

陈大伟, 李兵兵, 孙敏, 等. 生畜肉源沙门菌前噬菌体及其携带的耐药基因和毒力基因预测 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (12): 102-109.

CHEN D W, LI B B, SUN M, et al. Prediction of prophage in *Salmonella* from raw livestock meat and of its drug resistance and virulence genes [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (12): 102-109.

## 生畜肉源沙门菌前噬菌体及其携带的耐药基因和毒力基因预测

陈大伟, 李兵兵, 孙敏, 刘靛, 魏明月\*, 李洁, 阴万利, 杨鹏飞

(淮安市疾病预防控制中心, 江苏省食品安全风险监测重点实验室(致病菌), 江苏 淮安 223003)

**摘要:** 旨在预测分析生畜肉源沙门菌前噬菌体的携带情况和分布特征, 鉴定前噬菌体携带的耐药基因和毒力基因, 提示沙门菌中前噬菌体的功能。利用 Phaster 在线工具预测沙门菌的前噬菌体携带情况, 利用 Cards 数据库和 Vfdb 数据库进行耐药基因和毒力基因的预测分析, 利用丝裂霉素 C 诱导前噬菌体。结果: 101 株沙门菌共预测出 645 条前噬菌体片段, 其中完整型前噬菌体 392 条、不完整型前噬菌体 152 条、可疑型前噬菌体 101 条, 平均每株菌携带 3.9 条完整型前噬菌体; 前噬菌体基因组占宿主菌基因组的百分比主要集中在 2%~4%, 大小以 20~40 kb 为主。5 条前噬菌体携带 24 个耐药基因, 可分为 9 类, 预测产生 5 种耐药机制。192 条前噬菌体共编码 256 个毒力基因, 归类为 16 种毒力因子, 完整型前噬菌体平均每条携带 3 个毒力基因。肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌前噬菌体可被诱导出。综上, 前噬菌体在生畜肉源沙门菌中分布广泛且以完整型为主, 携带毒力基因多, 耐药基因少, 可能对沙门菌毒力具有重要影响。

**关键词:** 沙门菌; 前噬菌体; 基因组学; 耐药基因; 毒力基因

中图分类号: S855.1 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)12-0102-08

## Prediction of prophage in *Salmonella* from raw livestock meat and of its drug resistance and virulence genes

CHEN Dawei, LI Bingbing, SUN Min, LIU Liang, WEI Mingyue\*, LI Jie, YIN Wanli, YANG Pengfei

(Jiangsu Province Key Laboratory for Food Safety Risk Monitoring (Pathogenic Bacteria),

Huai'an Disease Control and Prevention Center, Huai'an 223003, China)

**Abstract:** This study was to predict and assess prophage carrier and its distribution properties in *Salmonella* from raw livestock meat, identify the drug resistance genes and virulence genes encoded by prophages, and reveal the functions of prophages in *Salmonella*. Phaster network database was used to predict the prophage carrier of *Salmonella*. Cards database and Vfdb database were used to predict and analyze the drug resistance genes and virulence genes. And Mitomycin C was used to induce prophages. The results were as follows: A total of 645 prophage fragments were predicted from 101 strains of *Salmonella*, including 392 intact prophage, 152 incomplete prophage and 101 suspected prophage, with an average of 3.9 intact prophage per strain. The proportion of all prophages carried by each *Salmonella* strain in its genome was about 2% to 4%, and their size was mainly 20-40 kb. Five prophages carried 24 drug resistance genes, which could be divided into 9 categories and produce 5 drug resistance mechanisms. 192 prophages encoded 256 virulence genes, which were classified into 16 virulence factors, and each prophage carried an average of 3 virulence genes. Prophages of *Salmonella enterica* and *Salmonella Typhimurium* could be induced. In summary, prophages are widely distributed in *Salmonella* from raw livestock meat, mainly intact, and they carry less resistance genes and more virulence genes; which might have an important influence on *Salmonella* virulence.

**Keywords:** *Salmonella*; prophage; genomics; drug resistance gene; virulence gene

沙门菌 (*Salmonella*) 是一种能够引起胃肠炎的食源性致病菌, 主要通过受污染的水、生的或未煮熟

的食物传播, 特别是生畜肉和蛋类<sup>[1-2]</sup>。尽管目前通过卫生习惯、生物安全和监测战略等方式采取了预防措施, 但沙门菌病的发病率仍然很高, 也是引起人类发病和死亡的主要原因<sup>[3]</sup>。据估计, 全球沙门菌每年造成多达 1.5 亿人感染和 15.5 万人死亡, 是人类因腹泻疾病死亡的第三大最主要原因<sup>[4]</sup>。2018—2020 年我国沙门菌感染小于 15 岁儿童的比例高于成人,

收稿日期: 2025-02-08; 修回日期: 2025-10-24

基金项目: 江苏省卫生健康委员会科研项目 (Ym2023085)

第一作者: 陈大伟, 硕士, 助理研究员

\* 通信作者: 魏明月, 本科, 微生物检验师, 研究方向为微生物

检验, E-mail: 286114954@qq.com。

河南儿童感染率高达 61.8%，浙江为 52.8%；同时沙门菌引起的感染多为侵入性的菌血症<sup>[5]</sup>。随着抗生素的不断滥用，沙门菌高感染率的同时，其耐药性和毒力也在增强。据报道，福建泉州从腹泻患者样本中分离的沙门菌对 12 种抗生素耐药<sup>[6]</sup>，沙门菌还携带有多种毒力因子如毒力岛、鞭毛、菌毛和肠毒素等。沙门菌还携带有多种可移动元件如转座酶、质粒、前噬菌体等，加速了其物种内和物种间的基因水平转移。

噬菌体是一种感染细菌宿主的病毒，广泛存在于自然界中，数量庞大，估计有  $10^{31}$  个，温和性噬菌体能够经历裂解和溶原 2 个生命周期。在溶原性阶段，噬菌体能够将它们的基因组整合到宿主细菌的基因组中，形成一个前噬菌体<sup>[7]</sup>。当细菌宿主经历生理性压力如 DNA 损伤、过高温、抗菌处理时，就会发生噬菌体诱导，导致前噬菌体进入裂解周期，产生病毒粒子，最终溶解并杀死宿主细胞。根据前噬菌体的不同，这些基因组区域可能保持在基因组中具有完整性，一定条件能够被诱导裂解宿主；也有可能基因组中部分被切除不能产生能够裂解宿主的病毒颗粒<sup>[8]</sup>。除了编码自身复制和组装所必需的基因外，前噬菌体也是基因水平转移的重要促进物，通常携带从先前宿主获得的基因或基因片段，能够将其带入新宿主的基因组<sup>[9]</sup>。

目前关于沙门菌的前噬菌体，有研究表明其在促进宿主获得毒力因子方面发挥作用，如 SodC 毒力因子可以在巨噬细胞吞噬期间提高沙门菌的存活率<sup>[10]</sup>。Gifsy-1 前噬菌体的末端酶具有转移核糖核酸酶的活性，能够切割宿主转运 RNA 的反密码子环，从而增强沙门菌在体内面对氧化应激情况下生存能力<sup>[11]</sup>。目前关于沙门菌前噬菌体的研究，大多都集中在某个血清型或某几种血清型的研究，不同血清型的沙门菌中前噬菌体的存在情况以及前噬菌体的功能报道较少。本研究通过全基因组测序数据预测并分析了 14 种常见沙门菌血清型中 3 种前噬菌体，并预测了前噬菌体携带的耐药基因和毒力基因，为揭示沙门菌中前噬菌体的功能提供了理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 沙门菌基因组数据库

101 株沙门菌中，66 株沙门菌是本实验室分离自生畜肉并测序，测序文件上传至国家致病菌识别网；35 株下载自 NCBI 官网 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse#!/prokaryotes/>)，最后访问时间为 2024 年 9 月 8 日。沙门菌基于 SNP 的进化树在 [http://BacWGSTdb\(bacdb.cn\)](http://BacWGSTdb(bacdb.cn)) 上在线分析。所用到的

沙门菌血清型如下：鼠伤寒沙门菌 (*Salmonella* Typhimurium)、肠炎沙门菌 (*Salmonella* Enteritidis)、圣保罗沙门菌 (*Salmonella* Saintpaul)、阿贡那沙门菌 (*Salmonella* Agona)、布伦登卢普沙门菌 (*Salmonella* Braenderup)、黄金海岸沙门菌 (*Salmonella* Goldcoast)、汤普逊沙门菌 (*Salmonella* Thompson)、病牛沙门菌 (*Salmonella* Bovismorbificans)、里森沙门菌 (*Salmonella* Rissen)、都柏林沙门菌 (*Salmonella* Dublin)、伦敦沙门菌 (*Salmonella* London)、维尔肖沙门菌 (*Salmonella* Virchow)、新斯托夫沙门菌 (*Salmonella* Sinstorf)、乙型副伤寒沙门菌 (*Salmonella* Paratyphi)。

### 1.2 前噬菌体的预测

利用 Phaster 在线预测软件 (<http://phaster.ca/>) 预测 101 株沙门菌全基因组中前噬菌体的位点，定位前噬菌体序列，将预测结果下载保存以便后续分析。用 Phaster 软件根据细菌基因组中编码区序列的数量以及噬菌体相关元件的存在情况等标准进行打分，根据得分将其分为 3 种不同类型的前噬菌体，即完整型前噬菌体 (>90 分)、可疑型前噬菌体 (70~90 分) 和不完整型前噬菌体 (<70 分) 这 3 大类。将预测得到的所有前噬菌体基因组数据进行整理，并对前噬菌体基因组大小和 GC 含量等进行统计分析。前噬菌体携带水平评分低 ( $0 \leq \text{平均携带数量} \leq 3$ )、中等 ( $3 < \text{平均携带数量} \leq 5$ )、高 ( $5 < \text{平均携带数量} \leq 7$ )、极高 (平均携带数量 >7)。

### 1.3 前噬菌体中抗生素耐药基因的预测

整理 Phaster 预测得到的完整型、不完整型和可疑型前噬菌体序列，分别上传前噬菌体文件 (fasta 格式)，使用抗生素耐药基因数据库 Card (<https://card.mcmaster.ca/>)，对前噬菌体携带的耐药基因进行预测，参数为默认参数。

### 1.4 前噬菌体携带毒力基因的预测

使用毒力因子数据库 (<http://www.mgc.ac.cn/VFs/>) 中 2 个核心数据库的 SetA 和 SetB，提交单个噬菌体文件 (Fasta 格式)，通过 Blastn 预测可能携带的 VFs。

### 1.5 前噬菌体的诱导及基因表达验证

将冻存的沙门菌划线于沙门菌显色平板上，37 °C 恒温培养箱过夜培养，挑取单菌落接种到无菌 2 mL LB 肉汤中 37 °C，190 r/min 摇床培养 4 h，移液器吸取 50  $\mu$ L 菌液至新的含 5 mL LB 肉汤中，摇床培养至  $OD_{600}$  值为 0.5 左右，加入丝裂霉素 C，终浓度为 1  $\mu$ g/mL，不加丝裂霉素 C 为对照组，继续摇床培养 15 h，测定其  $OD_{600}$  值，若  $OD$  值下降明显，则认为其诱导成功。

以沙门菌 *rpoB* 基因为内参基因，提取丝裂霉素诱导前和诱导后 2 h 与 4 h 的沙门菌 RNA（上海翌圣，细菌 RNA 提取试剂盒），反转录后，荧光定量 PCR（上海翌圣，Universal Blue qPCR SYBR Green Master Mix）检测 *sodCI* 基因和 *sslI* 基因的相对表达水平。

### 1.6 前噬菌体进化树的构建

首先使用 prokka 软件注释每个预测到的完整型前噬菌体，后提取全基因组氨基酸文件利用 Easy-CGTree 构建进化树<sup>[12]</sup>，其中“-genome\_cutoff”和“-gene\_cutoff”2 个参数设置为 0.2，用于进化树构建的 hmm 文件中的 77 个基因，参考 low 等<sup>[13]</sup>所用的噬菌体 77 个保守基因，bootstrap 值>70%。

### 1.7 数据统计与分析

本研究中数据处理与分析利用 origin 8.0 和 Chiplot 在线作图软件完成<sup>[14]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 沙门菌前噬菌体的预测结果

如图 1 所示，101 株沙门菌共预测出 645 条前噬菌体片段，其中完整型前噬菌体 392 条、不完整型前噬菌体 152 条、可疑型前噬菌体 101 条。从平均每株菌携带前噬菌体数量来看，圣保罗沙门菌、鼠伤寒沙门菌和汤普逊沙门菌携带数量最多，分别为 10 条、9.1 条和 7.2 条；黄金海岸沙门菌、新斯托夫沙门菌、肠炎沙门菌、布伦登卢普沙门菌、伦敦沙门菌和阿贡那沙门菌携带数量少于 5 条。从图 2 可知，平均每株沙门菌携带的前噬菌体中，完整型前噬菌体携带数量最多为 3.9 条，最小值为 2 条，最大值为 5.6 条；其次为可疑型平均每株携带 1.2 条，不完整型携带最少为 0.8 条。

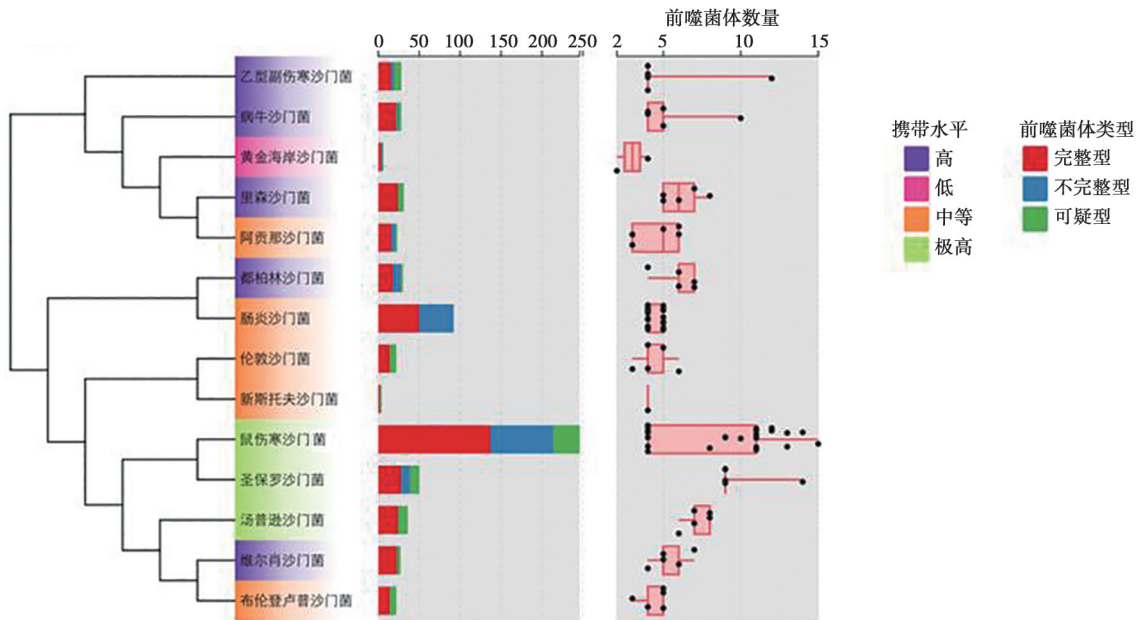


图 1 沙门菌前噬菌体携带情况

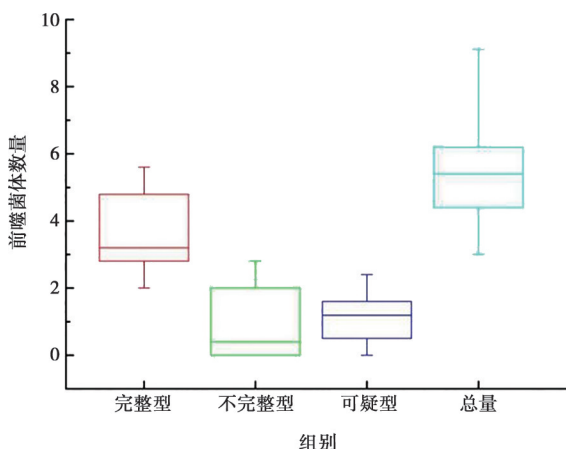
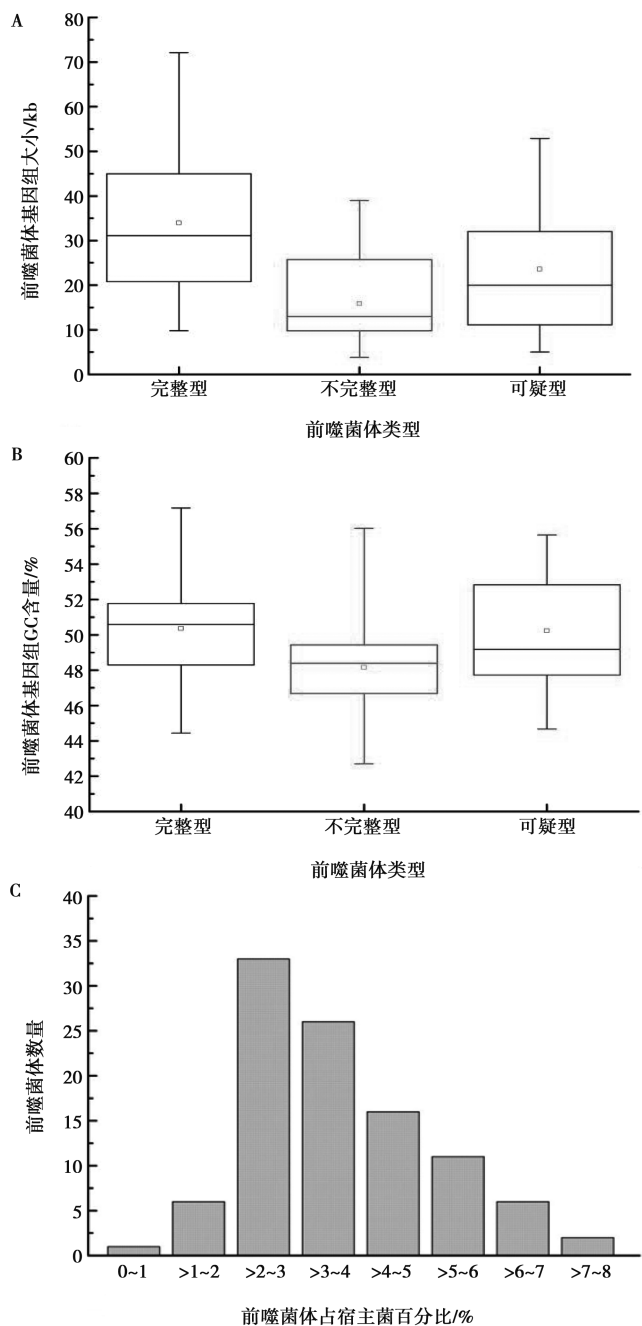


图 2 平均每株沙门菌携带前噬菌体数量

### 2.2 前噬菌体的基因组特征分析

如图 3 所示，完整型前噬菌体的基因组大小范围为 9.8~72.1 kb，以 20~40 kb 为主，GC 含量主要集中在 50%~52%之间；不完整型前噬菌体的基因组大小范围为 3.8~39 kb，以 3.8~10 kb 为主，GC 含量主要集中在 46%~50%；可疑型前噬菌体基因组大小范围为 7.3~34.8 kb，以 10~20 kb 为主，GC 含量主要集中在 46%~50%。前噬菌体基因组占宿主菌沙门菌基因组的百分比主要集中在 2%~4%。



A. 前噬菌体基因组大小; B. 前噬菌体基因组 GC 含量; C. 前噬菌体大小占宿主菌百分比。

图3 不同类型前噬菌体基因组信息

### 2.3 前噬菌体携带抗性基因的预测

将预测到的 645 条前噬菌体序列上传至 Card 耐药基因数据库, 预测前噬菌体携带的耐药基因, 结果如表 1 所示, 共 5 条前噬菌体携带 24 个抗生素耐药基因, 其中, 完整型 3 条, 可疑型 2 条。携带耐药基因的前噬菌体通过比对发现与 *Escher\_RCS47* 和 *Bacill\_vB\_BtS\_BMBtp14* 最相似, 这两种前噬菌体被维尔肖沙门菌、里森沙门菌、伦敦沙门菌和圣保罗沙门菌基因组所携带。根据产生耐药性的药物进行分类, 可分为 9 类耐药表型, 主要以氨基糖苷类 (5/24)、大环内酯类 (5/24) 和磺胺类 (4/24) 为主。从产生的耐药机制来看, 可分为 5 类, 包括抗生素失活 (14/24)、抗生素靶点旁路 (7/24)、抗生素外排 (1/24)、抗生素靶点改变 (1/24) 和抗生素靶点保护 (1/24)。

### 2.4 前噬菌体携带毒力基因的预测

将预测出的前噬菌体序列上传至 Vfdb 毒力因子预测网站, 通过预测可知 645 条前噬菌体携带毒力因子的有 192 条, 共编码 256 个毒力基因, 占比 30%, 其中完整型 106 条, 不完整型 60 条, 可疑型 26 条; 不完整型携带毒力因子占比最多为 39%, 其次为完整型占比 27%, 不完整型占比最少为 26%。携带一种毒力因子的噬菌体为 139 条, 2 种毒力因子 36 条, 3 种毒力因子 7 条, 4 种毒力因子 7 条, 5 种毒力因子 1 条。从单个前噬菌体携带数量看完整型携带的数量平均值最多为 3 条, 不完整型最少少于 1 条。从毒力功能看, 主要为耐热肠毒素、细菌黏附、抗毒力因子、压力适应、III 型分泌系统 (T3SS) 效应因子、促进沙门菌胞内复制、促进沙门菌肠外传播、激活毒力操纵子 *spvABCD*, 其中与 T3SS 效应因子相关基因最多。推测沙门菌很可能利用前噬菌体携带的 T3SS 效应因子破坏宿主细胞的信号通路, 促进沙门菌自身的生长存活 (图 4)。

表 1 前噬菌体携带的耐药基因

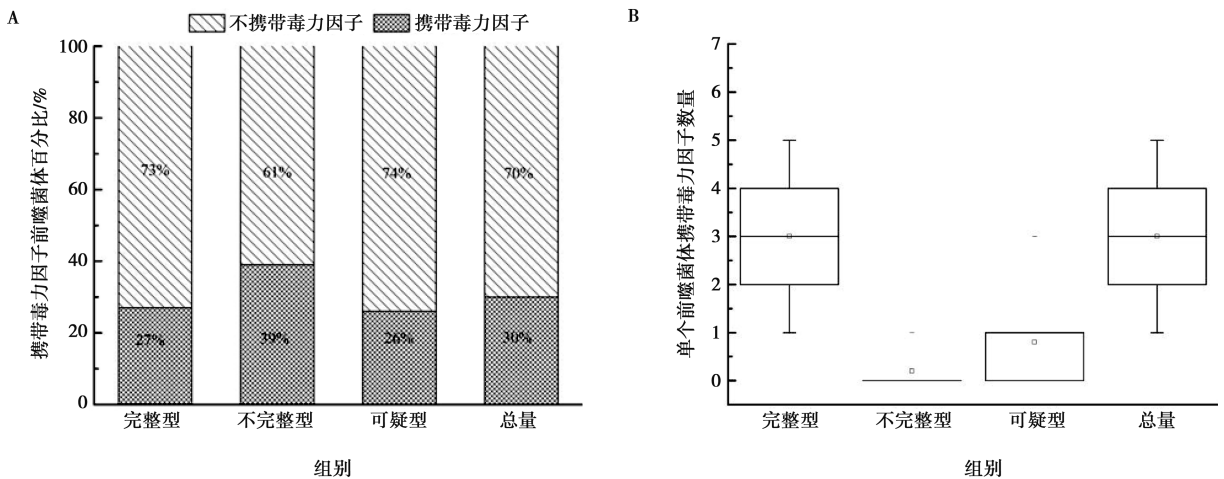
抗生素种类	基因型	前噬菌体名称	沙门菌血清型
氨基糖苷类	<i>APH(6)-Id/aadA/aadA16/AAC(6')-Ib10</i>	<i>Escher_RCS47</i>	圣保罗沙门菌
		<i>Bacill_vB_BtS_BMBtp14</i>	维尔肖沙门菌
头孢菌素类	<i>LAP-2/CTX-M-55</i>	<i>Escher_RCS47</i>	圣保罗沙门菌
二氨基嘧啶类	<i>dfrA1/dfrA27/dfrA12</i>	<i>Escher_RCS47</i>	维尔肖沙门菌、里森沙门菌、伦敦沙门菌
		<i>Bacill_vB_BtS_BMBtp14</i>	
氟喹诺酮类	<i>QnrB6</i>	<i>Escher_RCS47</i>	伦敦沙门菌
大环内酯类	<i>mphA/Mrx</i>	<i>Escher_RCS47</i>	里森沙门菌、伦敦沙门菌

续表1

抗生素种类	基因型	前噬菌体名称	沙门菌血清型
氯霉素类	<i>catII from Escherichia coli K-12</i>	Escher_RCS47	里森沙门菌
利福霉素	<i>arr-3</i>	Escher_RCS47	伦敦沙门菌
磺胺类	<i>sul1</i>	Escher_RCS47 Bacill_vB_BtS_BMBtp14	维尔肖沙门菌、里森沙门菌、伦敦沙门菌
四环素类	<i>tet(A)/tetR</i>	Escher_RCS47 Bacill_vB_BtS_BMBtp14	圣保罗沙门菌、维尔肖沙门菌

表 2 前噬菌体携带的毒力基因

基因名称	前噬菌体数量	功能	基因名称	前噬菌体数量	功能
<i>astA</i>	1	耐热肠毒素	<i>sseK2</i>	2	T3SS-2 效应因子
<i>csgD</i>	7	细菌黏附	<i>sspH1</i>	4	T3SS-1 效应因子
<i>csgE</i>	7	细菌黏附	<i>sspH2</i>	13	T3SS-1 效应因子
<i>csgF</i>	7	细菌黏附	<i>sopE2</i>	15	T3SS-1 效应因子
<i>csgG</i>	7	细菌黏附	<i>gogB</i>	10	T3SS-2 效应因子
<i>grvA</i>	23	抗毒力因子	<i>spvB</i>	2	促进沙门菌胞内复制
<i>sodCI</i>	70	压力适应	<i>spvC</i>	2	促进沙门菌肠外传播
<i>sseI/srfH</i>	63	T3SS-2 效应因子	<i>spvR</i>	2	激活毒力操纵子 <i>spvABCD</i>



A. 携带毒力因子的不同前噬菌体占比; B. 单个前噬菌体携带毒力因子数量。

图 4 前噬菌体毒力因子预测情况

2.5 完整型前噬菌体诱导及基因表达分析

通过丝裂霉素 C 诱导肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌, 结果如图 5 所示, 所有肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌诱导后与对照组比较  $OD_{600}$  值下降显著 ( $OD_{600}$  值下降超过 1, 认为下降显著), 诱导成功率 100%。说明肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌都可以诱导出前噬菌体。以沙门菌 *rpoB* 基因为内参基因, 检测前噬菌体携带的毒力基因 *sodCI* 和 *sseI* 表达情况, 结果如图 6 所示, 丝裂霉素 C 诱导 2 h 和 4 h 后 *sodCI* 基因和 *sseI* 基因均

上调表达。

2.6 完整型前噬菌体进化分析

完整的前噬菌体在一定条件下能够从溶源状态转变成裂解型, 导致宿主细胞的死亡同时引起基因的水平转移, 本研究中沙门菌携带的完整型前噬菌体数量最多达到 392 条, 平均每株携带 3.9 条, 因此进一步分析了沙门菌携带的完整型前噬菌体基因组特征。将预测到的 392 条完整型前噬菌体用噬菌体 77 个保守基因作为比对标准, 用 EasyCGTree 软件分析, 比对

过滤后得到 311 条完整型前噬菌体用作进化树的构建, 结果如图 7 所示 (bootstrap 值均大于 70%), 可将完整型前噬菌体分为 Clade I ~ Clade V, 每个

Clade 内都包含多种血清型沙门菌, 说明同一类型的前噬菌体可在不同血清型沙门菌基因组内转移, 同时, 同一血清型沙门菌携带多个 Clade 的前噬菌体。

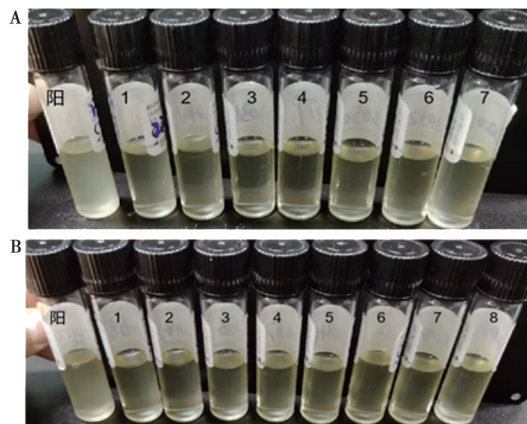


图 5 肠炎 (A)、鼠伤寒 (B) 沙门菌前噬菌体的诱导

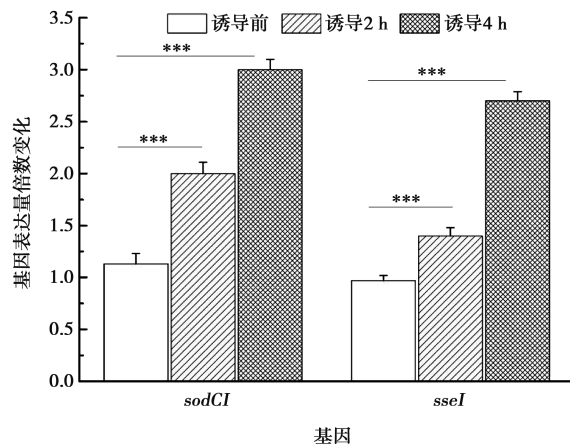


图 6 前噬菌体携带毒力基因表达分析

- 前噬菌体所在菌株
- 都柏林沙门菌
  - 肠炎沙门菌
  - 阿贡那沙门菌
  - 汤普逊沙门菌
  - 维尔消沙门菌
  - 病牛沙门菌
  - 布伦登卢普沙门菌
  - 里森沙门菌
  - 乙型副伤寒沙门菌
  - 伦敦沙门菌
  - 鼠伤寒沙门菌
  - 新斯托夫沙门菌
  - 黄金海岸沙门菌
  - 圣保罗沙门菌

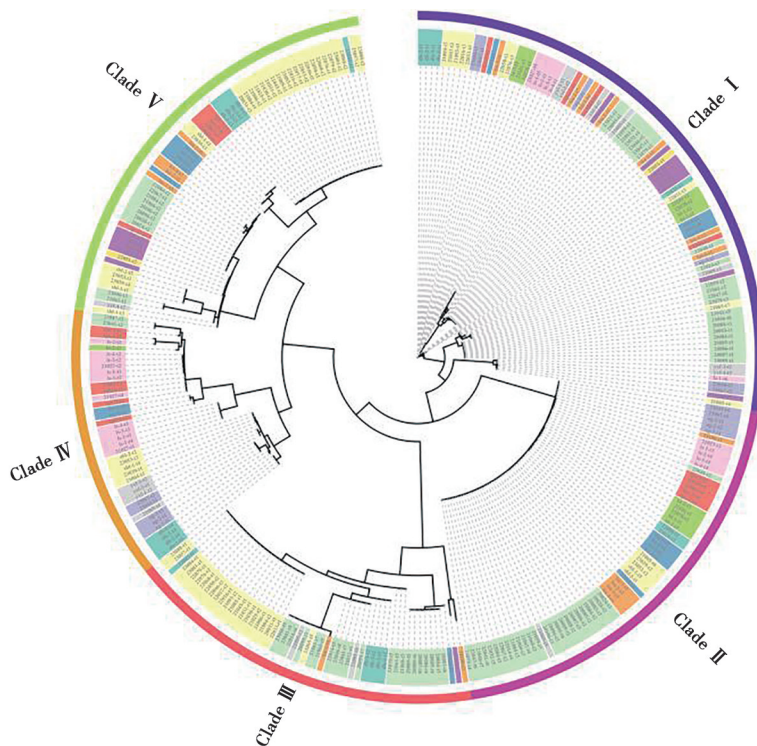


图 7 沙门菌完整型前噬菌体进化分析

### 3 讨论

不同细菌携带前噬菌体的数量有较大差异性, 有些细菌不携带前噬菌体, 有些细菌则携带大量的前噬菌体<sup>[15]</sup>。本研究中 101 株沙门菌共携带 645 条前噬菌体, 其中完整型 392 条, 占比超过一半, 平均每株沙门菌携带 3.9 条完整型前噬菌体。这与 Andrews

等<sup>[16]</sup>报道不一致, 他们研究的 15 种血清型沙门菌中不完整型前噬菌体占比最多; 与 Yates 等<sup>[17]</sup>报道一致。这可能与选取的沙门菌血清型和样本数量有关。不同细菌中前噬菌体占基因组的百分比不同, 这与细菌的生长速度以及基因组的大小有关<sup>[15, 18]</sup>。本研究中的前噬菌体占沙门菌的基因组最高达到 7%~8%, 低于链球菌和螺旋体 10%~20%<sup>[19]</sup>, 高于产气荚膜

梭菌 2.23%<sup>[20]</sup> 和多重耐药大肠杆菌的 0.58% ~ 5.87%<sup>[21]</sup>。

沙门菌携带多种耐药基因，且实际耐药性也在逐渐增强<sup>[22]</sup>。众所周知，前噬菌体能够介导基因的水平转移，Yates 等<sup>[17]</sup>报道沙门菌前噬菌体携带 10 种抗生素抗性基因，产生 5 种耐药机制，但总体上携带抗生素抗性基因的前噬菌体占比较少。本研究中 645 条前噬菌体共预测到 5 条携带 24 个耐药基因，分为 9 类，产生 5 种抗性机制，说明沙门菌前噬菌体携带的耐药基因较少。虽然前噬菌体携带耐药基因较少，但是沙门菌携带多种耐药和毒力杂合的质粒<sup>[23-24]</sup>，这表明关于沙门菌的耐药性要重点关注其携带的质粒。在前期研究中发现分离的沙门菌耐药性较严重，这表明前噬菌体在沙门菌抗生素耐药基因的水平转移中并不是起到主要作用，利用噬菌体防治沙门菌不易产生耐药性。

Andrews 等<sup>[16]</sup>报道 195 条完整型前噬菌体共编码 61 种不同的毒力因子，这些毒力因子与沙门菌的分泌系统、吸附和压力适应性等相关。本研究中 655 条前噬菌体携带毒力因子的有 192 条，共编码 256 个毒力基因；其中，完整型前噬菌体平均每条携带 3 个毒力基因。据报道，沙门菌完整型前噬菌体在一定条件下能够从溶源状态进入裂解途径，如 Figueroa-Bossi 等<sup>[25]</sup>报道沙门菌 Gifsy-2 前噬菌体 *sodC* 基因编码的超氧化歧化酶能够在溶源和裂解转化中帮助沙门菌在小鼠体内的生存。本研究中 70 条前噬菌体携带 *sodC* 基因，这表明这一生存策略可能被多种血清型沙门菌所利用。McLaughlin 等<sup>[26]</sup>报道 *ssel/srfH* 基因能够维持沙门菌在宿主体内的长期感染，本研究中也发现 63 条前噬菌体携带 *ssel/srfH* 基因。这些结果说明沙门菌能够利用前噬菌体帮助自己在侵染宿主的过程中获得生存优势。

Gao 等<sup>[27]</sup>报道沙门菌的前噬菌体宿主范围包含大肠杆菌、霍乱弧菌和志贺氏菌等 25 种细菌，这表明沙门菌的前噬菌体宿主广泛。本研究发现肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌在丝裂霉素 C 诱导后，可以释放前噬菌体。这说明沙门菌前噬菌体广泛地参与基因的水平转移。进一步分析前噬菌体基因组成，发现前噬菌体携带多种核心基因以外的基因，包含核酸酶、甲基化、DNA 损伤修复、毒力和功能未知蛋白；其中与 DNA 损伤修复相关以及毒力的基因有相关功能报道<sup>[28-29]</sup>。沙门菌前噬菌体中与核酸酶、甲基化相关基因以及大量功能未知的基因，其在沙门菌中的功能以及在沙门菌侵染宿主过程的作用仍有待探索。

## 参考文献：

- [1] 徐家芳, 谢永登. 沙门氏菌研究进展 [J]. 广西畜牧兽医, 2020, 36 (2): 92-94.
- [2] 贺恒旭, 刘璐函, 刘俊峰, 等. 生猪屠宰环节沙门氏菌携带状况、耐药性及其耐药基因分析 [J]. 食品安全质量检测学报, 2021, 12 (8): 3034-3040.
- [3] GBD 2017 Non-Typhoidal Salmonella Invasive Disease Collaborators. The global burden of non-typhoidal *Salmonella* invasive disease: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017 [J]. Lancet Infect Dis, 2019, 19 (12): 1312-1324.
- [4] HAVELAAR A H, KIRK M D, TORGERSON P R, et al. World health organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010 [J]. PLoS Med, 2015, 12 (12): e1001923.
- [5] HU Y, WANG J, CHEN S, et al. Non-typhoidal *Salmonella* invasive infections in China [J]. Lancet Infect Dis, 2022, 22 (7): 939.
- [6] 刘建忠, 叶聿程, 陈韵妍, 等. 2013—2020 年福建省泉州市食源性疾病沙门氏菌血清型及耐药分析 [J]. 预防医学论坛, 2023, 29 (12): 915-918.
- [7] 祝希辉, 薛希娟, 李艳兰, 等. 噬菌体介导基因转移的研究进展 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2022 (6): 27-31.
- [8] HOWARD-VARONA C, HARGREAVES K R, ABEDON S T, et al. Lysogeny in nature: mechanisms, impact and ecology of temperate phages [J]. ISME J, 2017, 11 (7): 1511-1520.
- [9] 顾信丽, 何涛, 魏瑞成, 等. 噬菌体在细菌耐药性传播中的作用及分子机制 [J]. 畜牧与兽医, 2020, 52 (11): 139-145.
- [10] SLY L M, GUINEY D G, REINER N E. *Salmonella enterica* serovar Typhimurium periplasmic superoxide dismutases SodCI and SodCII are required for protection against the phagocyte oxidative burst [J]. Infect Immun, 2002, 70 (9): 5312-5315.
- [11] UPPALAPATI S, KANT S, LIU L, et al. Prophage terminase with tRNase activity sensitizes *Salmonella enterica* to oxidative stress [J]. Science, 2024, 384 (6691): 100-105.
- [12] ZHANG D F, HE W, SHAO Z, et al. EasyCGTree: a pipeline for prokaryotic phylogenomic analysis based on core gene sets [J]. BMC Bioinformatics, 2023, 24 (1): 390.
- [13] LOW S J, DŽUNKOVÁ M, CHAUMEIL P A, et al. Evaluation of a concatenated protein phylogeny for classification of tailed double-stranded DNA viruses belonging to the order Caudovirales [J]. Nat Microbiol, 2019, 4 (8): 1306-1315.
- [14] XIE J, CHEN Y, CAI G, et al. Tree Visualization By One Table (tvBOT): a web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees [J]. Nucleic Acids Res, 2023, 51 (W1): W587-W592.
- [15] TOUCHON M, BERNHEIM A, ROCHA E P. Genetic and life-history traits associated with the distribution of prophages in bacteria [J]. ISME J, 2016, 10 (11): 2744-2754.
- [16] ANDREWS K, LANDERYOU T, SICHERITZ-PONTÉN T, et al. Diverse prophage elements of *Salmonella enterica* serovars show potential roles in bacterial pathogenicity [J]. Cells, 2024, 13 (6): 514.

- [17] YATES C R, NGUYEN A, LIAO J, et al. What's on a prophage: analysis of *Salmonella* spp. prophages identifies a diverse range of cargo with multiple virulence- and metabolism-associated functions [J]. *mSphere*, 2024, 9 (6): e0003124.
- [18] PATTENDEN T, EAGLES C, WAHL L M. Host life-history traits influence the distribution of prophages and the genes they carry [J]. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 2022, 377 (1842): 20200465.
- [19] BOBAY L M, ROCHA E P C, TOUCHON M. The adaptation of temperate bacteriophages to their host genomes [J]. *Mol Biol Evol*, 2013, 30 (4): 737-751.
- [20] 韩生义, 卢晓凤, 李淑萍, 等. 产气荚膜梭菌前噬菌体的分布特点及遗传进化分析 [J]. *微生物学报*, 2022, 62 (7): 2610-2623.
- [21] 刘教, 刘畅, 陈进, 等. 多重耐药大肠杆菌中前噬菌体的分布特征及诱导分离 [J]. *中国农业科学*, 2022, 55 (7): 1469-1478.
- [22] 刘靓, 李兵兵, 李洁, 等. 全基因组测序分析生畜肉中沙门氏菌血清型、耐药性与毒力因子 [J]. *肉类研究*, 2024, 38 (4): 23-29.
- [23] 郑利亚, 刘力媛, 曲春波, 等. 沙门氏菌耐药与毒力杂合质粒的分子特征与转移风险研究进展 [J]. *食品安全质量检测学报*, 2024, 15 (13): 150-158.
- [24] 王天, 徐红红, 张林吉, 等. 质粒介导的印第安纳沙门氏菌耐药机制及分子溯源研究 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2022, 38 (7): 619-625.
- [25] FIGUEROA-BOSSI N, BOSSI L. Inducible prophages contribute to *Salmonella* virulence in mice [J]. *Mol Microbiol*, 1999, 33 (1): 167-176.
- [26] MCLAUGHLIN L M, GOVONI G R, GERKE C, et al. The *Salmonella* SPI2 effector SseI mediates long-term systemic infection by modulating host cell migration [J]. *PLoS Pathog*, 2009, 5 (11): e1000671.
- [27] GAO R, NAUSHAD S, MOINEAU S, et al. Comparative genomic analysis of 142 bacteriophages infecting *Salmonella enterica* subsp. *enterica* [J]. *BMC Genomics*, 2020, 21 (1): 374.
- [28] KURASZ J E, CRAWFORD M C, PORWOLLIK S, et al. Strain-specific gifsy-1 prophage genes are determinants for expression of the RNA repair operon during the SOS response in *Salmonella enterica* serovar typhimurium [J]. *J Bacteriol*, 2023, 205 (1): e0026222.
- [29] MIURA S, TAMAMURA Y, TAKAYASU M, et al. Influence of SOS-inducing agents on the expression of ArtAB toxin gene in *Salmonella enterica* and *Salmonella bongori* [J]. *Microbiology*, 2020, 166 (8): 785-793.

## · 信息 ·

# 倡导健康养殖新理念 解读疫病防控新技术 欢迎订阅 2026 年《畜牧与兽医》

ISSN 0529-5130, CN 32-1192/S

《畜牧与兽医》月刊由教育部主管、南京农业大学主办。1935年创刊，由原中央大学畜牧兽医系编辑出版，著名兽医学家罗清生教授任主编，至今已有90年的办刊历史。始终遵循“为社会服务，为畜牧生产服务”和“理论与实践相结合，普及与提高并举”的办刊宗旨。本刊连续入选中国科技核心期刊（中国科技论文统计源期刊）、《中文核心期刊要目总览》，先后荣获华东地区优秀期刊、江苏期刊方阵双效期刊、江苏省优秀科技期刊、全国高校优秀期刊、全国畜牧兽医类优秀期刊等。

**读者对象：**畜牧、兽医科技工作者和大专院校师生等。

**主要内容：**主要刊登畜牧、兽医两学科各领域的研究报告、文献综述等。主要栏目有遗传繁育、动物营养、环境卫生、基础兽医、预防兽医、临床兽医和专题综述等。

**征订办法：**本刊为月刊，大16开，定价：28.00元，全年12期共336.00元。邮发代号：28-42，全国各地邮局均可订阅。邮局漏订者可直接汇款至本刊杂志社补订。

**地址：**江苏省南京市江北新区滨江大道666号南京农业大学行政楼A320《畜牧与兽医》编辑部

**邮编：**211800

**电话：**025-84395701

**E-mail：**muyizz@njau.edu.cn