌等^[4-5]。而 ST 型则基于多位点序列分型（MLST），通过分析 7 个保守基因的序列变化，对沙门菌进行精确分型^[6]。

近年来，沙门菌的耐药性问题在家禽养殖业中普遍存在。国外研究表明沙门菌在家禽中，尤其是鸡的检出率较高，且分离株对 β -内酰胺类等抗生素表现出较高的耐药性^[7]。水禽沙门菌的阳性率在不同省份呈现显著差异。华南地区的研究显示，鸭场分离株的流行率（19.17%）显著高于鸡场（6.61%）和猪场（3.50%），分离株中 75.26% 分离株具有多重耐药性，常见的耐药基因包括对 β -内酰胺类抗生素产生耐药的 *blaTEM* 和 *blaCTX-M* 基因，以及对喹诺酮类抗生素产生耐药的 *qnrB* 基因^[8]。在广东省的多个地区，鸭和鹅的沙门菌阳性率分别为 15.9% 和 13.4%，显著高于鸡的阳性率（约 7.6%）^[9]。研究显示我国广西肉类市场中，鸡肉和鸭肉中的沙门菌检出率分别为 13.91% 和 15.94%，且 87.58% 沙门菌分离株对至少一种抗菌药物具有耐药性，57.79% 分离株表现出多重耐药性（MDR）^[10]。对我国东北地区鹅场的检测结果显示，沙门菌的阳性率为 8.6%，95% 分离株同时对至少 2 种抗菌药物耐药^[11]。从我国 39 个城市的零售市场分离到的 667 份沙门菌中，主要血清型包括肠炎沙门菌（32.7%）、印第安纳沙门菌（14.2%）和鼠伤寒沙门菌（11.9%）^[12]。水禽沙门菌的传播机制与其栖息环境高度相关。研究表明，水禽尤其是鸭场和鹅场中，沙门菌可以通过粪便污染水源等途径在环境中长期存活。这些菌株不仅会感染水禽本身，还会对水禽饲养系统形成持续性的污染威胁^[13]。此外，不同沙门菌血清型在抗生素耐药性方面的差异显著，因此在监测和控制沙门菌传播时还需注重特定血清型的耐药性特点^[14]。

目前，我国水禽养殖业产量仍在持续增长，为了探究水禽中沙门菌耐药性的变化，本文对苏南部分地区的水禽养殖场进行采样，并分析了沙门菌检出率、血清型、耐药性和耐药基因的表达。

1 材料与方法

1.1 主要仪器与试剂

麦康凯培养基购自 Biosharp 生物有限公司，药敏纸片购自杭州微生物试剂公司，沙门菌诊断血清购自宁波天润生物药业有限公司。细菌基因组 DNA 提取试剂盒购自诺唯赞生物有限公司。引物合成和管家基因测序由南京擎科生物公司提供，细菌全基因组测序由南京生工有限公司完成。

1.2 菌株的分离与鉴定

本研究于 2023 年在江苏省苏南地区的家禽养殖场和活禽市场共采集 257 份代表性样本，包括养鸭场鸭源样本 142 份和养鹅场鹅源样本 54 份，活禽市场鸭源样本 41 份和鹅源样本 20 份。样本运输至实验室后，使用四硫磺酸盐肉汤进行增菌培养。随后接种于麦康凯培养基上，利用三区划线法进行分离培养，选择可疑的白色菌落作为初代细菌。初代分离后，将单个菌落连续进行三代纯化，以确保获得纯净的可疑沙门菌菌株。采用煮沸法提取细菌基因组，参考文献 [15] 方法利用多重 PCR 技术对提取的基因组 DNA 进行沙门菌特异性基因的扩增，多重 PCR 反应体系总量为 25 μ L，包括模板 DNA、引物混合物和预混体系，使用无菌水补足。PCR 程序为：94 $^{\circ}$ C 5 min；94 $^{\circ}$ C 30 s，55 $^{\circ}$ C 30 s，72 $^{\circ}$ C 45 s，共 35 个循环；72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。反应完成后，通过琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物。对于仅携带沙门菌属特异性基因 *hut* 的菌株采用 16S rRNA 的基因测序鉴定^[16]。

1.3 药敏试验

采用 K-B 纸片扩散法检测沙门菌对 21 种抗菌药物的敏感性。将待测沙门菌菌株培养至对数生长期后，用无菌棉签均匀涂布于穆勒-辛顿琼脂平板上，随后将 21 种药物纸片均匀放置在培养基表面，保持一定间隔。以沙门菌标准株（ATCC 14028）作为对照菌株，同步进行药敏测试，以便校准试验结果的准确性。培养皿在 37 $^{\circ}$ C 培养 16~18 h 后观察结果，通过测量抑菌环直径并参考美国临床与实验室标准化协会（CLSI）2023 版（M100-Ed33）标准判断沙门菌对各药物的敏感性。沙门菌耐药性判定：多重耐药（MDR）、广泛耐药（XDR）和敏感（S）的药敏判定依据不同抗生素类别的耐药性和文献标准^[16]。MDR 定义为沙门菌对 3 种或 3 种以上抗生素类别表现出耐药性；XDR 则表示对 4 种及以上所有抗生素类别耐药；敏感（S）表示仅对 1 种或 2 种类别敏感。

1.4 MLST 管家基因及引物

选择 7 个沙门菌的管家基因包括芳香族氨基酸合

成酶基因 (*aroC*)、DNA 聚合酶 III β 亚基编码基因 (*dnaN*)、吡啉合成酶基因 (*hemD*)、组氨酸合成酶基因 (*hisD*)、嘌呤合成酶基因 (*purE*)、 α -酮戊二酸脱氢酶 E1 组分编码基因 (*sucA*) 以及苏氨酸合成酶基因 (*thrA*)。作为目标。根据 MLST 数据库提供的序列, 合成各基因的特异性引物 (表 1)。试剂盒提取沙门菌基因组 DNA 后, 将其作为 PCR 扩增的模板。PCR 反应体系包括基因组 DNA、管家基因引物和预混体系, 反应程序为: 94 $^{\circ}\text{C}$ 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 52 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min, 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 10 min。扩增产物通过琼脂糖凝胶电泳确认后, 纯化并送测序公司进行双向测序。将测序得到的序列上传至 MLST 数据库 (<https://enterobase.warwick.ac.uk/>) 比对, 获得各管家基因的等位基因序列号, 从而确定沙门菌的序列分型。MLST 的聚类分析通过 PHYLOViZ Online 在线网站生成。

表 1 MLST 试验所用扩增引物信息

管家基因	引物序列 (5'→3')	产物大小/bp
<i>aroC</i>	F: CCTGGCACCTCGCGCTATACT	826
	R: CCACACACGGATCGTGGCC	
<i>dnaN</i>	F: ATGAAATTTACCGTTGAACGTGA	833
	R: AATTTCTCATTCGAGAGGATTGC	
<i>hemD</i>	F: ATGAGTATTCTGATCACCCG	666
	R: ATCAGCGACCTTAATATCTTGCCA	
<i>hisD</i>	F: GAAACGTTCCATTCGCGCAGAC	894
	R: CTGAACGGTATCCGTTTCTG	
<i>purE</i>	F: ATGTCTTCCCGCAATAATCC	510
	R: TCATAGCGTCCCCCGGGATC	
<i>sucA</i>	F: AGCACCGAAGAGAAACGCTG	643
	R: GGTGTGTGATAACGATACGTAC	
<i>thrA</i>	F: GTCACGGTGATCGATCCGGT	852
	R: CACGATATTGATATTAGCCCG	

1.5 血清分型

使用来自宁波天润生物药业有限公司的沙门菌诊断血清对沙门菌进行血清型检测。首先将沙门菌纯培养物制成菌悬液, 选择适宜浓度的菌液涂布在洁净玻片上。随后, 按标准操作依次滴加 O 抗原和 H 抗原诊断血清, 轻轻摇动玻片以充分混合, 观察是否出现凝集反应。根据凝集结果, 通过比对已知血清型的标准特征, 确定沙门菌的具体血清型。

1.6 全基因组的提取、测序及耐药基因检测

对 XDR 菌株进行全基因组测序, 将提取的沙门菌基因组 DNA 通过机械方法随机打断为约 200 ~ 500 bp 的片段。连接接头并构建测序文库后, 使用 Illumina 二代测序平台进行高通量测序。测序数据经过

质量控制和去除低质量序列后, 使用 SPAdes 软件进行基因组拼接。所得基因组序列与耐药基因数据库 (<http://genepi.food.dtu.dk/>) 进行比对, 以鉴定并注释可能的耐药基因。

1.7 数据统计与分析

图表绘制与可视化分析由 GraphPad Prism 8 软件完成, 包括药敏抑菌圈直径的统计图、耐药谱展示及多重耐药菌株比例图等。多位点序列分型 MLST 所得数据通过 Enterobase 数据库 (<https://enterobase.warwick.ac.uk/>) 进行等位基因序列比对, 获得 ST 图片分型; 序列型聚类分析采用 PHYLOViZ Online (<https://online.phyloviz.net/>) 在线工具生成邻接树图, 对分离株间的遗传关系进行聚类分析。XDR 菌株的全基因组序列拼接使用 SPAdes 软件, 耐药基因组注释比对通过 ResFinder (<https://genepi.food.dtu.dk/>) 平台进行。

2 结果

2.1 沙门菌分离株血清型与 ST 型鉴定

苏南地区总计采样代表性样本 257 份, 总计检测出沙门菌阳性菌株 30 株 (编号为 SA1~SA30), 沙门菌检出总体阳性率为 11.67%, 其中鸭源菌株 25 株, 鹅源分离株 5 株。ST 分型结果显示, ST19 分型沙门菌 19 株 (63.33%), ST2441 分型沙门菌 4 株 (13.33%), ST34 分型沙门菌 2 株 (6.67%), ST40 分型沙门菌 2 株 (6.67%), ST1546 分型沙门菌 2 株 (6.67%), ST68 分型沙门菌 1 株 (3.33%) (表 2, 图 1A)。血清型结果显示, 27 株 (90%) 为鼠伤寒沙门菌, 2 株为肠炎沙门菌 (6.67%), 1 株为纽波特沙门菌 (3.33%) (表 2, 图 1B)。聚类分析结果显示, 存在一种血清型对应多种 ST 型的现象, 其中鼠伤寒血清型包含 ST19、ST2441、ST34 和 ST40 分型沙门菌; 肠炎血清型为 ST1546 分型, 而纽波特血清型为 ST68 分型。

2.2 沙门菌分离株药物敏感性鉴定

总计 21 种抗生素和八大类抗生素的药敏试验结果显示, 30 株分离株最少对 1 种抗生素耐药, 最多对 10 种抗生素耐药 (图 2A)。沙门菌多重耐药率为 40%, 其中, XDR 菌株为 3 株, MDR 菌株为 9 株 (图 2B, 表 2)。

沙门菌具体耐药表型如下: 分离株对 β -内酰胺类 4 种药物均出现耐药菌株, 其中氨苄西林耐药占比 30%, 羧苄西林耐药占比 40%, 苯唑西林耐药占比 100%, 青霉素耐药占比 83.33%; 头孢类 7 种药物中, 分离株对头孢拉定 (20%), 头孢唑啉 (16.67%)、头孢氨苄 (20%) 和头孢呋辛 (6.67%)

出现耐药菌株；多肽类的多黏菌素 B 耐药占比 3.33%；喹诺酮类中环丙沙星出现耐药菌株；氨基糖苷类的庆大霉素、新霉素和卡那霉素出现耐药菌株；

四环素类的多西环素耐药占比 36.67%；硝基呋喃类的呋喃唑酮耐药占比为 30%；磺胺类的复方新诺明的耐药占比为 6.67%。

表 2 苏南地区水禽源沙门菌分离株耐药性血清型、ST 型及其对应的等位基因号

菌株	来源	采样时间	血清型	ST 型	耐药	管家基因						
						1	2	3	4	5	6	7
SA1	鸭胚	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA2	鸭肛拭	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA3	鸭胚	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA4	鸭胚	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA5	病死鸭	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA6	鸭肛拭	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA7	病死鹅	2023 年 1 月	鼠伤寒	2441	S	10	500	15	31	25	20	33
SA8	鸭肛拭	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA9	鸭胚	2023 年 5 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA10	鸭胚	2023 年 5 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA11	鸭肛拭	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA12	鹅胚	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA13	鹅胚	2023 年 3 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA14	鸭胚	2023 年 5 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA15	鸭胚	2023 年 5 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA16	鸭胚	2023 年 7 月	鼠伤寒	34	XDR	10	19	12	9	5	9	2
SA17	鸭胚	2023 年 7 月	鼠伤寒	40	XDR	19	20	3	20	5	22	22
SA18	病死鹅	2023 年 8 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA19	病死鸭	2023 年 8 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA20	病死鹅	2023 年 8 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA21	病死鸭	2023 年 8 月	鼠伤寒	40	S	19	20	3	20	5	22	22
SA22	鸭胚	2023 年 5 月	鼠伤寒	34	XDR	10	19	12	9	5	9	2
SA23	病死鸭	2023 年 5 月	纽波特	68	S	36	31	34	14	26	34	8
SA24	病死鸭	2023 年 6 月	鼠伤寒	19	S	10	7	12	9	5	9	2
SA25	病死鸭	2023 年 6 月	鼠伤寒	19	MDR	10	7	12	9	5	9	2
SA26	病死鸭	2023 年 10 月	肠炎	1546	S	41	393	79	490	76	169	177
SA27	病死鸭	2023 年 10 月	鼠伤寒	2441	MDR	10	500	15	31	25	20	33
SA28	鸭肛拭	2023 年 3 月	鼠伤寒	2441	S	10	500	15	31	25	20	33
SA29	鸭胚	2023 年 9 月	鼠伤寒	2441	MDR	10	500	15	31	25	20	33
SA30	鸭胚	2023 年 9 月	肠炎	1546	MDR	41	393	79	490	76	169	177

注：管家基因 1 为 *aroC*，2 为 *dnaN*，3 为 *hemD*，4 为 *hisD*，5 为 *purE*，6 为 *sucA*，7 为 *thrA*。

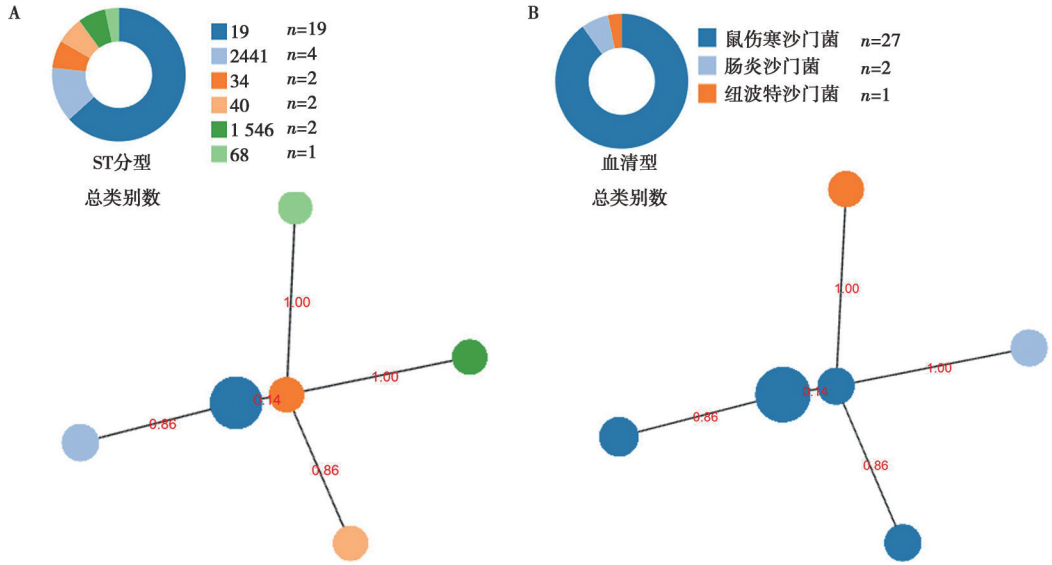
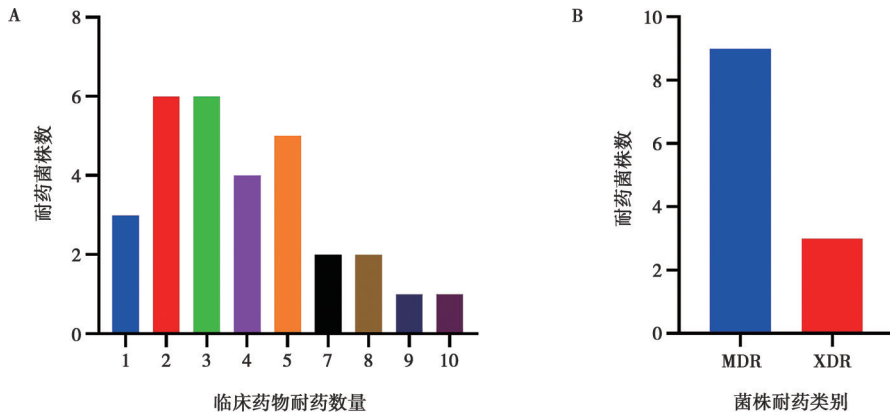


图1 苏南地区水禽源沙门菌分离株血清型其对应的ST分型聚类



A. 不同耐药药物数量的菌株分布情况；B. 多重耐药菌株MDR和广泛耐药菌株XDR的分布数量。

图2 苏南地区水禽源分离株耐药性分布

表3 苏南地区水禽源分离株药敏试验情况

抗生素种类	耐药率	中介率	敏感率	抗生素种类	耐药率	中介率	敏感率		
β-内酰胺类	氨苄西林	30.00	10.00	63.33	喹诺酮类	多黏菌素 B	3.33	6.67	90.00
	羧苄西林	40.00	43.33	16.67		诺氟沙星	0.00	10.00	90.00
	苯唑西林	100.00	0.00	0.00		环丙沙星	6.67	23.33	70.00
	青霉素	83.33	16.67	0.00		氧氟沙星	0.00	0.00	100.00
头孢类	头孢拉定	20.00	50.00	30.00	氨基糖苷类	庆大霉素	6.67	3.33	90.00
	头孢哌酮	0.00	33.33	66.67		新霉素	3.33	50	46.67
	头孢氨苄	20.00	0.00	80.00		卡那霉素	6.67	26.67	66.67
	头孢唑啉	16.67	0.00	83.33	四环素类	多西环素	36.67	60.00	3.33
	头孢曲松	0.00	16.67	83.33		硝基呋喃类	呋喃唑酮	30.00	43.33
	头孢他啶	0.00	3.33	96.67	磺胺类		复方新诺明	6.67	3.33
	头孢呋辛	6.67	90.00	3.33					

%

2.3 XDR 菌株的耐药基因分析

SA16、SA17 和 SA22 这 3 个菌株为 XDR 菌株，全基因组测序结果显示，3 株广泛耐药菌株均携带了针对 6 大类抗生素的耐药基因。出现在 3 株菌中的氨基糖苷类耐药基因包括：氨基糖苷类 N-乙酰转移酶 (*aac* (3) -IV)、氨基糖苷类 N-乙酰转移酶 (*aac* (6') -Iaa)、*aadA1*、*aadA22*、*aadA24*、*aadA2b*、*aadA3*、*aadA8*、*aadA8b*、*ant* (3'') -Ia、*aph* (3'') -Ib、*aph* (3'') -Ia、*aph* (4'') -Ia、*aph* (6'') -Id、*blaOXA-1*、*blaOXA-10* 和 *blaTEM-1B*；针对 β-内酰胺类的耐药基因包括：OXA 型 β-内酰

胺酶基因 (*blaOXA-1*、*blaOXA-10*)，TEM 型 β-内酰胺酶基因 (*blaTEM-1B*) 和磷霉素转移酶基因 (*fosA7*)；针对氯霉素类的耐药基因包括：氯霉素外排泵基因 (*cmlA1*) 和氟苯尼考/氯霉素外排泵基因 (*floR*)；针对喹诺酮类的耐药基因包括：喹诺酮类耐药蛋白基因 (*qnrA1*、*qnrS1* 和 *qnrS2*)；针对四环素类的耐药基因包括：四环素抗性蛋白基因 (*tet* (A) 和 *tet* (B))；针对磺胺类的耐药基因包括：二氢叶酸还原酶基因 (*dfrA12* 和 *dfrA14*)，磺胺耐药基因 (*sul2* 和 *sul3*)。

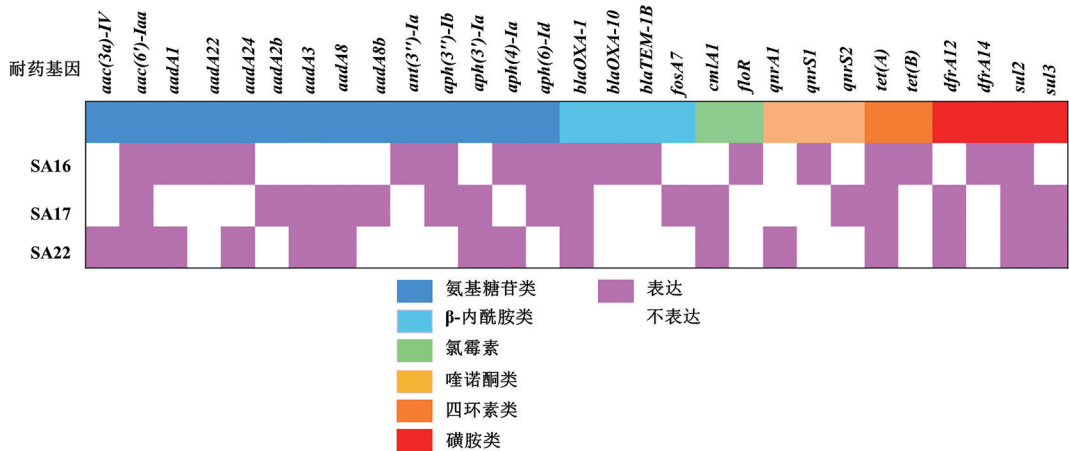


图 3 XDR 菌株的全基因组耐药基因分析

3 讨论

我国的养鸡场和水禽养殖场中，沙门菌的血清型和 ST 分型存在显著差异。在我国北方的养鸡场中，肠炎、鼠伤寒和鸡白痢是最常见的血清型，而鸭源血清型多样性则较高。养鸡场中常见的肠炎沙门菌血清型为 ST11，且具有较高的多重耐药性，对氨基苄西林、四环素、环丙沙星和磺胺类药物的耐药率高达 95% 以上^[17]。在我国中部地区分离的鸡白痢沙门菌中，ST92 和 ST2151 是主要的分型，其对氨基糖苷类和磺胺类药物表现出较高的耐药率^[5]。在四川地区水禽养殖中报道的沙门菌主要血清型包括肠炎、波茨坦和蒙得维的亚等血清型，其中肠炎检出率最高，占有分离菌株的 46%^[18]。此外，浙江和福建省的水禽中也分离出大量肯塔基沙门菌，该血清型表现出广泛的抗生素耐药性特征，尤其是对四环素和氨基苄西林耐药性最高^[8]。

在中国水禽样本中，沙门菌的 ST 分型表现出显著多样性，其中 ST19 和 ST34 等分型较为常见。ST19 分型主要存在于鼠伤寒沙门菌中，ST19 型菌株通常对四环素和氨基苄西林等抗生素具有高度耐药性，这使得其在养殖环境中具有生存优势，可能进一步加剧其

传播风险^[18]。ST34 分型的鼠伤寒沙门菌在东南沿海的鸭场中有较高的检出率，其表现出较强的生物被膜形成能力和多重耐药性，且对氟喹诺酮类和头孢菌素耐药性较强，这些特性使 ST34 成为东南沿海地区水禽沙门菌传播的重要菌株类型^[19]。相比之下，ST40 分型主要见于德比沙门菌 (*Salmonella* Derby) 血清型菌株，其在水禽中分离率较低，但在猪肉和家禽样本中偶尔出现，且展现出对氨基糖苷类和磺胺类抗生素的耐药性^[20]。在猪肉和家禽样本中，ST19 和 ST34 的分离率同样较高。ST34 型的鼠伤寒沙门菌已在食品市场中多次报道检出，其分型表现出比 ST19 型更强的耐药性^[21]。而 ST2441 和 ST1546 型沙门菌在动物样本中相对罕见，但也曾在北京鸭源分离株中被报道^[22]。ST2441 属于鼠伤寒血清型，而 ST1546 属于肠炎血清型，且都有 MDR 耐药分离株。目前研究表明 ST68 分型沙门菌仅在猪霍乱沙门菌^[23] 和人源感染的纽波特沙门菌中^[24]，在家禽源性沙门菌中相对罕见。总体而言，鸡源沙门菌以肠炎沙门菌和鸡白痢沙门菌为主，其 ST 分型以 ST11、ST92 和 ST2151 为常见，具有较强的多重耐药性。相比之下，水禽中沙门菌血清型的多样性更高，包括肠炎沙门菌、波茨坦沙门菌、肯塔基沙门菌等。其 ST 分型以 ST19 和 ST34

在水禽中检出率较高，其中水禽中也包含 ST2441、ST1546 和 ST68 的罕见 ST 分型。

众多沙门菌耐药性研究表明，其对 β -内酰胺类、喹诺酮类、氨基糖苷类等多种抗生素均存在较高的耐药性。在四川水禽中，沙门菌对氨苄西林耐药率高达 95% 以上^[18]，与本研究结果中的氨苄西林耐药率 30% 有所不同。在东北地区的鹅场，沙门菌对青霉素类抗生素的耐药性普遍较高，这与本研究对青霉素的耐药率 83.33% 相符^[11]。喹诺酮类药物方面，一份针对我国北京、吉林、江苏、陕西和广东零售鸡肉中的印第安纳沙门菌对环丙沙星的耐药率达到 100%，这与本试验检测中环丙沙星耐药率仅 6.67% 的情况形成鲜明对比，反映了家禽和水禽间的耐药性差异^[25]。在零售家禽肉类样本中，鼠伤寒和肯塔基沙门菌对新霉素和庆大霉素的耐药率较高^[26]，然而本研究结果中，新霉素和卡那霉素的耐药性较低，分别为 3.33% 和 6.67%。在头孢类药物中，山东省鸡源沙门菌对头孢拉定、头孢氨苄等药物的耐药性显著，表现出多重耐药性，尤其是在肠炎菌株中耐药性最为明显，但本试验的分离株对头孢类的耐药性均相对较低^[27]。此外，东南沿海地区水禽中的肯塔基沙门菌表现出对头孢氨苄和喹诺酮类的高度耐药^[8]，本研究中分离株对头孢类的抗生素总体仍较敏感。在磺胺类药物中，东北地区鹅场的沙门菌对复方新诺明的耐药率高达 81%，而本试验的耐药率仅为 6.67%，显示了不同环境中沙门菌对磺胺类药物的耐药性差异可能较大^[10]，推测可能是由于水禽痛风高发，养殖业近年来减少了肾毒性较强的磺胺药使用。这些数据表明，家禽和水禽中的沙门菌对不同抗生素类别的耐药性分布存在显著的区域性差异，因此在实际防控中应根据区域情况进行针对性抗生素使用策略的调整。

XDR 菌株显示出显著多样性的耐药基因组成。在氨基糖苷类耐药基因中，*aac* (3) -IV、*aadA1* 和 *aph* (3') -Ia 等常见基因广泛存在于零售肉类样本中的多种沙门菌耐药菌株中^[28]，这与本研究检测到的 *aac* (3)-IV、*aadA1* 和 *aph* (3') -Ia 的结果一致。此外， β -内酰胺类的 *fosA7* 基因也是常见的耐药基因之一，广泛分布于零售肉类和家禽样本中^[29]。XDR 菌株中 *blaOXA-1* 和 *blaTEM-1B* 等 β -内酰胺类基因在沙门菌中也普遍存在^[29]。在针对氯霉素类耐药基因中，鸡源沙门菌耐药菌株中常检出 *floR* 和 *cmlA1* 基因，虽然临床上已禁止使用，但其耐药基因仍在沙门菌中广泛传播。针对喹诺酮类耐药基因中，*qnrA1*、*qnrS1* 和 *qnrS2* 基因在南方鸡源养殖场中尤其普遍，并与本研究中 *qnrS1* 和 *qnrA1* 的检出情况相符^[26]。四环素类耐药基因 *tet* (A) 和 *tet* (B) 在鸡源和水禽沙

门菌中也较为普遍，在东南沿海地区的鸭场中具有较高的检出率^[21]。针对磺胺类耐药基因，携带 *sul2* 和 *sul3* 基因的多重耐药的沙门菌在南方地区肉类样本中检出率较高^[30]。此外，本研究也检测到一些罕见的耐药基因。例如，喹诺酮类耐药基因 *qepA* 较为罕见，携带 *qepA* 的沙门菌会对喹诺酮类药物（如环丙沙星和萘啶酸）耐药^[31]，在突尼斯的研究发现，动物源食品分离出的沙门菌中，*qepA* 的检出率为 1.16%^[32]。*tet* (X4) 是另一个罕见的四环素耐药基因，近期被报道出现在对替加环素耐药的食源性菌株中^[33]，其在家禽样本中少见。

目前，鸡源沙门菌的耐药性主要集中在 β -内酰胺类和四环素类抗生素，其对氨苄西林的耐药率高达 85% 以上，大多数携带 *blaTEM* 和 *blaCTX-M* 耐药基因。此外，部分菌株还携带磺胺类抗生素的耐药基因 *sul1* 和 *sul2*。在广东省的研究中，MDR 菌株的比例超过 70%，反映了家禽养殖中抗生素使用的显著影响^[34]。相比之下，水禽源沙门菌展现出更复杂的耐药模式，其耐药基因种类更加多样化。研究显示，水禽样本中沙门菌对氟喹诺酮类药物和第三代头孢菌素的耐药率较高，耐药基因包括 *gyrA*、*qnrB* 和 *blaCMY-2*。在浙江的水禽样本中，多重耐药性菌株的比例达 60% 以上，且对喹诺酮类和头孢菌素耐药性方面表现显著^[9]。

综上，本研究揭示目前苏南地区水禽沙门菌已出现新的 ST 分型，其耐药性变化也与其他省份出现差异。因此，持续监测沙门菌的流行现状与耐药衍化是非常必要的。

参考文献：

- [1] RAJAN K, SHI Z, RICKE S C. Current aspects of *Salmonella* contamination in the US poultry production chain and the potential application of risk strategies in understanding emerging hazards [J]. Crit Rev Microbiol, 2017, 43 (3): 370-392.
- [2] VINUEZA-BURGOS C, BAQUERO M, MEDINA J, et al. Occurrence, genotypes and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* collected from the broiler production chain within an integrated poultry company [J]. Int J Food Microbiol, 2019, 299: 1-7.
- [3] EHUWA O, JAISWAL A K, JAISWAL S. *Salmonella*, food safety and food handling practices [J]. Foods, 2021, 10 (5): 907.
- [4] NAIR D V T, KOLLANOOR JOHNY A. *Salmonella* in poultry meat production [M] // Food Safety in Poultry Meat Production. Cham: Springer International Publishing, 2019: 1-24.
- [5] WANG X, WANG H, LI T, et al. Characterization of *Salmonella* spp. isolated from chickens in Central China [J]. BMC Vet Res, 2020, 16 (1): 299.
- [6] SHI C, SINGH P, RANIERI M L, et al. Molecular methods for serovar determination of *Salmonella* [J]. Crit Rev Microbiol,

- 2015, 41 (3): 309–325.
- [7] COSBY D E, COX N A, HARRISON M A, et al. *Salmonella* and antimicrobial resistance in broilers: a review [J]. *J Appl Poult Res*, 2015, 24 (3): 408–426.
- [8] TANG B, ELBEDIWI M, NAMBIAR R B, et al. Genomic characterization of antimicrobial-resistant *Salmonella enterica* in duck, chicken, and pig farms and retail markets in Eastern China [J]. *Microbiol Spectr*, 2022, 10 (5): e0125722.
- [9] SUN T, LIU Y, QIN X, et al. The prevalence and epidemiology of *Salmonella* in retail raw poultry meat in China: a systematic review and meta-analysis [J]. *Foods*, 2021, 10 (11): 2757.
- [10] XU Z, WANG M, ZHOU C, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of retail-meat-borne *Salmonella* in Southern China during the years 2009–2016: the diversity of contamination and the resistance evolution of multidrug-resistant isolates [J]. *Int J Food Microbiol*, 2020, 333: 108790.
- [11] CAO Z Z, XU J W, GAO M, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates from goose farms in Northeast China [J]. *Iran J Vet Res*, 2020, 21 (4): 287–293.
- [12] YANG X, HUANG J, ZHANG Y, et al. Prevalence, abundance, serovars and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from retail raw poultry meat in China [J]. *Sci Total Environ*, 2020, 713: 136385.
- [13] ELMBERG J, BERG C, LERNER H, et al. Potential disease transmission from wild geese and swans to livestock, poultry and humans: a review of the scientific literature from a One Health perspective [J]. *Infect Ecol Epidemiol*, 2017, 7 (1): 1300450.
- [14] ZENG Y B, XIONG L G, TAN M F, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* in pork, chicken, and duck from retail markets of China [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2019, 16 (5): 339–345.
- [15] 杨林, 娄亚坤, 宿春虎, 等. 多重 PCR 方法快速鉴别肠炎、鼠伤寒、鸡白痢及鸡伤寒沙门菌 [J]. *畜牧兽医学报*, 2014, 45 (2): 268–273.
- [16] MAGIORAKOS A P, SRINIVASAN A, CAREY R B, et al. Multi-drug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance [J]. *Clin Microbiol Infect*, 2012, 18 (3): 268–281.
- [17] WANG J, LI J, LIU F, et al. Characterization of *Salmonella enterica* isolates from diseased poultry in northern China between 2014 and 2018 [J]. *Pathogens*, 2020, 9 (2): 95.
- [18] GUAN Y, LI Y, LI J, et al. Phenotypic and genotypic characterization of antimicrobial resistance profiles in *Salmonella* isolated from waterfowl in 2002–2005 and 2018–2020 in Sichuan, China [J]. *Front Microbiol*, 2022, 13: 987613.
- [19] GAO Y, CHEN K, LIN R, et al. High levels of antibiotic resistance in MDR-strong biofilm-forming *Salmonella* Typhimurium ST34 in Southern China [J]. *Microorganisms*, 2023, 11 (8): 2005.
- [20] JIU Y, MENG X, HONG X, et al. Prevalence and characterization of *Salmonella* in three typical commercial pig abattoirs in Wuhan, China [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2020, 17 (10): 620–627.
- [21] ZHANG K, GE H, HE J, et al. *Salmonella* typhimurium ST34 isolate was more resistant than the ST19 isolate in China, 2007 – 2019 [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2022, 19 (1): 62–69.
- [22] 张捷, 畅晓晖, 柳明, 等. 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.
- [23] 罗铭, 顾桂敏, 景春梅, 等. 猪霍乱沙门菌在全球的流行和耐药特征 [J]. *疾病监测*, 2018, 33 (8): 690–699.
- [24] PAUDYAL N, PAN H, WU B, et al. Persistent asymptomatic human infections by *Salmonella enterica* serovar Newport in China [J]. *mSphere*, 2020, 5 (3): e00163–20.
- [25] HU Y, HE Y, NGUYEN S V, et al. Antimicrobial resistance of *Salmonella Indiana* from retail chickens in China and emergence of an mcr-1-harboring isolate with concurrent resistance to ciprofloxacin, cefotaxime, and colistin [J]. *Front Microbiol*, 2022, 13: 955827.
- [26] CHEN Z, BAI J, ZHANG X, et al. Highly prevalent multidrug resistance and QRDR mutations in *Salmonella* isolated from chicken, pork and duck meat in Southern China, 2018–2019 [J]. *Int J Food Microbiol*, 2021, 340: 109055.
- [27] YU X, ZHU H, BO Y, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* subspecies enterica serovar Enteritidis isolated from broiler chickens in Shandong Province, China, 2013–2018 [J]. *Poult Sci*, 2021, 100 (2): 1016–1023.
- [28] HANX, PENG J, GUAN X, et al. Genetic and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella* spp. isolated from ducks along the slaughter line in southwestern China [J]. *Food Control*, 2020, 107: 106805.
- [29] WEI X, LONG L, YOU L, et al. Serotype distribution, trend of multidrug resistance and prevalence of β -lactamase resistance genes in human *Salmonella* isolates from clinical specimens in Guizhou, China [J]. *PLoS One*, 2023, 18 (4): e0282254.
- [30] LI Y, YANG X, ZHANG J, et al. Molecular characterisation of antimicrobial resistance determinants and class I integrons of *Salmonella enterica* subsp. enterica serotype Enteritidis strains from retail food in China [J]. *Food Control*, 2021, 128: 108191.
- [31] ABD EL-AZIZ N K, TARTOR Y H, GHARIEB R M A, et al. Extensive drug-resistant *Salmonella enterica* isolated from poultry and humans: prevalence and molecular determinants behind the co-resistance to ciprofloxacin and tigecycline [J]. *Front Microbiol*, 2021, 12: 738784.
- [32] AL-GALLAS N, ABBASSI M S, GHARBI B, et al. Occurrence of plasmid-mediated quinolone resistance determinants and *rmtB* gene in *Salmonella enterica* serovar enteritidis and Typhimurium isolated from food-animal products in Tunisia [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2013, 10 (9): 813–819.
- [33] ZHANG H, CHEN W, LU X, et al. Emergence and characterization of the high-level tigecycline resistance gene tet (X4) in *Salmonella enterica* serovar rissen from food in China [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2025, 22 (6): 405–413.