DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20251210001
**引用格式**: 周小江, 潘梅, 白贵欢, 等. 2023—2025 年黔西南布依族苗族自治州食源性沙门氏菌血清型、耐药性及毒力因子分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(8): 188–196.
ZHOU XJ, PAN M, BAI GH, *et al*. Analysis of foodborne *Salmonella* serotypes, drug resistance and virulence factors in Qianxinan Buyi and Miao Autonomous Prefecture from 2023 to 2025 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(8): 188–196. (in Chinese with English abstract).

# 2023—2025 年黔西南布依族苗族自治州食源性沙门氏菌血清型、耐药性及毒力因子分析

周小江[1], 潘　梅[1], 白贵欢[1], 何坤香[1], 唐丽娅[1], 潘　牛[1], 周　倩[2], 周　藜[2*]
[1. 黔西南州疾病预防控制中心(黔西南州卫生监督所), 兴义　562400; 2. 贵州省疾病预防控制中心, 贵阳　550001]

**摘　要: 目的**　了解 2023—2025 年黔西南布依族苗族自治州沙门氏菌的分子特征, 探讨血清型与序列型(sequence typing, ST)、耐药特性以及毒力的关系。**方法**　通过微量肉汤稀释法进行药物敏感性试验, 通过全基因组测序和生信技术分析 82 株沙门氏菌的血清型、ST、耐药基因与毒力因子, 结合系统发育树分析其相关性。**结果**　共鉴定 22 种血清型, 以肠炎沙门氏菌(17/82, 20.73%)为主; 24 种 ST, 以 ST11 为优势型别, 血清型与 ST 高度关联。总耐药率 93.90% (77/82), 多重耐药率 74.39% (61/82)。对四环素耐药率最高(78.05%), 对阿米卡星等 4 种药物无耐药。检出 43 种耐药基因, *golS* (75.61%)、$bla_{TEM-1}$ (42.68%)、*AAC(6′)-Iaa* (39.02%)和 *QnrS1* (32.93%)为主要基因, 耐药表型与基因型基本吻合。共检测到 40 种毒力因子, 其中分泌系统相关毒力因子的携带率最高。**结论**　黔西南布依族苗族自治州沙门氏菌呈现多重耐药性及复杂耐药基因谱, 血清型与其 ST 密切相关。需加强对食源性沙门氏菌的持续性监测, 以保障我国食品安全并指导临床精准用药。

**关键词:** 沙门氏菌; 血清型; 序列型; 耐药性; 毒力因子

## Analysis of foodborne *Salmonella* serotypes, drug resistance and virulence factors in Qianxinan Buyi and Miao Autonomous Prefecture from 2023 to 2025

ZHOU Xiao-Jiang[1], PAN Mei[1], BAI Gui-Huan[1], HE Kun-Xiang[1], TANG Li-Ya[1], PAN Niu[1], ZHOU Qian[2], ZHOU Li[2*]
[1. *Qianxinan Prefecture Center for Disease Control and Prevention* (*Qianxinan Health Supervision Institute*), *Xingyi* 562400, *China*; 2. *Guizhou Center for Disease Control and Prevention*, *Guiyang* 550001, *China*]

**ABSTRACT: Objective**　To understand the molecular characteristics of *Salmonella* in Qianxinan Buyi and Miao

**收稿日期:** 2025-12-10
**基金项目:** 贵州省科技支撑计划项目(黔科合支撑[2021]一般 435 号); 贵州省疾病预防控制中心人才团队项目(RCJD2105); 黔西南州科技计划项目(2022-2-03)
**第一作者:** 周小江(1989—), 男, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为微生物检验。E-mail: 740445510@qq.com
***通信作者:** 周藜(1973—), 女, 硕士, 主任技师, 主要研究方向为食品安全。E-mail: 153990709@qq.com

Autonomous Prefecture from 2023 to 2025, and explore the relationship between serotype and sequence typing (ST), drug resistance characteristics and virulence. **Methods** The drug susceptibility test was performed by trace broth dilution method, and the serotypes, ST, drug resistance genes and virulence factors of 82 *Salmonella* strains were analyzed by whole-genome sequencing and bioinformatics analysis techniques, and the correlation was analyzed by combining with phylogenetic tree. **Results** A total of 22 serotypes were identified, with *Salmonella enterica* (17/82, 20.73%) as the predominant type; 24 ST were identified, with ST11 as the predominant type, and serotypes were highly correlated with ST. The total drug resistance rate was 93.90% (77/82), and the multi-drug resistance rate was 74.39% (61/82). The highest rate of drug resistance was to tetracycline (78.05%) and no drug resistance to 4 kinds of drugs including amikacin. The 43 kinds of drug resistance genes were detected, with *golS* (75.61%), $bla_{TEM-1}$ (42.68%), *AAC*(*6′*)-*Iaa* (39.02%) and *QnrS1* (32.93%) as the predominant genes, and the drug resistance phenotypes were largely coincident with the genotypes. A total of 40 virulence factors were detected, among which the carrying rate of virulence factors related to secretion systems was the highest. **Conclusion** *Salmonella* in Qianxinan Buyi and Miao Autonomous Prefecture shows high multi-drug resistance and complex drug resistance gene profile, and serotypes are closely related to their ST. Continuous monitoring of foodborne *Salmonella* needs to be strengthened to ensure food safety in China and guide the precise use of drugs in clinical practice.

**KEY WORDS:** *Salmonella*; serotype; sequence typing; drug resistance; virulence factor

## 0　引　言

食源性疾病在全球范围内持续构成重大公共卫生负担, 据世界卫生组织统计, 每年全球约有十分之一的人群受其影响, 导致 42 万人死亡[1–2]。沙门氏菌作为一种重要的食源性致病菌, 可引发沙门氏菌病[3–5]。患者食用受沙门氏菌污染的食物后, 通常会出现腹痛、发热、腹泻等症状[6]。对于婴幼儿、老年人及免疫力低下人群, 该疾病可能发展成重症甚至导致死亡[7–9]。目前, 沙门氏菌在全球有 2600 多种血清型, 在中国已鉴定出 200 多种血清型, 鼠伤寒沙门氏菌与肠炎沙门氏菌在我国主要流行[10–11]。值得注意的是, 沙门氏菌的抗生素耐药性已成为临床治疗中的重大挑战。抗生素的广泛使用导致临床分离株的耐药性增加[12–13], 尤其是对第三代头孢菌素和氟喹诺酮类药物的耐药性[14–15], 这使治疗变得复杂, 并增加了治疗失败和死亡的风险。

在贵州省, 已有研究显示, 2016—2018 年食源性沙门氏菌的优势血清型为鼠伤寒沙门氏菌、肠炎沙门氏菌和伦敦沙门氏菌, 菌株普遍耐药且存在多重耐药现象[16]。然而, 贵州省内各地区在民族构成、饮食习惯及生态环境等方面存在差异, 这些因素可能影响沙门氏菌的流行病学。黔西南布依族苗族自治州作为贵州省重要的多民族聚居区, 迄今尚缺乏针对该地区食源性沙门氏菌系统的分子流行病学调查, 其血清型构成、耐药特征及毒力因子携带情况仍有待阐明。

本研究利用全基因组测序技术, 对 2023—2025 年黔西南布依族苗族自治州分离获得的 82 株沙门氏菌进行深入分析, 旨在明确该地区流行菌株的血清型、药物敏感性、耐药基因以及毒力因子携带特征, 研究结果将有助于补充该地区食源性沙门氏菌分子流行病学数据, 为本地化食源性沙门氏菌精准防控、临床合理用药及公共卫生干预提供科学依据。

## 1　材料与方法

### 1.1　菌株来源

本研究所用沙门氏菌菌株来自黔西南布依族苗族自治州 2023—2025 年食源性疾病监测项目, 其中 30 株分离自临床由食品或怀疑由食品引起的, 以腹泻(每日排便≥3 次)并伴有粪便性状异常(稀便、水样便、黏液便或脓血便等)为主要临床表现的患者腹泻粪便标本, 其中 2023 年 16 株、2024 年 8 株、2025 年 6 株; 52 株分离自肉与肉制品和水产品两类食品样本, 其中肉与肉制品 44 株、生禽肉 17 株、生畜肉 15 株、鲜猪肝 10 株; 水产品 10 株, 主要为调理水产品。质控菌株大肠埃希菌 (*Escherichia coli*) ATCC25922 购自美国典型培养物保藏中心。

### 1.2　试剂与仪器

沙门氏菌显色培养基(法国科玛嘉公司); 胰酪大豆胨琼脂培养基(青岛海博生物技术有限公司); 革兰氏阴性细菌鉴定卡(法国生物梅里埃公司); 革兰氏阴性菌药敏板(美国默赛飞世尔科技公司); 核酸提取试剂盒、食源性致病菌多重聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)检测试剂盒(北京卓诚惠生生物科技股份有限公司); Illumina 文库制备试剂及上机配套试剂(美国因美纳公司)。

VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定仪(法国梅里埃公

司); Sensititre AIM 全自动药敏板加样分析仪、Sensititre 比浊仪、Quant Studio 5 实时荧光定量 PCR 仪(美国赛默飞世尔科技公司); Illumina NovaSeq 6000 测序平台(美国因美纳公司)。

### 1.3 药物敏感性试验

根据美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)推荐的微量肉汤稀释法测定抗生素的最低抑菌浓度。具体步骤如下: 按照革兰氏阴性菌药敏板说明书, 挑取菌落数个, 置 2~3 mL 生理盐水中, 用 Sensititre 比浊仪进行比浊, 调整菌液浊度至 0.5 麦氏单位。使用 Sensititre AIM 全自动药敏板加样分析仪将菌悬液接种至药敏板, 于 35 ℃孵育 20 h 后, 用 Sensititre AIM 全自动药敏板加样分析仪进行判读, 并根据 CLSI M100-2024 标准获得相应敏感、中介和耐药结果。将耐受 3 类及 3 类以上抗生素的菌株定义为多重耐药菌株。以大肠埃希菌(*Escherichia coli*) ATCC25922 为质控菌株。共检测 27 种抗生素, 分别为庆大霉素(gentamicin, GEN)、阿米卡星(amikacin, AMK)、链霉素(streptomycin, STR)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、阿奇霉素(azitromycin, AZM)、多粘菌素 B (polymyxin B, PB)、多粘菌素 E (colistin sulphate, CT)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、萘啶酸(nalidixic acid, NAL)、复方磺胺(sulfamethoxazole trimethoprim, SXT)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)、氨苄西林(ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin-sulbactam, AMS)、阿莫西林/克拉维酸(amoxicillin-clavulanic acid, AMC)、替加环素(tigecycline, TIG)、四环素(tetracycline, TET)、厄他培南(ertapenem, ETP)、美罗培南(meropenem, MEM)、亚胺培南(imipenem, IMP)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢西丁(cefoxitinv, CFX)、头孢吡肟(cefepime, CPM)、头孢呋辛(cefuroxime, CXM)、头孢唑林(cefazolin, CFZ)、头孢他啶/阿维巴坦(ceftazidime-avibactam, CZA)、头孢噻呋(ceftiofur, EFT)。

### 1.4 全基因组测序

使用核酸提取试剂盒, 严格按照试剂盒说明书提取沙门氏菌的核酸。将提取的基因送至测序公司进行测序和拼接, 采用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台, 选用双端 150 bp 测序策略, 进行双端测序。原始测序数据经严格过滤, 去除含接头序列、低质量碱基($Q$<20 的碱基占比大于 50%)及未知碱基(N 含量>10%)的 reads。高质量测序 reads 使用基因组组装软件(St. Petersburg genome assembler, SPAdes v4.2.0)进行从头拼接, 拼接参数选用默认参数并启用 careful 纠错模式, k-mer 参数设为自动适配。拼接获得的基因组草图使用基因组组装质量评估工具(quality assessment tool for genome assemblies, QUAST v5.3)进行质量评估, 以 Scaffold 总数≤100、N50≥100 kb、Q20≥90%、Q30≥85%为质控标准。

### 1.5 血清学预测、多位点序列分型与聚类

将全基因组序列上传至沙门氏菌在线分型(*Salmonella* in silico typing resource, SISTR v1.1.1)网站(https://sistr-app.onrender.com), 在线预测血清型。将全基因组序列上传至用于分子分型和微生物基因组多样性的公共数据库(public databases for molecular typing and microbial genome diversity, PubMLST) (https://pubmlst.org)进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST), 通过比对 *aroC*、*dnaN*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA* 以及 *thrA* 7 个管家基因, 确定菌株的序列型(sequence typing, ST)。将 82 株沙门氏菌的全基因组序列上传至细菌全基因组序列分型数据库(bacterial whole genome sequence typing database, BacWGSTdb v2.0) (http://bacdb.cn/BacWGSTdb), 用核心基因组 MLST (core genome MLST, cgMLST) V2 算法构建 cgMLST 最小生成树和单核苷酸多态性(whole genome-based single nucleotide polymorphisms, wgSNP)聚类树。

### 1.6 耐药基因、毒力因子注释

基于全基因组序列, 使用综合抗生素耐药性数据库(comprehensive antibiotic resistance database, CARD) (https://card.mcmaster.ca)进行耐药基因注释, 筛选标准为序列一致性和覆盖度大于 80%。使用毒力因子数据库(virulence factor database, VFDB) (https://www.mgc.ac.cn/VFs)进行毒力因子注释与分类, 筛选标准为序列一致性大于 80%。

### 1.7 数据处理

采用 SPSS 25.0 软件对数据进行统计分析, 使用 GraphPad Prism 8 软件进行绘图。计数资料以例(率)表示, 组间率的比较采用 $\chi^2$ 检验。双侧检验水准 $\alpha$=0.05。

## 2 结果与分析

### 2.1 沙门氏菌血清型与 MLST 分布情况

82 株沙门氏菌经预测共分为 22 种血清型, 其中肠炎沙门氏菌最多(17/82, 20.73%), 其次是伦敦沙门氏菌(13/82, 15.85%)和鼠伤寒沙门氏菌单相变异体(12/82, 14.63%)。MLST 分析共鉴定出 24 种 ST, 其中 ST11 为优势型别(17/82, 20.73%)。预测血清型与 ST 结果对应良好。鼠伤寒沙门氏菌单相变异体菌株除 1 株为未知 ST 以及 1 株为 ST8333 型之外, 其余 10 株均为 ST34 型。其他血清型的沙门氏菌均有唯一对应的 ST, 其中肠炎沙门氏菌均为 ST11 型, 伦敦沙门氏菌均为 ST155 型, 见表 1。cgMLST 最小生成树显示相同血清型内的不同 ST 具有较近的亲缘关系, 如鼠伤寒沙门氏菌单相变异体血清型的 ST34 型和 ST8333 型。此外, 鼠伤寒沙门氏菌单相变异体与鼠伤寒沙门氏菌(ST19 型)两者之间表现出密切的亲缘关系, 见图 1。

**表 1　2023—2025 年 82 株沙门氏菌血清型与 ST 分布**
**Table 1　Distribution of 82 *Salmonella* serotypes and ST from 2023 to 2025**

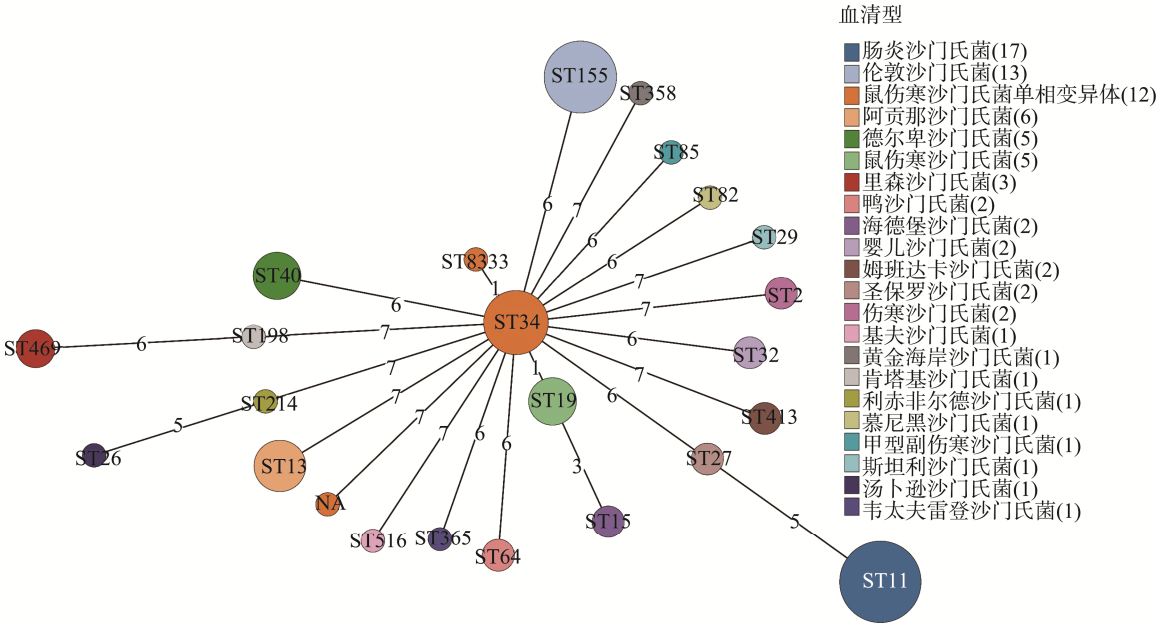
| 预测血清型 | ST | 菌株数 | 构成比% |
|---|---|---|---|
| 甲型副伤寒沙门氏菌 | ST85 | 1 | 1.22 |
| 阿贡那沙门氏菌 | ST13 | 6 | 7.32 |
| 德尔卑沙门氏菌 | ST40 | 5 | 6.10 |
| 海德堡沙门氏菌 | ST15 | 2 | 2.44 |
| 圣保罗沙门氏菌 | ST27 | 2 | 2.44 |
| 鼠伤寒沙门氏菌 | ST19 | 5 | 6.10 |
| 斯坦利沙门氏菌 | ST29 | 1 | 1.22 |
| 鼠伤寒沙门氏菌单相变异体 | ST34 | 10 | 12.20 |
| | ST8333 | 1 | 1.22 |
| | 未知 | 1 | 1.22 |
| 黄金海岸沙门氏菌 | ST358 | 1 | 1.22 |
| 肯塔基沙门氏菌 | ST198 | 1 | 1.22 |
| 里森沙门氏菌 | ST469 | 3 | 3.66 |
| 利赤非尔德沙门氏菌 | ST214 | 1 | 1.22 |
| 姆班达卡沙门氏菌 | ST413 | 2 | 2.44 |
| 慕尼黑沙门氏菌 | ST82 | 1 | 1.22 |
| 汤卜逊沙门氏菌 | ST26 | 1 | 1.22 |
| 婴儿沙门氏菌 | ST32 | 2 | 2.44 |
| 肠炎沙门氏菌 | ST11 | 17 | 20.73 |
| 伤寒沙门氏菌 | ST2 | 2 | 2.44 |
| 基夫沙门氏菌 | ST516 | 1 | 1.22 |
| 伦敦沙门氏菌 | ST155 | 13 | 15.85 |
| 韦太夫雷登沙门氏菌 | ST365 | 1 | 1.22 |
| 鸭沙门氏菌 | ST64 | 2 | 2.44 |

## 2.2　沙门氏菌对抗生素药物耐药情况

82 株沙门氏菌的药物敏感性试验结果显示(表 2), 本研究的沙门氏菌对 TET 的耐药率最高, 为 78.05%; 其次是 SXT、CTX、EFT、STR 和 CIP, 耐药率分别为 47.56%、45.12%、43.90%、37.80%和 36.59%。对其余抗生素的耐药率均低于 30%, 其中对 AMK、CT、TIG 和 CPM 均无耐药表现。本研究中耐药菌株 77 株(93.90%), 其中多重耐药菌株 61 株, 占全部菌株的 74.39%。82 株沙门氏菌对 27 种抗生素共产生 61 种耐药谱, 无明显优势谱型。多重耐药谱中耐药菌株数较多的谱型为 CIP-NAL-TET 和 NAL-CHL-SXT-TET-STR-FFC, 均有 3 株; 其次为 CIP-SXT-TET、AMP-CHL-TET-AMC-FFC、CHL-CFZ-TET-PB-CEF 和 AMP-CAZ-CFZ-ETP-CZA-GEN- TET-MEM- AMC-IPM-STR-FFC-CEF, 均有 2 株, 见表 3。优势血清型中肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌单相变异体、伦敦沙门氏菌、阿贡那沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌的多重耐药率较高, 分别为 70.59% (12/17)、100.00% (10/10)、61.54% (8/13)、100.00% (6/6)和 100.00% (5/5), 各血清型间的多重耐药率差异无统计学意义($\chi^2$=9.090, $P$=0.059)。食品来源的菌株, 耐药率为 94.23% (49/52), 多重耐药率为 75.00% (39/52); 临床样本来源的菌株, 耐药率为 93.33% (28/30), 多重耐药率为 73.33% (22/30), 两组菌株间耐药率及多重耐药率差异均无统计学意义($P$>0.05)。

## 2.3　沙门氏菌耐药基因携带情况

基于 82 株沙门氏菌的全基因组序列, 共检测到 43 种耐药基因。所有菌株都携带耐药基因, 最多同时携带 15 种耐药基因, 最少携带 1 种耐药基因。检测到介导 $\beta$-内酰胺类药物耐药的耐药基因有 11 种, 其中 $bla_{TEM-1}$ 和 *golS* 的携带




注: 节点之间的数字表示 ST 之间的差异个数。

图 1　2023—2025 年 82 株沙门氏菌 cgMLST 最小生成树

Fig.1　Minimum spanning tree of 82 strains *Salmonella* based on cgMLST for the period from 2023 to 2025

表 2 2023—2025 年 82 株沙门氏菌耐药情况

Table 2 Drug resistance situation of 82 strains *Salmonella* from 2023 to 2025

| 抗生素种类 | 抗生素名称 | 耐药菌株数 | 耐药率/% | 抗生素种类 | 抗生素名称 | 耐药菌株数 | 耐药率/% |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 氨基糖苷类 | GEN | 17 | 20.73 | 四环素类 | TIG | 0 | 0.00 |
| | AMK | 0 | 0.00 | | TET | 64 | 78.05 |
| | STR | 31 | 37.80 | 碳青霉烯类 | ETP | 5 | 6.10 |
| 苯丙醇类 | CHL | 20 | 24.39 | | MEM | 5 | 6.10 |
| 大环内酯类 | AZM | 18 | 21.95 | | IMP | 5 | 6.10 |
| 多肽类 | CT | 0 | 0.00 | 头孢菌素类 | CAZ | 16 | 19.51 |
| | PB | 3 | 3.66 | | CTX | 37 | 45.12 |
| 氟喹诺酮类 | CIP | 30 | 36.59 | | CFX | 5 | 6.10 |
| 一代喹诺酮类 | NAL | 24 | 29.27 | | CPM | 0 | 0.00 |
| 磺胺类 | SXT | 39 | 47.56 | | CXM | 24 | 29.27 |
| 氯霉素类 | FFC | 24 | 29.27 | | CFZ | 23 | 28.05 |
| 青霉素类 | AMP | 12 | 14.63 | | CZA | 5 | 6.10 |
| | AMS | 16 | 19.51 | | EFT | 36 | 43.90 |
| | AMC | 24 | 29.27 | | | | |

表 3 2023—2025 年 82 株沙门氏菌耐药谱

Table 3 Drug resistance spectrum of 82 strains *Salmonella* from 2023 to 2025

| 耐药重数 | 耐药谱 | 菌株数 | 耐药重数 | 耐药谱 | 菌株数 |
|---|---|---|---|---|---|
| 0 | 无 | 5 | 7 | CAZ-CTX-AZM-SXT-GEN-TET-FFC | 1 |
| 1 | TET | 5 | | CTX-CXM-CFZ-TET-STR-FFC-CEF | 1 |
| | CIP | 3 | | CIP-CTX-CXM-NAL-SXT-TET-CEF | 1 |
| 2 | CIP-FFC | 2 | 8 | CIP-CTX-CXM-NAL-CHL-SXT-TET-CEF | 1 |
| | NAL-STR | 2 | | CIP-CAZ-CTX-CXM-AZM-SXT-TET-STR | 1 |
| | NAL-TET | 1 | | CIP-AMS-CTX-AZM-SXT-TET-AMC-CEF | 1 |
| | CHL-TET | 1 | | CIP-AMS-CTX-CXM-NAL-SXT-TET-CEF | 1 |
| | SXT-TET | 1 | 9 | CTX-NAL-CHL-AZM-SXT-TET-AMC-TER-CEF | 1 |
| | TET-STR | 1 | | CIP-AMS-CTX-NAL-AZM-SXT-TET-AMC-CEF | 1 |
| 3 | CIP-NAL-TET | 3 | | AMS-CTX-CXM-CFZ-SXT-GEN-AMC-FFC-CEF | 1 |
| | CIP-SXT-TET | 2 | | AMS-CTX-CXM-CFZ-SXT-GEN-TET-STR-CEF | 1 |
| | AMP-CHL-TET | 1 | | AMS-CTX-CXM-CFZ-SXT-GEN-AMC-STR-CEF | 1 |
| | CHL-SXT-TET | 1 | 10 | CTX-CXM-NAL-CHL-CFZ-SXT-GEN-TET-FFC-CEF | 1 |
| | CHL-TET-STR | 1 | | AMS-CTX-CXM-CHL-CFZ-SXT-GEN-AMC-STR-CEF | 1 |
| | SXT-TET-STR | 1 | | AMS-CTX-CXM-CFZ-SXT-GEN-TET-STR-FFC-CEF | 1 |
| | TET-PB-CEF | 1 | | CIP-CAZ-CTX-NAL-AZM-SXT-GEN-TET-STR-CEF | 1 |
| 4 | CIP-CTX-NAL-FFC | 1 | | CIP-AMS-CAZ-CTX-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-CEF | 1 |
| | AMP-CTX-NAL-FFC | 1 | 11 | CIP-CTX-CXM-NAL-CHL-CFZ-AZM-SXT-GEN-TET-CEF | 1 |
| | CTX-CXM-TET-CEF | 1 | | CAZ-CFZ-ETP-CZA-GEN-TET-MEM-AMC-IPM-STR-CEF | 1 |
| | CTX-NAL-TET-AMC | 1 | | CIP-AMS-CTX-CXM-CFZ-SXT-GEN-TET-STR-FFC-CEF | 1 |
| 5 | AMP-CHL-TET-AMC-FFC | 2 | 12 | AMP-CAZ-ETP-CZA-GEN-TET-MEM-AMC-IPM-STR-FFC-CEF | 1 |
| | CHL-CFZ-TET-PB-CEF | 2 | 13 | AMP-CAZ-CFZ-ETP-CZA-GEN-TET-MEM-AMC-IPM-STR-FFC-CEF | 2 |
| | CTX-AZM-SXT-TET-AMC | 1 | | CIP-CTX-CXM-NAL-CHL-CFZ-AZM-SXT-GEN-TET-STR-FFC-CEF | 1 |
| | CTX-CXM-SXT-TET-CEF | 1 | | CIP-AMS-CAZ-CTX-CFX-CXM-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-STR-CEF | 1 |
| | CHL-SXT-GEN-TET-FFC | 1 | | CIP-AMP-AMS-CAZ-CTX-CXM-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-STR-CEF | 1 |
| | CTX-CXM-TET-STR-CEF | 1 | | CIP-AMP-AMS-CAZ-CTX-CFX-CXM-AZM-SXT-TET-AMC-STR-CEF | 1 |
| | NAL-SXT-TET-STR-FFC | 1 | 14 | CIP-AMS-CAZ-CTX-CFX-CXM-CHL-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-STR-CEF | 1 |
| | CIP-AMP-CTX-NAL-FFC | 1 | | AMP-CAZ-CHL-CFZ-ETP-CZA-GEN-TET-MEM-AMC-IPM-STR-FFC-CEF | 1 |
| 6 | NAL-CHL-SXT-TET-STR-FFC | 3 | | CIP-AMS-CAZ-CTX-CFX-CXM-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-STR-FFC-CEF | 1 |
| | CAZ-CTX-AZM-SXT-TET-AMC | 1 | | CIP-AMP-AMS-CAZ-CTX-CFX-CXM-CFZ-AZM-SXT-TET-AMC-STR-CEF | 1 |
| | CTX-AZM-SXT-TET-AMC-CEF | 1 | | | |
| | CIP-CTX-CXM-NAL-CFZ-TET | 1 | | | |

率较高, 达 40%以上。介导氨基糖苷类药物耐药的耐药基因有 10 种, 其中 *AAC(6′)-Iaa* 耐药基因的携带率较高, 为 39.02%。介导氟喹诺酮类药物耐药的耐药基因有 5 种, 主要以 *QnrS1* 为主, 携带率为 32.93%。二氨基嘧啶类、磺胺类耐药基因均为3种, 分别以*dfrA12* (7.32%)和*sul2* (18.29%)为主。大环内酯类、利福霉素类、膦酸类以及四环素类耐药基因均为 2 种, 苯尼考类、林可酰胺类以及头孢类耐药基因均为 1 种, 携带率较低。82 株沙门氏菌对氨基糖苷类、*β*-内酰胺类(包括头孢菌素类和青霉素类)、氟喹诺酮类及四环素类呈现较高耐药率, 同时介导对这 4 类抗生素耐药的耐药基因也呈较高携带率, 表明耐药表型与基因型基本吻合, 见表 4。

## 2.4　沙门氏菌毒力因子携带情况

共检测到 40 种毒力因子, 按照功能可以分为转运蛋白相关、营养和代谢因子相关、侵袭性相关、镁离子转运相关、菌毛黏附决定因素、非菌毛吸附相关、其他附着要素、分泌系统相关和调控相关, 共 9 大类。菌株携带数量较高的毒力因子主要是分泌系统相关, 包括 39 株携带 TTSS (SPI-2 encode)、34 株携带 SPI-2 encoded T3SS、26 株携带 TTSS-1 translocated effectors、26 株携带 TTSS-2 translocated effectors、25 株携带 TTSS (SPI-1 encode)。而调控相关毒力因子 RpoS, 吸附相关毒力因子 AIDA-I、LPS、RatB、ShdA、SinH、Stc、Stj、Tcf, 分泌系统相关毒力因子 T7SS, 侵袭相关毒力因子 type IV pili、Invasin、Ibes, 转运蛋白相关毒力因子 Cah、UpaG、UpaH 在较少的菌株中被携带, 见图 2。

## 2.5　沙门氏菌分型与耐药、毒力因子关联性分析

基于 82 株沙门氏菌的基因组构建系统发育进化树, 进化树显示大多数相同血清型的菌株聚类在一起, 且大多来自相同分支, 同源性较高, 同一 ST 菌株之间的遗传关系相对较近。鸭沙门氏菌(ST64)、斯坦利沙门氏菌(ST29)、汤卜逊沙门氏菌(ST26)、慕尼黑沙门氏菌(ST82)和利赤非尔德沙门氏菌(ST214)聚在同一分支; 全部伦敦沙门氏菌(ST155)聚在同一分支; 海德堡沙门氏菌(ST15)聚在同一分支; 圣保罗沙门氏菌(ST27)、鼠伤寒沙门氏菌(ST19)和大部分鼠伤寒沙门氏菌单相变异体(ST34 和 ST8333)聚在同一分支; 全部肠炎沙门氏菌(ST11)和一株鼠伤寒沙门氏菌单相变异体菌株(ST 未知)聚在同一分支; 其他血清型菌株聚在同一分支。总体上, 菌株携带的耐药基因数量与其实际耐药重数呈正相关。鼠伤寒沙门氏菌单相变异体血清型耐药基因携带数量及多重耐药情况均较为严重。

肠炎沙门氏菌携带毒力因子种类最多。排除大多数菌株携带的毒力因子, 将仅由少数菌株($n \leqslant 5$)携带的毒力因子注释到系统发育树中。菌毛黏附决定因素毒力因子 Agf 集中出现在肠炎沙门氏菌和 1 株德尔卑沙门氏菌中。非菌毛吸附相关毒力因子AIDA-I和BapA出现在伦敦沙门氏菌中。分泌系统相关毒力因子 T6SS 集中出现在阿贡那沙门氏菌和肠炎沙门氏菌中。有些毒力因子仅由一株菌株携带, 如侵袭相关毒力因子 Ibes(里森沙门氏菌)和 Invasin(海德堡沙门氏菌)、其他附着要素 LPS(韦太夫雷登沙门氏菌)、非菌毛吸附相关毒力因子 RatB(甲型副伤寒沙门氏菌)以及调控相关毒力因子 RpoS(伦敦沙门氏菌), 见图 3。

**表 4　2023—2025 年 82 株沙门氏菌耐药基因携带情况**
**Table 4　Carrying status of drug resistance genes of 82 strains *Salmonella* from 2023 to 2025**

| 耐受抗生素种类 | 耐药基因 | 携带菌株数量 | 携带率/% |
|---|---|---|---|
| *β*-内酰胺类 | $bla_{CTX\text{-}M\text{-}14}$ | 2 | 2.44 |
| | $bla_{CTX\text{-}M\text{-}15}$ | 1 | 1.22 |
| | $bla_{CTX\text{-}M\text{-}55}$ | 8 | 9.76 |
| | $bla_{CTX\text{-}M\text{-}65}$ | 6 | 7.32 |
| | $bla_{TEM\text{-}1}$ | 35 | 42.68 |
| | *CMY-2* | 2 | 2.44 |
| | *golS* | 62 | 75.61 |
| | *LAP-2* | 2 | 2.44 |
| | *mdsA* | 17 | 20.73 |
| | *mdsB* | 15 | 18.29 |
| | *OXA-10* | 6 | 7.32 |
| 氨基糖苷类 | *AAC(3)-IId* | 10 | 12.20 |
| | *AAC(3)-IVa* | 2 | 2.44 |
| | *AAC(6′)-Iaa* | 32 | 39.02 |
| | *AAC(6′)-Iy* | 3 | 3.66 |
| | *aadA* | 4 | 4.88 |
| | *aadA2* | 5 | 6.10 |
| | *aadA5* | 14 | 17.07 |
| | *APH(3′)-Ia* | 2 | 2.44 |
| | *APH(3′)-IIa* | 1 | 1.22 |
| | *APH(4)-Ia* | 9 | 10.98 |
| 苯尼考类 | *cmlA5* | 3 | 3.66 |
| 大环内酯类 | *mphA* | 12 | 14.63 |
| | *Mrx* | 11 | 13.41 |
| 二氨基嘧啶类 | *dfrA12* | 6 | 7.32 |
| | *dfrA14* | 1 | 1.22 |
| | *dfrA27* | 5 | 6.10 |
| 氟喹诺酮类 | *QnrS1* | 27 | 32.93 |
| | *oqxA* | 2 | 2.44 |
| | *oqxB* | 2 | 2.44 |
| | *QnrB6* | 1 | 1.22 |
| | *QnrVC1* | 1 | 1.22 |
| 磺胺类 | *sul1* | 12 | 14.63 |
| | *sul2* | 15 | 18.29 |
| | *sul3* | 11 | 13.41 |
| 利福霉素类 | *arr-2* | 6 | 7.32 |
| | *arr-3* | 7 | 8.54 |
| 林可酰胺类 | *linG* | 2 | 2.44 |
| 膦酸类 | *FosA3* | 2 | 2.44 |
| | *FosA7* | 2 | 2.44 |
| 四环素类 | *sdiA* | 18 | 21.95 |
| | *tet(A)* | 1 | 1.22 |
| 头孢菌素类 | *NDM-5* | 1 | 1.22 |

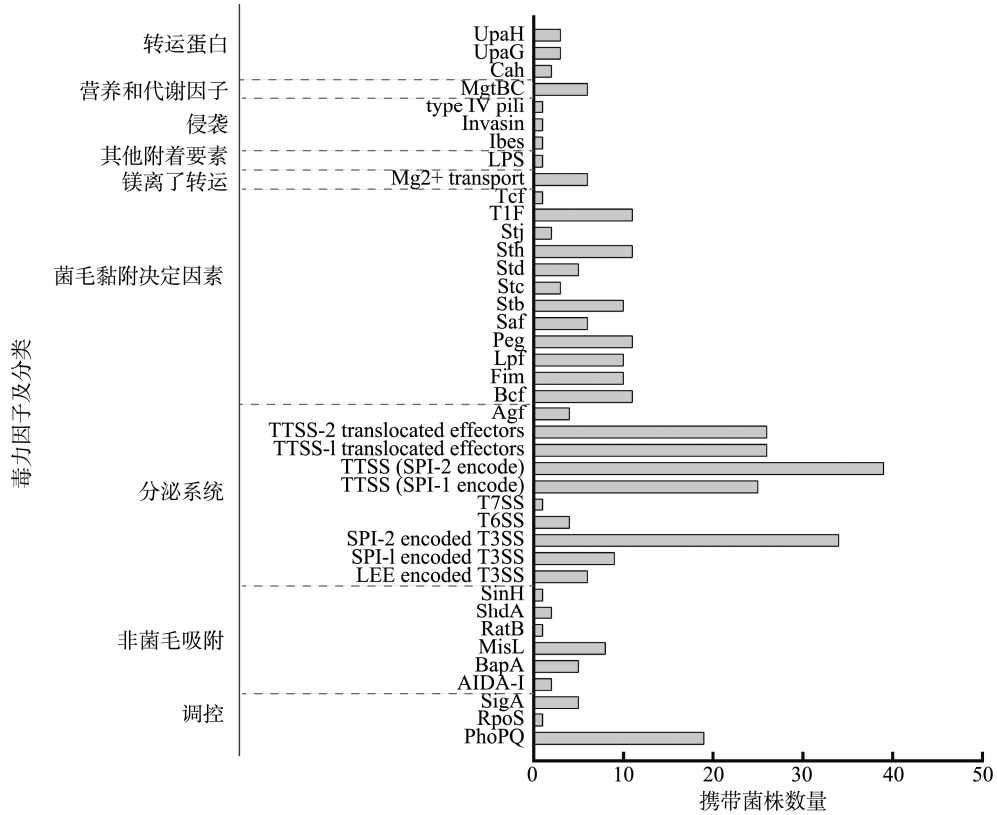
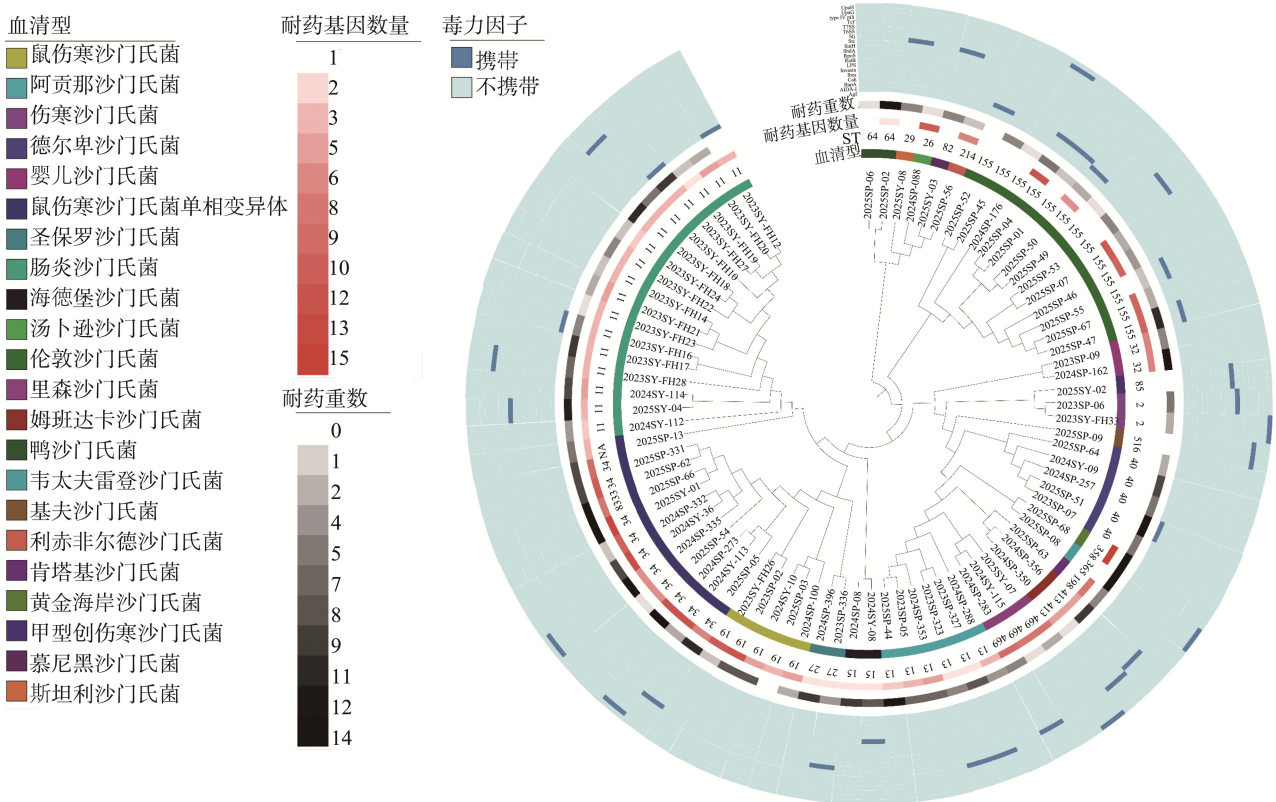



图 2 2023—2025 年 82 株沙门氏菌毒力因子携带情况

Fig.2 Carrying status of virulence factors of 82 strains *Salmonella* from 2023 to 2025




注: NA 表示未知(not applicable)。

图 3 2023—2025 年 82 株沙门氏菌 wgSNP 进化树

Fig.3 wgSNP evolutionary tree of 82 strains *Salmonella* from 2023 to 2025

## 3　讨论与结论

过去数十年里, 沙门氏菌病是中国西南部黔西南布依族苗族自治州辖区内细菌性胃肠炎最常见的原因之一。监测数据显示, 2018—2022 年沙门氏菌感染占贵州省感染性腹泻确诊病例的 92.0%, 显著高于包括大肠埃希菌在内的其他细菌感染[17]。多重耐药沙门氏菌的日益增多已构成全球性的重大公共卫生威胁。人类、动物及环境中抗生素的过度使用与滥用是导致耐药性产生的主要驱动因素。鉴于耐药性显著增加了治疗失败的风险, 其已成为当前亟须应对的公共卫生挑战。

本研究中, 肠炎沙门氏菌是最主要的血清型, 其次是伦敦沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌单相变异体。系统发育分析表明, 该单相变型与鼠伤寒沙氏门菌亲缘关系较近[18]。这一血清型分布特征与中国及全球沙门氏菌监测数据一致, 即肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌是导致沙门氏菌感染的主要血清型[19–21], 且具有较强的暴发流行潜力。明确本地区沙门氏菌的优势血清型构成, 对于精准制定本地化的感染防控策略和优化公共卫生资源分配至关重要。

随着抗生素的广泛使用, 沙门氏菌的耐药性逐年增加。本研究中, 沙门氏菌对 TET 普遍耐药, 对 SXT、CTX、EFT、STR 和 CIP 耐药率也较高, 达 30%以上, 与其他地区报道的结果相似[22–23]。抗生素在人类健康、动物生产和环境中的不合理使用是沙门氏菌高耐药性形成的关键驱动因素。目前喹诺酮类抗生素和第三代头孢类药物是临床上治疗沙门氏菌感染的首选药物, 本研究中沙门氏菌对 CTX、EFT 和 CIP 的高耐药率提示贵州省食源性沙门氏菌对这两类抗生素耐药趋势严重。为应对严峻的耐药形势, 应加强对抗生素使用的严格监管与合理使用宣教, 从源头减少选择性压力。同时, 完善食源性沙门氏菌耐药性动态监测网络, 并评估新型抗菌药物或替代疗法的应用潜力。此外, 本研究中沙门氏菌多重耐药情况严重, 多重耐药率高达 74.39%, 高于国内浙江[24]、安徽[25]等地区报道的结果。多重耐药在本研究的各血清型沙门氏菌中广泛分布, 尤其是鼠伤寒沙门氏菌单相变异体、阿贡那沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌。针对这些高流行且高耐药的优势血清型, 亟须加强其耐药性动态监测, 并将其作为耐药性干预和防控策略制定的核心目标。根据全球食源性疾病调查结果, $bla_{CTX\text{-}M\text{-}14}$、*fosA3*、*tet*(*A*)和 $bla_{TEM\text{-}1}$是我国常见的耐药基因[26]。本研究的 82 株沙门氏菌中, $bla_{TEM\text{-}1}$、*golS*、*AAC*(*6′*)*-Iaa* 以及 *QnrS1* 都是常见的耐药基因, 这些耐药基因介导菌株对氨基糖苷类、*β*-内酰胺类、氟喹诺酮类及四环素类抗生素耐药。值得注意的是, 本研究的沙门氏菌对上述种类的抗生素表现出较高的耐药率, 这表明耐药基因与耐药表型基本吻合, 这与华德等[27]报道的结论相符。本研究中黔西南地区沙门氏菌 $bla_{TEM\text{-}1}$ 的高携带率与美、英、巴西等 8 国该基因的分布特征高度一致, 反映出 *β*-内酰胺类抗生素在沙门氏菌防控中的全球广泛使用, 是食源性致病菌耐药性的核心共性体现[26]。而 *golS*、*AAC*(*6′*)*-Iaa*、*QnrS1* 为黔西南地区沙门氏菌高携带的特有耐药基因, 与国内外其他地区的耐药基因分布存在差异。鸡肉是导致抗生素耐药性传播的最常见肉类载体, 食源性致病菌耐药性的升高, 可能与畜牧业中抗生素使用量的增加有关[26]。在黔西南地区, 畜禽养殖以小规模化与散养结合为主, 兽药使用呈现区域化特征, 新型氨基糖苷类、喹诺酮类抗生素的使用管控可能相对宽松, 养殖中重金属饲料添加剂的使用又易形成环境胁迫, 进而驱动了 *AAC*(*6′*)*-Iaa*、*QnrS1* 及与环境胁迫耐受相关的 *golS* 基因的富集。食源性致病菌耐药基因的分布是抗生素使用、环境胁迫、全球贸易等多因素共同作用的结果, 而区域特有耐药基因的发现, 为研究区域的沙门氏菌耐药性防控提供了靶向方向。

沙门氏菌的毒力归因于大量毒力因子的相互作用[28]。本研究中 82 株沙门氏菌所携带的毒力因子主要与分泌系统和吸附相关, 这与重庆的一项研究结果一致[29]。本研究发现不同血清型之间携带的毒力因子存在差异, 肠炎沙门氏菌携带毒力因子种类最多, 这与 LI 等[30]报道的结果一致。从耐药特性和毒力因子携带情况来看, 肠炎沙门氏菌具有较强威胁性, 应加强对其抗生素抗性以及毒力基因携带情况的监测。

综上, 黔西南布依族苗族自治州沙门氏菌防控应以肠炎沙门氏菌作为首要重点血清型, 并密切关注伦敦沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌单相变异体。耐药基因防控需优先针对携带率高的 $bla_{TEM\text{-}1}$、*golS*、*AAC(6′)-Iaa* 及 *QnrS1*。建议建立针对性监测体系, 强化上述血清型与耐药基因的分子流行病学追踪, 并在临床和农业实践中优化抗生素使用, 以减缓耐药传播。

## 参考文献


[1] World Health Organization. WHO estimates of the global burden of foodborne diseases: Foodborne diseases burden epidemiology reference group 2007-2015 [EB/OL]. (2015-12-01) [2025-12-08]. https://www.who.int/publications/i/item/9789241565165.

[2] LU J, WU H, WU S, *et al*. *Salmonella*: Infection mechanism and control strategies [J]. Microbiology Research, 2025, 292: 128013.

[3] COTA JB, LANGKABEL N, BARCO L, *et al*. Comparison of european surveillance and control programs for *Salmonella* in broiler and Turkey chains [J]. Food Control, 2024, 165: 110656.

[4] WANG Y, LIU Y, LYU N, *et al*. The temporal dynamics of antimicrobial-resistant *Salmonella enterica* and predominant serovars in China [J]. National Science Review, 2023, 10(3): nwac269.

[5] HAN J, ALJAHDALI N, ZHAO S, *et al*. Infection biology of *Salmonella* enterica [J]. EcoSal Plus, 2024, 12(1): eesp00012023.

[6] KONG X, WANG J, LEI G, *et al*. Emergence of extensively drug-resistant *Salmonella kentucky* ST198 in Southwest China [J]. Journal of Global Antimicrobial Resistance, 2025, 43: 264–270.

[7] EHUWA O, JAISWAL AK, JAISWAL S. *Salmonella*, food safety and food

handling practices [J]. Foods, 2021, 10(5): 907.

[8] DHANOA A, FATT QK. Non-typhoidal *Salmonella* bacteraemia: Epidemiology, clinical characteristics and its' association with severe immunosuppression [J]. Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials, 2009, 8: 15

[9] MEIRING JE, KHANAM F, BASNYAT B, *et al*. Typhoid fever [J]. Nature Reviews Disease Primers, 2023, 9(1): 71.

[10] 王贤文, 赵丽媛, 张瑞雪, 等. 沙门氏菌血清分型及耐药机制研究进展[J]. 山东农业科学, 2024, 56(1): 174–180.
WANG XW, ZHAO LY, ZHANG RX, *et al*. Research progress on serotyping and antimicrobial resistance mechanism of *Salmonella* [J]. Shandong Agricultural Sciences, 2024, 56(1): 174–180.

[11] 李佥勍, 牛亚楠, 秦璞, 等. 2021—2022 年全国多中心沙门菌血清分型及耐药性分析[J]. 协和医学杂志, 2025, 16(5): 1120–1130.
LI QQ, NIU YN, QIN P, *et al*. National multicenter analysis of serotype distribution and antimicrobial resistance of *Salmonella* in China, 2021—2022 [J]. Medical Journal of Peking Union Medical College Hospital, 2025, 16(5): 1120–1130.

[12] CHAUDHARI R, SINGH K, KODGIRE P. Biochemical and molecular mechanisms of antibiotic resistance in *Salmonella* spp [J]. Research In Microbiology, 2023, 174(1-2): 103985.

[13] WU J, YOU L, LIU Y, *et al*. Dynamic serotype distribution and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates from 2019 to 2023 in Guizhou, China [J]. Infection and Drug Resistance, 2025, 18: 993–1006.

[14] ALVAREZ DM, BARRÓN-MONTENEGRO R, CONEJEROS J, *et al*. A review of the global emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* subsp. enterica serovar infantis [J]. International Journal of Food Microbiology, 2023, 403: 110297.

[15] TALUKDER H, ROKY SA, DEBNATH K, *et al*. Prevalence and antimicrobial resistance profile of *Salmonella* isolated from human, animal and environment samples in South Asia: A 10-year meta-analysis [J]. Journal of Epidemiology and Global Health, 2023, 13(4): 637–652.

[16] 张德著, 黄靖宇, 周倩, 等. 2016—2018 年贵州省食源性沙门氏菌血清型和耐药性分析[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2019, 39(10): 737–724.
ZHANG DZ, HUANG JY, ZHOU Q, *et al*. Analysis on serotypes and antibiotic resistance characteristics of food-borne *Salmonella* strains in Guizhou Province from 2016 to 2018 [J]. Chinese Journal of Microbiology and Immunology, 2019, 39(10): 737–724.

[17] 杨培师, 杨敬源, 黄艳萍, 等. 2018—2022 年贵州省其他感染性腹泻的流行病学特征分析[J]. 现代预防医学, 2023, 50(21): 3848–3854.
YANG PS, YANG JY, HUANG YP, *et al*. Analysis of epidemiological characteristics of other infectious diarrhea in Guizhou Province from 2018 to 2022 [J]. Modern Preventive Medicine, 2023, 50(21): 3848–3854.

[18] INGLE DJ, AMBROSE RL, BAINES SL, *et al*. Evolutionary dynamics of multidrug resistant *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- in Australia [J]. Nature Communications, 2021, 12(1): 4786.

[19] CHOUSALKAR K, GAST R, MARTELLI F, *et al*. Review of egg-related salmonellosis and reduction strategies in United States, Australia, United Kingdom and New Zealand [J]. Critical Reviews in Microbiology, 2018, 44(3): 290–303.

[20] DIAZ D, HERNANDEZ-CARREÑO PE, VELAZQUEZ DZ, *et al*. Prevalence, main serovars and anti-microbial resistance profiles of non-typhoidal *Salmonella* in poultry samples from the Americas: A systematic review and meta-analysis [J]. Transboundary and Emerging Diseases, 2022, 69(5): 2544–2558.

[21] SUN L, ZHANG H, CHEN J, *et al*. Epidemiology of foodborne disease outbreaks caused by nontyphoidal *Salmonella* in Zhejiang Province, China, 2010—2019 [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2021, 18(12): 880–886.

[22] 张琴超, 陈金堃, 陈吉铭, 等. 2017—2019 年绍兴市沙门菌病人分离株的耐药性与分子分型分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 542–548.
ZHANG QC, CHEN JK, CHEN JM, *et al*. Analysis of molecular type and antimicrobial resistance of clinical strains of *Salmonella* in Shaoxing, 2017—2019 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 542–548.

[23] 廖驰真, 王鸣柳, 林玫, 等. 南宁市腹泻患者非伤寒沙门菌血清分型及药敏分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2016, 26(19): 2861–2864.
LIAO CZ, WANG ML, LIN M, *et al*. Serotyping and antimicrobial susceptibility analysis of nontyphoidal *Salmonella* isolated from diarrheal patients in Nanning [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2016, 26(19): 2861–2864.

[24] 王月, 陈晓, 王若南, 等. 浙江省临床分离沙门菌血清型、药物敏感性和毒力基因的研究[J]. 中华传染病杂志, 2020, 38(10): 646–650.
WANG Y, CHEN X, WANG RN, *et al*. Study on the serotype, drug sensitivity and virulence genes of clinical isolates of *Salmonella* in Zhejiang Province [J]. Chinese Journal of Infectious Diseases, 2020, 38(10): 646–650.

[25] 张竹慧, 陈晴晴, 撒楠, 等. 2015—2020 年安徽省腹泻病人沙门菌血清型分布及耐药性研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 536–541.
ZHANG ZH, CHEN QQ, SA N, *et al*. Serotypes and drug resistance characteristics of *Salmonella* isolated from diarrheal patients in Anhui Province, 2015—2020 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 536–541.

[26] YANG K, WANG A, FU M, *et al*. Investigation of Incidents and trends of antimicrobial resistance in foodborne pathogens in eight countries from historical sample data [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020, 17(2): 472.

[27] 华德, 王鲁彦, 邝仕壮, 等. 2020 年海南省人源沙门菌耐药性及携带耐药基因分析[J]. 疾病监测, 2023, 38(6): 722–728.
HUA D, WANG LY, KUANG SZ, *et al*. Antimicrobial profiles and resistance genes in *Salmonella* isolates in diarrheal patients in Hainan province in 2020 [J]. Disease Surveillance, 2023, 38(6): 722–728.

[28] 刘理慧, 储锦华, 隋雨欣, 等. 沙门氏菌中主要毒力因子的研究进展[J]. 生物技术通报, 2022, 38(9): 72–83.
LIU LH, CHU JH, SUI YX, *et al*. Research progress of main virulence factors in *Salmonella* [J]. Biotechnology Bulletin, 2022, 38(9): 72–83.

[29] 聂术君, 刘高敏, 赵婷, 等. 2022—2024 年重庆市伦敦沙门氏菌溯源及耐药分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(18): 108–119.
NIE SJ, LIU GM, ZHAO T, *et al*. Traceability and antibiotic resistance analysis of *Salmonella* London in Chongqing from 2022 to 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(18): 108–119.

[30] LI Y, KANG X, ED-DRA A, *et al*. Genome-based assessment of antimicrobial resistance and virulence potential of isolates of non-pullorum/gallinarum *Salmonella* serovars recovered from dead poultry in China [J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(4): e0096522.

(责任编辑: 安香玉 韩晓红)