



王代冰,夏绪进,徐淑琴,夏盼盼,杨梦琪,杨玉洁,岳莹莹,许莲萍,夏利宁. 新疆不同地区蛋鸡场鸡粪源与环境源大肠杆菌耐药性比较分析[J]. 中国农业大学学报, 2026, 31(02): 159-171.

WANG Daibing, XIA Xujin, XU Shuqin, XIA Panpan, YANG Mengqi, YANG Yujie, YUE Yingying, XU Lianping, XIA Lining. Comparison of resistance analysis of *Escherichia coli* from chicken fecal source and environmental source in layer farms in different regions of Xinjiang[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(02): 159-171.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.02.14

## 新疆不同地区蛋鸡场鸡粪源与环境源大肠杆菌耐药性比较分析

王代冰<sup>1</sup> 夏绪进<sup>2</sup> 徐淑琴<sup>1</sup> 夏盼盼<sup>1</sup> 杨梦琪<sup>1</sup> 杨玉洁<sup>1</sup> 岳莹莹<sup>1</sup>  
许莲萍<sup>2\*</sup> 夏利宁<sup>1,3\*</sup>

(1. 新疆农业大学 动物医学学院, 乌鲁木齐 830052;

2. 巴州动物疾病控制与诊断中心, 新疆 巴州 841000;

3. 新疆草食动物新药研究与创制重点实验室, 乌鲁木齐 830052)

**摘要** 为了解在减抗政策背景下新疆规模化蛋鸡场鸡粪源与环境源大肠杆菌的耐药性差异及耐药基因分布特征,解析其与减抗政策实施的关联性,并根据耐药表型指导临床合理用药,本研究用灭菌拭子采集新疆五家渠、玛纳斯、塔城、焉耆、喀什5个规模化减抗/禁抗蛋鸡场鸡粪便(500份)和环境样品(141份),进行大肠杆菌的分离鉴定,采用琼脂稀释法测定10种抗菌药物的最小抑菌浓度,并通过PCR方法检测7种耐药基因。结果表明:1)共分离得到大肠杆菌496株,分离率为77.3%(496/641)。不同地区蛋鸡场大肠杆菌的分离率从高到低依次为塔城鸡场(88.6%, 117/132)、焉耆鸡场(79.8%, 99/124)、喀什鸡场(79.2%, 99/125)、玛纳斯鸡场(71.8%, 102/142)、五家渠鸡场(66.7%, 79/118)。2)环境源大肠杆菌总体耐药性高于鸡粪源:环境源菌株中高耐药率( $\geq 60.0\%$ )药物占比达70.0%(7/10),显著高于鸡粪源菌株的40.0%(4/10)。具体表现为:环境源菌株对氨苄西林、氟苯尼考、四环素及恩诺沙星的耐药率均显著高于鸡粪源。3)鸡粪源菌和环境源菌中*tet(A)*基因的检出率在70.0%以上,*bla<sub>TEM</sub>*和*floR*基因在环境源菌株中的检出率显著高于鸡粪源菌,*bla<sub>NDM</sub>*与*mcr-1*基因仅在鸡粪源菌株中检出。综上,在减抗政策背景下,新疆5个地区蛋鸡场鸡粪源和环境源大肠杆菌的流行情况存在差异,环境源大肠杆菌耐药性显著高于鸡粪源,表明养殖环境中抗生素残留持续驱动着耐药基因富集和扩散。建议基于区域耐药谱差异优化抗生素使用方案,强化粪污资源化处理及环境消毒,阻断“粪便-水源-土壤”传播链以遏制耐药性传播。

**关键词** 规模化蛋鸡场; 大肠杆菌; 鸡粪源; 环境源; 耐药性

中图分类号 S859.7

文章编号 1007-4333(2026)02-0159-13

文献标志码 A

## Comparison of resistance analysis of *Escherichia coli* from chicken fecal source and environmental source in layer farms in different regions of Xinjiang

WANG Daibing<sup>1</sup>, XIA Xujin<sup>2</sup>, XU Shuqin<sup>1</sup>, XIA Panpan<sup>1</sup>, YANG Mengqi<sup>1</sup>, YANG Yujie<sup>1</sup>,  
YUE Yingying<sup>1</sup>, XU Lianping<sup>2\*</sup>, XIA Lining<sup>1,3\*</sup>

(1. College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China;

2. Bazhou Animal Disease Control and Diagnostic Center, Bazhou 841000, China;

3. Xinjiang Key Laboratory of New Drug Research and Development for Herbivores, Urumqi 830052, China)

收稿日期: 2025-05-19; 接受日期: 2025-07-31

基金项目: 国家自然科学基金-地区基金项目(32360910); 自治区“天山英才”培养计划-“三农”骨干人才培养项目(2023SNGGGCC008)

第一作者: 王代冰(ORCID: 0009-0005-4537-641X), 硕士研究生, E-mail: 2789607071@qq.com

通讯作者: 许莲萍(ORCID: 0009-0009-9185-8857), 兽医师, 主要从事动物疫病防控研究, E-mail: apple830206@qq.com

夏利宁(ORCID: 0000-0003-0653-3839), 教授, 主要从事兽医药理与毒理学研究, E-mail: xln750530@163.com

**Abstract** The study was to investigate the differences in antimicrobial resistance (AMR) and the distribution of resistance genes between *Escherichia coli* isolates from chicken fecal samples and the environment samples in large-scale layer farms in Xinjiang under China's antimicrobial reduction policy, and to elucidate the association with the implementation of this policy, and to guide rational clinical antimicrobial use based on resistance phenotypes. In this study, a total of 500 chicken fecal samples and 141 environmental samples were collected using sterile swabs from five large-scale layer farms in Wujiaqu, Manas, Tacheng, Yanqi, and Kashi. *Escherichia coli* was isolated and identified from these samples, and the minimum inhibitory concentrations (MICs) of 10 antibiotics were determined using the agar dilution method, and 7 antimicrobial resistance genes were detected by PCR. The results showed as follows: 1) 496 strains of *Escherichia coli* were isolated, with an isolation rate of 77.3% (496/641). The isolation rates in each region, from highest to lowest, were as follows: Tacheng (88.6%, 117/132), Yanqi (79.8%, 99/124), Kashi (79.2%, 99/125), Manas (71.8%, 102/142), and Wujiaqu (66.7%, 79/118). 2) Environmental-source *Escherichia coli* isolates exhibited significantly higher overall AMR than fecal-source isolates. Among the ten antibiotics tested, high resistance rates ( $\geq 60.0\%$ ) were observed for seven antibiotics (70.0%) in environmental isolates, which was significantly higher than that for four antibiotics (40.0%) in fecal isolates. Specifically, environmental isolates exhibited significantly higher resistance rates to ampicillin, florfenicol, tetracycline, and enrofloxacin compared to fecal-source isolates. 3) The detection rates of the *tet(A)* gene exceeded 70.0% in both fecal-source and environmental-source isolates. The detection rates of the *bla<sub>TEM</sub>* and *floR* genes were significantly higher in environmental-source isolates. In contrast, the *bla<sub>NDM</sub>* and *mcr-1* genes were detected only in the fecal-source strains. In conclusion, under the antimicrobial reduction policy framework, variations in the prevalence of *Escherichia coli* among isolates from chicken fecal sources and environmental sources were observed across layer farms in 5 regions of Xinjiang, China. Environmental-source *Escherichia coli* isolates exhibited significantly higher antimicrobial resistance than fecal isolates, indicating that residual antibiotics in farm environments may drive the enrichment and dissemination of resistance genes. It is recommended to optimize antimicrobial usage based on regional resistance profiles, strengthening manure management and environmental disinfection and disrupting the "feces-water-soil" transmission chain to curb the spread of antimicrobial resistance.

**Keywords** large-scale layer farm; *Escherichia coli*; chicken fecal source; environmental source; drug resistance

抗微生物药物耐药性(Antimicrobial resistance, AMR)作为21世纪全球公共卫生的核心挑战之一,已被世界卫生组织(WHO)列入“全球十大健康威胁”<sup>[1]</sup>。减抗政策实施前,抗生素的长期滥用与亚治疗剂量的使用加速了耐药菌株的进化与传播,多重耐药(Multidrug resistant, MDR)菌株的出现不仅削弱了临床治疗效果,还可能通过食物链或环境媒介威胁人类公共卫生安全<sup>[2]</sup>。我国自2016年起逐步构建系统性治理框架,通过《遏制细菌耐药国家行动计划(2016—2020年)》率先实施跨部门防控策略,并在2017年由农业农村部正式推行兽用抗菌药使用减量化行动,但长期使用抗菌药物带来的细菌耐药性危害短期内难以消除。

近年来,随着“减抗/禁抗”政策的持续推进,多项研究对不同地区养殖场中大肠杆菌的耐药性变化进行了评估,结果呈现出一定的区域性差异。作

为动物源及食品源样本中最常见的革兰氏阴性菌,大肠杆菌(*Escherichia coli*, *E. coli*)凭借其基因组的高度可塑性及耐药基因的富集能力,已成为人类医学和兽医学领域革兰氏阴性菌耐药性监测的核心指示菌<sup>[3-4]</sup>。从已有研究来看,区域性差异随着政策的推进表现得更加明显,唐标等<sup>[5]</sup>在湖南省(2019年)发现减抗与非减抗养殖场的猪、鸭、鸡源大肠杆菌耐药性无显著差异;张海龙<sup>[6]</sup>对河北省(2018—2020年)鸡源大肠杆菌的耐药性研究表明,部分抗菌药物耐药性随着政策推进呈逐年下降趋势;周杰等<sup>[7]</sup>在重庆市跨十年耐药性研究(2007—2008年和2020年)证实猪、鸡源大肠杆菌对多类抗菌药物耐药性显著降低。现有研究不仅反映了“减抗”政策在特定区域内的实施成效,也提示耐药性演变可能受养殖模式、用药习惯及生态背景等多重因素的影响,因此亟需在更多区域开展系统性研究,以全面

评估政策实施效果。

然而,新疆作为我国西北重要的畜牧业生产基地,蛋鸡养殖规模化程度逐年提升,但其对大肠杆菌耐药性的系统性研究仍较为薄弱,尤其在跨区域耐药性比较、耐药基因传播特征及其与“减抗”政策关联性等方面缺乏深入解析。需特别关注的是,畜禽养殖环境作为耐药基因及耐药菌的重要储存库,其携带的耐药菌株可通过水源渗透、饲料污染及产品流通等途径传播至人类,并通过食物链生物放大效应形成连锁式公共卫生风险<sup>[8-10]</sup>。

基于此,本研究通过采集位于新疆五家渠、玛纳斯、塔城、焉耆、喀什地区的规模化减抗/禁抗蛋鸡养殖场中的鸡粪源和环境源样品,对从中分离的大肠杆菌进行药敏试验与耐药基因检测,系统解析其耐药谱特征、多药耐药水平及区域分布规律,探讨“减抗”政策对耐药性演变的潜在影响,旨在为新

疆蛋鸡养殖业制定差异化用药方案、优化细菌病综合防控策略提供科学依据,同时为我国“减抗”政策的精准实施与评估提供区域性数据支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

#### 1.1.1 菌株来源

2024 年 4—7 月期间,在新疆五家渠、玛纳斯、塔城、焉耆、喀什 5 个地区减抗或禁抗蛋鸡养殖场(根据我国农业农村部第 194 号、250 号公告及 GB 31650—2019 标准,蛋鸡养殖已全面禁用促生长抗生素,仅限育雏阶段治疗使用,产蛋期限制使用抗菌药物)。用灭菌拭子采集鸡粪便样品 500 份,环境(包括饲料、饮水、食槽、风机、土壤、鸡蛋传送带)样品 141 份,将样品放入 1 mL 灭菌 BHI 的 2 mL EP 管中,4 ℃冰箱保存。样品总数见表 1。

表 1 新疆不同地区蛋鸡场粪便和环境样品采集信息表

Table 1 Information sheet of fecal and environmental sample collection of layer farms in different regions of Xinjiang

| 地区<br>Area  | 采样时间<br>Sampling time | 鸡粪源/份<br>Chicken fecal sources | 环境源/份<br>Environmental sources | 总计<br>Total |
|-------------|-----------------------|--------------------------------|--------------------------------|-------------|
| 五家渠 Wujiaqu | 4 月 17 日              | 100                            | 18                             | 118         |
| 玛纳斯 Manas   | 5 月 8 日               | 100                            | 42                             | 142         |
| 塔城 Tacheng  | 6 月 11 日              | 100                            | 32                             | 132         |
| 焉耆 Yanqi    | 6 月 30 日              | 100                            | 24                             | 124         |
| 喀什 Kashi    | 7 月 25 日              | 100                            | 25                             | 125         |
| 总计 Total    |                       | 500                            | 141                            | 641         |

#### 1.1.2 主要试剂和培养基

MH 培养基(Mueller-Hinton)、脑心浸液培养基(Brain heart infusion medium, BHI)、麦康凯琼脂(MacConkey Agar, MAC)、伊红美蓝琼脂(Eosin-Methylene Blue Agar, EMB)购自青岛海博生物技术有限公司;1×TE 缓冲液、50×TAE 购自上海生工生物有限公司;2×Taq PCR Master Mix、DL 2000 DNA Marker 购自北京天根生化科技有限公司;质控大肠杆菌 ATCC 25922 购自杭州天和微生物试剂有限公司。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 菌株的分离与鉴定

参考 Wang 等<sup>[11]</sup>的方法进行 *E. coli* 分离鉴定。将采样管中的样品摇匀后,从中吸取 10 μL 至含有 1 mL 灭菌 BHI 的 2 mL EP 管中,于 37 ℃摇床中培

养 4~6 h,将培养好的菌液分别划线于 MAC 和 EMB 平板进行双筛,并纯化,将疑似 *E. coli* 通过 PCR 方法检测 *E. coli* 持家基因 *uidA*<sup>[12]</sup>,对目的片段的产物回收并送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。用 BLAST 软件比对测序结果,若相似性>96.0% 则判定菌株为大肠杆菌。

#### 1.2.2 菌株的保存

将分离鉴定出的菌株与 60.0% 灭菌甘油按 2:1 (体积比)混合后保存至 -80 ℃备用。

#### 1.2.3 药物敏感性试验

采用 2018 年欧盟药敏试验标准(EUCAST)<sup>[13]</sup>,并参照美国临床和实验室标准协会(CLSI)指南 VET01-S2(2013 年)<sup>[14]</sup>和 M100-S29(2019 年)<sup>[15]</sup>,通过琼脂稀释法对分离得到的 *E. coli*

进行6大类10种抗菌药物的药物敏感性试验。药物包括氨基糖苷类(阿米卡星 AMK、庆大霉素 GEN)、四环素类(四环素 TET、替加环素 TIG)、喹诺酮类(恩诺沙星 ENR)、酰胺醇类(氟苯尼考 FFC)、 $\beta$ -内酰胺类(氨苄西林 AMP、头孢噻呋 CFF、亚胺培南 IPM)、多肽类(多黏菌素 E, PE)6大类10种抗菌药物的药敏试验, ATCC 25922作为标准质控菌株, 结果判定以EUCAST和CLSI动物源细菌抗菌药物敏感性试验执行标准为准。

1.2.4 耐药基因检测

根据药敏试验结果, 在分离的大肠杆菌中进行氨基糖苷类(*ant*(3'')-Ia)、四环素类(*tet*(A))、喹诺酮类(*qnrS*)、酰胺醇类(*floR*)、 $\beta$ -内酰胺类(*bla*<sub>TEM</sub>、*bla*<sub>NDM</sub>)和多肽类(*mcr-1*)常见的6类7种耐药基因检测, 参考文献[16-20]。上述所用耐药基因引物由生工生物工程(上海)有限公司合成。

1.2.5 数据分析

采用SPSS 26.0软件的交叉表分析:1)通过卡方检验(Chi-square test)和费希尔精确检验(Fisher)比较不同地区蛋鸡场*E. coli*分离率、耐药率及耐药基因检出率( $P<0.05$ 为差异显著,  $P>0.05$ 为差异不显著);2)分析每株细菌其耐药基因携带与耐药表型的关联性, 采用卡方检验(期望频数 $\geq 5$ )或费希尔精确检验(期望频数 $<5$ ), 计算比值比(OR)及95%置信区间

(95%CI), 当 $P<0.05$ 且 $OR\neq 1$ 为显著关联。

2 结果与分析

2.1 不同地区蛋鸡场*E. coli*分离鉴定

从表2可知, 641份样品分离得到大肠杆菌496株, 总分离率为77.3%(496/641)。其中鸡粪源样品中大肠杆菌的分离率为86.4%(432/500), 环境源样品中大肠杆菌的分离率为45.4%(64/141)。

5个地区蛋鸡场*E. coli*分离率呈地域差异, 塔城地区*E. coli*以88.6%(117/132)的分离率显著高于其他地区( $P<0.05$ );焉耆地区(79.8%, 99/124)和喀什地区(79.2%, 99/125)的*E. coli*分离率差异不显著( $P>0.05$ ), 但显著高于玛纳斯地区(71.8%, 102/142)和五家渠地区(66.7%, 79/118) ( $P<0.05$ )。各地区大肠杆菌分离率详见表2中总计部分。

塔城(98.0%, 98/100)、焉耆(97.0%, 97/100)和喀什(99.0%, 99/100)地区鸡粪源*E. coli*分离率显著高于五家渠(61.0%, 61/100)和玛纳斯(77.0%, 77/100)地区鸡粪源( $P<0.05$ )。五家渠环境源*E. coli*分离率达100.0%, 而喀什环境源*E. coli*分离率为0, 显示出极大的地区差异( $P<0.05$ )。结果表明塔城地区*E. coli*流行率最高, 且不同地区鸡粪源与环境源*E. coli*流行率存在极大差异。

表2 新疆不同地区蛋鸡场*E. coli*的分离情况  
Table 2 Isolation of *E. coli* from layer farms in different regions of Xinjiang %

| 来源<br>Source                 | 五家渠<br>Wujiaqu     | 玛纳斯<br>Manas       | 塔城<br>Tacheng      | 焉耆<br>Yanqi        | 喀什<br>Kashi        | 总计<br>Total |
|------------------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|-------------|
| 鸡粪源<br>Chicken fecal sources | 61.0 c<br>(61/100) | 77.0 b<br>(77/100) | 98.0 a<br>(98/100) | 97.0 a<br>(97/100) | 99.0 a<br>(99/100) | 86.4        |
| 环境源<br>Environmental sources | 100.0 a<br>(18/18) | 59.5 b<br>(25/42)  | 59.4 b<br>(19/32)  | 8.3 c<br>(2/24)    | 0 c<br>(0/25)      | 45.4        |
| 总计<br>Total                  | 66.7 d             | 71.8 c             | 88.6 a             | 79.8 b             | 79.2 b             | 77.3        |

注: 同一行数据不同字母表示差异显著( $P<0.05$ ), 相同字母则表示差异不显著( $P>0.05$ )。下同。  
Note: Different letters in the same row indicate significant differences ( $P<0.05$ ), and the same letters indicate no significant differences ( $P>0.05$ ). The same below.

2.2 不同地区蛋鸡场来源*E. coli*耐药及多药耐药情况

不同地区蛋鸡场分离的*E. coli*对抗菌药物的耐药程度存在明显的地域差异。塔城地区蛋鸡场来源

的*E. coli*对庆大霉素(80.3%)、氟苯尼考(91.5%)和头孢噻呋(74.4%)的耐药率均显著高于五家渠、玛纳斯和焉耆地区( $P<0.05$ );玛纳斯地区蛋鸡场来源的*E. coli*对氨苄西林(88.2%)和四环素(97.1%)的耐药

率亦显著高于五家渠、焉耆和喀什地区( $P<0.05$ );喀什地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 对多黏菌素 E(88.9%)的耐药率显著高于其他地区( $P<0.05$ ),其对头孢噻吩(11.1%)耐药率为 5 个地区最低;所有地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 对替加环素的耐药率均较低(3.0%~8.8%),且地区间差异不显著( $P>0.05$ );塔城地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 对亚胺培南的耐药率(14.5%)显著高于五家渠和喀什蛋鸡场(均为 0)( $P<0.05$ )。

表 3 新疆不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 对 10 种抗菌药物的耐药率

Table 3 Resistance rates of *E. coli* isolates to 10 antimicrobial agents in layer farms across different regions of Xinjiang

| 抗菌药<br>Antibiotic | 五家渠<br>Wujiaqu<br>( <i>n</i> =79) | 玛纳斯<br>Manas<br>( <i>n</i> =102) | 塔城<br>Tacheng<br>( <i>n</i> =117) | 焉耆<br>Yanqi<br>( <i>n</i> =99) | 喀什<br>Kashi<br>( <i>n</i> =99) | 总计<br>Total<br>( <i>n</i> =496) |
|-------------------|-----------------------------------|----------------------------------|-----------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|
| AMK               | 0a                                | 0 a                              | 22.2 b                            | 4.0 ab                         | 0 a                            | 6.0                             |
| AMP               | 69.6 b                            | 88.2 a                           | 100.0 a                           | 54.5 c                         | 77.8 b                         | 79.2                            |
| GEN               | 21.5 b                            | 26.5 b                           | 80.3 a                            | 6.1 c                          | 11.1 bc                        | 31.3                            |
| ENR               | 34.2 c                            | 63.7 a                           | 76.9 a                            | 16.2 bc                        | 17.2 bc                        | 43.3                            |
| FFC               | 51.9 c                            | 60.8 bc                          | 91.5 a                            | 32.3 d                         | 78.8 ab                        | 64.5                            |
| TET               | 64.6 c                            | 97.1 a                           | 97.4 a                            | 79.8 b                         | 84.8 b                         | 86.1                            |
| CFF               | 49.4 b                            | 49.0 b                           | 74.4 a                            | 34.3 b                         | 11.1 c                         | 44.6                            |
| PE                | 38.0 c                            | 36.3 c                           | 70.9 b                            | 57.6 b                         | 88.9 a                         | 59.5                            |
| TIG               | 6.3 a                             | 8.8 a                            | 8.5 a                             | 4.0 a                          | 3.0 a                          | 6.3                             |
| IPM               | 0a                                | 3.9 ab                           | 14.5 b                            | 10.1 ab                        | 0 a                            | 6.3                             |

蛋鸡场来源的 *E. coli* 共有 91 种耐药谱,且耐药表型在 0~9 耐均有分布(表 4)。其中塔城蛋鸡场来源 *E. coli* 的耐药问题最为复杂,7 耐(27.4%,32/117)、8 耐(17.9%,21/117)、9 耐(6.0%,7/117)比例均为 5 个地区的峰值,也是唯一检出对 9 种抗菌药物同时耐药的地区,其菌株耐药谱均为 AMK-AMP-GEN-ENR-FFC-TET-CFF-PE-TIG;喀什地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 以 4 耐为主(49.5%,49/99),耐药谱型以 AMP-FFC-TET-PE 占比最多,为 85.7%(42/49),其次为 5 耐(21.2%);玛纳斯地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 耐药谱型以 4 耐(23.5%,24/102)和 6 耐(22.5%,23/102)为主;五家渠地区

表 4 新疆不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 多药耐药分析

Table 4 Analysis of multidrug resistance of *E. coli* from layer farms in different regions of Xinjiang

| 多药耐药数<br>Number of<br>multidrug resistance | 五家渠<br>Wujiaqu<br>( <i>n</i> =79) | 玛纳斯<br>Manas<br>( <i>n</i> =102) | 塔城<br>Tacheng<br>( <i>n</i> =117) | 焉耆<br>Yanqi<br>( <i>n</i> =99) | 喀什<br>Kashi<br>( <i>n</i> =99) | 总计<br>Total<br>( <i>n</i> =496) |
|--------------------------------------------|-----------------------------------|----------------------------------|-----------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|
| 0 耐 0-resistance                           | 8.9                               | 2.0                              | 0                                 | 5.1                            | 4.0                            | 3.6                             |
| 1 耐 1-resistance                           | 15.2                              | 2.9                              | 0                                 | 25.3                           | 9.1                            | 9.9                             |
| 2 耐 2-resistance                           | 12.7                              | 12.7                             | 0                                 | 15.2                           | 4.0                            | 8.5                             |
| 3 耐 3-resistance                           | 21.5                              | 12.7                             | 5.1                               | 18.2                           | 8.1                            | 12.5                            |
| 4 耐 4-resistance                           | 10.1                              | 23.5                             | 8.5                               | 13.1                           | 49.5                           | 21.0                            |
| 5 耐 5-resistance                           | 12.7                              | 13.7                             | 12.0                              | 11.1                           | 21.2                           | 14.1                            |
| 6 耐 6-resistance                           | 8.9                               | 22.5                             | 23.1                              | 8.1                            | 1.0                            | 13.3                            |
| 7 耐 7-resistance                           | 7.6                               | 8.8                              | 27.4                              | 0                              | 3.0                            | 10.1                            |
| 8 耐 8-resistance                           | 2.5                               | 1.0                              | 17.9                              | 4.0                            | 0                              | 5.6                             |
| 9 耐 9-resistance                           | 0                                 | 0                                | 6.0                               | 0                              | 0                              | 1.4                             |

蛋鸡场来源的 *E. coli* 以 3 耐为主, 占比为 21.5% (17/79); 焉耆地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 则以 1 耐为主, 占比为 25.3% (25/99)。结果表明, 塔城地区蛋鸡场来源的 *E. coli* 耐药问题最为突出, 耐药严重程度远超于其他地区(表 3 和表 4)。

2.2.1 不同地区鸡粪源 *E. coli* 耐药及多药耐药分析

从表 5 可见塔城地区鸡粪源 *E. coli* 对阿米卡星 (26.5%) 的耐药率显著高于五家渠、玛纳斯和喀什地区 (均为 0) ( $P<0.05$ ); 对氨苄西林的耐药率 (100.0%) 显著高于玛纳斯 (88.3%)、五家渠 (63.9%) 和焉耆地区 (53.6%) ( $P<0.05$ ); 对庆大霉素 (81.6%) 和恩诺沙星 (74.5%) 的耐药率均显著高于其他地区 ( $P<0.05$ ); 对氟苯尼考 (90.8%)

的耐药率显著高于玛纳斯 (50.6%)、五家渠 (39.3%) 和焉耆地区 (32.0%) ( $P<0.05$ ), 与喀什地区 (78.8%) 差异不显著 ( $P>0.05$ ); 对头孢噻吩的耐药率 (77.6%) 显著高于喀什地区 (11.1%) ( $P<0.05$ ), 与五家渠 (36.1%)、玛纳斯 (35.1%) 和焉耆地区 (34.0%) 无显著差异 ( $P>0.05$ ); 对替加环素的耐药率 (10.2%) 显著高于喀什 (3.0%)、五家渠 (1.6%) 及玛纳斯地区 (1.3%) ( $P<0.05$ ); 对亚胺培南的耐药率 (17.3%) 显著高于五家渠 (0) 及喀什地区 (0) ( $P<0.05$ )。喀什地区鸡粪源 *E. coli* 对多黏菌素 E 的耐药率 (88.9%) 显著高于焉耆 (57.7%)、玛纳斯 (39.0%) 和五家渠地区 (37.7%) ( $P<0.05$ )。

表 5 新疆不同地区鸡粪源 *E. coli* 对 10 种抗菌药物的耐药率  
Table 5 Resistance rates of *E. coli* from chicken fecal sources to 10 antimicrobial agents  
in different regions of Xinjiang

| 抗菌药<br>Antibiotic | 五家渠<br>Wujiaqu<br>( <i>n</i> =61) | 玛纳斯<br>Manas<br>( <i>n</i> =77) | 塔城<br>Tacheng<br>( <i>n</i> =98) | 焉耆<br>Yanqi<br>( <i>n</i> =97) | 喀什<br>Kashi<br>( <i>n</i> =99) | 总计<br>Total<br>( <i>n</i> =432) |
|-------------------|-----------------------------------|---------------------------------|----------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|---------------------------------|
| AMK               | 0b                                | 0 b                             | 26.5 a                           | 3.1 ab                         | 0 b                            | 6.7                             |
| AMP               | 63.9 c                            | 88.3 b                          | 100.0 a                          | 53.6 c                         | 77.8 ab                        | 77.3                            |
| GEN               | 9.8 c                             | 19.5 bc                         | 81.6 a                           | 4.1 c                          | 11.1 bc                        | 26.9                            |
| ENR               | 18.0 c                            | 57.1 b                          | 74.5 a                           | 14.4 c                         | 17.2 c                         | 36.8                            |
| FFC               | 39.3 c                            | 50.6 bc                         | 90.8 a                           | 32.0 c                         | 78.8 ab                        | 60.4                            |
| TET               | 55.7 c                            | 97.4 a                          | 100.0 a                          | 79.4 b                         | 84.8 ab                        | 85.2                            |
| CFF               | 36.1 ab                           | 35.1 ab                         | 77.6 a                           | 34.0 ab                        | 11.1 b                         | 39.1                            |
| PE                | 37.7 c                            | 39.0 c                          | 79.6 a                           | 57.7 b                         | 88.9 a                         | 63.7                            |
| TIG               | 1.6 b                             | 1.3 b                           | 10.2 a                           | 4.1 ab                         | 3.0 b                          | 4.4                             |
| IPM               | 0 b                               | 5.2 ab                          | 17.3 a                           | 10.3 ab                        | 0 b                            | 7.2                             |

五家渠地区鸡粪源 *E. coli* 中 1~3 耐占 61.0% (37/61), 6 耐和 8 耐各 1 株, 各占 1.6% (1/61); 玛纳斯地区鸡粪源 *E. coli* 中 0~7 耐均有分布, 以 4 耐为主, 占比 29.9% (23/77); 塔城地区鸡粪源 *E. coli* 耐药谱主要集中在 7 耐和 8 耐, 占比为 52.0% (51/98), 同时 9 耐菌株占比 7.1% (7/98); 焉耆地区鸡粪源 *E. coli* 以 1 耐为主, 占比 25.8% (25/97), 有 3 株 8 耐菌株, 占 3.1%; 喀什地区鸡粪源 *E. coli* 耐药谱集中在 4 耐和 5 耐, 占 71.0% (70/99)。上述结果表明, 塔城地区鸡粪源 *E. coli* 耐药程度最严重, 7 耐以上菌株占 59.2%, 且为唯一检出 9 耐菌株地区。

2.2.2 不同地区环境源 *E. coli* 耐药及多药耐药分析

从表 6 可知不同地区环境源 *E. coli* 对氨苄西林、恩诺沙星的耐药率差异不显著 ( $P>0.05$ )。五家渠地区环境源 *E. coli* 对四环素的耐药率 (94.4%) 显著高于塔城地区 (84.2%) ( $P<0.05$ ), 与玛纳斯 (96.0%) 及焉耆地区 (100.0%) 差异不显著 ( $P>0.05$ )。玛纳斯地区环境源 *E. coli* 对头孢噻吩 (92.0%) 和替加环素 (32.0%) 的耐药率显著高于塔城 (57.9%、0) 和焉耆地区 (50.0%、0) ( $P<0.05$ )。塔城地区环境源 *E. coli* 对氟苯尼考的耐药率 (94.7%) 显著高于焉耆地区 (50.0%) ( $P<$

0.05),与五家渠(94.4%)及玛纳斯地区(92.0%)差异不显著( $P>0.05$ );焉耆地区环境源 *E. coli* 对阿米卡星(50.0%)的耐药率显著高于其他地区( $P<0.05$ );对庆大霉素的耐药率(100.0%)显著高于玛纳斯地区(48.0%)( $P<0.05$ ),与五家渠(61.1%)和塔城地区(73.7%)差异不显著( $P>0.05$ );对多黏菌素 E 的耐药率(50.0%)与其他地区差异不显著( $P>0.05$ )。所有地区环境源 *E. coli* 对亚胺培南的耐药率均为 0,无显著差异( $P>0.05$ )。五家渠地区环境源 *E. coli* 耐药谱型以 6 耐和 7 耐为主,各占 33.3%(6/18),有 1 株为 8 耐,占 5.6%(1/18)。玛纳斯地区环境源 *E. coli* 耐药谱主要集中在 5~7 耐,占 84.0%(21/25)。塔城地区环境源 *E. coli* 在 3~7 耐均有分布,以 6 耐为主,占 47.4%(9/19)。焉耆地区环境源 *E. coli* 耐药谱型以 4 耐和 8 耐为主,各占 50.0%(1/2)。结果表明,环境源 *E. coli* 除对亚胺培南完全敏感外,对其他抗菌药物的耐药性呈现出明显的地域差异。

表 6 新疆不同地区环境源 *E. coli* 对 10 种抗菌药物的耐药率  
Table 6 Resistance rates of *E. coli* from environment sources to 10 antimicrobial agents  
in different regions of Xinjiang

| 抗菌药<br>Antibiotic | 五家渠<br>Wujiaqu<br>(n=18) | 玛纳斯<br>Manas<br>(n=25) | 塔城<br>Tacheng<br>(n=19) | 焉耆<br>Yanqi<br>(n=2) | 总计<br>Total<br>(n=64) |
|-------------------|--------------------------|------------------------|-------------------------|----------------------|-----------------------|
| AMK               | 0 a                      | 0 a                    | 0 a                     | 50.0 b               | 1.6                   |
| AMP               | 88.9 a                   | 88.0 a                 | 100.0 a                 | 100.0 a              | 92.2                  |
| GEN               | 61.1 ab                  | 48.0 b                 | 73.7 ab                 | 100.0 a              | 60.9                  |
| ENR               | 88.9 a                   | 84.0 a                 | 89.5 a                  | 100.0 a              | 87.5                  |
| FFC               | 94.4 a                   | 92.0 a                 | 94.7 a                  | 50.0 b               | 92.2                  |
| TET               | 94.4 a                   | 96.0 a                 | 84.2 b                  | 100.0 a              | 92.2                  |
| CFF               | 94.4 a                   | 92.0 a                 | 57.9 b                  | 50.0 b               | 81.3                  |
| PE                | 38.9 a                   | 28.0 a                 | 26.3 a                  | 50.0 a               | 31.3                  |
| TIG               | 22.2 a                   | 32.0 a                 | 0 b                     | 0 b                  | 18.8                  |
| IPM               | 0 a                      | 0 a                    | 0 a                     | 0 a                  | 0                     |

2.3 不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐药基因检出

由表 7 可知 5 个地区蛋鸡场分离的 *E. coli* 耐药基因检出率呈地域差异。塔城地区鸡粪源 *E. coli* 中 *ant*(3'')-Ia(89.8%)、*floR*(79.6%)及 *bla*<sub>NDM</sub>(20.4%)基因的检出率显著高于其他地区( $P<0.05$ ),其环境源 *E. coli* 中 *ant*(3'')-Ia(68.4%)和 *floR*(78.9%)携带率高于其他 4 个地区,凸显其耐药基因的多样性和复杂性。玛纳斯地区鸡粪源 *E. coli* 中 *tet*(A)的检出率(93.5%)显著高于塔城(82.7%)和喀什地区(80.8%)( $P<0.05$ ),该基因在五家渠(52.5%)和焉耆地区(42.3%)的检出率明显偏低,环境源 *E. coli* 中耐药基因 *tet*(A)(88.0%)检出率高于其他 4 个地区,反映上述耐药基因同时在宿主和环境之间传播。喀什地区鸡粪源 *E. coli* 中耐药基因 *bla*<sub>TEM</sub>(61.6%)检出率显著高于塔城(33.7%)和焉耆(26.8%)地区( $P<0.05$ ),*bla*<sub>NDM</sub> 在 1 株鸡粪源 *E. coli* 中检出,检出

率为 1.0%。玛纳斯、塔城、喀什地区鸡粪源 *E. coli* 中 *qnrS* 的检出率均超过 70.0%,显著高于焉耆(27.8%)和五家渠地区(47.5%)( $P<0.05$ )。 *mcr-1* 在鸡粪源 *E. coli* 中整体检出率较低,仅在塔城(3.1%)和焉耆(2.1%)地区检出, *mcr-1* 和 *bla*<sub>NDM</sub> 在所有地区环境源中均未检出,表明此类基因尚未广泛传播。基因检测结果表明:塔城地区成为 *ant*(3'')-Ia、*floR*、*bla*<sub>NDM</sub> 多重耐药基因富集区;玛纳斯地区 *tet*(A)呈现跨宿主-环境同步传播特征;塔城地区、喀什地区和焉耆地区鸡粪源 *E. coli* 中检出 *bla*<sub>NDM</sub> 和/或 *mcr-1* 高风险基因,推测其尚未在环境中扩散。

2.4 不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐药表型和检出耐药基因的相关性分析

用卡方检验和费希尔精确检验分析 496 株不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐药表型和检出耐药基因的相关性(表 8),结果显示,496 株不同地区蛋鸡场

表 7 新疆不同地区鸡粪源 *E. coli* 与环境源 *E. coli* 耐药基因检出率比较

Table 7 Comparison of detection rates of antibiotic resistance genes in *E. coli* from chicken fecal sources and environmental sources in different regions of Xinjiang

| 地区<br>Area     | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources |
|----------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|
|                | <i>ant(3'')-Ia</i>              |                                 | <i>tet(A)</i>                   |                                 | <i>qnrS</i>                     |                                 | <i>floR</i>                     |                                 |
| 五家渠<br>Wujiaqu | 39.3 c                          | 66.7 a                          | 52.5 d                          | 83.3 a                          | 47.5 c                          | 83.3 a                          | 18.0 d                          | 72.2 a                          |
| 玛纳斯<br>Manas   | 75.3 b                          | 68.0 a                          | 93.5 a                          | 88.0 a                          | 76.6 a                          | 68.0 ab                         | 48.1 c                          | 76.0 a                          |
| 塔城<br>Tacheng  | 89.8 a                          | 68.4 a                          | 82.7 b                          | 68.4 ab                         | 71.4 ab                         | 31.6 b                          | 79.6 a                          | 78.9 a                          |
| 焉耆<br>Yanqi    | 19.6 d                          | 0 b                             | 42.3 e                          | 50.0 b                          | 27.8 d                          | 100.0 a                         | 17.5 d                          | 50.0 a                          |
| 喀什<br>Kashi    | 23.2 d                          | -                               | 80.8 c                          | -                               | 70.7 b                          | -                               | 59.6 b                          | -                               |
| 合计<br>Total    | 51.2                            |                                 | 72.0                            |                                 | 59.5                            |                                 | 50.4                            |                                 |

| 地区<br>Area     | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources | 鸡粪源<br>Chicken fecal<br>sources | 环境源<br>Environmental<br>sources |
|----------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|
|                | <i>bla<sub>TEM</sub></i>        |                                 | <i>bla<sub>NDM</sub></i>        |                                 | <i>mcr-1</i>                    |                                 |
| 五家渠<br>Wujiaqu | 44.3 bc                         | 83.3 a                          | 0 a                             | 0 a                             | 0 a                             | 0 a                             |
| 玛纳斯<br>Manas   | 48.1 ab                         | 76.0 a                          | 0 a                             | 0 a                             | 0 a                             | 0 a                             |
| 塔城<br>Tacheng  | 33.7 c                          | 78.9 a                          | 20.4 b                          | 0 a                             | 3.1 a                           | 0 a                             |
| 焉耆<br>Yanqi    | 26.8 d                          | 100.0 a                         | 0 a                             | 0 a                             | 2.1 a                           | 0 a                             |
| 喀什<br>Kashi    | 61.6 a                          | -                               | 1.0 a                           | -                               | 0 a                             | -                               |
| 合计<br>Total    | 47.4                            |                                 | 4.2                             |                                 | 1.0                             |                                 |

注:同一列数据不同字母表示差异显著( $P<0.05$ ),相同字母则表示差异不显著( $P>0.05$ )。  
Note: Different letters in the same column indicate significant differences ( $P<0.05$ ), and the same letters indicate no significant differences ( $P>0.05$ ).

来源 *E. coli* 对阿米卡星、庆大霉素、四环素、恩诺沙星、氟苯尼考、氨苄西林和亚胺培南 7 种药物的耐药表型和检出的耐药基因呈极显著相关( $OR>1$ ,  $P<0.001$ );对替加环素的耐药表型与其耐药基因 *tet(A)* 呈显著相关( $OR>1$ ,  $P<0.05$ );头孢噻唑、多黏菌素 E 耐药表型与其检出的耐药基因不相关( $OR=0.70$ ,  $95\%CI=0.49\sim1.00$ ,  $P=0.058$ )和( $P=0.084$ )。

桑基图进一步揭示不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐

药表型和耐药基因的关联特征(图 1)。塔城地区蛋鸡场来源 *E. coli* 对四环素、氟苯尼考、庆大霉素的耐药表型分别与 *tet(A)*、*floR*、*ant(3'')-Ia* 基因强关联。玛纳斯地区蛋鸡场来源 *E. coli* 四环素耐药表型突出与 *tet(A)* 基因强关联,同时氨苄西林与 *bla<sub>TEM</sub>*、恩诺沙星与 *qnrS* 基因呈强关联。喀什地区氨苄西林耐药由 *bla<sub>TEM</sub>* 主导,四环素与 *tet(A)*、氟苯尼考与 *floR* 基因均呈强关联。五家渠地区以四环素耐药为核心表型,与 *tet(A)* 强关联。焉耆地区耐药不突出,以四环素耐药为主要

表 8 耐药表型和耐药基因型相关性分析  
Table 8 Correlation analysis of drug resistance phenotype and drug resistance genes

| 耐药表型<br>Drug<br>resistant<br>phenotype | 耐药基因<br>Drug<br>resistance<br>gene | 表型－<br>基因＋<br>Phenotype－<br>Gene＋ | 表型＋<br>基因－<br>Phenotype＋<br>Gene－ | 表型＋<br>基因＋<br>Phenotype＋<br>Gene＋ | 表型－<br>基因－<br>Phenotype－<br>Gene－ | 比值<br>OR<br>odds ratio | 置信区间<br>95%CI<br>95%<br>Confidence<br>interval | 相关性 <i>P</i><br>Correlation<br><i>P</i> value |
|----------------------------------------|------------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|------------------------|------------------------------------------------|-----------------------------------------------|
| AMK                                    | <i>ant(3'')-Ia</i>                 | 229                               | 5                                 | 25                                | 237                               | 5.18                   | 1.95~13.70                                     | <0.001                                        |
| GEN                                    |                                    | 131                               | 32                                | 123                               | 210                               | 6.17                   | 3.94~9.62                                      | <0.001                                        |
| TET                                    | <i>tet(A)</i>                      | 4                                 | 74                                | 353                               | 65                                | 77.53                  | 27.03~200                                      | <0.001                                        |
| TIG                                    |                                    | 328                               | 2                                 | 29                                | 137                               | 6.06                   | 1.42~25.64                                     | 0.004                                         |
| ENR                                    | <i>qnrS</i>                        | 133                               | 53                                | 162                               | 148                               | 3.40                   | 2.30~5.03                                      | <0.001                                        |
| FFC                                    | <i>floR</i>                        | 5                                 | 75                                | 245                               | 171                               | 111.11                 | 43.48~250                                      | <0.001                                        |
| AMP                                    | <i>bla<sub>TEM</sub></i>           | 4                                 | 162                               | 231                               | 99                                | 35.71                  | 12.66~100                                      | <0.001                                        |
| CFF                                    |                                    | 141                               | 127                               | 94                                | 134                               | 0.70                   | 0.49~1.00                                      | 0.058                                         |
| IPM                                    | <i>bla<sub>NDM</sub></i>           | 6                                 | 16                                | 15                                | 459                               | 37.50                  | 15.65~89.88                                    | <0.001                                        |
| PE                                     | <i>mcr-1</i>                       | 0                                 | 290                               | 5                                 | 201                               | —                      | —                                              | 0.084                                         |

注：表型－基因＋：菌株耐药表型不显示耐药，携带耐药基因。表型＋基因－：菌株耐药表型显示耐药，但不携带耐药基因。  
表型＋基因＋：菌株耐药表型显示耐药，携带耐药基因。表型－基因－：菌株耐药表型不显示耐药，不携带耐药基因。 $P<0.05$ ，差异显著； $P<0.001$ ，差异极显著， $P>0.05$ ，差异不显著，OR 值大于 1 表示 2 个事件呈正相关；OR 值小于 1 表示 2 个事件呈负相关；OR 值等于 1 表示 2 个事件之间没有关联。—表示因阳性样本量太少无法计算出相关数据。  
Note: Phenotype－Gene＋: Strain resistance phenotype does not show resistance, carrying resistance Genes. Phenotype＋gene－: The strain resistance phenotype shows resistance but does not carry resistance genes. Phenotype＋Gene＋: The strain resistance phenotype shows resistance and carries resistance genes. Phenotype－Gene－: The strain resistance phenotype does not show resistance and does not carry resistance genes.  $P<0.05$ , the difference was significant;  $P<0.001$ , the difference was extremely significant, and  $P>0.05$ , the difference was not significant, OR value greater than one indicates that the two events are positively correlated; OR value of less than one indicates that the two events are negatively correlated; OR value equal to one indicates that there is no correlation between the two events. —: means that the number of positive samples is too small to calculate the relevant data.

表型。此外,多黏菌素 E 耐药表型未检出主要关联耐药基因,与表 8 中多黏菌素 E 耐药表型与其耐药基因 *mcr-1* 无显著相关性( $P=0.084$ )相互印证。结果表明,不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐药表型-基因关联存在显著地域差异。

3 讨 论

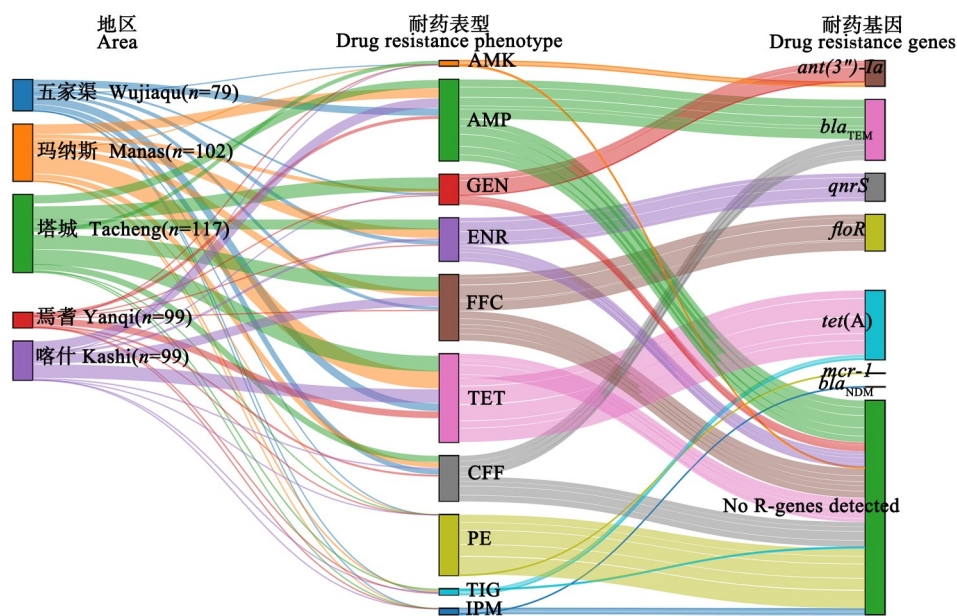
3.1 不同地区减抗或禁抗蛋鸡场来源的鸡粪源、环境源 *E. coli* 的流行情况分析

养殖场中鸡粪源 *E. coli* 的分离率(86.4%, 432/500)远高于环境源 *E. coli*(45.4%, 64/141),表明蛋鸡是养殖场中大肠杆菌的主要携带宿主。从地区分布来看,五家渠(66.7%)和玛纳斯(71.8%)地区蛋鸡场来源 *E. coli* 的分离率低于其他 3 个地区,推测其差异可能与采样季节及地理环境因素相关。五家渠(61.0%)和玛纳斯(77.0%)地区鸡粪源 *E. coli* 的分离率低于塔城(98.0%)、焉耆(97.0%)和喀什(99.0%)地区,推测这种差异可能与采样季节的温度有关,前者在温度较低的 4—5 月

采样,后者在温度较高的 6—7 月采样。不同地区环境源 *E. coli* 的分离率差异较大,其中五家渠地区最高(100.0%),玛纳斯(59.5%)与塔城(59.4%)地区次之,焉耆(8.3%)和喀什(0)地区最低,推测这种巨大差异可能与养殖场环境消杀措施的执行力度和效果有关。通过与既往研究对比可见:本研究中鸡粪源 *E. coli* 分离率(86.4%)略高于乔海英<sup>[21]</sup>报道的吉林省 6 家鸡养殖场粪便样品分离率(81.9%),但低于刘挺等<sup>[22]</sup>在江苏省 8 个养鸡场的研究结果(99.4%)。环境源 *E. coli* 分离率(45.4%)与 Mandal 等<sup>[23]</sup>对肉鸡场环境(农场污水)中 *E. coli* 的研究结果(71.0%)相差较大,推测其差异可能与环境样本来源不同有关,本研究中的环境源样品包括饲料、饮水、风机、土壤等。综上所述,不同地区 *E. coli* 分离率的差异可能受地域养殖条件、检测方法的影响。

3.2 不同地区减抗或禁抗蛋鸡场来源的鸡粪源、环境源 *E. coli* 的耐药表型分析

不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 的耐药性结果显示



AMK: 阿米卡星; AMP: 氨苄西林; GEN: 庆大霉素; ENR: 恩诺沙星; FFC: 氟苯尼考; TET: 四环素; CFF: 头孢噻呋; PE: 多黏菌素 E; TIG: 替加环素; IPM: 亚胺培南。不同颜色代表新疆 5 个地区蛋鸡场大肠杆菌的分离株, 线条粗细表示该地区耐药表型与特定基因之间关联的强弱, 线条越粗, 代表该关联越强。

AMK: Amikacin; AMP: Ampicillin; GEN: Gentamicin; ENR: Enrofloxacin; FFC: Florfenicol; TET: Tetracycline; CFF: Ceftiofur; PE: Polymyxin E; TIG: Tigecycline; IPM: Imipenem. The different colors represent the *E. coli* isolates from five different layer farms in Xinjiang. The thickness of the lines indicates the strength of the association between the drug resistance phenotype and the specific gene, with thicker lines representing stronger associations.

图 1 新疆不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 耐药表型与耐药基因的关联模式桑基图

Fig. 1 Sankey diagram of the association patterns between drug resistance phenotypes and resistance genes of *E. coli* from layer farms in different regions of Xinjiang

四环素呈现全域高水平耐药(64.6%~97.4%),但耐药模式存在显著地域差异。塔城地区对氨苄西林(100.0%)完全耐药,对氟苯尼考(91.5%)与庆大霉素(80.3%)的耐药问题尤为突出,同时对恩诺沙星(76.9%)高耐;玛纳斯地区对氨苄西林(88.2%)耐药严重;喀什地区对多黏菌素 E(88.9%)耐药率为各地区之首,同时对氨苄西林(77.8%)和氟苯尼考(78.8%)高耐;五家渠地区以氨苄西林(69.6%)耐药为主,整体耐药水平中等,对阿米卡星、亚胺培南完全敏感(0);焉耆地区整体耐药水平为 5 个地区最低(对 7 种抗菌药物的耐药率≤34.3%),主要对四环素(79.8%)耐药。研究发现,菌株来源显著影响耐药谱:鸡粪源 *E. coli* 对四环素(85.2%)、氨苄西林(77.3%)和多黏菌素 E(63.7%)的耐药率高,在 63.0% 以上;而环境源 *E. coli* 对氨苄西林、氟苯尼考和四环素耐药率均高达 92.2%,对庆大霉素(60.9%)和恩诺沙星(87.5%)的耐药水平亦高于鸡粪源菌株。本研究中,鸡粪源 *E. coli* 对四环素的耐药率(85.2%)高于李亚菲等<sup>[24]</sup>2019 年在广东省 3 个蛋鸡场分离出的鸡源大肠杆菌对四环素的耐药率(78.6%),但低于高笑等<sup>[25]</sup>2017—2021 年在

河南、江西两省鸡源大肠杆菌对四环素的耐药率(93.7%),与唐标等<sup>[5]</sup>2019 年湖南省 14 个鸡场的研究结果(87.7%)相近;对氨苄西林的耐药率(77.3%)高于李丹<sup>[26]</sup>2020 年在辽宁省 3 个养鸡场的研究结果(55.6%),与陈月月等<sup>[27]</sup>2016 年新疆伊犁地区霍城县分离出的鸡源大肠杆菌耐药率相近(74.4%),而对氟苯尼考(60.4%)、恩诺沙星(36.8%)的耐药率低于其研究结果(71.1%、65.9%),提示区域间耐药率差异可能与不同地区抗生素历史使用强度不均衡有关,在减抗限抗大背景下,不同地区耐药性演变仍存在差异。需高度警示的是,多黏菌素 E 作为治疗碳青霉烯类耐药菌感染的“最后一道防线”<sup>[28]</sup>,在鸡粪源和环境源 *E. coli* 中已出现较高耐药率(63.7%、31.3%)。

不同地区蛋鸡场来源 *E. coli* 的多药耐药情况严峻,3 耐及 3 耐以上菌株占 78.0%,环境源 *E. coli* (95.3%)多药耐药率高于鸡粪源 *E. coli* (75.5%),这一差异表明,环境源菌株可能面临更强的抗生素选择压力,可能介导耐药基因扩散。基于 5 个地区耐药梯度分布(塔城/喀什>玛纳斯>五家渠>焉耆)与菌株来源差异,减抗政策需实施区域化精准调控:1)多重

耐药区域(塔城和喀什地区)须对氟苯尼考、恩诺沙星、庆大霉素执行严格管控,将多黏菌素E纳入特殊管控药品清单;2)全域性防控四环素和氨苄西林,将四环素纳入“高风险抗生素限用清单”,实行区域差异化总量控制;氨苄西林在中低耐药区(五家渠、焉耆地区)作为限制预防性用药,在高耐药区(塔城、玛纳斯、喀什地区)作为非治疗性禁用药。

### 3.3 不同地区减抗/禁抗蛋鸡场来源的鸡粪源、环境源 *E. coli* 的耐药基因分析

在新疆五家渠、玛纳斯、塔城、焉耆和喀什地区蛋鸡场分离出的 *E. coli* 中,四环素类 *tet(A)*、喹诺酮类 *qnrS*、酰胺醇类 *floR* 和  $\beta$ -内酰胺酶类 *bla<sub>TEM</sub>* 耐药基因检出率普遍较高(均>45.0%),表明这四类耐药基因在5个地区蛋鸡养殖场中广泛传播,而不同地区耐药基因的流行特征存在显著差异:塔城地区氨基糖苷类(*ant(3'')-Ia*, 86.3%)和酰胺醇类(*floR*, 79.5%)耐药基因检出率显著高于其他地区,也是唯一同时检出碳青霉烯类耐药基因 *bla<sub>NDM</sub>* (17.1%)和多黏菌素类耐药基因 *mcr-1* (2.6%)的地区,提示存在特殊的耐药风险;玛纳斯地区四环素类耐药基因 *tet(A)* 的检出率(92.2%)为5个地区最高,同时氨基糖苷类(*ant(3'')-Ia*, 73.5%)和喹诺酮类(*qnrS*, 74.5%)耐药基因流行率高;喀什地区  $\beta$ -内酰胺酶类 *bla<sub>TEM</sub>* 检出率(61.6%)高于其他地区,四环素类(*tet(A)*, 80.8%)和喹诺酮类(*qnrS*, 70.7%)耐药基因流行率也较高,且检出碳青霉烯类耐药基因 *bla<sub>NDM</sub>*, 检出率为1.0%;五家渠地区四环素类耐药基因 *tet(A)* 检出率(59.5%)为该地区最高,未检出碳青霉烯类耐药基因 *bla<sub>NDM</sub>* 和多黏菌素类耐药基因 *mcr-1*; 焉耆地区 *ant(3'')-Ia* (19.2%)、*tet(A)* (42.4%)、*qnrS* (29.3%)、*floR* (18.2%)、*bla<sub>TEM</sub>* (28.3%)多类耐药基因检出率为5个地区最低,且未检出碳青霉烯类耐药基因 *bla<sub>NDM</sub>*, 但需要注意的是,该地区多黏菌素类耐药基因 *mcr-1* 检出率为2.0%,高于五家渠、玛纳斯和喀什地区(均为0),仅次于塔城地区(2.6%)。这种区域性差异可能与我国减抗政策的实施存在潜在关联:环境源中 *qnrS*、*bla<sub>TEM</sub>*、*ant(3'')-Ia*、*floR* 等耐药基因检出率高于鸡粪源,提示在减抗政策下,蛋鸡体内用药减少可能降低其携带耐药基因的选择压力,而环境中残留的抗生素(通过粪便与废水排放)仍在持续施加选择压力,导致耐药基因在环境中富集,需特别关注碳青

霉烯类耐药基因 *bla<sub>NDM</sub>* (检出率4.2%,仅在塔城和喀什地区鸡粪源中检出)及多黏菌素类耐药基因 *mcr-1* (检出率1.0%,仅在塔城和焉耆地区鸡粪源中检出),高于李宏博等<sup>[29]</sup>2020年在新疆3个村落中 *mcr-1* 的检出率(0.3%),虽然环境样菌株中未检出上述基因,但动物-环境界面的传播风险依然存在,因此减抗政策需协同环境治理。要严格规范养殖场废水处理,阻断耐药基因向环境扩散,从源头遏制耐药性在“动物-环境-人”链条中传播。此外,部分菌株存在耐药基因阳性却未表现相应耐药表型,或呈现耐药表型却未检出相关耐药基因的现象,提示可能存在未检测的耐药基因或其他耐药机制介导的耐药,或者存在耐药基因通过不表达降低菌株适应性代价,故无耐药表型。

## 4 结 论

在减抗政策持续推进下,新疆5个地区减抗或禁抗蛋鸡养殖场虽通过限制用药降低了蛋鸡体内药物选择压力,但耐药性问题依然严峻且耐药基因普遍存在,尤其对四环素类及  $\beta$ -内酰胺类药物耐药率偏高,环境源和鸡粪源大肠杆菌普遍呈现多药耐药性,且环境源耐药程度较鸡粪源更严重,凸显耐药性治理的长期性与复杂性,建议养殖场可以采用中药替代抗菌药物,避免药物滥用,同时强化养殖场环境综合治理(如粪污资源化处理 and 废水消毒),阻断耐药基因通过水源、土壤、粪便等途径传播,降低交叉污染风险。

## 参考文献 References

- [1] World Health Organization (WHO). Ten threats to global health in 2019[EB/OL]. [2025-05-14]. <https://www.who.int/news-room/spotlight/ten-threats-to-global-health-in-2019>
- [2] Tiedje J M, Wang F, Manaia C M, Virta M, Sheng H J, Ma L P, Zhang T, Topp E. Antibiotic resistance genes in the human-impacted environment: A one health perspective[J]. *Pedosphere*, 2019, 29(3): 273-282
- [3] Silva A, Silva V, Pereira J E, Maltez L, Igrejas G, Valentão P, Falco V, Poeta P. Antimicrobial resistance and clonal lineages of *Escherichia coli* from food-producing animals[J]. *Antibiotics*, 2023, 12(6): 1061
- [4] Szmolka A, Nagy B. Multidrug resistant commensal *Escherichia coli* in animals and its impact for public health[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, 4: 258
- [5] 唐标, 陈怡飞, 陈聪, 王静鸽, 黄磊, 钱鸣蓉, 杨华. 2019年湖南省部分地区鸡、鸭、猪源大肠杆菌耐药性调查[J]. *畜牧与兽医*, 2021, 53(4): 54-60  
Tiang B, Chen Y F, Chen C, Wang J G, Huang L, Qian M R, Yang H. Investigation of antimicrobial resistance of *Escherichia coli* from chickens,

- ducks and pigs in some areas of Hunan Province in 2019[J]. *Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2021, 53(4): 54-60 (in Chinese)
- [6] 张海龙. 河北省鸡源大肠杆菌的分离鉴定及毒力与耐药性检测[D]. 秦皇岛: 河北科技师范学院, 2021
- Zhang H L. Isolation, virulence and drug resistance detection of *Escherichia coli* from chickens in Hebei Province[D]. Qinhuangdao: Hebei Normal University of Science & Technology, 2021 (in Chinese)
- [7] 周杰, 牟航, 王舒博, 胡俊, 高蔚, 吴俊伟, 魏述永. 重庆地区畜禽源大肠杆菌耐药性变化分析[J]. 南方农业学报, 2024, 55(10): 3179-3189
- Zhou J, Mu H, Wang S B, Hu J, Gao W, Wu J W, Wei S Y. Changes in drug resistance of poultry and livestock sourced *Escherichia coli* in Chongqing[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2024, 55(10): 3179-3189 (in Chinese)
- [8] Aworh M K, Kwaga J K P, Hendriksen R S, Okolocha E C, Thakur S. Genetic relatedness of multidrug resistant *Escherichia coli* isolated from humans, chickens and poultry environments[J]. *Antimicrobial Resistance and Infection Control*, 2021, 10(1): 58
- [9] Dandachi I, Fayad E, Sleiman A, Daoud Z, Rolain J M. Dissemination of multidrug-resistant and *mcr-1* gram-negative bacilli in broilers, farm workers, and the surrounding environment in Lebanon[J]. *Microbial Drug Resistance*, 2020, 26(4): 368-377
- [10] Li R, Liu Z, Li Y, Xiao X, Wang Z. Characterization of *bla*<sub>NDM</sub>-positive Enterobacteriaceae reveals the clonal dissemination of Enterobacter hormaechei coharboring *bla*<sub>NDM</sub> and *tet*(X4) along the pork production chain[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2022, 372: 109692
- [11] Wang Y N, Zhou J H, Li X R, Ma L N, Cao X A, Hu W, Zhao L, Jing W X, Lan X, Li Y Q, Gong X W, Chen Q W, Stipkvits L, Szathmary S, Tarasiuk K, Pejsak Z, Liu Y S. Genetic diversity, antimicrobial resistance and extended-spectrum  $\beta$ -lactamase type of *Escherichia coli* isolates from chicken, dog, pig and yak in Gansu and Qinghai Provinces, China[J]. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 2020, 22: 726-732
- [12] 刘变芳, 王涛, 王蕊, 杜双奎, 吕欣, 张建新. 生鲜肉中产毒素大肠杆菌多重PCR检测方法构建[J]. 中国食品学报, 2018, 18(12): 225-231
- Liu B F, Wang T, Wang R, Du S K, Lü X, Zhang J X. Construction of a multiplex PCR method for detection enterotoxigenic *Escherichia coli* in fresh meat[J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2018, 18(12): 225-231 (in Chinese)
- [13] EUCAST欧盟药敏试验标准[M]. 北京: 中国标准出版社, 2018
- EUCAST. *The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing* [M]. Beijing: Standards Press of China, 2018 (in Chinese)
- [14] Performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals; second supplement document VET01-S2 [S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), 2013
- [15] M100-S29. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: CLSI document twenty-ninth informational supplement[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), 2019
- [16] 刘志海. 畜禽源碳青霉烯耐药菌新型金属 $\beta$ -内酰胺酶变异体耐药机制研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2018
- Liu Z H. Mechanisms of novel metallo- $\beta$ -lactamases variants in carbapenem-resistant organisms from livestock and poultry [D]. Beijing: China Agricultural University, 2018 (in Chinese)
- [17] 卢晓宇. 动物源 *tet*(X4)和 *mcr-1* 阳性大肠杆菌的流行特征与传播机制及其融合质粒的进化研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2024
- Lu X Y. Epidemiological characteristics and transmission mechanism of *tet*(X4) and *mcr-1* positive *Escherichia coli* from animals and evolution of their fusion plasmids[D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2024 (in Chinese)
- [18] 杜伟伟. 河北省乳源金黄色葡萄球菌耐药性检测及耐药基因的研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2015
- Du W W. Research on drug resistance and resistant genes of *the Staphylococcus aureus* from raw milk in province of Hebei[D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2015 (in Chinese)
- [19] 吴立婷. 扬州地区宠物源大肠杆菌耐药性分析及耐药基因检测[D]. 扬州: 扬州大学, 2017
- Wu L T. Detection and analysis of drug resistance genes among *Escherichia coli* isolated from companion animals in Yangzhou area[D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2017 (in Chinese)
- [20] 张青娴, 徐引弟, 王治方, 郎利敏, 李海利, 焦文强, 朱文豪, 张立宪, 游一, 许峰, 王克领. 猪源产超广谱 $\beta$ -内酰胺酶大肠杆菌的耐药性调查与耐药基因型分析[J]. 养猪, 2019(4): 105-108
- Zhang Q X, Xu Y D, Wang Z F, Lang L M, Li H L, Jiao W Q, Zhu W H, Zhang L X, You Y, Xu F, Wang K L. Investigation on drug resistance and genotype analysis of *Escherichia coli* producing extended-spectrum  $\beta$ -lactamases from pigs[J]. *Swine Production*, 2019(4): 105-108 (in Chinese)
- [21] 乔海英. 吉林省长春地区鸡源大肠杆菌分离鉴定及耐药基因多重PCR检测方法建立[D]. 长春: 吉林农业大学, 2024
- Qiao H Y. Isolation and identification of *Escherichia coli* from chickens in Changchun, Jilin, and Establishment multiplex PCR methods for detection of resistance genes[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2024 (in Chinese)
- [22] 刘挺, 吕茜, 赵文斌, 赵婕霖, 赵梦瑶, 李帆, 黄金虎, 王丽平, 王晓明. 江苏地区鸡源大肠杆菌的流行特征及耐药性调查[J]. 畜牧与兽医, 2023, 55(8): 44-50
- Liu T, Lü X, Zhao W B, Zhao J L, Zhao M Y, Li F, Huang J H, Wang L P, Wang X M. Prevalence and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from layers and broilers in the Jiangsu area[J]. *Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2023, 55(8): 44-50 (in Chinese)
- [23] Mandal A K, Talukder S, Hasan M M, Tasmim S T, Parvin M S, Ali M Y, Islam M T. Epidemiology and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* in broiler chickens, farmworkers, and farm sewage in Bangladesh [J]. *Veterinary Medicine and Science*, 2022, 8(1): 187-199
- [24] 李亚菲, 梁晓云, 吴荔琴, 肖田安, 王富华, 曾振灵. 广东地区畜禽源大肠杆菌的耐药性与流行性研究[J]. 中国畜牧兽医, 2024, 51(2): 837-849
- Li Y F, Liang X Y, Wu L Q, Xiao Tianan, Wang F H, Zeng Z L. Drug resistance and prevalence of *Escherichia coli* isolated from livestock and poultry in areas of Guangdong[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2024, 51(2): 837-849 (in Chinese)
- [25] 高笑, 徐亚昆, 丁鹏云, 马胜男, 潘玉善, 苑丽, 胡功政, 贺丹丹. 鸡源携带黏菌素耐药基因 *mcr-1* 大肠杆菌的流行情况及耐药性研究[J]. 中国畜牧兽医, 2023, 50(12): 5148-5159
- Gao X, Xu Y K, Ding P Y, Ma S N, Pan Y S, Yuan L, Hu G Z, He D D. Prevalence and drug resistance of *Escherichia coli* carrying colistin resistance gene *mcr-1* from chickens[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2023, 50(12): 5148-5159 (in Chinese)
- [26] 李丹. 辽宁部分地区鸡源大肠埃希氏菌分离株毒力基因检测与耐药性分析[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2020
- Li D. Study on virulence genes distribution and antimicrobial resistance among *Escherichia coli* isolates from broilers in parts of Liaoning [D].

- Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2020 (in Chinese)
- [27] 陈月月, 王凯, 王舒丰, 姚晓慧, 轩慧勇, 马木尔, 夏利宁. 新疆伊犁地区不同动物源大肠杆菌耐药性调查[J]. 新疆农业科学, 2018, 55(8): 1560-1568
- Chen Y Y, Wang K, Wang S F, Yao X H, Xuan H Y, Ma M E, Xia L N. Investigation into drug resistance of *Escherichia coli* from different animal sources in Yili, Xinjiang[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2018, 55(8): 1560-1568 (in Chinese)
- [28] 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
- Wang Z Y. Microevolution and generation mechanisms of *Salmonella typhimurium* monophasic variant[D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2024 (in Chinese)
- [29] 李宏博, 陈月月, 杨玉洁, 徐琦琦, 秦蕾, 蔡鑫, 夏利宁. 新疆伊犁昭苏健康鸡源大肠杆菌耐药性及耐药基因分析[J]. 中国农业科技导报, 2023, 25(11): 123-131
- Li H B, Chen Y Y, Yang Y J, Xu Q Q, Qin L, Cai X, Xia L N. Drug resistance and genotype analysis of *Escherichia coli* in healthy chickens from Zhaosu, Yili, Xinjiang[J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2023, 25(11): 123-131 (in Chinese)

责任编辑: 秦梅



**第一作者简介:** 王代冰, 女, 汉族, 大学就读于成都农业科技职业学院畜牧兽医专业, 现为新疆农业大学动物医学学院兽医硕士研究生。大学期间获得国家励志奖学金1次。



**通讯作者简介:** 许莲萍, 女, 汉族, 农业硕士、巴州动物疾病控制与诊断中心党委书记、主任。主要从事动物疫病防控和兽医实验室建设, 牵头完成巴州和静县马传贫消灭验收、成功创建全州第一家无非洲猪瘟疫病小区, 申报并主持组织或援疆动物防疫建设项目3个。



**通讯作者简介:** 夏利宁, 女, 汉族, 1975年5月出生。农学博士学位, 硕士生/博士生导师, 九三社员。主要研究方向为兽医药理与毒理学。先后主持国家自然科学基金4项; 国家教育部重点项目1项; 自治区“天山英才”培养计划-“三农”骨干人才培养项目1项; 自治区自然科学基金2项; 新教育厅青年培育项目1项。发表论文80余篇, 其中SCI收录论文20余篇。获批实用新型专利3项。制定地方标准1个。指导校级优秀博硕士论文5篇, 自治区级优秀博士论文1篇。