



15种血清型的鸭疫里默氏杆菌毒力基因检测和耐药性分析

李晨阳¹, 张传美², 惠宇韬², 吕莹², 杨敏^{1*}

(1. 甘肃农业大学动物医学院, 兰州 730070; 2. 青岛农业大学动物医学院, 青岛 266109)

摘要: 旨在了解我国部分地区鸭疫里默氏杆菌分离株的耐药性及毒力基因分布情况, 采用K-B法测定15种血清型鸭疫里默氏杆菌对10种临床常用抗菌药物的敏感性, 同时采用PCR技术对不同血清型RA分离株进行了16种耐药基因和16种毒力基因的检测。结果表明, 菌株对阿莫西林的耐药率为93.33%, 对氨苄西林的耐药率为80%; 耐药基因检测结果显示, 四环素类的 *tet(X)* 基因、酰胺醇类的 *floR* 基因、氨基糖苷类的 *aph(3')-II* 基因的检出率分别为93.33%、80%、73.33%。毒力基因检测结果显示, *tctR*、*TbdR1*、*TR*、*CAMP* 和 *AS87-0405* 毒力基因检出率最高, 分别为86.67%、86.67%、80%、73.33%、73.33%。这些分离株对四环素类、喹诺酮类、酰胺醇类药物较敏感, 对 β -内酰胺类药物具有较高的耐药性; 同时这些分离株携带多种毒力基因, 可能预示着其具有较强毒力。以上结果为我国部分地区鸭疫里默氏杆菌病防控提供了一定的参考依据。

关键词: 鸭疫里默氏杆菌; 毒力基因; 耐药基因; 耐药性

中图分类号: S852.61

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2026)01-0360-09

Detection of Virulence Genes and Drug Resistance Analysis of 15 Serotypes of *Riemerella anatipestifer*

LI Chenyang¹, ZHANG Chuanmei², HUI Yutao², LÜ Ying², YANG Min^{1*}

(1. College of Veterinary Medicine, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China;

2. College of Veterinary Medicine, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109, China)

Abstract: In order to understand the drug resistance and virulence gene distribution of *Riemerella anatipestifer* isolates in some areas of China, K-B method was used to determine the sensitivity of 15 serotypes of *R. anatipestifer* to 10 commonly used antibiotics, and PCR technology was used to detect 16 drug resistance genes and 16 virulence genes of different serotypes of *R. anatipestifer* isolates. The results showed that the resistance rates of amoxicillin and ampicillin were 93.33% and 80%, respectively. The detection results of drug-resistant genes showed that the detection rates of *tet(X)* gene of tetracycline, *floR* gene of amide alcohol and *aph(3')-II* gene of aminoglycoside were 93.33%, 80% and 73.33% respectively. The results of virulence gene detection showed that *tctR*, *TbdR1*, *TR*, *CAMP* and *AS87-0405* had the highest detection rates, which were 86.67%, 86.67%, 80%, 73.33% and 73.33% respectively. These isolates are sensitive to tetracyclines, quinolones and amide alcohols, and have high resistance to β -lactams. At the same time, these isolates carry a variety of virulence genes, which may indicate that they have strong virulence. The

收稿日期: 2025-04-16

作者简介: 李晨阳, 博士, 讲师, 主要从事动物病原菌的耐药性研究, E-mail: 1003354610@qq.com

* 通信作者: 杨敏, 主要从事药物化学研究, E-mail: yumy12@163.com

above results provide some reference for the prevention and control of *R. anatipestifer* in some areas of China.

Keywords: *Riemerella anatipestifer*; virulence gene; drug resistance gene; drug-fast

* **Corresponding author:** YANG Min, E-mail: yummy12@163.com

鸭疫里默氏杆菌(*Riemerella anatipestifer*, RA)是引起鸭、鹅等水禽鸭疫里默氏菌病的病原菌,近年来也有引起鸡群发病的报道^[1]。1932年,美国学者在纽约长岛首次发现了鸭疫里默氏杆菌,并将之引起的鸭病称为“新鸭病”^[2]。我国于1975年首次报道该病存在^[3]。1982年,郭玉璞等^[4]首次在国内分离到该病原菌。鸭疫里默氏杆菌引起的疾病具有高死亡率、高淘汰率等特点,对养鸭业危害巨大,已成为对养鸭业危害最为严重的传染病之一^[5]。

鸭疫里默氏杆菌的血清型众多,目前分离鉴定的血清型有21种^[6-8];我国目前已经报道的血清型有18种^[9-10]。由于鸭疫里默氏杆菌各个血清型之间缺乏交叉保护作用,疫苗防控具有一定的局限性,因此采用药物治疗尤为重要。但近年来细菌耐药性问题越来越严重,许多致病菌株已产生多重耐药性,不仅给禽类养殖业用药方案造成了较大困扰,也给人类公共健康带来了潜在的威胁。基于减抗、禁抗的养殖大环境,科学用药在鸭疫里默氏杆菌病的防治中的地位更加突出。

本研究通过对我国部分地区鸭疫里默氏杆菌分离株的药敏试验、耐药基因检测,为该病原菌的合理用药和科学防治提供参考依据。同时,本研究也对该病原菌分离株的毒力基因进行了检测,为探索该病原菌的致病机理提供了基础数据。

1 材料与方法

1.1 试验菌株

2022年9月—2023年12月,自山东、福建、广东、河北、广西五省分离到15种血清型的鸭疫里默氏杆菌,分别是1、2、4、5、6、7、9、10、11、12、13、14、15、16、17型。

采用玻片凝集试验和琼脂扩散沉淀试验两种方法同时对RA分离株进行血清型鉴别,血清型分型鉴别工作由四川农业大学朱德康教授完成。

1.2 主要试剂

TSA(大豆酪蛋白琼脂培养基)、TSB(胰蛋白胨大豆液体培养基)和革兰氏染色液均购自青岛海

博生物技术有限公司;绿色荧光核酸染料购自青岛睿博兴科生物技术有限公司;新生牛血清、50×TAE缓冲液购自北京索莱宝科技有限公司;药敏纸片购自常德比克曼生物科技有限公司;细菌基因组DNA提取试剂盒购自天根生化科技有限公司;DNA Marker购自南京诺维赞生物技术有限公司。

1.3 鸭疫里默氏杆菌鉴定引物

根据GenBank中发表的鸭疫里默氏杆菌16S rRNA基因序列设计引物,扩增片段大小为475 bp^[11]。上游引物RA-001F:5'-TTAGATAG-TTGGTGAGGTAA-3'。下游引物RA-002R:5'-ATCGGTGTTCTGAGTAAT-3'。引物由生工生物青岛有限公司合成。

1.4 耐药基因和毒力基因的检测引物

根据文献[12-14]和GenBank上已公布的序列,确定16种耐药基因和16种毒力基因的引物序列,详见表1、2。

1.5 细菌分离鉴定

1.5.1 细菌分离 无菌取病死鸭的脑组织,在含5%新生牛血清的TSA培养基上划线接种,置5%~10%CO₂的条件下,37℃培养24~48 h,挑取典型菌落(圆形、微隆起、表面光滑、直径1~2 mm无色菌落,革兰染色为短杆状、杆状或丝状革兰阴性菌)纯化1代后保存,并按以下步骤进行鉴定。

1.5.2 PCR鉴定

1.5.2.1 模板制备:挑取待检菌株典型单菌落,溶于100 μL去离子水中,沸水浴5 min,瞬时离心后作为待检模板;挑取已鉴定为鸭疫里默氏杆菌菌株典型单菌落,溶于100 μL去离子水中,沸水浴5 min,瞬时离心后作为阳性对照模板;取去离子水,均立即使用或-15℃以下保存备用。

1.5.2.2 PCR检测:采用25 μL扩增体系。扩增体系:模板5.0 μL,2×PCR Premix 12.5 μL,上游引物1.0 μL(50 pmol),下游引物1.0 μL(50 pmol),去离子水5.5 μL,瞬时离心备用。反应程序:94℃预变性5 min;94℃变性30 s,54℃退火30 s,72℃延伸30 s,30个循环;72℃延伸10 min。扩增结束后,取扩增产物10.0 μL,点样于1%琼脂糖凝胶电泳孔

表1 耐药基因引物序列信息

Table 1 Sequence information of drug resistance gene primers

耐药基因 Resistance gene	引物序列(5'→3') Primer sequences	产物大小/bp Product length	退火温度/℃ Annealing temperature
<i>aac(6')-II</i>	F:TTGCGATGCTCTATGAGTGGCTA R:CTCGAATGCCTGGCGTGTTT	480	52
<i>aph(3')-II a</i>	F:TGACTGGGCACAACAGACA R:TCAAGAAGGCGATAGAAGGC	717	54
<i>aph(3')-II</i>	F:TCTGAAACATGGCAAAGGTAG R:AGCCGTTTCTGTAATGAAGGA	582	54
<i>rmtC</i>	F:CGAAGAAGTAACAGCCAAAG R:ATCCCAACATCTCTCCCACT	711	55
<i>tet(A)</i>	F:GCGCCTTTTCTTTGGGTTCT R:CCACCCGTTCCACGTTGTTA	831	51
<i>tet(B)</i>	F:CATTAATAGGCGCATCGCTG R:TGAAGGTCATCGATAGCAGG	930	55
<i>tet(C)</i>	F:GCTGTAGGCATAGGCTTGGT R:GCCGGAAGCGAGAAGAATCA	888	55
<i>tet(X)</i>	F:ATGACAATGCGAATAGATACAGAC R:CAATTGCTGAAACGTAAAGTC	1 167	53
<i>blaSHV</i>	F:CACTCAAGGATGTATTGTG R:TTAGCGTTGCCAGTGCTCG	885	55
<i>blaDHA</i>	F:AACTTTCACAGGTGTGCTGT R:CCGTACGCATACTGGCTTTC	387	56
<i>qnrA</i>	F:ATTTCTCACGCCAGGATTTG R:GATCGGCAAAGGTTAGGTCA	516	58
<i>qnrB</i>	F:GATCGTGAAAGCCAGAAAGG R:ACGATGCCTGGTAGTTGTCC	469	58
<i>qnrS</i>	F:ACGACATTCGTCAACTGCAA R:TAAATTGGCACCCTGTAGGC	417	53
<i>Sul1</i>	F:GTGACGGTGTTCGGCATTCT R:CCGAGAAGGTGATTGCGCT	779	68
<i>Sul2</i>	F:CCTGTTTTCGTCCGACACAGA R:GAAGCGCAGCCGCAATTCAT	435	51
<i>FloR</i>	F:CTGAGGGTGTCTGTCATCTAC R:GCTCCGACAATGCTGACTAT	673	58

中,以150~200 V电压于1倍TAE电泳缓冲液中电泳,用凝胶成像仪观察结果。

结果判定:阳性对照应出现475 bp的目的条带,而阴性对照应无此条带。待检样品出现与阳性对照位置一致的条带,则判定为阳性;否则判定为阴性。

1.6 菌株耐药性检测

参照美国临床和实验室标准协会(Clinical & Laboratory Standards Institute)的Kirby-Bauer法,结合临床用药实际,对鸭疫里默氏杆菌分离株进行阿莫西林、氨苄西林、恩诺沙星等10种药物的敏感性试验,测量抑菌圈直径,根据药敏纸片使用说明书

表2 毒力基因引物序列信息

Table 2 Sequence information of virulence gene primers

目的基因 Target genes	引物序列(5'→3') Primer sequences	产物大小/bp Product length	退火温度/℃ Annealing temperature
<i>luxC</i>	F:CGCGGATCCATGAATATCAGTATTTAAAATTTTC R:CGCGTCGACTTAGTCTATGGTTCTTAGAAAAG	1 035	52
<i>luxr1</i>	F:CGCGGATCCATGGAAGATATCAATGGTTTT R:CGCGTCGACTTAAATCAGTTTATTAATTTTAGC	759	52
<i>AMT</i>	F:CGCGGATCCATGAATATGTTTTTGTAGACG R:CGCGTCGACTCAATCATAATGAAATCTGC	258	52
<i>luxE</i>	F:CGCGGATCCATGCCTTCTATTTTTTGATATTA R:CGCGTCGACCTAAGAAACCAAAAGGCTAC	999	52
<i>IS1</i>	F:CGCGGATCCATGATAGAAATTAAGACCTTG R:CGCGTCGACCTAATACCAAAAATATATTTTC	654	52
<i>tctR</i>	F:CGCGGATCCATGAGCAACAGGATATTATT R:CGCGTCGACTTAATTTTTTAAGTAGAAGCC	687	52
<i>lipidA</i>	F:CGCGGATCCATGCTAAATAATATCCTTTT R:CGCGTCGACTTTATTGTTTAGCAAAAGTT	885	52
<i>TR</i>	F:CGCGGATCCATGGAAGATATCAATGGTTTT R:CGCGTCGACTTAAATCAGTTTATTAATTTTAGC	759	52
<i>cwaH</i>	F:CGCGGATCCATGAGAAGATTTATTGGTTTT R:CGCGTCGACTTAAAGTATTCTTTTTTGCAA	522	52
<i>CAMP</i>	F:ATGAAACAATCTATTATCTTAGGTA R:TTACTTTGCATTTAACTCATATC	1 026	55
<i>TbdR1</i>	F:TCGTGGGGCAATCTAAACTAAGC R:AGCCCTGCCCCAACATCATAA	427	55
<i>wza</i>	F:AGTCTTTAGACAAGTAGATGCC R:TTACTTTGCATTTAACTCATATC	936	50
<i>AS87-0405</i>	F:AGGCCGCTTTAGGTTCTGTTC R:CTTCGCCTATTTTCTCATCGTATTT	585	55
<i>SIP</i>	F:ATGCCTAAGACACCGAAATGGATG R:TTACAAACCTTGTTTTCTTCCACC	729	55
<i>luxr2</i>	F:CGCGGATCCATGGGGGATTTTGACGGT R:CGCGTCGACTTACACTAATTTATTAATTTTAG	759	52
<i>Fur</i>	F:ATGGAACATCAAGAGAAAGATATAG R:TTATGCTTTTTTATGACCGTAGA	468	49

和 CLSI 的药敏判定标准,分别以 R(耐药)、I(中介)、S(敏感)对其耐药性进行评价。参照 Magiorakos 等^[11]对多重耐药性的定义,对 3 种及以上药物耐药定义为多药耐药菌株^[15]。

1.7 耐药基因和毒力基因的检测

根据文献[12-14]方法进行鉴定。

2 结 果

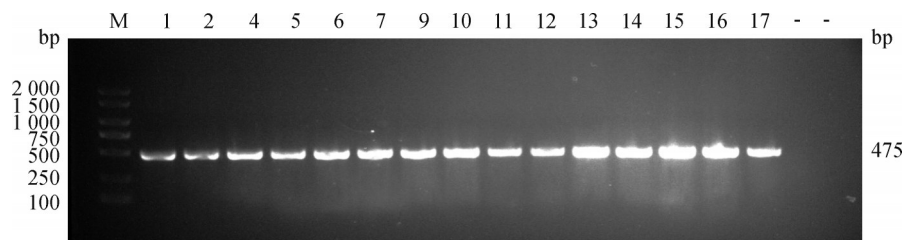
2.1 细菌分离鉴定

经过分离、纯化、PCR 鉴定和血清型分型,确认分离菌株为鸭疫里默氏杆菌。菌株背景信息、鉴定结果详见表 3,部分 PCR 鉴定结果见图 1。

表 3 鸭疫里默氏杆菌临床分离菌株信息表

Table 3 Information of clinical isolates of *Riemerella anatipestifer*

序号 No.	地区 District	分离时间 Isolation time	家禽品种 Breed	日龄/d Age (Day)	血清型 Serotype
1	福建	2022-09	肉鸭	282	14
2	山东	2022-10	肉鸭	34	6
3	山东	2022-10	肉鸭	29	11
4	山东	2022-10	肉鸭	33	13
5	河北	2022-10	肉鸭	27	12
6	河北	2022-11	肉鸭	32	10
7	广东	2022-11	肉种鸡	56	4
8	广西	2022-12	肉鸭	32	16
9	广东	2023-01	鹅	18	1
10	山东	2023-02	肉鸭	24	15
11	广西	2023-12	肉鸭	20	5
12	山东	2022-09	肉鸭	27	17
13	河北	2023-08	蛋鸡	250	7
14	山东	2023-05	肉鸭	24	9
15	福建	2023-12	肉鸭	18	2



M. DL2000 DNA 相对分子质量标准;1-17. 不同血清型菌株样品;- . 阴性对照

M represents DL2000 marker; 1-17 represent strains sample of different serotypes; - represents negative control

图 1 部分分离菌 PCR 鉴定结果

Fig. 1 PCR identification of isolated strains

2.2 耐药性检测

15 种不同血清型鸭疫里默氏杆菌对临床常用的 10 种抗菌药物的耐药情况见表 4。可以看出,分离菌株对 10 种抗菌药物存在不同程度的耐药性。其中,对阿莫西林耐药率最高,达到 93.33%,其次,对氨苄西林(80%)、复方新诺明(73.33%)、链霉素(26.67%)的耐药率也较高,而对四环素类、喹诺酮类、酰胺醇类药物则比较敏感。

2.3 耐药基因检测

对 15 种不同血清型的鸭疫里默氏杆菌进行 16 种耐药基因检测,结果如表 5 所示。其中,*tet*(X)、*floR*、*aph*(3')-Ⅱ 三种耐药基因的检出率均大于 70%,分别为 93.33%、80%、73.33%。*aac*(6')-Ⅱ、

tet(C)、*qnrB*、*Sul1*、*Sul2* 五种耐药基因的检出率均为 6.67%,其余未检出。

2.4 毒力基因检测

对分离的 15 种不同血清型的鸭疫里默氏杆菌进行 16 种毒力基因检测,结果如表 6 所示。其中,毒力基因 *tctR*、*CAMP*、*TbdR1* 分别高达 86.67%、80%、86.67%;毒力基因 *TR*、*SIP* 的检出率为 73.33%、73.33%;毒力基因 *luxC* 的检出率最低,仅为 6.67%。此外,血清型 10 型、13 型鸭疫里默氏杆菌携带毒力基因数量最多,均为 13 种,14 型检出 12 种,6 型检出 11 种,5 型鸭疫里默氏杆菌毒力基因检出数量最少,仅检出 4 种。

表4 分离菌的药敏试验结果

Table 4 Drug susceptibility test results of isolated strains

药物名称 Drug name	血清型 Serotype															耐药率/% Drug resistance rate
	1	2	4	5	6	7	9	10	11	12	13	14	15	16	17	
链霉素 Streptomycin	S	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	26.67
庆大霉素 Gentamicin	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	13.33
多西环素 Doxycycline	S	S	I	R	R	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	13.33
替加环素 Tigecycline	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	0
氨苄西林 Ampicillin	R	R	R	S	R	R	R	I	R	R	R	R	R	R	S	80
阿莫西林 Amoxicillin	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	I	R	R	93.33
恩诺沙星 Enrofloxacin	S	S	S	S	S	I	S	S	I	S	R	S	R	S	I	13.33
环丙沙星 Ciprofloxacin	S	S	S	S	S	I	R	S	I	S	I	S	I	S	S	6.67
复方新诺明 Co-trimoxazole	S	R	R	S	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	73.33
氯霉素 Chloramphenicol	S	I	I	S	S	S	S	S	S	I	S	S	R	S	S	6.67

R. 耐药;S. 敏感;I. 中介

R represents resistant; S represents susceptible; I represents intermediate

表5 分离菌耐药基因检测结果

Table 5 Detection rate of resistance genes of isolated strains

耐药基因 Resistance gene	血清型 Serotype																检出率/% Detection
	1	2	4	5	6	7	9	10	11	12	13	14	15	16	17	rate	
<i>aac</i> (6')-Ⅱ			+													6.67	
<i>aph</i> (3')-ⅡLa																	
<i>aph</i> (3')-Ⅱ	+			+	+	+	+	+	+		+	+		+	+	73.33	
<i>rmtC</i>																	
<i>tet</i> (A)																	
<i>tet</i> (B)																	
<i>tet</i> (C)												+				6.67	
<i>tet</i> (X)		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	93.33	
<i>bla</i> SHV																	
<i>bla</i> DHA																	
<i>qnr</i> A																	
<i>qnr</i> B											+					6.67	
<i>qnr</i> S																	
<i>Sul</i> 1			+													6.67	
<i>Sul</i> 2			+													6.67	
<i>flo</i> R	+	+				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	80	
合计 Total	2	2	4	2	2	3	3	3	3	2	4	4	2	3	3		

表6 分离菌毒力基因检测结果

Table 6 Detection rate of Virulence genes of isolated strains

毒力基因 Virulence genes	血清型 Serotype																检出率/% Detection rate
	1	2	4	5	6	7	9	10	11	12	13	14	15	16	17		
<i>luxC</i>															+	6.67(1/15)	
<i>luxr</i>					+							+			+	20.00(3/15)	
<i>AMT</i>					+			+			+	+				26.67(4/15)	
<i>luxE</i>	+				+	+	+	+	+	+	+					53.33(8/15)	
<i>IS1</i>					+		+		+	+	+	+		+		46.67(7/15)	
<i>tctR</i>	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	86.67(13/15)	
<i>lipidA</i>							+	+	+	+	+	+		+		46.67(7/15)	
<i>TR</i>	+	+			+	+		+	+	+	+	+		+	+	73.33(11/15)	
<i>cwaH</i>	+					+		+	+		+	+			+	46.67(7/15)	
<i>CAMP</i>	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	+		+		80(12/15)	
<i>TbdR1</i>		+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	86.67(13/15)	
<i>wza</i>				+	+			+			+				+	33.33(5/15)	
AS87-0405		+	+	+			+	+		+		+		+		53.33(8/15)	
<i>SIP</i>	+		+		+	+	+	+	+		+	+		+	+	73.33(11/15)	
<i>luxr2</i>			+					+			+					20.00(3/15)	
<i>Fur</i>					+	+	+	+	+		+	+				46.67(7/15)	
合计 Total	6	5	5	4	11	8	9	13	9	8	13	12	1	8	8		

3 讨论

药敏试验结果显示,本研究中鸭疫里默氏杆菌普遍对阿莫西林、氨苄西林、复方新诺明和链霉素等药物具有一定的耐药性,而对四环素类、喹诺酮类、酰胺醇类药物的耐药率较低。所以在临床用药要尽量避免使用阿莫西林、氨苄西林、复方新诺明和链霉素等药物。

本研究中,16种耐药基因检测出8种,耐药表型与耐药基因的相关性不尽相同。本研究中鸭疫里默氏杆菌对 β -内酰胺类药物的耐药表型为高度耐药,而所有分离株均未检测出 β -内酰胺类耐药基因*bla* SHV、*bla* DHA,这可能是菌株通过其他机制介导耐药或同类的其他耐药基因介导有关^[16]。此外,RA分离株对磺胺类药物复方新诺明耐药率为73.33%,而磺胺类耐药基因中,*sul* 1和*sul* 2检出率均为6.67%,由此可以推断, β -内酰胺类、磺胺类耐药基因阳性率与耐药率的相关性较差,这可能是基因隐性表达、基因不表达或其他外界环境因素所致。值得注意的是,15种不同血清型鸭疫里默氏杆

菌*tet*(X)耐药基因阳性率高达93.33%(14/15),*tet*(X)是一种黄素依赖的单加氧酶,可以在有氧和NADPH的作用下对四环素进行化学修饰,使其失去活性。这种修饰作用包括临床上应用的替加环素等四环素类抗生素。有研究发现,RA可以携带多种*tet*型耐药基因,并且可能是*tet*(X)基因的源头宿主,同时扮演着*tet*(X)家族传播至临床病原菌的关键角色^[17-18]。不同亚型的*tet*(X)基因可能从鸭传播到其他动物以及人类身上,对于养殖场从业人员来说,长期暴露在携带*tet*(X)细菌污染的环境中可能存在潜在风险。

鸭疫里默氏杆菌的致病性与其携带的毒力基因种类和数量密切相关。本研究选取16种毒力相关基因进行鉴定,16种基因全部被检出。其中,*tctR*、*CAMP*、*TbdR1*、*TR*、*SIP*检出率在70%以上。血清型6型、10型、13型、14型检出的毒力基因数量分别是11种、13种、13种、12种,不同血清型致病性强弱是否因为这些毒力基因共同作用的结果还有待研究。

4 结 论

本研究中的15种血清型鸭疫里默氏杆菌对 β -内酰胺类药物耐药性强,分离菌株毒力基因种类多样,*tet*(X)耐药基因检出率高。基于*tet*(X)在鸭疫里默氏杆菌中的高度流行,有必要对其通过鸭疫里默氏杆菌传播到其他临床病原菌的可能性进一步研究。

参考文献(References):

- [1] 李富祥,赵文华,宋建领,等. 鸡源鸭疫里默氏杆菌的分离鉴定及*ompA*基因遗传进化分析[J]. 中国兽医学报,2021,41(2):253-258.
LI F X, ZHAO W H, SONG J L, et al. Isolation and identification of *Riemerella anatipestifer* from Chickens and genetic evolutionary analysis of its *ompA* gene. 1[J]. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 2021, 41(2):253-258. (in Chinese)
- [2] CHEN S, ZENG X, ZHENG X, et al. Identification of a highly pathogenic *Riemerella anatipestifer* strain causing duck spleen marble-like necrosis disease in China[J]. *Microb Pathog*, 2024, 196:106912.
- [3] 欧芳杏,张 霞,陈佳琪,等. 2021—2023年贵州省鸭疫里默氏杆菌病流行病学调查[J]. 中国畜禽种业, 2024, 20(6):110-119.
OU F X, ZHANG X, CHEN J Q, et al. Epidemiological survey of *Riemerella anatipestifer* disease in guizhou province from 2021 to 2023 [J]. *Chinese Journal of Livestock and Poultry Breeding*, 2024, 20(6):110-119. (in Chinese)
- [4] 郭玉璞,陈德威,范国雄,等. 北京鸭小鸭传染性浆膜炎的调查研究[J]. 畜牧兽医学报,1982,2:35-41.
GUO Y P, CHEN D W, FAN G X, et al. Investigation and study on infectious serositis in ducklings of Peking duck [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 1982, 2:35-41. (in Chinese)
- [5] YANG Z, YANG X, WANG M, et al. Genome-wide association study reveals serovar-associated genetic loci in *Riemerella anatipestifer* [J]. *BMC Genomics*, 2024, 25(1):57-57.
- [6] RYLL M, HINZ K H. Exclusion of strain 670/89 as type strain for serovar 20 of *Riemerella anatipestifer* [J]. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr*, 2000, 113(2):65-66.
- [7] PATHANASOPHON P, PHUEKTES P, TANTICHAROENYOS T, et al. A potential new serotype of *Riemerella anatipestifer* isolated from ducks in Thailand [J]. *Avian Pathol*, 2002, 31(3):267-270.
- [8] PATHANASOPHON P, SAWADA T, TANTICHAROENYOS T. New serotypes of *Riemerella anatipestifer* isolated from ducks in Thailand [J]. *Avian Pathol*, 1995, 24(1):195-199.
- [9] 陈国权,吴征卓,姚碧琼,等. 鸭疫里默氏杆菌贵州流行株的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国兽医科学, 2020, 50(6):731-739.
CHEN G Q, WU Z Z, YAO B Q, et al. Isolation, identification and drug resistance analysis of *Riemerella anatipestifer* epidemic strains in Guizhou [J]. *Chinese Veterinary Science*, 2020, 50(6):731-739. (in Chinese)
- [10] 程安春,汪铭书,陈孝跃,等. 我国鸭疫里默氏杆菌血清型调查及新血清型的发现和病原特性[J]. 中国兽医学报,2003,4:320-323.
CHENG A C, WANG M S, CHEN X Y, et al. Serotype survey of *Riemerella anatipestifer* in China, discovery of new serotypes and pathogen characteristics [J]. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 2003, 4:320-323. (in Chinese)
- [11] 祝希辉,李艳兰,王志伟,等. 1株鸭疫里默氏杆菌的全基因组测序及耐药性与遗传进化分析[J]. 中国畜牧兽医,2023,50(3):1140-1149.
ZHU X H, LI Y L, WANG Z W, et al. Whole-genome sequencing of one strain of *Riemerella anatipestifer* and analysis of its drug resistance and genetic evolution [J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2023, 50(3):1140-1149. (in Chinese)
- [12] 张旭财,李燕红,陆毅兴,等. 广东肇庆地区鸭疫里默氏杆菌耐药性和毒力基因分析及ERIC-PCR分型研究[J]. 中国动物传染病学报,2022,30(4):39-47.
ZHANG X C, LI Y H, LU Y X, et al. Analysis of drug resistance, virulence genes and ERIC-PCR typing of *Riemerella anatipestifer* in Zhaoqing area, Guangdong province [J]. *Chinese Journal of Animal Infectious Diseases*, 2022, 30(4):39-47. (in Chinese)
- [13] 张 燕. 鸭疫里默氏杆菌安徽分离株耐药性分析与致病性研究[D]. 扬州:扬州大学,2022.
ZHANG Y. Analysis of drug resistance and study on

- pathogenicity of *Riemerella anatipestifer* isolates from Anhui[D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2022. (in Chinese)
- [14] 王小兰. 鸭疫里默氏杆菌烟酰胺酶基因的鉴定及功能研究[D]. 北京:中国农业科学院, 2018.
- WANG X L. Identification and functional study of the nicotinamidase gene in *Riemerella anatipestifer* [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2018. (in Chinese)
- [15] MAGIORAKOS A P, SRINIVASAN A, CAREY R B, et al. Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance [J]. *Clin Microbiol Infect*, 2012, 18 (3) : 268-281.
- [16] 常陈星, 刘美含, 杨跃飞, 等. 鸭疫里默氏杆菌氨基糖苷类药物的耐药性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2020, 13:101-103, 108.
- CHANG C X, LIU M H, YANG Y F, et al. Analysis of drug resistance of *Riemerella anatipestifer* to aminoglycoside antibiotics [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2020, (13) : 101-103, 108. (in Chinese)
- [17] ZHU D, LUO H, LIU M, et al. Various profiles of tet genes addition to tet (X) in *Riemerella anatipestifer* isolates from ducks in China [J]. *Front Microbiol*, 2018, 9:585.
- [18] TAO M, WANG J, LI K, et al. Development of signature tagged mutagenesis in *Riemerella anatipestifer* to identify genes essential for survival and pathogenesis [J]. *Vet Microbiol*, 2020, 250:108857.
- (编辑 白永平)