

调查研究

山东省生猪屠宰环节非伤寒沙门菌污染情况及耐药特征分析

李冰妍^{1,2}, 刘丽莎², 白莉², 赵格³, 米晓云⁴, 王君玮³, 苏战强¹

(1. 新疆农业大学动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052; 2. 国家食品安全风险评估中心, 国家卫生健康委员会食品安全风险评估重点实验室, 中国医学科学院创新单元(2019RU014), 北京 100022; 3. 中国动物卫生与流行病学中心致病微生物监测室, 农业农村部畜禽产品质量安全风险评估实验室(青岛), 山东 青岛 266032; 4. 新疆畜牧科学院兽医研究所, 新疆动物疫病研究重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830013)

摘要:目的 了解生猪屠宰过程中非伤寒沙门菌(NTS)的污染情况和耐药特征。方法 于2021年5月和8月分别从山东省两个规模化生猪屠宰场采集共170份胴体和环境样品。对分离的NTS运用全基因组测序(WGS)技术结合生物信息学技术进行数据分析。结果 从29份样品中检出NTS, 检出率为17.1%。血清型预测显示鼠伤寒沙门菌为优势血清型, 占58.6%(17/29)。药敏结果显示29株NTS呈现15种耐药谱, 四环素耐药率最高(100.0%, 29/29), 其次为氨苄西林和氟喹诺酮(79.3%, 23/29), 多重耐药率达86.2%(25/29)。多位点序列分型(MLST)结果显示ST19为主要型别, 占48.3%(14/29)。耐药基因分析表明主要携带tet(A)、tet(B)、tet(M)、bla_{TEM-1B}、bla_{CMY-97}、floR、cmlA1等。结论 山东省部分生猪屠宰场屠宰环节存在NTS污染现象, 且NTS对多类抗生素表现出多重耐药性, 提示应重视生猪屠宰环节中NTS的污染与防控。

关键词:非伤寒沙门菌; 生猪屠宰; 全基因组测序

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2023)12-1757-07

DOI: 10.13590/j.cjfh.2023.12.010

Assessment of contamination and drug resistance profiles of non-typhoid *Salmonella* in pig slaughtering industry in Shandong Province

LI Bingyan^{1,2}, LIU Lisha², BAI Li², ZHAO Ge³, MI Xiaoyun⁴, WANG Junwei³, SU Zhanqiang¹

(1. College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Xinjiang Urumqi 830052, China; 2. NHC Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment, Chinese Academy of Medical Sciences Research Unit (No. 2019RU014), China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100022, China; 3. Laboratory of Pathogenic Microorganisms Inspection, Livestock and Poultry Products Quality & Safety Risk Assessment Laboratory (Qingdao) of MARA, China Animal Health and Epidemiology Center, Shandong Qingdao 266032, China; 4. Xinjiang Key Laboratory of Animal Infectious Diseases/Institute of Veterinary Medicine, Xinjiang Academy of Animal Sciences, Xinjiang Urumqi, 830013, China)

Abstract: Objective To understand the contamination and drug resistance characteristics of non-typhoidal *Salmonella* (NTS) during pig slaughter. **Methods** A total of 170 carcasses and environmental samples were collected from two large-scale pig slaughterhouses in May and August 2021 in Shandong Province, China. Whole genome sequencing (WGS) combined with bioinformatics was used to analyze the data of the NTS isolates. **Results** NTS was detected in 29 of 170 pork samples, detection rate was 17.1%. *Salmonella typhimurium* was the predominant serotype (58.6%, 17/29) in the samples. The results of the drug sensitivity analysis showed that 29 NTS strains had 15 drug resistance spectra, with the

收稿日期: 2022-11-28

基金项目: 2023年新疆动物疫病研究重点实验室开放课题(2023KLB001)

作者简介: 李冰妍 女 在读研究生 研究方向为动物源食品病原微生物防控技术 E-mail: 1538565670@qq.com

刘丽莎 女 高级工程师 研究方向为食品安全微生物风险评估 E-mail: liulisha@cfsa.net.cn

李冰妍和刘丽莎为并列第一作者

通信作者: 苏战强 男 教授 研究方向为动物源食品病原微生物防控技术 E-mail: szq00009@163.com

王君玮 男 研究员 研究方向为动物源性病原微生物风险监测与评估技术研究 E-mail: yffs2000@sina.com

苏战强和王君玮为共同通信作者

highest rate of tetracycline resistance (100.0%, 29/29), followed by ampicillin and chloramphenicol (79.3%, 23/29). The multidrug resistance rate was 86.2% (25/29 patients). Multilocus sequence typing (MLST) showed that ST19 was the main type, accounting for 48.3% (14/29) of cases. Analysis of drug resistance genes showed that they carried mainly *tet(A)*, *tet(B)*, *tet(M)*, *bla_{TEM-1B}*, *bla_{CMY-97}*, *floR*, *cmlA1*, etc. **Conclusion** The phenomenon of NTS contamination exists in some pig slaughterhouses in Shandong Province. NTS has shown resistance to multiple antibiotics, suggesting that attention should be paid to the prevention of NTS in pig slaughterhouses.

Key words: Nontyphoidal *Salmonella*; pig slaughterhouse; whole genome sequencing

非伤寒沙门菌(Nontyphoidal *Salmonella*, NTS)是最常见的人畜共患病原菌之一。近年来,NTS在欧美食源性疾病风险中排名第2,但在我国已位居第1。其在我国人群罹患NTS食源性疾病的贡献率高(48.0%),且98%都是由被NTS污染的食品导致^[1-4]。通过对我国NTS散发病例进行归因分析,发现我国与国外以鸡肉和鸡蛋为主要病因食品不同,我国散发沙门菌病的病因食品主要为猪肉。我国膳食肉类消费中,猪肉占比最高达70%^[5],零售环节猪肉中沙门菌污染严重(66.7%~92.5%)^[6-9],同时畜牧养殖业中抗生素的滥用,导致沙门菌的耐药性不断攀升,使得畜禽细菌性疫病防治的难度不断加大,药物残留严重且存在地区性差异,因此沙门菌耐药性的防控更应当引起养殖和公共卫生行业的共同重视^[10]。

山东省作为中国养殖大省,拥有多个养猪百强企业,随着这些地区养殖规模的扩大,NTS感染风险也随之增加。本研究以山东省2家大型生猪屠宰场作为典型代表进行屠宰监测,通过各个屠宰环节中NTS血清型、多位点序列分型(Multilocus sequence typing, MLST)分布、耐药性检测对比分析,评估其NTS污染率以及耐药情况,旨在预防屠宰环节中NTS的污染,降低NTS污染导致食源性疾病发生的概率,更好地保障猪肉产品的质量和消费安全。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 样品来源

本研究选择山东省2个大型生猪屠宰场(日屠宰规模在1000头以上),于2021年5月和8月在猪屠宰过程中两次集中采样170份不同来源的样品。

1.1.2 主要仪器与试剂

恒温培养箱(日本Sanyo),生物安全柜(美国Thermo),恒温振荡器(德国IKA),小型离心机(德国SIGMA),arium Pro DI超纯水机(德国sartorius)。

沙门菌显色培养基、缓冲蛋白胨水增菌液(BPW)、Xylose Lysine Tergitol 4(XLT4)琼脂、XLT4Agar Supplement、连四硫酸盐肉汤均购自北京

陆桥技术有限公司。

1.2 方法

1.2.1 沙门菌分离及鉴定

参考USDA/FSIS(2014)^[11]、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》^[12]、EN ISO 6579-1-食物链微生物学-沙门菌检测^[13],向经预处理后的样品中加入BPW增菌液,混匀后放入(36±1)℃温箱培养16~20 h,同时设置阴性和阳性对照。分别取预增菌后混匀的培养物,接种于TTB肉汤,于42℃培养18~24 h。分别用接种环取增菌液1环,划线接种于XLT4琼脂平板和沙门菌显色平板各一块,于(36±1)℃培养24 h(XLT4平板),对样品进行NTS的分离鉴定。

1.2.2 基因组DNA提取及全基因组测序

参考文献[14]进行NTS菌株DNA的提取。细菌基因组DNA委托北京诺禾致源科技股份有限公司使用Illumina HiSeq平台进行二代测序。通过全基因组测序后选取特征基因,利用MLST 2.0数据库进行等位基因序列的比对得到对应的序列型(ST)。

1.2.3 血清型预测

根据全基因组测序结果,通过SeqSero 1.2(<https://cge.cbs.dtu.dk/services/SeqSero/>)对NTS进行血清型预测。

1.2.4 药物敏感试验

通过K-B纸片扩散法^[15]对菌株进行抗生素敏感性试验,并根据美国临床实验室标准化协会(CLSI M100-S23)中的标准进行耐药表型判定。

2 结果

2.1 生猪屠宰环节沙门菌污染状况及血清型分析

170份胴体和环境样品中共检测到29份NTS阳性样本,检出率为17.1%,详见表1。其中预冷前猪胴体NTS阳性率为36.7%(11/30),预冷后猪胴体中NTS未检出阳性,分割环节猪肉产品中NTS阳性率为30.0%(15/50)。分割环节环境样品中NTS阳性检出率为6.0%(3/50),主要为传送带(4.0%, 2/50)和案板表面(2.0%, 1/50)。

表1 生猪屠宰环节中NTS的检出结果

时间/地区	采样环节	样品份数	检出份数	检出率/%
2021-05 (屠宰场 A)	预冷前胴体	15	9	60.0
	预冷后胴体	20	0	0.0
	分割环节-前腿肉	5	0	0.0
	分割环节-后腿肉	5	0	0.0
	分割环节-腹部	5	0	0.0
	分割环节-脊背部	5	0	0.0
	分割环节-绞碎肉	5	0	0.0
2021-08 (屠宰场 B)	分割环节-环境	25	1	4.0
	预冷前胴体	15	2	13.3
	预冷后胴体	20	0	0.0
	分割环节-前腿肉	5	2	40.0
	分割环节-后腿肉	5	3	60.0
	分割环节-腹部	5	4	80.0
	分割环节-脊背部	5	1	20.0
	分割环节-绞碎肉	5	5	100.0
	分割环节-环境	25	2	8.0

2.2 药敏试验结果

本研究选取了临床上常用的 10 类 15 种抗生素, 29 株沙门菌对 11 种抗生素均产生不同程度的耐药。其中对四环素耐药率最高, 为 100.0% (29/29); 氨苄西林、氯霉素、头孢唑啉、复方新诺明等耐药率为 31.0%~79.3%, 萘啶酸和庆大霉素的耐药率为 17.2%, 详见表 2。29 株 NTS 共有 15 种多重耐药谱, 多重耐药率达 86.2% (25/29)。详见表 3。

表2 生猪屠宰环节中29株NTS抗生素耐药性结果

抗生素	菌株数			耐药率/%
	耐药(R)	中介(I)	敏感(S)	
氨苄西林(AMP)	23	0	6	79.3
头孢他啶(CAZ)	1	0	28	3.5
氨苄西林/舒巴坦(AMS)	15	8	6	51.7
亚胺培南(IMI)	0	0	29	0.0
四环素(TET)	29	0	0	100.0
萘啶酸(NAL)	5	15	9	17.2
多黏菌素E(PE)	0	0	29	0.0
头孢西丁(CFX)	1	1	27	3.5
氯霉素(CHL)	23	0	6	79.3
头孢噻肟(CTX)	1	0	28	3.5
头孢唑啉(CFZ)	9	14	6	31.0
庆大霉素(GEN)	5	0	24	17.2
复方新诺明(SXT)	14	0	15	48.3
阿奇霉素(AZM)	0	0	29	0.0
环丙沙星(CIP)	0	1	28	0.0

2.3 MLST检测结果分析

29 株 NTS 血清型结果详见表 4。分别是鼠伤寒沙门菌(*S. typhimurium*)、I 4, [5], 12:i:-沙门菌、德尔卑沙门菌(*S. derby*)、里森沙门菌(*S. rissen*)、明斯特沙门菌(*S. muenster*)。其中鼠伤寒沙门菌为优势血清型, 占 58.6% (17/29), 其次为里森沙门菌, 占 17.2% (5/29)。

2021 年 5 月从屠宰场 A 检测出 MLST 型主要

表3 生猪屠宰环节中29株NTS多重耐药谱

耐药谱	菌株数	占比/%
TET-CHL-SXT	3	10.3
AMP-TET-CHL	2	6.9
AMP-TET-CHL-SXT	1	3.4
AMP-AMS-TET-CHL	6	20.7
AMP-TET-CHL-CFZ	2	6.9
AMP-AMS-TET-SXT	1	3.4
AMP-AMS-TET-CFZ	1	3.4
AMP-AMS-TET-CHL-CFZ	1	3.4
AMP-TET-NAL-CHL-CFZ	1	3.4
AMP-TET-NAL-CHL-GEN-SXT	1	3.4
AMP-AMS-TET-CHL-CFZ-SXT	1	3.4
AMP-AMS-TET-NAL-CHL-GEN-SXT	2	6.9
AMP-AMS-TET-CFX-CHL-CFZ-SXT	1	3.4
AMP-AMS-TET-NAL-CHL-CFZ-GEN-SXT	1	3.4
AMP-CAZ-AMS-TET-CHL-CTS-CFZ-GEN-STX	1	3.4

表4 生猪屠宰过程中NTS血清型及ST型结果

血清型	ST型	检出份数	检出率/%
鼠伤寒沙门菌	19	14	48.3
	34	3	10.3
里森沙门菌	469	5	17.2
I 4, [5], 12:i:-沙门菌	34	3	10.3
德尔卑沙门菌	40	3	10.3
明斯特沙门菌	321	1	3.4

是 ST34 (40.0%, 4/10), 为 2 株鼠伤寒沙门菌和 2 株 I 4, [5], 12:i:-沙门菌, 重点存在于预冷冻前胴体和分割环节环境中; ST469 (里森沙门菌) 和 ST40 (德尔卑沙门菌) 各占 30.0% (3/10)。2021 年 8 月从屠宰场 B 检测出 MLST 型主要是 ST19 (73.7%, 14/19), 均为鼠伤寒沙门菌; 2 株 ST34 血清型分别为鼠伤寒沙门菌和 I 4, [5], 12:i:-沙门菌, 以及 2 株 ST469 的里森和 1 株 ST321 的明斯特, 详见表 4。

2.4 耐药基因分布

WGS 测序对 NTS 耐药菌株携带的耐药基因型检测结果见表 5。对四环素耐药的 29 株 NTS 中, 主要以 *tet(A)* (79.3%) 和 *tet(M)* (65.5%) 为主; 对 β -内酰胺类耐药的 27 株 NTS 中, 主要以 *bla*_{TEM-1B} (75.9%) 基因为主, 其次为 *bla*_{TEM-214} 和 *bla*_{CMY-97} 基因均为 10.3%, 仅在 1 株 ST19 的鼠伤寒沙门菌中检出 *bla*_{CMY-128} 基因; 对酰胺醇类耐药的 23 株 NTS 中, 主要以 *floR* (79.3%) 基因为主, 其次为 *cmlA1* (37.9%) 基因, 仅在 1 株 ST34 型 I 4, [5], 12:i:-沙门菌中检出 *catB3* 基因; 对磺胺类耐药的 14 株 NTS 中, 主要以 *sul2* (69.0%) 基因为主, 其次为 *sul3* 和 *dfrA12* 基因均为 44.8%, 仅在 1 株明斯特沙门菌中检出 *dfrA14* 基因; 对喹诺酮类耐药的 5 株 NTS 中, 主要以 *qnrS1* (69.0%) 基因为主, 其次为 *qnrB71*

表5 生猪屠宰过程中NTS耐药基因分布

Table 5 Distribution of NTS resistance genes during pig slaughter

抗生素种类	耐药基因	耐药基因数量/种
氨基糖苷类	<i>aac(3)-Iid</i> 、 <i>aac(3)-IV</i> 、 <i>aac(6')-Iaa</i> 、 <i>aadA1</i> 、 <i>aadA2</i> 、 <i>aadA22</i> 、 <i>aph(3')-Ia</i> 、 <i>aph(4)-Ia</i> 、 <i>strA</i> 、 <i>strB</i>	10
喹诺酮类	<i>aac(6')-Ib-cr</i> 、 <i>oqxA</i> 、 <i>oqxB</i> 、 <i>qnrB71</i> 、 <i>qnrS1</i> 、 <i>qnrS2</i>	6
β-内酰胺类	<i>bla_{CMY-128}</i> 、 <i>bla_{CMY-97}</i> 、 <i>bla_{CTX-M-55}</i> 、 <i>bla_{OXA-1}</i> 、 <i>bla_{TEM-1B}</i> 、 <i>bla_{TEM-214}</i> 、 <i>qacI</i> 、 <i>bleO</i>	8
大环内酯类	<i>lnu(F)</i> 、 <i>mef(B)</i>	2
四环素类	<i>tet(A)</i> 、 <i>tet(B)</i> 、 <i>tet(M)</i>	3
磺胺类	<i>dfrA12</i> 、 <i>dfrA14</i> 、 <i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> 、 <i>sul3</i>	5
磷霉素类	<i>fosA7</i>	1
利福平	<i>arr-2</i> 、 <i>arr-3</i>	2
酰胺醇类/氯霉素类	<i>catB3</i> 、 <i>cmIA1</i> 、 <i>floR</i>	3

(10.3%)基因,仅在1株14,[5],12:i:-沙门菌同时检出 *oqxA*、*oqxB*、*qnrS2* 基因。

3 讨论

从屠宰环节开始,猪肉就完全暴露于周边环境,极易受到生猪消化道携带或外周环境污染的微生物交叉污染;且微生物自身在适当环境下具有可繁殖特性,而猪肉又是天然培养基,更加大了猪肉中微生物卫生防控的难度。本研究显示在山东省两个大型生猪屠宰场内 NTS 总污染率为 17.1%,高于美国农业部食品安全检验局(Food Safety and Inspection Service, FSIS)公布的 2020 年美国生猪屠宰中 NTS 检出率(11.7%)^[16],也高于我国重庆、河南、湖南和湖北等省市屠宰环节猪肉的 NTS 污染率(5.4%~16.3%)^[17-20],但略低于欧洲和加拿大屠宰场检出的猪源 NTS 污染率(20.5%~25.1%)^[21-23],表明山东省生猪屠宰环节仍存在一定程度的 NTS 污染情况,屠宰场中 NTS 的流行率可能因地理区域等因素有所差异。上半年屠宰场 A 在预冷前猪胴体检出 NTS 污染率为 60.0%(9/15),预冷后和分割环节猪肉产品中未检出,可见经过预冷处理可良好地抑制 NTS 的生长与繁殖。下半年屠宰场 B 经预冷处理后又再在分割环节检出 NTS 污染(24.3%,17/70),整个分割环节均有 NTS 的检出,其中绞碎肉部分检出率高达 100%。两家屠宰场 A 和 B 检出情况差异显著,分析可能由于引入了不同来源地的猪群,其中因饲养场环境和饲料的不同,导致生猪进入屠宰场前就携带了致病菌,也可能由于屠宰场之间采取不同的分割环节的处理措施。提示相关部门要加强生猪宰前检疫,完善屠宰环节中的器械消毒等。分割环节是屠宰过程 NTS 风险引入关键控制点,预冷可有效降低 NTS 污染,如强化屠宰场冷链建设,加强预冷处理的普及以及屠宰加工全过程微生物监控措施的实施。这为分割猪肉中 NTS 的污染风险来源于环境提供了数据支持^[24]。

由于抗生素的广泛使用和滥用导致 NTS 的耐

药状况变得日益严重,已成为世界范围内重要的公共卫生问题之一。本研究中 29 株 NTS 对四环素类药物耐药率到达 100.0%,美国也存在四环素耐药的严重情况(78.0%)^[25]。分析可能由于四环素便宜且易获得,是人和动物沙门菌病治疗中常用的抗生素,这也是现在四环素耐药现象严重的原因之一。因此应严格控制四环素类抗生素在畜牧养殖业中的使用,做好养殖场清洁工作,减轻药物依赖性。β-内酰胺类抗生素也广泛用于治疗人类和动物的严重感染^[26-27],其中耐药率最高的为氨苄西林(79.3%,23/29),其次为氨苄西林/舒巴坦(51.7%,15/29)和头孢唑啉(31.0%,9/29)。四川省以及华东地区均发现了对 β-内酰胺类抗生素较严重的耐药情况^[28-30]。本研究从 29 株 NTS 的 40 种耐药基因分析发现,该地区猪生产链中 NTS 主要携带 *qnrS1*、*bla_{TEM-1B}*、*tet(A)*、*floR*,这可能是导致本研究 NTS 对四环素类、β-内酰胺类、磺胺类药物耐药的主要原因。本研究中分离株的耐药性状与江苏省、河南省、湖南省、贵州省生猪屠宰场检测到的 NTS 耐药基因基本一致^[31-34],表明耐药菌可能存在不同地区屠宰场之间传播风险。

本研究血清型鉴定最优血清为鼠伤寒沙门菌。鼠伤寒沙门菌也是欧盟国家猪肉检测中的常见血清型,并且欧洲食品安全局认为鼠伤寒沙门菌在已知的人类病例中所检测到的猪源沙门菌血清型中占比较大(24%~64.7%)^[22,35-39]。我国各省生猪屠宰场分离的 NTS 菌型多样,广东省、浙江省以鼠伤寒沙门菌为主(27.9%~71.4%)^[40-45],四川省、江苏省和北京市主要以德尔卑沙门菌为主(24.8%~43.8%)^[46-52]。我国部分省区生猪屠宰场的 NTS 最优血清型有所差异,推测病原体不仅由猪引入屠宰线,还可能由于屠宰场环境中持续存在,或生猪跨区域运输和保存过程以及地理环境、屠宰场规模、区域养殖模式和屠宰人员等因素不同导致血清型分布存在差异^[53]。不同的 NTS 血清型一旦通过猪引入屠宰场,将会存在持续性定植于屠宰场的情

况^[54]。本研究在传送带区域检出与分割环节猪肉中相同血清型的 NTS,分析可能由于屠宰工具不能及时消毒处理,导致生猪污染的 NTS 通过胴体-环境-猪肉之间出现交叉污染^[55],进而提高 NTS 传播扩大的风险,因此屠宰干预可在控制 NTS 传播方面发挥决定性作用^[56]。了解生猪屠宰环节 NTS 污染状况,可及时掌握区域内 NTS 分布和血清型流行差异,对猪源 NTS 在屠宰环节中的流行病学调查也具有十分重要的意义。本研究的初步调查研究结果也为今后生猪屠宰环节 NTS 污染的调查及风险评估提供基础数据。

参考文献

- [1] KE B X, SUN J F, HE D M, et al. Serovar distribution, antimicrobial resistance profiles, and PFGE typing of *Salmonella enterica* strains isolated from 2007-2012 in Guangdong, China [J]. BMC Infectious Diseases, 2014, 14: 338.
- [2] DONG B Q, LIANG D B, LIN M, et al. Bacterial etiologies of five core syndromes: Laboratory-based syndromic surveillance conducted in Guangxi, China [J]. PLoS One, 2014, 9(10): e110876.
- [3] QU M, LV B, ZHANG X, et al. Prevalence and antibiotic resistance of bacterial pathogens isolated from childhood diarrhea in Beijing, China (2010-2014) [J]. Gut Pathogens, 2016, 8(1): 1-9.
- [4] ZHANG J, JIN H, HU J, et al. Serovars and antimicrobial resistance of non-typhoidal *Salmonella* from human patients in Shanghai, China, 2006-2010 [J]. Epidemiology and Infection, 2014, 142(4): 826-832.
- [5] 李茨, 潘美伶, 赵婉婷, 等. 成都市猪肉源沙门氏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 M L, ZHAO W Y, et al. Dominant serotype and drug resistance of *Salmonella* isolated from pork, Chengdu [J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(5): 802-807.
- [6] 孙宏虎, 凌秀梅, 李莹, 等. 成都农贸市场零售猪肉中沙门氏菌定量检测方法 & 污染风险研究 [J]. 中华预防医学杂志, 2021, 55(8): 999-1005.
- SUN H H, LING X M, LI Y, et al. Research on quantitative method and contamination level of *Salmonella enterica* in raw pork from farmer's markets in Chengdu [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2021, 55(8): 999-1005.
- [7] 谢思柔, 张金鑫, 杜田, 等. 2011—2020年深圳市福田区市售禽畜类产品中沙门氏菌监测结果分析 [J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2022, 20(1): 46-50.
- XIE S R, ZHANG J J, DU T, et al. Surveillance on livestock and poultry products on sale for *Salmonella* in Futian District of Shenzhen from 2011 to 2020 [J]. Parasitoses and Infectious Diseases, 2022, 20(1): 46-50.
- [8] 宋晟, 郭焜鹏, 张海韵, 等. 生鲜畜禽肉中沙门氏菌污染情况调查 [J]. 食品安全导刊, 2020, 274(15): 97-98.
- SONG S, GUO K P, ZHANG H Y, et al. Investigation on *Salmonella* contamination in fresh livestock and poultry meat [J]. China Food Safety Magazine, 2020, 274(15): 97-98.
- [9] 范宏伟, 吴鑫, 章洁, 等. 2018年南昌市零售肉类食品沙门氏菌污染调查 [J]. 中国国境卫生检疫杂志, 2022, 45(1): 53-56.
- FAN H W, WU X, ZHANG J, et al. Investigation of *Salmonella* contamination in retail meat products in Nanchang, 2018 [J]. Chinese Journal of Frontier Health and Quarantine, 2022, 45(1): 53-56.
- [10] 陈俊, 蒋文灿, 谭天, 等. 沙门氏菌毒力岛及III型分泌系统研究进展 [J]. 中国人兽共患病学报, 2015, 31(4): 371-376.
- CHEN J, JIANG W C, TAN T, et al. *Salmonella* pathogenicity island and type III secretion system [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2015, 31(4): 371-376.
- [11] FSIS. MLG 4.08 - Isolation and identification of *Salmonella* from meat, poultry, pasteurized egg, and catfish products and carcass and environmental sponges [Z]. Director, Laboratory Quality Assurance Staff, 2014.
- [12] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 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 of People's Republic of China, National Food and Drug Administration. National food safety standard- Food microbiological examination: *Salmonella*: GB 4789.4—2016 [S]. Beijing: Standards Press of China, 2016.
- [13] MOOIJMAN K A, PIELAAT A, KUIJPERS A F A. Validation of EN ISO 6579-1 - Microbiology of the food chain - Horizontal method for the detection, enumeration and serotyping of *Salmonella* - Part 1 detection of *Salmonella* spp [J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 288: 3-12.
- [14] DAI W P, ZHANG Y L, ZHANG J F, et al. Analysis of antibiotic-induced drug resistance of *Salmonella enteritidis* and its biofilm formation mechanism [J]. Bioengineered, 2021, 12(2): 10254-10263.
- [15] EFIMOVICHINA N R, STETSENKO V V, SHEVELEVA S A. Peculiarities of biofilms formation by *Campylobacter* bacteria in mixed populations with other microbial contaminants of food products [J]. Bulletin of Experimental Biology and Medicine, 2019, 168(1): 62-65.
- [16] FSIS. Quarterly sampling reports on *Salmonella* and *Campylobacter* [EB/OL]. (2023-01-27) [2023-04-25]. <https://www.fsis.usda.gov/science-data/data-sets-visualizations/microbiology/microbiological-testing-program-rte-meat-and-7>.
- [17] 谢建华, 周莉, 侯亚丽, 等. 重庆市畜禽产品中沙门氏菌污染状况调查分析 [J]. 中国动物检疫, 2016, 33(8): 27-30.
- XIE J H, ZHOU L, HOU Y L, et al. Analysis on *Salmonella* contamination status of livestock and poultry products in Chongqing city [J]. China Animal Health Inspection, 2016, 33(8): 27-30.
- [18] 方忠意, 李金磊, 董鹏, 等. 河南省猪源沙门氏菌分离鉴定、血清分型及药物敏感性分析 [J]. 中国动物检疫, 2019, 36(4): 74-78.
- FANG Z Y, LI J L, DONG P, et al. Isolation, identification and

- serotyping of swine *Salmonella* in Henan province and analysis on its drug sensitivity [J]. *China Animal Health Inspection*, 2019, 36(4): 74-78.
- [19] 王大春, 李庆丰. 湖南湘潭县屠宰生猪沙门氏菌和链球菌感染情况调查及耐药性分析[J]. *养猪*, 2021, 176(3): 121-123. WANG D C, LI Q F. Investigation on *Salmonella* and *Streptococcus* infection and drug resistance analysis of slaughtered pigs in Xiangtan County, Hunan Province [J]. *Swine Production*, 2021, 176(3): 121-123.
- [20] 徐震. 湖北省生猪养殖及屠宰环节沙门菌流行和污染规律研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2021. XU Z. Study on *Salmonella* epidemic and pollution in pig breeding and slaughtering in Hubei province [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2021.
- [21] MORAR A, SALA C, IMRE K. Occurrence and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* isolates recovered from the pig slaughter process in Romania [J]. *Journal of Infection in Developing Countries*, 2015, 9(1): 99-104.
- [22] DEANE A, MURPHY D, LEONARD F C, et al. Prevalence of *Salmonella* spp. in slaughter pigs and carcasses in Irish abattoirs and their antimicrobial resistance [J]. *Irish Veterinary Journal*, 2022, 75(1): 4.
- [23] SANCHEZ-MALDONADO A F, ASLAM M, SERVICE C, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from two pork processing plants in Alberta, Canada [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2017, 241: 49-59.
- [24] MØLLER C O A, SANT'ANA A S, HANSEN S K H, et al. Evaluation of a cross contamination model describing transfer of *Salmonella* spp. and *Listeria monocytogenes* during grinding of pork and beef [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2016, 226: 42-52.
- [25] ZHAO S, MCDERMOTT P F, WHITE D G, et al. Characterization of multidrug resistant *Salmonella* recovered from diseased animals [J]. *Veterinary Microbiology*, 2007, 123(1-3): 122-132.
- [26] BUSH K, BRADFORD P A. β -lactams and β -lactamase inhibitors: An overview [J]. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 2016, 6(8): a025247.
- [27] LANDONI M F, ALBARELLOS G. The use of antimicrobial agents in broiler chickens [J]. *The Veterinary Journal*, 2015, 205(1): 21-27.
- [28] 沈来红, 陈嫣, 潘泓宇, 等. 2008—2018年攀枝花市沙门氏菌临床分离株血清分型及耐药分析[J]. *医学动物防制*, 2021, 37(12): 1177-1180. SHEN L H, CHEN Y, PAN H Y, et al. Serotyping and drug resistance analysis on clinical isolated *Salmonella* in Panzhihua from 2008 to 2018 [J]. *Journal of Medical Pest Control*, 2021, 37(12): 1177-1180.
- [29] 陈兴英, 王琼琼. 2015年-2017年嘉兴市属医院粪便检出沙门氏菌的临床分析[J]. *中国卫生检验杂志*, 2019, 29(9): 1060-1062. CHEN X Y, WANG Q Q. Clinical analysis of *Salmonella* detected from stool in Jiaxing Municipal Hospital during 2015—2017 [J]. *Chinese Journal of Health Laboratory Technology*, 2019, 29(9): 1060-1062.
- [30] 费中杰. 2016—2017年华东地区禽沙门氏菌的流行病学调查与禽用复合微生态制剂的研制[D]. 扬州: 扬州大学, 2018. FEI Z J. Epidemiological investigation of avian *Salmonella* in East China in 2016—2017 and development of compound microecological preparation for poultry [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2018.
- [31] 李康康. 扬州地区猪源沙门菌的分离、鉴定及耐药性分析[D]. 扬州: 扬州大学, 2021. LI K K. Isolation, identification and drug resistance analysis of *Salmonella* from pigs in Yangzhou area [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2021.
- [32] 贺恒旭, 刘璐函, 刘俊峰, 等. 生猪屠宰环节沙门氏菌携带状况、耐药性及其耐药基因分析[J]. *食品安全质量检测学报*, 2021, 12(8): 3034-3040. HE H X, LIU L H, LIU J F, et al. Prevalence, antimicrobial resistance phenotypes and antimicrobial resistance genes of *Salmonella* isolates from pig slaughtering [J]. *Journal of Food Safety and Quality*, 2021, 12(8): 3034-3040.
- [33] 夏宇飞, 周汝顺, 黎满香. 湖南地区猪源和鸡源沙门氏菌的分离鉴定与耐药性分析[J]. *湖南农业科学*, 2019, 406(7): 4-8. XIA Y F, ZHOU R S, LI M X. Isolation, identification and drug resistance of *Salmonella* from swine and chicken in Hunan [J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2019, 406(7): 4-8.
- [34] 张海, 方英, 徐春志, 等. 规模化猪场猪源沙门氏菌的耐药性及相关耐药基因检测[J]. *养猪*, 2019, 164(3): 105-107. ZHANG H, FANG Y, XU C Z, et al. Detection of drug resistance and related drug resistance genes of *Salmonella typhimurium* in large-scale pig farms [J]. *Swine Production*, 2019, 164(3): 105-107.
- [35] BONARDI S. *Salmonella* in the pork production chain and its impact on human health in the European Union [J]. *Epidemiology and Infection*, 2017, 145(8): 1513-1526.
- [36] European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2015 [J]. *EFSA Journal European Food Safety Authority*, 2017, 15(2): e04694.
- [37] European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2014 [J]. *EFSA Journal*, 2015, 13(12): 4329.
- [38] European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2014 [J]. *EFSA Journal*, 2015, 13(12): 4329.
- [39] NOLLET N, MAES D, DE ZUTTER L, et al. Risk factors for the herd-level bacteriologic prevalence of *Salmonella* in Belgian slaughter pigs. *Preventive Veterinary Medicine*, 2004, 65(1-2): 63-75.
- [40] 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. *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.
- [41] 赵翠, 张庆, 郭树源, 等. 山东省动物源沙门氏菌 MLST 和血清分型与分布研究[J]. *中国人兽共患病学报*, 2017, 33(9): 793-799.
- ZHAO C, ZHANG Q, GUO S Y, et al. Distribution and typing of animal-derived *Salmonella* with MLST and serotype. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2017, 33(9): 793-799.
- [42] 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. *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. *China Animal Health Inspection*, 2018, 35(6): 30-36.
- [43] 林本夫, 潘婧淇, 梁梦诗, 等. 广东省广州市猪禽屠宰场环境沙门氏菌血清分型与耐药性分析. *中国动物检疫*, 2021, 38(4): 44-50.
- LIN B F, PAN J Q, LIANG M S, et al. Serotyping of *Salmonella* in slaughterhouses in Guangzhou city of Guangdong province and analysis on its antibiotic resistance. *China Animal Health Inspection*, 2021, 38(4): 44-50.
- [44] 洪伟彬, 徐振娜, 黄育浩, 等. 东莞市屠宰场环境及屠宰猪体内沙门氏菌的分离与鉴定[C]. 广东省畜牧兽医学会. 第25届广东省科技进步活动月畜牧兽医学术与科技创新发展大会论文集, 2016.
- HONG W B, XU Z N, HUANG Y H, et al. Isolation and identification of *Salmonella* from slaughterhouse environment and pigs in Dongguan City[C]. *Proceedings of the 25th Guangdong Provincial Science and Technology Progress Activity Month Animal Husbandry and Veterinary Academic and Technological Innovation Development Conference*, 2016.
- [45] WU B B, ED-DRA A, PAN H, et al. Genomic investigation of *Salmonella* isolates recovered from a pig slaughtering process in Hangzhou, China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 704636.
- [46] 黄秀梅, 张倩, 盖文燕, 等. 山东地区屠宰场猪肉污染沙门氏菌菌株毒力基因筛查与 ERIC-PCR 分型[J]. *中国人兽共患病学报*, 2018, 34(8): 697-702.
- HUANG X M, ZHANG Q, GAI W Y, et al. Genetic screening and ERIC-PCR genotyping of *Salmonella* from pork in slaughterhouses in Shandong province, China[J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2018, 34(8): 697-702.
- [47] 刘鲜鲜, 王君玮, 王娟, 等. 山东部分生猪屠宰场屠宰环节沙门氏菌污染状况分析[J]. *中国动物检疫*, 2015, 32(5): 82-86.
- LIU X X, WANG J W, WANG J, et al. Analysis on *Salmonella* contamination status during pig slaughtering in Shandong Province [J]. *Chinese Journal of Animal Health Inspection*, 2015, 32(5): 82-86.
- [48] 赵建梅, 王娟, 王君玮, 等. 山东地区生猪和家禽屠宰环节沙门氏菌血清型分布[J]. *中国食品卫生杂志*, 2015, 27(5): 503-508.
- ZHAO J M, WANG J, WANG J W, et al. Research on serotype distribution of *Salmonella* isolated from pig and poultry slaughter processes in Shandong province [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2015, 27(5): 503-508.
- [49] MA S Z, LEI C W, KONG L H, et al. Prevalence, antimicrobial resistance, and relatedness of *Salmonella* isolated from chickens and pigs on farms, abattoirs, and markets in Sichuan province, China[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2017, 14(11): 667-677.
- [50] LI Q, YIN J, LI Z, et al. Serotype distribution, antimicrobial susceptibility, antimicrobial resistance genes and virulence genes of *Salmonella* isolated from a pig slaughterhouse in Yangzhou, China[J]. *AMB Express*, 2019, 9(1): 210.
- [51] CAI Y, TAO J, JIAO Y, et al. Phenotypic characteristics and genotypic correlation between *Salmonella* isolates from a slaughterhouse and retail markets in Yangzhou, China[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2016, 222: 56-64.
- [52] 刘仲义. 不同来源沙门菌多位点序列分型及药物敏感性分析[D]. 扬州: 扬州大学, 2012.
- LIU Z Y. Multi-locus sequence typing and drug sensitivity analysis of *Salmonella* from different sources [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2012.
- [53] Merialdi G, Barigazzi G, Bonilauri P, et al. Longitudinal study of *Salmonella* infection in Italian farrow-to-finish swine herds[J]. *Zoonoses and Public Health*, 2008, 55(4): 222-226.
- [54] VISSCHER C F, Klein G, Verspoohl J, et al. Serodiversity and serological as well as cultural distribution of *Salmonella* on farms and in abattoirs in Lower Saxony, Germany[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2011, 146(1): 44-51.
- [55] VAN HOEK A H A M, DE JONGE R, VAN OVERBEEK W M, et al. A quantitative approach towards a better understanding of the dynamics of *Salmonella* spp. in a pork slaughter-line[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2012, 153(1-2): 45-52.
- [56] ARGUELLO H, ALVAREZ-ORDOÑEZ A, CARVAJAL A, et al. Role of slaughtering in *Salmonella* spreading and control in pork production[J]. *Journal of Food Protection*, 2013, 76(5): 899-911.