



肉鸡屠宰场中婴儿血清型沙门菌的流行特征和全基因组分析

洪琪琪, 陈婧儿, 彭钧豪, 吴灿基, 吴雨迪, 徐成刚, 张建民*

(华南农业大学兽医学院, 广州 510642)

摘要: 旨在调查广东省某大型肉鸡屠宰场沙门菌流行特征, 揭示优势血清型婴儿血清型沙门菌的基因组特征及潜在传播风险, 为污染防控提供科学依据。对该屠宰场全环节采样分离沙门菌, 采用琼脂稀释法检测 12 种抗生素耐药性。筛选 34 株代表性菌株进行全基因组测序(WGS), 解析其血清型、多位点序列分型(MLST)、质粒和抗性基因分布, 构建单核苷酸多态性(SNP)系统发育树。结合 NCBI 数据库 10 389 株全球婴儿血清型沙门菌全基因组序列, 通过全基因组多位点序列分型(cgMLST)和 SNP 成对距离矩阵阐明婴儿血清型沙门菌潜在传播风险。结果显示: 共分离到 96 株沙门菌, 分离率 55.49% (96/173), 掏膛环节最高 (79.25%)。所有分离株均呈多重耐药 (MDR), 耐药谱相似度高, 对氨苄西林、头孢噻唑、萘啶酸、氟苯尼考和磺胺甲噁唑耐药率达 100.00%, 对氯霉素、四环素等的耐药率超过 90%。WGS 结果显示, 婴儿血清型为优势血清型 (32/34), 以 ST32 为主 (30/32)。婴儿血清型沙门菌均含 pESI 巨质粒 IncFIB, 且携带丰富耐药基因、毒力基因、金属和消毒剂抗性基因。与全球菌株比对发现, 屠宰场分离株与 15 株外国菌株关系密切, 其中 12 株来源于人。该屠宰场不同环节间存在明显沙门菌交叉污染现象, 分离所得 MDR 婴儿血清型克隆支系携带大量抗性基因, 具备强大传播潜力和公共卫生风险。未来应加强针对 MDR 婴儿血清型沙门菌的监测与防控, 尤其是屠宰环节, 保障食品安全与公共健康。

关键词: 沙门菌; 婴儿血清型; 全基因组测序; 屠宰场

中图分类号: S852.61

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2026)03-1624-12

Epidemiological Characteristics and Whole-Genome Analysis of *Salmonella enterica* serovar Infantis in a Broiler Slaughterhouse

HONG Qiqi, CHEN Jing'er, PENG Junhao, WU Canji,

WU Yudi, XU Chenggang, ZHANG Jianmin*

(College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract: This study investigated the epidemiology of *Salmonella* in a large-scale broiler slaughterhouse in Guangdong, China, and characterized the genomic features and potential transmission risks of the predominant serovar *S. Infantis*, providing evidence for targeted control. Comprehensive sampling was performed across all processing stages of the slaughterhouse, yielding *Salmonella* isolates that were tested for resistance to 12 antimicrobials using the agar dilution method. Thirty-four representative isolates were subjected to whole-genome sequencing (WGS) for analyses of serotype, multilocus sequence typing (MLST), plasmid content, and resistance determinants, followed by construction of a single nucleotide polymorphism (SNP)-based phylogeny. In addition, 10 389

收稿日期: 2025-07-21

基金项目: 国家自然科学基金(32273007); 广东省攀登计划项目(pdjh2024b078)

作者简介: 洪琪琪(1999-), 硕士, 主要从事沙门菌流行病学的研究, E-mail: 1105537712@qq.com

* 通信作者: 张建民, 主要从事重要人兽共患细菌病和动物细菌病的研究, E-mail: junfeng-v@163.com

publicly available *S. Infantis* genomes were retrieved from NCBI to clarify the potential transmission risks using whole-genome multilocus sequence typing (cgMLST) and SNP pairwise distance matrix analysis. A total of 96 isolates were recovered, with an overall prevalence of 55.49% (96/173), and the highest prevalence observed in the evisceration stage (79.25%). All isolates exhibited multidrug resistance (MDR) with highly similar resistance profiles, showing 100% resistance to ampicillin, ceftiofur, nalidixic acid, florfenicol, and sulfamethoxazole, and over 90% resistance to chloramphenicol and tetracycline. WGS revealed *S. Infantis* as the predominant serovar (32/34), dominated by ST32 (30/32). All *S. Infantis* isolates harbored the large IncFIB-type pESI megaplasmid, carrying diverse resistance, virulence, metal, and disinfectant resistance genes. Comparative genomic analyses indicated that the slaughterhouse isolates clustered closely with 15 global *S. Infantis* strains, 12 of which originated from human infections. These findings demonstrate extensive cross-contamination of *Salmonella* across slaughterhouse stages, with MDR *S. Infantis* strains harboring a wide repertoire of resistance and virulence determinants. The close phylogenetic relationship with international human-derived isolates underscores their strong transmission potential and public health threat. Enhanced monitoring and targeted control of MDR *S. Infantis*, particularly within poultry slaughterhouses, should be prioritized to protect food safety and public health.

Keywords: *Salmonella*; *S. Infantis*; whole-genome sequencing; slaughterhouse

* **Corresponding author:** ZHANG Jianmin, E-mail: junfeng-v@163.com

作为一类重要人畜共患病病原体,沙门菌(*Salmonella*)广泛存在于人类和动物的肠道中。其感染可导致腹泻、发热、呕吐等临床症状,严重时引发败血症,尤其对免疫功能低下人群(如婴幼儿、老年人及慢性病患者)构成显著健康威胁^[1]。肉类食品是沙门菌的重要污染载体,其中肉鸡产品被认为是人类沙门菌感染风险的主要来源之一^[2-3]。屠宰环节作为肉鸡生产链的关键节点,往往成为高风险污染场所。屠宰场内环境、设备以及加工流程均可能促进沙门菌的入侵和传播,成为人类食源性疾病的一大隐患^[4]。随着中国肉鸡产业集约化发展及冷链运输的普及,大型工业化屠宰场的沙门菌污染有可能沿整个链条扩散,进而造成严重食品安全问题。

近年来,婴儿血清型沙门菌(*Salmonella enterica* serovar *Infantis*, *S. Infantis*)在全球范围内多次引发重大公共卫生事件。国外多项研究表明,该血清型的污染和传播主要集中在家禽产业,尤其与肉鸡密切相关^[5]。基因组学研究已证实,其新兴谱系普遍携带独特pESI样巨质粒,该质粒含有多种耐药基因(如 *bla*_{CTX-M}、*tet*、*dfr* 和 *sul*),赋予其对喹诺酮类、氨基西林和四环素等多类人兽共用抗生素的多重耐药性(multidrug resistance, MDR)^[6-7]。不仅增强了该血清型菌株在集约化养殖环境中的适应能力,也增加了感染后治疗的难度,并可能通过食物链扩

散,存在向人类传播的风险,给公共卫生和临床防控带来巨大挑战^[8]。在近期国内多个省份针对肉鸡生产链的研究中,婴儿血清型沙门菌的分离率居于血清型分布的前列^[9-11]。广东省作为我国肉鸡养殖、流通及出口的重要区域,禽肉生产与贸易十分活跃。然而,关于广东省内屠宰场中婴儿血清型沙门菌的流行特征,目前尚缺乏系统研究,其潜在的公共卫生风险尚未得到充分认识。

本次调查对广东省某大型肉鸡屠宰场全环节开展了流行病学调查,通过全基因组测序技术,对分离所得婴儿血清型沙门菌进行分子特性分析,并结合全球婴儿血清型沙门菌全基因组序列进行对比,旨在揭示其潜在传播风险,为肉鸡屠宰场中婴儿血清型沙门菌污染防控提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株来源 2023年10月于广东省某大型肉鸡屠宰场采集样品173份,包括屠宰全部的六个环节(待宰区、宰杀区、打毛区、掏膛区、预冷消毒区、包装分割区)和总环境,其中动物源性样品81份,环境样品92份。本次调查中使用的大肠杆菌标准菌 ATCC25922,由华南农业大学兽医学院动物传染病教研室保存并提供。

1.1.2 主要试剂 Luria-Bertani(LB)肉汤、LB琼脂、水解酪蛋白(Mueller-Hinton, MH)肉汤、MH琼脂和XLT-4琼脂均购自广州环凯微生物科技有限公司;缓冲蛋白胨水(Buffered Peptone Water, BPW)和氯化镁-孔雀绿(Rappaport-Vassiliadis Soya Peptone Broth, RVS)增菌液购自美国 Becton Dickinson 公司;沙门菌属显色培养基购自法国科玛嘉公司;细菌基因组抽提试剂盒购自北京安诺伦生物科技有限公司;氨苄西林(ampicillin, AMP)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)和磺胺甲噁唑(sulfamethoxazole, SMZ)购自中国药品生物制品检定所;头孢噻呋(ceftiofur, EFT)和氯霉素(chloramphenicol, CHL)购自广州迈发生物科技有限公司;萘啶酸(nalidixic acid, NAL)和四环素(tetracycline, TET)购自宁夏启元药业有限公司;多黏菌素B(polymyxin B, PB)和庆大霉素(gentamicin, GEN)购自山东鲁抗医药股份有限公司;替加环素(tigecycline, TGC)购自上海源叶生物科技有限公司;亚胺培南(imipenem, IPM)购自杭州默沙制药有限公司。

1.1.3 主要仪器 YJ-1450超净工作台购自苏州净化设备厂;SHP-250生化培养箱购自上海精宏实验设备有限公司;QHZ-98A/QHZ-98B全温振荡培养箱购自太仓市华美生化仪器厂;A400多位位接种仪购自上海恒岸生物科技有限公司。

1.2 方法

1.2.1 屠宰场样品采集 遵循我国食品安全国家标准 GB 4789.4—2016《食品微生物学检验沙门氏菌检验》^[12],对屠宰场内六个不同环节(待宰区、宰杀区、打毛区、掏膛区、预冷消毒区和包装分割区)及总环境(区间过道和场内蓄水池)采集肉鸡样品和环境样品。样品置于无菌样品袋并标记,2 h内送往实验室处理。

1.2.2 细菌分离和鉴定 遵循GB 4789.4—2016标准分离鉴定沙门菌。将样品置于BPW洗涤液中,37℃摇床8~18 h预增菌处理,后液转移至TTB选择性增菌液。采用三区划线法接种增菌液于XLT-4琼脂平板,37℃培养18~24 h。挑取黑色边缘透明或无色透明光滑单菌落,接种科玛嘉显示培养基,37℃培养18~24 h。淡紫色菌落判定为沙门菌疑似菌落。

1.2.3 DNA粗提和PCR鉴定 挑取疑似沙门菌单菌落至LB肉汤中,37℃、200 r·min⁻¹摇床培养

4~6 h至对数生长期。采用煮沸裂解法提取细菌DNA为PCR模板,PCR扩增沙门菌特异性基因*invA*进行鉴定。参考文献[13]设计特异性引物,正向*invA*-F: 5'-TCGCACCGTCAAAGGAACCG-TAAAGC-3',反向*invA*-R: 5'-GCATTATCGA-TCAGTACCAGCCGTCT-3',引物由上海生工生物工程股份有限公司合成,预期扩增片段为331 bp。PCR反应体系(25 μL): 12.5 μL 2×Tag Master Mix, 8.5 μL ddH₂O, 上、下游引物(10 μmol·L⁻¹)各1 μL, 2 μL细菌DNA模板。PCR反应程序: 95℃预变性5 min; 95℃变性1 min, 55℃退火30 s, 72℃延伸1 min, 共35个循环; 72℃延伸5 min。PCR产物通过1.0%琼脂糖凝胶电泳检测。

1.2.4 沙门菌药敏试验 采用琼脂稀释法对分离所得沙门菌进行药敏试验,选择了12种药物(AMP、EFT、IPM、GEN、NAL、CIP、CHL、FFC、TET、TGC、SMZ和PB),测定最小抑菌浓度(MIC),以大肠杆菌ATCC25922为标准质控菌。试验遵循2023版美国临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)琼脂稀释法的执行方法和结果判读。

1.2.5 全基因组测序和分析 根据耐药谱系分布,从全环节中筛选代表性菌株提取基因组做全基因组测序。使用细菌DNA抽提试剂盒提取DNA,送至北京诺禾致源科技股份有限公司质检、建库测序。使用 Trimmomatic 和 SPAdes v3.12.0 对原始数据过滤和基因组组装。使用 SISTR v1.0.2 进行血清型预测。使用 MLST v2.11 的 MLST 数据库(<https://github.com/tseemann/MLST>)进行多位点序列分型(Multilocus Sequence Typing, MLST);使用 Resfinder 数据库(<https://cge.cbs.dtu.dk/services/ResFinder>)、VFDB 数据库(<http://www.mgc.ac.cn/cgi-bin/VFs/v5/main.cgi>)、AMRfinder 数据库(<https://ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/AMRfinder>)和 Plasmid-Finder(<https://cge.food.dtu.dk/services/Plasmid-Finder/>)分别进行耐药基因、毒力基因、抗性基因及质粒复制子类型的注释;阈值设定为一致性和覆盖率≥80%。使用软件包 Snippy(<https://github.com/tseemann/snippy>)提取核心基因组单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNPs),以婴儿血清型沙门菌(GenBank号:GCA_001931595.1)为参考序列构建系统发育树,iTOL(<https://itol.embl.de/>)在线工具

进行可视化。

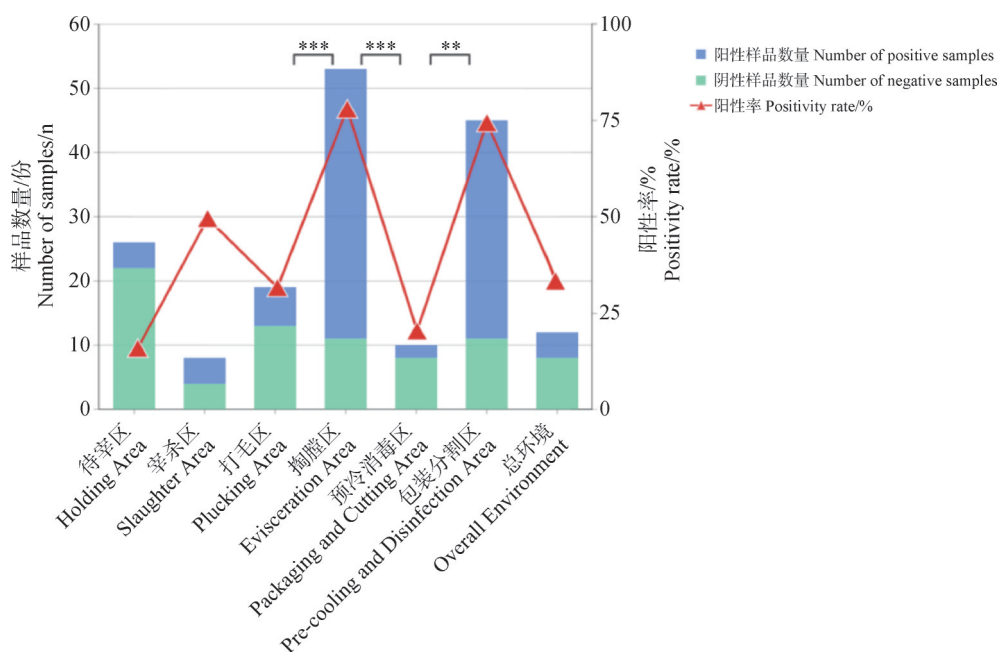
1.2.6 全球婴儿血清型沙门菌与溯源分析 从美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)数据库下载全球共 10389 株婴儿血清型沙门菌(*Salmonella* Infantis)全基因组序列,菌株涵盖多种来源,主要包括鸡源与人源。通过全基因组多位点序列分型(core genome multilocus sequence typing, cgMLST)和单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism, SNP)二次比对进行初步筛选;随后使用 TBtools 软

件(<https://github.com/CJ-Chen/TBtools-II>)对 SNP 距离矩阵进行可视化分析。

2 结 果

2.1 屠宰场沙门菌分离率

在肉鸡屠宰场共采集 173 份样品,分离鉴定到 96 株沙门菌,总分离率为 55.49%。不同屠宰环节的阳性分离率呈现明显差异,其中掏膛区和包装分割区的阳性率较高,分别为 79.25% 和 75.56%;而预冷消毒区的阳性率显著下降,为 20.00%(图 1)。



*, $P < 0.05$, **, $P < 0.01$, ***, $P < 0.001$

图 1 屠宰场不同环节样品的沙门菌阳性率

Fig. 1 Positivity rate of *Salmonella*-positive samples at different stages of the slaughterhouse

2.2 药敏试验

结果显示,该屠宰场分离的沙门菌整体耐药水平普遍较高。所有分离株均为 MDR 菌株,且耐药谱呈现高度相似性(表 1)。其中,氨苄西林(AMP)、头孢噻呋(EFT)、氟苯尼考(FFC)、磺胺甲噁唑(SMZ)和萘啶酸(NAL)的耐药率均为 100%;庆大霉素(GEN)、氯霉素(CHL)、四环素(TET)和替加环素(TGC)的耐药率均超过 90%;环丙沙星(CIP)的耐药率为 4.17%;对亚胺培南(IPM)和多黏菌素 B(PB)均表现为敏感(图 2)。

2.3 全基因组测序分析

根据上述耐药谱结果,从占比前三的主要耐药谱系中,按照覆盖不同生产环节原则,筛选出 34 株

具有典型性的代表菌株,包括待宰区 4 株、宰杀区 4 株、打毛区 3 株、掏膛区 8 株、预冷消毒区 1 株、分割包装区 1 株和总环境 4 株。血清型预测结果显示,这 34 株分离株共分属两种血清型,其中 32 株为婴儿血清型,2 株为肯塔基血清型。MLST 分析表明,婴儿血清型菌株中 30 株为 ST32 型,其余 2 株序列类型未知;2 株肯塔基菌株则均为 ST108 型。为进一步解析婴儿菌株间的遗传关系,构建 32 株婴儿血清型沙门菌的系统发育树(图 3)。结果显示,各分离株之间亲缘关系高度相近,提示婴儿血清型沙门菌在该屠宰场不同环节之间可能存在克隆传播和交叉污染。

全基因组分析抗生素耐药基因结果表明,检测

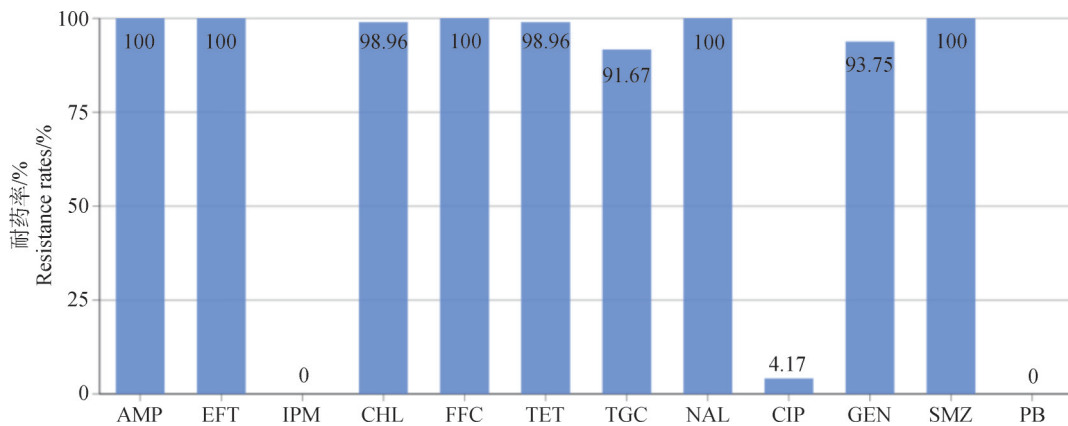
表1 沙门菌分离株的耐药谱统计

Table 1 Statistical analysis of antimicrobial resistance spectrum of *Salmonella* isolates

序号 Number	耐药谱类型(类型数量) Types of antimicrobial resistance spectrum (Number of types)	菌株数量 Number of strains
1	AMP+EFT+GEN+NAL+CHL+FFC+TET+TGC+SMZ(9)	80
2	AMP+EFT+NAL+CHL+FFC+TET+TGC+SMZ(8)	5
3	AMP+EFT+GEN+NAL+CHL+FFC+TET+SMZ(8)	4
4	AMP+EFT+GEN+NAL+CIP+CHL+FFC+TET+SMZ(9)	2
5	AMP+EFT+GEN+NAL+CIP+CHL+FFC+TET+TGC+SMZ(10)	2
6	AMP+EFT+GEN+NAL+FFC+TET+TGC+SMZ(9)	1
7	AMP+EFT+GEN+NAL+CHL+FFC+SMZ(8)	1
8	AMP+EFT+NAL+CHL+FFC+TET+SMZ(8)	1

AMP. 氨苄西林;EFT. 头孢噻呋;GEN. 庆大霉素;NAL. 萘啶酸;CHL. 氯霉素;FFC. 氟苯尼考;TET. 四环素;TGC. 替加环素;SMZ. 磺胺甲噁唑;CIP. 环丙沙星

AMP. Ampicillin; EFT. Ceftiofur; GEN. Gentamycin; NAL. Nalidixic acid; CHL. Chloramphenicol; FFC. Florfenicol; TET. Tetracycline; TGC. Tigecycline; SMZ. Sulfamethoxazole; CIP. Ciprofloxacin



AMP. 氨苄西林;EFT. 头孢噻呋;IPM. 亚胺培南;CHL. 氯霉素;FFC. 氟苯尼考;TET. 四环素;TGC. 替加环素;NAL. 萘啶酸;CIP. 环丙沙星;GEN. 庆大霉素;SMZ. 磺胺甲噁唑;PB. 多黏菌素B

AMP. Ampicillin; EFT. Ceftiofur; IPM. Imipenem; CHL. Chloramphenicol; FFC. Florfenicol; TET. Tetracycline; TGC. Tigecycline; NAL. Nalidixic acid; CIP. Ciprofloxacin; GEN. Gentamycin; SMZ. Sulfamethoxazole; PB. Polymyxin B

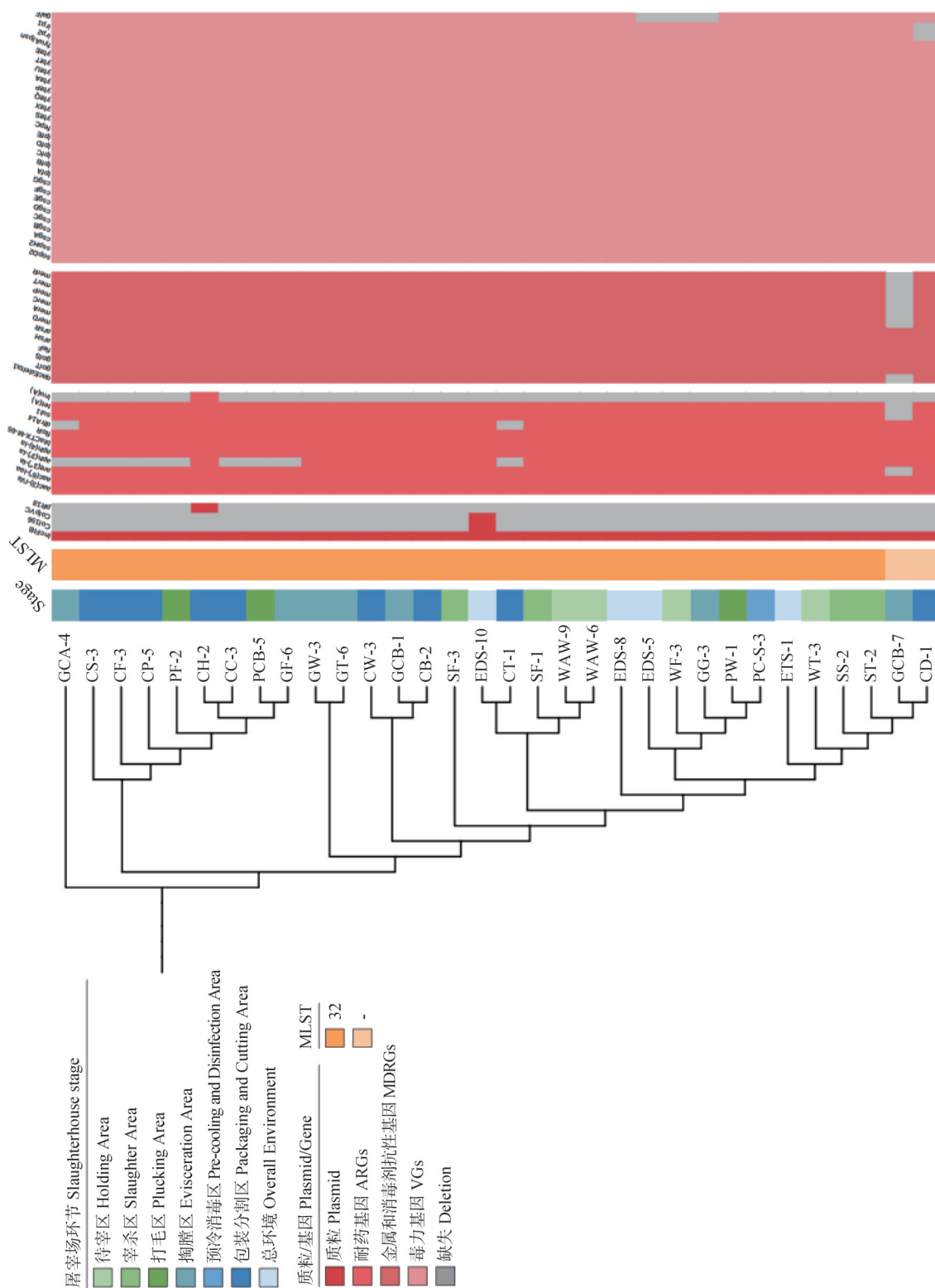
图2 沙门菌分离株对试验中12种抗生素的耐药率

Fig. 2 Antimicrobial resistance rates of *Salmonella* isolates to tested 12 antibiotics

到六大类抗生素共计17种耐药基因,涉及氨基糖苷类、 β -内酰胺类、酰胺醇类、磺胺类、四环素类等相关耐药基因,分离菌株的耐药基因与耐药表型基本一致。相比于2株肯塔基血清型菌株,*aac*(3)-*IVa*、*aac*(6')-*Iaa*、*aph*(4)-*Ia*、*bla*CTX-M-65和*dfrA*14这5个耐药基因仅在婴儿血清型菌株中发现。在婴儿血清型菌株中,氨基糖苷类耐药的*aac*(3)-*IVa*、*aac*(6')-*Iaa*、*aph*(4)-*Ia*基因和 β -内酰胺类耐药的*bla*CTX-M-65基因、酰胺醇类耐药的*floR*基因携带率均为100%;除此之外,四环素耐药*tet*(A)基因携带率96.88%,编码耐甲氧苄啶的*dfrA*14基因和磺

胺类耐药的*su1*携带率分别为93.75%、96.88%,氨基糖苷类耐药*aph*(3')-*Ia*基因携带率71.88%。

根据金属、消毒剂抗性基因检出结果,检测到5类共计12种抗性基因,涉及消毒剂抗性、金属抗性和阳离子外排等功能。婴儿血清型菌株中,消毒抗性基因*qacE* Δ 1携带率达96.88%(31/32)。同时,婴儿血清型菌株所携带的金属抗性基因数量均高于肯塔基血清型菌株。在32株婴儿血清型菌株中,31株携带11种金属抗性基因(93.75%,31/32),仅1株携带6种;而2株肯塔基血清型菌株均仅携带4种金属抗性基因。值得注意的是,砷抗性基因



图中显示的毒力基因是仅在婴儿血清型分离株中发现携带的毒力基因

The virulence genes shown in the figure were detected exclusively in *S. Infantis* isolates

图 3 32 株婴儿血清型分离株 SNP 系统发育树及质粒和基因热图

Fig. 3 SNP-based phylogenetic tree and heatmap of plasmid profiles and virulence genes for 32 *S. Infantis* isolates

(*arsH*、*arsR*) 和汞抗性基因(*merD*、*merA*、*merC*、*merP*、*merT*、*merR*)仅在婴儿血清型菌株中发现。

在毒力基因方面,检测到共计143种毒力基因,涉及细菌黏附因子、毒力岛1(SPI-1)、毒力岛2(SPI-2)编码的三型分泌系统(type III secretion system, TTSS)、巨噬细胞诱导基因、镁离子与铁离子的摄取、调控及营养代谢功能等多个方面(表2)。婴儿血清型菌株所携带的毒力基因总数均高于肯塔基

血清型菌株,在32株婴儿血清型菌株中,28株携带143种毒力基因(87.5%,28/32),3株携带142种,1株携带140种;而2株肯塔基血清型菌株均仅携带130种毒力基因。此外,TTSS-1相关基因(*sopD2*、*sspH2*)、非菌毛相关黏附因子(*shdA*、*ratB*)和营养/代谢相关因子(*fepC*、*ybtS*、*ybtX*、*ybtQ*、*ybtP*、*ybtA*、*ybtU*、*ybtT*、*ybtE*、*fyuA/psn*)仅在婴儿血清型菌株中发现。

表2 32株婴儿血清型分离株毒力基因注释结果

Table 2 Virulence gene annotation results of 32 *S. Infantis* isolates

类别 Category	数量 Number	毒力基因 Virulence genes
三型分泌系统 T3SS-1 (Type III secretionsystem-1)	42	<i>steA</i> 、 <i>steB</i> 、 <i>sipA/sspA</i> 、 <i>sopA</i> 、 <i>sopB/sigD</i> 、 <i>sopD</i> 、 <i>sopE2</i> 、 <i>avrA</i> 、 <i>espO1-1</i> 、 <i>sptP</i> 、 <i>sipB/sspB</i> 、 <i>sipC/sspC</i> 、 <i>sipD</i> 、 <i>hilC</i> 、 <i>hilD</i> 、 <i>iagB</i> 、 <i>orgA/sctK</i> 、 <i>orgB/SctL</i> 、 <i>sprB</i> 、 <i>hilA</i> 、 <i>invE</i> 、 <i>prgH</i> 、 <i>invA</i> 、 <i>invB</i> 、 <i>invC/sctN</i> 、 <i>invF</i> 、 <i>invG</i> 、 <i>invH</i> 、 <i>invI</i> 、 <i>invJ</i> 、 <i>iacP</i> 、 <i>orgC</i> 、 <i>prgI</i> 、 <i>prgJ</i> 、 <i>prgK</i> 、 <i>sicA</i> 、 <i>sicP</i> 、 <i>spaP</i> 、 <i>spaQ</i> 、 <i>spaO/sctQ</i> 、 <i>spaR</i> 、 <i>spaS</i>
三型分泌系统 T3SS-2 (Type III secretionsystem-2)	44	<i>steC</i> 、 <i>sopD2</i> 、 <i>sspH2</i> 、 <i>pipB2</i> 、 <i>sseL</i> 、 <i>sseK1</i> 、 <i>sifA</i> 、 <i>sseJ</i> 、 <i>sifB</i> 、 <i>pipB</i> 、 <i>sseK2</i> 、 <i>slrP</i> 、 <i>ssaX</i> 、 <i>ssrA</i> 、 <i>ssrB</i> 、 <i>ssaT</i> 、 <i>ssaU</i> 、 <i>sseB</i> 、 <i>spiC/ssaB</i> 、 <i>ssaC</i> 、 <i>ssaD</i> 、 <i>ssaE</i> 、 <i>ssaG</i> 、 <i>ssaH</i> 、 <i>ssaI</i> 、 <i>ssaJ</i> 、 <i>ssaK</i> 、 <i>ssaL</i> 、 <i>ssaM</i> 、 <i>ssaN</i> 、 <i>ssaO</i> 、 <i>ssaP</i> 、 <i>ssaQ</i> 、 <i>ssaR</i> 、 <i>ssaS</i> 、 <i>ssaV</i> 、 <i>sscA</i> 、 <i>sscB</i> 、 <i>sseF</i> 、 <i>sseG</i> 、 <i>sseA</i> 、 <i>sseC</i> 、 <i>sseD</i> 、 <i>sseE</i>
六型分泌系统 T6SS (type VI secretion system)	2	<i>tae4</i> 、 <i>tlde1</i>
菌毛黏附因子 Fimbrial adherence determinants	21	<i>fimA</i> 、 <i>fimW</i> 、 <i>fimH</i> 、 <i>fimI</i> 、 <i>fimY</i> 、 <i>fimZ</i> 、 <i>csgA</i> 、 <i>csgB</i> 、 <i>csgC</i> 、 <i>csgD</i> 、 <i>csgE</i> 、 <i>csgF</i> 、 <i>csgG</i> 、 <i>fimC</i> 、 <i>fimD</i> 、 <i>fimF</i> 、 <i>lpfA</i> 、 <i>lpfB</i> 、 <i>lpfC</i> 、 <i>lpfD</i> 、 <i>lpfE</i>
非菌毛相关黏附因子 Nonfimbrial adherence determinants	5	<i>shdA</i> 、 <i>ratB</i> 、 <i>sinH</i> 、 <i>misL</i> 、 <i>ompA</i>
巨噬细胞诱导基因 Macrophage inducible	1	<i>mig-14</i>
镁离子摄取 Magnesium uptake	2	<i>mgtB</i> 、 <i>mgtC</i>
铁离子摄取 Iron uptake	2	<i>Fur</i> 、 <i>fepG</i>
营养/代谢因子 Nutritional/Metabolic factor	14	<i>allB</i> 、 <i>entB</i> 、 <i>fepC</i> 、 <i>ybtA</i> 、 <i>ybtE</i> 、 <i>ybtP</i> 、 <i>ybtQ</i> 、 <i>ybtS</i> 、 <i>ybtT</i> 、 <i>ybtU</i> 、 <i>ybtX</i> 、 <i>fyuA/psn</i> 、 <i>irp1</i>、<i>irp2</i>
调控因子 Regulation	6	<i>phoP</i> 、 <i>phoQ</i> 、 <i>pmrA</i> 、 <i>pmrB</i> 、 <i>rscB</i> 、 <i>rpoS</i>
免疫调节 Immune modulation	2	<i>galF</i> 、 <i>gndA</i>
未分类 Unclassified	2	<i>acrB</i> 、 <i>ibeC</i>

粗体字为具有携带率差异的毒力基因(不是100%携带)

Virulence genes shown in bold font indicate differential carriage rates (less than 100% prevalence among isolates)

质粒分析结果显示,在PlasmidFinder数据库中
共鉴定出3种质粒复制子。在婴儿血清型菌株中,
质粒IncFIB的检出率均为100%。此外,还在2株
婴儿型菌株中分别检测到质粒pR18、Col156和
ColpVC。

2.4 与全球婴儿血清型沙门菌菌株的遗传关系

以本研究中获得的多重耐药婴儿血清型沙门
菌克隆支系为参照,设置cgMLST差异不超过5个
等位基因位点(cgMLST≤5)作为筛选标准,从全球
10 389株菌株中筛选出667株非克隆型菌株,进一

步开展 SNP 成对距离矩阵分析。结果显示,有 15 株全球来源的婴儿血清型沙门菌与本研究分离株之间的 SNP 差异不超过 20(SNP≤20)(图 4)。这 15 株菌株包括 12 株人源分离株和 3 株鸡源分离株,分别来源于英国、德国、加拿大、澳大利亚和越南

(附表 1,见 OSID 开放科学数据与内容)。综上所述,本研究分离株与国外部分婴儿血清型沙门菌,尤其是人源菌株之间具有高度遗传相似性,提示其可能存在跨国和跨宿主传播风险,并对公共卫生安全构成潜在威胁。

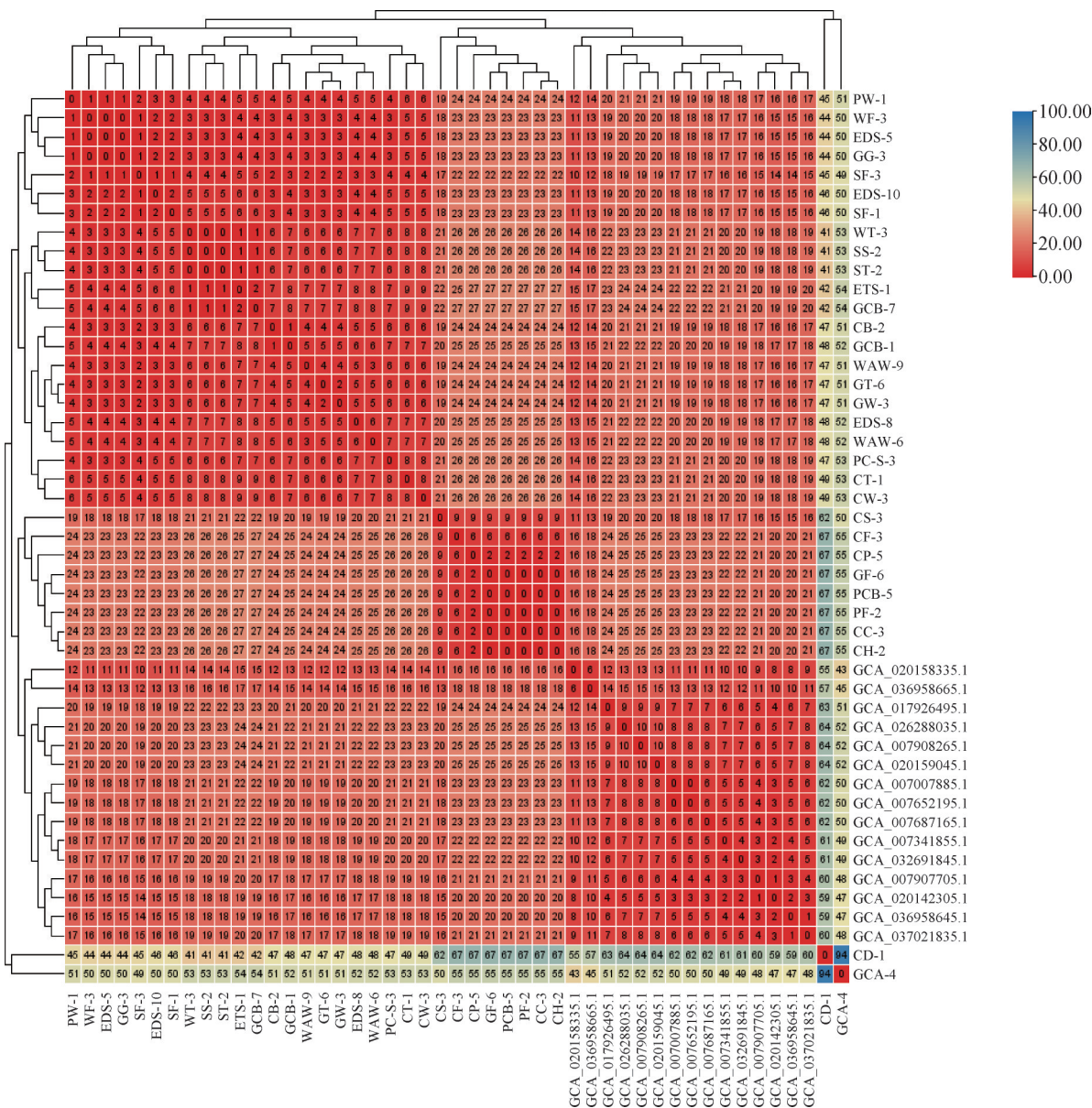


图 4 婴儿血清型分离株和 15 株国外婴儿血清型沙门菌 SNP 矩阵图

Fig. 4 SNP matrix of *S. Infantis* isolates and 15 foreign *S. Infantis* strains

3 讨论

在肉鸡从养殖到餐桌的全链条中,沙门菌对鸡肉及其产品的污染途径主要包括两方面。一是肉鸡生长发育阶段,集中于孵化场与养殖场;二是后续的屠宰、加工及销售环节,其中屠宰场是关键污

染点^[14]。在本次流行病学调查中,肉鸡屠宰场沙门菌总分离率为 55.49%,表明整体污染水平较高,且不同环节间的检出率差异显著。具体而言,预冷消毒区分离率为 20.00%,呈现一定程度的暂时性抑制,可能与预冷消毒区的低温处理和高强度消毒剂使用相关;然而,掏膛区和包装分割区分离率仍高

达 79.25% 和 75.56%, 场内环节间的不同检出率, 表明该屠宰场内沙门菌污染控制水平不稳定。同时, 证实了屠宰场内部存在高度克隆性和传播性污染。在烫伤、拔毛和去内脏等操作时, 屠宰设备、人员接触和污水均可能成为交叉污染的媒介。既往多项研究均证实, 尽管预冷处理可一定程度暂时降低污染, 但后续加工环节仍存在较高的沙门菌检出率^[15], 且屠宰场不同环节间普遍存在沙门菌交叉污染现象^[16]。由此可见, 不能仅以预冷消毒后的检测结果作为最终判断标准, 应优化分割、包装等后续环节的环境卫生与人员消毒管理, 降低各环节间的交叉传播风险, 从而有效提升出场肉鸡的产品安全性。

在现代肉鸡生产过程中, 为防治沙门菌感染, 抗生素的广泛使用已成为一种常见措施。而近年来, 抗生素耐药性问题日益严峻, 全球范围内 MDR 沙门菌株的报道频率持续上升, 尤其是动物源和食源性沙门菌, 对多种抗菌药物的耐药性呈整体加重趋势^[17], 对于喹诺酮类药物、第三、四代头孢菌素类药物的耐药性也逐渐加重, 且该趋势与血清型的类型发展存在相关性^[18]。本次调查的药敏试验结果显示, 该屠宰场分离的 96 株菌株均为 MDR 菌株, 且耐药谱高度相似, 对六大类 9 种抗生素的耐药率都超过 90%, 其中, β -内酰胺类药物 AMP、第三代头孢菌素类药物 EFT 和喹诺酮类药物 NAL, 耐药率均达到 100%。MDR 菌株的传播对食品安全和公共卫生均构成重大威胁, 提示亟需加强抗生素药物合理化使用管理, 建立健全的沙门菌耐药监测体系, 加快沙门菌 MDR 机制的深层次研究。

随着第二代全基因组测序 (whole genome sequencing, WGS) 技术的发展, 测序成本大幅降低, 速度大幅提升, 使得基于提供完整基因组信息的高分辨率分型、可移动基因元件监测和溯源分析在细菌研究中得到广泛应用。本次调查利用 WGS 对 34 株分离菌进行分析, 结果显示优势血清型为婴儿血清型 (32/34), 主要序列类型为 ST32 (30/32)。所有婴儿血清型菌株均为 MDR 菌株, 且均携带 IncFIB 质粒。婴儿血清型沙门菌是非伤寒沙门菌 (non-typhoidal *Salmonella*, NTS) 的重要血清型之一, 自 2011 年以来, 其全球流行率持续上升^[19]。在欧美, 这类携带 pESI 巨质粒的新兴婴儿血清型沙门菌已成为家禽及其肉类中最主要血清型之一, 其流行和污染情况受到重点关注^[20-21]。在亚洲, 多国肉

鸡场均有关于该血清型的报道, 韩国某研究中 pESI 阳性婴儿血清型沙门菌的多重耐药率显著高于 pESI 阴性株^[22-23]; 既往研究已证实, 婴儿菌株的独特抗性特性依赖于 pESI 巨质粒, 该质粒的存在, 可以增强沙门菌在集约环境中的各种抗性^[24]。与此同时, 本次调查检测到婴儿菌株均携带大量耐药基因和毒力基因。其中, 婴儿血清型分离株携带的特有耐药基因包括了对 β -内酰胺类耐药、氨基糖苷类耐药、磺胺类耐药和四环素类耐药的基因, 预测耐药基因型与药敏表型表现出高度一致性, 提示 WGS 在耐药性评估中的可靠性。这些基因与过去不同地区婴儿血清型沙门菌的报道高度吻合, 如 *bla*CTX-M-65 基因曾在智利、中国台湾的分离株中被检测到, 该基因能够编码扩展谱 β -内酰胺酶, 使得沙门菌对第三代头孢菌素等抗生素产生耐药性^[25-26]; 编码氨基糖苷类修饰酶的 *aac*(6')-Iaa 基因和 *ant*(3'')-Ia 基因、以及 *tet*(A) 基因和 *sul1* 基因的组合作, 在俄罗斯和土耳其的肉鸡源分离株中也曾被报道^[27]。而在意大利, 携带 pESI 样质粒的婴儿血清型沙门菌也检测出了编码耐甲氧苄啶的 *dhfr*A14 基因, 这与本次调查结果一致^[28], 表明该血清型具有全球传播潜力。这些耐药基因的存在使得婴儿血清型沙门菌对多种常用抗生素产生耐药性, 增加防治难度。

此外, 本次调查中婴儿血清型分离株携带大量与黏附因子 (包含菌毛相关和非菌毛相关)、营养/代谢功能相关的毒力基因, 这些毒力基因不仅增强了沙门菌在宿主体内的生存能力和致病性, 而且, 通过长度测序技术, 营养/代谢相关毒力基因 (*fyuA*/*psn*, *irp1*, *irp2*, *ybtA*, *ybtE*, *ybtP*, *ybtQ*, *ybtS*, *ybtT*, *ybtU*, *ybtX*) 都已被证实存在于 pESI 巨质粒上^[29]。同时, 在婴儿血清型分离株上还检测到消毒剂抗性基因 *qacE* Δ 1, 这种基因仅存在于检测到 pESI 或 pESI 样巨质粒的沙门菌中^[30], 在一项针对常用消毒剂对婴儿血清型沙门菌的抑菌及抗菌膜作用的研究中, 含有 pESI 质粒的婴儿菌株生物膜含量显著升高, 能赋予其在屠宰场高强度清洗与消毒环境下的生存优势^[31]。与此同时, 本次调查中分离所得婴儿菌株中还检测到了阳离子外排泵基因 *fieF* 和铜 (*golT*, *golS*)、砷 (*arsH*, *arsR*) 和汞 (*merD*, *merA*, *merC*, *merP*, *merT*, *merR*) 基因。铜作为动物必需的微量营养物质, 在家禽饲料中常会添加适量铜以促进家禽生长^[32]。这些基因特性共同表明, 婴

儿血清型沙门菌具备较强的环境适应能力和传播潜力,有助于其在屠宰场等复杂环境中持续存在,并在各环节间快速传播,这可能是其在屠宰场中呈现高检出率及不同环节间高度克隆传播的重要原因,提示该血清型可能在屠宰场形成稳定的传播群体。

更为重要的是,已有研究指出,婴儿血清型沙门菌不仅在全球家禽产业链中有着较高流行率和传播风险,而且与人类感染密切相关,存在跨宿主传播风险^[33]。在本次调查中,婴儿血清型分离株与12株全球人源菌株的高度遗传相似性也证实了这一点。小鼠模型试验表明,婴儿血清型沙门菌的pESI巨质粒可通过质粒介导水平基因转移传播至其他血清型沙门菌或肠道细菌,这意味着上述提及的位于pESI巨质粒上的大量移动抗性基因(mobile resistance genes, MRGs)及其所赋予的耐药性和抗性也有可能传播到其他病原体^[34],提示婴儿血清型沙门菌具有高度传播潜力和公共卫生风险。因此,加强对该血清型的监测与防控,及时发现并降低其在肉鸡与人类之间的传播风险,以减少其对公共卫生的影响。

4 结 论

综上所述,本次调查在广东省某肉鸡屠宰场中分离鉴定出具有潜在公共卫生风险的MDR婴儿血清型沙门菌。结果显示,屠宰流程各环节之间存在明显交叉污染现象。所有MDR婴儿血清型克隆支系均携带pESI巨质粒,并富集多种耐药基因、毒力基因及金属和消毒剂抗性基因。同时,基因组学分析结果提示该血清型菌株可能在肉鸡与人类之间存在潜在传播风险。为保障国内肉鸡产业发展和食品安全,未来应加强对MDR婴儿血清型沙门菌的动态监测和风险评估,尤其提升对屠宰环节的监管和防控措施。

参考文献(References):

- [1] MCDONAGH A, LEIBLER J H, MUKHERJEE J, et al. Frequent human-poultry interactions and low prevalence of *Salmonella* in backyard chicken flocks in Massachusetts[J]. *Zoonoses Public Health*, 2019, 66: 92-100.
- [2] RUSSO I, BENCARDINO D, NAPOLEONI M, et al. Prevalence, antibiotic-resistance, and replicon-typing of *Salmonella* strains among serovars mainly isolated from food chain in Marche Region, Italy[J]. *Antibiotics(Basel)*, 2022, 11(6):725.
- [3] KIM M, BARNETT-NEEFS C, CHAVEZ R A, et al. Risk assessment predicts most of the salmonellosis risk in raw chicken parts is concentrated in those few products with high levels of high-virulence serotypes of *Salmonella*. [J] *Journal of Food Protection*, 2024, 87(7):100304.
- [4] RETA G G, LOPES S M, MARTINS DE AQUINO N S, et al. Quantification of *Salmonella* transfer in cross-contamination scenarios found in chicken slaughterhouses [J]. *Food Microbiol*, 2023, 116: 104347.
- [5] GEORGANAS A, GRAZIOSI G, CATELLI E, et al. *Salmonella enterica* serovar Infantis in broiler chickens; a systematic review and meta-analysis [J]. *Animals(Basel)*, 2024, 14(23):3453.
- [6] GYMOESE P, KIIL K, TORPDAHL M, et al. WGS based study of the population structure of *Salmonella enterica* serovar Infantis[J]. *BMC Genomics*, 2019, 20(1):870.
- [7] MONTONE A M I, CUTARELLI A, PERUZY M F, et al. Antimicrobial resistance and genomic characterization of *Salmonella* Infantis from different sources[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24(6):5492.
- [8] MATTOCK J, CHATTAWAY M A, HARTMAN H, et al. A one health perspective on *Salmonella enterica* serovar Infantis, an emerging human multidrug-resistant pathogen [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2024, 30(4):701-710.
- [9] 李月华, 赵建梅, 张青青, 等. 我国部分地区鸡、猪源沙门氏菌血清型与耐药性比较[J]. *中国动物检疫*, 2018, 35(6):30-36.
LI Y H, ZHAO J M, ZHANG Q Q, et al. Comparison on serotype and drug resistance of *Salmonella* isolated from chickens and pigs in parts of China [J]. *China Animal Health Inspection*, 2018, 35(6):30-36. (in Chinese)
- [10] ZHAO L, LIU G, TANG W, et al. Antimicrobial resistance and genomic characteristics of *Salmonella* from broilers in Shandong Province [J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2023, 10:1292401.
- [11] MENG C, WANG F, XU C, et al. Prevalence and

- transmission of *Salmonella* collected from farming to egg processing of layer production chain in Jiangsu Province, China[J]. *Poult Sci*, 2025, 104(2):104714.
- [12] 国家卫生计生委, 国家食品药品监管总局. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验: GB 4789.4—2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016. National Health and Family Planning Commission, China Food and Drug Administration. National food safety standard-microbiological examination of food-examination of *Salmonella*: GB 4789.4—2016 [S]. Beijing: Standards Press of China, 2016. (in Chinese)
- [13] 高远, 王兰茜, 张丽娜, 等. 广州市农贸市场猪肉源伦敦沙门菌的流行情况及耐药性分析[J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(2):488-497. GAO Y, WANG L Q, ZHANG L N, et al. Characterization of prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* serovar London from markets in Guangzhou[J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2021, 52(2):488-497. (in Chinese)
- [14] 王玉燕, 任士飞, 张林吉, 等. 肉鸡生产链沙门氏菌污染情况调查与分析[J]. 中国家禽, 2023, 45(2):77-82. WANG Y Y, REN SH F, ZHANG L J, et al. Investigation and analysis of *Salmonella* contamination in broiler production Chain[J]. *China Poultry*, 2023, 45(2):77-82. (in Chinese)
- [15] 路立立, 全志琴, 李会, 等. 河南省洛阳市肉鸡养殖和屠宰加工环节沙门氏菌污染及耐药状况[J]. 现代疾病预防控制, 2023, 34(3):220-224. LU L L, TONG Z Q, LI H, et al. Contamination and drug resistance status of *salmonella* in broiler breeding, slaughtering and processing in Luoyang of Henan[J]. *Modern Disease Control and Prevention*, 2023, 34(3):220-224. (in Chinese)
- [16] ZENG H, DE REU K, GABRIËL S, et al. *Salmonella* prevalence and persistence in industrialized poultry slaughterhouses[J]. *Poult Sci*, 2021, 100(4):100991.
- [17] OSIVAND Z, RAHIMI E, SHAKERIAN A, et al. Prevalence, antibiotic resistance, virulence and antimicrobial resistance gene profiles of *Salmonella* species recovered from retail beef and poultry processing environments[J]. *BMC Microbiol*, 2025, 25(1):174.
- [18] 杨君涵, 张晓兵. 沙门氏菌耐药性的研究进展[J]. 临床医学进展, 2025, 15(1):1639-1645. YANG J H, ZHANG X B. Research progress on antimicrobial resistance of *Salmonella*[J]. *Advances in Clinical Medicine*, 2025, 15(1):1639-1645. (in Chinese)
- [19] ALVAREZ D M, BARRÓN-MONTENEGRO R, CONEJEROS J, et al. A review of the global emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Infantis [J]. *Int J Food Microbiol*, 2023, 403:110297.
- [20] MONTORO-DASI L, LORENZO-REBENAQUE L, MARCO-FUERTE A, et al. Holistic strategies to control *Salmonella* Infantis; an emerging challenge in the european broiler sector[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(7):1765.
- [21] TYSON G H, LI C, HARRISON L B, et al. A multidrug-resistant *Salmonella* Infantis clone is spreading and recombining in the United States[J]. *Microb Drug Resist*, 2021, 27(6):792-799.
- [22] DUC V M, NAKAMOTO Y, FUJIWARA A, et al. Prevalence of *Salmonella* in broiler chickens in Kagoshima, Japan in 2009 to 2012 and the relationship between serovars changing and antimicrobial resistance [J]. *BMC Vet Res*, 2019, 15:108.
- [23] KIM M B, JUNG H R, LEE Y J. Emergence of *Salmonella* Infantis carrying the pESI megaplasmid in commercial farms of five major integrated broiler operations in Korea [J]. *Poult Sci*, 2024, 103(4):103516.
- [24] ALBA P, LEEKITCHAROENPHON P, CARFORA V, et al. Molecular epidemiology of *Salmonella* Infantis in Europe: insights into the success of the bacterial host and its parasitic pESI-like megaplasmid [J]. *Microb Genom*, 2020, 6(5):e000365.
- [25] LAPIERRE L, CORNEJO J, ZAVALA S, et al. Phenotypic and genotypic characterization of virulence factors and susceptibility to antibiotics in *Salmonella* Infantis strains isolated from chicken meat: first findings in Chile [J]. *Animals (Basel)*, 2020, 10(6):1049.
- [26] LIAO Y S, WEI H L, KUO H C, et al. Chromosome-borne CTX-M-65 extended-spectrum β -lactamase-producing *Salmonella enterica* serovar Infantis, Taiwan [J]. *Emerg Infect Dis*, 2023, 29(8):1634-1637.
- [27] EGOROVA A, MIKHAYLOVA Y, SAENKO S, et al. Comparative whole-genome analysis of Russian foodborne multidrug-resistant *Salmonella* Infantis

- isolates[J]. *Microorganisms*, 2021, 10(1):89
- [28] DI MARCANTONIO L, ROMANTINI R, MAROTTA F, et al. The current landscape of antibiotic resistance of *Salmonella* Infantis in Italy: the expansion of extended-spectrum β -lactamase producers on a local scale [J]. *Front Microbiol*, 2022, 13: 812481.
- [29] RUSSO I, FISCHER J, UELZE L, et al. From farm to fork: spread of a multidrug-resistant *Salmonella* Infantis clone encoding *blaCTX-M-1* on pESI-like plasmids in Central Italy [J]. *Int J Food Microbiol*, 2024, 410:110490.
- [30] GARCÍA-SOTO S, ABDEL-GLIL MY, TOMASO H, et al. Emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar Infantis of multilocus sequence type 2283 in German broiler farms[J]. *Front Microbiol*, 2020, 11:1741.
- [31] KRANJC K, AVBERŠEK J, ŠEMROV N, et al. *Salmonella* Infantis adhesion to various surfaces and in vitro antimicrobial efficacy of commercial disinfectants [J]. *Pathogens*, 2024, 13(11):999.
- [32] 魏启恒, 陆 唯, 徐 聪, 等. 有机微量元素在畜禽养殖上的应用研究进展[J]. 中国畜牧杂志, 2025, 61(2):15-19.
- WEI Q H, LU W, XU C, et al. Research progress on the application of organic trace elements in livestock animals[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2025, 61(2):15-19. (in Chinese)
- [33] MARTÍNEZ-PUCHOL S, RIVEROS M, RUIDIAS K, et al. Dissemination of a multidrug resistant CTX-M-65 producer *Salmonella enterica* serovar Infantis clone between marketed chicken meat and children[J]. *Int J Food Microbiol*, 2021, 344:109109.
- [34] AVIV G, RAHAV G, GAL-MOR O. Horizontal transfer of the *Salmonella enterica* Serovar Infantis resistance and virulence plasmid pESI to the gut microbiota of warm-blooded hosts [J]. *mBio*, 2016, 7(5):e01395-16.
- (编辑 白永平)