· 实验技术 ·

呼和浩特市腹泻病例沙门菌基因组特征分析

王燕飞[1]，邢丽萍[1]，杜小莉[2]，陈延莹[2]，杨海荣[1]，邢方超[1]，李萍[1]，崔志刚[2]

1.呼和浩特市疾病预防控制中心（呼和浩特市卫生监督所），内蒙古 呼和浩特 010020；2.中国疾病预防控制中心，北京 102206

摘要：目的 分析呼和浩特市腹泻病例沙门菌的全基因组特征，为沙门菌感染防控和临床合理用药提供依据。**方法** 从2021—2023年呼和浩特市国家食源性疾病监测哨点医院门诊的急性腹泻病例粪便标本中分离并鉴定沙门菌，提取DNA进行全基因组测序。基于Microobench病原微生物基因组分析系统，采用生物信息学方法分析沙门菌的血清型、多位点序列分型、耐药基因和毒力基因；通过NCBI Genome数据库下载60株来自我国各地的沙门菌序列，基于核心基因组多位点序列分型构建系统发育树，分析呼和浩特市与全国菌株的系统发育关系。**结果** 2021—2023年呼和浩特市42株沙门菌涵盖12种血清型，ST11型肠炎沙门菌、ST34型沙门菌I 4,[5],12:i:-和ST19型鼠伤寒沙门菌是优势菌株，分别为13、10和6株，占30.95%、23.81%和14.29%。检测到12类77种耐药基因，17株沙门菌氟喹诺酮类耐药基因决定区存在*gyrA*和*parC*位点突变导致的氨基酸替换。毒力基因覆盖沙门菌致病性全过程，与附着相关的毒力基因较多。系统发育树分析结果显示，呼和浩特市42株沙门菌分散在A、B、C、D和F进化分支中，与全国60株沙门菌聚类，存在跨地区传播的可能。**结论** 呼和浩特市沙门菌血清型多样，携带多种耐药基因和毒力基因，具有高度的遗传多样性，存在跨区域传播风险，需加大监测与防控力度。

关键词：沙门菌；全基因组测序；耐药基因；毒力基因

中图分类号：R378.2 **文献标识码：**A **文章编号：**2096-5087（2026）02-0211-06

Genomic characteristics of *Salmonella* among diarrhea cases in Hohhot City

WANG Yanfei[1], XING Liping[1], DU Xiaoli[2], CHEN Yanying[2], YANG Hairong[1], XING Fangchao[1], LI Ping[1], CUI Zhigang[2]

1.Hohhot Center for Disease Control and Prevention (Hohhot Institute of Public Health Supervision), Hohhot, Inner Mongolia 010020, China; 2.Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Abstract: Objective To analyze the whole genome characteristics of *Salmonella* in diarrhea cases in Hohhot City, so as to provide the evidence for the prevention and control of S*almonella* infection and rational clinical use of antibiotics. **Methods** *Salmonella* strains were isolated and identified from fecal specimens of acute diarrhea cases at sentinel hospitals for national foodborne disease surveillance in Hohhot City from 2021 to 2023. DNA was extracted for whole genome sequencing. Bioinformatics analysis based on the Microobench Pathogen Genome Analysis System was conducted to determine serotypes, multi-locus sequence typing (MLST), drug resistance genes, and virulence genes. Additionally, 60 *Salmonella* genomic sequences from different regions across China were downloaded from the NCBI Genome database. A phylogenetic tree was constructed based on core-genome MLST (cgMLST) to analyze the phylogenetic relationship between strains from Hohhot City and those from other regions of China. **Results** From 2021 to 2023, a total of 42 *Salmonella* strains isolated in Hohhot City were classified into 12 serotypes. *Salmonella* Enteritidis ST11, *Salmonella* I 4,[5],12:i:- ST34, and *Salmonella* Typhimurium ST19 were identified as the dominant strains, represented by 13, 10, and 6 isolates, which accounted for 30.95%, 23.81%, and 14.29%, respectively. Seventy-seven drug resistance genes belonging to 12 classes were detected. Among them, 17 *Salmonella* strains carried amino acid substitutions in the fluoroquinolone resistance-determining region caused by mutations at the *gyrA* and *parC* loci. Virulence genes covered all stages of *Salmonella* pathogenesis, with a predominance of genes associated with adhesion. Phylogenetic tree analysis re-

DOI：10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2026.02.021

基金项目：国家生物安全大数据支撑关键技术研究及体系建设项目（2022YFC2602300）

作者简介：王燕飞，硕士，卫生检验技术师，主要从事微生物检验工作

通信作者：崔志刚，E-mail：cuizhigang@icdc.cn

sults revealed that the 42 *Salmonella* strains from Hohhot City were distributed across evolutionary branches A, B, C, D, and F. They clustered with 60 strains from other regions of China, suggesting potential cross-regional transmission. **Conclusions** *Salmonella* strains isolated in Hohhot City exhibited diverse serotypes, carried multiple drug resistance genes and virulence genes, and displayed high genetic diversity. These findings indicate a potential risk of cross-regional transmission, highlighting the need for enhanced surveillance and prevention measures.

Keywords: *Salmonella*; whole genome sequencing; antibiotic resistance gene; virulence gene

沙门菌是一种重要的食源性致病菌，可感染人和动物，主要通过受污染的肉类、蛋类和水源传播，可引起腹泻、呕吐、发热和恶心等症状，甚至可以侵入血液，引起婴幼儿、老年人和孕妇等免疫力低下人群出现严重且危及生命的菌血症。感染沙门菌后，感染者通常在6 h~6 d内出现症状，病程约4~7 d，临床上主要通过检测病例的粪便、血液或呕吐物标本鉴定病原体。研究表明，沙门菌致病性与多种毒力因子相互作用，包括毒力岛毒力因子、质粒毒力因子、结构性毒力因子和肠毒素毒力因子等[1]。抗生素药物存在于动植物体内和环境中，易导致食源性和人源性沙门菌产生耐药性，甚至多重耐药性，为菌株传播预防和临床治疗带来严峻挑战[2]；同时，畜牧业中使用的消毒剂也会使致病菌产生相应的耐药性，形成耐消毒剂菌株[3]。呼和浩特市是我国重要的畜牧业和食品加工业基地，相关监测结果显示，该地区沙门菌菌株耐药性严重[4-5]，存在食源性疾病暴发的潜在风险。本研究采用全基因组测序技术，分析2021—2023年呼和浩特市腹泻病例粪便标本中分离的沙门菌全基因组特征，为沙门菌感染防控和临床合理用药提供依据。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

沙门菌菌株分离自2021—2023年呼和浩特市国家食源性疾病监测哨点医院门诊的急性腹泻病例粪便标本。

1.2 主要仪器与试剂

细菌培养箱（太仓艺斯高医疗器械科技有限公司IFA-240-8）；核酸提取仪（西安天隆科技有限公司GeneRotex 96）；高通量测序仪（华大智造DNBSEQ-G99）。木糖赖氨酸脱氧胆酸盐琼脂培养基（北京陆桥）；营养琼脂培养基（北京陆桥）；沙门菌显色培养基（法国科玛嘉）；API 20E生化试剂盒（法国生物梅里埃）；沙门菌属诊断血清（丹麦SSI）；细菌基因组DNA提取试剂盒（天隆科技）；MGIEasy Fast酶切文库制备模块、DNBSEQ一步法DNB制备试剂盒、测序试剂均使用DNBSEQ-G99高通量测序试剂套装。

1.3 方法

1.3.1 菌株分离与鉴定

依据2021—2023年《国家食源性疾病监测工作手册》中沙门菌检验标准操作程序，用肛拭子蘸取少量标本，直接放入增菌液管中，36 ℃增菌24 h。轻摇增菌液管，取1环增菌液划线接种于沙门菌显色培养基和木糖赖氨酸脱氧胆酸盐琼脂培养基，36 ℃培养24 h，选取3~5个可疑菌落经营养琼脂培养基纯培养后，接种API 20E生化试剂盒进行生化鉴定，并开展血清学试验。以生化鉴定和血清学凝集阳性的菌株为沙门菌。

1.3.2 全基因组提取和测序

取沙门菌纯培养物，按照试剂盒说明书提取DNA，经Qubit定量仪检测DNA含量，经DNA完整性及纯度检测合格后，吸取100 ng DNA构建DNA文库。质检合格dsDNA文库，经滚环扩增获得DNA纳米球。使用高通量测序仪进行测序并分析，采用PE150测序策略，测序深度100×，菌株下机数据量在1 G左右，确保基因组分析质量。

1.3.3 生物信息学分析

将测序结果上传Microbench病原微生物基因组分析系统（中国中微数创），使用FastQC对原始序列进行质量控制，使用SPAdes v.3.15.4去污染组装，并通过沙门菌血清型预测、耐药基因和毒力基因注释（一致性≥90.00%，覆盖度≥90.00%），以及多位点序列分型（multi-locus sequence typing，MLST），获得菌株的血清型、耐药基因、毒力基因和序列型（sequence typing，ST）。通过NCBI Genome数据库下载参考基因组ASM694v2和60株来自我国各地的沙门菌序列，基于核心基因组多位点序列分型（core genome MLST，cgMLST）构建进化树，获得本地与其他地菌株的进化关系分析图[6]；通过Chiplot网站（https://www.chiplot.online）编辑进化树和热图。

2 结 果

2.1 沙门菌检出情况

2021—2023年分别采集559、735和499份粪

便标本，检出沙门菌16、17和9份，检出率分别2.86%、2.31%和1.80%。采集男性标本958份，检出沙门菌27份，检出率为2.82%；女性835份，检出沙门菌15份，检出率为1.80%。分别采集0~<4岁、4~<18岁和≥18岁标本946、373和474份，检出沙门菌28、10和4份，检出率为2.96%、2.68%和0.84%。5月和6月采集标本较多，分别为498和354份，检出沙门菌6和17份，检出率为1.20和4.80%。

2.2 血清型预测和MLST分析

42株沙门菌属7个血清群12种血清型。7个血清群包括B群、C1群、C3群、D群、E1群、E4群和其他群，其中B群最多，20株占47.62%。12种血清型包括肠炎沙门菌、沙门菌I 4,[5],12:i:-、鼠伤寒沙门菌、阿贡纳沙门菌、肯塔基沙门菌、奥雷宁堡沙门菌、里森沙门菌、蒙得维的亚沙门菌、德尔卑沙门菌、伦敦沙门菌、山夫登堡沙门菌和浦那沙门菌，其中肠炎沙门菌、沙门菌I 4,[5],12:i:-和鼠伤寒沙门菌是2021—2023年呼和浩特市腹泻病例主要菌型，分别检出13、10和6株，占30.95%、23.81%和14.29%。42株沙门菌包含13种ST型，检出率前3位的ST型别分别为ST11、ST34和ST19，除阿贡纳沙门菌同时有ST13和ST1549外，其他血清型的沙门菌仅有1种ST型。见表1。

表1 2021—2023年呼和浩特市腹泻病例沙门菌血清型和MLST构成

Table 1 Composition of *Salmonella* serotypes and MLST among diarrhea cases in Hohhot City from 2021 to 2023

血清型	血清群	MLST型	数量	构成比/%
肠炎沙门菌	D群	ST11	13	30.95
沙门菌I 4,[5],12:i:-	B群	ST34	10	23.81
鼠伤寒沙门菌	B群	ST19	6	14.29
阿贡纳沙门菌	B群	ST13(2)和ST1549(1)	3	7.14
肯塔基沙门菌	C3群	ST198	2	4.76
奥雷宁堡沙门菌	C1群	ST23	2	4.76
里森沙门菌	C1群	ST469	1	2.38
蒙得维的亚沙门菌	C1群	ST316	1	2.38
德尔卑沙门菌	B群	ST40	1	2.38
伦敦沙门菌	E1群	ST155	1	2.38
山夫登堡沙门菌	E4群	ST14	1	2.38
浦那沙门菌	其他群	ST3095	1	2.38

2.3 耐药基因预测

42株沙门菌检测到12类77种耐药基因，主要包括氨基糖苷类、氟喹诺酮类、大环内酯类、β-内酰胺类、多肽类、氯霉素、磷霉素、磺胺类、四环素类、林可霉素类、利福霉素、消毒剂和防腐剂；其中，100.00%携带率的耐药基因包括*baeR*、*cpxA*、*emrB*、*soxR*、*sdiA*、*soxS*、*marA*、*mdtK*、*H-NS*、*CRP*、*golS*、*mdsA*、*mdsC*、*bacA*、*GlpT*和*UhpT*。见表2。

17株沙门菌氟喹诺酮类耐药基因决定区存在*gyrA*和*parC*位点突变导致的氨基酸替换，分别为*gyrA*-D87G 2株，均为肠炎沙门菌；*gyrA*-D87Y 12株，其中11株为肠炎沙门菌，1株为沙门菌I 4,[5],12:i:-；*gyrA*-S83F 1株，为浦那沙门菌；*parC*-S80I、*gyrA*-S83F-*gyrA*-D87N的3种基因协同突变2株，均为肯塔基沙门菌。见表2。

42株沙门菌的耐药基因分布与沙门菌的血清型相关，氨基糖苷类耐药基因*APH(3')-Ia*和*APH(4)-Ia*主要存在于4株沙门菌I 4,[5],12:i:-和2株阿贡纳沙门菌，*aadA*、*aadA2*和*dfrA12*存在于鼠伤寒沙门菌、里森沙门菌和德尔卑沙门菌；四环素类耐药基因*tet(B)*和*tetR*存在于10株沙门菌I 4,[5],12:i:-，*tet(M)*存在于鼠伤寒沙门菌和德尔卑沙门菌；大环内酯类耐药基因*msrE*和*mphE*仅存在于浦那沙门菌；仅1株肯塔基沙门菌有多肽类*mcr-1*耐药基因；42株沙门菌有大肠杆菌的耐药基因突变，如*marR*、*soxR*和*soxS*。

2.4 毒力基因预测

本研究沙门菌与附着相关的毒力基因包括*csgAC*、*bcfABCDEFGH*、*fimACDHIFZYW*、*pefABCD*、*lpfABCDE*、*safABCD*、*stdABC*、*stfACDEFG*、*sefABCD*、*fliC*和*flgB*，携带率均为100.00%，以及非菌毛附着相关基因*shdA*。沙门菌有多个SPI，42株沙门菌毒力基因主要位于SPI-1~SPI-3和SPI-5，毒力基因主要包括*invAGIJ*、*spaPQRS*、*prgHIJK*、*orgABC*、*sipD*、*avrA*、*sptP*、*sopAEE2*、*sopDD2*、*hilACD*、*invBEFH*、*sicAP*、*iacP*、*iagB*、*sprB*、*ssaBCDEGHIJKLMNOPQRSTUV*、*sseFGJK1*、*pipBB2*、*steABCDE*、*sifAB*、*sspH2*、*spvBCD*、*ssrAB*、*sscAB*、*sseABCDEL*、*misL*、*mgtBC*和*sopB/sigD*。与巨噬细胞内存活和复制有关的毒力基因有*phoPQ*，与全身感染和传播有关的毒力基因有外膜蛋白*rck*，调控因子*rcsB*，与铁载体相关基因有*fepC*、*iroN*和*fur*。进一步分析42株沙门菌的毒力基因分布与沙门菌血清型相关性：奥雷宁堡沙门菌没有*avrA*基因；肠炎沙门菌没有*slrP*基因，仅有肠炎沙门菌有*sefABCD*基因；沙门菌I 4,[5],12:i:-和鼠伤寒沙门菌均没有*steBDE*和*fliC*基因。

表2 2021—2023年呼和浩特市腹泻病例沙门菌耐药基因

Table 2 Drug resistance genes of *Salmonella* among diarrhea cases in Hohhot City from 2021 to 2023

抗生素类别	耐药基因	携带数量	携带率/%	抗生素类别	耐药基因	携带数量	携带率/%
氨基糖苷类	*AAC(3)-IId*、*aadA3*、*aadA7*	2	4.76	β-内酰胺类	*golS*①、*mdsA*①、*mdsC*①	42	100.00
	AAC(3)-IVa、*APH(4)-Ia*、*aadA*、*aadA2*、*dfrA12*	7	16.67		*mdsB*①	14	33.33
					TEM-1	26	61.90
	AAC(6′)-Iaa	19	45.24		*CTX-M-55*	3	7.14
	AAC(6′)-Iy、*APH(6)-Id*	23	54.76		*CTX-M-65*	7	16.67
	APH(3″)-Ib	18	42.86		*OXA-1*	2	4.76
	APH(3′)-Ia	8	19.05		*SHV-12*、*DHA-1*	1	2.38
	aadA16、*dfrA27*	3	7.14	多肽类	*mcr-1*	1	2.38
	aadA22	4	9.52		*bacA*	42	100.00
	aadA5、*rmtB*、*dfrA14*、*dfrA17*	1	2.38	氯霉素	*catB3*	2	4.76
	baeR、*cpxA*	42	100.00		*catII*	1	2.38
氟喹诺酮类	*gyrA-D87G*	2	4.76		*cmlA1*	8	19.05
	gyrA-D87Y	12	28.57		*floR*	14	33.33
	gyrA-S83F	1	2.38	磷霉素	*GlpT*、*UhpT*	42	100.00
	parC-S80I、*gyrA-S83F-gyrA-D87N*	2	4.76		*FosA3*	2	4.76
	QnrB4、*QnrB6*、*QnrS2*、*oqxA*①、*oqxB*①	1	2.38		*FosA7*	3	7.14
	QnrS1	10	23.81	磺胺类	*sul1*	6	14.29
	emrB、*soxR*①、*sdiA*、*soxS*①、*marA*①、*MdtK*、*marR*①	42	100.00		*sul2*	28	66.67
					sul3	9	21.43
	*AAC(6′)-Ib-cr6*①	5	11.90	四环素类	*tet(B)*、*tetR*	10	23.81
大环内酯类	*H-NS*①、*CRP*①	42	100.00		*tet(M)*	6	14.29
	mphA	7	16.67	林可霉素类	*linG*	7	16.67
	*msrE*①、*mphE*	1	2.38	利福霉素	*arr-2*	1	2.38
	mef(B)	8	19.05		*arr-3*	5	11.90
	*OprZ*①	5	11.90	消毒剂和防腐剂	*qacEdelta1*	9	21.43

注：①表示该基因对多种抗生素耐药。

2.5 系统发育进化树聚类分析

呼和浩特市42株沙门菌和全国60株沙门菌形成6个进化分支，呼和浩特市菌株分散在A、B、C、D和F进化分支中；F进化分支有55株沙门菌，占53.92%，主要为鼠伤寒沙门菌和沙门菌Ⅰ4,[5],12:i:-，且这2种沙门菌在江苏省、浙江省、四川省、河南省和广东省广泛分布。见图1。

3 讨 论

沙门菌会导致食物中毒和感染性腹泻，我国食源性疾病病例中70%～80%是由沙门菌感染引起[7]。2021—2023年呼和浩特市从急性腹泻病例粪便标本分离出42株沙门菌，血清型呈现多样性，其中ST11型肠炎沙门菌、ST34型沙门菌Ⅰ4,[5],12:i:-和ST19型鼠伤寒沙门菌比例较高。沙门菌Ⅰ4,[5],12:i:-血清型是由鼠伤寒沙门菌丢失Ⅱ相鞭毛表达能力产生的单相变异体，也是近年来感染人类和动物的优势血清型之一[8]。该血清型沙门菌在我国甚至是全球范围内广泛流行，且呈现多重耐药性[9]，已成为威胁人类健康和食品安全的重要病原体之一。鼠伤寒沙门菌单相变异体和鼠伤寒沙门菌高度相似，难以通过常规方法区分，而全基因组测序技术能够有效区分2种菌株，已成为鉴定该变异体的有效方法之一[8]。

本研究显示呼和浩特市42株沙门菌菌株的耐药基因谱兼具多样性与特殊性。多样性体现在不同的菌株携带不同的耐药基因组合，特殊性则表现为某些耐药基因出现在固定的菌株中。仅1株肯塔基沙门菌有*mcr-1*耐药基因，此基因加速多粘菌素耐药性的传播，导致多粘菌素耐药菌株的存在[10]。氟喹诺酮类耐药基因决定区*parC-S80I*、*gyrA-S83F-gyrA-D87N*的3种基因协同突变，存在于2株肯塔基沙门菌，北京市已有关于肯塔基沙门菌多重耐药菌株的相关报道[11]，提示加强该血清型菌株的监测与研究。沙门菌基因组中包含大肠杆菌的耐药基因突变，体现细菌

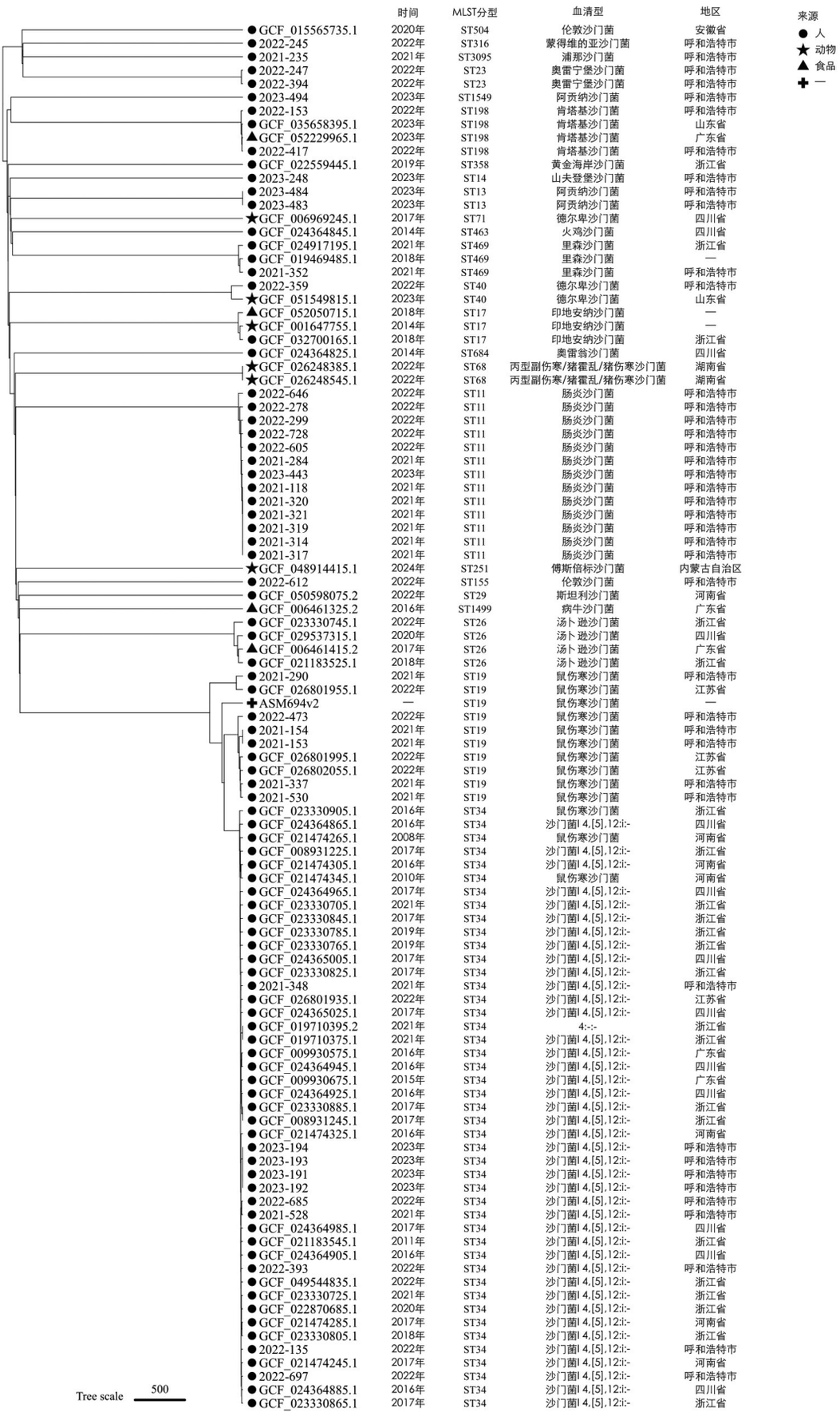


图 1　103 株沙门菌 cgMLST 进化树分析

Figure 1　Phylogenetic analysis of 103 *Salmonella* strains using cgMLST

间遗传元件水平转移的现象，称为细菌的获得性抗性，即细菌可通过随机突变或表达潜在抗性基因获得抗性，也可通过抗性基因水平转移获得抗性，遗传元件水平转移加速了耐药及多重耐药菌株的产生[12]。42株沙门菌的耐药基因分析结果表明沙门菌耐药性的严峻性和治疗沙门菌感染面临的挑战，提示需打破对通用耐药谱的依赖，建立基于本地病原学特征的监测网络，并据此制定更有针对性公共卫生干预策略。

沙门菌致病性主要包含附着、侵袭、巨噬细胞内存活和复制、全身感染和传播4个阶段，本研究42株沙门菌毒力基因覆盖沙门菌致病性全过程。结果显示，42株沙门菌的毒力基因谱较为一致，均有大量与附着相关的毒力基因，但是不同血清型的沙门菌略有不同。2株奥雷宁堡沙门菌没有 *avrA* 基因，该基因是沙门菌毒力岛SPI-1的主要基因之一，具有抑制促炎因子的激活、诱导细胞凋亡和促进肠上皮细胞增殖及肿瘤形成的功能[1, 13]。肠炎沙门菌没有 *slrP* 基因，该基因是沙门菌毒力岛SPI-2的分泌系统T3SS2中的效应基因之一，编码沙门菌E3泛素连接酶[14]，影响沙门菌对上皮细胞的黏附性。仅有肠炎沙门菌有 *sefABCD* 基因，*sef* 基因位于肠炎沙门菌染色体上较小的毒力岛上，完整的 *sef* 操纵子包括 *sefA*、*sefB*、*sefC*、*sefD* 和 *sefR* 5个基因，该基因编码SEF14菌毛，主要表达于肠炎沙门菌等D群沙门菌中，是肠炎沙门菌中众多菌毛之一，该菌毛能够有效地帮助肠炎沙门菌在巨噬细胞中存活，有利于其在宿主体内长期隐性感染[15]。沙门菌 I 4,[5],12:i:-和鼠伤寒沙门菌均没有 *steBDE* 和 *fliC* 基因，*steBDE* 基因与沙门菌的菌毛形成有关，*fliC* 基因编码鞭毛蛋白，这2种毒力基因的缺失影响致病菌的黏附性和运动能力，降低其致病性[1]。呼和浩特市腹泻病例沙门菌毒力基因分布结果提示，可根据致病菌的毒力基因分布情况或其血清型，初步判断其致病性，并及时采取有效治疗。

系统发育进化树分析结果显示，2021—2023年呼和浩特市42株沙门菌并未形成孤立集群，与全国不同来源的菌株共同聚类于多个分支，其中F进化分支有55株沙门菌，主要为鼠伤寒沙门菌和沙门菌 I 4,[5],12:i:-，在江苏省、浙江省、四川省、河南省和广东省广泛分布。提示呼和浩特市沙门菌具有高度的遗传多样性，鼠伤寒沙门菌和沙门菌 I 4,[5],12:i:-具有极高的亲缘关系，且两者在全国范围内存在持续的传播链。因此，在开展本地化沙门菌监测时，需充分关注跨区域传播风险，建立具备全国视野的监测体系。

呼和浩特市沙门菌血清型多样，肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌及其单相变异体是优势血清型；携带多种耐药基因和毒力基因，具有高度的遗传多样性，存在跨区域传播风险，需加大监测与防控力度。本研究系统分析了呼和浩特市沙门菌全基因组特征，为沙门菌感染腹泻的预防和治疗提供依据；但资料来自哨点医院监测样本，没有覆盖呼和浩特市所有腹泻病例，需扩大监测范围并开展更深入的研究。

参考文献

[1] 刘理慧，储锦华，隋雨欣，等 . 沙门氏菌中主要毒力因子的研究进展［J］. 生物技术通报，2022，38（9）：72-83.

[2] 罗丹丹，鲁志平，文永平，等 .2012—2024年我国部分地区禽源沙门氏菌耐药情况研究进展［J］. 中国动物传染病学报，2025，33（2）：178-193.

[3] 林旭东 . 消毒剂胁迫下猪沙门氏菌对抗生素耐药性的共筛选机制［D］. 武汉：华中农业大学，2024.

[4] 高瑞霞，滕赟，张彦斌，等 . 内蒙古呼和浩特地区鸡源沙门氏菌分离鉴定、血清学鉴定及耐药性研究［J］. 食品安全质量检测学报，2019，10（6）：1705-1709.

[5] 周姬，李萍，罗云，等 .2013—2014年呼和浩特市食源性疾病致病菌监测分析［J］. 疾病监测与控制，2015，9（6）：412-413.

[6] XIE J M，CHEN Y R，CAI G J，et al.Tree Visualization By One Table（tvBOT）：a web application for visualizing，modifying and annotating phylogenetic trees［J］.Nucleic Acids Res，2023，51（W1）：587-592.

[7] 严伟，查赟峰，纪蕾，等 .2018—2020年湖州市食源性疾病患者感染沙门菌耐药与分子分型研究［J］. 中国预防医学杂志，2022，23（8）：622-627.

[8] 王振宇 . 鼠伤寒沙门菌单相变异体的微演化特征和产生机制研究［D］. 扬州：扬州大学，2024.

[9] 杨毅，陈国利，胡锦瑞，等 . 乌鲁木齐市鼠伤寒沙门菌单相变种 1,4,[5],12:i:-基因组特征［J］. 中国热带医学，2025，25（10）：1316-1322.

[10] 李伟 .*mcr-1* 基因在食源性沙门氏菌及大肠杆菌中的转移机制［D］. 杨凌：西北农林科技大学，2021.

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

[12] 蒋培余，潘劲草 . 细菌遗传元件水平转移与抗生素抗性研究进展［J］. 微生物学通报，2006，33（4）：167-171.

[13] LOU L X，ZHANG P，PIAO R L，et al.*Salmonella* pathogenicity island 1（SPI-1）and its complex regulatory network［J/OL］. Front Cell Infect Microbiol，2019，9［2026-01-06］.https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00270.

[14] 邵增玉 . 沙门氏菌 E3 泛素连接酶 SspH2 和 SlrP 调控Ⅰ型 IFN 信号通路的研究［D］. 北京：中国农业科学院，2019.

[15] 顾宣强，侯千禧，刘家奇，等 . 肠炎沙门菌 *sef14* 基因缺失株生物学功能［J］. 中国兽医学报，2022，42（1）：71-77.

收稿日期：2025-11-03　**修回日期**：2026-01-06　**本文编辑**：徐亚慧