



疾病诊断与防控 Disease Diagnosis, Treatment and Prevention

一株圈养疣鼻天鹅源维隆气单胞菌的分离鉴定、致病性和耐药性

彭志锋¹, 盛亚敏¹, 王文佳¹, 乔宏兴¹,
蒋增海¹, 蔡文可¹, 梁群超², 陈圆圆^{3*}, 边传周^{1*}

1. 河南牧业经济学院动物医药学院, 郑州 450046;
2. 河南银基佳宝游乐园管理有限公司, 新密 452376;
3. 河南省武陟县畜牧发展服务中心, 焦作 454950)

稿件运行过程

收稿日期: 2024-12-21

修回日期: 2025-01-11



摘要

关键词: 疣鼻天鹅;
维隆气单胞菌;
新兴病原体;
人兽共患病;
公共卫生

Keywords: Mute swan (*Cygnus olor*);
Aeromonas veronii;
Emerging pathogen;
Zoonosis;
Public health

中图分类号: S858.39

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2026)-01-0100-09

DOI: 10.12375/ysdwx.202412026

维隆气单胞菌(*Aeromonas veronii*)是一种在陆生和水生环境中普遍存在的细菌,对动物和人类健康的影响越来越大,它正在全球成为一种新兴病原体。为探究一圈养疣鼻天鹅(*Cygnus olor*)的死亡原因,在对其进行病理剖检后,取其内脏组织进行细菌分离和病毒PCR检测;随后通过基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)和*gyrB*基因序列分析对分离菌种进行鉴定;之后对该分离菌株进行毒力基因检测、雏鹅感染试验和药物敏感性分析。结果显示:分离菌株为维隆气单胞菌,命名为HNYJ-4/2023;该菌株携带*alt*、*ela*、*lip*、*act*、*aerA*和*fla*六个毒力基因,对雏鹅半数致死剂量为 1.74×10^7 CFU/mL。药敏试验结果显示,该菌株对美罗培南、氨苄青霉素、恩诺沙星和头孢他啶耐药。研究结果扩展了维隆气单胞菌已知宿主的范围。这些发现表明,人们急需针对环境、动物和人类开展维隆气单胞菌的广泛监测和研究,最大限度阻止维隆气单胞菌在三者之间的传播。

基金项目: 河南省重点学科“兽医”建设项目(序号312);河南省牧业经济学院-校企横向合作项目(2025410126000015);河南牧业经济学院校科技创新团队项目(2018KYTD13)

第一作者简介: 彭志锋(1982-),男,副教授;主要从事预防兽医学研究。E-mail: zfpeng2006@126.com

* 通信作者: 陈圆圆, E-mail: 737892408@qq.com; 边传周, E-mail: chuanzhou-bian@126.com

Isolation, Identification, Pathogenicity and Drug Resistance of *Aeromonas veronii* from a Captive Mute Swan

PENG Zhifeng¹, SHENG Yamin¹, WANG Wenjia¹, QIAO Hongxing¹,
JIANG Zenghai¹, CAI Wenke¹, LIANG Qunchao², CHEN Yuanyuan^{3*}, BIAN Chuazhou^{1*}

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

2. Henan Yinji Jiabao Amusement Park Management Co., Ltd., Xinmi 452376, China;

3. Wuzhi County Animal Husbandry Development Service Center, Jiaozuo 454950, China)

Abstract: *Aeromonas veronii* is a ubiquitous bacterium in terrestrial and aquatic environments. It is becoming an emerging pathogen worldwide with an increasing impact on animal and human health. In order to investigate the cause of death of a captive mute swan (*Cygnus olor*), a pathological autopsy was performed and visceral tissues were collected for bacterial isolation and virus detection by PCR. The isolated strains were identified by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) and *gyrB* gene sequence analysis. Subsequently, the isolated strains were tested for virulence genes, gosling infection test and drug sensitivity analysis, respectively. The results showed that the isolated strain was *Aeromonas veronii*, named HNYJ-4/2023. This strain contained six virulence genes: *alt*, *ela*, *lip*, *act*, *aerA* and *fla*, and the median lethal dose (LD₅₀) to gosling was 1.74×10^7 CFU/mL. Antimicrobial susceptibility test showed that the *A. veronii* HNYJ-4/2023 was resistant to meropenem, ampicillin, enrofloxacin and ceftazidime, respectively. The results extend the spectrum of known hosts of *A. veronii*. These findings highlight the urgent need for comprehensive surveillance and research targeting *A. veronii* across the environment, animals and humans to minimize the spread of *A. veronii* among them.

维隆气单胞菌(*Aeromonas veronii*),又名凡隆气单胞菌、维氏气单胞菌,是气单胞菌属(*Aeromonas*)中的一个重要致病菌种。近年来,该菌感染导致多种水生和陆生动物发病,包括绵羊、长江江豚(*Neophocaena asiaeorientalis*)、日本沼虾(*Macrobrachium nipponense*)、中华鳖(*Pelodiscus sinensis*)、斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)及其他多种淡水鱼^[1-7]。此外,维隆气单胞菌也可感染人类,特别是对老年人和儿童危害显著,可致败血症、肠胃炎和其他疾病^[8-9]。该菌不仅是全球淡水鱼类的主要病原之一^[5,10],也是食品中最易检出的气单胞菌属菌种^[11]。随着临床病例的增加,维隆气单胞菌已成为气单胞菌属中的优势致病种,人类和动物主要通过摄入受污染的水或食物、接触粪便或直接接触而感染^[12-13]。由于其同时威胁动物健康、环境安全、人类健康和食品安全,维隆气单胞菌对“同一个健康”(One Health)构成严峻挑战^[9-10,13-14],因而被视为一种新兴的人兽共患病

原体^[14]。尽管该菌宿主广泛,但目前尚无圈养疣鼻天鹅(*Cygnus olor*)源维隆气单胞菌的报道。2023年4月17—20日,河南省某公园圈养的疣鼻天鹅在无显著临床症状的情况下陆续死亡3只。为查明死因,本研究从一只体质量9.6 kg的病死疣鼻天鹅肝脏和心脏组织中分离到一株细菌,经鉴定为维隆气单胞菌,并通过毒力基因检测、雏鹅感染试验和药物敏感性试验分析了其生物学特性。根据药敏试验结果,我们选用敏感药物成功治疗了公园内其余发病疣鼻天鹅。本研究首次报道了圈养疣鼻天鹅源维隆气单胞菌的感染,扩大了该菌的已知宿主范围,并对其潜在的传播途径和公共卫生意义进行了探讨。

1 材料与方法

1.1 病料样品来源

病料为河南某公园送检的一只病死疣鼻天鹅。

1.2 主要试剂与菌株

DNA 纯化试剂盒、PCR 试剂和 DNA Marker 均购自天根生化科技(北京)有限公司;琼脂平板购自北京奥博星生物技术有限责任公司;抗菌药购自北京索莱宝科技有限公司;大肠埃希菌(*Escherichia coli*) ATCC 25922 购自赛默飞世尔科技(中国)有限公司。

1.3 细菌分离培养和病毒 PCR 检测

细菌分离培养:使用 75% 乙醇消毒病死疣鼻天鹅体表。在无菌条件下,分别取肝脏和心脏的新鲜切面,用接种环蘸取后,划线接种于含 5% 脱纤维绵羊血的脑心浸液(BHI)琼脂平板、含 5% 绵羊血的血琼脂平板、含 5% 绵羊血的麦康凯(MacConkey)琼脂平板和含 5% 绵羊血的胰蛋白酶大豆(TSA)琼脂平板。将所有平板置于恒温培养箱中 37 °C 培养 12 ~ 24 h 后,挑取优势单菌落进行革兰氏染色和镜检。

病毒核酸提取与检测:取相同组织样本,置于无菌磷酸盐缓冲盐水(pH = 7.2)中匀浆。将组织匀浆液冻融 3 次后,4 °C、8 000×g 离心 10 min,取上清。使用病毒基因组 DNA/RNA 试剂盒提取的总核酸作为 PCR/RT-PCR 模板。参考文献[15-17]报道的引物和反应程序,分别检测鹅呼肠孤病毒(Goose reovirus)、鹅出血性多瘤病毒(Goose hemorrhagic polyomavirus)、鹅细小病毒(Goose parvovirus)、坦布苏病毒(Tembusu virus)和禽流感病毒(Avian influenza virus)。

1.4 菌种鉴定

1.4.1 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)鉴定

挑取新鲜纯培养的单菌落,点样于 MALDI-TOF MS(美国 Bruker 公司)靶板的样品孔中,室温下自然干燥。随后,在样品表面覆盖 1 μL 基质溶液,干燥后进行质谱采集与分析。

1.4.2 基于管家基因 *gyrB* 的序列分析

用煮沸法提取的分离菌株基因组 DNA 作为 PCR 模板,参照文献[18]的扩增反应体系和程序,使用通用引物 *gyrB*-F (5'-GAAGTCATCATGACCGTTCTGCAYGCNGGNGGNAARTTYGA-3') 和 *gyrB*-R (5'-AGCAGGGTACGGATGTGCGAGCCRTCNCRTNGCRTCNGTCAT-3') 扩增 *gyrB* 基因。通过 1% 琼脂糖凝胶检测 PCR 产物,并将纯化的目的片段送至郑州尚亚生物科技有限公司测序。基于获得的 *gyrB* 基因序列,利用 MEGA-X 软件,以邻接法构建系统发育

树,Bootstrap 自展值设置为 1 000。

1.5 毒力基因检测

用煮沸法提取的分离菌株基因组 DNA 作为 PCR 模板,参照文献[19]的引物和 PCR 扩增程序检测编码热不稳定肠毒素(*alt*)、弹性蛋白酶(*ela*)、脂肪酶(*lip*)、细胞毒性肠毒素(*act*)、气溶素(*aerA*)、鞭毛蛋白(*fla*)、溶血素 A(*hlyA*) 和热稳定细胞毒素(*ast*)的基因。所有 PCR 产物均使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.6 雏鹅感染试验

取 1 日龄健康雏鹅 25 只(原阳云波鹅业公司,中国),随机分为 5 组,每组 5 只。其中 4 组为感染组,分别通过腹腔注射接种 1.1×10^9 、 1.1×10^8 、 1.1×10^7 、 1.1×10^6 CFU/mL (0.2 mL/只) 的本研究分离菌株悬液;另设一组为对照组,每只雏鹅接种无菌 PBS (0.2 mL/只)。接种后连续记录 7 d 雏鹅的临床症状和死亡率。采用累计法计算其半数致死量(median lethal dose, LD₅₀)。试验结束后,随机选取 3 只死亡雏鹅,无菌采集其心脏与肝脏组织进行细菌的再分离与鉴定,以验证感染。同时,取肺脏与肝脏组织,经 10% 福尔马林固定 24 h 以上,进行石蜡包埋、切片及 H&E 染色,做组织病理学观察。

1.7 药物敏感性试验

根据美国临床和实验室标准协会(CLSI)指南^[20],采用微肉汤稀释法测定分离菌株对抗菌药物的最小抑菌浓度(MIC)。将分离菌株单菌落接种于 MH 琼脂平板上,在 (35 ± 1) °C 孵育 24 h。挑取单菌落,以 MH 肉汤配制 0.5 麦氏浊度(5×10^5 CFU/mL) 标准菌悬液。然后在 96 孔板的每孔中加入 50 μL 菌悬液,在第 1 列孔添加药液 50 μL,做 2 倍倍比稀释。仅含菌悬液的 2 孔作为阳性对照,仅含无菌 MH 液体培养基的 2 孔作为阴性对照,(35 ± 1) °C 孵育 (24 ± 2) h。检测的抗菌药包括美罗培南、利奈唑胺、阿莫西林、多西环素、替加环素、黏菌素、庆大霉素、氟苯尼考、恩诺沙星、头孢西丁、头孢他啶、泰妙菌素、壮观霉素和磷霉素。用大肠埃希菌 ATCC 25922 进行质控。

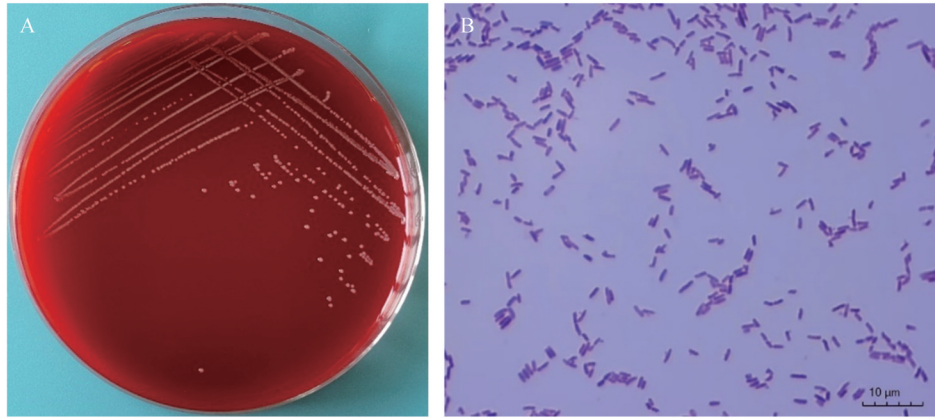
2 结果与分析

2.1 分离菌株 HNYJ-4/2023 为革兰氏阴性、两端钝圆短杆菌

将无菌采集的病死疣鼻天鹅肝脏及心脏组织,分别接种于 TSA、麦康凯、BHI 平板和绵羊血琼脂平

板进行细菌分离,并用PCR/RT-PCR方法检测可能的鹅源病毒。结果显示,菌落呈圆形、光滑、湿润、浅灰色,直径约2 mm(图1A)。分离菌株为革兰氏阴性短杆状,两端钝圆,单个或成对排列(图1B),命名为

HNYJ-4/2023。组织样品中均未检测到鹅呼肠孤病毒、鹅出血性多瘤病毒、鹅细小病毒、坦布苏病毒和禽流感病毒的核酸。



A. 分离菌株在血琼脂板上生长良好; B. 大小和染色深度不同的革兰氏阴性杆菌。

A. The isolated strains grow well on sheep blood agar plates; B. Gram-negative bacilli with different sizes and staining depths.

图1 分离菌株 HNYJ-4/2023 在血琼脂平板上的菌落形态和革兰氏染色镜检结果

Figure 1 Colony morphology on blood agar plate and Gram staining microscopy of isolated strain HNYJ-4/2023

2.2 分离菌株 HNYJ-4/2023 为维隆气单胞菌

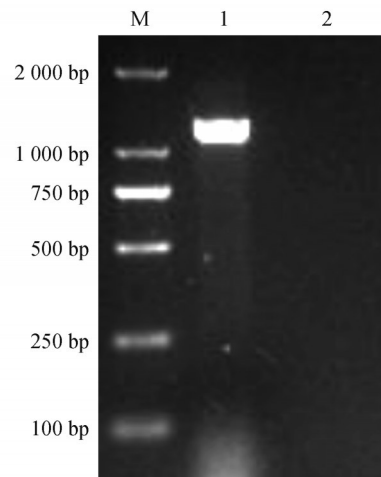
在 MALDI-TOF MS 分析中,菌株 HNYJ-4/2023 与维隆气单胞菌最匹配,分值为 2.45。分子生物学鉴定结果进一步证实了上述结论。琼脂糖凝胶电泳结果显示,其 *gyrB* 基因扩增产物大小约为 1 200 bp (图2)。该 *gyrB* 基因序列(GenBank 登录号:PQ846496)与 *Aeromonas veronii* LOID15995 和 *A. veronii* Colony111 的同源性分别为 98.3% 和 99.4%。基于 *gyrB* 序列构建的系统发育树显示,HNYJ-4/2023 与维隆气单胞菌参考菌株聚于同一个进化分支(图3)。综上,通过 MALDI-TOF MS 和分子遗传学分析,将该分离株鉴定为维隆气单胞菌。

2.3 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 携带 6 种毒力基因

气单胞菌属毒力基因检测结果表明,HNYJ-4/2023 携带 6 种毒力基因,分别为 *alt*、*ela*、*lip*、*act*、*aerA* 和 *fla*(图4)。

2.4 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 感染的雏鹅多器官损伤

雏鹅感染试验结果显示,菌株 HNYJ-4/2023 具有强致病性。接种 12 h 后,雏鹅出现嗜睡、震颤及呼吸急促等临床症状。感染 24 h 后雏鹅出现死亡,其中两个高浓度组(1.1×10^9 、 1.1×10^8 CFU/mL)的雏



M. DL2000 DNA Marker; 1. The *gyrB* gene PCR products of the isolated strains; 2. Negative control.

M. DL2000 DNA Marker; 1. 分离菌株 *gyrB* PCR 扩增产物; 2. 阴性对照。

图2 分离菌株 HNYJ-4/2023 *gyrB* 基因 PCR 扩增产物电泳结果

Figure 2 Agarose gel electrophoresis of PCR products for *gyrB* gene of isolated strain HNYJ-4/2023

鹅均在 48 h 内死亡,而两个较低剂量组(1.1×10^7 、 1.1×10^6 CFU/mL)的雏鹅 7 d 内死亡率均为 0。维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 对雏鹅的 LD_{50} 为 1.74×10^7 CFU/mL(表1)。从死亡雏鹅的心脏和肝脏中成

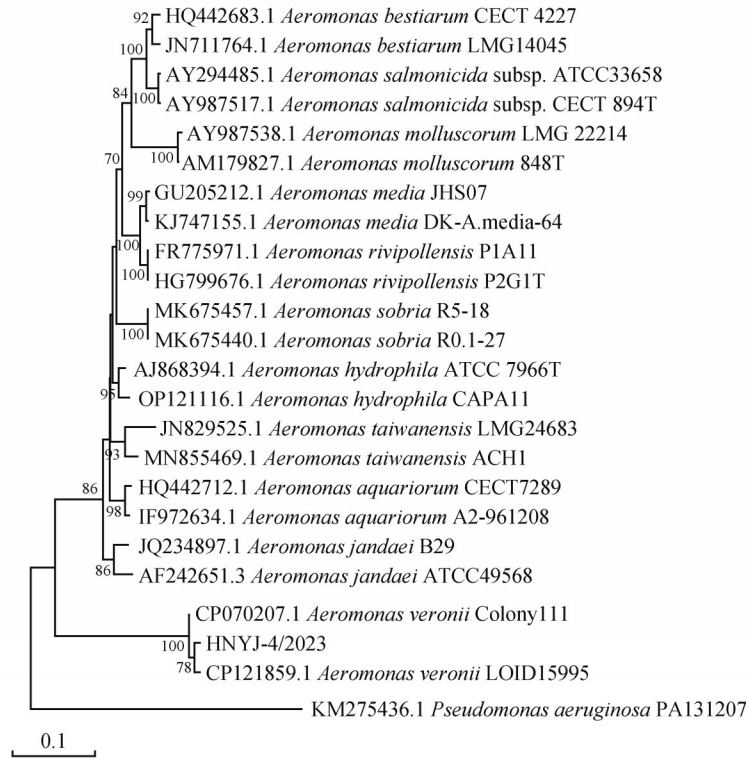
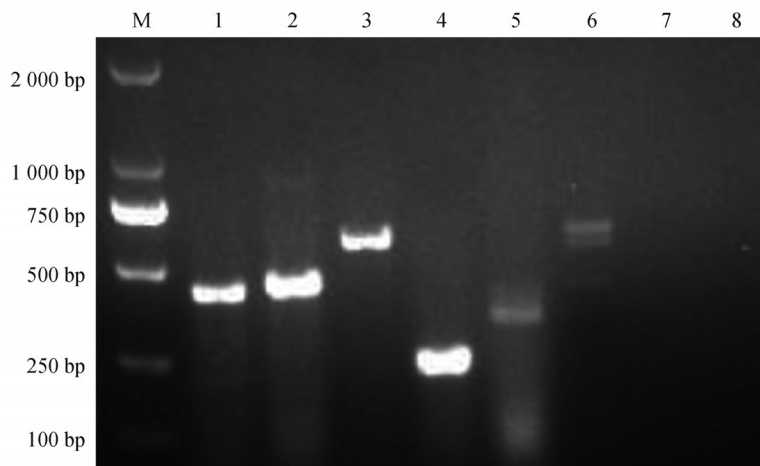


图3 基于 *gyrB* 基因序列构建的气单胞菌属系统发育树

Figure 3 Phylogenetic tree of the genus *Aeromonas* based on the housekeeping *gyrB* gene sequence



M. DL2000 DNA Marker; 1~8 分别为 *alt*, *ela*, *fla*, *act*, *lip*, *aerA*, *hlyA*, *ast*。

M. DL2000 DNA Marker; 1-8 represent *alt*, *ela*, *fla*, *act*, *lip*, *aerA*, *hlyA* and *ast*, respectively.

图4 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 毒力基因 PCR 扩增产物电泳结果

Figure 4 Agarose gel electrophoresis of PCR products for virulence genes of *Aeromonas veronii* HNYJ-4/2023

功重新分离到该菌,证实了其病原性。病理学检查显示,阴性对照组雏鹅各器官未见肉眼可见病变(图 5A),感染组雏鹅的多个器官弥漫性出血(图 5B)。组织病理学观察可见肺泡及间质充斥大量红细胞(图 5C),局部肝细胞变性、坏死(图 5D)。

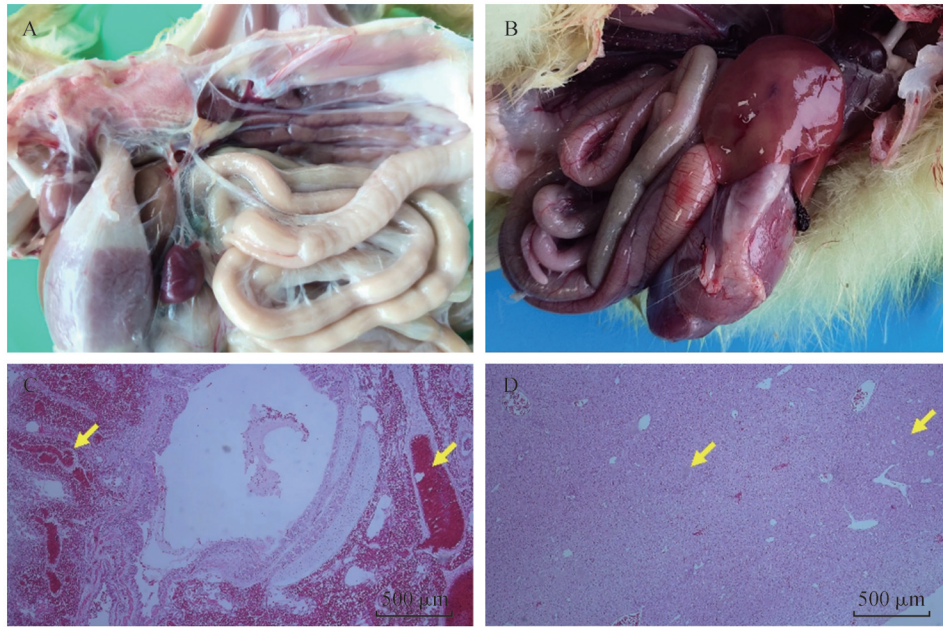
2.5 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 多重耐药

药敏试验结果显示, HNYJ-4/2023 对头孢西丁 (MIC 为 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$)、庆大霉素 (8 $\mu\text{g}/\text{mL}$) 中介,对美罗培南 (32 $\mu\text{g}/\text{mL}$)、氨苄青霉素 (64 $\mu\text{g}/\text{mL}$)、恩诺沙星 (1.25 $\mu\text{g}/\text{mL}$) 和头孢他啶 (16 $\mu\text{g}/\text{mL}$) 耐药(表 2)。

表1 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 对雏鹅的半数致死量

Table 1 Median lethal dosage (LD_{50}) of *Aeromonas veronii* HNYJ-4/2023 to goslings

| 组别 Group | 剂量/(CFU·mL ⁻¹) Concentration | 死亡数量 Death number | 累计死亡率/% Cumulative mortality rates | 半数致死量/(CFU·mL ⁻¹) LD_{50} |
|-------------|---|----------------------|---------------------------------------|--|
| 1 | 1.1×10^9 | 4 | 80 | 1.74 × 10 ⁷ |
| 2 | 1.1×10^8 | 1 | 20 | |
| 3 | 1.1×10^7 | 0 | 0 | |
| 4 | 1.1×10^6 | 0 | 0 | |



A. 阴性对照组雏鹅无肉眼可见病变；B. 感染组的雏鹅多器官出血；C. 感染雏鹅肺泡及其间质浸润大量红细胞(黄色箭头)；D. 感染雏鹅局部肝细胞变性、坏死(黄色箭头)。

A. No visible lesions in goslings in the negative control; B. Hemorrhage in multiple organs in goslings inoculated with *Aeromonas veronii* HNYJ-4/2023; C. Extensive erythrocyte accumulation characterized the pulmonary alveoli and interstitium in the infected goslings (yellow arrow); D. Local hepatocyte degeneration and necrosis were observed in the infected goslings (yellow arrow).

图5 感染维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 雏鹅的病理变化和组织学损伤

Figure 5 Pathological changes and histological lesions of the goslings infected with *Aeromonas veronii* HNYJ-4/2023

3 讨论

本研究首次从一只出现急性多器官病变的圈养疣鼻天鹅脏器中分离出维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023,证实了该菌对水禽的致死性感染,从而扩大了其已知宿主范围。这一发现进一步支持了维隆气单胞菌已成为一种宿主谱广泛的新兴人兽共患病原体的观点^[14,21-24]。该菌不仅可感染多种水生与陆生动物,也是人类胃肠炎、败血症等疾病的重要病原,并日益成为临床和食品安全监测中的焦点^[5-6,10,25-27]。

气单胞菌属细菌毒力是多种毒力因子的累积效应^[28]。在本研究中,HNYJ-4/2023 菌株携带 *alt*、*act*、

aerA、*ela*、*lip* 和 *fla* 六个关键毒力基因。这一基因谱很可能共同介导了其强烈的致病性。其中,*fla* 编码的鞭毛不仅赋予其细菌运动能力,也与其黏附和生物膜形成有关^[29];*act* 抑制宿主细胞的吞噬活性并产生溶血^[30];*aerA* 编码的气溶素是气单胞菌属的原型溶血素,它可以在靶细胞膜上形成孔隙,导致细胞渗透裂解^[29]。这些毒力因子的协同作用,使得其对雏鹅表现出较强的侵袭力(LD_{50} 为 1.74×10^7 CFU/mL),并在感染后引发急性、全身性病理过程,如多器官出血(图 5B)、肺泡及其间质浸润大量红细胞(图 5C)及肝细胞变性坏死(图 5D)。因此,HNYJ-4/2023 的毒力基因型与其高致病性的表型高度吻合。

表2 维隆气单胞菌 HNYJ-4/2023 的药敏试验结果

Table 2 Antimicrobial susceptibility testing results of the *Aeromonas veronii* HNYJ-4/2023

| 抗菌药物类别 Antimicrobial category | 抗菌药物 Antimicrobial agent | MIC 折点 / ($\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$) MIC breakpoint | | | MIC / ($\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$) | 判定结果 Interpretation |
|----------------------------------|-----------------------------|---|------|--------------|--|------------------------|
| | | 敏感 S | 中介 I | 耐药 R | | |
| 碳青霉烯类 Carbapenems | 美罗培南 Meropenem | ≤ 1 | 2 | ≥ 4 | 32 | R |
| 恶唑烷酮类 Oxazolidinones | 利奈唑胺 Linezolid | ≤ 2 | * | * | 32 | |
| 青霉素类 Penicillins | 氨苄青霉素 Ampicillin | $\leq 8/4$ | 16/8 | $\geq 32/16$ | 64 | R |
| 喹诺酮类 Fluoroquinolones | 恩诺沙星 Enrofloxacin | ≤ 0.25 | * | ≥ 0.5 | 1.25 | R |
| 头孢菌素类 Cephalosporins | 头孢西丁 Cefoxitin | ≤ 8 | 16 | ≥ 32 | 16 | I |
| | 头孢他啶 Ceftazidime | ≤ 4 | 8 | ≥ 16 | 16 | R |
| 氨基糖苷类 Aminoglycosides | 庆大霉素 Gentamicin | ≤ 4 | 8 | ≥ 16 | 8 | I |
| | 多西环素 Doxycycline | * | * | * | 0.125 | |
| 四环素类 Tetracyclines | 替加环素 Tigecycline | * | * | * | 0.125 | |
| | 多黏菌素 Polymyxin | * | * | * | 16 | |
| 氯霉素类 Chloramphenicols | 氟苯尼考 Florfenicol | * | * | * | 0.25 | |
| 截短侧耳素类 Pleuromutilin | 泰妙菌素 Tiamulin | * | * | * | 128 | |
| 氨基环醇类 Aminocyclitols | 壮观霉素 Spectinomycin | * | * | * | 16 | |
| 磷霉素类 Fosfomycins | 磷霉素 Fosfomycin | * | * | * | 64 | |

注: *. 该药物无 CLSI 标准折点, 此处仅列出实测 MIC 值。

Note: *. No CLSI breakpoint is available, only the measured MIC is listed.

从水生生物、昆虫及家禽中分离的气单胞菌与人源气单胞菌表现出相似的抗药谱^[31], 随着多重耐药气单胞菌的报道越来越多, 其耐药性已成为人类日益关注的问题^[6, 11, 24]。本研究药敏试验显示, 菌株 HNYJ-4/2023 对美罗培南、氨苄青霉素、恩诺沙星和头孢他啶等多种重要临床药物耐药。这一耐药谱与近年来从动物、环境及人类中分离的气单胞菌趋势^[22, 24, 32-36]相符。其对碳青霉烯类药物美罗培南的耐药性, 构成了严峻的公共卫生挑战。碳青霉烯类药物被世界卫生组织认为在人类医学上至关重要, 是危及生命感染的最后治疗药物, 耐碳青霉烯类药物维隆气单胞菌的出现不仅限制了兽医和人类临床的治疗选择, 更预示着“后抗生素时代”的潜在风险。此外, 本菌株对第二代头孢菌素头孢西丁 (MIC = 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$) 表现为中介, 而对第三代头孢菌素头孢他啶 (MIC = 16 $\mu\text{g}/\text{mL}$) 则已表现为明确的耐药。这一结果表明, 该菌株可能携带针对 β -内酰胺类药物的耐药机制, 且对更高代别的头孢菌素具有更强的耐药性, 这为合理用药带来了不确定性。

关于本病例的感染源, 推测可能与圈养环境中

的水或食物污染有关。游客投喂、与其他动物共用水源或接触受污染的环境均可能是潜在的传播途径。受污染的水中饲养的鱼可引起人群中维隆气单胞菌的食源性传播^[11, 14]。此外, 水禽可通过饮用受污染的水直接或间接感染耐碳青霉烯类维隆气单胞菌, 并可能将其传播给人类。因此, 维隆气单胞菌的食源性和水媒传播是一个值得关注的公共卫生问题。这就要求持续监测各种来源的维隆气单胞菌, 并改善养殖水禽的环境卫生, 以防止水污染和人类感染, 减轻其对公共卫生安全的影响。

4 结论

本研究首次报道了由维隆气单胞菌引起的圈养疣鼻天鹅致死病例, 分离株 HNYJ-4/2023 携带多重毒力基因且对包括美罗培南在内的多种抗菌药物耐药。这些发现不仅扩展了该病原体的宿主范围, 更揭示了其作为兼具高致病性与多重耐药性的人兽共患病原体的潜在风险。为此, 必须建立跨物种、跨环境的主动监测体系, 深入研究其传播机制与耐药进化规律, 为制定有效的干预策略提供科学依据, 以阻

断其在动物、环境与人类之间的传播链,保障公共卫生安全。

参考文献:

- [1] GAO X J, TONG S Q, ZHANG S M, *et al.* *Aeromonas veronii* associated with red gill disease and its induced immune response in *Macrobrachium nipponense* [J]. *Aquaculture Research*, 2020, 51(12): 5163–5174.
- [2] MIAO Y Q, ZHAO X L, ADAM F E A, *et al.* Isolation and identification of *Aeromonas veronii* in sheep with fatal infection in China: A case report [J]. *Microorganisms*, 2023, 11(2): 333.
- [3] LIU Z G, ZHENG A F, CHEN M M, *et al.* Isolation and identification of pathogenic *Aeromonas veronii* from a dead Yangtze finless porpoise [J]. *Diseases of Aquatic Organisms*, 2018, 132(1): 13–22.
- [4] YE Y W, JIANG Y L, FAN T F, *et al.* Resistance characterization, virulence factors, and ERIC-PCR fingerprinting of *Aeromonas veronii* strains isolated from diseased *Trionyx sinensis* [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2012, 9(11): 1053–1055.
- [5] NIK MOHD FAUZI N N F, HAMDAN R H, MOHAMED M, *et al.* Prevalence, antibiotic susceptibility, and presence of drug resistance genes in *Aeromonas* spp. isolated from freshwater fish in Kelantan and Terengganu states, Malaysia [J]. *Veterinary World*, 2021, 14(8): 2064–2072.
- [6] TEKEDAR H C, ARICK M A, II, HSU C Y, *et al.* Identification of antimicrobial resistance determinants in *Aeromonas veronii* strain MS-17-88 recovered from channel catfish (*Ictalurus punctatus*) [J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2020, 10: 348.
- [7] 赵允清, 邵明珠, 郭家媚, 等. 中华草龟源维氏气单胞菌的分离及生物学特性鉴定 [J]. *野生动物学报*, 2022, 43(2): 527–532.
ZHAO Y Q, SHAO M Z, GUO J M, *et al.* Isolation and biological characteristics of *Aeromonas veronii* from Chinese grass turtle [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2022, 43(2): 527–532.
- [8] LI L H, HUANG J, XU L, *et al.* Severe skin and soft tissue infection in the left upper limb caused by *Aeromonas veronii*: A case report [J]. *Journal of Medical Case Reports*, 2023, 17(1): 29.
- [9] JIE T T Z, SHELAT V G. *Aeromonas caviae* and *Aeromonas veronii* causing acute cholecystitis [J]. *Surgical Infections*, 2021, 22(8): 873–874.
- [10] ANAGNOSTOPOULOS D A, PARLAPANI F F, NATOUDI S, *et al.* Bacterial communities and antibiotic resistance of potential pathogens involved in food safety and public health in fish and water of lake karla, Thessaly, Greece [J]. *Pathogens*, 2022, 11(12): 1473.
- [11] QU F T, WANG W Q, LIU Q, *et al.* Genetic diversity, antibiotic resistance, and pathogenicity of *Aeromonas* species from food products in Shanghai, China [J]. *Biomedical and Environmental Sciences*, 2022, 35(9): 842–853.
- [12] SUMITHRA T G, KUMAR T V, SWAMINATHAN T R, *et al.* Epizootics of epizootic ulcerative syndrome among estuarine fishes of Kerala, India, under post-flood conditions [J]. *Diseases of Aquatic Organisms*, 2020, 139: 1–13.
- [13] LAMY B, BARON S, BARRAUD O. *Aeromonas*: The multifaceted middleman in the One Health world [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2022, 65: 24–32.
- [14] LI T, RAZA S H A, YANG B T, *et al.* *Aeromonas veronii* infection in commercial freshwater fish: A potential threat to public health [J]. *Animals (Basel)*, 2020, 10(4): 608.
- [15] LI P F, ZHANG R H, CHEN J H, *et al.* Development of a duplex semi-nested PCR assay for detection of classical goose parvovirus and novel goose parvovirus-related virus in sick or dead ducks with short beak and dwarfism syndrome [J]. *Journal of Virological Methods*, 2017, 249: 165–169.
- [16] SU J L, LI S, HU X D, *et al.* Duck egg-drop syndrome caused by BYD virus, a new Tembusu-related flavivirus [J]. *PLoS One*, 2011, 6(3): e18106.
- [17] YAO M, ZHANG X Y, GAO Y F, *et al.* Development and application of multiplex PCR method for simultaneous detection of seven viruses in ducks [J]. *BMC Veterinary Research*, 2019, 15(1): 103.
- [18] YAMAMOTO S, HARAYAMA S. PCR amplification and direct sequencing of *gyrB* genes with universal primers and their application to the detection and taxonomic analysis of *Pseudomonas putida* strains [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1995, 61(3): 1104–1109.
- [19] ZHAO C X, QIN P P, LI S, *et al.* Exploring *Aeromonas dhakensis* in Aldabra giant tortoises: A debut report and genetic characterization [J]. *BMC Microbiology*, 2024, 24(1): 76.
- [20] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: 30th ed; CLSI supplement M100 [M]. Wayne: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2020: 16–17.
- [21] ALEKSIĆ-KOVAČEVIĆ S, OZVEGY J, KRSTIĆ N, *et al.* Skin and skeletal system lesions of European pond turtles (*Emys orbicularis*) from natural habitats [J]. *Acta Veterinaria Hungarica*, 2014, 62(2): 180–193.
- [22] HOSSAIN S, DE SILVA B C J, DAHANAYAKE P S, *et al.* Characterization of virulence properties and multi-drug resistance profiles in motile *Aeromonas* spp. isolated from zebrafish (*Danio rerio*) [J]. *Letters in Applied Microbiology*, 2018, 67(6): 598–605.
- [23] BARTIE K L, NGÔ T P H, BEKAERT M, *et al.* *Aeromonas hydrophila* ST251 and *Aeromonas dhakensis* are major emerging pathogens of striped catfish in Vietnam [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 13: 1067235.
- [24] ADAMS R J, MATHYS D A, MOLLENKOPF D F, *et al.* Carbapenemase-producing *Aeromonas veronii* disseminated in the environment of an equine specialty hospital [J]. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 2017, 17(6): 439–442.
- [25] XU X D, FU H Y, WAN G Y, *et al.* Prevalence and genetic di-

- versity of *Aeromonas veronii* isolated from aquaculture systems in the Poyang Lake area, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1042007.
- [26] PESSOA R B G, MARQUES D S C, LIMA R O H A, *et al.* Molecular characterization and evaluation of virulence traits of *Aeromonas* spp. isolated from the tambaqui fish (*Colossoma macropomum*) [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2020, 147: 104273.
- [27] WANG M L, XIONG X, LIU J J, *et al.* Carbon and nitrogen stable isotopes evidence for the environmental impact of the cage fish farm in Poyang Lake, China [J]. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2020, 105(6): 860–867.
- [28] RASMUSSEN-IVEY C R, FIGUERAS M J, MCGAREY D, *et al.* Virulence factors of *Aeromonas hydrophila*: In the wake of reclassification [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1337.
- [29] BEAZ-HIDALGO R, FIGUERAS M J. *Aeromonas* spp. whole genomes and virulence factors implicated in fish disease [J]. *Journal of Fish Diseases*, 2013, 36(4): 371–388.
- [30] CHOPRA A K, XU X, RIBARDO D, *et al.* The cytotoxic enterotoxin of *Aeromonas hydrophila* induces proinflammatory cytokine production and activates arachidonic acid metabolism in macrophages [J]. *Infection and Immunity*, 2000, 68(5): 2808–2818.
- [31] DUBEY S, AGER-WICK E, KUMAR J, *et al.* *Aeromonas* species isolated from aquatic organisms, insects, chicken, and humans in India show similar antimicrobial resistance profiles [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1008870.
- [32] ODEYEMI O A, AHMAD A. Antibiotic resistance profiling and phenotyping of *Aeromonas* species isolated from aquatic sources [J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2017, 24 (1) : 65–70.
- [33] YITAYEW B, WOLDEAMANUEL Y, ASRAT D, *et al.* Carbapenemase-producing *Aeromonas* species isolated from the urban-impacted Akaki River in Ethiopia [J]. *Journal of Water and Health*, 2022, 20(6): 903–914.
- [34] DRK S, PULJKO A, DŽELALIJA M, *et al.* Characterization of third generation cephalosporin- and carbapenem-resistant *Aeromonas* isolates from municipal and hospital wastewater [J]. *Antibiotics (Basel)*, 2023, 12(3): 513.
- [35] KAUR S, KAUR H, KAUR B, *et al.* Isolating pathogenic multidrug-resistant *Aeromonas hydrophila* from diseased fish and assessing the effectiveness of a novel lytic *Aeromonas veronii* bacteriophage (AVP3) for biocontrol [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2024, 196: 106914.
- [36] YI S W, CHUNG T H, JOH S J, *et al.* High prevalence of blaCTX-M group genes in *Aeromonas dhakensis* isolated from aquaculture fish species in South Korea [J]. *The Journal of Veterinary Medical Science*, 2014, 76(12): 1589–1593.