DOI:10.13300/j.cnki.cn42-1648/s.2026.09.013

贵阳市中小规模猪场呼吸系统致病菌感染状况调查及相关性分析

杨源[1],张海[1],徐春志[1*],蔺俐仲[2],李婷[3],徐景峨[3],潘永[3]
1.贵阳市动物疫病预防控制中心,贵阳 550081;2.贵阳市乡村振兴服务中心,贵阳 550081;
3.贵州省农业科学院畜牧兽医研究所,贵阳 550005

摘要 [目的]调查贵阳市2025年中小规模猪场链球菌(SS)、肺炎支原体(MHP)、副猪嗜血杆菌(HPS)、胸膜肺炎放线杆菌(APP)4种呼吸系统细菌性疫病感染状况,为疫病防控提供科学依据。[方法]2025年3月,在贵阳市8个中小规模猪场采集102份血清样品,采用ELISA方法进行感染抗体检测;在个体层面采用卡方检验和列联系数分析病原共阳性感染状况,在场群层面采用Spearman分析病原间的关联性;同时对养殖场防控效果采用Kendall W进行评价。[结果]SS、MHP、APP、HPS的个体阳性率分别为78.43%、42.16%、46.08%、18.63%,场阳性率分别为87.5%、62.5%、62.5%、37.5%;混合感染率达85.71%。从场群间、个体间分析均阐明SS在病原中具有主导地位,虽然养殖场层面各病原组合均无显著相关性($P>0.05$),但均呈正向关联;从个体层面分析,SS与MHP、APP呈极显著正相关性($C=0.37$、0.40,$P<0.01$);MHP与APP呈显著正相关($C=0.20$,$P<0.01$);HPS与SS、MHP、APP相关性较弱,且不显著($C=0.17$、0.00、0.14,$P>0.05$)。养殖场间防控效果具有较强一致性(Kendall W=0.589,$P=0.021$),3号场防控最优(秩次值1.88),6号场最差(6.38)。[结论]贵阳市中小规模猪场呼吸系统致病菌感染状况复杂,SS、MHP与APP混合感染普遍且显著关联,而HPS感染相对独立;场间防控效果差异大,提示整体管理水平是决定病原防控效果的关键因素。

关键词 中小规模猪场;呼吸系统;感染抗体;猪链球菌;猪肺炎支原体;副猪嗜血杆菌;胸膜肺炎放线杆菌

Investigation of 4 major respiratory bacterial pathogens in small and medium-scale pig farms of Guiyang City, Guizhou Province in 2025

Yang Yuan[1], Zhang Hai[1], Xu Chunzhi[1*], Lin Lizhong[2], Li Ting[3], Xu Jing'e[3], Pan Yong[3]
1.Guiyang Animal Disease Prevention and Control Center, Guizhou Province, Guiyang 550081, China; 2.Guiyang Rural Revitalization Service Center, Guizhou Province, Guiyang 550081, China; 3.Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guizhou Province, Guiyang 550005, China

Abstract [Objectives]The infection status of 4 bacterial pathogens including *Streptococcus suis* (SS), *My-*

收稿日期:2026-04-22
基金项目:贵州省科技支撑项目"规模化猪场呼吸系统主要致病菌血清型快速检测及防控技术研究"(黔科合支撑〔2023〕一般008);贵州省第八批千层次创新型人才培养项目(筑科合同-GCC-〔2024〕022);贵州省科技支撑项目"基于多组学深度解析贵州生猪全产业链耐药性传播驱动因素及防控策略研究"(黔科合支撑〔2022〕一般139)
作者简介:杨源,男,1993年生,硕士,兽医师。*通信作者:徐春志,男,1981年生,硕士,正高级兽医师。

coplasma hyopneumoniae (MHP), *Haemophilus parasuis* (HPS), and *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP) in small- and medium-scale pig farms in Guiyang City, Guizhou Province in 2025 was investigated to provide a scientific basis for the prevention and control of disease.[Methods]102 samples of serum were collected from 8 small and medium-scale pig farms in Guiyang City, Guizhou Province in March 2025. Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was used to detect infection antibodies. The chi-square test and contingency coefficient were used to analyze the co-infection patterns of pathogens at the level of individual. Spearman's rank correlation was used to assess associations among pathogens at the level of herd. Kendall's W was used to evaluate the effectiveness for measures of controlling disease across farms.[Results]The positive rate of individual and herd for SS, MHP, APP, and HPS was 78.43%, 42.16%, 46.08% and 18.63%, 87.5%, 62.5%, 62.5% and 37.5%, respectively, indicating that SS plays a dominant role among the pathogens. The overall rate of mixed infection reached 85.71%. Although no significant correlations were found among combinations of pathogen at the level of herd ($P>0.05$), all associations were positive. SS at the level of individual had significantly positive correlations with MHP and APP (C=0.37 and 0.40, $P<0.01$). MHP was significantly positively correlated with APP (C=0.20, $P<0.01$). HPS had weak and non-significant correlations with SS, MHP, and APP (C=0.17, 0.00, and 0.14, $P>0.05$). The consistency of effectiveness of controlling disease across farms was moderate (Kendall's W=0.589, P=0.021). The No. 3 farm had the best control performance (mean rank=1.88), while the No. 6 farm had the poorest (mean rank=6.38).[Conclusions]The respiratory bacterial infections in small and medium-scale pig farms in Guiyang City, Guizhou Province are complex. Mixed infections of SS, MHP, and APP are common and significantly associated, whereas HPS infection is relatively independent. There is considerable variation in the effectiveness of controlling disease across farms, indicating that overall level of management is a key factor determining the effectiveness of preventing and controlling pathogens.

Keywords　small and medium-scale pig farms; respiratory system; infection-induced antibodies; *Streptococcus suis* (SS); *Mesomycoplasma hyopneumoniae* (MHP); *Haemophilus parasuis* (HPS); *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP)

细菌是严重威胁生猪产业的重要病原[1]，随着减抗行动推进及食品兽药残留标准严格执行，由其引发的疫病防控越来越困难[2-3]，其中由细菌导致的猪呼吸系统疾病综合征（porcine respiratory disease complex，PRDC）对养殖技术、饲养条件相对较差的中小规模场造成严重威胁[4]。PRDC 的病原菌复杂多样，其中猪链球菌（*StrePtococcus suis*，SS）除会引起 PRDC 外，其血清 2 型（SS2）还是一种重要的食源性人畜共患病原菌，对公共卫生安全构成威胁[5]，是需要重点关注的病原菌。猪肺炎支原体（*MesomycoPlasma hyoPneumoniae*，MHP）在养殖场中广泛流行，尽管市面上存在以 168-L 为主要菌株制备的活疫苗[6]，但其发病率仍居高不下，是需要重点防控的病原菌。副猪嗜血杆菌（*Haemophilus parasuis*，HPS）是一种条件性致病菌，当猪群受到应激因素刺激时可诱发感染，我国不同地区流行的 HPS 血清型存在差异，主要以 4、5、12、13 型为主[7]，是养殖场中常见病原菌。胸膜肺炎放线杆菌（*Actinobacillus pleuropneumoniae*，APP）是引起猪传染性胸膜肺炎（porcine contagious pleuropneumonia，PCP）的病原菌，传统优势型是 1 型、3 型、5 型和 7 型，但近年来研究表明，8 型和 15 型的流行正在上升，部分地区 8 型已成为优势型[8]。

以上 4 种细菌是引起 PRDC 的重要病原菌，同时也是养殖场中常见病原菌[9]，正严重制约着猪养殖业发展，且传染性强，一旦发病会迅速扩散至整个群体。PRDC 临床症状多以食欲废绝、高热、咳嗽、呼吸困难为主，易造成料肉比升高、生长迟缓、出栏时间延长，甚至死亡，从而造成经济损失[10]。在贵阳市中小规模猪场上报的各类疫病中，以呼吸系统方面疫病为主。因此，本文聚焦贵阳市中小规模生猪养殖场，采用血清学方法开展感染抗体检测，初步了解中小规模猪场 SS、MHP、HPS、APP 这 4 种细菌性疫病的流行状况，旨在为贵阳市中小规模

猪场呼吸系统细菌性疫病防控提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品来源

2025 年 3 月，采集贵阳市辖区内 8 个存栏量相当的中小规模猪场样品 102 份，按存栏量 10% 随机采集样品，每场不少于 10 份，采样时兼顾不同猪舍猪群，以保证样品代表性，养殖场免疫背景清楚，均未开展检测病种相关疫苗免疫。

1.2 主要试剂

猪胸膜肺炎放线杆菌 ELISA 抗体检测试剂盒、副猪嗜血杆菌间接 ELISA 抗体检测试剂盒、猪链球菌 ELISA 抗体检测试剂盒、猪肺炎支原体阻断 ELISA 抗体检测试剂盒均购自武汉科前生物股份有限公司。

1.3 抗体检测

按照抗体检测试剂盒说明书对血清样品进行检测，检测步骤及结果判定严格按照试剂盒说明书进行。样品阳性占比和场阳性率计算公式如下：

样品阳性占比=阳性样品数/总样品数×100%；

场阳性率=检出该病原的养殖场数/抽检的养殖场总数×100%。

1.4 数据统计与分析

采用 Excel、SPSS 软件对数据进行统计分析；各病种检测结果均按感染抗体阳性率进行统计，并采用 ANOVA 进行对比分析；对 8 个养殖场 SS 等 4 种病原阳性率进行 Spearman 相关性分析，并对养殖场采用 Kendall W 协同系数检验进行 4 种疫病防控效果评价；对 102 份血清样品病原两两之间共感染进行统计，并采用卡方检验分析。

2 结果与分析

2.1 贵阳市中小规模猪场 SS、MHP、HPS、APP 感染情况

采用 ELISA 方法对贵阳市 8 个中小规模猪场 SS、MHP、HPS、APP 感染状况进行抗体检测。由表 1 可知，从个体水平分析，猪链球菌（SS）阳性率最高（78.43%），其次为猪胸膜肺炎放线杆菌（APP，46.08%）和猪肺炎支原体（MHP，42.16%），副猪嗜血杆菌（HPS）最低（18.63%），且 HPS 感染率显著低于 SS（$P<0.05$）；从养殖场群体水平分析，SS 场群阳性率达 87.5%，MHP 和 APP 场群阳性率达 62.5%，而 HPS 为 37.5%，养殖场群间感染率差异极大，3 号场和 6 号场 4 种病原菌阳性率形成极端对比，其中 3 号场 4 种病原菌均为阴性，而 6 号场 4 种病原菌均检出阳性，且 SS、HPS 阳性率分别高达 100% 和 84.62%，呈多重高感染状态；在 4 种病原菌检出阳性的 7 个养殖场中，2 种以上病原菌混合感染率达 85.71%，多呈混感状态。

表 1 贵阳市中小规模猪场 SS、MHP、HPS、APP 阳性率比较

养殖场编号	样品数量/份	猪链球菌（SS）		猪肺炎支原体（MHP）		副猪嗜血杆菌（HPS）		猪胸膜肺炎放线杆菌（APP）	
		阳性数/份	阳性占比/%	阳性数/份	阳性占比/%	阳性数/份	阳性占比/%	阳性数/份	阳性占比/%
1	14	14	100.00	14	100.00	0	0.00	12	85.71
2	10	9	90.00	10	100.00	3	30.00	6	60.00
3	10	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
4	10	10	100.00	8	80.00	5	50.00	0	0.00
5	20	20	100.00	7	35.00	0	0.00	20	100.00
6	13	13	100.00	4	30.77	11	84.62	4	30.77
7	15	5	33.33	0	0.00	0	0.00	0	0.00
8	10	9	90.00	0	0.00	0	0.00	5	50.00
合计	102	80	78.43b	43	42.16ab	19	18.63a	47	46.08ab

注：同行标注的不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$），相同字母表示差异不显著（$P>0.05$）。

2.2 贵阳市中小规模猪场呼吸系统致病菌感染相关性分析

对 7 个中小规模猪场呼吸系统主要细菌性疫病感染状况进行 Spearman 相关性分析（将各病种阳性检出率均为 0% 的 3 号养殖场数据归为奇异数据，不列入分析计算），同时对 102 份样本 4 种病原菌检测结果进行统计，并采用卡方检验和计算列联系数。由表 2 和表 3 可知：①场群水平，SS 与 MHP、HPS、

APP均呈正向关联（R=0.563、0.482、0.402），且趋势一致；个体水平，SS与MHP、APP均呈极显著正相关（C=0.37、0.40，P<0.01），且SS阳性猪中MHP和APP阳性率分别高达52.5%、57.5%，表明SS在4种病原菌中的主导地位，是导致混合感染的关键病原。②场群间分析表明，MHP与APP、HPS在养殖场间均呈正向关联（0.473、0.241），但个体水平分析显示，MHP与APP、HPS相关性较弱（C=0.20，P=0.037；C=0.00，P=0.996）。③从场群间及个体水平分析显示，HPS相对独立，仅与SS在场间、个体间存在一定程度的相关（R=0.482，P=0.279；C=0.17，P=0.055），与其他病原无明显相关性。结果提示，贵阳市中小规模猪场PRDC防控时，应优先加强SS的免疫和净化，同时关注个体MHP与APP的混合感染，对HPS则需重视外源输入风险。

表2　群间SS等4种病原组合两两之间相关性分析结果

病原组合	样品量	相关系数（R）	95%置信区间	P值
SS与MHP	7	0.563	−0.304～0.890	0.189
SS与APP	7	0.402	−0.470～0.862	0.373
SS与HPS	7	0.482	−0.399～0.882	0.279
MHP与APP	7	0.473	−0.435～0.904	0.284
MHP与HPS	7	0.241	−0.626～0.842	0.604
APP与HPS	7	−0.286	−0.823～0.511	0.535

注：所有病原组合的P值均>0.05，无显著相关性。

表3　个体间SS等4种病原组合两两之间共阳性统计分析结果

病原A	病原B	A+B+样品数/份	A+B-样品数/份	A-B+样品数/份	A-B-样品数/份	χ^2值	列联系数（C）	P值
SS	MHP	42	38	1	21	16.27	0.37	<0.01*
SS	APP	46	34	1	21	19.47	0.40	<0.01*
SS	HPS	18	62	1	21	3.67	0.17	0.055
MHP	APP	25	18	22	37	4.35	0.20	0.037*
MHP	HPS	8	35	11	48	0.00	0.00	0.996
APP	HPS	6	41	13	42	1.97	0.14	0.160

注：C值越接近1，关联性越强；“+”为阳性，“-”为阴性；“*”表示差异显著（P<0.05），下同。

2.3　贵阳市8个中小规模猪场呼吸系统致病菌防控效果评价

对8个中小规模生猪养殖场SS等4种呼吸系统病原菌防控效果采用Kendall W协同系数检验进行评价，按各病种阳性率进行排序，其中排序1为阳性率最低，数字越大，阳性率越高，统计结果见表4，并计算秩次值，秩次值越低，表明防控效果相对较好。

结果显示，3号养殖场在所有监测病原中感染控制效果最好；而6号养殖场防控效果最差，感染情况相对最严重，协同系数W为0.589，卡方检验显示P=0.021，达到了统计学显著水平，表明4种病原防控效果在不同养殖场间具有较强一致性，即各场对不同病原的防控水平排序相对稳定，饲养管理模式、生物安全水平等因素共同影响4种病原感染风险，而非各病原因素导致场间差异。

表4　中小规模猪场SS、MHP、HPS、APP防控评价结果

养殖场编号	猪链球菌（SS）	猪肺炎支原体（MHP）	副猪嗜血杆菌（HPS）	猪胸膜肺炎放线杆菌（APP）	秩均值	协同系数 Kendall W	卡方值（χ^2）	P值
1	4	5	1	5	5.88	0.589	16.49	0.021*
2	3	5	2	4	5.50			
3	1	1	1	1	1.88			
4	4	4	4	1	5.38			
5	4	3	3	1	5.63			
6	4	2	5	2	6.38			
7	2	1	1	1	2.13			
8	3	1	1	3	3.25			

注：Kendall W值与一致性程度参考标准为：0≤W≤0.2：一致程度极低或无一致性；0.21≤W≤0.4：中等一致性；0.41≤W≤0.6：较强一致性；0.61≤W≤1.0：极强一致性。

3 讨 论

猪呼吸系统疾病综合征（PRDC）是生猪生产实践中临床常见、流行范围广、发病率高的疫病，给养殖业持续性带来巨大经济损失[11]。因其病原复杂，包括原发性病原体，常见的有猪繁殖与呼吸综合征病毒、胸膜肺炎放线杆菌、猪肺炎支原体等；继发性病原体，常见的有猪链球菌、副猪嗜血杆菌等，且多以混合感染为主，很少单独发生，各病原之间相互影响，发病机制复杂[12]；动物易感状态、临床症状又受病原毒力、饲养管理、生物安全水平、机体因素等多方面影响，因此防控难度极大，一直困扰全球生猪产业发展[13]。尹皑等[14]调查发现，眉山市 PRDC 病原菌阳性率达 81.71%，且混合感染率达 71.64%，这与本研究对贵阳市的调查结果相似，可见 PRDC 对产业潜在威胁巨大。中小规模猪场面对生产上 PRDC 等细菌性疫病多发，而饲养管理、基础设施、技术水平等相对较弱，同时仍需兼顾减抗行动、兽药残留等多方面问题。因此，做好疫病防控相对较难，如何在现有条件基础上找准 PRDC 多发原因，是做好疫病防控的关键。

细菌是 PRDC 一类主要病原，本研究证实，SS、MHP、HPS、APP 这 4 种细菌在贵阳市 8 个中小规模猪场的感染率达 87.5%，且在病原阳性场中，2 种以上细菌混合感染率达 85.71%，这可能是导致贵阳市中小规模猪场 PRDC 多发的主要原因。从场群间、个体间分析结果表明，SS、MHP、HPS 是优势病原，其中 SS 具有主导地位，可能由于其致病机制破坏了呼吸道黏膜屏障，致使其他病原感染风险增加[15]，因此中小规模猪场应加强对 SS、MHP、HPS 这 3 种病原的防控。在生产饲养管理中，需将 SS 列为重点防控病种，做好疫苗免疫，以进一步减少 PRDC 疫病发生。从不同养殖场防控效果评价来看，不同养殖场疫病防控效果差异并非病原导致，而是因场间整体防控水平差异，因此，中小规模猪场为做好 PRDC 防控，需加强生物安全管理，养殖模式应以自繁自养或者全进全出的饲养模式为主，这是做好生物安全的首要前提；同时，需做好饲料、饮水质量控制，减少猪群肠道方面疾病发生；做好环境控制，减少猪群应激发生，必要时添加抗应激类药物进行预防；根据本场情况，做好疫苗免疫程序设计，及时进行免疫效果评估，必要时可开展 SS 免疫；做好人、车、物进出场管控；做好日常消毒，制定科学消毒程序；做好各类档案记录及管理，让数据服务于生产等，以达到疫病防控的目的。

参 考 文 献

[1] 姚永平. 基层养猪场常见细菌性呼吸道疾病的临床鉴别诊断[J]. 猪业科学，2026，43(1)：52-53.

[2] 张书光，周应安，孟伦晃，等. 适度规模猪场高致病性猪蓝耳病净化模式实践探索[J]. 养殖与饲料，2026，25(2)：47-50.

[3] 孙泉云，朱九超，鞠龚讷. 饲料禁抗背景下规模猪场细菌性疫病的调查和监测[J]. 养猪，2022(4)：116-117.

[4] 韩安勤，尹晓黎，黄祥春，等. 中小型生猪养殖场抗风险能力的分析与应对策略研究[J]. 养殖与饲料，2025，24(3)：28-31.

[5] 康伟超，黄璟昇，李涵，等. 1 株 2 型猪链球菌的分离鉴定、耐药性及致病性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医，2026(1)：133-141.

[6] 张慧，张安洁，刘爽，等. 2018—2019 年我国部分地区猪肺炎支原体多位点序列分型[J]. 中国动物检疫，2020，37(7)：13-17.

[7] 王迪，陈章，邢刚，等. 89 株副猪嗜血杆菌临床分离株血清型、基因型鉴定与分析[J]. 畜牧兽医学报，2020，51(11)：2802-2811.

[8] 卢碧凯，袁秀芳，徐丽华，等. 胸膜肺炎放线杆菌分离株血清型的 PCR 鉴定和 Apx 毒素基因检测[J]. 畜牧兽医学报，2023，54(3)：1341-1346.

[9] 吴延军，李倩，朱翔，等. 贵州香猪群体 5 种疫病的血清抗体检测分析[J]. 贵州畜牧兽医，2024，48(2)：62-64.

[10] 李龙国，伍建青，李国安. 猪呼吸系统综合征及其防治[J]. 中国畜禽种业，2015，11(2)：102-103.

[11] 李树仁. 猪呼吸道疾病综合征的诊断与防治[J]. 畜牧业环境，2026(3)：108-109.

[12] 秦嫘. 副猪嗜血杆菌引起呼吸道上皮细胞损伤及与猪繁殖与呼吸综合征病毒协同致病分子机制[D]. 哈尔滨：东北农业大学，2023：84.

[13] 曹琪，金清，袁意，等. 规模化猪场常见呼吸道细菌性病原的流行病学调查[J]. 中国畜牧兽医，2023，50(6)：2439-2449.

[14] 尹皑，黄毅，赵文静. 2024—2025 年眉山市猪呼吸系统疾病综合征的流行病学调查与分析[J]. 四川畜牧兽医，2026，53(3)：13-15.

[15] 郭龙. 猪链球菌病的致病机制与宿主免疫应答机制[J]. 畜牧业环境，2026(8)：121-122.

【责任编辑：胡 敏】