

# 冷冻整鸡样本中单株猪红斑丹毒丝菌的鉴定及生物学特性

张微<sup>1</sup>, 崔生辉<sup>2</sup>, 翁蕊<sup>3</sup>, 王辉<sup>1</sup>, 侯轩<sup>1</sup>, 陶浚齐<sup>1</sup>, 邓明惠<sup>1</sup>, 周梦蓉<sup>1</sup>,  
李晓波<sup>1</sup>, 段发强<sup>1</sup>, 辜依海<sup>1\*</sup>

(1. 三二〇一医院, 微生物免疫科, 汉中 723000; 2. 中国食品药品检定研究院, 北京 100050;  
3. 陕西中医药大学, 医学技术学院, 咸阳 712046)

**摘要:** **目的** 探讨来源于冷冻整鸡样本的单株猪红斑丹毒丝菌致病性、耐药性及生物学特征, 为该菌防治提供科学依据。 **方法** 通过基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法(matrix assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)和全基因组测序技术进行菌株鉴定和分子生物学研究, 采用纸片扩散法(K-B 法)检测其耐药表型, 通过体外生物被膜形成实验检测其生物被膜形成能力, 通过 ParSNP 构建亲缘关系图。 **结果** MALDI-TOF MS 可以准确鉴定猪红斑丹毒丝菌, 该菌染色体大小为 1791362 bp, 鸟嘌呤(G)+胞嘧啶(C)含量为 36.5%, 含有 1730 个蛋白质编码序列, 53 个 tRNA 和 2 个 rRNA, 基因组分析暂未发现质粒; 携带四环素类耐药基因 *tet(M)*, 抗菌药物敏感性实验结果显示仅对四环素耐药, 耐药基因和耐药表型一致; 携带 7 个与黏附和荚膜形成相关的毒力基因; 体外生物被膜形成能力适中(2+); 与韩国分离株 KC-Sb-R1 亲缘关系较相近。 **结论** 本研究阐明了冷冻整鸡样本中猪红斑丹毒丝菌分离株的生物学特性, 为该菌科学有效防控提供理论依据。

**关键词:** 猪红斑丹毒丝菌; 冷冻整鸡; 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法; 全基因组测序; 生物学特性

## Identification and biological characteristics of single *Erysipelothrix rhusiopathiae* isolated from frozen whole chicken samples

ZHANG Wei<sup>1</sup>, CUI Sheng-Hui<sup>2</sup>, WENG Rui<sup>3</sup>, WANG Hui<sup>1</sup>, HOU Xuan<sup>1</sup>, TAO Jun-Qi<sup>1</sup>, DENG Ming-Hui<sup>1</sup>,  
ZHOU Meng-Rong<sup>1</sup>, LI Xiao-Bo<sup>1</sup>, DUAN Fa-Qiang<sup>1</sup>, GU Yi-Hai<sup>1\*</sup>

(1. Department of Microbiology, 3201 Hospital, Hanzhong 723000, China; 2. National Institute for Food and Drug Control, Beijing 100050, China; 3. College of Medical Technology, Shaanxi University of Traditional Chinese Medicine, Xianyang 712046, China)

**ABSTRACT: Objective** To investigate the pathogenicity, drug resistance and biological characteristics of *Erysipelothrix rhusiopathiae* from frozen whole chicken samples, and to provide scientific basis for the control of this strain. **Methods** The strain was identified and studied in molecular biology by matrix assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) and whole genome sequencing technology. The drug resistant phenotype was detected by disk diffusion method (K-B method). The biofilm formation ability was detected

**基金项目:** 国家重点研发计划项目(2018YFC1603900)

**Fund:** Supported by the National Key Research and Development Project of China (2018YFC1603900)

**\*通信作者:** 辜依海, 主任技师, 硕士生导师, 主要研究方向为微生物耐药机制。E-mail: guyh3201@163.com

**\*Corresponding author:** GU Yi-Hai, Chief Technician, 3201 Hospital, No.783, TianHan Road, Department of Microbiology, Hanzhong 723000, China. E-mail: guyh3201@163.com

by *in vitro* biofilm formation experiment. The affinity diagram was constructed by ParSNP. **Results** MALDI-TOF MS could accurately identify *Erysipelothrix rhusiopathiae*. The assembled circular genome was 1791362 bp, and the G+C content was 36.5%; and contained 1730 protein-coding genes, 53 tRNA and 2 rRNA. No plasmid sequence was detected. Carrying tetracycline resistance gene *tet(M)*, the results of antimicrobial susceptibility testing showed that it was resistant to tetracycline only, and the resistance gene and resistance phenotype were consistent. Carrying 7 virulence genes related to adhesion and capsule formation. *In vitro*, biofilm formation ability was moderate (2+), it was closely related to the strain KC-Sb-R1 separated from Korea. **Conclusion** This study clarified the biological characteristics of *Erysipelothrix rhusiopathiae* separated from frozen whole chicken samples, and will provide a scientific and valid basis for the prevention of the transmission of this strain.

**KEY WORDS:** *Erysipelothrix rhusiopathiae*; frozen whole chicken; matrix assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry; whole genome sequencing; biological characteristics

## 0 引言

红斑丹毒丝菌隶属于丹毒丝菌科,革兰氏阳性杆菌,包含猪红斑丹毒丝菌(*Erysipelothrix rhusiopathiae*)、扁桃体丹毒丝菌(*Erysipelothrix tonsillarum*)、意外丹毒丝菌(*Erysipelothrix inopinata*)等 8 个种<sup>[1-2]</sup>,其中人畜共患致病菌猪红斑丹毒丝菌最为常见,猪是该菌最主要的宿主,可导致猪急性、热性传染病。据估计,该菌在健康猪的扁桃体或淋巴组织中的检出率为 30%~50%<sup>[3]</sup>。除感染猪外,猪红斑丹毒丝菌也可引发火鸡、肉鸡、蛋鸡、鹅和鹌鹑等食品动物的感染,其中蛋鸡感染后可能会因急性败血病导致突然死亡<sup>[4]</sup>。这些带菌禽畜可污染食物、土壤、水和环境等,导致红斑丹毒丝菌在动物间传播,甚至可通过直接或间接接触传播到人。人感染猪红斑丹毒丝菌与其所从事职业相关,通常与接触被污染的动物、动物制品、废弃物或土壤相关。WANG 等<sup>[5]</sup>报道了一例因接触猪红斑丹毒丝菌感染的猫而导致发生感染性心内膜炎的病例,LIU 等<sup>[6]</sup>报道了被猪红斑丹毒丝菌感染的河豚鱼的鱼刺刺伤而发生脓毒血症的病例。猪红斑丹毒丝菌不仅会造成动物的感染,同时也威胁着人类健康。

目前,国内外食品中分离出猪源性红斑丹毒丝菌的报道较多,且该菌多分离于患病的动物,但是关于该菌在食品流通环节中的相关报道较少,同时该菌的鉴定多采用测序的方法,此类方法操作烦琐、耗时长且价格昂贵。因此本研究采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法(matrix assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)对超市来源的冷冻整鸡中分离的单株猪红斑丹毒丝菌进行鉴定,通过全基因组测序技术分析其生物学特性,旨在了解其耐药、毒力等生物学特性,探索食品中不同环节猪红斑丹毒丝菌分离株的传播,为该菌的科学有效防控提供理论依据。

## 1 材料方法

### 1.1 仪器与试剂

GHP-9080 培养箱(中国上海一恒科学仪器有限公司); Hfsafe-1800TE 生物安全柜(中国上海力申科学仪器有限公司); Microflex LT/SH 型质谱仪(德国布鲁克公司)。

血琼脂平板(广州市迪景微生物科技有限公司); 胰蛋白胨大豆肉汤[trypticase (tryptic) soy broth, TSB]干粉(美国 BD 公司); 缓冲蛋白胨水(北京陆桥技术股份有限公司); 质谱样品处理基质(德国布鲁克公司); 甲酸(分析纯,河北百灵威超精细材料有限公司); 细菌基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱型,天根生物科技有限公司); 药敏纸片(英国 Oxoid 公司); 磷酸盐缓冲液(phosphate buffered solution, PBS)(美国赛默飞世尔科技公司); 乙醇(纯度 95%,分析纯,国药集团化学试剂有限公司)。

### 1.2 实验方法

#### 1.2.1 菌株分离鉴定

将超市采集的冷冻整鸡样品加入含有 500 mL 缓冲蛋白胨水的均质袋中,36 °C 增菌 24 h,揉搓混匀后使用 10  $\mu$ L 接种环取两环,划线接种血琼脂平板,36 °C 过夜培养,挑取可疑菌落接种于血琼脂平板 36 °C 过夜培养,同时涂布于靶板上,加入甲酸(1  $\mu$ L/孔),自然晾干后,在靶孔加上质谱样品处理基质(1  $\mu$ L/孔),待基质晾干后,将靶板放入机器,使用 IVD MALDI Biotyper 2.3 软件对该菌株进行种属鉴定,待测菌株命名为 HZ1。

#### 1.2.2 全基因组测序及数据分析

参照试剂盒说明书提取细菌基因组 DNA 后送至北京诺禾致源公司测序,使用二代测序平台 Illumina Hiseq 2000、PE150 测序策略开展全基因组测序分析。使用 SOAPdenovo 软件(华大基因开发)对测序结果进行拼接;使用 RAST (<http://rast.nmpdr.org>)进行基因预测及功能注释;使用 PATRIC 3.6.9 进行基因组特征分析(<https://>

patricbrc.org/); 使用 CARD 数据库(<https://card.mcmaster.ca/analyze/rgi>) 预测耐药基因; 使用 VFDB 数据库(<http://www.mgc.ac.cn/VFs/>)预测毒力基因; 使用 ParSNP 1.5.6 构建亲缘关系图。

1.2.3 药敏实验

采用纸片扩散法(K-B 法)测定抗菌药物的耐药性, 参照美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)文件(M100-S30)进行结果判定。

1.2.4 生物被膜体外形成实验

参考葛晨玲等<sup>[7]</sup>方法, TSB 肉汤增菌过夜, 1:100 (V:V) 稀释后加至聚丙烯 96 孔细胞板, 每孔 100  $\mu$ L, 5 个重复孔, 无菌肉汤为阴性对照, 37  $^{\circ}$ C 培养过夜。随后去除菌液, 用 PBS 清洗 3 次; 每孔加入 125  $\mu$ L 0.1% 结晶紫溶液, 染色 15 min; 去除结晶紫溶液, PBS 清洗 3 次; 每孔加入 125  $\mu$ L 95% 乙醇溶液, 作用 10 min; 吸取 100  $\mu$ L 转移到另一 96 孔板, 600 nm 处测定光密度(optical density, OD)值。结果判读: 将阴性对照的平均 OD 值加上其标准差定义为 ODC, 待测菌株 OD 值与 ODC 比较, 将生物膜形成能力分为 4 个等级, 阴性(-):  $OD_{600} < ODC$ ; 较弱(+):  $ODC < OD_{600} < 2ODC$ ; 适中(2+):  $2ODC < OD_{600} < 4ODC$ ; 适中(4+):  $OD_{600} > 4ODC$ 。

2 结果与分析

2.1 细菌分离鉴定

本研究中猪红斑丹毒丝菌可疑株 HZ1 在血琼脂平板上呈半透明、灰白色小菌落, 通过 MALDI-TOF MS 鉴定为猪红斑丹毒丝菌, 共涂布 3 个复孔, 平均鉴定分值为 1.929,

鉴定结果为高置信度。将 16S rRNA 测序得到的序列与美国国家生物技术信息中心(National Center of Biotechnology Information, NCBI)公布的猪红斑丹毒丝菌参考序列进行同源性比对, 同源性高达 100%。MALDI-TOF MS 与 16S rRNA 测序鉴定结果一致, 表明 MALDI-TOF MS 可以准确对该株猪红斑丹毒丝菌进行鉴定。

2.2 药敏实验结果及耐药基因

通过 CARD 数据库预测耐药基因, 发现 HZ1 仅携带四环素类耐药基因 *tet(M)*, 通过 K-B 法检测 HZ1 对庆大霉素、四环素、米诺环素、诺氟沙星、左氧氟沙星、青霉素、氨苄西林、头孢唑啉等药物的敏感性, 结果表明, 该菌除对四环素耐药外, 对其他抗生素全部敏感, 耐药表型和耐药基因检测结果一致, 见表 1。

2.3 毒力基因

通过与 VFDB 数据库其他同源性序列比对, 以  $E$  值  $< 10^{-6}$  作为标准, 预测到以下毒力基因: *tufA* (VFG046465)、*lap* (VFG006717)、*cap8F* (VFG001302)、*clpC* (VFG000079)、*cps4J* (VFG001374)、*clpE* (VFG000080)和 *cap8E* (VFG001301), 此类毒力基因与该菌的黏附和荚膜形成能力相关。

2.4 生物被膜体外形成测定结果

生物被膜体外形成实验结果显示: 待测菌株培养 24 h 后,  $OD_{600}$  均值为 0.514, 标准差为 0.109, 阴性对照均值为 0.143, 标准差为 0.012, ODC 为 0.155, 该菌株形成生物被膜能力适中(2+)。

表 1 HZ1 药物敏感性实验结果  
Table 1 Results of HZ1 drug sensitivity test

| 抗菌药物  | 判定标准/mm   |       |           | 抑菌圈直径/mm | 判定结果 |
|-------|-----------|-------|-----------|----------|------|
|       | 耐药        | 中介    | 敏感        |          |      |
| 庆大霉素  | $\leq 12$ | 13~14 | $\geq 15$ | 18       | S    |
| 四环素   | $\leq 14$ | 15~18 | $\geq 19$ | 9        | R    |
| 米诺环素  | $\leq 13$ | 15~18 | $\geq 19$ | 21       | S    |
| 诺氟沙星  | $\leq 12$ | 13~16 | $\geq 17$ | 24       | S    |
| 左氧氟沙星 | $\leq 13$ | 14~16 | $\geq 17$ | 29       | S    |
| 青霉素   | $\leq 14$ | -     | $\geq 15$ | 34       | S    |
| 氨苄西林  | $\leq 16$ | -     | $\geq 17$ | 28       | S    |
| 头孢唑啉  | $\leq 14$ | 15~17 | $\geq 18$ | 27       | S    |

注: S: 敏感; R: 耐药; -: 无判定标准。

2.5 生物信息学特征及亲缘关系分析

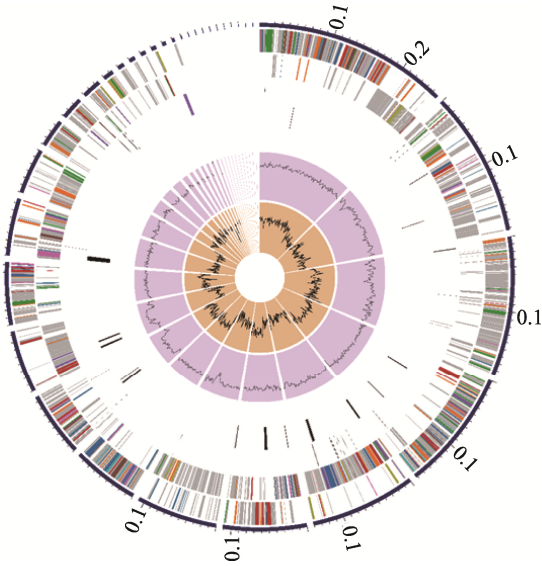
该菌株基因组染色体大小为 1791362 bp, 鸟嘌呤(G)+胞嘧啶(C)含量为 36.5%, 1730 个蛋白质编码序列, tRNA 53 个, rRNA 2 个, 基因组分析暂未发现质粒, 基因组圈图见图 1, 通过与 NCBI 数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/#!/prokaryotes/2104/>)上查找的该菌其他 10 个全基因组序列比较发现: 除 rRNA 序列较少外(仅有 2 个 rRNA 序列), 其他序列特征信息如基因组大小、G+C 含量、蛋白质编码序列和 tRNA 数量未见明显差异(表 2)。亲缘关系结果显示: 本研究中分离的 HZ1 与韩国分离株 KC-Sb-R1 遗传关系相近(如图 2 所示)。

3 讨 论

猪红斑丹毒丝菌是户外散养蛋鸡中的一种传染病菌<sup>[8]</sup>, 该菌多分离于病鸡尸体或者活检组织中<sup>[9-10]</sup>, 与以往的报道不同, 本研究中猪红斑丹毒丝菌分离自超市采集的冷冻整鸡样本, 提示此菌可在食物流通环节存活, 应该引起接触人群的重视。以往对猪红斑丹毒丝菌的鉴定多采用 16S rRNA 测序技术和全基因组测序技术<sup>[11-13]</sup>, 但此类方法操作复杂、耗时长且实验成本较高, 而传统的生化鉴定方法已无法满足菌株鉴定准确性需求, 本研究通过 MALDI-TOF MS 鉴定 HZ1 为猪红斑丹毒丝菌, 鉴定结果与 16S rRNA 测序鉴定结果一致, MALDI-TOF MS 技术与上述方法相比, 具有方便、快速、准确等优点, 故在猪红斑丹毒丝菌散在或者爆发流行时, MALDI-TOF MS 技术可作为一种高效、快速、准确的储备/替代鉴定技术。

据近年来报道, 不同地区、不同时期分离的猪红斑丹毒丝菌, 其耐药性及携带的耐药基因存在较大差异。龚争等<sup>[14]</sup>研究表明猪红斑丹毒丝菌对氨基糖苷类、磺胺类药物表现为耐药, 对林可酰胺类、四环素类、喹诺酮类和多肽

类也存在不同程度的多重耐药。葛晨玲等<sup>[7]</sup>从感染病猪中分离到一株多重耐药的猪红斑丹毒丝菌, 该菌株对 22 种测试抗生素中的 15 种耐药。DING 等<sup>[15]</sup>研究表明: 48 株猪红斑丹毒丝菌均对卡那霉素、头孢唑啉、磺胺嘧啶、阿米卡星耐药, 对庆大霉素、四环素、诺氟沙星、左氧氟沙星也存在耐药株。KWOK 等<sup>[16]</sup>报道 SY1027 含有 7 个潜在的耐药基因, YANG 等<sup>[17]</sup>预测 WH13013 含有 38 种耐药基因。通过 CARD 数据库比对, 本研究中四环素耐药株 HZ1 仅携带一个四环素类耐药基因 *tet(M)*, 与之前报道的多重耐药表型和携带的耐药基因数不同, 提示该菌的耐药性较弱。



注: 由外向内: contigs、正链编码序列(coding sequence, CDS)、反向链 CDS、RNA 基因、与已知耐药基因具有同源性的 CDS、与已知毒力因子具有同源性的 CDS、GC 含量和 GC 偏斜。

图 1 HZ1 基因组圈图

Fig.1 Circular representation of the genome of HZ1

表 2 HZ1 和其他全基因组序列特征  
Table 2 HZ1 and other genome-wide sequence characteristics

| 菌株名称     | GenBank 登录号 | 宿主   | 分离地   | 基因组大小/bp | G+C 含量/% | 蛋白质编码序列 | tRNA | rRNA |
|----------|-------------|------|-------|----------|----------|---------|------|------|
| HZ1      | /           | 冷冻整鸡 | 中国/陕西 | 1791362  | 36.5     | 1730    | 53   | 2    |
| KC-Sb-R1 | NZ_CP033601 | 糙齿海豚 | 韩国    | 1771674  | 36.6     | 1606    | 55   | 21   |
| GXBY-1   | NZ_CP014861 | 猪    | 中国/广西 | 1876490  | 36.5     | 1727    | 57   | 27   |
| Fujisawa | NC_015601   | 猪    | 日本    | 1787941  | 36.6     | 1657    | 55   | 21   |
| SE38     | NZ_CP011861 | 猪    | 中国/湖北 | 1778134  | 36.5     | 1622    | 55   | 15   |
| G4T10    | NZ_CP011860 | 猪    | 中国/湖北 | 1770505  | 36.5     | 1646    | 54   | 12   |
| ML101    | NZ_CP029804 | 野猪   | 中国/湖南 | 1854248  | 36.4     | 1712    | 55   | 15   |
| SY1027   | NC_021354   | 猪    | 中国/江苏 | 1752910  | 36.4     | 1391    | 53   | 10   |
| ZJ       | NZ_CP041995 | 猪    | 中国/四川 | 1945689  | 36.5     | 1795    | 55   | 18   |
| NCTC8163 | NZ_LR134439 | 猪    | 英国/伦敦 | 1770411  | 36.6     | 1609    | 55   | 28   |
| WH13013  | NZ_CP017116 | 猪    | 中国/湖北 | 1778058  | 36.5     | 1656    | 55   | 15   |

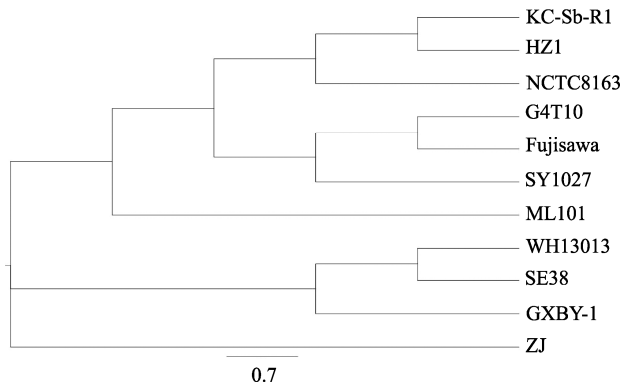


图 2 11 株猪红斑丹毒丝菌亲缘关系图  
Fig.2 Relationship diagrams of 11 strains of *Erysipelathrix rhusiopathiae*

除耐药基因在不同菌株间的差异较大外,不同猪红斑丹毒丝菌菌株间的毒力特征也不尽相同,目前在该类菌株中已发现多种毒力因子,包括神经氨酸酶、透明质酸酶、溶血素、表面粘附蛋白、表面蛋白 Spa A 等<sup>[18-19]</sup>。本研究中 HZ1 预测含有 7 种毒力基因,其中 *cap8F* (VFG001302)、*cap8E* (VFG001301)和 *cps4J* (VFG001374)参与荚膜合成, *lap* (VFG006717)与细菌黏附相关, *tufA* (VFG046465)编码的蛋白质可参与炎症反应,荚膜和相关黏附蛋白在猪红斑丹毒丝菌抗吞噬及黏附过程中发挥重要作用<sup>[17]</sup>。HZ1 生物被膜体外形成实验结果显示该菌生物被膜形成能力适中(2+),细菌通过其表面结构黏附在附着物表面形成生物被膜,对菌体的毒力和持留具有重要的保护作用,生物被膜的形成不仅会污染食品,还会加速和延长食源性疾病在食品链条中的传播<sup>[20]</sup>,不利于该类菌株的有效防控。与以往报道的菌株相比, HZ1 的耐药特性和毒力基因存在较大差异,推测其可能与分离地域差异或者菌株样品来源不同相关。

在全基因组分析层面, HZ1 的基因组大小、G+C 含量、编码蛋白数目等基因组特征,与 NCBI 公共数据库中有基因组完成图的其他 10 株猪红斑丹毒丝菌相比,基本一致,推测该菌的基因组较为稳定,利于其在不同基质来源的食品或动物中的持留和传播;不同之处在于 HZ1 的 rRNA 和耐药基因数量较少且未携带质粒,在一定程度上降低了耐药基因的传播和种内菌株基因组间的交流。通过亲缘关系图发现, HZ1 与韩国分离株亲缘关系相近,提示该菌可能有跨区域传播的风险。

4 结 论

MALDI-TOF MS 可用于猪红斑丹毒丝菌的快速鉴定,本研究中分离自冷冻整鸡样本的猪红斑丹毒丝菌携带的耐药基因和毒力基因较少,生物被膜形成能力适中,该菌可能具有跨区域传播的风险,因此除重视该菌传染源的防控

外,也应关注食品流通环节的安全管理。

参考文献

[1] OGAWA Y, OOKA T, SHI F, *et al*. The genome of *Erysipelothrix rhusiopathiae*, the causative agent of swine erysipelas, reveals new insights into the evolution of firmicutes and the organism's intracellular adaptations [J]. *J Bacteriol*, 2011, 193(12): 2959–2971.

[2] OPRIESSNIG T, FORDE T, SHIMOJI Y. *Erysipelothrix* spp.: Past, present, and future directions in vaccine research [J]. *Front Vet Sci*, 2020, 15(7): 174.

[3] STEPHENSON EH, BERMAN DT. Isolation of *Erysipelothrix rhusiopathiae* from tonsils of apparently normal swine by two methods [J]. *Am J Vet Res*, 1978, 39(1): 187–188.

[4] WANG Q, FIDALGO S, CHANG BJ, *et al*. The detection and recovery of *Erysipelothrix* spp. in meat and abattoir samples in western Australia [J]. *J Appl Microbiol*, 2002, 92(5): 844–850.

[5] WANG T, KHAN D, MOBARAKAI N. *Erysipelothrix rhusiopathiae* endocarditis [J]. *Rev Infect Dis*, 2020, (22): e00958.

[6] LIU Z, ZHAO M. Shock caused by multidrug-resistant *Erysipelothrix rhusiopathiae* bacteremia: A rare case report and literature review [J]. *J Infect Dev Ctries*, 2017, 11(6): 508–512.

[7] 葛晨玲, 蒋康富, 石大丽, 等. 单株猪红斑丹毒丝菌的生物学特性及耐药性分析[J]. *中国动物传染病学报*, 2020, 28(5): 55–61.

GE CL, JIANG KF, SHI DL, *et al*. Analysis of biological characteristics and drug resistance of *Erysipelothrix rhusiopathiae* [J]. *Chin J Anim Infect Dis*, 2020, 28(5): 55–61.

[8] WATTRANG E, ERIKSSON H, ALBIHN A, *et al*. Quantification of IgY to *Erysipelothrix rhusiopathiae* in serum from Swedish laying hens [J]. *BMC Vet Res*, 2021, 17(1): 111.

[9] ZLOCH A, KUCHLING S, HESS M, *et al*. Influence of alternative husbandry systems on postmortem findings and prevalence of important bacteria and parasites in layers monitored from end of rearing until slaughter [J]. *Vet Rec*, 2018, 182(12): 350.

[10] SILVA AP, COOPER G, BLAKEY J, *et al*. Retrospective summary of *Erysipelothrix rhusiopathiae* diagnosed in avian species in California (2000–19) [J]. *Avian Dis*, 2020, 64(4): 499–506.

[11] TFMD REIS, HOEPERS PG, PERES P, *et al*. First report of epidemiology and genetic variability of *Erysipelothrix* sp. strain 2 in turkeys associated to vero cells morphometric alteration [J]. *Pathogens*, 2021, 10(2): 141.

[12] TANG HB, XIE J, WANG L, *et al*. Complete genome sequence of *Erysipelothrix rhusiopathiae* strain GXBY-1 isolated from acute swine erysipelas outbreaks in south China [J]. *Genom Data*, 2016, 8: 70–71.

[13] 李文春, 杨仕标, 李富祥. 一株猪丹毒杆菌的分离鉴定及 *spaA* 基因序列分析[J]. *上海畜牧兽医通讯*, 2020, (3): 9–12.

LI WC, YANG SB, LI FX. Isolation, identification and *spaA* gene sequence analysis of a strain of *Erysipelothrix rhodotorulae* [J]. *Shanghai J Anim Husb Vet Med*, 2020, (3): 9–12.

[14] 龚争, 张俊杰, 钟登科. 华东地区猪丹毒杆菌分离株的生物学特征及其耐药性分析[J]. *生物技术通报*, 2020, 36(6): 174–182.

GONG Z, ZHANG JJ, ZHONG DK. Biological characteristics and antibiotic resistance of *Erysipelothrix rhusiopathiae* isolated from east China [J]. *Biotechnol Bull*, 2020, 36(6): 174–182.

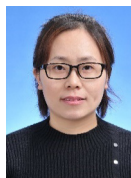
- [15] DING Y, ZHU D, ZHANG J, *et al.* Virulence determinants, antimicrobial susceptibility, and molecular profiles of *Erysipelothrix rhusiopathiae* strains isolated from China [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2015, 4(11): e69.
- [16] KWOK AH, LI Y, JIANG J, *et al.* Complete genome assembly and characterization of an outbreak strain of the causative agent of swine erysipelas-*Erysipelothrix rhusiopathiae* SY1027 [J]. *BMC Microbiol*, 2014, 14: 176.
- [17] YANG L, ZHU Y, PENG Z, *et al.* Comparative genome analysis of a pathogenic *Erysipelothrix rhusiopathiae* isolate WH13013 from pig reveals potential genes involve in bacterial adaptions and pathogenesis [J]. *Vet Sci*, 2020, 7(2): 74.
- [18] MORIMOTO M, KATO A, KOJIMA H, *et al.* Serovars and spaA types of *Erysipelothrix rhusiopathiae* isolated from pigs in Japan from 2012 to 2019 [J]. *Curr Microbiol*, 2021, 78(1): 55–66.
- [19] WANG Y, LI J, ZHANG A, *et al.* iTRAQ-based quantitative proteomic analysis reveals potential virulence factors of *Erysipelothrix rhusiopathiae* [J]. *J Proteomics*, 2017, 160: 28–37.
- [20] 张君怡, 王静怡, 巴巨伟, 等. 细菌生物被膜检测与清除方法研究进展

[J]. *食品研究与开发*, 2020, 41(20): 218–224.

ZHANG JY, WANG JY, BA JW, *et al.* Development on detection and removal of bacterial biofilm [J]. *Food Res Dev*, 2020, 41(20): 218–224.

(责任编辑: 张晓寒 于梦娇)

## 作者简介



张 微, 硕士, 主管检验师, 主要研究方向为微生物耐药机制。

E-mail: xiaoxiong435@126.com



辜依海, 主任技师, 硕士生导师, 主要研究方向为微生物耐药机制。

E-mail: guyh3201@163.com