DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260415005
引用格式: 吴玉珠, 王文斟, 赵婷, 等. 2023—2025 年重庆市永川区里森沙门氏菌基因组特征及耐药分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(18): 298–308.
Wu Yuzhu, Wang Wenzhen, Zhao Ting, et al. Genomic characteristics and drug resistance analysis of *Salmonella Rissen* in Yongchuan District, Chongqing from 2023 to 2025 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(18): 298–308. (in Chinese with English abstract).

2023—2025 年重庆市永川区里森沙门氏菌基因组特征及耐药分析

吴玉珠[1], 王文斟[2], 赵　婷[2], 欧阳以恒[1], 彭　丹[1], 周　杨[1], 孙婷彦[1], 聂术君[2*]

[1. 重庆市永川区疾病预防控制中心, 重庆　402160; 2. 高致病性病原微生物重庆市重点实验室, 重庆市疾病预防与公共卫生研究中心, 重庆市疾病预防控制中心(重庆市预防医学科学院), 重庆　400707]

摘　要: 目的　解析 2023—2025 年重庆市永川区里森沙门氏菌的基因组特征及其耐药性。**方法**　针对 2023—2025 年重庆市永川区分离的 10 株食源性里森沙门氏菌, 进行分子鉴定、药敏试验及全基因组测序, 基于测序数据, 进行分子溯源及耐药基因预测。**结果**　10 株里森沙门氏菌对四环素(tetracycline, TET)具有 100.00%的耐药率, 对氨苄西林(ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin/sulbactam, AMS)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(trimethoprim/sulfamethoxazole, SXT)耐药率大于等于 50%, 且全部表现为多重耐药菌株; 所有里森沙门氏菌共携带 8 类 94 个耐药基因, 与耐药表型高度一致; 共携带 9 种毒力岛, 所有分离株均携带 C63PI、SPI-1~3、SPI-5、SPI-8 和 SPI-9 毒力岛; 系统发育分析发现, 本研究里森沙门氏菌与欧亚分支亲缘关系更近, 食品株和病例株存在聚类。**结论**　永川区食源性里森沙门氏菌耐药及多重耐药问题突出, 其耐药表型与基因型高度相关, 食品与病例分离株存在聚类。应加强食品贸易流通环节的致病菌检疫, 食品卫生宣教。同时, 建议建立本地区沙门氏菌全基因组联合耐药分析数据库, 加强基因监测与耐药机制研究, 实现病原菌的精准溯源, 实现致病菌网络化监测, 从而优化地区耐药防控, 指导临床用药, 为实现全民大健康提供科学依据。

关键词: 里森沙门氏菌; 全基因组测序; 耐药; 毒力岛
中图分类号: TS207.4　　**文献识别码:** A　　**文章编号:** 2095–0381(2026)18–0298–11

收稿日期: 2026-04-15
基金项目: 国家重点研发计划项目(2024YFC2311403); 重庆市医学科研项目(卫生健康委员会和科技局联合)(2024QNXM056); 重庆市市级公共卫生重点专(学)科建设项目

第一作者: 吴玉珠(1996—), 女, 检验技师, 主要研究方向为食源性致病菌研究。E-mail: 1360567606@qq.com
***通信作者:** 聂术君(1992—), 女, 主管技师, 主要研究方向为食源性致病菌研究。E-mail: sjn0923@163.com

Genomic characteristics and drug resistance analysis of *Salmonella Rissen* in Yongchuan District, Chongqing from 2023 to 2025

WU Yu-Zhu[1], WANG Wen-Zhen[2], ZHAO Ting[2], OUYANG Yi-Heng[1], PENG Dan[1], ZHOU Yang[1], SUN Ting-Yan[1], NIE Shu-Jun[2*]

[1. *Yongchuan District Center for Disease Control and Prevention*, *Chongqing* 402160, *China*; 2. *Chongqing Key Laboratory of Highly Pathogenic Microbes*, *Chongqing Research Center for Disease Prevention and Public Health*, *Chongqing Center for Disease Control and Prevention* (*Chongqing Academy of Preventive Medicine*), *Chongqing* 400707, *China*]

ABSTRACT: Objective To explore the genomic characteristics and drug resistance of *Salmonella Rissen* in Yongchuan District, Chongqing from 2023 to 2025. **Methods** The 10 strains of foodborne *Salmonella Rissen* isolated in Yongchuan District, Chongqing City from 2023 to 2025 were identified, subjected to molecular identification, drug sensitivity tests and whole-genome sequencing. Based on sequencing data, molecular tracing and prediction of drug resistance genes were conducted. **Results** The 10 strains of *Salmonella Rissen* had a resistance rate of 100.00% to tetracycline (TET), and the resistance rates to ampicillin (AMP), ampicillin/sulbactam (AMS), chloramphenicol (CHL), florfenicol (FFC) and trimethoprim/sulfamethoxazole (SXT) were greater than or equal to 50%, and all showed multi-drug resistance strains. All of the *Salmonella Rissen* carried a total of 94 drug resistance genes of 8 types. The prediction results of drug resistance genes were highly consistent with the drug resistance phenotype. A total of 9 virulence islands were carried. All isolates carried C63PI, SPI-1–3, SPI-5, SPI-8 and SPI-9 virulence islands. Phylogenetic analysis revealed that in this study, *Salmonella Rissen* was more closely related to the Eurasian branch, and there was clustering between the food strain and the case strain. **Conclusion** In Yongchuan District, the problem of drug resistance and multi-drug resistance of *Salmonella Rissen* in foodborne diseases is particularly prominent, the drug resistance phenotype is highly correlated with the genotype, and there is clustering between food isolates and human isolates. The quarantine of pathogenic bacteria and food hygiene education in the food trade and circulation links should be strengthened. Meanwhile, it is suggested to establish a whole-genome combined drug resistance analysis database of *Salmonella* in this region, strengthen gene monitoring and research on drug resistance mechanisms, achieve precise traceability of pathogenic bacteria, realize networked monitoring of pathogenic bacteria, thereby optimizing drug resistance prevention and control in the region, guiding clinical medication, and providing a scientific basis for achieving the health of the entire population.

KEY WORDS: *Salmonella Rissen*; whole-genome sequencing; drug resistance; virulence islands

0　引　言

沙门氏菌是一种引起人类胃肠炎的重要食源性病原体, 每年在全世界造成约 9380 万例病例和至少 15.5 万例死亡[1]。该菌属已报道超过 2600 种血清型, 传统优势致病血清型为肠炎沙门氏菌(*Salmonella enteritidis*)与鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)[2]。近年来, 里森沙门氏菌(*Salmonella Rissen*)的公共卫生威胁逐渐凸显, 泰国、柬埔寨等亚洲国家及丹麦、意大利、西班牙等欧洲国家均报告其感染病例显著增加, 且多与猪肉摄入相关[3–5]。自 2014 年起, 里森沙门氏菌已成为猪源沙门氏菌中第五大常见血清型[6], 并被欧洲食品安全局(European Food Safety Authority, EFSA)与欧洲疾病预防控制中心(European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC)列为人类感染相关的 20 种最常见沙门氏菌血清型之一[7]。国内研究表明, 里森沙门氏菌主要集中在中国东部及南部地区, 以猪源菌株为主[8], 已经逐渐发展成猪源优势血清型[9–10], 提示食物链传播风险增加[11–12], 且里森沙门氏菌存在广泛的多重耐药(multi-drug resistance, MDR)能力[13–14]。猪及猪肉产品是该菌的主要宿主, 耐药性增强可能进一步导致人源性感染增加, 给临床治疗带来严峻挑战。重庆永川地区 2020—2023 年非伤寒沙门氏菌在儿童中的感染主要以鼠伤寒沙门氏菌为主, 但值得注意的是, 每年腹泻儿童的粪便分离株中, 均有里森沙门氏菌检出[15]。当前, 全基因组测序技术在细菌流行病学研究中发挥关键作用, 通过解析菌株遗传变异、追踪传播路径并定位耐药基因, 为传染病精准防控提供支撑。此前, 鲜见关于重庆永川地区食源性里森沙门氏菌的特征研究, 本研究基于该技术对永川地区

10 株食源性里森沙门氏菌进行耐药性及基因组特征分析，旨在明确永川区里森沙门氏菌的流行情况、耐药水平、遗传进化关系，为里森沙门氏菌地区特异性监测及防控提供数据保障。

1 材料与方法

1.1 菌 株

本研究 10 株里森沙门氏菌均为 2023—2025 年重庆市永川区食品风险监测和食源性疾病监测的分离株，其中 7 株分离自食品样本，3 株分离自病例样本。以大肠埃希氏菌 ATCC 25922 为质控菌株。

1.2 试剂与仪器

木糖赖氨酸脱氧胆盐琼脂(xylose lysine desoxycholate agar, XLD)(货号: HBKP4105-12)、亚硫酸铋琼脂(bismuth sulfite agar, BS)(货号: HB4090-6)、营养琼脂(nutrient agar, NA)(货号: HB0109)(青岛海博生物技术有限公司); 革兰氏阴性细菌鉴定卡(型号: VITEK2, 法国梅里埃公司); 沙门氏菌属诊断血清(货号: TR101, 宁波汇诺生物科技有限公司); 质谱样本预处理试剂盒(货号: 241103, 郑州安图生物工程股份有限公司); 药敏检测板(货号: CHN5FGNF/CHN6FGNF, 美国赛默飞世尔科技公司); 病原总核酸提取试剂盒(货号: SDK60120, 江苏硕世生物科技股份有限公司); MGIEasy Fast 酶切文库制备模块(货号: A0515)、DNBSEQ 一步法 DNB 制备试剂盒(货号: WLC25010)、DNBSEQ-G99RS 高通量测序试剂套装(货号: WLC25023)(深圳华大智造科技股份有限公司)。

Autof MS1000 全自动飞行质谱检测仪(郑州安图生物工程股份有限公司); Biomerieux VITEK 2 全自动细菌生化鉴定仪(法国梅里埃公司); Sensititre ATN+VIZION 全自动药敏实验菌液接种判读仪(美国赛默飞世尔科技公司); MGISP-100 自动化建库仪、MGISEQ-200RS 二代高通量测序仪、MGI-ZLIMS 生物信息分析平台(深圳华大智造科技股份有限公司)。

1.3 方 法

1.3.1 菌株的分离鉴定

按照《2025 年国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册》(以下简称食品监测工作手册)、GB 4789.4—2024《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》对致病菌进行分离鉴定，所有菌株均经过 XLD、BS 选择性培养，挑选典型菌落，经营养琼脂纯化培养后，采用质谱检测系统和全自动细菌鉴定仪联合鉴定，确认为沙门氏菌属。通过玻片凝集法对分离株进行血清分型，确认为里森沙门氏菌(血清型: 6,7,14:f,g)。

1.3.2 抗菌药物敏感性测试

参照食品监测工作手册中，食源性致病菌药敏试验标准操作程序的规定，使用 11 大类 29 种抗生素药敏定制板，采用微量肉汤稀释法测定最小抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)，依照各抗菌药物折点浓度判读试验结果，敏感(susceptible, S)，中介(intermerdiate, I)以及耐药(resistant, R)。以大肠埃希氏菌 ATCC 25922 为质控菌株，并将 3 类及以上抗生素耐药的菌株定义为 MDR 菌株。药物种类及浓度详见表 1。

表 1 抗生素种类及 MIC 浓度

Table 1 Antibiotics categories and MIC concentration

抗生素种类	抗生素名称	质量浓度/(μg/mL)	MIC 折点		
			S	I	R
β-内酰胺类	氨苄西林(ampicillin, AMP)	1.000~64.000	≤8.000	16.000	≥32.000
	氨苄西林/舒巴坦(ampicillin/sulbactam, AMS)	1.000/2.500~64.000/32.000	≤8.000/4.000	16.000/8.000	≥32.000/16.000
	头孢他啶/阿维巴坦(ceftazidime/zobactam, CZA)	0.500/4.000~16.000/4.000	≤8.000/4.000	—	≥16.000/4.000
	头孢他啶/克拉维酸(ceftazidime clavulanic, CAZ/C)	0.250/4.000~16.000/4.000	—	—	—
	头孢噻肟/克拉维酸(cefotaxime clavulanic, CTX/C)	0.060/4.000~4.000/4.000	—	—	—
	阿莫西林/克拉维酸(amoxicillin clavulanic, AMO/C)	1.000/0.500~64.000/32.000	≤8.000/4.000	16.000/8.000	≥32.000/16.000
头孢类	头孢唑啉(cefazolin, CFZ)	1.000~32.000	≤2.000	4.000	≥8.000
	头孢噻肟(cefotaxime, CTX)	0.120~8.000	≤1.000	2.000	≥4.000
	头孢西丁(cefoxitin, CFX)	1.000~64.000	≤8.000	16.000	≥32.000

表 1(续)

抗生素种类	抗生素名称	质量浓度/(μg/mL)	MIC 折点		
			S	I	R
头孢类	头孢他啶(ceftazidime, CAZ)	0.500~32.000	≤4.000	8.000	≥16.000
	头孢呋辛(cefuroxime, CXM)	1.000~64.000	≤4.000	8.000~16.000	≥32.000
	头孢吡肟(cefepime, CPM)	1.000~32.000	≤2.000	—	≥16.000
	头孢噻呋(ceftiofur, CEF)	0.500~16.000	≤2.000	4.000	≥8.000
碳青霉烯类	亚胺培南(imipenem, IPM)	0.250~8.000	≤1.000	2.000	≥4.000
	厄他培南(ertapenem, ETP)	0.250~8.000	0.500	1.000	2.000
	美罗培南(meropenem, MEM)	0.120~4.000	≤1.000	2.000	≥4.000
氨基糖苷类	庆大霉素(gentamicin, GEN)	1.000~32.000	≤4.000	8.000	≥16.000
	阿米卡星(amikacin, AMK)	4.000~64.000	≤16.000	32.000	≥64.000
	链霉素(streptomycin, STR)	4.000~32.000	—	—	—
乳菌肽脂肽类	多粘菌素 E (colistin, CT)	0.250~8.000	—	≤2.000	≥4.000
	多粘菌素 B (polymyxin B, PB)	0.250~8.000	—	≤2.000	≥4.000
大环内酯类	阿奇霉素(azithromycin, AZM)	2.000~64.000	≤16.000*	—	≥32.000*
四环素类	四环素(tetracycline, TET)	1.000~32.000	≤4.000	8.000	≥16.000
	替加环素(tigecycline, TIG)	0.250~8.000	≤2.000	4.000	≥8.000
喹诺酮类和氟喹诺酮类	萘啶酸(nalidixicacid, NAL)	2.000~64.000	—	—	—
	环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)	0.015~32.000	≤0.060	0.120~0.500	≥1.000
苯丙醇类	氯霉素(chloramphenicol, CHL)	2.000~64.000	≤8.000	16.000	≥32.000
氯霉素类	氟苯尼考(florfenicol, FFC)	1.000~32.000	≤4.000	8.000	≥16.000
叶酸途径抑制剂	甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(trimethoprim/sulfamethoxazole, SXT)	0.500/9.500~8.000/152.000	≤2.000/38.000	—	≥4.000/76.000

注: —代表 2024 版美国临床与实验室标准化研究所(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)药敏实验操作标准中无相关耐药折点数据; *表示仅用于伤寒沙门菌。

1.3.3　全基因组测序和生信分析

参照《国家致病菌识别网技术手册》中细菌纯培养物二代基因组测序操作规范, 对新鲜培养的纯菌进行总核酸提取, 并依照自动化建库 gDNA 浓度要求做定量检测, 依照 PE150 双端测序策略对基因组 DNA 进行建库及环化, 质控合格后上机。下机数据 fastq 文件进行质控后, 通过本地服务器华大智造 MGI-ZLIMS 系统拼接为 Assembly 序列, 用于生信分析。

基于 PubMLST 在线预测平台(https://pubmlst.org/), 进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST); CGE SeqSero 在线预测平台(https://cge.food.dtu.dk/services/SeqSero/)用于血清分型; ResFinder 在线预测平台(http://genepi.food.dtu.dk/resfinder) 进行耐药基因(antimicrobial resistance gene, ARG)定位; SPIFinder (https://cge.food.dtu.dk/services/SPIFinder/)用于鉴定沙门氏菌毒力岛(*Salmonella* pathogenicity islands, SPI); VFDB 在线预测平台(https://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/VFs/)用于查找毒力基因(virulence factor, VF)。

1.3.4　系统发育分析

从美国国家生物技术信息中心(National Center for

Biotechnology Information, NCBI)上下载已经公布的来自不同地区的里森沙门氏菌 fasta 序列 10 条, 作为参考序列, 并对它们进行 SeqSero 血清确认。通过最大似然法对 10 株里森沙门氏菌及参考序列构建单核苷酸多态性进化树(whole genome-based single nucleotide polymorphisms, wgSNP)。

1.4 数据处理

数据收集整理与录入使用 WPS Office Excel 2022 软件; 数据统计与分析使用 IBM SPSS Statistics 25 软件; 制表使用 WPS Office Excel 2022 软件; 绘图使用 WPS Office Power point 2022 软件。

2 结果与分析

2.1 沙门氏菌的分离鉴定与血清分型

2023—2025 年重庆市永川区食品和食源性病例监测共获得 10 株里森沙门氏菌。所有分离株均满足沙门氏菌形态学特征。全自动飞行质谱与细菌生化鉴定结果均为沙门氏菌属(*Salmonella* spp.)。血清玻片凝集结果显示, 所有分离株均符合里森沙门氏菌血清表现(血清型: 6,7,14;f,g)。检样结果显示(表 2), 除畜肉等肉制品外(5/7 株, 71.43%), 食用菌同样存在里森沙门氏菌感染(2/7 株, 28.57%), 表明里森沙门氏菌感染源不局限于畜肉制品。

2.2 抗生素敏感测试结果

抗生素敏感测试分析结果显示, 本研究的 10 株里森沙门氏菌, 对 8 类 11 种抗生素具有耐药性。所有菌株对 TET 均表现耐药; 对其余 AMP、AMS、CHL、FFC、SXT 5 种抗生素的耐药率大于等于 50%, 其中对 AMP 的耐药率高达 90%; 对 CFZ、STR 的耐药率大于等于 20.00%(图 1)。而所有菌株对 AMK 均表现为敏感。进一步耐药谱分析显示, 10 株里森沙门氏菌共表现出 10 种耐药谱 8 类耐药模式, 所有菌株均表现为耐 3 类及以上药物的 MDR (10 株, 100.00%), 其中耐 4 类及以上药物的 MDR 菌株占 70% (7 株)(表 3), 表明本研究的里森沙门氏菌耐药程度较高。

表 2 2023—2025 年永川区里森沙门氏菌的样本信息

Table 2 Sample information of *Salmonella Rissen* in Yongchuan District from 2023 to 2025

样本编号	菌种	菌株来源	样品/病例名称	分离时间
2023CQWSW0356	*Salmonella Rissen*	食品监测	生畜肉	2023
2023CQWSW0357	*Salmonella Rissen*	食品监测	生畜肉	
2023CQWSW0584	*Salmonella Rissen*	食品监测	动物性水产品	
2023CQWSW0892	*Salmonella Rissen*	食品监测	食用菌	
CQ11802202300129	*Salmonella Rissen*	病例监测	病例 1	
CQ11802202300126	*Salmonella Rissen*	病例监测	病例 2	
2024CQWSW0525	*Salmonella Rissen*	食品监测	木耳	2024
CQ11802202400048	*Salmonella Rissen*	病例监测	病例 3	
2025CQWSW0263	*Salmonella Rissen*	食品监测	生畜肉	2025
2025CQWSW0261	*Salmonella Rissen*	食品监测	生畜肉	

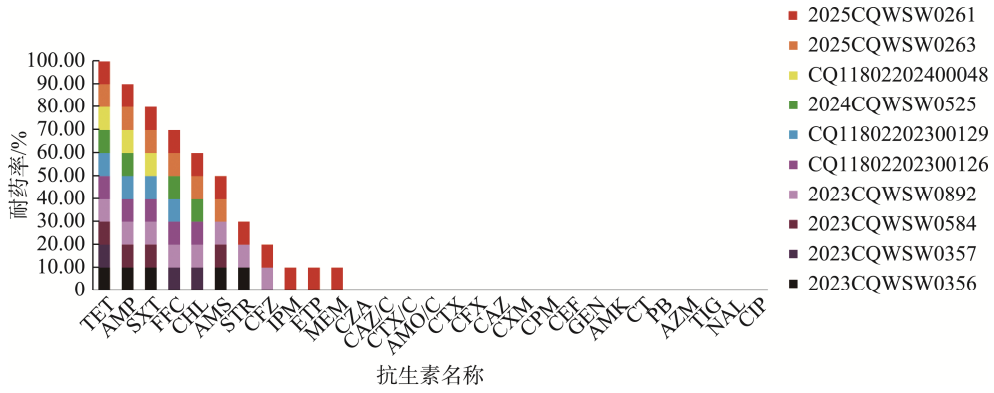


图 1 10 株里森沙门氏菌对 29 种抗生素的耐药情况

Fig.1 Drug resistance situation of 10 strains *Salmonella Rissen* to 29 kinds of antibiotics

表 3　10 株里森沙门氏菌对 29 种抗生素的 MIC 及耐药谱

Table 3　MIC and resistance spectrum of 10 strains *Salmonella Rissen* to 29 kinds of antibiotics

抗生素种类及名称		2023CQWSW0356		2023CQWSW0357		2023CQWSW0584		2023CQWSW0892		CQ11802202300126		CQ11802202300129		2024CQWSW0525		CQ11802202400048		2025CQWSW0263		2025CQWSW0261	
		耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC	耐药表型	MIC
β-内酰胺类	AMP	R	>64.000	S	≤1.000	R	>64.000	R	>64.000	R	>64.000	R	>64.000	R	64.000	R	>64.000	R	>64.000	R	>64.000
	AMS	R	32.000/16.000	S	≤1.000/0.500	R	32.000/16.000	R	32.000/16.000	I	16.000	I	16.000	I	16.000/8.000	I	16.000/8.000	R	32.000/16.000	R	32.000/16.000
	CZA	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000	S	≤0.500/4.000
	CAZ/C	S	0.500/4.000	S	0.500/4.000	S	0.500/4.000	S	0.500/4.000	S	0.500	S	0.500/4.000	S	≤0.250/4.000	S	0.500/4.000	S	0.500/4.000	S	≤0.250/4.000
	CTX/C	S	0.120/4.000	S	≤0.060/4.000	S	0.120/4.000	S	0.120/4.000	S	≤0.120	S	0.120/4.000	S	0.120/4.000	S	0.120/4.000	S	0.120/4.000	S	0.120/4.000
	AMO/C	I	16.000/8.000	S	≤1.000/0.500	S	8.000/4.000	S	8.000/4.000	S	8.000	S	8.000/4.000	S	4.000/2.000	S	8.000/4.000	S	8.000/4.000	S	8.000/4.000
头孢类	CFZ	I	4.000	S	2.000	I	4.000	R	8.000	I	4.000	I	4.000	S	2.000	I	4.000	I	4.000	R	8.000
	CTX	S	0.250	S	≤0.120	S	0.500	S	≤0.120	S	≤0.250	S	≤0.250	S	0.250	S	≤0.120	S	≤0.250	S	≤0.250
	CFX	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	8.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000
	CAZ	S	≤0.500	S	≤0.500	S	1.000	S	≤0.500	S	≤0.500	S	≤1.000	S	≤0.500	S	≤0.500	S	≤0.500	S	≤0.500
	CXM	I	8.000	I	8.000	I	16.000	I	16.000	S	4.000	I	8.000	S	4.000	I	8.000	I	8.000	I	8.000
	CPM	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000
	CEF	S	1.000	S	1.000	S	1.000	S	1.000	S	≤1.000	S	1.000	S	0.250	S	1.000	S	≤1.000	I	4.000
碳青霉烯类	IPM	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	R	>8.000
	ETP	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	R	8.000
	MEM	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	S	≤0.120	R	4.000
氨基糖苷类	GEN	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000	S	≤1.000
	AMK	S	≤4.000	S	≤4.000	S	≤4.000	S	≤4.000	S	≤4.000	S	≤4.000	S	4.000	S	≤4.000	S	4.000	S	4.000
	STR	R	>32.000	S	8.000	I	16.000	R	32.000	I	16.000	I	16.000	I	16.000	I	16.000	I	16.000	R	>32.000
乳菌肽脂肽类	CT	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	≤0.250	S	0.250	S	0.250	S	≤0.250	S	1.000	S	1.000	S	0.250
	PB	S	0.500	S	0.500	S	0.500	S	0.500	S	≤0.120	S	0.500	S	≤0.250	S	0.500	S	0.250	S	0.500
大环内酯类	AZM	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	16.000	S	8.000	S	≤4.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	4.000
四环素类	TET	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000
	TIG	S	≤0.250	S	≤0.250	S	0.500	S	≤0.250	S	0.500	S	0.500	S	≤0.250	S	0.500	S	0.500	S	0.500
喹诺酮类和氟喹诺酮类	NAL	S	4.000	S	4.000	S	4.000	S	8.000	S	8.000	S	4.000	S	8.000	S	≤2.000	S	4.000	S	8.000
	CIP	I	0.250	S	0.030	S	≤0.015	I	0.250	I	0.500	S	≤0.030	I	≤0.250	S	≤0.015	I	0.250	I	0.500
苯丙醇类	CHL	S	4.000	R	>64.000	S	8.000	R	>64.000	R	>64.000	I	16.000	R	64.000	S	8.000	R	>64.000	R	>64.000
氯霉素类	FFC	S	4.000	R	>32.000	I	8.000	R	>32.000	R	>32.000	R	>32.000	R	32.000	S	4.000	R	>32.000	R	>32.000
叶酸途径抑制剂	SXT	R	>8.000/152.000	S	≤0.250/4.750	R	>8.000/152.000	R	>8.000/152.000	R	>8.000	R	>8.000	S	≤0.250/4.750	R	>8.000/152.000	R	>8.000/152.000	R	>8.000/152.000

2.3 耐药基因预测结果

耐药基因分析结果显示，10 株里森沙门氏菌共携带 19 种 94 个耐药基因，涵盖 8 个耐药种类，分别是氨基糖苷类、*β*-内酰胺类、苯丙醇类、喹诺酮类、安沙霉素类、叶酸途径抑制剂类、四环素类以及林可酰胺类，其中以氨基糖苷类和叶酸途径抑制剂类药物的耐药基因数量最多。进一步分析发现，所有菌株均携带氨基糖苷类耐药基因 *aac(6′)-Iaa*，*β*-内酰胺类和四环素类药物耐药基因携带率也高达 80.00%。值得注意的是，携带叶酸途径抑制剂类药物耐药基因 *sul1* 的 7 株里森沙门氏菌，均携带 5 个拷贝(图 2)，表明本研究的里森沙门氏菌耐药基因携带种类及携带率均较高。

2.4 耐药表型与耐药基因相关性分析

通过对 10 株里森沙门氏菌的耐药表型与耐药基因携带情况对比分析，评估菌株的阳性预测率(positive predictive value，PPV)与阴性预测率(negative predictive value，NPV)[16]，综合分析耐药表型与耐药基因的相关性(表 4)。结果显示，在检测的 29 种抗生素中，NPV 在 50.00%~100.00%之间(25 种抗生素达 100.00%)，PPV 在 0~100.00%之间(5 种抗生素≥80.00%)。存在耐药基因与表型高度一致的情况，如 *blaTEM-1* 基因与 AMP 耐药。此外，还存在耐药基因与表型完全吻合的情况，例如 *aadA1*、*addA2* 基因与 STR 耐药；*dfrA12*、*sul1* 和 *sul2* 基因与 SXT 耐药。表明耐药基因与耐药表型高度相关，或可通过耐药基因检测实现耐药表型预测，从而指导临床用药。

2.5 SPI 携带情况

SPI 预测结果显示，10 株里森沙门氏菌共携带 9 种毒力岛。所有分离株均携带 C63PI、SPI-1、SPI-2、SPI-3、SPI-5、SPI-8 和 SPI-9 毒力岛，仅有 CQ11802202300126、CQ11802202300129、2024CQWSW0525 和 CQ11802202400048 分离株携带了 SPI-4。此外，所有分离株携带一个共有的未知毒力岛 Not_named。

2.6 系统发育分析结果

为探究本地区里森沙门氏菌的亲缘关系，通过溯源分析，确定不同分离株之间的遗传关联，对 10 株里森沙门氏菌构建了基于全基因组测序的单核苷酸多态性 wgSNP 系统发育进化树，参考基因组序列系 NCBI 下载的国内外不同地区的 10 株里森沙门氏菌(表 5)。

对系统发育进化树分析发现，10 株里森沙门氏菌在进化聚类上并无年份、样本来源差异。10 个分离株与参考序列大致可分为 3 个分支，来自食品的 7 株菌聚为 3 个分支，其中 4 株与来自上海、英格兰的参考株亲缘关系较近，另外 2 株与来自英格兰、泰国的参考株聚为一支，表明本研究的 10 株里森沙门氏菌与欧亚分支亲缘关系更近，或起源于亚欧分支；来自病例的 3 株在 2 个分支均存在交叉分布，表明病例株可能与食品株之间存在交叉传播；余下 1 株分离自食品的里森沙门氏菌单独聚为一支，与来自上海的食品参考株亲缘关系较近(图 3)。

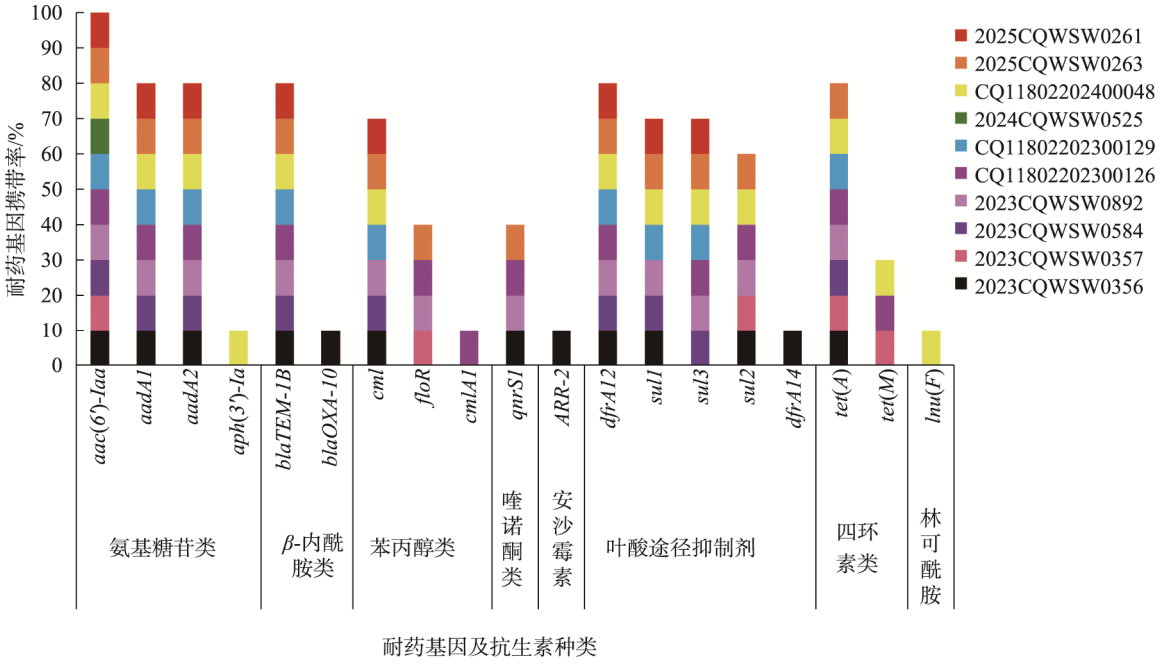


图 2 10 株里森沙门氏菌耐药基因携带率

Fig.2 Carrier rates of drug resistance genes in 10 strains *Salmonella Rissen*

表 4　10 株里森沙门氏菌耐药表型与基因型关联性

Table 4　Association between the drug resistant phenotypes and genotypes of 10 strains *Salmonella Rissen*

抗生素种类及名称		阳性表型株			阴性表型株		
		TP	FP	PPV/%	TN	FN	NPV/%
β-内酰胺类	AMP	8	1	88.89	1	0	100.00
	AMS	0	5	0	1	0	100.00
	CZA	0	0	—	10	0	100.00
	CAZ/C	0	0	—	10	0	100.00
	CTX/C	0	0	—	10	0	100.00
	AMO/C	0	0	—	9	0	100.00
头孢类	CFZ	0	2	0	2	0	100.00
	CTX	0	0	—	10	0	100.00
	CFX	0	0	—	10	0	100.00
	CAZ	0	0	—	10	0	100.00
	CXM	0	0	—	2	0	100.00
	CPM	0	0	—	10	0	100.00
	CEF	0	0	—	9	0	100.00
碳青霉烯类	IPM	0	1	0	9	0	100.00
	ETP	0	1	0	9	0	100.00
	MEM	0	1	0	9	0	100.00
氨基糖苷类	GEN	0	0	—	10	0	100.00
	AMK	0	0	—	0	10	—
	STR	3	0	100.00	1	0	100.00
乳菌肽脂肽类	CT	0	0	—	10	0	100.00
	PB	0	0	—	10	0	100.00
大环内酯类	AZM	0	0	—	10	0	100.00
四环素类	TET	8	2	80.00	0	0	—
	TIG	0	0	—	10	0	100.00
喹(氟)诺酮类	NAL	0	0	—	10	0	100.00
	CIP	0	0	—	4	0	100.00
苯丙醇类	CHL	5	1	83.33	0	3	—
氯霉素类	FFC	0	7	0	2	0	100.00
叶酸途径抑制剂	SXT	8	0	100.00	1	1	50.00

注: 真阳性(true positive, TP): 同时满足耐药表型与基因型; 假阳性(false positive, FP): 仅满足耐药表型; PPV 为菌株真阳性占总阳性的百分比, 它衡量了耐药基与表型阳性预测的一致率。真阴性(true negative, TN): 同时满足耐药表型与基因型均为阴性的情况; 假阴性(false negative, FN): 仅满足耐药表型为阴性的情况; NPV 为菌株真阴性占总阴性的百分比, 它衡量耐药基因与表型阴性预测的一致率[16]。—表示 TP 和 FP 同时为 0 时, 无法计算阳性预测率; TN=0 时, 无法计算阴性预测率。

表 5　系统进化树参考序列信息

Table 5　Reference sequence information of phylogenetic tree

序列名称/编号	菌种	NCBI 序列号	收集年份	样本来源	序列来源
SM2249	里森沙门氏菌	GCF_042954725.1	2022	食品	上海市疾病控制预防中心(中国)
SM2247	里森沙门氏菌	GCF_042954765.1	2022	食品	上海市疾病控制预防中心(中国)
SM2272	里森沙门氏菌	GCF_042954665.1	2022	食品	上海市疾病控制预防中心(中国)
SM21208	里森沙门氏菌	GCF_042954645.1	2021	食品	上海市疾病控制预防中心(中国)
GJ0703-2	里森沙门氏菌	GCF_011057955.1	2015	人类	上海市东医院(中国)
40781	里森沙门氏菌	GCA_010437475.1	2014	食品	英格兰公共卫生署(英国)
13420	里森沙门氏菌	GCA_017956735.1	2014	人类	英格兰公共卫生署(英国)
5839	里森沙门氏菌	GCA_017956695.1	2014	人类	英格兰公共卫生署(英国)
5965	里森沙门氏菌	GCA_010914315.1	2014	人类	英格兰公共卫生署(英国)
SA64	里森沙门氏菌	GCF_041730175.1	2018	动物	朱拉隆功大学(泰国)

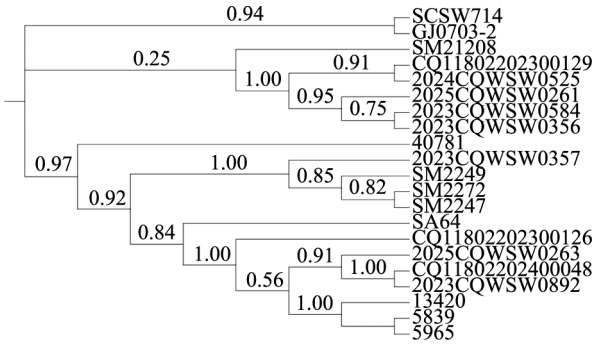


图 3 2023—2025 年永川区里森沙门氏菌 wgSNP 进化树

Fig.3 wgSNP phylogenetic tree of *Salmonella Rissen* in Yongchuan District from 2023 to 2025

3 讨论与结论

3.1 里森沙门氏菌流行情况

非伤寒沙门氏菌作为全球最主要的食源性肠胃炎成因之一，其流行病学演变迅速，包括里森沙门氏菌在内的特定血清型通过受污染食品传播成为人类病原体，在全球化食品供应链和农业环境中抗菌剂广泛使用的背景下，传播态势加剧[17]。因里森沙门氏菌感染而导致食源性疾病事件发生的频率不断增加[3,18–19]，公共卫生面临更大威胁。既往报道显示禽、畜肉制品作为里森沙门氏菌的主要传播媒介[6,12]。本研究通过监测 2023—2025 年永川区食源性里森沙门氏菌，发现食用菌同样存在里森沙门氏菌感染风险。提示应注意食用菌中里森沙门氏菌的防控。

3.2 里森沙门氏菌耐药表型与基因型预测

沙门氏菌 MDR 菌株的产生，是细菌遗传机制与外部选择压力相互作用的结果[20]，细菌通过基因突变和水平转移，获得并积累多个耐药基因，随后在环境选择压力下被筛选和扩散，并通过全球贸易迅速传播。而里森沙门氏菌的耐药尤其是 MDR 问题在全球范围内尤为严峻[17,21]。基于当前样本检测结果，本研究发现: (1) 2023—2025 年重庆市永川区食源性里森沙门氏菌存在极高的 MDR 比例，提示对本地区里森沙门氏菌进行全基因组测序揭示耐药基因的紧迫性，实现“表型-基因型”耐药关联追踪，指导临床用药风险提示。(2)本研究的 10 株里森沙门氏菌对 TET 具有 100%的耐药率，这与四环素暴露本身可能促进耐药质粒在沙门氏菌与大肠杆菌之间的接合转移，从而加速耐药基因的扩散有关[22]；其次是对 AMP 的耐药率高达 90%，结合 *blaTEM-1* 编码 *TEM-1* 型 *β*-内酰胺酶，该酶通过水解 AMP 等青霉素类药物的 *β*-内酰胺环，使其抗菌活性丢失，从而表现耐药[23]，80%的菌株携带 *blaTEM-1* 基因，与 AMP 耐药表型高度一致。提示针对本次监测的分离株，氟、喹诺酮类抗生素表现出较高的外敏感性，可作为参考选择，但临床实际用药仍需结合患者个体敏感差异。同时，临床应谨慎使用广谱抗菌药物，减轻耐药菌株面临的临床耐药性进化压力。

耐药表型与基因型相关性分析结果显示，两者相关性较好，存在耐药基因与表型完全吻合的情况，此外，也出现耐药表型与基因型预测不一致的情况，可能与基因表达调控水平差异有关，需进一步开展代谢组学研究，探究其耐药表达机制。本研究的 10 株里森沙门氏菌全部携带 *aac*(6')-*Iaa* 基因，该基因属氨基糖苷类耐药基因，且相关研究表明菌株获得 AMK 耐药与此基因有关[24]，而此 10 株里森沙门氏菌对 AMK 均表现为敏感，这可能是由于基因表达不足，且已被证明是耐药检测的障碍[25]，提示耐药基因的作用机制可能还与其他因素相关，或存在多基因累加效应，结合全基因组测序技术深入探究耐药机制，构建耐药表型-基因型-耐药机制大模型，为临床监测及用药提供数据支撑，实现精准防控。

3.3 沙门氏菌毒力岛

SPI 是成簇分布于染色体上的，编码毒力基因的特定区域[26]，其致病性则归因于 SPI 上大量的毒力因子。SPI 分析结果显示，所有分离株均携带 C63PI、SPI-1、SPI-2、SPI-3、SPI-5、SPI-8、SPI-9 毒力岛。SPI-1、SPI-2、SPI-4、SPI-8 和 SPI-9 调节细菌入侵肠上皮细胞; SPI-3 可参与各自的宿主特异性和侵袭性，并与巨噬细胞内侵袭相关; SPI-5 编码的毒力基因，参与肠黏膜液的分泌和相关炎症反应[27]; C63PI 编码铁转运系统[28–29]。SPIs 不仅赋予了沙门氏菌更强的毒力，而且增强了细菌的存活能力[30]。此外，上海同济大学医学院的研究人员评估了里森沙门氏菌在鼠巨噬细胞 RAW264.7 和人巨噬细胞 U937 中的复制能力，发现里森沙门氏菌在人体细胞中具有更强的复制表现，强调了里森沙门氏菌的宿主特异性，它具有更强的感染人类的能力[31]。提示本研究的里森沙门氏菌携带多种毒力岛，具有更强的存活与感染能力，危害性较大，应加强防控意识，同时建议引入三代测序进一步完善 SPI 未知毒力位点，加入代谢组学深入探究沙门氏菌致病机制，明确不同血清型沙门氏菌的致病危害与防控要点。

3.4 基因组溯源分析

当前主流研究认为，里森沙门氏菌呈多系起源，主要分为美洲分支和欧亚分支。本研究的 10 株里森沙门氏菌与欧亚分支亲缘关系更近，或起源于亚欧分支。系统发育分析结果显示，食品和病例分离株存在聚类关系，进一步说明二者间存在传播关系。此外，相关研究证明中国分离株在全球范围内承受最高的抗菌素耐药负担[17]，结合本研究的所有分离株均为 MDR，提示里森沙门氏菌的耐药水平较高，应密切关注里森沙门氏菌在人及动物间耐药性变迁的监测，及时掌握耐药变化情况，指导临床用药。

综上所述，(1)永川区食源性里森沙门氏菌存在流行情

况; (2)菌株耐药能力强, 目前监测到的菌株均表现为 MDR; (3)菌株携带耐药基因数量多、类别广, 且与耐药表型关联度较高; (4)存在从污染食品到人之间的传播链。应加强食品贸易流通环节的致病菌检疫, 食品卫生宣教。同时, 建议建立本地区沙门氏菌全基因组联合耐药分析数据库, 统筹基因组数据与耐药数据一体化管理, 加强基因层面与表型的关联度分析, 从分子生物学层面加强基因监测与耐药机制研究, 此外, 建立本地区病原菌数据库, 能更快更高效地分析相同病原菌的流行与发生差异, 更有利于实现病原菌的精准溯源, 实现致病菌网络化监测, 从而优化地区耐药防控, 进一步期望指导临床用药, 为实现全民大健康提供科学依据。

参考文献

[1] Majowicz S E, Musto J, Scallan E, et al. The global burden of nontyphoidal *Salmonella* gastroenteritis [J]. Clinical Infectious Diseases, 2010, 50(6): 882–889.

[2] Edwards R A, Olsen G J, Maloy S R. Comparative genomics of closely related salmonellae [J]. Trends in Microbiology, 2002, 10(2): 94–99.

[3] Hendriksen R S, Bangtrakulnonth A, Pulsrikarn C, et al. Antimicrobial resistance and molecular epidemiology of *Salmonella Rissen* from animals, food products, and patients in Thailand and Denmark [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2008, 5(5): 605–619.

[4] Boschi T, Aquilini D, Degl'Innocenti R, et al. Cluster of cases of *Salmonella enterica* serotype rissen infection in a general hospital, Italy, 2007 [J]. Zoonoses and Public Health, 2010, 57(7–8): 518–522.

[5] Nadimpalli M, Fabre L, Yith V, et al. CTX-M-55-type ESBL-producing *Salmonella enterica* are emerging among retail meats in Phnom Penh, Cambodia [J]. The Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2019, 74(2): 342–348.

[6] Campos J, Mourão J, Peixe L, et al. Non-typhoidal *Salmonella* in the pig production chain: a comprehensive analysis of its impact on human health [J]. Pathogens, 2019, 8(1): 19.

[7] 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.

[8] 刘芳琴, 张璐, 陈玉, 等. 我国 17 个省市鸡源及猪源沙门菌的血清型、耐药性及传播风险分析[J]. 中国兽医学报, 2026, 46(4): 836–844.
Liu Fangqin, Zhang Lu, Chen Yu, et al. Analysis of serotypes, antimicrobial resistance, and transmission risks of *Salmonella* from poultry and swine in 17 provinces and municipalities in China [J]. Chinese Journal of Veterinary Science, 2026, 46(4): 836–844.

[9] 赵建梅, 刘意, 张喜悦, 等. 山东省部分健康猪和病死猪源沙门菌血清型、耐药基因及基因型分析[J]. 中国动物检疫, 2026, 43(5): 21–32.
Zhao Jianmei, Liu Yi, Zhang Xiyue, et al. Analysis of serotypes, antibiotic resistance genes and genotypes of *Salmonella* isolated from healthy and dead pigs in Shandong Province [J]. China Animal Health Inspection, 2026, 43(5): 21–32.

[10] 何琴芬, 蒋卓婧, 唐诗洁, 等. 绍兴市市售生畜肉沙门菌分子分型与耐药分析[J]. 预防医学, 2024, 36(10): 915–920.
He Qinfen, Jiang Zhuojing, Tang Shijie, et al. Molecular typing and drug resistance of *Salmonella* in market-sold raw livestock meats in Shaoxing City [J]. China Preventive Medicine Journal, 2024, 36(10): 915–920.

[11] Elbediwi M, Shi Daiwei, Biswas S, et al. Changing patterns of *Salmonella enterica* serovar rissen from humans, food animals, and animal-derived foods in China, 1995—2019 [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 702909.

[12] Zhang Lina, Fu Ying, Xiong Zhiying, et al. Highly prevalent multidrug-resistant *Salmonella* from chicken and pork meat at retail markets in Guangdong, China [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2104.

[13] Xu Xuebin, Biswas S, Gu Guimin, et al. Characterization of multidrug resistance patterns of emerging *Salmonella enterica* serovar rissen along the food chain in China [J]. Antibiotics, 2020, 9(10): 660.

[14] Silveira L, Pinto M, Isidro J, et al. Multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar rissen clusters detected in Azores Archipelago, Portugal [J]. International Journal of Genomics, 2019, 2019: 1860275.

[15] 龙宪川, 曾昭成, 陈燕, 等. 重庆市永川区儿童非伤寒沙门菌感染流行病学特征及耐药性分析[J]. 中国抗生素杂志, 2025, 50(11): 1339–1346.
Long Xianchuan, Zeng Zhaocheng, Chen Yan, et al. Analysis of epidemiological characteristics and drug resistance of non-typhoid *Salmonella* infection in Children in Yongchuan District of Chongqing [J]. Chinese Journal of Antibiotics, 2025, 50(11): 1339–1346.

[16] Genders T S S, Spronk S, Stijnen T, et al. Methods for calculating sensitivity and specificity of clustered data: a tutorial [J]. Radiology, 2012, 265(3): 910–916.

[17] Li Xueer, Zhong Ling, Liang Yanru, et al. Genomic surveillance of *Salmonella* London and rissen reveals international transmission patterns and expanding antimicrobial resistance-Shanghai municipality, China, 2020—2024 [J]. China CDC Weekly, 2025, 7(46): 1465–1472.

[18] 芦晓光, 杜丽霞. 从急性腹泻病人粪便中检出里森沙门菌[J]. 中国卫生检验杂志, 2010, 20(12): 3441–3442.
Lu Xiaoguang, Du Lixia. Detected *Salmonella Rissen* from cute diarrhea patients' feces [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2010, 20(12): 3441–3442.

[19] Wang Lili, Nie Lu, Liu Yue, et al. Antimicrobial resistance and molecular characterization of *Salmonella* rissen isolated in China during 2008—2019 [J]. Infection and Drug Resistance, 2024, 17: 969–976.

[20] Chen Jiawen, Peng Junhao, Liu Yanling, et al. Mobile genetic elements potentially drive adaptive evolution of pork-derived multidrug-resistant *Salmonella* Derby ST40 lineages: an integrated analysis [J]. Food Research International, 2025, 221: 117352.

[21] Wu Jingtong, You Lv, Liu Yanmin, 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.

[22] Algarni S, Gudeta D D, Sopovski D, et al. Transcriptomic analyses of a

Salmonella enterica-Escherichia coli pair following exposure to tetracycline during *in vitro* conjugation experiments [J]. Microbiology Resource Announcements, 2024, 13(9): e0028924.

[23] Brown N G, Shanker S, Venkataram Prasad B V, et al. Structural and biochemical evidence that a TEM-1 beta-lactamase N170G active site mutant acts *via* substrate-assisted catalysis [J]. The Journal of Biological Chemistry, 2009, 284(48): 33703–33712.

[24] Salipante S J, Hall B G. Determining the limits of the evolutionary potential of an antibiotic resistance gene [J]. Molecular Biology and Evolution, 2003, 20(4): 653–659.

[25] Andres P, Lucero C, Soler-Bistué A, et al. Differential distribution of plasmid-mediated quinolone resistance genes in clinical enterobacteria with unusual phenotypes of quinolone susceptibility from Argentina [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2013, 57(6): 2467–2475.

[26] Marcus S L, Brumell J H, Pfeifer C G, et al. *Salmonella* pathogenicity islands: big virulence in small packages [J]. Microbes and Infection, 2000, 2(2): 145–156.

[27] Zhao Shuangshuang, Xu Qiuping, Cui Yanqin, et al. *Salmonella* effector SopB reorganizes cytoskeletal vimentin to maintain replication vacuoles for efficient infection [J]. Nature Communications, 2023, 14: 478.

[28] Wang Shaohui, Yang Denghui, Wu Xiaojun, et al. The ferric uptake regulator represses type VI secretion system function by binding directly to the *clpV* promoter in *Salmonella enterica* serovar typhimurium [J]. Infection and Immunity, 2019, 87(10): e00562–e00519.

[29] Wang Mengyao, Qazi I H, Wang Linli, et al. *Salmonella* virulence and immune escape [J]. Microorganisms, 2020, 8(3): 407.

[30] Liu Gaosong, Lü Xuelian, Tian Qiufeng, et al. Deletion of *Salmonella* pathogenicity islands SPI-1, 2 and 3 induces substantial morphological and metabolic alternation and protective immune potential [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2025, 24(1): 272–289.

[31] Zhou Aiping, Li Jun, Xu Zhihong, et al. Whole-genome comparative and pathogenicity analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar rissen [J]. G3, 2020, 10(7): 2159–2170.

(责任编辑：安香玉 曹岱琳)