· 实验技术及其应用 ·

2019—2023 年成都市伦敦沙门氏菌耐药情况及基因组特征研究

杨洋[1],孔喜梅[1],袁齐武[1],黄伟峰[2],何志群[1],钟宇婧[1],苗艳芳[1],
冯敏[1],胡金宇[1],伏星[1],陈奇言[1],张长宏[1],孟建彤[1],黎明[1]
1. 成都市疾病预防控制中心(成都市卫生监督所),四川 成都 610041;2. 四川省疾病预防控制中心

摘要:目的 分析 2019—2023 年成都市伦敦沙门氏菌的耐药情况及基因组特征。**方法** 2019—2023 年成都市临床及食品中分离的沙门氏菌,经血清学鉴定后,得到 72 株伦敦沙门氏菌,采用微量肉汤稀释法进行药敏试验;全基因组测序后,分析其核心基因组多位点序列分型(cgMLST)遗传特性及耐药基因的携带情况。**结果** 菌株对复方新诺明的耐药率最高(76.39%,55/72),其次是四环素(72.22%,52/72)、氨苄西林(68.06%,49/72)及氯霉素(62.50%,45/72),对厄他培南、头孢他啶/阿维巴坦、替加环素、美罗培南和阿米卡星敏感。72 株菌中,有 11 株对 17 种抗生素均敏感。菌株存在多重耐药情况(70.83%,51/72),耐药谱以 AMP – AMS – CHL – SXT – TET(12.50%,9/72)为主。72 株伦敦沙门氏菌中有 71 株为 ST155 型,1 株未分型。部分菌株等位基因差异数≤10,提示菌株高度同源。**结论** 72 株伦敦沙门氏菌耐药率高,多重耐药严重,耐药谱以 AMP – AMS – CHL – SXT – TET 为主。部分菌株高度同源,存在引起食源性疾病和潜在暴发的可能。

关键词:成都市;伦敦沙门氏菌;耐药;基因组特征;cgMLST
中图分类号:TS207.4 **文献标志码:**A **文章编号:**1003 – 8507(2025)24 – 4564 – 08
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202502046

A study on the drug resistance and genomic characteristics of *Salmonella* London, Chengdu City, 2019 – 2023

YANG Yang*, KONG Xi – mei, YUAN Qi – wu, HUANG Wei – feng, HE Zhi – qun, ZHONG Yu – jing, MIAO Yan – fang, FENG Min, HU Jin – yu, FU Xing, CHEN Qi – yan, ZHANG Chang – hong, MENG Jian – tong, LI Ming
* *Chengdu Center for Disease Control and Prevention (Chengdu Institute of Health Supervision), Chengdu, Sichuan* 610041, *China*

Abstract: Objective To analyze the drug resistance and genomic characteristics of *Salmonella* London isolates from Chengdu between 2019 and 2023. **Methods** *Salmonella* isolates from clinical and food sources in Chengdu during 2019 – 2023 were serologically identified, resulting in 72 *Salmonella* London strains. Drug susceptibility testing was performed using the microbroth dilution method. Whole – genome sequencing was conducted to analyze the core genome multilocus sequence typing (cgMLST) genetic characteristics and the presence of resistance genes. **Results** The isolates showed the highest resistance to trimethoprim – sulfamethoxazole (76.39%, 55/72), followed by tetracycline (72.22%, 52/72), ampicillin (68.06%, 49/72), and chloramphenicol (62.50%, 45/72). All isolates were sensitive to ertapenem, ceftazidime/avibactam, tigecycline, meropenem, and amikacin. Among the 72 strains, 11 were sensitive to all 17 tested antibiotics. Multidrug resistance was observed in 70.83% (51/72) of the isolates, with the predominant resistance profile being AMP – AMS – CHL – SXT – TET (12.50%, 9/72). Of the 72 strains, 71 were identified as ST155, with 1 untyped. Some strains exhibited allele differences of ≤10, indicating high genetic homology. **Conclusion** The 72 *Salmonella* London isolates demonstrate high resistance rates and severe multidrug resistance, with the predominant resistance profile being AMP – AMS – CHL – SXT – TET. The high genetic homology among certain strains suggests the potential for foodborne illness outbreaks.

Keywords: Chengdu; *Salmonella* London; Drug resistance; Genomic characteristics; cgMLST

基金项目:四川省医学会医学科研项目(S2024002)
作者简介:杨洋(1984—),女,硕士,副主任技师,研究方向:食源性致病菌检验
通信作者:黎明,E – mail:171744138@qq.com

沙门氏菌为一种革兰氏阴性杆菌,血清型众多,是导致腹泻病的主要病因之一[1]。伦敦沙门氏菌在畜禽产品中较为多见[2],引发食源性疾病和食物中毒

事件的报道也日渐增加[3-4],亦有肠道外感染[5]和医院感染[6]的报道。根据 2023 年成都市国民经济和社会发展统计公报,成都市常住人口达 2 100 多万,生猪出栏 435.2 万头,猪肉的生产与消费在全国名列前茅。然而,2023 年食源性疾病暴发监测数据显示,沙门氏菌与肉及肉制品的组合在病原食品组合中位列第二。同年成都市食品安全状况报告也表明食源性疾病致病微生物主要是沙门氏菌。猪肉是沙门氏菌的重要储存库,成都及周边地区大规模猪肉生产可能对当地沙门氏菌的抗性和基因谱产生独特的影响[7]。同时,当地的多民族人口、多样的饮食习惯和多样的地理位置也增加了沙门氏菌通过食物、水和其他环境途径传播的复杂性[8-9]。目前缺少针对成都市近年来沙门氏菌的耐药性和耐药基因的研究,未见仅针对成都市伦敦沙门氏菌耐药性及基因组特征的报道。而伦敦沙门氏菌的多重耐药性(multidrug resistance, MDR)问题日益严峻,已引起公共卫生领域的广泛关注[10]。因此,本研究分析 2019—2023 年成都市 72 株伦敦沙门氏菌的来源、耐药情况及基因组特征,为预防沙门氏菌引起暴发、指导临床用药及采取流行病学预防措施提供科学依据,对成都市沙门氏菌防控提供数据支撑。

1　材料与方法

1.1　*菌株来源*　2019—2023 年成都市食源性疾病监测哨点医院腹泻病人粪便分离的沙门氏菌,经血清学鉴定后[11],得到 45 株伦敦沙门氏菌;从食品样品(肉与肉制品,预制菜)分离的菌株中得到 27 株(含猪肉源 24 株)伦敦沙门氏菌,共计 72 株。

1.2　*试剂与仪器*　缓冲蛋白胨水、TTB 增菌液、SC 增菌液、XLD 琼脂、HE 琼脂和三糖铁琼脂(青岛海博生物技术有限公司),GN 生化鉴定卡(法国生物梅里埃),沙门氏菌诊断血清(泰国 S&A 诊断血清),血琼脂平板(郑州安图生物工程股份有限公司),致病菌识别网 CHNENF 药敏检测板(美国赛默飞世尔科技),诺唯赞细菌基因组 DNA 提取试剂盒(FastPure Bacteria DNA Isolation Mini Kit - BOX2,南京诺唯赞生物科技股份有限公司)。

VITEK 2 Compact 全自动细菌生化鉴定系统(法国生物梅里埃),全自动菌液接种仪(美国赛默飞世尔科技)。

1.3　*方法*

1.3.1　菌株血清学鉴定　参照国家食源性疾病监测工作手册和 GB 4789.4[12]进行。

1.3.2　药敏试验　参照 CLSI M100 - Ed34(2024)、细菌药物敏感性检测技术规范(ChinaPIN - 2022 - TYJS004)及国家致病菌识别网 CHNENF 订制药敏板使用说明书,采用微量肉汤稀释法,以大肠埃希氏菌 ATCC 25922、肺炎克雷伯菌 ATCC 700603、金黄色葡萄球菌 ATCC 29213 及铜绿假单胞菌 ATCC 27853 为质控对照,测定菌株对 17 种抗生素的耐药情况。多重耐药(Multiple - drug - resistance, MDR)株指对 3 类及以上抗生素耐药的菌株。

1.3.3　全基因组测序　菌株划线接种血平板,36 ℃培养 24 h 后,使用诺唯赞细菌基因组 DNA 提取试剂盒提取菌株 DNA,委托北京擎科生物科技股份有限公司,采用 Illumina TruSeq™ Nano DNA Sample Prep Kit 文库试剂盒构建文库,Illumina novaseq 6000 测序平台进行双端 150 bp 测序[13],将测序原始数据导入 BioNumerics 7.6cn 进行组装分析。

1.3.4　ST 型和聚类分析　使用 BioNumerics 7.6cn,采用多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)对菌株进行分型。根据核心基因组多位点序列分型(cgMLST)结果对 72 株菌的同源性进行聚类分析[14]。等位基因差异数≤10 视为同源,11 - 30 需结合流行病学调查与菌株背景信息判断菌株间的同源性[15]。

1.3.5　耐药基因　利用 BioNumerics 7.6cn 对测序数据进行耐药基因筛查。

2　结　果

2.1　*抗生素耐药情况*　72 株伦敦沙门氏菌对 17 种抗生素的耐药结果见表 1。菌株对复方新诺明的耐药率最高(76.39%,55/72),其次是四环素(72.22%,52/72)、氨苄西林(68.06%,49/72)及氯霉素(62.50%,45/72),对厄他培南、头孢他啶/阿维巴坦、替加环素、美罗培南和阿米卡星敏感。其中 11 株菌(5 株来源于患者,6 株来源于食品)对 17 种抗生素均敏感。两种来源的耐药菌株数见图 1。

表 1　72 株伦敦沙门氏菌对 17 种抗生素的耐药结果

Table 1　Antibiotic resistance profiles of 72 *salmonella* london isolates against 17 antibiotics

抗生素种类	抗生素	缩写	敏感		中介		耐药	
			菌株数	占比(%)	菌株数	占比(%)	菌株数	占比(%)
β - 内酰胺类	氨苄西林	AMP	23	31.94	0	0.00	49	68.06
β - 内酰胺类 + 酶抑制剂	氨苄西林/舒巴坦	AMS	23	31.94	18	25.00	31	43.06

（续表）

抗生素种类	抗生素	缩写	敏感		中介		耐药	
			菌株数	占比(%)	菌株数	占比(%)	菌株数	占比(%)
碳青霉烯类	美罗培南	MEM	72	100.00	0	0.00	0	0.00
	厄他培南	ETP	72	100.00	0	0.00	0	0.00
氨基糖苷类	链霉素	STR	37	51.39	9	12.50	26	36.11
	阿米卡星	AMK	72	100.00	0	0.00	0	0.00
头孢菌素类(第三代)	头孢噻肟	CTX	70	97.22	0	0.00	2	2.78
	头孢他啶	CAZ	71	98.61	0	0.00	1	1.39
	头孢他啶/阿维巴坦	CZA	72	100.00	0	0.00	0	0.00
大环内酯类	阿奇霉素	AZM	49	68.06	0	0.00	23	31.94
四环素类	四环素	TET	20	27.78	0	0.00	52	72.22
氟喹诺酮类(一代)	萘啶酸	NAL	70	97.22	0	0.00	2	2.78
氟喹诺酮类(三代)	环丙沙星	CIP	29	40.28	25	34.72	18	25.00
甘氨酰环肽类	替加环素	TIG	72	100.00	0	0.00	0	0.00
多粘菌素类	多粘菌素 B	CT	71	98.61	0	0.00	1	1.39
磺胺类	复方新诺明(甲氧苄啶/磺胺异恶唑)	SXT	17	23.61	0	0.00	55	76.39
氯霉素类	氯霉素	CHL	27	37.50	0	0.00	45	62.50

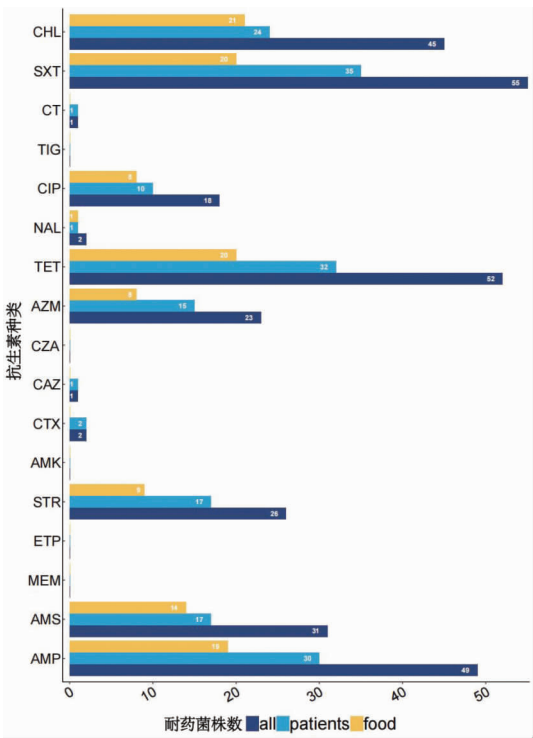


图 1 两种来源的伦敦沙门氏菌对 17 种抗生素的耐药菌株数

Fig. 1 Number of antibiotic – resistant *salmonella* london isolates from two sources against 17 antibiotics

2.2 多重耐药谱分析 72 株菌中，有 51 株存在多重耐药情况(70.83%)，20 株来源于食品，31 株来源于患者，多重耐药谱见图 2。最常见耐药谱为 AMP – AMS – CHL – SXT – TET(12.50%，9/72)，CIP – AMP – CHL – AZM – SXT – TET – STR(11.76%，6/72)，AMP – CHL – SXT – TET(9.80%，5/72)及 CIP – AMP – AMS – CHL – AZM – SXT – TET – STR(9.80%，5/72)。最强耐药谱为 CIP – AMP – AMS – NAL – CHL – AZM – SXT – TET – STR，共计 1 株(来源于食品：猪肉)。

2.3 耐药基因分布 有 71 株菌携带 *aac*(6') – *Iaa*(氨基糖苷类耐药基因)，50 株携带 *tet*(*A*)(四环素类耐药基因)，45 株携带 bla_{TEM-1B}(β – 内酰胺类耐药基因)，36 株携带 *floR*(氯霉素类耐药基因)，分别有 33、30 和 24 株携带 *sul*2、*sul*1 和 *sul*3(磺胺类耐药基因)。无携带 bla_{NDM} 基因的菌株。携带耐药基因的菌株数见图 3。菌株携带耐药基因的情况见图 4。

2.4 耐药基因与表型的相关性 菌株耐药基因携带情况与耐药表型的比较分析见表 2。四环素和阿奇霉素，表型耐药菌株均携带对应耐药基因。四环素和氯霉素，表型不耐药菌株均不携带对应耐药基因。部分对链霉素和环丙沙星敏感的菌株，也携带相应耐药基因，在抗生素选择压力下，有极大可能发展成耐药菌。少数不携带耐药基因的菌株，出现耐受相应抗生素的情况，其原因有待进一步探寻。

表 2 菌株耐药表型与耐药基因携带情况分析

Table 2 Correlation analysis between resistance phenotypes and resistance genes in the isolates

抗生素	表型耐药菌株数(株)		表型不耐药菌株数(株)	
	基因阳性	基因阴性	基因阳性	基因阴性
复方新诺明(磺胺类)	53	2	2	15
四环素(四环素类)	52	0	0	20
链霉素(氨基糖苷类)	26	0	37	0
氨苄西林(β – 内酰胺类)	46	3	1	22
阿奇霉素(大环内酯类)	23	0	4	45
氯霉素(氯霉素类)	43	2	0	27
环丙沙星(氟喹诺酮类)	17	1	15	14

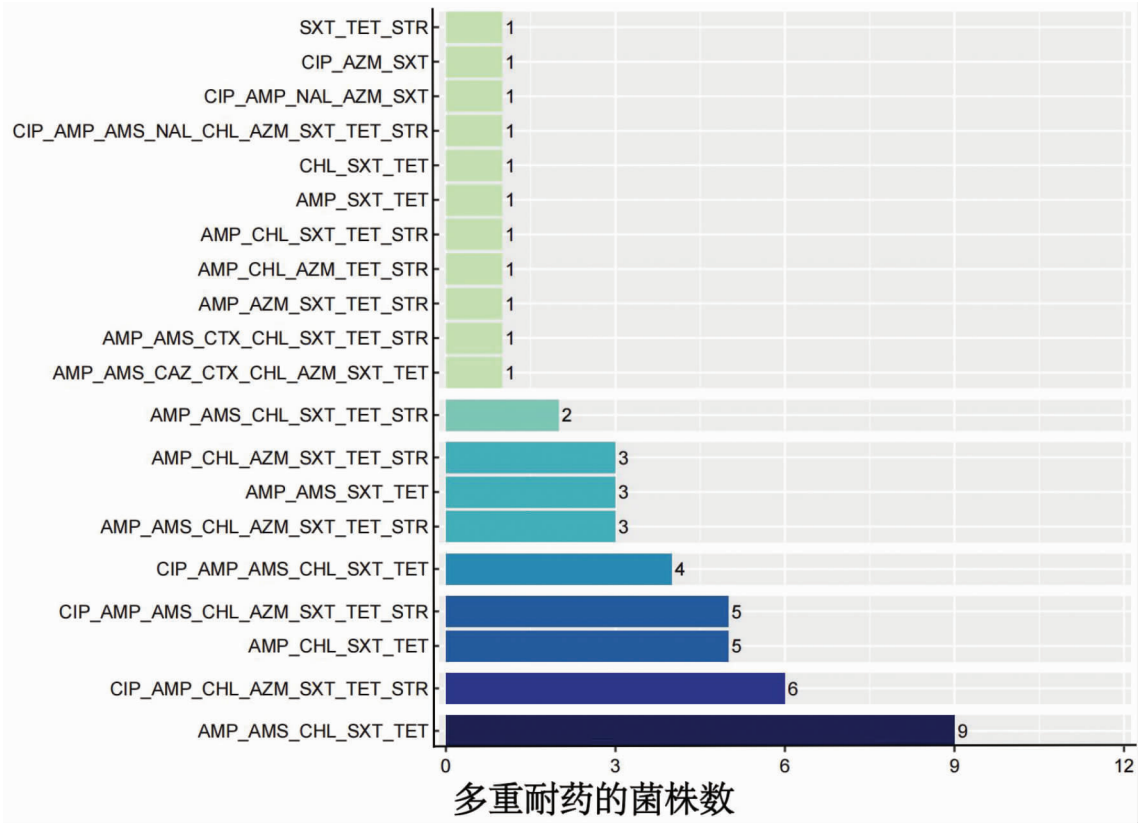


图 2　51 株多重耐药菌的耐药谱

Fig. 2　Resistance profiles of 51 multidrug – resistant *salmonella* london isolates

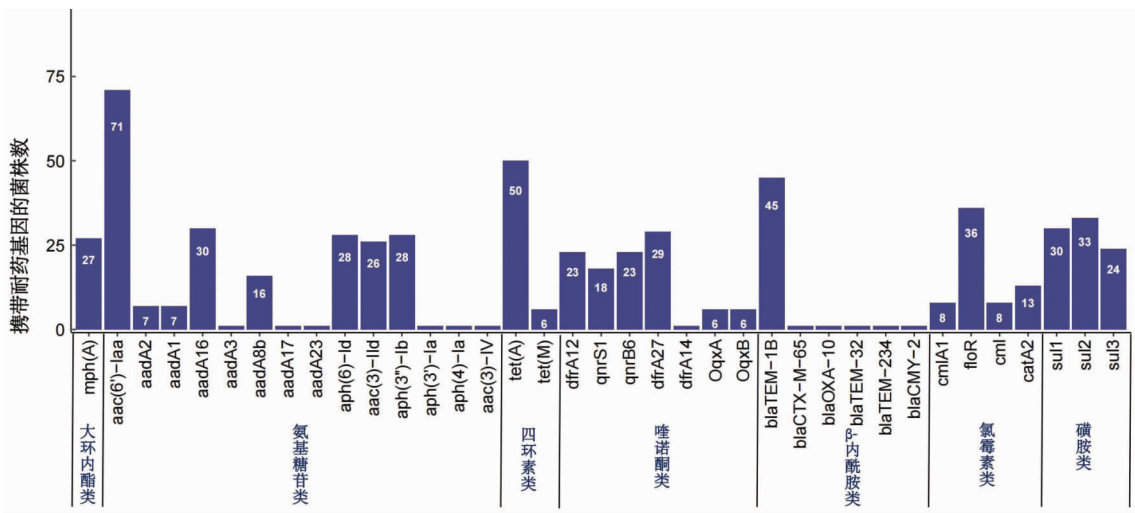


图 3　携带各耐药基因的菌株数

Fig. 3　Number of isolates carrying each resistance gene

2.5　ST 型与聚类分析　72 株伦敦沙门氏菌中有 71 株为 ST155 型,1 株未分型。基于核心基因组多位点序列分型(cgMLST)对 72 株菌的同源性进行聚类分析的结果见图 5。所有菌株核心等位基因差异数为 102。S2019F3975 与 S2019H4059 仅有 1 个等位基因的差异,存在由被沙门氏菌污染的食品感染人的可能。类似的还有 S2019F4224 与 7451(相差 4 个等位基因),SM2023SC052 与 8743(相差 2 个等位基因),以及 S2019F3751 与 5505(相差 7 个等位基因)。S2021H6336 与 7505 的等位基因差异数为 4,两株菌检出的时间间隔近一年,显示菌株一直处于流行与传播的状态。类似的还有 SC2023CDS103 与 7257(相差 6 个等位基因),S2020H4670 与 S2021H6225(相差 6 个等位基因)以及 S2019F3755、5757、S2021F6301 与

4177(相差 8 个等位基因)。4959 与 5031 相差 9 个等位基因,两株菌的检出时间非常接近,且地点相同,存在潜在暴发的可能。7843 和 7876 两株菌完全同源,虽检出时间相差约一个月,但地点相同,提示来自同一链条的伦敦沙门氏菌污染存在时间上的持续传播。

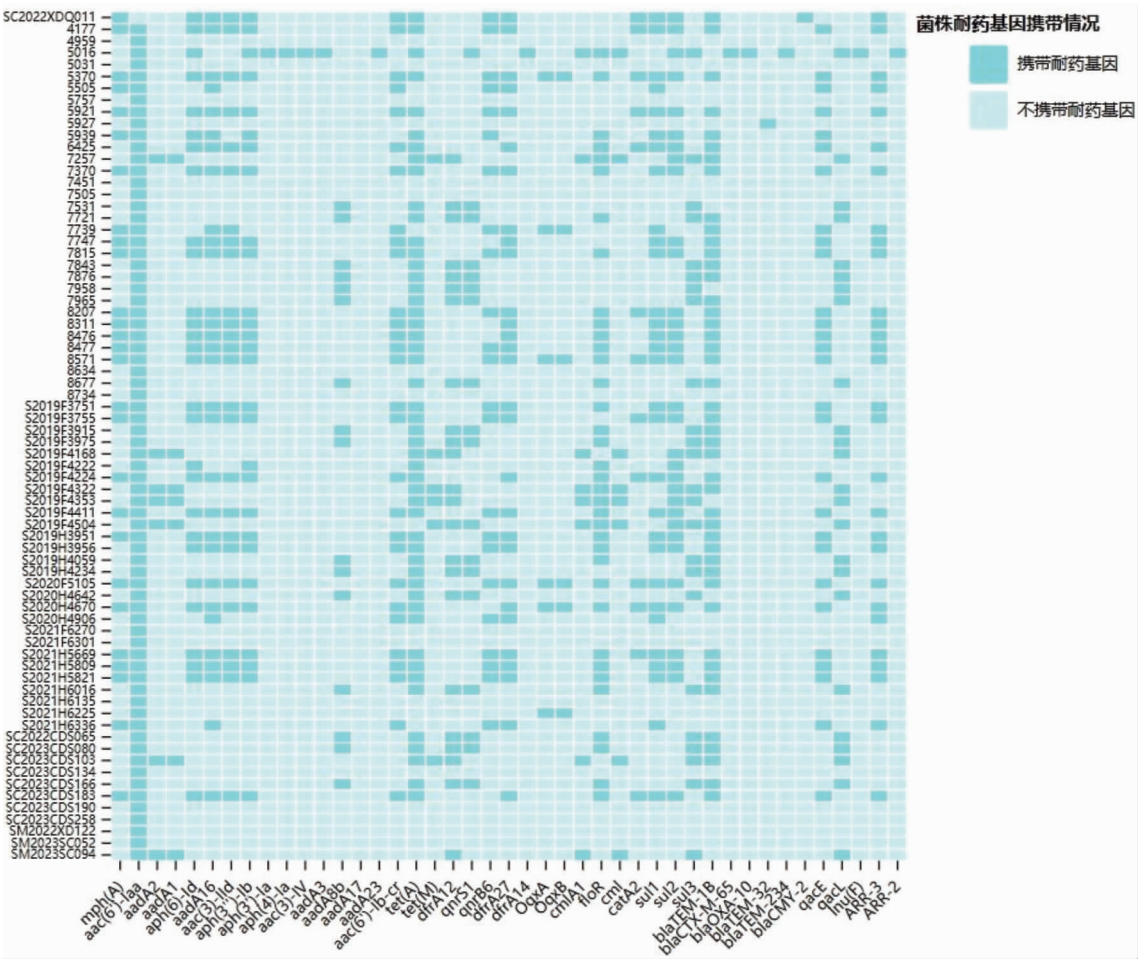


图 4 72 株菌的耐药基因携带情况

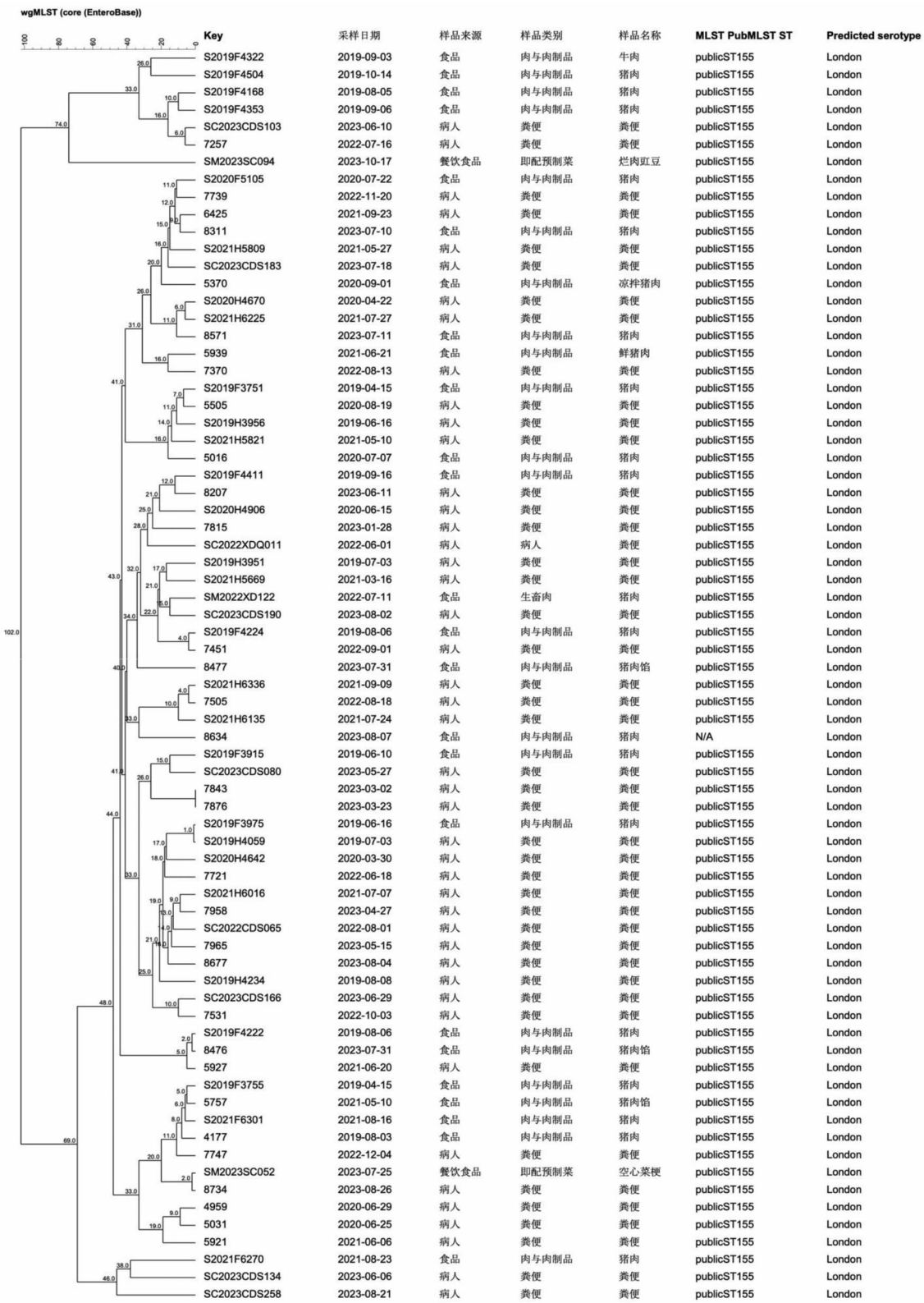
Fig. 4 Distribution of resistance genes in 72 *salmonella* london isolates

3 讨 论

抗生素在治疗细菌所引起的食源性疾病感染中起到了重要作用,但随着其在临床与畜牧业上的广泛甚至过量使用,导致耐药菌株持续增加,成为危害人类生命健康的重大因素。沙门氏菌细菌耐药涉及动物 – 环境/食品 – 医学临床等多个领域,耐药菌/耐药基因在全链条传播中,动物是重要源头之一。而大量抗菌药物排放到环境中污染环境并导致耐药性产生,使得环境成为耐药基因最主要的来源与储存库。耐药菌/耐药基因可通过食物链与环境在人与动物间相互传播,从而导致细菌产生多重耐药,甚至成为超级耐药菌。

本次研究的药敏结果显示,72 株伦敦沙门氏菌对复方新诺明的耐药率最高(76.39%,55/72),其次是四环素(72.22%,52/72)、氨苄西林(68.06%,49/72)及氯霉素(62.50%,45/72),对厄他培南、头孢他啶/阿维巴坦、替加环素、美罗培南和阿米卡星均敏感。这一结果与贵州省[3]、扬州地区[16]、温州地区[17]、北京市[18]和成都前期报道[19]的伦敦沙门氏菌的耐药情况相似。国内其他地区研究进一步证实了沙门氏菌对氨苄西林和四环素的高耐药性。武汉地区儿童食源性疾病监测显示,沙门氏菌对氨苄西林和四环素的耐药率分别为 75.99% 和 68.10%[20];河北沧州 2021 – 2023 年研究发现,氨苄西林耐药率为 76.2%,四环素为 61.9%[21];吉林 2023 年研究显示,氨苄西林耐药率为 73.33%,四环素为 46.47%[22]。这些数据与本研究结果高度一致,反映了沙门氏菌对氨苄西林和四环素的高耐药性在全国范围内的普遍性,可能与家畜和养猪业中这两种抗生素的广泛使用有关。

本研究还发现,菌株对环丙沙星、氨苄西林/舒



Key	采样日期	样品来源	样品类别	样品名称	MLST PubMLST ST	Predicted serotype
S2019F4322	2019-09-03	食品	肉与肉制品	牛肉	publicST155	London
S2019F4504	2019-10-14	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
S2019F4168	2019-08-05	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
S2019F4353	2019-09-06	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
SC2023CDS103	2023-06-10	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7257	2022-07-16	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SM2023SC094	2023-10-17	餐饮食品	即配预制菜	烂肉豇豆	publicST155	London
S2020F5105	2020-07-22	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
7739	2022-11-20	病人	粪便	粪便	publicST155	London
6425	2021-09-23	病人	粪便	粪便	publicST155	London
8311	2023-07-10	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
S2021H5809	2021-05-27	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SC2023CDS183	2023-07-18	病人	粪便	粪便	publicST155	London
5370	2020-09-01	食品	肉与肉制品	凉拌猪肉	publicST155	London
S2020H4670	2020-04-22	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021H6225	2021-07-27	病人	粪便	粪便	publicST155	London
8571	2023-07-11	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
5939	2021-06-21	食品	肉与肉制品	鲜猪肉	publicST155	London
7370	2022-08-13	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019F3751	2019-04-15	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
5505	2020-08-19	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019H3956	2019-06-16	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021H5821	2021-05-10	病人	粪便	粪便	publicST155	London
5016	2020-07-07	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
S2019F4411	2019-09-16	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
8207	2023-06-11	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2020H4906	2020-06-15	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7815	2023-01-28	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SC2022XDQ011	2022-06-01	病人	病人	粪便	publicST155	London
S2019H3951	2019-07-03	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021H5669	2021-03-16	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SM2022XD122	2022-07-11	食品	生畜肉	猪肉	publicST155	London
SC2023CDS190	2023-08-02	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019F4224	2019-08-06	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
7451	2022-09-01	病人	粪便	粪便	publicST155	London
8477	2023-07-31	食品	肉与肉制品	猪肉馅	publicST155	London
S2021H6336	2021-09-09	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7505	2022-08-18	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021H6135	2021-07-24	病人	粪便	粪便	publicST155	London
8634	2023-08-07	食品	肉与肉制品	猪肉	N/A	London
S2019F3915	2019-06-10	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
SC2023CDS080	2023-05-27	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7843	2023-03-02	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7876	2023-03-23	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019F3975	2019-06-16	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
S2019H4059	2019-07-03	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2020H4642	2020-03-30	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7721	2022-06-18	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021H6016	2021-07-07	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7958	2023-04-27	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SC2022CDS065	2022-08-01	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7965	2023-05-15	病人	粪便	粪便	publicST155	London
8677	2023-08-04	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019H4234	2019-08-08	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SC2023CDS166	2023-06-29	病人	粪便	粪便	publicST155	London
7531	2022-10-03	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019F4222	2019-08-06	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
8476	2023-07-31	食品	肉与肉制品	猪肉馅	publicST155	London
5927	2021-06-20	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2019F3755	2019-04-15	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
5757	2021-05-10	食品	肉与肉制品	猪肉馅	publicST155	London
S2021F6301	2021-08-16	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
4177	2019-08-03	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
7747	2022-12-04	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SM2023SC052	2023-07-25	餐饮食品	即配预制菜	空心菜梗	publicST155	London
8734	2023-08-26	病人	粪便	粪便	publicST155	London
4959	2020-06-29	病人	粪便	粪便	publicST155	London
5031	2020-06-25	病人	粪便	粪便	publicST155	London
5921	2021-06-06	病人	粪便	粪便	publicST155	London
S2021F6270	2021-08-23	食品	肉与肉制品	猪肉	publicST155	London
SC2023CDS134	2023-06-06	病人	粪便	粪便	publicST155	London
SC2023CDS258	2023-08-21	病人	粪便	粪便	publicST155	London

图 5　72 株伦敦沙门氏菌基于 cgMLST 的聚类分析

Fig. 5　Cluster analysis of 72 *salmonella* london isolates based on cgMLST

巴坦和链霉素的中介率较高，加之大部分菌株携带对应的耐药基因，发展为耐药菌的可能性较大，后续应密切关注该类抗生素的临床使用以免引起广泛耐药。值得注意的是，沙门氏菌对新型抗生素（如替加环素、厄他培南等）仍保持高度敏感，这一现象在成都[19]、河北沧州[21]和吉林[22]的研究中均得到证实。综上，沙门氏菌尤其是伦敦沙门氏菌的耐药问题已在全国范围内普遍存在，需加强抗生素合理使用和耐药性监

测,以遏制耐药问题的进一步蔓延。

在耐药基因方面,本研究发现 71 株菌携带 *aac*(6')－*Iaa*(氨基糖苷类耐药基因),50 株携带 *tet*(*A*)(四环素类耐药基因),45 株携带 bla_{TEM}－1*B*(β－内酰胺类耐药基因),36 株携带 *floR*(氯霉素类耐药基因),分别有 33、30 和 24 株携带 *sul*2、*sul*1 和 *sul*3(磺胺类耐药基因),未检出 bla_{NDM}基因。与成都前期研究相比,氨基糖苷类和 β－内酰胺类基因仍保持高携带率[19]。此外,与北京、吉林、云南等地区的研究结果一致,氨基糖苷类和 β－内酰胺类基因的携带率普遍较高,其中 *sul*2 和 bla_{TEM}基因在多地均表现出较高的流行率[18,22－23]。然而,沙门氏菌耐药基因的分布仍表现出明显的区域和菌株特异性,这可能与不同地区的抗生素使用习惯和流行病学特征有关。

核心基因组多位点序列分型(core genome multilocus sequence typing, cgMLST),是一种基于全基因组测序(Whole－Genome Sequencing, WGS)的新型分子分型方法,是传统 MLST 分型方案的扩展形式,常用于分析菌株间的亲缘关系及分型。该技术重复性高,可比性好,能客观揭示细菌的遗传与进化关系、为细菌溯源及流行病学调查提供科学依据,以实现对病原菌传播的监测[24]。在本研究中,部分高度同源的菌株,显示沙门氏菌可能由被污染的食品感染人并致病;部分菌株在不同年份不同地区均有检出,存在持续的流行与传播;部分同时段同地区且高度同源菌株的检出,表示可能存在共同污染源或发生潜在暴发。

本研究显示成都市伦敦沙门氏菌对复方新诺明等抗生素耐药率较高,尤其是猪肉样品来源的菌株耐药谱复杂。抗生素的滥用导致细菌选择压力增大,进而导致超级耐药细菌的出现,这一问题须引起相关部门高度重视,规范禽畜业抗生素的使用和避免多重耐药菌株的产生迫在眉睫。控制动物源细菌耐药需采取综合措施,如提高养殖场生物安全、合理使用抗菌药物、科学减抗行动等,遏制细菌耐药性行动更应在 One Health 策略下跨行业、跨部门、跨学科合作实施。应提升应对全链条食品安全与细菌耐药风险能力,持续监测来自食品、环境与病人的沙门氏菌,关注其耐药性变迁,为成都市制定相应防控措施提供依据。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] Kong XM, Wang J, Lei GP, et al. Emergence of extensively drug－resistant Salmonella Kentucky ST198 in Southwest China[J]. Journal of Global Antimicrobial Resistance, 2025, 43: 264－270.

[2] Chen Y, Liu LH, Guo YL, et al. Distribution and genetic characterization of fluoroquinolone resistance gene qnr among Salmonella strains from chicken in China[J]. Microbiol Spectr, 2024, 12: e0300023.

[3] Zhou L, Ye Q, Zhou Q, et al. Antimicrobial resistance and genomic investigation of Salmonella isolated from retail foods in Guizhou, China[J]. Frontiers in Microbiology, 2024, 15: 1345045.

[4] Zhan ZQ, He SK, Chang J, et al. Characterization of novel mutations involved in the development of resistance to colistin in Salmonella isolates from retail pork in Shanghai, China[J]. International Journal of Food Microbiology, 2025, 430: 111027.

[5] Wen HN, Li JH, Xie SJ, et al. Bacteria can drill holes: Salmonella enterica serovar London infection of the leg and heel with colonization of the gut[J]. International Journal of Infectious Diseases, 2023, 131: 16－18.

[6] Novak A, Dzelalija M, Goic－Barisic I, et al. Phenotypic and molecular characterization of a hospital outbreak clonal lineage of salmonella enterica subspecies enterica serovar mikawasima containing blaTEM－1B and blaSHV－2 that emerged on a neonatal ward, during the COVID－19 pandemic[J]. Microbial Drug Resistance－Mechanisms Epidemiology and Disease, 2024, 30(3): 118－126.

[7] Zuo HJ, Yang Y, Su MC, et al. Comparative genomic and antimicrobial resistance profiles of Salmonella strains isolated from pork and human sources in Sichuan, China[J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1515576.

[8] Shu G, Qiu JY, Zheng YL, et al. Association between Phenotypes of Antimicrobial Resistance, ESBL Resistance Genes, and Virulence Genes of Salmonella Isolated from Chickens in Sichuan, China[J]. ANIMALS, 2023, 13(17): 2770.

[9] Zuo HJ, Zheng TL, Wu KP, et al. High－altitude exposure decreases bone mineral density and its relationship with gut microbiota: Results from the China multi－ethnic cohort (CMEC) study[J]. Environmental Research, 2022, 215(Pt 2): 114206.

[10] 郑之北,俞骅,郑伟,等. 2017—2021 年杭州市临床和食品来源伦敦沙门菌耐药与基因组特征[J]. 中华预防医学杂志,2023,57(4):508－515.
Zheng ZB, Yu H, Zheng W, et al. Drug resistance and genomic characteristics of Salmonellaenterica serovar London from clinical and food sources in Hangzhou City from 2017 to 2021[J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2023, 57(4): 508－515. (In Chinese)

[11] 黎明,孔喜梅,袁齐武,等. 成都市未成年人群腹泻沙门氏菌血清型,耐药及分子分型研究[J]. 现代预防医学,2021,48:3996－4000, 4027.
Li M, Kong XM, Yuan QW, et al. Serotype, drug resistance and molecular typing of Salmonella among children in Chengdu[J]. Modern Preventive Medicine, 2021, 48: 3996－4000, 4027. (In Chinese)

[12] 国家卫生和计划生育委员会. GB 4789.4－2016 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验[S]. 北京:中国标准出版社,2016.
National Health and Family Planning Commission. GB 4789.4－2016 National food safety standard Microbiological examination of food Testing for salmonella[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016. (In Chinese)

[13] Kong XM, Chen JX, Yang Y, et al. Phenotypic and genotypic

characterization of salmonella Enteritidis isolated from two consecutive Food - Poisoning outbreaks in Sichuan, China[J]. Journal of Food Safety, 2023, 43(1): e13015.

[14] 闫静,兰光,张璟,等.2021 - 2023 年甘肃省肉与肉制品中沙门菌流行状况及病原学特征分析[J].疾病监测,2024,39(8):970 - 974.
Yan J, Lan G, Zhang J, et al. Epidemiological status and etiological characteristics of Salmonella detected in meat and meat products in Gansu,2021 - 2023[J]. Disease Surveillance, 2024, 39(8): 970 - 974. (In Chinese)

[15] 朱丽萍,张文成,颜世敢,等.细菌核心基因组多位点序列分型(cgMLST)与溯源评价[J].畜牧与兽医,2021,53(6):140 - 146.
Zhu LP, Zhang WC, Yan SG, et al. Evaluation of core genome multilocus sequence typing and traceability of bacteria[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2021, 53(6): 140 - 146. (In Chinese)

[16] 付莎莎,孙先谱,孙凡,等.伦敦沙门菌的流行与耐药性分析[J].中国人兽共患病学报,2021,37(9):795 - 800.
Fu SS, Sun XP, Sun F, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of Salmonella London[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2021, 37(9): 795 - 800. (In Chinese)

[17] 胡玉琴,张彬,章乐怡,等.温州市伦敦沙门菌和德尔卑沙门菌耐药性和分子特征研究[J].中国卫生检验杂志,2020,30(9):1056 - 1058, 1062.
Hu YQ, Zhang B, Zhang LY, et al. Study on the antibiotic resistance and molecular characteristics of Salmonella London and Salmonella Derby in Wenzhou, China[J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2020, 30(9): 1056 - 1058, 1062. (In Chinese)

[18] 畅晓晖,张捷,亓合媛,等.北京地区肉类中沙门氏菌全基因组分型及耐药分析[J].食品安全质量检测学报,2020,11(3):783 - 791.
Chang XH, Zhang J, Qi HY, et al. Genotyping and drug resistance analysis of Salmonella in meat in Beijing[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(3): 783 - 791. (In Chinese)

[19] 李荧,潘美伶,赵婉妤,等.成都市猪肉源沙门菌优势血清型及耐药性研究[J].现代预防医学,2022,49(5):802 - 807.
Li Y, Pan ML, Zhao WY, et al. Dominant serotype and drug resistance of Salmonella isolated from pork, Chengdu[J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(5): 802 - 807. (In Chinese)

[20] 聂丽,邓颖,罗万军,等.2017 - 2022 年武汉地区儿童食源性疾病监测中沙门氏菌感染情况和耐药性分析[J].中国人兽共患病学报,2024,40(8):750 - 757.
Nie L, Deng Y, Luo WJ, et al. Salmonella infection and drug resistance in foodborne disease surveillance among children in Wuhan from 2017 to 2022[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2024, 40(8): 750 - 757. (In Chinese)

[21] 赵玲玲,郑邵辉,张瑞,等.沧州市食源及人源性沙门氏菌的分子分型及耐药性分析[J].华南预防医学,2025,51(1):41 - 45.
Zhao LL, Zheng SH, Zhang R, et al. Molecular typing and drug resistance of food - borne and human - borne Salmonella in Cangzhou City[J]. South China Journal of Preventive Medicine, 2025, 51(1): 41 - 45. (In Chinese)

[22] 石奔,赵薇,孙景昱,等.全基因组测序分析 45 株沙门氏菌分子分型、耐药性与毒力携带情况[J].食品安全质量检测学报,2024,15(20):79 - 88.
Shi B, Zhao W, Sun JY, et al. Analysis of molecular subtyping, drug sensitivity and virulence factors of 45 strains of Salmonella by whole genome sequencing[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(20): 79 - 88. (In Chinese)

[23] 李长妹,宋春莲,张莹,等.云南省部分地区猪源沙门氏菌的耐药性和毒力基因检测[J].动物医学进展,2024,45(8):8 - 14.
Li CM, Song CL, Zhang Y, et al. Detection of drug resistance and virulence genes of salmonella of porcine origin in partial areas of Yunnan province[J]. Progress in Veterinary Medicine, 2024, 45(8): 8 - 14. (In Chinese)

[24] 文永仙,龙利,游旅,等.贵州省多重耐药沙门菌的分子流行病学特征及 β - 内酰胺类耐药基因分析[J].现代预防医学,2024,51(22):4051 - 4056, 4090.
Wen YX, Long L, You L, et al. Molecular epidemiological characteristics and analysis of β - lactam resistance genes of multi - drug resistant Salmonella, Guizhou[J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(22): 4051 - 4056, 4090. (In Chinese)

收稿日期:2025-02-07

(上接第 4520 页)

[7] Baptista EA, Shen TY, Vladimir CR. Disability and its impact on life expectancy: heterogeneity across Mexican states[J]. BMC Public Health, 2024, 24: 2776.

[8] d'Elia A, Gabbay M, Rodgers S, et al. Artificial intelligence and health inequities in primary care: a systematic scoping review and framework[J]. Fam Med Community Health, 2022, 10(Suppl 1): e001670.

[9] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. WS/T 363 - 2023 卫生信息数据元目录[S].北京:中国标准出版社,2023.
National Health Commission of the People's Republic of China. WS/T 363 - 2023 Health data element dictionary[S]. Beijing: Standards Press of China, 2023. (In Chinese)

[10] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. WS/T 306 - 2023 卫生信息数据集分类与编码规则[S].北京:中国标准出版社,2023.
National Health Commission of the People's Republic of China. WS/T 306 - 2023 Rules for health information dataset classifying and coding[S]. Beijing: Standards Press of China, 2023. (In Chinese)

[11] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. WS/T 447 - 2014 基于电子病历的医院信息平台技术规范[S].北京:中国标准出版社,2014.
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. WS/T 447 - 2014 Technical specification for hospital information platform based on EMR[S]. Beijing: Standards Press of China, 2014. (In Chinese)

[12] 佚名.死因监测质量控制技术规范(T/BPMA 13—2024)[J].首都公共卫生,2024,18(5):257 - 261.
Anonym. Technical specification of quality control for monitoring cause of death(T/BPMA 13—2024)[J]. Capital Journal of Public Health, 2024, 18(5): 257 - 261. (In Chinese)

收稿日期:2025-09-23