DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260304007
引用格式: 徐娅雯, 陆荣荣, 王芳, 等. “同一健康”视角下扬州地区肯塔基沙门氏菌 ST198 的耐药特征与传播溯源[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(12): 60–66.
XU YW, LU RR, WANG F, *et al*. Antimicrobial resistance characteristics and transmission sourcing of *Salmonella* Kentucky ST198 in Yangzhou under the “One Health” perspective [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(12): 60–66. (in Chinese with English abstract).

“同一健康”视角下扬州地区肯塔基沙门氏菌 ST198 的耐药特征与传播溯源

徐娅雯[1#], 陆荣荣[1#], 王 芳[2], 许蓉蓉[1], 英航宁[1], 王 艳[1*], 李贵玲[2*]
(1. 扬州市疾病预防控制中心, 扬州 225009; 2. 江苏省苏北人民医院, 扬州 225002)

摘 要: 目的 基于“同一健康”理念, 分析 2019—2025 年扬州地区肯塔基沙门氏菌(*Salmonella* Kentucky) ST198 谱系的基因组流行病学特征、耐药机制及跨界传播风险。**方法** 收集扬州地区临床患者、市售食品、健康从业人员及污水环境来源的样本, 分离鉴定肯塔基沙门氏菌并测定其药物敏感性。利用基因组测序技术, 结合生物信息学手段进行 ST 分型、耐药基因分析, 并基于核心基因组单核苷酸多态性构建系统发育树, 分析不同来源菌株的亲缘关系。**结果** 共获得 23 株 ST198 型菌株, ST198.2-2 为优势亚型, 且呈多重耐药特征, 主要携带 $bla_{\text{CTX-M-55}}$、*tet*(*A*)等耐药基因。在 ST198.2-1 亚型中首次鉴定出一株携带 *IncFIB*(*K*)质粒的菌株, 该质粒共编码包括 *qnrS2* 在内的 8 种耐药基因。系统发育分析显示, 食品分离株与临床病例株在核心基因组水平高度聚类, 提示存在食源性传播可能; 健康从业人员来源菌株检出 *rmtB* 基因, 提示该群体可能构成隐匿的耐药库。**结论** 扬州地区流行的肯塔基沙门氏菌 ST198 谱系以 ST198.2-2 亚型为主, 耐药形势严峻。动物源性食品是导致临床感染的核心路径, 而健康从业人员与污水环境共同构成了耐药基因持续扩散的重要媒介。建议构建覆盖“从农场到餐桌”全链条的主动监测体系, 重点关注从业人员的带菌与耐药监测。

关键词: 肯塔基沙门氏菌; ST198; 耐药特征; “同一健康”

Antimicrobial resistance characteristics and transmission sourcing of *Salmonella* Kentucky ST198 in Yangzhou under the “One Health” perspective

XU Ya-Wen[1#], LU Rong-Rong[1#], WANG Fang[2], XU Rong-Rong[1], YING Hang-Ning[1], WANG Yan[1*], LI Gui-Ling[2*]

收稿日期: 2026-03-04
基金项目: 江苏省预防医学科研课题面上项目(Ym2023040)
#徐娅雯和陆荣荣为共同第一作者
第一作者: 徐娅雯(1984—), 女, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为微生物检验与细菌耐药机制。E-mail: jsyawen@163.com
陆荣荣(1991—), 女, 助理工程师, 主要研究方向为食品微生物检验。E-mail: 1170871505@qq.com
***通信作者:** 王艳(1978—), 女, 主任技师, 主要研究方向为食品微生物检测与质量管理。E-mail: 971474182@qq.com
李贵玲(1981—), 女, 博士, 主任医师, 主要研究方向为细菌耐药。E-mail: liguiling728@163.com

(1. *Yangzhou Center for Disease Control and Prevention*, *Yangzhou* 225009, *China*;
2. *Northern Jiangsu People's Hospital*, *Yangzhou* 225002, *China*)

ABSTRACT: Objective To analyze the genomic epidemiological characteristics, antimicrobial resistance mechanisms and cross-sector transmission risks of the *Salmonella* Kentucky ST198 lineage in Yangzhou from 2019 to 2025 based on the “One Health” framework. **Methods** *Salmonella* Kentucky isolates were recovered from clinical patients, retail foods, healthy food handlers and sewage in Yangzhou. Antimicrobial susceptibility testing was performed. Whole-genome sequencing and bioinformatics tools were utilized to identify ST, resistance genes and plasmid structures. A phylogenetic tree based on core genome single nucleotide polymorphisms was constructed to evaluate the genetic relationships among isolates from different sources. **Results** Among 23 ST198 isolates, ST198.2-2 was identified as the predominant subtype. ST198.2-2 isolates typically harbored $bla_{\text{CTX-M-55}}$, *tet*(*A*), genes. Notably, a novel *IncFIB*(*K*) plasmid carrying 8 kinds of resistance genes, including *qnrS2*, was first identified in an ST198.2-1 isolate. Phylogenetic analysis that food isolates and clinical case strains were highly clustered at the core genomic level, suggesting the possibility of foodborne transmission. The *rmtB* gene was detected in strains derived from health practitioners, suggesting that this group mought constitute a hidden drug resistance pool. **Conclusion** The ST198.2-2 subtype has become the dominant lineage in Yangzhou, presenting severe drug fast challenges. Animal-derived food serves as the primary infection route, while occupational carriers and sewage facilitate the environmental dissemination of resistance determinants. An integrated surveillance system covering the “farm-to-fork” chain, with specific focus on healthy food handlers, is urgently recommended.

KEY WORDS: *Salmonella* Kentucky; ST198; antimicrobial resistance; “One Health”

0　引　言

沙门氏菌(*Salmonella*)是一种全球广泛传播的人兽共患病原菌, 对公共卫生构成了重大威胁。据世界卫生组织(World Health Organization, WHO)统计, 全球每年约有1.15亿例沙门氏菌感染病例, 导致37万人死亡[1]。其中, 肯塔基沙门氏菌(*Salmonella* Kentucky) ST198 谱型且因其多重耐药特性而受到广泛关注[2]。在欧洲, 肯塔基沙门氏菌是第七大常见的人类致病血清型, 多数 ST198 感染病例可追溯至非洲旅行史[3–4]; 美国报告的 ST198 病例也多与国际旅行相关[5]。该谱系可进一步划分为两个主要分支: ST198.2-1 和 ST198.2-2[6]。2019 年以前, 我国浙江、广西、湖南等多省人群及鸡群中流行的优势亚型为 ST198.2-1。自 2019 年起, ST198.2-2 通过获得一个新的多耐药区, 显著增强了对多种抗菌药物的耐药能力, 并在我国逐步取代ST198.2-1成为主导进化群, 这预示着更为严峻的本地化耐药趋势[7–9]。

目前多数相关研究通常基于单一来源的分离株, 难以全面解释肯塔基沙门氏菌在人类、食品及环境间的动态传播机制。在“同一健康”框架下, 该菌的传播并非简单的单一传播途径, 而是一个多维网络[10]。人类、食品及环境间的传播动态与风险。了解人类分离株的耐药特征及其与其他来源菌株的相关性, 对制定跨领域控制策略具有重要意义[11]。食品链作为其核心传播途径, 不仅是沙门氏菌最主要的传播途径之一, 更是耐药基因在不同环节传播的载体[12–13]。从业人员作为连接生产与消费的关键节点, 他们携带的耐药菌株不仅通过直接接触污染食品, 还可能通过生活废水的排放将耐药引子带入环境, 形成人—食—人循环[14–15]。对从业人员的定期健康监测和职业防护措施的缺失, 已被证实是耐药沙门氏菌在社区持续传播的重要因素[16]。

因此, 为系统揭示本地区 ST198 谱系的传播动态与风险, 本研究聚焦扬州地区, 收集了 2019 至 2025 年间来源于临床患者、市售食品、健康从业人员及污水环境的肯塔基沙门氏菌分离株。旨在通过基因组测序技术, 分析其分布、基因型及耐药谱, 以期为食品链全链条的抗微生物耐药性(antimicrobial resistance, AMR)监测与精准防控提供本地化的科学依据。

1　材料与方法

1.1　菌株采集与鉴定

在 2019 至 2025 年期间, 扬州市疾病预防控制中心通过食品安全风险监测、食源性疾病主动监测、健康人群肠道病原和耐药组监测等监测网络, 采集多种来源多种形式的样本。所有样本的检测均严格按照《食源性疾病监测工作手册》及《食品微生物及其致病因子监测手册》进行操作。

1.2　药物敏感试验

用微量肉汤稀释法测定 24 株肯塔基沙门氏菌对 10 类 14 种抗菌药物的最小抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC), 包括氯霉素(chloramphenicol, CHL)、

复方新诺明(trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、多粘菌素(colistin, CT)、厄他培南(ertapenem, ETP)、美罗培南(meropenem, MEM)、亚胺培南(imipenem, IPM)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢西丁(cefoxitin, FOX)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin/sulbactam, AMS)、氨曲南(aztreonam, ATM)、四环素(tetracycline, TET)、替加环素(tigecycline, TGE)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、阿米卡星(amikacin, AMK)。所用药敏检测板为美国 BD 公司定制病菌识别网革兰阴性细菌药敏定制板(RUONMIC-801), 实验步骤及结果判读按说明书操作。采用大肠埃希氏菌 ATCC 25922 为质控菌株。判定依据参考美国临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standars Institute, CLSI)发布的抗微生物药物敏感性试验执行标准 CLSI M100-34, 替加环素参考美国食品药品监督管理局(Food and Drug Administration, FDA)肠杆菌科的判定标准。多重耐药(multidrug resistance, MDR)表型的判定参照沙门氏菌耐药性标准[17]。

1.3 基因组测序、组装、分型及质粒复制子鉴定

使用 FastPure Bacteria DNA Isolation Mini Kit 提取菌株基因组 DNA, 并通过 Qubit 2.0 荧光计进行定量。在 Illumina NovaSeq 平台上进行全基因组双端测序(读长 150 bp)。对其中一株同时携带 $bla_{\text{CTX-M-14}}$ 与 *qnrS2* 基因的菌株, 额外采用牛津纳米孔长读长测序进行完成图构建。使用 CLC Genomics Workbench 23.0 对原始测序数据进行质量控制, 在 De Novo Long Reads 模块中, 利用 Illumina 短读长数据对纳米孔长读长的组装结果使用默认参数进行抛光校正。

1.4 耐药基因与系统发育树分析

将测序数据利用 CLC Workbench (v23.0)软件进行拼接, 获得全基因组序列。采用 BLAST 模块, 与综合抗生素耐药性数据库、多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)及 PointFinder 进行比对, 参考软件默认参数鉴定耐药基因、质粒复制子类型及染色体点突变。以 NZ_CP091997 为参考序列, 利用 CLC Workbench SNP TREE 模块获取 23 株肯塔基沙门氏菌的单核苷酸多态, 并构建基于单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)的系统发育树并进行分群[18]。在包含疑似聚集性菌株的基因簇中, SNP 差异数小于 10 的菌株可判定为同源菌株[19]。

1.5 数据处理

采用 Excel (Microsoft Excel for Mac Version 16.104.1)对菌株来源、药敏结果等基础数据进行整理和描述性统计分析。利用 ChiPlot 在线工具(http://chiplot.online/)[20]对系统发育树进行可视化分析。药敏试验设 3 次重复, 结果取一致判读。

2 结果与分析

2.1 菌株来源

2019 至 2025 年间, 本研究通过多源监测网络共分离到非重复沙门氏菌 589 株, 其中肯塔基沙门氏菌占 24 株(4.07%, 24/589)。经基因组测序鉴定, 1 株为 ST314, ST198 型有 23 株(95.8%, 23/24), 其样本来源及采样时间等详细背景信息见表 1。

表 1 23 株 ST198 肯塔基沙门氏菌分离株基本信息
Table 1 Basic information of 23 *Salmonella* Kentucky ST198 isolates

菌株编号	菌株来源	样本类型	采样年份
Sal-1956	其他病人	脓液	2019-02-08
Sal-1996	腹泻病人	粪便	2019-08-24
Sal-2011	腹泻病人	粪便	2020-07-16
Sal-2112	从业人员(体检)	肛拭	2021-10-26
Sal-2217	腹泻病人	粪便	2022-06-30
Sal-2222	腹泻病人	粪便	2022-08-25
Sal-2248	食品	鸡腿	2022-10-20
Sal-2375	其他疾病	脓液	2023-12-20
Sal-2440	从业人员(体检)	肛拭	2024-07-22
Sal-2464	食品	三文鱼	2024-05-30
Sal-2485	从业人员(体检)	肛拭	2024-08-25
Sal-2495	食品	鸡大腿	2024-10-09
Sal-2496	食品	鸡翅	2024-10-09
Sal-2502	从业人员(体检)	肛拭	2025-03-20
Sal-2503	从业人员(体检)	肛拭	2025-05-12
Sal-2534	腹泻病人	粪便	2025-06-20
Sal-W2432	环境	-	2024-04-16
Sal-W2436	环境	-	2024-04-16
Sal-W2454	环境	-	2024-08-30
Sal-W2460	环境	-	2024-09-13
Sal-W2499	环境	-	2024-11-28
Sal-W2530	环境	-	2025-04-07
Sal-W2540	环境	-	2025-04-22

注: -表示无样本。

2.2 肯塔基沙门氏菌 ST198 的耐药特征及亚型差异

2.2.1 耐药表型

药敏结果显示, 23 株 ST198 菌株均对多于 3 类抗生素耐药, 多重耐药率为 100.00%。ST198.2-2 表现出更广泛的耐药表型, 对酰胺醇类和四环素类耐药率超过 80%(表 2)。ST198 的两个亚型耐药率存在差异(表 2)。ST198.2-1 型菌株(n=7)对 CTX、ATM、TET 和 CIP 完全耐药(100.00%)。

表 2　不同 ST198 亚型对 14 种抗菌药物的耐药率比较(%)
Table 2　Comparison of the resistance rates of different ST198 subtypes to 14 kinds of antimicrobial agents (%)

抗菌药物种类	抗菌药物名称	ST198.2-1 (*n*=7)	ST198.2-2 (*n*=16)
酰胺醇类	氯霉素	71.43	81.25
磺胺类	复方新诺明	57.14	68.75
多粘菌素类	多粘菌素 E	0.00	0.00
碳青霉烯类	厄他培南	0.00	0.00
	美罗培南	0.00	0.00
	亚胺培南	0.00	0.00
头孢菌素类	头孢噻肟	100.00	75.00
	头孢西丁	71.43	62.50
β-内酰胺合剂	氨苄西林-舒巴坦	28.57	31.25
单环内酰胺类	氨曲南	100.00	68.75
四环素类	四环素	100.00	81.25
	替加环素	0.00	0.00
喹诺酮类	环丙沙星	100.00	100.00
氨基糖苷类	阿米卡星	71.43	68.75

ST198.2-2 型菌株(*n*=16)的耐药谱更广泛，尤其对 CHL、TET、SXT 和 AMK 的耐药率均超过 68%。值得注意的是，有 3 株从业人员来源菌株对多达 8 类药物耐药。两个亚型均对碳青霉烯类、CT 保持敏感。

2.2.2　耐药基因分布

本研究涉及的耐药基因相关因素包括 9 类 22 种耐药基因和 2 类耐药相关基因突变(图 1)。耐药基因包括氯霉素(*floR*)、磺胺类(*sul1*、*sul2*、*dfrA1*、*dfrA7*、*dfrA14*)、超广谱 *β*-内酰胺酶耐药基因($bla_{\text{CTX-M-14}}$、$bla_{\text{CTX-M-55}}$、$bla_{\text{CTX-M-64}}$)、其他 *β*-内酰胺酶($bla_{\text{TEM-1}}$)；四环素类[*tet*(*A*)]；喹诺酮类(*qnrS1*、*qnrS2*)以及氨基糖苷类耐药基因[*aac*(*3*)-*IId*、*aph*(*4*)-*Ia*、*aac*(*3*)-*Iva*、*aadA2*、*aadA5*、*aadA7*、*aadA13*、*rmtB*]。耐药相关基因突变为喹诺酮类耐药基因: *gyrA* 和 *parC*。以及喹诺酮耐药决定区(quinolone resistance determining regions, QRDRs) *gyrA* 基因 2 个位点突变(S83F、D87N)、*parC* 基因 3 个位点的突变(T255S、T57S、S80I)。通过耐药表型与耐药基因比对，结果显示两者具有高度的一致性。所有对 CIP 耐药的菌株均检出 QRDR 位点突变，头孢菌素耐药株均携带 $bla_{\text{CTX-M}}$ 基因。

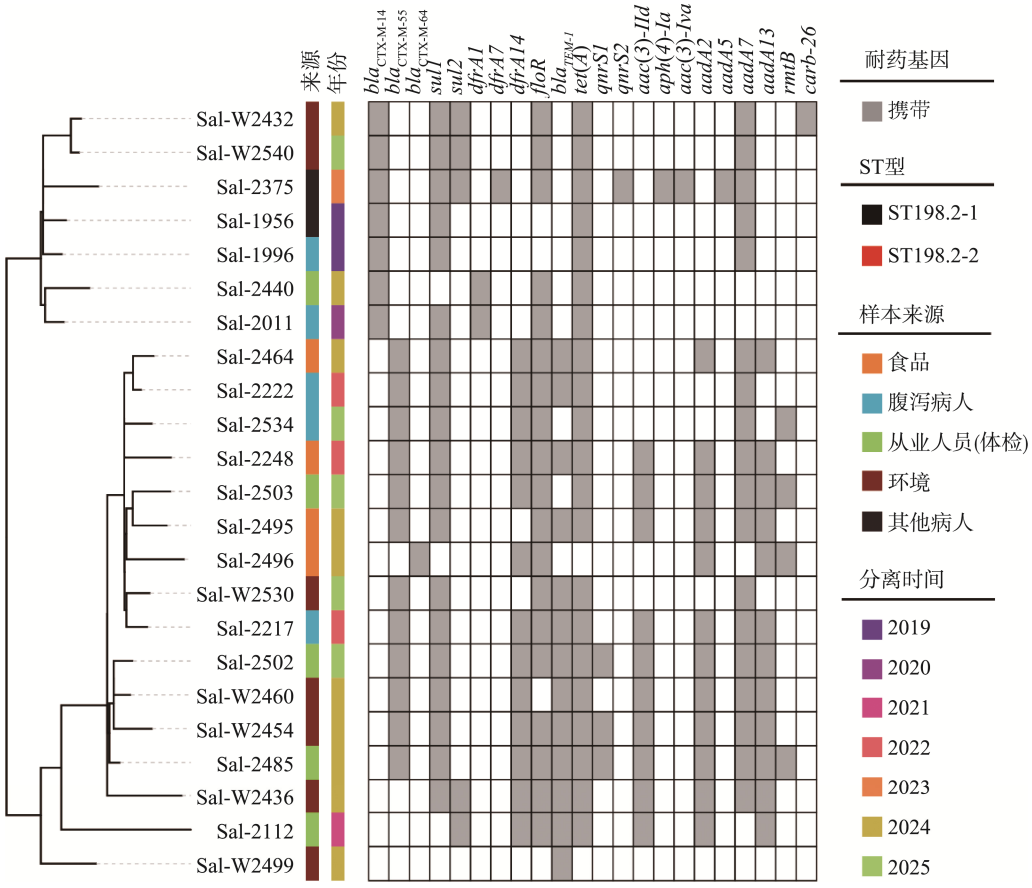


图 1　23 株扬州肯塔基沙门氏菌 ST198 分离株的核心基因组最大似然树
Fig.1　Maximum likelihood tree of the core genome of 23 *Salmonella* Kentucky ST198 isolated in Yangzhou

ST198.2-1 中 *bla*$_{\text{CTX-M-14}}$ (7/7)、*tet*(*A*) (7/7)、*sul1* (6/7)、和 *aadA7* (5/7)的携带率较高，但未检出 *dfrA14*、*bla*$_{\text{TEM-1}}$、*aadA2*、*aadA13* 和 *rmtB*。菌株 Sal-2375 携带有一个质粒 pSal-2375-72k，经 PlasmidFinder 数据库鉴定，该质粒属于 IncFIB(K)型，全长 72073 bp。耐药基因分析表明，该质粒携带 *sul2*、*dfrA7*、*floR*、*tet*(*A*)、*qnrS2*、*aph*(*4*)-*Ia*、*aac*(*3*)-*Iva*、*aad*A7 8 个耐药基因。进一步的比对分析显示，pSal-2375-72k 与 NCBI 数据库中的多个质粒具有高度同源性。具体而言，它与分离自大肠杆菌的质粒 CP034107.1 的序列覆盖度为 78%，同一性为 99.99%；与另一大肠埃希氏菌质粒的覆盖度为 58%，同一性为 99.95%；与沙门氏菌质粒 MW025958.1 的覆盖度为 53%，同一性为 99.91%。序列已提交至国家微生物科学数据中心，基因组数据编号：NMDC60215163。

相比之下，ST198.2-2 表现出更为广泛和复杂的耐药基因谱。其中，*bla*$_{\text{CTX-M-55}}$ (12/16)、*tet*(*A*) (14/16)、*dfrA14* (13/16)、*floR* (14/16)、*bla*$_{\text{TEM-1}}$ (13/16)、*aadA2* (12/16)和 *aadA13* (12/16)的携带率均较高。健康从业人员来源菌株(Sal-2485、Sal-2503)检出了 *rmtB* 基因，该基因可介导对包括阿米卡星在内的多种氨基糖苷类药物产生高水平耐药。其中，Sal-2485 携带 11 种不同的耐药基因，覆盖 *β*-内酰胺类、四环素类、磺胺类、喹诺酮类(*qnrS1*)和氨基糖苷类(*rmtB* 等)多种耐药基因。

值得注意的是，本研究检出的 1 株 ST314 表现出截然不同的特征。与 ST198 的多重耐药表型相比，该 ST314 菌株对喹诺酮类药物。基因组分析显示，其仅携带 *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$ 耐药基因。这进一步说明扬州地区肯塔基沙门氏菌的高水平耐药压力高度集中在 ST198 这一特定进化分枝上。

2.3 基于核心基因组的传播路径识别

系统发育分析显示，市售食品分离株(Sal-2464、Sal-2495)与临床腹泻病例株(Sal-2217、Sal-2222、Sal-2534)在核心基因组水平高度聚类。污水样本(Sal-W2454、Sal-W2460)与上述食品及病例株位于同一进化分支。

3 讨论与结论

尽管肯塔基沙门氏菌 ST198 谱系作为全球传播的多重耐药克隆已被广泛认知，但大多数研究通常基于单一来源(如动物)的分离株，或缺乏明确的地理与时间关联性[21−23]。本研究基于“同一健康”理念，对扬州地区 2019—2025 年间多来源样本进行系统监测，从分子流行病学、耐药演变及跨界传播等多维度揭示了 ST198 谱系的流行特征，为精准防控提供了科学依据。

本地区 ST198 谱系的亚型流行趋势与国内整体演变方向一致[5]。研究发现 ST198.2-2 已取代 ST198.2-1 成为扬州地区的绝对优势亚型，这一趋势与我国禽肉源及临床病例的调查结果高度吻合[22]，进一步证实了 2019 年后该亚型在我国东部地区的广泛扩张，这一区域性优势克隆的崛起，可能与集约化养殖中抗生素的选择性压力以及特定质粒的流行有关[16]。受限于样本规模，本研究在量级上虽有局限，但其呈现的遗传演化方向与全国大背景表现出强烈的同步性，证明了本研究在局部监测中的代表性。

扬州地区 ST198 谱系耐药形势严峻，且呈现明显的亚型差异。药敏结果显示，所有 ST198 菌株对 ATM、TET 和 CIP 的耐药率及多重耐药率均达 100%。其中，ST198.2-2 亚型对酰胺醇类及磺胺类药物的耐药水平显著高于 ST198.2-1，且部分从业人员来源株表现出多达 8 类药物的广泛耐药性。基因型分析进一步揭示，本地 ST198.2-2 菌株普遍携带 *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$、*tet*(*A*)、*dfrA14* 等关键耐药基因。这种广泛且高携带率的耐药基因组合，可能构成了其强大的多重耐药基础，显著增强了其在抗菌药物选择压力下的适应性与传播能力[24]。值得注意的是，即便 ST198.2-1 亚型在数量上不占优势，但其表现出的高度耐药适应性不容忽视。该亚型对 ATM 和 CTX 的耐药率高达 100%，与其携带的 *bla*$_{\text{CTX-M-14}}$ 基因密切相关。特别是 Sal-2375 携带的 IncFIB(K)质粒，展现了 ST198.2-1 亚型在进化过程中获取外源耐药遗传物质的能力。这种质粒介导的喹诺酮耐药基因与染色体 *gyrA* 或 *parC* 的 QRDR 突变的协同作用，是导致该亚型对 CIP 产生高水平耐药的分子机制[25]。该质粒通过包括 IS15、Tn3 和 IS26 的复杂移动遗传元件嵌套结构共同介导 *qnrS2* 的高效捕获和传播。这种机制极大提高了质粒的转移能力和稳定性，可能加速喹诺酮耐药在菌群中的扩散。这一发现提示，ST198.2-1 虽非当前本地主流流行株，但作为该谱系中一个高耐药性的进化分支，其通过水平基因转移实现耐药性进一步升级的风险仍需严密监测。

系统发育树明确了 ST198 菌株通过动物源性食品进入人类消费环节并导致感染的路径，而非随机暴露或人际传播。这与国内其他地区关于食源性传播的文献[26]的研究结论高度一致，强调了动物源性食品作为 ST198 菌株入侵人体的关键入口，是未来实施“同一健康”的重点。虽然本研究的样本未直接涵盖养殖场中的动物，但有研究整理了 2013—2019 年全国 5 省的 ST198 监测数据，证实多重耐药 ST198 已呈现跨区域、跨宿主传播的态势，建议加强对该谱系在家禽及人群中的持续监测。这种跨区域传播特征与本研究扬州地区的发现相互印证，说明 ST198 的流行已不是单一地区的孤立现象[27]。北京地区的基因组监测数据进一步表明，ST198.2-2 分支菌株在动物源性食品与临床样本间存在明确的遗传同源性，证实了“农场-餐桌-人类”的跨来源传播链在中国广泛存在[28]。此外，污水样本中检出高度同源菌株，进一步印证了环境在耐药菌扩散中的作用。而健康从业人员来源株中检出耐药基因 *rmtB*，揭示了该群体作为隐匿耐药库的风险。近期的研究表明，在江苏

地区流行的 ST198 谱系中 *rmtB* 常与 $bla_{CTX\text{-}M\text{-}55}$ 共存于高转移性的 IncHI2 或 IncFII 质粒上, 赋予菌株对阿米卡星等氨基糖苷类药物的高水平耐药性[22]。更重要的是, 此类携带 *rmtB* 的高水平耐药质粒对宿主菌不产生显著的适应度代价, 能够在动物源与人类之间进行跨界传播。该特性使其即使在缺乏明显药物选择压力的环境中, 也能在宿主群体中持续存在并扩散[29]。这进一步证实了加强从业人员监测在“同一健康”防控中的必要性。

本研究也存在一定的局限性。首先, 尽管研究时间跨度涵盖 7 年, 但最终纳入分析的 ST198 型菌株样本量相对较小, 且采样时间多集中在 2024—2025 年间, 这可能限制了研究结果对不同年份流行规律变化的代表性, 未来应通过与 NCBI 等公共数据库的深度比对, 并结合多中心、跨区域的联合研究, 进一步评估 ST198 谱系在我国的传播动力学与耐药进化轨迹。此外, 当前 ST198 的基因组监测体系仍需加强, 部分地区的监测数据仍存在较大空白, 亟需建立更加完善的“同一健康”监测体系以填补这些知识缺口[30]。综上所述, 扬州地区肯塔基沙门氏菌的传播呈现出食源性传播链与健康人群作为高风险耐药库的双重风险。为有效遏制 ST198 的蔓延及其耐药性的进化, 需构建覆盖动物、食品、环境和人群的整合分子监测体系, 并重点加强对从业人员等关键人群的筛查。

参考文献

[1] RUCHITA B, JUSTIN I, JUNG-SEOK L, *et al*. The global burden and epidemiology of invasive non-typhoidal *Salmonella* infections [J]. Human Vaccines & Immunotherapeutics, 2019, 15(6): 1421–1426.

[2] CHEN H, SONG J, ZENG X, *et al*. National prevalence of *Salmonella* enterica serotype Kentucky ST198 with high-level resistance to ciprofloxacin and extended-spectrum cephalosporins in China, 2013 to 2017 [J]. mSystems, 2021, 6(1): e00935–20.

[3] European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (EFSA and ECDC). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017 [J]. EFSA Journal, 2018, 16(12): e05500.

[4] SEIFFERT SN, PERRETEN V, JOHANNES S, *et al*. OXA-48 carbapenemase-producing *Salmonella enterica* serovar Kentucky isolate of sequence type 198 in a patient transferred from Libya to Switzerland [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2014, 58(4): 2446–2449.

[5] HALEY BJ, KIM SW, HAENDIGES J, *et al*. *Salmonella enterica* serovar Kentucky recovered from human clinical cases in Maryland, USA (2011—2015) [J]. Zoonoses and Public Health, 2019, 66(4): 382–392.

[6] EL-HAGE R, LOSASSO C, LONGO A, *et al*. Whole-genome characterisation of TEM-1 and CMY-2 *β*-lactamase-producing *Salmonella* Kentucky ST198 in Lebanese broiler chain [J]. International Journal of Antimicrobial Agents, 2021, 57(2): 106279.

[7] WANG Z, JIANG Y, XU H, *et al*. Poultry production as the main reservoir of ciprofloxacin-and tigecycline-resistant extended-spectrum *β*-lactamase (ESBL)-producing *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198. 2-2 causing human infections in China [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2023, 89(9): e0094423.

[8] XIONG Z, WANG S, HUANG Y, *et al*. Ciprofloxacin-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 in broiler chicken supply chain and patients, China, 2010—2016 [J]. Microorganisms, 2020, 8(1): 140.

[9] ZHAN Z, MAI Z, HU M. Characterization of an extensively drug-resistant *Salmonella* Kentucky ST198 Co-Harboring *cfr*, *mcr-1* and *tet*(*A*) variant from retail chicken meat in Shanghai, China [J]. Foods, 2025, 14(17): 3025.

[10] 高梦娣, 朱琳, 汪美贞, 等. 环境微生物耐药阻控研究进展[J]. 生态毒理学报, 2024, 19(5): 40–49.
GAO MD, ZHU L, WANG MZ, *et al*. Progresson antibiotic resistance control of environmental microorganisms [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2024, 19(5): 40–49.

[11] GARCÍA-DÍEZ J, MOURA D, GRISPOLDI L, *et al*. *Salmonella* spp. in domestic ruminants, evaluation of antimicrobial resistance based on the one health approach-a systematic review and meta-analysis [J]. Veterinary Sciences, 2024, 11(7): 315.

[12] 余文, 安琳, 任秀, 等. 2021—2022 年上海市区零售鸡肉和猪肉馅中沙门氏菌血清型和耐药特征研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(9): 172–177.
YU W, AN L, REN X, *et al*. Study on serotypes and drug resistance characteristics of *Salmonella* in retail chicken and pig meat fillings in Shanghai in 2021—2022 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(9): 172–177.

[13] 孙璐, 王娟, 黄秀梅, 等. 肉鸡屠宰生产链中的沙门氏菌耐药基因检测及耐药相关性分析[J]. 中国动物检疫, 2017, 34(1): 35–39, 42.
SUN L, WANG J, HUANG XM, *et al*. Drug-resistant gene detection of *Salmonella* in broiler slaughtering production chain and correlation analysis on drug resistance [J]. China Animal Health Inspection, 2017, 34(1): 35–39, 42.

[14] HUANG D, WU Z, JIANG Y, *et al*. Plasmid-driven clonal expansion of multidrug-resistant monophasic *Salmonella typhimurium* in a global food trade hub [J]. Emerging Microbes & Infections, 2025, 14(1): 2542251.

[15] 刘佳乐, 刘晓晔, 付玉林, 等. 医院废水中耐药菌与耐药基因分布、传播及消毒技术的研究进展[J]. 环境化学, 2025, 44(4): 1169–1183.
LIU JL, LIU XY, FU YL, *et al*. A review on the distribution and dissemination of antibiotic resistance bacteria and genes in hospital wastewater and disinfection technologies [J]. Environmental Chemistry, 2025, 44(4): 1169–1183.

[16] OJHA S, THAKUR KK, OJASANYA RA, *et al*. Retrospective study on the occurrence of *Salmonella* serotypes in veterinary specimens of Atlantic Canada (2012—2021) [J]. Veterinary Medicine and Science, 2024, 10(4): e1530.

[17] TENG L, LIAO S, ZHOU X, *et al*. Prevalence and genomic investigation of multidrug-resistant *Salmonella* isolates from companion animals in Hangzhou, China [J]. Antibiotics (Basel), 2022, 11(5): 625.

[18] SHE Y, JIANG Y, LUO M, *et al*. Emergence of chromosomally located $bla_{\text{CTX-M-14b}}$ and qnrS1 in *Salmonella enterica* serotype Kentucky ST198 in China [J]. International Journal of Antimicrobial Agents, 2023, 62(3): 106896.

[19] 张林, 雷高鹏, 黄伟峰, 等. 基于 WGS 对肠炎沙门菌进行遗传多样性

及耐药分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2025, 37(6): 513–519.
ZHANG L, LEI GP, HUANG WF, *et al*. Genetic diversity and antimicrobial resistance analysis of *Salmonella enterica* serovar enteritidis based on whole genome sequencing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025, 37(6): 513–519.

[20] 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 Research, 2023, 51(W1): W587–W592.

[21] BENAMROUCHE N, BELKADER C, DERIET-AMMAR A, *et al*. Genomic characterisation of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 isolates from various sources in Algeria, North Africa [J]. Microbial Genomics, 2025, 11(11): 001581.

[22] LIU B, MENG C, WANG Z, *et al*. Prevalence and transmission of extensively drug-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 based on whole-genome sequence in an intensive laying hen farm in Jiangsu, China [J]. Poultry Science, 2024, 103(6): 103608.

[23] INTUY R, SUPA-AMORNKUL S, JAEMSAI B, *et al*. A novel variant in *Salmonella* genomic island 1 of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 [J]. Microbiology Spectrum, 2024, 12(6): e0399423.

[24] 曲梅, 黄瑛, 田祎, 等. 北京市 2010—2020 年多重耐药肯塔基沙门菌流行特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(7): 1252–1259
QU M, HUANG Y, TIAN Y, *et al*. Analysis on epidemiological characteristics of multidrug-resistant *Salmonella* Kentucky in Beijing, 2010—2020 [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2021, 42(7): 1252–1259.

[25] KUMAR M, DAHIYA S, SHARMA P, *et al*. Structure based in silico analysis of quinolone resistance in clinical isolates of *Salmonella typhi* from India [J]. PLoS One, 2015, 10(5): e0126560.

[26] JIANG Y, YANG H, WANG ZY, *et al*. Persistent colonization of ciprofloxacin-resistant and extended-spectrum *β*-lactamase (ESBL)-producing *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 in a patient with inflammatory bowel disease [J]. Infection and Drug Resistance, 2024, 17: 1459–1466.

[27] 訾凯元, 康喜龙, 孟闯, 等. 肯塔基沙门菌的流行状况及其耐药性的研究进展[J]. 微生物学通报, 2022, 49(3): 1095–1104.
ZI KY, KANG XL, MENG C, *et al*. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* Kentucky: A review [J]. Microbiology China, 2022, 49(3): 1095–1104.

[28] QU M, HUANG Y, LYU B, *et al*. Prevalence and genomic characterization of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar kentucky sequence type 198 circulating-Beijing municipality, China, 2016—2023 [J]. China CDC Wkly, 2024, 6(33): 825–833.

[29] CHEN L, CHEN ZL, LIU JH, *et al*. Emergence of RmtB methylase-producing *Escherichia coli* and *Enterobacter cloacae* isolates from pigs in China [J]. The Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2007, 59(5): 880–885.

[30] European Food Safety Authority (EFSA)|European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union One Health 2024 zoonoses report [J]. EFSA Journal, 2025, 23(12): e9759.

(责任编辑: 蔡世佳 韩晓红)