

新疆北疆不同动物源肠球菌的分离鉴定及 耐药性分析

连科迅,王芳,崔耀成,张佳欣,范荔新,王舒,王瑞楠,
张芮熙,牛超华,吕姿慧,轩慧勇,乔彦杰

(石河子大学 动物科技学院,新疆 石河子 832003)

【摘要】【目的】探究新疆北疆地区不同动物源肠球菌的耐药性及耐药基因携带情况,为不同动物肠球菌病的临床合理用药提供指导。【方法】在新疆石河子市和沙湾市分别采集鸡(100份)、羊(62份)和猪(113份)的肛拭子样本,分离培养肠球菌。采用琼脂稀释法测定9种抗菌药物[氨苄西林(AMP)、氟苯尼考(FFC)、红霉素(ERY)、四环素(TET)、利奈唑胺(LZD)、替加环素(TGC)、庆大霉素(GEN)、万古霉素(VAN)、环丙沙星(CIP)]对分离菌株的最小抑菌浓度;通过PCR方法检测11种耐药基因(恶唑烷酮类耐药基因 *optrA*、*poxtA*、*cfr*、氨基糖苷类耐药基因 *acc(6')*/*aph(2'')*、*aph(3')*-III、糖肽类耐药基因 *vanA*、四环素类耐药基因 *tetM*、*tetA*、大环内酯类耐药基因 *ermB*、酰胺醇类耐药基因(*fexA*、*floR*) 在分离菌株中的分布情况。【结果】从鸡、羊、猪中分别分离出肠球菌73、19和92株,分离率分别为73.0%、30.6%和81.4%,其中粪肠球菌153株(占55.6%),屎肠球菌31株(占11.3%)。药敏试验结果显示,184株分离菌株对FFC、ERY、TET和GEN等4种抗菌药物的耐药率均超90%,未检测出耐AMP的肠球菌。不同动物源肠球菌耐药严重程度为猪源>鸡源>羊源。多重耐药分析结果显示,肠球菌在0~7耐均有分布,以4~6耐为主(占89.6%),共有22种耐药谱型,以FFC-ERY-TET-GEN(占27.2%)和FFC-ERY-TET-LZD-GEN-CIP(占24.5%)谱型为主。耐药基因检测结果显示,共检出 *optrA*、*acc(6')*/*aph(2'')*、*aph(3')*-III、*tetM*、*tetA*、*ermB*和 *fexA* 等7种耐药基因,其中 *tetM* 耐药基因的检出率最高,为92.4%;分离株普遍携带2种以上耐药基因。【结论】新疆北疆地区养殖场肠球菌耐药形势严峻,耐药基因携带率较高,应建立“基因型+表型”的双重耐药监测体系,动态调整用药方案,合理规范使用抗菌药物。

【关键词】 肠球菌;粪肠球菌;屎肠球菌;耐药性;耐药基因;新疆北疆

【中图分类号】 S859.7

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2027)03-0094-11

Isolation, identification, and antimicrobial resistance analysis of *Enterococcus* from different animal sources in Northern Xinjiang

Lian Kexun, Wang Fang, Cui Yaocheng, Zhang Jiaxin, Fan Lixin, Wang Shu,
Wang Ruinan, Zhang Ruixi, Niu Chaohua, Lü Zihui, Xuan Huiyong, Qiao Yanjie

(College of Animal Science and Technology, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang 832003, China)

Abstract: 【Objective】The study aims to investigate the antimicrobial resistance and carriage of resistance genes in *Enterococcus* isolates from different animal sources in Northern Xinjiang, and to provide a reference for

[收稿日期] 2026-01-28 [修回日期] 2026-02-26

[基金项目] 新疆维吾尔自治区人才发展基金-天池英才培养计划项目(CZ004309, CZ004312)

[作者简介] 连科迅(1986—),男,黑龙江鹤岗人,讲师,博士,主要从事新型生物制剂开发与应用研究。E-mail: liankexun@shzu.edu.cn

[通信作者] 轩慧勇(1991—),女,新疆乌苏人,副教授,博士,主要从事兽医药理与毒理学研究。E-mail: 18935881007@163.com

乔彦杰(1992—),男,山西吕梁人,讲师,主要从事动物疾病诊断与防治研究。E-mail: qyj@shzu.edu.cn

rational clinical antimicrobial use in these animals. 【Method】 Anal swab samples were collected from chickens ($n=100$), sheep ($n=62$), and pigs ($n=113$) in Shihezi and Shawan, Xinjiang, for the isolation and cultivation of *Enterococcus*. The agar dilution method was used to determine the minimum inhibitory concentrations (MICs) of 9 antimicrobial agents [ampicillin (AMP), florfenicol (FFC), erythromycin (ERY), tetracycline (TET), linezolid (LZD), tigecycline (TGC), gentamicin (GEN), vancomycin (VAN), ciprofloxacin (CIP)] against the isolates. PCR assays were performed to detect the distribution of 11 resistance genes, including oxazolidinone resistance genes (*optrA*, *poxtA*, *cfr*), aminoglycoside resistance genes (*acc(6')/aph(2'')*, *aph(3')-III*), glycopeptide resistance gene (*vanA*), tetracycline resistance genes (*tetM*, *tetA*), macrolide resistance gene (*ermB*), and amphenicol resistance genes (*fexA*, *floR*) in the isolates. 【Result】 A total of 73, 19, and 92 *Enterococcus* strains were isolated from chickens, sheep, and pigs, with isolation rates of 73.0%, 30.6%, and 81.4%, respectively. Among them, 153 isolates (55.6%) were *E. faecalis* and 31 isolates (11.3%) were *E. faecium*. Antimicrobial susceptibility testing showed that 184 isolates exhibited resistance rates exceeding 90% to four antimicrobials (FFC, ERY, TET, GEN), and no AMP-resistant *Enterococcus* was detected. The severity of antimicrobial resistance in *Enterococcus* from different animal sources ranked as: pig-derived > chicken-derived > sheep-derived. Multidrug resistance analysis revealed that the isolates were resistant to 0—7 classes of antimicrobials, with 89.6% resistant to 4—6 classes. A total of 22 resistance phenotypes were identified, dominated by FFC-ERY-TET-GEN (27.2%) and FFC-ERY-TET-LZD-GEN-CIP (24.5%). Resistance gene detection showed that 7 genes (*optrA*, *acc(6')/aph(2'')*, *aph(3')-III*, *tetM*, *tetA*, *ermB*, *fexA*) were positive, among which *tetM* had the highest detection rate (92.4%). Most isolates carried ≥ 2 resistance genes. 【Conclusion】 *Enterococcus* from livestock farms in Northern Xinjiang presents a severe antimicrobial resistance profile with high carriage rates of resistance genes. A dual resistance monitoring system combining “genotype+phenotype” should be established to dynamically adjust medication regimens and promote the rational and standardized use of antimicrobials.

Key words: *Enterococcus*; *Enterococcus faecalis*; *Enterococcus faecium*; antimicrobial resistance; resistance genes; Northern Xinjiang

肠球菌(*Enterococcus*)是人和多种动物肠道中普遍存在的革兰氏阳性细菌。肠球菌属目前已报道的菌种有90余种,其中粪肠球菌(*E. faecalis*)和屎肠球菌(*E. faecium*)是最主要的菌种^[1-2]。肠球菌作为人和动物肠道中的常见共生菌,多数菌株无致病性,且部分菌株具有调节肠道菌群平衡、促进营养物质消化吸收等益生功能^[3],但在一定条件下,部分致病性菌株可引发尿路感染、菌血症、心内膜炎等多种疾病,尤其对免疫功能低下的宿主危害显著,是临床和畜牧养殖中需重点关注的病原菌之一^[4-5]。

抗菌药物在临床诊疗及畜牧养殖中的滥用,导致细菌耐药性问题日趋严峻。目前,肠球菌的耐药性日益突出,多重耐药菌株乃至“超级细菌”频繁出现,给临床感染治疗带来巨大挑战^[6-8]。肠球菌耐药问题不仅影响畜禽疾病防治效果,造成养殖成本增加,还对食品安全和人类健康构成潜在威胁^[9-12]。新疆北疆地区作为新疆重要的畜牧业基地,养殖规模大、动物品种多样,若能在养殖中实现精准用药

则可减少耐药菌的出现及传播,实现提质增效的目的。本研究以新疆北疆部分地区规模化鸡场、羊场和猪场为研究对象,对肠球菌进行分离鉴定,并对其耐药情况及耐药基因流行情况进行调查,以期临床合理用药、制定抗菌药物使用监管政策提供理论支持,助力畜牧业绿色可持续发展,同时为公共卫生安全提供保障。

1 材料与方法

1.1 材料

在新疆石河子市141团采集鸡源肛拭子100份,在塔城地区沙湾市采集羊源肛拭子62份,在石河子市采集猪源肛拭子113份。

肠球菌培养基、琼脂粉、BHI培养基和MH培养基,均购自青岛高科园海博生物技术有限公司;革兰氏染色液,购自北京索莱宝科技有限公司;抗菌药物,购自上海源叶生物科技有限公司;DNA分子量标准(Marker),购自生工生物工程(上海)股份有

限公司;Gold View 核酸染料,购自北京博奥拓达科技有限公司;2×Es Taq PCR Master Mix(Dye)、ddH₂O,购自北京康为世纪生物科技有限公司。

1.2 细菌的分离纯化与鉴定

将采集的样品菌悬液振荡混匀,吸取 10 μL 于 1 mL 灭菌 BHI 培养基中,在摇床上 37 ℃、200 r/min 条件下过夜增殖。用接种环蘸取增菌液,在肠球菌选择性培养基上划线,37 ℃培养 18~24 h,挑取培养基上长出的菌落,接种至新的 BHI 液体培养基中,37 ℃培养 8~10 h,获得纯化菌液后划线纯化,重复 2 次。取纯化后的肠球菌菌液进行革兰氏染色,镜检观察。

以粪肠球菌 *ddl* 基因和屎肠球菌 *ddl* 基因序列为参考,采用 Primer Premier 5 软件设计引物(表 1)。对初步鉴定为肠球菌的菌株进行 PCR 扩增,PCR 反应体系为:2×Es Taq Master Mix 10 μL,上、下游引

物各 1 μL,DNA 模板 2 μL,ddH₂O 6 μL。粪肠球菌 PCR 反应程序为 95 ℃预变性 5 min;95 ℃变性 30 s,55 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 1 min,30 个循环;72 ℃终延伸 10 min。屎肠球菌 PCR 反应程序为 95 ℃预变性 5 min;95 ℃变性 30 s,58 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 40 s,35 个循环;72 ℃终延伸 10 min。试验以本实验室前期经测序鉴定为粪肠球菌/屎肠球菌的阳性分离株 DNA 作为阳性对照,以无菌 ddH₂O 替代 DNA 模板作为阴性对照。对 PCR 扩增产物进行 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。将 PCR 扩增产物送至新疆有康生物科技有限公司测序,测序结果在 NCBI 上进行 BLAST 序列比对分析,相似性>96.0% 的分离株确定为肠球菌菌株。将鉴定出的菌株与 60.0% 灭菌甘油按体积比 2:1 混合后,-20 ℃冰箱保存备用。

表 1 引物序列及片段大小

Table 1 Primer sequences and fragment sizes

基因 Gene	引物序列(5'→3') Primer sequences(5'→3')	产物/bp Product	退火温度/℃ <i>T_m</i>
粪肠球菌 <i>ddl</i> 基因 <i>ddl</i> gene of <i>E. faecalis</i>	F:TCAAGTACAGTTAGTCTTTATTAG R:ACGATTCAAAGCTAACTGAATCAGT	941	55
屎肠球菌 <i>ddl</i> 基因 <i>ddl</i> gene of <i>E. faecium</i>	F:TTGAGGCAGACCAGATTGACG R:TATGACAGCGACTCCGATTCC	658	58
<i>optrA</i>	F:AGGTGGTCAGCGAACTAA R:ATCAACTGTTCCCATTTCA	1 395	55
<i>portA</i>	F:GGTCTGACTGGCTTGTCTTTGCT R:ATAAGGTCGGTATTGTCGGCGT	753	60
<i>cfr</i>	F:TGAAGTATAAAGCAGGTTGGGAGTCA R:ACCATATAATTGACCACAAGCAGC	746	55
<i>acc(6')/aph(2'')</i>	F:CCAAGAGCAATAAGGGCATA R:CACTATCATAAACCCTACCG	220	55
<i>aph(3')-III</i>	F:GCCGATGTGGATTGCGAAAA R:GCTTGATCCCCAGTAAGTCA	292	55
<i>vanA</i>	F:ATGGCAAGTCAGGTGAAGATGG R:TCCACCTCGCCAACAACCTAACG	399	50
<i>tetM</i>	F:GTGTGACGAACCTTTACCGAA R:GCTTTGTATCTCCAAGAACAC	501	55
<i>tetA</i>	F:GCGCCTTTCTTTGGGTTCT R:CCACCGTTCCACGTTGTGA	831	57
<i>fexA</i>	F:CTCTTCTGGACAGGCTGGAA R:CCAGTTCCTGCTCCAAGGTA	332	58
<i>floR</i>	F:AACCCGCCCTCTGGATCAAGTCAA R:GCACCAGCCCCAACGAAACCAGTA	590	62
<i>ermB</i>	F:GAAAAAGTACTCAACCAAATA R:AGTAACGGTACTTAAATTGTTTAC	639	49

1.3 药物敏感性试验

试验以粪肠球菌 ATCC29212 和金黄色葡萄球菌 ATCC29213 为标准质控菌株。参照美国临床和实验室标准协会(clinical and laboratory standards institute, CLSI)^[13]推荐的琼脂稀释法进行药敏试验,测定氨苄西林(ampicillin, AMP)、四环素(tetracycline, TET)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)、红霉素

(erythromycin, ERY)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、利奈唑胺(linezolid, LZD)、万古霉素(vancomycin, VAN)、替加环素(tigecycline, TGC)和庆大霉素(gentamicin, GEN)等 9 种抗菌药物对不同来源肠球菌的最小抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)。试验设供试菌株和质控菌接种不含抗菌药物培养基的处理为阳性对照,设不接种任何

菌株的空白培养基为阴性对照。药物对质控菌的MIC值在质控范围内,则试验测得的MIC结果有效。结果判定方法为:各处理在37℃培养箱中孵育18~24 h,以肉眼可见可抑制菌落生长的最低药物浓度为MIC。MIC $\geq$ 耐药临界值判定为耐药(R),MIC $\leq$ 敏感临界值判定为敏感(S),介于两者之间的判定为中介(I)^[14]。

1.4 耐药基因检测

根据文献[15],合成恶唑烷酮类耐药基因 *op-trA*、*poxtA*、*cfr*,氨基糖苷类耐药基因 *acc(6')*/*aph(2'')*、*aph(3')*-III,糖肽类耐药基因 *vanA*,四环素类耐药基因 *tetM*、*tetA*,大环内酯类耐药基因 *ermB*,酰胺醇类耐药基因 *fexA*、*floR*等6大类11个基因的引物,引物由新疆有康生物科技有限公司合成,具体信息见表1。采用PCR方法对分离纯化的鸡源、羊源、猪源共184株肠球菌进行耐药基因检测。本研究采用20 μ L体系进行PCR扩增:2 $\times$ Es Taq Master Mix 10 μ L,上、下游引物各1 μ L,DNA模板2 μ L,ddH₂O 6 μ L。PCR反应程序为:95℃预变性5 min;95℃变性30 s,49~62℃(具体温度依表1中的引物而定)退火30 s,72℃延伸30 s,30个循环;72℃终延伸10 min。扩增产物采用1%琼脂糖凝胶电泳验证,经凝胶成像系统成像并采集图像,扩增条带大小与目标条带相符判定为耐药基因阳性,无特异性目标条带则记为阴性。

1.5 数据分析

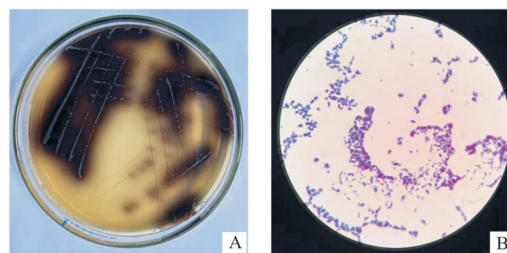
采用SPSS 27.0软件,通过交叉表法对不同动

物源粪肠球菌和屎肠球菌分离率、耐药率及耐药基因检出率进行差异显著性分析, $P<0.05$ 为差异显著, $P>0.05$ 为差异不显著。

2 结果与分析

2.1 不同动物源肠球菌的分离

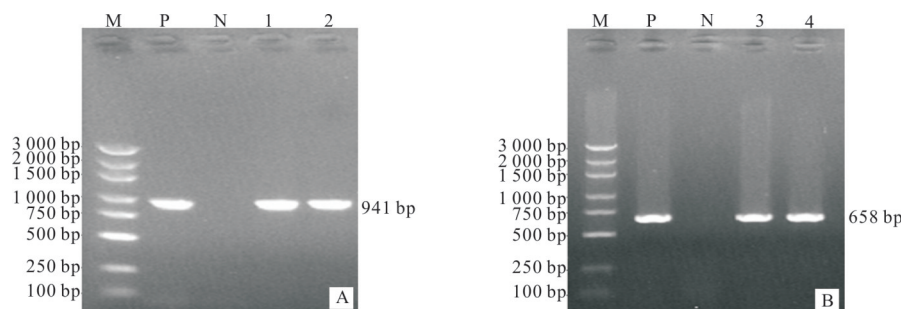
经纯化培养处理后,得到光滑、隆起、不透明、灰白色的菌落,在菌落周围有黑色晕轮形成(图1-A)。取纯化后的肠球菌菌液进行革兰氏染色镜检,结果可观察到紫色,单个、成双或短链排列,无芽孢,无荚膜的球状菌,为革兰氏阳性菌(图1-B)。对分离株的粪肠球菌和屎肠球菌基因进行特异性扩增,结果粪肠球菌 *ddl* 基因扩增产物片段大小为941 bp,屎肠球菌 *ddl* 基因扩增产物片段大小为658 bp(图2)。



A. 分离菌株在肠球菌选择性培养基上的菌落形态;B. 分离菌株革兰氏染色镜检(1 000 $\times$)。

A. Colony morphology of isolated strains on enterococci selective medium; B. Microscopic examination of Gram-stained isolated strains (1 000 $\times$).

图1 新疆北疆不同动物源肠球菌分离菌株的形态观察
Fig. 1 Colony morphology of *Enterococcus* strains isolated from different animal sources in Northern Xinjiang



A. 分离菌株粪肠球菌 *ddl* 基因扩增;B. 分离菌株屎肠球菌 *ddl* 基因扩增。M. DL 3 000 DNA Marker;

P. 阳性对照;N. 阴性对照;1~4. 菌株编号。

A. *ddl* gene amplification of *Enterococcus faecalis* isolates; B. *ddl* gene amplification in *Enterococcus faecium* isolates.

M. DL 3 000 DNA Marker; P. Positive control; N. Negative control; 1-4. Strain numbers.

图2 部分粪肠球菌和屎肠球菌分离菌株基因的PCR扩增

Fig. 2 Agarose gel electrophoresis of PCR-amplified genes from *E. faecalis* and *E. faecium* isolates

不同动物源肠球菌分离结果(表2)显示,共分离到184株肠球菌,总分离率为66.9%,其中粪肠球菌153株,分离率为55.6%;屎肠球菌31株,分离率为11.3%。

肠球菌分离率从高到低依次为猪源(81.4%)>鸡源(73.0%)>羊源(30.6%);猪源粪肠球菌分离率(76.1%)显著高于鸡源(57.0%)和羊源(16.1%)的分

离率($P<0.05$);鸡源屎肠球菌分离率(16.0%)显著高于猪源的分离率(5.3%)($P<0.05$)。

表 2 新疆北疆地区不同动物源肠球菌的分离率

Table 2 Isolation rate of *Enterococcus* from different animal sources in Northern Xinjiang

来源 Source	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i>		屎肠球菌 <i>E. faecium</i>		肠球菌 <i>Enterococcus</i>	
	株数 Number of isolates	分离率/% Isolation rate	株数 Number of isolates	分离率/% Isolation rate	株数 Number of isolates	分离率/% Isolation rate
猪源 Pig	86	76.1 a	6	5.3 a	92	81.4
鸡源 Chicken	57	57.0 b	16	16.0 b	73	73.0
羊源 Sheep	10	16.1 c	9	14.5 ab	19	30.6
总计 Total	153	55.6	31	11.3	184	66.9

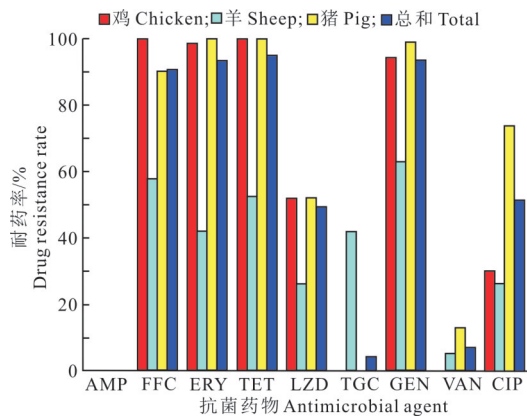
注:同列数据后标不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference ($P<0.05$).

2.2 不同动物源肠球菌的耐药性分析

不同动物源肠球菌药敏试验结果(图 3)显示,184株肠球菌对 TET、ERY、GEN、FFC 耐药率均超过 90.0%,分别为 95.1%,93.5%,92.4%和 90.8%;对 VAN 和 TGC 具有较好的敏感性,耐药率分别仅为 7.1%和 4.3%;对 AMP 没有耐药性。

不同动物源肠球菌耐药严重程度为猪源>鸡源>羊源。猪源肠球菌对 TET、FFC、ERY、GEN 等 4 种抗菌药物的耐药率均超过 90.0%,分别为 100.0%,100.0%,97.8%和 96.7%。鸡源肠球菌对 FFC 和 TET 的耐药率均为 100.0%;对 ERY、GEN 耐药率均超过 94.0%,分别为 98.6%和 94.5%。羊源肠球菌对 GEN、FFC、TET 等 3 种抗菌药物的耐药率均超过 52.0%,分别为 63.2%,57.9%和 52.6%。



AMP. 氨苄西林;FFC. 氟苯尼考;ERY. 红霉素;TET. 四环素;LZD. 利奈唑胺;TGC. 替加环素;GEN. 庆大霉素;VAN. 万古霉素;CIP. 环丙沙星。表 3 同。

AMP. Ampicillin;FFC. Florfenicol;ERY. Erythromycin;TET. Tetracycline;LZD. Linezolid;TGC. Tigecycline;GEN. Gentamicin;VAN. Vancomycin;CIP. Ciprofloxacin. The same as table 3.

图 3 新疆北疆地区不同动物源肠球菌对 9 种抗菌药物的耐药结果

Fig. 3 Resistance profiles of *Enterococcus* isolates from different animal sources to nine antimicrobial agents in Northern Xinjiang

由表 3 可知,153 株粪肠球菌对 TET、ERY、GEN 和 FFC 的耐药率均高于 94.0%,分别为 98.0%,95.8%,95.4%和 96.1%;对 LZD 和 CIP 的耐药率均超过 40.0%,分别为 46.4%和 52.9%;对 VAN 和 TGC 有较好的敏感性,耐药率分别仅为 6.5%和 5.2%;对 AMP 没有耐药性。不同动物源粪肠球菌耐药严重程度表现为猪源>鸡源>羊源。猪源粪肠球菌对 TET、ERY、GEN 和 FFC 的耐药率均高于 85.0%,分别为 100.0%,97.7%,96.5%和 100.0%;对 CIP 的耐药率为 72.1%;对 AMP 和 TGC 无耐药性。鸡源粪肠球菌对 FFC、TET、ERY 和 GEN 耐药率均超过 98.0%,分别为 100.0%,100.0%,98.2%和 98.2%;对 AMP、TGC 和 VAN 无耐药性。羊源粪肠球菌对 FFC 耐药率 100.0%;对 TGC、TET 和 GEN 耐药率均 $\geq 70.0\%$,分别为 80.0%,70.0%和 70.0%。数据分析结果显示,羊源粪肠球菌对 TGC 的耐药率显著高于鸡源和猪源粪肠球菌($P<0.05$),鸡源和猪源粪肠球菌对 ERY、TET 和 GEN 的耐药率显著高于羊源粪肠球菌($P<0.05$)。

由表 3 可知,31 株屎肠球菌对 ERY、TET、FFC 和 LZD 的耐药率均超过 60.0%,分别为 80.6%,80.6%,74.2%和 64.5%;对 VAN 耐药率较低,为 9.7%;对 AMP 和 TGC 无耐药性。不同动物源屎肠球菌耐药严重程度表现为猪源>鸡源>羊源。猪源屎肠球菌对 FFC、ERY、TET、GEN 和 CIP 的耐药率均为 100%,对 AMP 和 TGC 无耐药性。鸡源屎肠球菌对 FFC、ERY、TET、LZD 的耐药率均为 100%,对 AMP、TGC 和 VAN 无耐药性。羊源屎肠球菌对 GEN、ERY 和 TET 的耐药率较高,分别为 55.6%,33.3%和 33.3%;对 AMP、TGC 和 VAN 无耐药性。鸡源和猪源屎肠球菌对 ERY 和 TET 的耐药率显著高于羊源屎肠球菌($P<0.05$),且鸡源

屎肠球菌对 LZD 耐药率显著高于羊源和猪源屎肠 球菌。

表 3 新疆北疆地区不同动物源粪肠球菌和屎肠球菌对 9 种抗菌药物的耐药率

Table 3 Resistance rates of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* isolates from different animal sources to nine antimicrobial agents in Northern Xinjiang %

药物名称 Medicines vocabularies	鸡源 Chicken		羊源 Sheep		猪源 Pig		总和 Total		
	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i> (n=57)	屎肠球菌 <i>E. faecium</i> (n=16)	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i> (n=10)	屎肠球菌 <i>E. faecium</i> (n=9)	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i> (n=86)	屎肠球菌 <i>E. faecium</i> (n=6)	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i> (n=153)	屎肠球菌 <i>E. faecium</i> (n=31)	肠球菌 <i>Enterococ-</i> <i>cus</i> (n=184)
AMP	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
FFC	100.0	100.0 a	100.0	11.1 b	100.0	100.0 a	96.1	74.2	90.8
ERY	98.2 a	100.0 a	50.0 b	33.3 b	97.7 a	100.0 a	95.8	80.6	93.5
TET	100.0 a	100.0 a	70.0 b	33.3 b	100.0 a	100.0 a	98.0	80.6	95.1
LZD	38.6 a	100.0 a	40.0 a	11.1 b	52.3 a	50.0 b	46.4	64.5	49.5
TGC	0.0 a	0.0	80.0 b	0.0	0.0 a	0.0	5.2	0.0	4.3
GEN	98.2 a	81.3 a	70.0 b	55.6 a	96.5 a	100.0 a	95.4	77.4	92.4
VAN	0.0 a	0.0 a	10.0 ab	0.0 a	10.5 b	50.0 b	6.5	9.7	7.1
CIP	26.3 a	43.8 a	40.0 ab	11.1 a	72.1 b	100.0 b	52.9	45.2	51.6

注:同行数据后标不同小写字母表示不同动物源同种菌的耐药率差异显著 $P<0.05$)。表 5 同。
Note: Different lowercase letters in the same row indicate significant differences in resistance rates of the same bacterial species from different animal sources ($P<0.05$). The same as table 5.

2.3 不同动物源肠球菌的多重耐药分析

不同动物源肠球菌的多重耐药结果详情见表 4。由表 4 可知,不同动物源肠球菌的多重耐药在 0~7 耐,以 4~6 耐为主,占 89.6%。鸡源肠球菌多重耐药分布在 4~6 耐,以 4 耐和 5 耐为主,分别占 41.1% 和 42.5%;羊源肠球菌多重耐药分布在 0~7 耐,3 耐及 3 耐以上占 63.2%;猪源肠球菌多重耐药分布在 3~7 耐,以 4~6 耐为主,占 92.4%。

不同动物源粪肠球菌多重耐药在 2~7 耐均有分布,以 4~6 耐为主,占 92.8%。鸡源粪肠球菌以 4~5 耐为主,占 87.7%,羊源粪肠球菌以 4~5 耐为主,占 60.0%,猪源粪肠球菌以 4~6 耐为主,占 91.8%。

不同动物源屎肠球菌的多重耐药分布在 0~6 耐,主要集中在 5~6 耐,占 71.0%。鸡源屎肠球菌以 5~6 耐为主,占 93.8%,羊源屎肠球菌 3 耐以上菌株占 33.3%,猪源屎肠球菌全部分布在 6 耐。

表 4 新疆北疆地区不同动物源肠球菌的多重耐药率

Table 4 Multidrug resistance rates of *Enterococcus* isolates from different animal sources in northern Xinjiang %

耐药情况 Resistance	粪肠球菌 <i>E. faecalis</i>				屎肠球菌 <i>E. faecium</i>				肠球菌 <i>Enterococcus</i>			
	鸡源 Chicken	羊源 Sheep	猪源 Pig	总和 Total	鸡源 Chicken	羊源 Sheep	猪源 Pig	总和 Total	鸡源 Chicken	羊源 Sheep	猪源 Pig	总和 Total
DR0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	44.4	0.0	12.9	0.0	21.1	0.0	2.2
DR1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.2	0.0	6.5	0.0	10.5	0.0	1.1
DR2	0.0	10.0	0.0	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.3	0.0	0.5
DR3	0.0	10.0	1.2	1.3	0.0	22.2	0.0	6.5	0.0	15.8	1.1	2.2
DR4	50.9	30.0	26.7	35.9	6.3	0.0	0.0	3.2	41.1	15.8	25.0	30.4
DR5	36.8	30.0	27.9	31.4	62.5	0.0	0.0	32.3	42.5	15.8	26.1	31.5
DR6	12.3	0.0	37.2	25.5	31.3	11.1	100.0	38.7	16.4	5.3	41.3	27.7
DR7	0.0	20.0	7.0	5.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.5	6.5	4.3

注:DR0、DR1、DR2、DR3、DR4、DR5、DR6、DR7 分别表示 0、1、2、3、4、5、6、7 耐。
Note: DR0, DR1, DR2, DR3, DR4, DR5, DR6, and DR7 represent resistance to 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, and 7 antimicrobial agents, respectively.

2.4 不同动物源肠球菌的多重耐药谱型分析

184 株肠球菌共有 22 种多重耐药谱类型,以 FFC-ERY-TET-GEN (27.2%) 和 FFC-ERY-TET-LZD-GEN-CIP(24.5%)谱型占比较高。鸡源粪肠球菌共有 5 种耐药谱,以 4 耐谱型 FFC-ERY-TET-GEN 为主(50.9%);羊源粪肠球菌共有 9 种耐药谱型,以 5 耐谱型 FFC-ERY-TET-TGC-

GEN 为主(20%);猪源粪肠球菌共有 10 种耐药谱型,以 6 耐谱型 FFC-ERY-TET-LZD-GEN-CIP 为主(33.7%)。鸡源屎肠球菌共有 4 种耐药谱型,以 5 耐谱型 FFC-ERY-TET-LZD-GEN 为主(50.0%);羊源屎肠球菌共有 3 种耐药谱型,以 3 耐谱型 ERY-TET-GEN 为主(50.0%);猪源屎肠球菌共有 2 种耐药谱型,分别为 FFC-ERY-TET-GEN-VAN-

鸡源粪肠球菌和屎肠球菌中 *tetM*、*aph*(3')-Ⅲ、*ermB* 和 *acc*(6')/*aph*(2'') 耐药基因的检出率均高于 90.0%,屎肠球菌中 *fexA* 和 *optrA* 基因的检出率高于粪肠球菌。羊源粪肠球菌和屎肠球菌中 *tetM*、*aph*(3')-Ⅲ和 *ermB* 基因的检出率均高于 50.0%,粪肠球菌中 7 种耐药基因的检出率均低于屎肠球菌,仅检出 1 株 *optrA* 阳性的屎肠球菌。猪源粪肠球菌和屎肠球菌中 *tetM* 基因的检出率均高于 90.0%,粪肠球菌中 *aph*(3')-Ⅲ、*ermB*、*acc*(6')/*aph*(2'')、*optrA* 和 *fexA* 基因的检出率均高于屎肠球菌。

表 6 新疆北疆地区不同动物源肠球菌耐药基因检出率与耐药率

Table 6 Consistency between resistance genotypes and phenotypes of <i>Enterococcus</i> isolates from different animal sources in Northern Xinjiang %									
药物种类 Antimicrobial agent	耐药基因 Resistance gene	鸡源 Chicken		羊源 Sheep		猪源 Pig		总计 Total	
		耐药基因 检出率 Resistance gene detec- tion rate	耐药率 Resistance rate	耐药基因 检出率 Resistance gene detec- tion rate	耐药率 Resistance rate	耐药基因 检出率 Resistance gene detec- tion rate	耐药率 Resistance rate	耐药基因 检出率 Resistance gene detec- tion rate	耐药率 Resistance rate
四环素类 Tetracyclines	<i>tetA</i> , <i>tetM</i>	48.0	100.0	36.9	52.6	47.3	100.0	46.5	95.1
氨基糖苷类 Aminoglycosides	<i>aph</i> (3')-Ⅲ, <i>acc</i> (6')/ <i>aph</i> (2'')	97.3	94.5	47.4	63.2	45.2	96.7	66.0	92.4
大环内酯类 Macrolides	<i>ermB</i>	49.3	98.6	34.2	42.1	29.9	100.0	38.1	93.5
恶唑烷酮类 Oxazolidinones	<i>cfr</i>	—	—	—	—	—	—	—	—
糖肽类 Glycopeptides	<i>poxtA</i> , <i>optrA</i>	16.5	52.1	2.7	26.3	3.3	52.2	13.9	49.5
肽类 Glycopeptides	<i>vanA</i>	0.0	0.0	0.0	5.3	0.0	13.0	0.0	7.1
酰胺醇类 Acylamine alcohols	<i>fexA</i> , <i>floR</i>	17.8	100.0	13.2	57.9	3.3	90.2	10.1	90.8

3 讨 论

3.1 不同动物源肠球菌的分离结果

肠球菌作为人和动物肠道中的常见共生菌,也是一种重要的条件致病菌和耐药基因储存库,其耐药性可经食物链与环境扩散,对免疫功能低下的宿主危害显著,导致生长性能下降甚至死亡,给养殖业带来直接损失,是临床和畜牧养殖中需重点关注的病原菌之一^[16-17]。本研究从新疆北疆石河子等地区的鸡源、羊源、猪源样本中共分离出 184 株肠球菌,整体分离率为 66.9%,肠球菌分离结果低于陈万昭^[15]在 2022 年报道的新疆部分地区动物源肠球菌分离率(77.7%)和夏盼盼等^[1]在 2024 年报道的新疆某猪场肠球菌分离率(94.8%),与李宏博等^[18]报道的伊犁昭苏县肠球菌分离率(74.3%)接近。不同地区动物源肠球菌的分离率存在差异,这可能与样本来源、养殖场中使用的抗菌药物种类和使用频率、养殖密度等不同有关,另外实验室中肠球菌

2.6 耐药表型与耐药基因的相关性分析

不同动物源肠球菌耐药率均高于耐药基因检出率,但二者基本呈正相关关系(表 6)。鸡源肠球菌对四环素和大环内酯类药物的耐药率为 98.6%~100.0%,但相关耐药基因检出率仅为 48.0%~49.3%;猪源肠球菌对四环素、氨基糖苷类和大环内酯类药物的耐药率为 96.7%~100.0%,但耐药基因检出率为 29.9%~47.3%。此外,不同动物源肠球菌对酰胺醇类药物的耐药率为 90.8%,但耐药基因检出率未超过 10.1%。

培养基的选择与鉴定方法也会导致分离率存在差异。本研究中粪肠球菌分离率(55.6%)高于屎肠球菌分离率(11.3%),与赵婕霖等^[19]报道的江苏地区不同畜禽养殖场肠球菌属细菌的菌种分离率截然不同,其报道的粪肠球菌分离率为 22.4%,屎肠球菌分离率为 78.6%,造成此结果的原因可能是采样地域、采样方式、养殖模式及环境条件等存在较大差异。

本研究中鸡源肠球菌(73.0%)和猪源肠球菌(81.4%)的分离率高于赵婕霖等^[19]报道的江苏地区畜牧养殖场鸡源肠球菌(36.6%)和猪源肠球菌(22%)的分离率;而羊源肠球菌的分离率低于陈万昭^[15]报道的羊源肠球菌分离率(63.6%)。本研究中肠球菌的检出率较高,可能是肠球菌在宿主肠道中广泛存在^[20],故易在样本中被分离检出。而不同的样本地区来源、养殖管理模式和抗菌药物的使用偏好都会导致检测出的肠球菌中粪肠球菌与屎肠球菌占比出现差异。以上研究 2 种菌分离率的差异

可能与样本宿主肠道菌群结构存在差异及养殖模式和用药习惯不同有关。

3.2 不同动物源肠球菌的耐药结果

药敏试验结果表明,新疆北疆地区不同动物源肠球菌对 FFC、ERY、TET 和 GEN 等 4 种抗菌药物高度耐药,该结果与王东等^[21]对新疆阿克苏地区猪源粪肠球菌分离株对 ERY、TET 和 GEN 耐药率均达 90% 以上的结果一致,但本研究中菌株对 LZD 的耐药率(49.5%)远高于王东等^[21]报道的耐药率(21.3%)。不同地区分离的肠球菌均对 FFC、ERY、TET 和 GEN 等有较高的耐药率,原因可能是这 4 种药物在畜禽养殖中使用历史悠久、应用范围广且给药方式粗放,导致菌株高度耐药^[22];此外,FFC、TET、ERY 等药物还常被用于预防性给药,这使得肠球菌对恶唑烷酮类、四环素类和大环内酯类等抗菌药物普遍呈现高度耐药,进一步加剧了耐药菌株的富集^[23]。上述结果表明,研究区肠球菌对不同类别抗菌药物的耐药性存在差异。鉴于本研究中分离菌株对 FFC、ERY、TET 和 GEN 等 4 种药物的耐药率较高,建议当地临床用药时优先选用窄谱、高敏感性的 AMP 作为首选治疗药物,以提高治疗的精准性。

本研究中,不同动物源肠球菌多药耐药集中在 4~6 耐(89.6%),且有 93.9% 的菌株耐 4 种及以上的受试药物,结果表明研究区动物肠球菌耐药情况严重。鸡源和猪源肠球菌多重耐药主要集中在 4~6 耐,而羊源多重耐药分布较广,造成这一差异的主要原因可能是,不同动物及养殖场的用药习惯不同,其次也与羊源肠球菌分离率低、样本量偏小有关。鸡源和猪源肠球菌的耐药率较高,因此建议研究地区养殖场应严格规范抗菌药物使用,强化养殖环境与生物安全管理,并建立耐药性检测体系,动态掌握耐药谱变化,实现抗菌药物的科学合理使用,以保障养殖场公共卫生安全和畜牧业的可持续发展。

3.3 不同动物源肠球菌的耐药基因检出结果

本研究耐药基因检测结果显示,研究区动物源肠球菌耐药基因携带率较高,检测的 11 种耐药基因中,除 *poxtA*、*vanA*、*cfr* 和 *floR* 等未检出外,其他 7 种耐药基因均有检出。几乎所有菌株都含有 2 种以上的耐药基因,部分菌株含 6 种以上耐药基因。肠球菌中 *tetM* 检出率超过 92%,*aph(3')-III*、*ermB* 和 *acc(6')/aph(2'')* 的检出率均高于 65%,这与徐琦琦

等^[16]和王东等^[21]对新疆阿克苏地区猪源粪肠球菌耐药基因检测结果基本一致。本研究中 *optrA* 和 *fexA* 基因的检出率远低于徐琦琦等^[16]的研究结果,*optrA* 基因的检测率高于王舒丰等^[24]对自繁自养猪场中不同生长期猪源肠球菌 *optrA* 基因的检出率(12.2%)。不同研究耐药基因检出率存在差异,原因可能是不同养殖环境中的抗菌药物暴露强度、种类及给药模式不同,形成了差异化的选择压力,从而影响了耐药基因的检出率^[25]。此外,温度、饲养密度、pH 及营养成分等环境因子也会对耐药基因检出率产生重要影响^[26]。

本研究肠球菌的耐药表型与耐药基因型基本呈正相关。肠球菌对 TET 耐药率为 95.1%,其四环素类 *tetM* 基因检出率为 92.4%,仅 1 株菌检出 *tetA* 基因,提示所分离出的肠球菌菌株对四环素耐药性主要由 *tetM* 介导。本研究中肠球菌 *aph(3')-III*、*ermB* 和 *acc(6')/aph(2'')* 等 3 种耐药基因检出率均在 65.0% 以上,对大环内酯类和氨基糖苷类抗菌药物的耐药率分别为 93.5% 和 92.4%,提示肠球菌对氨基糖苷类和大环内酯类药物耐药率较高,其耐药基因具有高度转移的特性^[27]。值得注意的是,肠球菌属细菌对氨基糖苷类药物固有耐药,单一治疗时无效,需与青霉素类或糖肽类药物联用才能对肠球菌发挥协同抗菌作用。然而,肠球菌可产生氨基糖苷类修饰酶,例如最常见的由 *aac(6')/aph(2'')* 基因编码的 AAC(6')/APH(2'') 双功酶,会导致协同作用消失^[28]。因此养殖场应建立“基因型+表型”的双重耐药监测体系,动态调整用药方案,避免长期使用单一的抗菌药物。

【参考文献】

- [1] 夏盼盼,吴慧敏,陈万昭,等. 新疆某自繁自养猪场人、动物和环境粪肠球菌、屎肠球菌的分离及耐药表型与耐药基因分析[J]. 中国兽医学报,2024,44(7):1430-1437.
Xia P P, Wu H M, Chen W Z, et al. Analysis of drug resistance phenotypes and drug resistance genes of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* isolates of human-animal-environment sources from a self-breeding pig farm in Xinjiang[J]. Chinese Journal of Veterinary Science, 2024, 44(7): 1430-1437.
- [2] Nurrahmat A M I, Susetya H, Putri K. Antibigram profile of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* in chicken meat from supermarkets in Sleman District, Indonesia[J]. Veterinary World, 2025, 18(2): 491-499.
- [3] 乔亚蕊,杨江流,高登军,等. 宁夏地区牛乳源肠球菌耐药性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2024, 52(8): 1-10.

- Qiao Y R, Yang J L, Gao D J, et al. Analysis on drug resistance of *Enterococcus* isolated from milk in Ningxia area[J]. Journal of Northwest A&F University(Natural Science Edition), 2024, 52(8):1-10.
- [4] 董焱斌. 河南省猪源肠球菌对利奈唑胺和替加环素的耐药机制研究[D]. 郑州:河南农业大学, 2025.
- Dong Y B. The resistance mechanism of linezolid and tigecycline in porcine *Enterococcus* in Henan Province[D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2025.
- [5] García-Solache M, Rice L B. The *Enterococcus*: a model of adaptability to its environment[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2019, 32(2):e00058-18.
- [6] Wei Y H, Palacios A D, Palmer K L. *Enterococcus faecium*: evolution, adaptation, pathogenesis and emerging therapeutics[J]. Nature Reviews Microbiology, 2024, 22(11):705-721.
- [7] Ali M, Tipu J H, Islam O, et al. Molecular characterization of multi-drug-resistant and extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-producing *Escherichia coli* isolated from Sonali chicken meat in Bangladesh[J]. Scientific Reports, 2025, 15(1):25350.
- [8] Que F X, Yuan J C, Xu X Y, et al. Prevalence and characterization of ESBL-producing diarrheagenic *Escherichia coli* from the poultry industry in Shanghai, China[J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16:1573614.
- [9] 张泽辉, 宋雪娇, 黄程程, 等. 细菌的获得性耐药机制研究进展[J]. 动物医学进展, 2017, 38(1):74-77.
- Zhang Z H, Song X J, Huang C C, et al. Progress on antimicrobial resistance mediated by changes of target protein in bacteria[J]. Progress in Veterinary Medicine, 2017, 38(1):74-77.
- [10] Cerqueira-Cézar C K, da Cruz Encide Sampaio A N, Caron E F F, et al. Antimicrobial resistance in chicken meat: comparing *Salmonella*, *Escherichia coli*, and *Enterococcus* from conventional and antibiotic-free productions[J]. Microorganisms, 2025, 13(10):2227.
- [11] de Mesquita Souza Saraiva M, Lim K, do Monte D F M, et al. Antimicrobial resistance in the globalized food chain: a One Health perspective applied to the poultry industry[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2022, 53(1):465-486.
- [12] Ren X, Li M, Xu C, et al. Prevalence and molecular characterization of *Salmonella enterica* isolates throughout an integrated broiler supply chain in China[J]. Epidemiology and Infection, 2016, 144(14):2989-2999.
- [13] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing[S]. 27th ed. CLSI Supplement M100. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2017.
- [14] 轩慧勇, 林亚军, 高超, 等. 宠物犬源沙门氏菌和葡萄球菌耐药性及耐药基因检测[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2019, 47(3):14-20.
- Xuan H Y, Lin Y J, Gao C, et al. Detection of drug resistance and resistance genes of *Salmonella* and *Staphylococcus* isolated from pet dogs[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2019, 47(3):14-20.
- [15] 陈万昭. 新疆部分地区动物源肠球菌耐药性调查及耐药基因 *optrA* 传播机制的研究[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学, 2022.
- Chen W Z. Antimicrobial resistance survey and study on transmission mechanism of antimicrobial resistance gene *optrA* of *Enterococcus* isolated from animals in some regions, Xinjiang[D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2022.
- [16] 徐琦琦, 陈月月, 李宏博, 等. 新疆伊犁昭苏不同动物源粪肠球菌耐药性及耐药基因检测[J]. 中国农业科技导报, 2023, 25(9):140-146.
- Xu Q Q, Chen Y Y, Li H B, et al. Detection of drug resistance and drug resistance genes of *Enterococcus faecalis* from different animal sources in Zhaosu, Yili, Xinjiang[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2023, 25(9):140-146.
- [17] Lu Z X, McInnes R S, Allen F, et al. Resistance to last-resort antibiotics in enterococci[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2025, 49:fuaf057.
- [18] 李宏博, 徐琦琦, 吴慧敏, 等. 伊犁昭苏县草食动物源大肠杆菌和肠球菌耐药性检测[J]. 新疆畜牧业, 2022, 38(6):23-28.
- Li H B, Xu Q Q, Wu H M, et al. Detection of drug resistance of *Escherichia coli* and *Enterococcus* from herbivores in Zhaosu County, Yili[J]. Xinjiang Animal Husbandry, 2022, 38(6):23-28.
- [19] 赵婕霖, 王丽平. 江苏地区不同畜禽养殖场肠球菌耐药特征分析[C]//中国毒理学会第十一次全国毒理学会大会论文集, 2024:223.
- Zhao J L, Wang L P. Analysis on drug resistance characteristics of *Enterococcus* isolated from different livestock and poultry farms in Jiangsu area[C]//Proceedings of the 11th National Congress of Chinese Society of Toxicology, 2024:223.
- [20] Guzman Prieto A M, van Schaik W, Rogers M R C, et al. Global emergence and dissemination of enterococci as nosocomial pathogens: attack of the clones?[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7:788.
- [21] 王东, 易海波, 李宏博, 等. 新疆阿克苏地区猪源粪肠球菌耐药性分析及相关耐药基因的检测[J]. 新疆农业科学, 2023, 60(12):3113-3120.
- Wang D, Yi H B, Li H B, et al. Drug resistance analysis of *Enterococcus faecalis* isolated from pigs and detection of related drug resistance genes in Aksu, Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2023, 60(12):3113-3120.
- [22] Kang Z Z, Lei C W, Kong L H, et al. Detection of transferable oxazolidinone resistance determinants in *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* of swine origin in Sichuan Province, China[J]. Journal of Global Antimicrobial Resistance, 2019, 19:333-337.
- [23] 杨佩霓, 陈莉, 何薇, 等. 质粒介导的利奈唑胺耐药基因 *optrA* 在粪肠球菌的水平转移机制[J]. 中国感染控制杂志, 2025, 24(1):67-76.
- Yang P N, Chen L, He W, et al. Mechanism of horizontal transfer of linezolid resistance gene *optrA* mediated by plasmids in *Enterococcus faecalis*[J]. Chinese Journal of Infection

- Control, 2025, 24(1): 67-76.
- [24] 王舒丰, 轩慧勇, 姚晓慧, 等. 自繁自养猪场中不同来源粪肠球菌与屎肠球菌的耐药性调查分析[J]. 中国动物传染病学报, 2022, 30(3): 201-207.
- Wang S F, Xuan H Y, Yao X H, et al. Resistance profile of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* strains isolated from different sources on a farrow-to-finish swine farm [J]. Chinese Journal of Animal Infectious Diseases, 2022, 30(3): 201-207.
- [25] Wang Y Y, Li X W, Fu Y L, et al. Association of florfenicol residues with the abundance of oxazolidinone resistance genes in livestock manures [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 399: 123059.
- [26] Laport M S, da Silva M R, Silva C C, et al. Heat-resistance and heat-shock response in the nosocomial pathogen *Enterococcus faecium* [J]. Current Microbiology, 2003, 46(5): 313-317.
- [27] Hammerum A M, Lester C H, Olsen S S, et al. Molecular characterisation of high-level gentamicin-resistant enterococci from bloodstream infections in Denmark: first description of clonal spread of *aph(2'')-Ib* [J]. International Journal of Antimicrobial Agents, 2012, 39(3): 266-268.
- [28] 贾伟, 赵梅, 王文, 等. 肠球菌属耐药性与耐药基因的比较研究[J]. 中华医院感染学杂志, 2015, 25(24): 5551-5554.
- Jia W, Zhao M, Wang W, et al. Comparative study on drug resistances and drug-resistant genes of *Enterococcus* species in clinic [J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2015, 25(24): 5551-5554.
- (责任编辑: 马秋明)

(上接第 93 页)

- [33] Jang W S, Park S, Bae J H, et al. Development of a multiplex Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) for the diagnosis of bacterial periprosthetic joint infection [J]. PLoS One, 2024, 19(5): e302783.
- [34] 余艳玲, 彭昊, 冯世文, 等. 罗非鱼无乳链球菌环介导等温扩增(LAMP)检测技术的建立及应用[J]. 江苏农业科学, 2019, 47(13): 200-203.
- Yu Y L, Peng H, Feng S W, et al. Establishment and application of real-time loop-mediated isothermal amplification techniques for detection of *Streptococcus agalactiae* in tilapia [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2019, 47(13): 200-203.
- [35] Miao Z H, De Buck J. Discriminating bovine mastitis pathogens by combining loop-mediated isothermal amplification and amplicon-binding split trehalase assay [J]. Frontiers in Veterinary Science, 2024, 11: 1389184.
- [36] Griffioen K, Cornelissen J, Heuvelink A, et al. Development and evaluation of 4 loop-mediated isothermal amplification assays to detect mastitis-causing bacteria in bovine milk samples [J]. Journal of Dairy Science, 2020, 103(9): 8407-8420.
- (责任编辑: 马秋明)