

徐引弟, 王治方, 蔡旭旺, 等. 河南省规模化猪场猪链球菌的分离鉴定及耐药性与毒力分析[J]. 山西农业科学, 2025, 53(6): 152-158.

XU Y D, WANG Z F, CAI X W, et al. Isolation, identification, drug resistance and virulence analysis of *Streptococcus suis*'s disease in large scale pig farms in henan province[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(6): 152-158.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2025.06.18

河南省规模化猪场猪链球菌的分离鉴定及 耐药性与毒力分析

徐引弟¹, 王治方¹, 蔡旭旺², 徐晓娟², 张青娴¹, 张立宪¹, 焦文强¹, 李海利¹,
朱文豪¹, 张家庆¹, 雷亚楠¹

(1. 河南省农业科学院 畜牧研究所, 河南 郑州 450002; 2. 华中农业大学 动物医学院, 湖北 武汉 430070)

摘要:为了调查河南省规模化猪场猪链球菌病的流行状况及危害,于2015—2024年从全省1 680个规模化猪场采集了2 860份病料,采用培养纯化、PCR鉴定、凝集法、琼脂扩散法药敏试验和小鼠动物试验对病料中的猪链球菌进行了分离和血清型鉴定,对获得的猪链球菌进行了耐药性和毒力分析以及耐药基因和毒力基因的鉴定。结果表明,共分离鉴定出2 932株致病性细菌,其中猪链球菌898株;猪链球菌的优势血清型是2型、9型、7型和3型,最主要的血清型是2型;血清群以D群为主。耐药性分析结果显示,猪链球菌对 β -内酰胺类抗生素较为敏感,而对氨基糖苷类、大环内酯类、四环素类、磺胺类药物均表现出较高的临床耐药性。检出率较高的耐药基因分别是 $aphA1$ 、 $tet(B)$ 、 $gyrA$ 、 $parC$ 基因。毒力分析结果显示,2型猪链球菌分离株对小鼠均有毒力,其中,毒力较高的 $slx^+mrp^+epf^+$ 菌株最多。综上,河南省规模化猪场猪链球菌感染呈严重态势,且流行菌株存在高度耐药性,其优势血清2型更表现出强毒力与复杂的毒力基因型。

关键词:猪链球菌;分离鉴定;凝集法分型;耐药性;毒力

中图分类号:S858.28

文献标识码:A

文章编号:1002-2481(2025)06-0152-07

Isolation, Identification, Drug Resistance and Virulence Analysis of *Streptococcus suis*'s Disease in Large Scale Pig Farms in Henan Province

XU Yindi¹, WANG Zhifang¹, CAI Xuwang², XU Xiaojuan², ZHANG Qingxian¹, ZHANG Lixian¹,
JIAO Wenqiang¹, LI Haili¹, ZHU Wenhao¹, ZHANG Jiaqing¹, LEI Ya'nan¹

(1. Institute of Animal Husbandry Research, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China;

2. College of Veterinary Medicine, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

Abstract: In order to investigate the prevalence and harm of *Streptococcus suis*'s Disease in Henan province's large-scale pig farms, in this study, 2 860 samples of diseased materials were collected from 1 680 farms between 2015 and 2024. The isolates were analyzed using culture purification, PCR identification, agglutination test, Kirby-Bauer test and murine animal experiments for isolation and serotype identification. The collected *S. suis* strains drug resistance and virulence analyses were underwent, and resistance genes and virulence genes were identified. The results showed that 2 932 pathogenic bacterial strains were identified, including 898 *S. suis* isolates. The predominant serotypes were Type 2, 9, 7, and 3, with Type 2 being the most common. Most serogroups belonged to group D. Resistance analysis revealed that *S. suis* showed good sensitivity to β -lactam antibiotics but exhibited high clinical resistance to aminoglycosides, macrolides, tetracyclines, and sulfonamides. The most frequently detected resistance genes were $aphA1$, $tet(B)$, $gyrA$, and $parC$. Virulence tests confirmed that all type 2 isolates were virulent in mice, with the $slx^+mrp^+epf^+$ strain showing the highest virulence. In conclusion, *S. suis* infections in large-scale pig farms in Henan province were highly prevalent, with circulating strains exhibiting an alarming rate of drug resistance. Furthermore, the predominant serotype 2 strains demonstrated strong virulence and a complex virulence genotype.

收稿日期: 2025-09-03

基金项目: 国家重点研发计划(2021YFD1301205); 河南省科技攻关项目(252102110042); 河南省农业科学院应用科技攻关项目(2025XMYG05)

作者简介: 徐引弟, 副研究员, 博士, 主要从事动物病原微生物学研究, E-mail: 445177674@qq.com

Keywords: *Streptococcus suis*; isolation and identification; agglutination-based typing; drug resistance; virulence

猪链球菌(*Streptococcus suis*)为革兰氏阳性球菌,是一种人畜共患疾病,在世界范围内广泛传播,近年来已成为影响猪健康的最常见传染病之一^[1-2]。猪链球菌可寄居在猪上呼吸道,临床上主要会引起猪的脑膜炎、败血症、关节炎、肺炎、心内膜炎等症状,给我国乃至全球的养猪业造成了重大损失^[3-11]。猪链球菌可穿透皮肤黏膜屏障进入血液进而感染宿主;此外,其也能穿过血脑屏障或脑脊液屏障进入中枢神经系统并引起脑膜炎。目前,已鉴定出100多个毒力相关基因与猪链球菌毒力菌株的发病机制有关。因此,猪链球菌被视为一种重要的新兴人畜共患病原体,在公共卫生和医学领域引起了极大的关注^[12-14]。

猪链球菌血清型众多,根据其表面荚膜多糖的抗原性可分为29种传统血清型(1~19、21、23~25、27~31和1/2)、Chz型、27种新荚膜基因型。1、2、4、5、7、9、14、16、21、24、31共11种血清型被报道会感染人,属于人畜共患血清型。其中,猪链球菌血清型2最具毒力和流行性,是世界范围内的主要流行型。链球菌根据兰氏(Lancefield)血清学分类法可分为20个血清群(A、B、C~V, I、J除外),对动物有致病性的主要是B、C、E群,对人类有致病性的主要是A群。不同国家地区的猪场流行的血清型有较大差异,而且疫苗对猪链球菌特定血清型的保护有限,因此,养猪业严重依赖抗生素来控制猪链球菌感染。这种依赖导致了全球抗菌素耐药性菌株的大幅增加。基于“一个健康”框架,人类、动物和环境的福祉是相互关联的。抗生素耐药性与环境密切相关,抗生素细菌耐药性可以通过不同的途径在人类、动物和环境中传播。此外,极端耐药细菌的增殖对公共卫生构成重大风险。猪链球菌菌株在全球多个国家的耐药率呈上升趋势^[14-15]。猪链球菌的致病性与其毒力因子有密切关系,目前研究较多的猪链球菌主要毒力因子有溶菌酶释放蛋白(mrp)、胞外因子(epf)和溶血素(sly)。

为了解河南省猪链球菌的流行情况,本研究对来自2015—2024年度河南省部分规模化猪场的发病猪群的样品进行了病原菌分离鉴定,并对猪链球菌进行血清分型、耐药及耐药基因、毒力和毒力因子进行鉴定,旨在为河南省猪链球菌病的预防和控制提供依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

病料样品取自2015—2024年河南省1 680个规模化猪场中表现出脑膜炎、关节炎等症状的发病猪,收集样品包括病死猪或濒死猪的肺脏、气管分泌物、关节液、心血、脑组织等,共2 860份。链球菌乳胶凝集标准诊断试剂盒购自OXIOD公司。18 g SPF级雌性Balb/c小鼠购自郑州大学试验动物中心。伦理实验批准号为LLSC41024039。

1.2 试验方法

1.2.1 猪链球菌的分离鉴定、血清分型及分群培养基的配制参照文献[16],无菌采集的病料样品接种于含5%新生牛血清的胰蛋白大豆琼脂(TSA)平板,37℃培养24~48 h,挑选可疑菌落进行纯化和染色镜检。

参照文献[16-18]设计猪链球菌的鉴定及猪链球菌1~33型血清分型引物;提取可疑菌DNA,PCR扩增,PCR反应体系和反应条件参考文献[16],阳性PCR产物送生工生物工程(上海)股份有限公司测序,并用BLAST软件比对。

猪链球菌的血清分群方法参照文献[16]。将分离鉴定纯化的猪链球菌挑取单个菌落传代,37℃培养16~18 h,挑取4~5个菌落与链球菌乳胶凝集标准诊断试剂盒中提取酶溶液混合,于37℃水浴10 min,获得提取物;在试剂反应卡上先各滴1滴A、B、C、D、F、G血清群乳胶,再各滴1滴提取物,用牙签混匀,轻轻晃动,同时做阳性对照,30 s内观察凝集现象,记录结果。

1.2.2 耐药性分析及耐药基因检测 药敏试验采用Kirby-Bauer(K-B)纸片扩散法。具体方法参照文献[16],判定标准参照美国临床实验室标准委员会NCCLS(2005)标准。判定结果分为敏感、中度敏感、耐药。六大类18种抗生素包括头孢噻吩(EFT)、头孢他啶(CAZ)、阿莫西林(AMX)、青霉素(P)、氨苄西林(AMP)、卡那霉素(KAN)、阿米卡星(AK)、壮观霉素(SPT)、替米考星(TIL)、阿奇霉素(AZM)、四环素(TE)、强力霉素(DO)、土霉素(OT)、左氟沙星(Lev)、氧氟沙星(OFL)、恩诺沙星(ENR)、环丙沙星(CIP)、复方新诺明(SXT)。

参照文献[17]设计五大类抗生素24个耐药基

因的 PCR 引物,包括 β -内酰胺类耐药基因(*bla*-TEM、*bla*OXA-1、*bla*CTX-M-2、*bla*SHV、*bla*IMP-1、*bla*DHA-1)、氨基糖苷类耐药基因(*aad*A1、*aad*A2、*str*A、*str*B、*aad*B、*aac*C2、*aac*(3)-IV、*aph*A1)、喹诺酮类耐药基因(*gyr*A、*par*C)、四环素类耐药基因(*tet*(A)、*tet*(B)、*tet*(C)、*tet*(D)、*tet*(G))、磺胺类耐药基因(*sul*1、*sul*2、*sul*3)的引物,PCR 扩增临床分离菌株的耐药基因,并进行凝胶电泳分析。

1.2.3 毒力分析和毒力基因检测 选取100株2型猪链球菌接种于TSB培养基,37℃250 r/min振荡培养18 h,用生理盐水稀释菌液至浓度约为 1.0×10^9 cfu/mL,腹腔注射Balb/c小鼠0.2 mL;每个毒株为一组,每组5只小鼠,生理盐水为阴性对照。接种Balb/c小鼠后,观察发病及死亡情况,剖检小鼠,无菌取心血分离细菌并鉴定。

参照文献[18]设计猪链球菌胞外因子基因(*epf*)、溶菌酶释放蛋白基因(*mrp*)、溶血素基因(*sly*)的PCR引物。选取261株2型猪链球菌对*epf*、*mrp*、*sly*基因进行PCR检测。

1.3 数据处理与分析

利用Graph Pad Prism 8.0软件进行方差分析和差异显著性分析(*t*检验),并进行制表和制图。

2 结果与分析

2.1 猪链球菌的分离鉴定与分型

在TSA培养基上分离出圆形光滑、半透明、略带蓝色荧光的小菌落,经染色镜检后发现,菌落为革兰氏阳性菌,菌体呈球形或卵圆形;有的单个存在,有的成对排列,有的链状排列且链的长短不一,推测这些菌落为猪链球菌(图1),PCR扩增这些菌株*ghd*基因后获得688 bp的目的片段,与预期片段大小一致,表明这些菌落为猪链球菌(图2)。

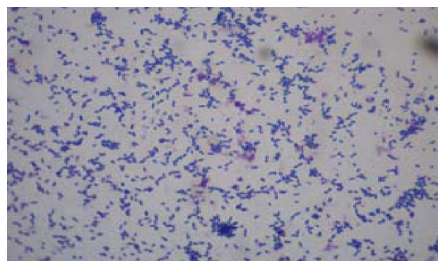
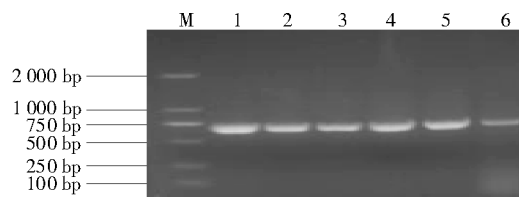


图1 *S. suis* 菌体形态

Fig.1 Morphology of *S. suis* bacteria



M. DL 2000 Marker;1~6 分别表示6株*S. suis*临床分离株*gdh*基因的PCR扩增条带

M. DL 2000 Marker; 1-6 indicated PCR amplification of the *gdh* gene from six *S. suis* clinical isolates, respectively

图2 *S. suis* 临床分离株的*gdh*基因的PCR扩增结果

Fig.2 PCR amplification of the *gdh* gene from *S. suis* clinical isolates

2 860份组织病料中有2 488份检测分离阳性,共分离鉴定出2 932株细菌,其中,猪链球菌898株,占30.63%;混合感染占多数,最常见的为猪链球菌和格拉瑟菌的混合感染,其次为猪链球菌、格拉瑟菌、多杀性巴氏杆菌混合感染,再次为猪链球菌、格拉瑟菌、支气管败血波氏杆菌混合感染。

将898株猪链球菌临床分离株进行PCR分子血清分型鉴定,结果显示(表1),血清2型383株,血清9型132株,血清7型88株,血清3型82株,血清1型38株,血清1/2型24株,血清4型14株,血清8型10株,血清14型5株,血清5型4株,未定型118株。表明河南省猪链球菌的流行血清型是2型、9型、7型和3型,最主要的血清型是2型。

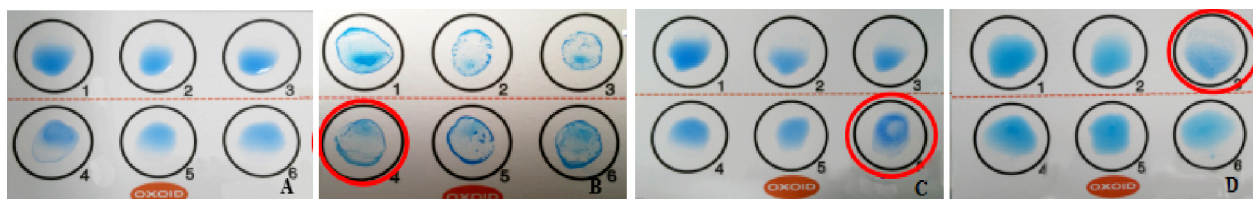
表1 *S. suis*分子血清型分型鉴定

Tab.1 Molecular serotyping identification of *S. suis*

指标 Index	2型 Type 2	9型 Type 9	7型 Type 7	3型 Type 3	1型 Type 1	1/2型 Type 1/2	4型 Type 4	8型 Type 8	14型 Type 14	5型 Type 5	未分型 Untyped
分离菌株数 Number of isolated strains	383	132	88	82	38	24	14	10	5	4	118
占比/% Percentage	42.65	14.70	9.80	9.13	4.23	2.67	1.56	1.11	0.57	0.45	13.14

分群凝集试验结果显示(图3),D群480株,占比为53.45%;G群100株,占比为11.14%;C群91株,占比为10.13%;F群23株,占比为2.56%;B群

9株,占比为1.00%;未分群195株。以上结果表明,河南省猪链球菌主要以D群为主,其次依次为G群、C群。



A. 标准阳性菌株对照,其中,1~6分别表示血清群为A群、B群、C群、D群、F群、G群的阳性对照;B. 血清群为D群的 *S. suis* 临床分离株(红圈);C. 血清群为G群的 *S. suis* 临床分离株(红圈);D. 血清群为C群的 *S. suis* 临床分离株(红圈)

A. Standard positive strain controls. Lanes 1-6 represented positive controls for serogroups A, B, C, D, F, and G, respectively. B. *S. suis* clinical isolate of serogroup D(indicated by a red circle). C. *S. suis* clinical isolate of serogroup G(indicated by a red circle). D. *S. suis* clinical isolate of serogroup C(indicated by a red circle)

图3 *S. suis* 血清分群检测结果

Fig.3 Result of serotyping group of *S. suis*

2.2 猪链球菌耐药性分析及耐药基因鉴定

898株猪链球菌药敏试验结果显示(表2),河南猪链球菌对不同种类的抗生素药物的敏感性存在差异;对 β -内酰胺类抗生素较为敏感,对氨基糖

苷类、大环内酯类、四环素类、磺胺类药物表现出耐药性。所有分离菌株均存在严重的多重耐药现象,均对5种或5种以上抗菌药物表现出耐药性(表2、3)。

表2 *S. suis* 临床分离株耐药性分析

Tab.2 Analysis of drug resistance for clinical isolates of *S. suis*

药物 Antibiotics	敏感菌株数 Sensitivity strains	中度敏感菌株数 Moderately sensitive strains	耐药菌株数 Resistant strains	药物 Antibiotics	敏感菌株数 Sensitivity strains	中度敏感菌株数 Moderately sensitive strains	耐药菌株数 Resistant strains
头孢噻呋 EFT	713	185	0	左氟沙星 Lev	409	106	383
头孢他啶 CAZ	674	224	0	氧氟沙星 OFL	396	80	422
阿莫西林 AMX	661	158	79	恩诺沙星 ENR	304	145	449
青霉素 P	423	343	132	环丙沙星 CIP	291	158	449
氨苄西林 AMP	634	172	92	强力霉素 DO	0	13	885
复方新诺明 SXT	264	211	423	四环素 TE	0	0	898
阿奇霉素 AZM	27	80	791	土霉素 OT	0	13	885
替米考星 TIL	27	53	818	卡那霉素 KAN	0	40	858
壮观霉素 SPT	238	343	317	阿米卡星 AK	27	13	858

表3 *S. suis* 临床分离株的耐药谱

Tab.3 Resistance profiles of clinical isolates of *S. suis*

谱值 Profile number	菌株数 Strain number	耐药谱 Resistance profiles
5	15	TE+DO+OT+AK+KAN
7	66	TIL+SPT+TE+DO+OT+AK+KAN
8	93	AZM+TIL+SPT+TE+DO+OT+AK+KAN
8	159	AZM+TIL+SXT+TE+DO+OT+AK+KAN
9	40	AMX+AMP+AZM+ENR+CIP++OFL+TE+DO+OT
9	92	P+AZM+TIL+SPT+TE+DO+OT+AK+KAN
10	11	SXT+AZM+TIL+SPT+ENR+CIP+OFL+TE+AK+KAN
10	28	AMX+AMP+AZM+SPT+Lev+TE+DO+OT+AK+KAN
10	24	TIL+SXT+AZM+ENR+CIP+TE+DO+OT+AK+KAN
11	145	AZM+TIL+ENR+Lev+OFL+CIP+TE+DO+OT+AK+KAN
12	91	SXT+AZM+TIL+Lev+ENR+OFL+CIP+TE+DO+OT+AK+KAN
12	95	AZM+TIL+SXT+ENR+Lev+OFL+CIP+TE+DO+OT+AK+KAN
13	13	P+TIL+AMX+SXT+AZM+ENR+CIP+OFL+TE+DO+OT+AK+KAN
14	26	P+AMP+SXT+TIL+SPT+ENR+Lev+OFL+CIP+TE+DO+OT+AK+KAN

耐药基因检测结果显示(表4),共检测出12种耐药基因,分别是 *blaTEM*、*aadA1*、*strA*、*strB*、*aadB*、*aacC2*、*aphA1*、*tet(B)*、*gyrA*、*parC*、*sul1*、*sul2*

基因;其中,检出率较高的耐药基因是 *aphA1* (86%)、*tet(B)* (89%)、*gyrA* (63%)和 *parC* (58%)。

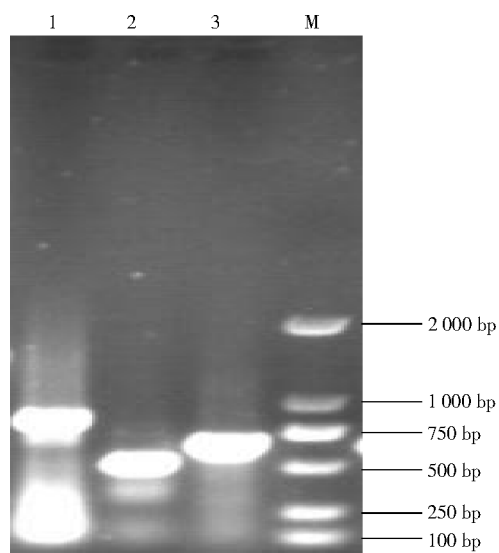
表4 *S. suis* 耐药基因鉴定

Tab.4 Identification of drug resistance genes in *S. suis*

抗生素种类 Antibiotic types	耐药基因 Drug resistance gene	阳性菌株 Positive bacterial strain	占比/% Percentage	抗生素种类 Antibiotic types	耐药基因 Drug resistance gene	阳性菌株 Positive bacterial strain	占比/% Percentage
β-内酰胺类 β-lactams	<i>blaTEM</i>	377	42	四环素类 Tetracyclines	<i>aac(3)-IV</i>	0	0
	<i>blaOXA-1</i>	0	0		<i>aphA1</i>	772	86
	<i>blaCTX-M-2</i>	0	0		<i>tet(A)</i>	0	0
	<i>blaSHV</i>	0	0		<i>tet(B)</i>	799	89
	<i>blaIMP-1</i>	0	0		<i>tet(C)</i>	0	0
	<i>blaDHA-1</i>	0	0		<i>tet(D)</i>	0	0
氨基糖苷类 Aminoglycosides	<i>aadA1</i>	305	34	喹诺酮类 Quinolones	<i>tet(G)</i>	0	0
	<i>aadA2</i>	0	0		<i>gyrA</i>	566	63
	<i>strA</i>	224	25		<i>parC</i>	521	58
	<i>strB</i>	251	28	磺胺类 Sulfonamides	<i>sul1</i>	188	21
	<i>aadB</i>	134	15		<i>sul2</i>	404	45
	<i>aacC2</i>	179	20		<i>sul3</i>	0	0

2.3 2型猪链球菌对小鼠的毒力检测和毒力基因鉴定

将100株2型猪链球菌分别腹腔接种小鼠后发现,小鼠均在24~48 h内死亡,证明2型猪链球菌对小鼠均有毒力。用猪链球菌 *epf*、*mrp*、*sly* 基因引物扩增,结果分别扩增出626、885、1 502 bp大小片段,与预期片段大小相同(图4)。



1. *mrp* 基因; 2. *sly* 基因; 3. *epf* 基因; M. DL 2000 Marker

1. *mrp* gene; 2. *sly* gene; 3. *epf* gene; M. DL 2000 Marker

图4 *S. suis* 毒力基因鉴定结果

Fig.4 Identification results of *S. suis* virulence genes

261株2型猪链球菌毒力基因检测结果显示(表5),共有8种基因型,其中,基因型 *sly*⁺*mrp*⁺*epf*⁺ 有141株(54.02%), *sly*⁺*mrp*⁻*epf*⁺ 有45株(17.24%), *sly*⁻*mrp*⁺*epf*⁺ 有21株(8.04%), *sly*⁻*mrp*⁻*epf*⁺ 有18株(6.90%), *sly*⁻*mrp*⁺*epf*⁻ 有15株(5.75%), *sly*⁺*mrp*⁻*epf*⁻ 有12株(3.44%), *sly*⁺*mrp*⁺*epf*⁻ 有6株(2.29%), *sly*⁻*mrp*⁻*epf*⁻ 有6株(2.29%)。以上结果表明,河南省流行的2型猪链球菌主要为 *sly*⁺*mrp*⁺*epf*⁺ 菌株,其次依次为 *sly*⁺*mrp*⁻*epf*⁺、*sly*⁻*mrp*⁺*epf*⁺ 菌株。

表5 *S. suis* 毒力基因型鉴定

Tab.5 Virulence genotype identification of *S. suis*

毒力基因型 Virulence genotype	菌株数 Number of strains	占比/% Percentage
<i>sly</i> ⁺ <i>mrp</i> ⁺ <i>epf</i> ⁺	141	54.02
<i>sly</i> ⁺ <i>mrp</i> ⁻ <i>epf</i> ⁺	45	17.24
<i>sly</i> ⁻ <i>mrp</i> ⁺ <i>epf</i> ⁺	21	8.04
<i>sly</i> ⁻ <i>mrp</i> ⁻ <i>epf</i> ⁺	18	6.90
<i>sly</i> ⁻ <i>mrp</i> ⁺ <i>epf</i> ⁻	15	5.75
<i>sly</i> ⁺ <i>mrp</i> ⁻ <i>epf</i> ⁻	12	3.44
<i>sly</i> ⁺ <i>mrp</i> ⁺ <i>epf</i> ⁻	6	2.29
<i>sly</i> ⁻ <i>mrp</i> ⁻ <i>epf</i> ⁻	6	2.29

3 结论与讨论

随着我国养猪业的快速发展,养殖规模和饲

养密度不断增加,尤其饲料全面实行禁抗限抗政策以来,生猪面临的细菌性疾病风险越来越大,细菌性传染病的危害日益加重,造成的经济损失也越来越严重,严重制约了养猪业的健康发展。猪链球菌病等细菌性病原血清型众多,致病条件复杂,耐药性强,不同血清型间防控效果差异较大,与饲养环境密切相关,防控难度较大。本研究于2015—2024年在河南省1680个规模化猪场采集了2860份病料进行猪链球菌病的病原流行病学研究,分离鉴定出898株猪链球菌,其优势血清型是2、9、7、3型,血清群以D群为主,对 β -内酰胺类抗生素较为敏感,对氨基糖苷类、大环内酯类、四环素类、磺胺类药物表现出耐药性;检出率较高的耐药基因是*aphA1*、*tet(B)*、*gyrA*、*parC*基因。2型分离株对小鼠均有毒力,以*sly*⁺*mrp*⁺*epf*⁺菌株最多,这为有效防控猪场猪链球菌病提供了科学依据。

猪链球菌在河南省猪场的细菌性病原分离鉴定中占比最多,其次为格拉瑟菌。此外,混合感染和继发感染也非常严重。由于临床用药的原因,猪链球菌不易分离出来,因此,猪链球菌的实际临床感染率远高于分离率,临床危害远高于分离数据统计。猪链球菌血清型的复杂多样性为该病的防控构成了持续挑战。这不仅体现在不同国家、地区或猪场之间流行的血清型不尽相同,即便在同一猪场,其优势血清型也会随时间变化,且常出现多种血清型共存的局面。LI等^[2]从我国15个省份的177株猪链球菌中共鉴定出23个血清型,其中,血清型2、3占分离株的50.8%。ZHAO等^[3]对山东省的143株猪链球菌进行了鉴定,发现2型为优势血清型,其次依次是5、4、19、21型。XIA等^[4]对湖北省19株猪链球菌进行了鉴定,发现存在10种血清型,其中,血清型9最为常见。ALBERT等^[5]对匈牙利的296株猪链球菌进行了分离鉴定,其血清型为9、2、1/2、7型。LI等^[6]对欧洲的251株猪链球菌进行分离鉴定,共鉴定出13种血清型,其中,9、2型最为常见。DE O COSTA等^[7]对加拿大西部的128株猪链球菌菌株进行鉴定后发现,最常见的血清型为1/2、2、3、7型,而魁北克省患病猪链球菌较常检测到的血清型为1/2型和2型,其次依次是7、9、3、1、14型^[8]。泰国猪链球菌最常见的血清型为8型,其次依次是19、29、3、2型,其中,39.92%的分离株无法分型^[9]。瑞士的猪链球菌血清型6型

最为常见,其次依次是血清型1、3、1/2和9^[10]。西班牙猪链球菌分离株最常见的血清型为9、1、2、3、7、14、1/2型^[11]。四川部分地区猪链球菌优势血清型为16型,其次依次为2、9、1、4、5、7、30型^[19]。田想^[20]研究发现,河南地区猪链球菌血清型2、4、31型比较流行^[20]。江西地区部分分离的猪链球菌主要为2型和9型,其次依次为18、3、7型,未知血清型占15.2%^[21]。广西部分地区猪链球菌血清型主要为9、2、31、15型^[22]。江苏昆山地区猪源猪链球菌分离率最高为31型,其次为19型;丹阳地区分离率最高的血清型为16型,其次依次为9、21、31型^[23]。本研究发现,河南省猪链球菌优势血清型是2、9、7、3型,最主要的血清型是2型,这之前报道有相似之处,2、9、7型仍为主要血清型,近年来3型血清型比例逐渐增多^[16-18]。猪链球菌血清分群结果显示,河南省猪链球菌血清群以D群为主,其次依次为G群和C群,早期猪链球菌致病菌中C群占大多数,多为马腺疫链球菌兽疫亚种,随着C群链球菌疫苗的广泛使用,近年来我国各地猪链球菌的优势菌群逐渐发生变化,D群链球菌已成为我国猪链球菌病的优势菌群。综上,不同地区或同一地区的不同时期猪场流行的血清型也是动态变化的,因此,需要根据情况调整免疫方案。

使用抗生素药物是预防和治疗猪链球菌等细菌引起疫病的重要手段,但是近年来抗生素在养猪业的滥用导致细菌耐药性问题越来越严重,给疾病的治疗带来了极大困难。本研究发现,猪链球菌临床分离株除对 β -内酰胺类抗生素较为敏感,对氨基糖苷类、大环内酯类、四环素类、磺胺类药物均较为耐药,所有分离菌株均存在严重的多重耐药现象,因此,传统的抗生素治疗效果逐渐减弱,甚至导致治疗无效。猪链球菌的耐药性呈现明显的地区和时间差异,因此,需要加强对猪链球菌耐药性的监控,定期检测耐药情况,指导临床药物的合理使用。猪链球菌血清型与毒力关系复杂,其中,血清2型猪链球菌不仅致病力较强,而且分离率最高。其毒力因子构成十分复杂,因此,菌株的致病力与其所携带的特定毒力因子密切相关。*mrp*、*epf*、*sly*是研究较多的猪链球菌毒力因子,本研究结果表明,河南省2型猪链球菌主要以*sly*⁺*mrp*⁺*epf*⁺为主。毒力基因的鉴定结果为猪链球菌的流行病学及防控提供了科学依据。

参考文献:

- [1] LV R Y, ZHANG W J, SUN Z G. Current prevalence and therapeutic strategies for porcine *Streptococcus suis* in China[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2025, 91(3): e0216024.
- [2] LI Y Y, MA B, JIA X, et al. Population genomics, virulence traits, and antimicrobial resistance of *Streptococcus suis* isolated in China[J]. Microorganisms, 2025, 13(6): 1197.
- [3] ZHAO X K, HAN S S, ZHANG F, et al. Identification and characterization of *Streptococcus suis* strains isolated from Eastern China Swine Farms, 2021-2023[J]. Scientific Reports, 2025, 15: 5677.
- [4] XIA Y J, WANG Z Y, HU Y L, et al. Isolation, identification, genomic diversity, and antimicrobial resistance analysis of *Streptococcus suis* in Hubei Province of China from 2021 to 2023[J]. Microorganisms, 2024, 12(5): 917.
- [5] ALBERT E, KIS I E, KISS K, et al. Serotype distribution and antimicrobial susceptibility of *Streptococcus suis* isolates from porcine diagnostic samples in Hungary, 2020-2023[J]. Porcine Health Management, 2025, 11(1): 3.
- [6] LI K, LACOUTURE S, LEWANDOWSKI E, et al. Molecular characterization of *Streptococcus suis* isolates recovered from diseased pigs in Europe[J]. Veterinary Research, 2024, 55(1): 117.
- [7] DE O COSTA M, GAMAGE R, CHRISTENSEN J. Molecular profile and epidemiological traits of *Streptococcus suis* isolated from diseased pigs in western Canada reveal multiple-serotype infection; implications for disease control[J]. La Revue Veterinaire Canadienne, 2024, 65(5): 429-436.
- [8] LACOUTURE S, VINCENT A T, GOTTSCHALK M. Distribution of *Streptococcus suis*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, and *Glaesserella parasuis* serotypes isolated from diseased pigs in Quebec between January 2020 and December 2023[J]. La Revue Veterinaire Canadienne, 2024, 65(6): 533-534.
- [9] LUNHA K, CHUMPOL W, JIEMSUP S, et al. Serotype distribution and pathotypic characteristics of *Streptococcus suis* isolates from slaughtered pigs in a high-density pig farming area in Thailand[J]. Transboundary and Emerging Diseases, 2024, 2024: 3186518.
- [10] SCHERRER S, BIGGEL M, SCHNEEBERGER M, et al. Genetic diversity and antimicrobial susceptibility of *Streptococcus suis* from diseased Swiss pigs collected between 2019 - 2022[J]. Veterinary Microbiology, 2024, 293: 110084.
- [11] PETROCCHI RILO M, GUTIÉRREZ MARTÍN C B, ACEBES FERNÁNDEZ V, et al. *Streptococcus suis* research update: serotype prevalence and antimicrobial resistance distribution in swine isolates recovered in Spain from 2020 to 2022[J]. Veterinary Sciences, 2024, 11(1): 40.
- [12] BRIZUELA J, ROODSANT T J, HASNOE Q, et al. Molecular epidemiology of underreported emerging zoonotic pathogen *Streptococcus suis* in Europe[J]. Emerging Infectious Diseases, 2024, 30(3): 413-422.
- [13] LIU F, ZHANG S Z, ERDELJAN M, et al. *Streptococcus suis*: Epidemiology and resistance evolution of an emerging zoonotic bacteria[J]. One Health, 2025, 21: 101098.
- [14] FUSCO G, PARADISO R, CARDILLO L, et al. *Streptococcus suis*-associated neonatal meningitis and sepsis: characterization, antimicrobial resistance, and public health implications[J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1519247.
- [15] URUÉN C, GARCÍA C, FRAILE L, et al. How *Streptococcus suis* escapes antibiotic treatments[J]. Veterinary Research, 2022, 53(1): 91.
- [16] 徐引弟, 孙帅杰, 王治方, 等. 河南省猪链球菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国畜牧兽医, 2018, 45(2): 501-509.
XU Y D, SUN S J, WANG Z F, et al. Isolation, identification and drug resistance analysis of *Streptococcus suis* in Henan Province[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2018, 45(2): 501-509.
- [17] 王治方, 白红杰, 徐引弟, 等. 猪链球菌流行优势菌株的调查及耐药性[J]. 中国兽医学报, 2020, 40(12): 2327-2332.
WANG Z F, BAI H J, XU Y D, et al. Prevalence and drug resistance of *Streptococcus suis*[J]. Chinese Journal of Veterinary Science, 2020, 40(12): 2327-2332.
- [18] 徐引弟, 王治方, 张青娴, 等. 2 型猪链球菌的毒力因子的鉴定及分布[J]. 中国动物传染病学报, 2018, 26(6): 64-67.
XU Y D, WANG Z F, ZHANG Q X, et al. Identification and distribution of virulence factors of *Streptococcus suis* serotype 2[J]. Chinese Journal of Animal Infectious Diseases, 2018, 26(6): 64-67.
- [19] 毛从剑, 曹冶, 于吉锋. 四川部分地区猪链球菌的分离鉴定及其毒力基因型和耐药性研究[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2023(22): 97-103.
MAO C J, CAO Y, YU J F. Isolation and identification of *Streptococcus suis* in some areas of Sichuan Province and study on its virulence genotype and drug resistance[J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 2023(22): 97-103.
- [20] 田想. 2022—2023 年河南地区规模化猪场猪链球菌和副猪嗜血杆菌流行病学分析[D]. 南阳: 南阳师范学院, 2024.
TIAN X. Epidemiological analysis of *Streptococcus suis* and *Haemophilus parasuis* in large-scale pig farms in Henan region from 2022 to 2023[D]. Nanyang: Nanyang Normal University, 2024.
- [21] 黄玉婷. 江西地区猪链球菌的分离鉴定及耐药性分析[D]. 南昌: 江西农业大学, 2023.
HUANG Y T. Isolation, identification and drug resistance analysis of *Streptococcus suis* in Jiangxi province[D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2023.
- [22] 朱远致, 马婷婷. 广西部分地区猪链球菌的血清型和毒力基因检测及分析[J]. 动物医学进展, 2025, 46(8): 39-43.
ZHU Y Z, MA T T. Detection and analysis of serotypes and virulence genes of *Streptococcus suis* in some areas of Guangxi[J]. Progress in Veterinary Medicine, 2025, 46(8): 39-43.
- [23] 许杨, 王瑞光, 彭泽仁, 等. 2023 年江苏地区屠宰场健康猪源猪链球菌致病与耐药特征[J]. 微生物学报, 2025, 65(1): 211-224.
XU Y, WANG R G, PENG Z R, et al. The pathogenic and antimicrobial resistance characteristics of *Streptococcus suis* isolates from healthy pigs at slaughterhouses in Jiangsu Province, 2023[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2025, 65(1): 211-224.