

# 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

贺恒旭<sup>1</sup>, 刘璐函<sup>1</sup>, 刘俊峰<sup>1</sup>, 金 钺<sup>1,2</sup>, 王鑫盛<sup>1</sup>, 郝勇航<sup>1</sup>, 王亚宾<sup>1,2</sup>,  
杨 霞<sup>1,2</sup>, 陈丽颖<sup>1,2\*</sup>, 杨海华<sup>3</sup>, 郑国建<sup>3</sup>

(1. 河南农业大学动物医学院, 郑州 450002; 2. 河南省动物性食品安全重点实验室, 郑州 450002;  
3. 河北省涿州市农业农村局, 保定 072750)

**摘 要:** **目的** 调查河南省生猪屠宰环节沙门氏菌污染情况, 并分析其耐药性及耐药基因。**方法** 本研究从河南省不同规模的生猪屠宰企业共采集 825 份样品, 通过常规检测方法和分子生物学技术对样品进行沙门氏菌分离鉴定, 然后通过药敏实验检测沙门氏菌分离株对 17 种抗菌药的敏感性; 对部分沙门氏菌分离株进行了 12 种耐药基因检测。**结果** 样品中共分离出沙门氏菌 241 株, 总分离率为 29.21%; 所有受试沙门氏菌分离株均对阿米卡星敏感, 而对多西环素耐受性最强(耐药率为 95.00%), 其次对其他抗菌药都表现出不同程度的耐受性; 上述分离株存在着严重的多重耐药问题, 其中耐 3 种及以上药物的菌株占比高达 98.34%。耐药基因检测结果显示, 受试菌株均含有针对全部 5 大类受试药物的抗性基因, 但 *aac(3)-Ia*、*gusA*、*tetB* 3 个耐药基因均未有检出。**结论** 河南省生猪屠宰企业存在严重的沙门氏菌污染情况, 且菌株存在严重的耐药性。

**关键词:** 生猪; 沙门氏菌; 细菌污染; 耐药性; 耐药基因

## Prevalence, antimicrobial resistance phenotypes and antimicrobial resistance genes of *Salmonella* isolates from pig slaughtering

HE Heng-Xu<sup>1</sup>, LIU Lu-Han<sup>1</sup>, LIU Jun-Feng<sup>1</sup>, JIN Yue<sup>1,2</sup>, WANG Xin-Sheng<sup>1</sup>, HAO Yong-Hang<sup>1</sup>,  
WANG Ya-Bin<sup>1,2</sup>, YANG Xia<sup>1,2</sup>, CHEN Li-Ying<sup>1,2\*</sup>, YANG Hai-Hua<sup>3</sup>, ZHENG Guo-Jian<sup>3</sup>

(1. College of Animal Medicine, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China; 2. Henan Key Laboratory of Animal Food Safety, Zhengzhou 450002, China; 3. Agricultural and Rural Bureau of Zhuozhou City, Hebei Province, Baoding 072750, China)

**ABSTRACT: Objective** To investigate the contamination of *Salmonella* in pig slaughtering in Henan province and drug analyze its resistance and gene resistance. **Methods** A total of 825 samples were collected from pig slaughtering enterprises of different scales in Henan province, and *Salmonella* was isolated and identified by routine detection methods and molecular biology techniques. Then the sensitivity of *Salmonella* isolates to 17 antibiotics was detected by antibiotic sensitivity test, and 12 antibiotic resistance genes of some *Salmonella* isolates were detected. **Results** A total of 241 strains of *Salmonella* were isolated from the samples, with a total isolation rate of 29.21%. All tested *Salmonella* isolates were sensitive to amikacin. However, it was the most resistant to doxycycline

基金项目: 十三五国家重点研发计划项目(2008YFD0500500)

Fund: Supported by the National Key R & D Program Projects During the 13th Five-Year Plan (2008YFD0500500)

\*通信作者: 陈丽颖, 博士, 教授, 主要研究方向为动物源性食品病原微生物检测及其防控。E-mail: chliying@henau.edu.cn

\*Corresponding author: CHEN Li-Ying, Ph.D, Professor, Henan Agricultural University, Longzihu Campus of Henan Agricultural University, Jinshui District, Zhengzhou, Henan Province 450002, China. E-mail: chliying@henau.edu.cn

(95.00%), followed by varying degrees of resistance to other antibiotics. The above isolates had a serious problem of multiple antibiotics resistance, of which the proportion of strains resistant to 3 or more antibiotics was as high as 98.34%. The results of antibiotic resistance gene detection showed that all the tested strains contained resistance genes for all 5 kinds of antibiotics, but *aac(3)-Ia*, *gusA* and *tetB* were not detected. **Conclusion** There is serious *Salmonella* contamination in pig slaughtering enterprises in Henan province, and the strains have serious antibiotic resistance.

**KEY WORDS:** pig; *Salmonella*; bacterial contamination; antimicrobial resistance; antimicrobial resistance gene

## 0 引言

沙门氏菌(*Salmonella*)是主要的人兽共患病原体之一,其中沙门氏菌的不同血清型可在全球范围内引起人和动物的发病与死亡,目前已发现该菌的血清型达到 2600 种<sup>[1]</sup>,其中鼠伤寒沙门氏菌于免疫功能正常的人体内可引起自限性胃肠炎,在免疫功能低下的人体内引发败血症,而伤寒沙门氏菌则可以引起伤寒<sup>[2-3]</sup>。沙门氏菌在自然界中分布极其广泛,通过生物摄入污染的食物和水而造成感染,可通过其致病岛对机体肠道造成损伤<sup>[3-6]</sup>。据统计,每年伤寒沙门氏菌病的患者约 2000 万,其中死亡人数可达 40 万;非伤寒沙门氏菌导致 9000 万以上的胃肠炎病例,死亡人数约 15 万<sup>[4-5]</sup>。近年来,由于养殖业中抗生素的大量使用、不合理的用药方案以及细菌耐药基因的水平传播<sup>[7]</sup>,细菌耐药的问题越来越严重,造成沙门氏菌对药物存在较为广泛的耐受性,从而使该菌的多重耐药菌株数量不断增加。生猪及其制品为沙门氏菌污染的主要对象之一,因此本研究对河南部分地区的生猪屠宰环节中沙门氏菌的污染和耐药性情况进行调查研究。本研究着眼于沙门氏菌沿生猪屠宰链的流行和传播规律,不仅为屠宰场采取有效的风险管理和控制措施提供科学支撑,也有助于从生猪养殖源头控制该菌污染,以及指导抗菌药物在动物养殖业中的使用,为正确的临床用药提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

#### 1.1.1 样品来源

2018 年 1 月至 2019 年 9 月,样品分为 15 批于河南省部分地区不同规模的生猪屠宰企业采集获得,所采样品分别为宰前生猪肛门拭子(420 份)、麻电环节猪体肛门拭子(100 份)、宰后脱毛和劈半环节体表拭子(各 90 份)、冷却间胴体体表拭子(95 份)、烫毛水样(15 份)、空气样(15 份)。采样完成并对样品进行编号后放入泡沫箱,封闭好之后 24 h 内低温送至实验室进行预增菌处理。

#### 1.1.2 实验菌株

大肠杆菌标准菌株 ATCC 25922、肠炎沙门氏菌 CICC

21482(中国兽医药品监察所)。

#### 1.1.3 仪器与试剂

GH 4500 隔水式培养箱(天津泰斯特仪器有限公司); ST16/ST16R 低温冷冻离心机(美国 Thermo Fisher Scientific 公司)。

缓冲蛋白胨水(buffered peptone water, BPW)、脑心浸液肉汤(brain heart infusion broth, BHI)、四硫磺酸钠煌绿增菌液(tetrathionate broth base, TTB)、XLT-4 培养基、法国科马嘉沙门氏菌显色培养基(青岛海博试剂公司); DNA Marker(2000 bp)[宝生物工程(大连)有限公司]; TE Buffer(Tris-EDTA buffer solution)、PCR 沙门氏菌特异性扩增引物、Taq DNA 聚合酶(上海生工生物工程有限公司)。

## 1.2 实验方法

### 1.2.1 细菌分离与纯化

将采集的拭子样品放入含无菌 BPW 的试管中 36 °C±1 °C 180 r/min 振荡培养 8~18 h, 分别接种于 XLT-4 和沙门氏菌显色培养基, 36 °C±1 °C 恒温培养 24 h。挑取符合沙门氏菌菌落特征的单个菌落, 接种于 BHI 肉汤培养基 36 °C±1 °C 隔夜纯化培养, 待进一步细菌鉴定。

### 1.2.2 PCR 扩增

用煮沸法对纯化后的菌液提取 DNA, 12000 r/min 离心 5 min 后弃上清液, 重复操作 2 次, 加入 200 μL TE Buffer 溶液后悬浮沉淀并涡旋混匀, 100 °C 沸水加热 10 min, 冰浴 5 min, 冷却后 12000 r/min 离心 2 min, 收集上清液为 DNA 模板。利用沙门氏菌肠毒素基因 *stn* 作为靶基因, 设计引物(上游引物: 5'-CTTTGGTCGTAAAATAAGGCG-3', 下游引物: 5'-TGCCCAAAGCAGAGAGATTC-3'), 并由上海生工生物工程有限公司合成, 具体信息见表 1。PCR 扩增程序为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 56 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 共 35 个循环; 72 °C 延伸 5 min。同时设立阴性和阳性对照。扩增产物进行 1% 琼脂糖凝胶电泳, 电泳结束后通过凝胶电泳成像系统分析结果。

### 1.2.3 药敏实验

根据美国临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)标准, 选取 17 种常用抗生素, 以大肠杆菌标准菌株 ATCC 25922 作为质控菌株,

通过微量肉汤稀释法进行抗生素敏感性实验,记录菌落生长情况,按照 CLSI 标准判定实验结果。

#### 1.2.4 耐药基因检测

查阅文献并设计沙门氏菌的 12 对耐药基因引物,包括四环素类 *tetA*、*tetB*,  $\beta$ -内酰胺类 *bla*<sub>TEM-1</sub>、*bla*<sub>SHV</sub>, 磺胺类 *sul-I*、*sul-II*, 氨基糖苷类 *aac(3)-Ia*、*aadA1*, 氯霉素类 *catI*、*floR*, 喹诺酮类 *gyrA*、*parC*, 引物均由上海生工生物工程有限公司合成,PCR 扩增程序为:95 °C 预变性 10 min; 94 °C 变性 30 s, 退火温度下退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 共 35 个循环; 72 °C 延伸 10 min。扩增产物进行 1% 琼脂糖凝胶电泳,电泳结束后通过凝胶成像系统分析实验结果,记录并保存。

## 2 结果与分析

### 2.1 沙门氏菌分离检测结果

通过 PCR 扩增以及凝胶电泳实验,从 825 份样品中总共分离得到 241 株沙门氏菌,总检出率为 29.21%。

### 2.2 生猪待宰与屠宰环节中沙门氏菌的分布情况

所采样品中,待宰生猪肛门拭子样品 420 份,分离得到沙门氏菌 135 株,检出率为 32.14%,屠宰环节样品 405 份,分离得到沙门氏菌 106 株,检出率为 26.17%。其中屠宰环节沙门氏菌携带率如表 2 所示。

表 1 沙门氏菌耐药基因 PCR 扩增引物  
Table 1 Primer for PCR amplification of *Salmonella* resistance gene

引物名称	引物序列(5'—3')	片段长度/bp	退火温度/°C
<i>tetA</i> <sup>[8]</sup>	5'-TCAACCCGCTCAGCTTCGTTC-3' 5'-TCAACCCGCTCAGCTTCGTTC-3'	529	55
<i>tetB</i> <sup>[9]</sup>	5'-CTTATCATGCCAGTCTTGCCA-3' 5'-CCAACCATCATGCTATTCCAT-3'	680	60
<i>sul-I</i> <sup>[10]</sup>	5'-TTTCCTGACCCGTGCGCTCTAT-3' 5'-GTGCGGACGTAGTCAGCGCCA-3'	425	58
<i>sul-II</i> <sup>[10]</sup>	5'-CCTGTTTCGTCCGACACAGA-3' 5'-GAAGCGCAGCCGCAATTCAT-3'	435	58
<i>bla</i> <sub>TEM-1</sub> <sup>[11]</sup>	5'-TTCTGCTATGTGGTGCGGTA-3' 5'-TCGTTTGGTATGGCTTCATTC-3'	307	59
<i>bla</i> <sub>SHV</sub> <sup>[11]</sup>	5'-TGGTTATGCGTTATATTCGCC-3' 5'-GGTGAGCGTTGCCAGTGCT-3'	870	60
<i>aac(3)-Ia</i> <sup>[12]</sup>	5'-TGAGGGCTGCTCTTGATCTT-3' 5'-ATCTCGGCTTGAACGAATTG-3'	436	55
<i>aadA1</i> <sup>[10]</sup>	5'-TTTGCTGGTTACGGTGAC-3' 5'-GCTCCATTGCCAGTCG-3'	497	49
<i>catI</i> <sup>[12]</sup>	5'-AGTGAATAACGAACGAGC-3' 5'-TCAGCAAGCGATATACGCAG-3'	470	55
<i>floR</i> <sup>[13]</sup>	5'-ATGACCACCACAGCCCCGC-3' 5'-TTAGACGACTGGCGACTTCT-3'	1215	55
<i>gyrA</i> <sup>[12]</sup>	5'-AATCGGCCCGTGTAGT-3' 5'-TGCCATACCCACGGCA-3'	324	55
<i>parC</i> <sup>[12]</sup>	5'-CTATGCGATGTCAGAGCT-3' 5'-TAACAGCAGCTCGGCGTA-3'	260	62

表 2 待宰生猪以及屠宰不同环节沙门氏菌携带率  
Table 2 Carrying rate of *Salmonella* in different stages of slaughtering and pigs to be slaughtered

地区	待宰生猪/%	环境样品/%			屠宰环节/%		
		空气	烫毛水	麻电	脱毛	劈半	预冷
A1	60.00(18/30)	0	0	63.33(19/30)	16.67(5/30)	26.67(8/30)	13.33(4/30)
A2	30.00(12/40)	0	100(5/5)	27.50(11/40)	36.67(11/30)	23.33(7/30)	26.67(8/35)
B	50.00(15/30)	0	0	66.67(14/30)	13.33(4/30)	26.67(8/30)	6.67(2/30)
总检出率	45.00(45/100)	0(0/15)	33.33(5/15)	44.00(44/100)	22.22(20/90)	25.56(23/90)	14.74(14/95)

### 2.3 沙门氏菌分离株对 17 种抗菌药物的药敏实验结果

使用 17 种不同的抗生素对分离得到的 241 株沙门氏菌进行药敏实验, 结果显示: 沙门氏菌对不同的抗生素所表现出的耐受性也具有不同程度的差异, 其中对多西环素 (doxycycline, DOX) 的耐药性最强, 其耐药率达到了 95.02%, 其次为氨苄西林 (ampicillin, AMP)、新霉素 (neomycin, NEO)、氟苯尼考 (florfenicol, FFC) 及四环素 (tetracycline, TE), 耐药率分别为 85.06%、79.67%、73.44% 和 72.61%, 对环丙沙星 (ciprofloxacin, CIP) 和阿米卡星 (amikacin, AK) 最为敏感, 耐药率最低, 分别为 1.70% 和 0, 而对其他药物表现出不同程度的耐药率, 总体耐药情况详见表 3。

表 3 沙门氏菌分离株对 17 种抗生素的耐药情况  
Table 3 Resistance of *Salmonella* isolates to 17 antibiotics

药物名称	耐药率/%
氨苄西林	85.06(n=205)
庆大霉素	49.79(n=120)
恩诺沙星	28.22(n=68)
多西环素	95.02(n=229)
多粘菌素	47.30(n=114)
环丙沙星	1.70(n=4)
链霉素	39.83(n=96)
四环素	72.61(n=175)
乙酰甲喹	30.29(n=73)
喹乙醇	51.45(n=124)
阿米卡星	0(n=0)
卡那霉素	39.83(n=96)
头孢噻肟	48.13(n=116)
氟苯尼考	73.44(n=177)
头孢曲松	47.30(n=114)
新霉素	79.67(n=192)
头孢他啶	48.55(n=117)

多重耐药分析结果显示, 耐药菌株中对 3 种及 3 种以上的抗生素具有耐受性的菌株共 237 株, 占总耐药菌株的

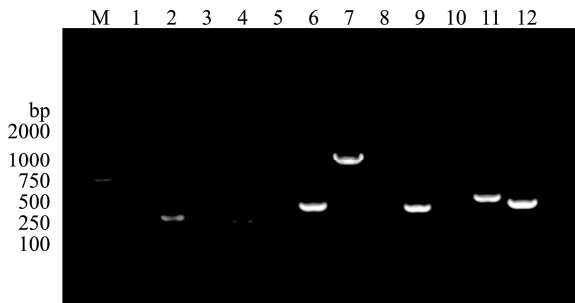
98.34%, 其中对 5 种、6 种、7 种、10 种、11 种、12 种抗生素产生耐药性的菌株较多, 其分别占耐药菌株的 13.27%、9.54%、9.54%、12.03%、12.86%、13.27%; 对 1 种、2 种、3 种、4 种、8 种、9 种、13 种、14 种抗生素产生耐药性的菌株较少, 其占耐药菌株的比例分别为 0.84%、1.27%、3.80%、5.06%、6.33%、2.11%、3.38%、5.90%。研究过程中并未出现对 17 种药物全部具有耐药性的菌株, 但却出现了 1 株对 15 种药物耐受的菌株。241 株沙门氏菌共产生 117 种耐药谱, 其中优势耐药谱分别为 AMP/DOX/STR/TE/NEO、AMP/DOX/TE/MAQ/OQX/KAN/FFL/NEO、AMP/GEN/ENR/DOX/CT/CEQ/FFL/CRO/NEO/CAZ 和 AMP/GEN/ENR/DOX/CT/OQX/CTX/FFL/CRO/NEO/CAZ。

### 2.4 30 个沙门氏菌分离株耐药基因检测结果

挑选 30 株受试菌株进行耐药基因检测, 结果显示耐药基因 *parC* 携带率最高, 为 96.67%; *tetA*、*sul-II*、*aadA1*、*bla<sub>TEM-1</sub>* 也较为普遍, 携带率分别为 70.00%、56.67%、56.67%、53.33%; *sul-I*、*floR*、*catI*、*bla<sub>SHV</sub>* 携带率较低, 分别为 43.33%、36.67%、10.00%、3.33%; 检测过程中并未检测出受试菌株携带 *tetB*、*aac(3)-Ia*、*gyrA* 3 种耐药基因, 见表 4。图 1 为部分沙门氏菌耐药基因 PCR 结果。

表 4 沙门氏菌分离株耐药基因携带情况  
Table 4 Status of antimicrobial resistance genes in *Salmonella* isolates

耐药基因	携带率/%
<i>parC</i>	96.67(29/30)
<i>tetA</i>	70.00(21/30)
<i>tetB</i>	0
<i>sul-I</i>	43.33(13/30)
<i>sul-II</i>	56.67(17/30)
<i>bla<sub>TEM-1</sub></i>	53.33(16/30)
<i>bla<sub>SHV</sub></i>	3.33(1/30)
<i>aadA1</i>	56.67(17/30)
<i>aac(3)-Ia</i>	0
<i>gyrA</i>	0
<i>floR</i>	36.67(11/30)
<i>catI</i>	10(3/30)



注: M: 2000 bp DNA Marker; 1~12 为所选的 12 对沙门氏菌耐药基因, 1. *bla<sub>SHV</sub>*; 2. *bla<sub>TEM-4</sub>*; 3. *catI*; 4. *parC*; 5. *gyrA*; 6. *Sul-I*; 7. *floR*; 8. *aac(3)-Ia*; 9. *tetA*; 10. *tetB*; 11. *aadA1*; 12. *Sul-II*。

图 1 沙门氏菌耐药基因 PCR 结果

Fig.1 Results of antimicrobial resistance gene PCR of *Salmonella*

### 3 结论与讨论

我国生猪养殖量和猪肉生产量都位居世界首位,因此与猪肉及其制品相关的食品安全问题也成为人类公共卫生上需要重视的方面之一。本研究显示在河南省部分地区猪源沙门氏菌总检出率为 29.21%,略低于刘鲜鲜等<sup>[14]</sup>报道的南宁地区生猪屠宰环节胴体表面沙门氏菌检出率(32.67%),但高于黄秀梅等<sup>[15]</sup>报道的山东屠宰场猪肉沙门氏菌检出率(20.14%)与沈永恕等<sup>[16]</sup>报道的在河南生猪养殖场子宫颈炎母猪的检出率(10.83%)。这说明河南省生猪屠宰场存在着沙门氏菌污染问题,尤其是生猪带菌现象相当严重;且由于地区、采样部位的不同,沙门氏菌的污染情况也会出现不同程度的差异。例如同一屠宰企业 2 次所采集的样品中沙门氏菌检出率分别为 33.75%和 29.18%,而另一家屠宰场的沙门氏菌污染率为 25.29%;在生猪屠宰前后,其宰前、麻电、脱毛、劈半、预冷各环节样品的沙门氏菌检出率分别为 45%、44%、22.22%、25.56%、14.74%,整体上有沿屠宰加工链呈下降趋势,这提示在屠宰过程中浸烫、燎毛等程序杀灭了一部分体表沙门氏菌;而烫毛池水中检出沙门氏菌也证实了这一推论;且劈半环节的污染率相较于脱毛环节有所上升,说明虽然沿整个屠宰链沙门氏菌污染率明显降低,但这也提示在屠宰环境中也的确存在着该菌的二次污染,而且有通过屠宰加工和屠宰污水排放而扩散污染范围的风险。在劈半加工环节中,应加强对刀具和器具的清洗与消毒,以及加工过程中刀具的轮换使用也可以有效减少细菌污染;对于屠宰过程的污水要进行集中消毒灭菌处理,防止污水进一步扩散而污染环境;加强卫生管理,在加工人员进入车间前进行喷雾消毒和洗手,严格实施班前班后对加工车间的清洗与消毒的措施。

细菌耐药问题是目前世界公共卫生领域极难解决的问题之一,不合理的用药方案和药物的泛滥使用,会加速耐药菌株的出现。研究表明分离的沙门氏菌菌株仅对恩

诺沙星(enrofloxacin, ENR)和阿米卡星 2 种药物全部敏感,而对其余 15 种抗生素均出现了不同程度的耐受性,其中对 DOX 的耐受性最强,耐药率高达 95.02%。上述结果与王娟等<sup>[17]</sup>的山东生猪屠宰环节沙门氏菌研究中对多西环素的耐药率 97.99%,以及宁昆等<sup>[18]</sup>的上海猪源沙门氏菌耐药性研究中对 DOX 的耐药率 84.62%较为接近;而对氨苄西林的耐药率为 85.06%,接近于曹正花等<sup>[11]</sup>对于贵州省沙门氏菌对  $\beta$ -内酰胺类药物耐药性研究中沙门氏菌对 AMP 80.77%的耐药率,却高于方忠意等<sup>[19]</sup>对河南省猪源沙门氏菌和王娟等<sup>[17]</sup>对山东省生猪屠宰环节中沙门氏菌的耐药分析结果,其耐药率分别为 73.33%和 51.68%;其次实验中阳性菌株对四环素的耐药率为 72.61%,相较于刘雪杰等<sup>[1]</sup>福建省食源性沙门氏菌耐药监测数据中 TE 的 67.88%耐药率差异较小。本研究中发现,分离得到的沙门氏菌对于头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢曲松(ceftriaxone, CRO)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)3 种头孢类药物均出现了同一水平的耐药性,其耐药率分别为 48.13%、47.30%、48.55%,该 3 类药物属于目前临床使用较为广泛的抗生素,且 CAZ 属于人用头孢菌素,说明在生猪养殖屠宰行业存在一定程度的不合理用药。分离得到的沙门氏菌对多西环素的耐药率仅为 1.70%,对该药物具有较高的敏感性,由于该类药物为广谱抑菌剂,其对革兰氏阳性菌的抑制作用要优于革兰氏阴性菌,所以在用药过程中通常用于治疗革兰氏阳性细菌感染,在沙门氏菌病治疗中使用较少,因此多西环素对沙门氏菌具有较好的抑制作用。与赵建梅等<sup>[20]</sup>禽源沙门氏菌耐药研究数据相比,本研究中沙门氏菌对多粘菌素 47.30%的耐药率属于较低水平,这可能与我国 2017 年禁止多粘菌素作为饲料添加剂使用等措施相关<sup>[21]</sup>,多粘菌素作为治疗革兰氏阴性菌的最后一道防线<sup>[22]</sup>,但是在我国以及其他国家都已发现耐多粘菌素沙门氏菌<sup>[23-24]</sup>,且 LITRUP 等<sup>[25]</sup>从人体中分离得到携带 *mcr-1* 和 *mcr-3* 的鼠伤寒沙门氏菌,而其他细菌也出现了携带与耐多粘菌素相关的耐药基因<sup>[26]</sup>,因此在生猪养殖行业中,对于多粘菌素的使用要给予足够的重视,防止沙门氏菌对该药物的耐药性增强。根据药敏实验结果,应降低或避免耐药率较高的几种药物如 DOX、AMP 和 TE 等在临床中的使用。

多重耐药菌株的产生机制复杂,控制难度大,且极易通过食物链水平传播给人类,对人体健康造成巨大威胁<sup>[27]</sup>。本研究中多重耐药菌株所占比例极高,为 98.34%,显著高于王娟等<sup>[17]</sup>研究中 81.88%的多重耐药率,且发现了一个对 15 种药物耐受的菌株。这提示我们,对于沙门氏菌的防控仍然存在着很大困难,必须采取多种监管和控制措施以降低沙门氏菌耐药菌的出现。

### 参考文献

- [1] 刘雪杰, 陈伟伟, 傅祎欣, 等. 2015—2018 年福建省食源性疾病沙门氏菌监测情况分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(3): 223-228.

- LIU XJ, CHEN WW, FU YX, *et al.* Surveillance situation of *Salmonella* in foodborne diseases in Fujian, China, 2015-2018 [J]. *Chin J Zoonoses*, 2020, 36(3): 223-228.
- [2] 赵翔, 刘东, 潘金金, 等. 一株食源性伤寒沙门氏菌的多重耐药性分析与小鼠致病性研究[J]. *中国动物检疫*, 2018, 35(11): 87-91.  
ZHAO X, LIU D, PAN JJ, *et al.* Analysis on multi-drug resistance of one strain of *Salmonella typhi* and pathogenicity study of mice [J]. *China Anim Health Inspect*, 2018, 35(11): 87-91.
- [3] CROWLEY S, KNODLER L, VALLANCE B. *Salmonella* and the inflammasome: Battle for intracellular dominance [J]. *Curr Microbiol Immunol*, 2016, 397: 43-67.
- [4] MAJOWICZ S, MUSTO J, SCALLAN E, *et al.* The global burden of nontyphoidal *Salmonella* gastroenteritis [J]. *Clin Infect Dis*, 2010, 50(6): 882-889.
- [5] KIRK M, PIRES S, BLACK R, *et al.* Correction: World health organization estimates of the global and regional disease burden of 22 foodborne bacterial, protozoal, and viral diseases, 2010: A data synthesis [J]. *PLoS Med*, 2015, 12(12): e1001940.
- [6] 陈俊, 蒋文灿, 谭天, 等. 沙门氏菌毒力岛及iii型分泌系统研究进展[J]. *中国人兽共患病学报*, 2015, 31(4): 371-376.  
CHEN J, JIANG WC, TAN T, *et al.* *Salmonella* pathogenicity island and type III secretion system [J]. *Chin J Zoonoses*, 2015, 31(4): 371-376.
- [7] 冯林, 王旭东, 李九彬, 等. 重庆部分羊场沙门氏菌的分离鉴定、耐药表型分析及耐药基因检测[J]. *中国畜牧兽医*, 2020, 7: 2256-2263.  
FENG L, WANG XD, LI JB, *et al.* Isolation, identification, drug-resistant phenotype analysis and drug resistant gene detection of *Salmonella* at goat farms in Chongqing [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2020, 7: 2256-2263.
- [8] 胡雷风, 段合波, 吴清, 等. 神农架林区食源性沙门氏菌血清型、耐药性和毒力特征分析[J]. *武汉轻工大学学报*, 2019, 38(6): 1-7.  
HU LF, DUAN HB, WU Q, *et al.* Serotyping antibiotic susceptibility and virulence characteristics of food-borne *Salmonella* in Shennongjia forestry district [J]. *J Wuhan Polytech Univ*, 2019, 38(6): 1-7.
- [9] 张玮, 李郁, 姚健, 等. 健康猪直肠粪便中沙门菌 I 类整合子与耐药基因的检测[J]. *中国微生物学杂志*, 2010, 22(7): 594-598.  
ZHANG W, LI Y, YAO J, *et al.* Detection of class I integrons and antibiotic resistance genes of *Salmonella* isolated from recta faeces of clinically healthy swine [J]. *Chin J Microecol*, 2010, 22(7): 594-598.
- [10] 黄秀梅, 盖文燕, 曲志娜, 等. 市售猪肉中沙门氏菌耐药基因与毒力基因筛查及 pfge 分型研究[J]. *中国动物检疫*, 2018, 35(11): 81-86.  
HUANG XM, GAI WY, QU ZN, *et al.* Screening of drug-resistance genes and virulence genes and PFGE typing of *Salmonella* from retail pork products [J]. *China Anim Health Inspect*, 2018, 35(11): 81-86.
- [11] 曹正花, 谭艾娟, 吕世明, 等. 贵州省猪源沙门氏菌对  $\beta$ -内酰胺类药耐药性及耐药基因分析[J]. *中国畜牧兽医*, 2016, 43(7): 1737-1742.  
CAO ZH, TAN AJ, LV SM, *et al.* analysis of drug resistance and resistant genes of *salmonella* to  $\beta$ -lactams antimicrobial agents isolated from pigs in Guizhou province [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2016, 43(7): 1737-1742.
- [12] 支威, 马海燕, 仇永凤, 等. 猪源沙门氏菌耐药性及耐药基因的分析[J]. *生物技术通报*, 2018, 34(3): 170-176.  
ZHI W, MA HY, QIU YF, *et al.* Analysis of antimicrobial resistance and resistance genes of *Salmonella* from swine [J]. *Biotechnol Bull*, 2018, 34(3): 170-176.
- [13] 黄凯, 陈素娟, 黄骏, 等. 动物源性沙门氏菌的耐药性分析及氟苯尼考类耐药基因的鉴定[J]. *中国畜牧兽医*, 2015, 42(2): 459-466.  
HUANG K, CHEN SJ, HUANG J, *et al.* Analysis of antibiotic resistance of *Salmonella* isolated from animals and identification of its florfenicol resistant gene [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2015, 42(2): 459-466.
- [14] 刘鲜鲜, 王娟, 赵建梅, 等. 南宁地区生猪屠宰环节沙门菌分离株毒力基因检测与耐药性分析[J]. *畜牧与兽医*, 2016, 48(9): 103-107.  
LIU XX, WANG J, ZHAO JM, *et al.* Analysis of resistance and virulence genes of *Salmonella* isolated from pig slaughtering process in Nanning area [J]. *Anim Husb Vet Med*, 2016, 48(9): 103-107.
- [15] 黄秀梅, 张倩, 盖文燕, 等. 山东地区屠宰场猪肉污染沙门氏菌菌株毒力基因筛查与 eric-pcr 分型[J]. *中国人兽共患病学报*, 2018, 34(8): 697-702.  
HUANG XM, ZHANG Q, GAI WY, *et al.* Genetic screening and ERIC-PCR genotyping of *Salmonella* from pork in slaughterhouses in Shandong province, China [J]. *Chin J Zoonoses*, 2018, 34(8): 697-702.
- [16] 沈永恕, 席磊, 邓红雨, 等. 河南省规模化猪场母猪子宫内膜炎致病菌的分离鉴定[J]. *上海畜牧兽医通讯*, 2015, (6): 59-61.  
SHEN YS, XI L, DENG HY, *et al.* Isolation and identification of pathogenic bacteria of sow endometritis in large-scale pig farm in Henan province [J]. *Shanghai J Anim Husb Vet Med*, 2015, (6): 59-61.
- [17] 王娟, 刘鲜鲜, 张倩, 等. 山东生猪屠宰环节沙门氏菌血清型及耐药性测试[J]. *中国人兽共患病学报*, 2017, 33(6): 517-521.  
WANG J, LIU XX, ZHANG Q, *et al.* Resistance and serotype of *Salmonella* isolated from pig slaughtering process in Shandong province [J]. *Chin J Zoonoses*, 2017, 33(6): 517-521.
- [18] 宁昆, 张维谊, 沈莉萍, 等. 上海市猪源沙门氏菌耐药性及脉冲场凝胶电泳分型研究[J]. *中国动物检疫*, 2015, 32(2): 78-81.  
NING K, ZHANG WY, SHEN LP, *et al.* Research on drug-resistance and genotyping of *Salmonella* from pig in Shanghai by pulsed-field gel electrophoresis [J]. *China Anim Health Inspect*, 2015, 32(2): 78-81.
- [19] 方忠意, 李金磊, 董鹏, 等. 河南省猪源沙门氏菌分离鉴定、血清分型及药物敏感性分析[J]. *中国动物检疫*, 2019, 36(4): 74-78.  
FANG ZY, LI JL, DONG P, *et al.* Isolation, identification and serotyping of swine *Salmonella* in Henan province and analysis on its drug sensitivity [J]. *China Anim Health Inspect*, 2019, 36(4): 74-78.
- [20] 赵建梅, 李月华, 张青青, 等. 2008—2017 年我国部分地区禽源沙门氏菌流行状况及耐药分析[J]. *中国动物检疫*, 2019, 36(8): 27-35.  
ZHAO JM, LI YH, ZHANG QQ, *et al.* Analysis on the prevalence and antimicrobial resistance of poultry *Salmonella* in some regions of China during 2008 to 2017 [J]. *China Anim Health Inspect*, 2019, 36(8): 27-35.
- [21] 刘军, 何秋水. 多黏菌素的流行状况与耐药机制的研究[J]. *微生物学免疫学进展*, 2020, 48(2): 64-70.  
LIU J, HE QS. Progress on prevalence and resistance mechanisms of polymyxin [J]. *Prog Microbiol Immunol*, 2020, 48(2): 64-70.
- [22] 傅豪, 罗琦霞, 肖永红. 多黏菌素异质性耐药的研究进展及临床意义[J]. *中国抗生素杂志*, 2020, 45(11): 1103-1108.  
FU H, LUO QX, XIAO YH. Research progress and clinical significance of polymyxin heteroresistance [J]. *Chin J Antibiot*, 2020, 45(11): 1103-1108.
- [23] LU X, ZENG M, XU J, *et al.* Epidemiologic and genomic insights on mcr-1-harboring *Salmonella* from diarrhoeal outpatients in shanghai, China, 2006-2016 [J]. *EBiomedicine*, 2019, 42: 133-144.
- [24] DOUMITH M, GODBOLE G, ASHTON P, *et al.* Detection of the

plasmid-mediated *mcr-1* gene conferring colistin resistance in human and food isolates of *Salmonella enterica* and *Escherichia coli* in England and Wales [J]. *J Antimicrob Chemother*, 2016, 71(8): 2300–2305.

- [25] LITRUP E, KIIL K, HAMMERUM A, *et al.* Plasmid-borne colistin resistance gene *mcr-3* in *Salmonella* isolates from human infections, Denmark, 2009–17. [R]. *Eurosurveillance*, 2017.
- [26] 王新兴, 郑常委, 王巧云, 等. *Mcr-1* 介导多粘菌素耐药机制的研究进展[J]. *中国动物传染病学报*, 2018, 26(6): 80–83.  
WANG XX, ZHENG CW, WANG QY, *et al.* Advances in *mcr-1* mediated mechanism of polymyxin resistance [J]. *Chin J Vet Parasitol*, 2018, 26(6): 80–83.
- [27] 张西萌, 付溥博, 魏海燕, 等. 北京进出口水产品中 259 株霍乱弧菌分离株的耐药性研究[J]. *食品安全质量检测学报*, 2020, 11(14): 4901–4906.  
ZHANG XM, FU PB, WEI HY, *et al.* Study on drug resistance of 259 *Vibrio cholerae* isolates from imported and Bexported aquatic products in

Beijing [J]. *J Food Saf Qual*, 2020, 11(14): 4901–4906.

(责任编辑: 张晓寒)

## 作者简介



贺恒旭, 硕士, 主要研究方向动物疾病分子病原学与免疫学的研究。  
E-mail: 993973666@qq.com



陈丽颖, 博士, 教授, 主要研究方向为动物源性食品病原微生物检测及其防控。  
E-mail: chliying@henau.edu.cn