

不同来源沙门氏菌耐药性及相关性研究

申永秀¹, 周丽萍², 王艳², 王超¹, 巢国祥^{1,2*}, 张小荣³, 吴艳涛³

(1. 扬州大学医学院, 扬州 225001; 2. 扬州市疾病预防控制中心, 扬州 225002;

3. 扬州大学兽医学院, 扬州 225009)

摘要: 目的 分析不同来源沙门氏菌的药物敏感性以及耐药基因的携带情况, 为沙门氏菌的临床用药以及疾病的防治提供科学依据。**方法** 对 261 株来源于人和动物的沙门氏菌进行血清分型, 对 15 种抗生素: 氨苄西林、阿莫西林、头孢噻肟、头孢西丁、头孢吡肟、头孢哌酮、头孢曲松、庆大霉素、卡那霉素、阿米卡星、萘啶酸、环丙沙星、磺胺甲恶唑、氯霉素和四环素进行药敏试验, 同时测定 *bla*_{TEM}、*bla*_{OXA}、*bla*_{CTX-M}、*sul1*、*aacC4*、*aac*(6')-Ib、*floR*、*tet*(A)和 *tet*(G)9 种耐药基因的携带情况, 并采用卡方及相关性统计学方法分析数据。

结果 261 株沙门氏菌分为 21 种血清型, 其中肠炎沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌为主要血清型。沙门氏菌对萘啶酸、氨苄西林、四环素耐药率较高, 分别为 70.9%、55.9%和 53.3%, 而耐 3 种及以上抗生素的菌株占 63.2%。人源与动物源沙门氏菌耐药情况的 Pearson 相关性系数为 0.973。9 种耐药基因中, *bla*_{TEM} 检出率最高为 51.3%, 其次为 *tet*(A)、*bla*_{CTX-M} 和 *sul1*, 分别为 33.3%、29.1%与 27.2%。

结论 沙门氏菌耐药情况严重, 耐药谱复杂以及耐药基因携带率较高。多重耐药性菌株较多, 且人源与动物源菌株间耐药特征存在明显的相关性。控制沙门氏菌耐药性趋势的发展, 应从临床和畜牧业两方面引导抗生素的合理使用。

关键词: 沙门氏菌; 血清型; 耐药性; 耐药基因; Pearson 相关性

Antimicrobial resistance and correlation of *Salmonella* from different sources

SHEN Yong-Xiu¹, ZHOU Li-Ping², WANG Yan², WANG Chao¹,
CHAO Guo-Xiang^{1,2*}, ZHANG Xiao-Rong³, WU Yan-Tao³

(1. College of Medicine, Yangzhou University, Yangzhou 225001, China; 2. Yangzhou Center for Disease Control and Prevention, Yangzhou 225002 China; 3. Veterinary of Medicine, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

ABSTRACT: Objective To analyze antimicrobial resistance and the status of resistance genes of *Salmonella* from different sources, so as to provide a scientific basis for the clinical medicine and the prevention of *Salmonellosis*.

Methods A total of 261 *Salmonella* strains from human and animals were tested for serotyping, and their resistance to 15 kinds of antibiotics (AMP, AMC, CTX, FOX, FEP, CFP, CRO, GN, K, AK, NA, CIP, SXT, C and TE) were analyzed. At the same time, 9 resistance genes (*bla*_{TEM}, *bla*_{OXA}, *bla*_{CTX-M}, *sul1*, *aacC4*, *aac*(6')-Ib, *floR*, *tet*(A) and *tet*(G)) were determined, and the results were analyzed with *Chi-square* and correlation statistics. **Results** There were 21 serotypes among 261 strains of *Salmonella*, of which *S. enteritidis*, *S. indiana*, *S. typhimurium* and *S. derby*

基金项目: 江苏省扬州市社会发展基金项目(YZ2017076)

Fund: Supported by the Fund of Yangzhou Society Development (YZ2017076)

*通讯作者: 巢国祥, 研究员, 硕士生导师, 主要研究方向为分子流行病学。E-mail: cgx1816@sina.com

*Corresponding author: CHAO Guo-Xiang, Professor, Yangzhou Center for Disease Control and Prevention, Yangzhou 225002, China. E-mail: cgx1816@sina.com

were the predominant serotypes. The strains showed high resistance to nalidixic acid, ampicillin and tetracycline, with the resistant rates of 70.9%, 55.9% and 53.3%, respectively. The strains resistant to 3 or more antibiotics accounted 63.2%. The Pearson correlation coefficient with the resistance from human and animal-derived strains was 0.973. Four resistant genes *bla*_{TEM}, *tet* (A), *bla*_{CTX-M} and *sul1* were highly carried with 51.3%, 33.3%, 29.1% and 27.2%, respectively. **Conclusion** The status of *Salmonella* resistance, especially multi-drug resistance, is more serious with highly carried resistant genes. There is a clear correlation between resistance characteristics of human and animal-derived strains. It is necessary for controlling the resistance trends, giving guide to the use of antibiotics in clinical treatment and husbandry.

KEY WORDS: *Salmonella*; serotype; resistance; resistance gene; Pearson correlation

1 引言

沙门氏菌是公共卫生学上重要的肠道致病菌,同时也是重要的人畜共患病原菌。沙门氏菌的流行及其导致的疾病已经成为严重的公共卫生学问题^[1]。由于临床与畜牧业上抗生素的广泛使用和滥用,促进了沙门氏菌耐药性的产生,尤其是多重耐药(multi-drug resistance, MDR)沙门氏菌的出现。沙门氏菌的多重耐药率已从相关数据的 20%~30%上升到现今的 70%,使得沙门氏菌耐药性日趋严峻,给人类健康带来巨大威胁^[2,3]。本研究主要针对来源于人源、动物源的沙门氏菌耐药表型及耐药基因携带情况进行比较分析,研究不同来源沙门氏菌菌株间耐药性的差异及联系,为沙门氏菌耐药性趋势的控制、临床用药及沙门氏菌病的防治提供依据。

2 材料与方法

2.1 材料与仪器

2.1.1 菌株来源

261 株沙门氏菌,包括人源 84 株(食品相关从业人员 36 株,食源性疾病患者 43 株,腹泻病患者 5 株)和动物源 177 株,来自于鸡及猪病原菌携带状况的基线调查(鸡源 119 株:来自养殖场中活鸡、粪便及市场所售肉类等;猪源 58 株:来自猪胴体、鼻拭子、肛拭子、粪便及市场所售肉类等),所有菌株均通过生化试验确认为沙门氏菌并进行血清学鉴定分型。大肠杆菌 ATCC25922、金黄色葡萄球菌 ATCC29213(北京陆桥技术股份有限公司)。

2.1.2 实验试剂与仪器

普通营养琼脂、mueller hinton(MH)琼脂(北京陆桥技术股份有限公司);沙门氏菌诊断血清(丹麦 Statens Serum Institut);15 种药敏试验试纸(英国贝辛斯托克奥克欧德有限公司);PCR 扩增试剂、DNA 提取试剂盒(大连 TAKARA 公司);DL 2000 DNA Mark(大连 TAKARA 公司);引物(南京金斯瑞生物科技有限公司)配制,用纯水溶解至浓度为 100 $\mu\text{mol/L}$ 后 -20 $^{\circ}\text{C}$ 保存;溴化乙锭(EB)核酸染色剂。

6 孔药敏纸片分配器(北京金洋万达科技有限公司);

BYQ6071 Gene Touch (PCR)基因扩增仪(杭州博日科技有限公司);Centrifuge 5424 台式离心机(德国 Eppendorf 公司);Tanon-2500 凝胶成像仪(上海天能科技有限公司);Direct 18 Milli.Q 全自动纯水机(美国 Millipore 公司);MB-102 恒温震荡金属浴(上海珂淮仪器有限公司)。

2.2 实验方法

2.2.1 药敏试验

参照 CLSI 2013 标准,采用纸片扩散法(Kirby-Bauer)对 15 种抗生素进行药敏试验: β -内酰胺类:氨苄西林(ampicillin, AMP, 10 μg)、阿莫西林(amoxicillin, AMC, 30 μg)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX, 30 μg)、头孢西丁(cefepime, FEP, 30 μg)、头孢吡肟(cefepime, FEP, 30 μg)、头孢哌酮(cefoperazone, CFP, 35 μg)、头孢曲松(ceftriaxone, CRO, 30 μg);氨基糖苷类:庆大霉素(gentamicin, GN, 10 μg)、卡那霉素(kanamycin, K, 30 μg)、阿米卡星(amikacin, AK, 30 μg);喹诺酮类:萘啶酸(nalidixic acid, NA, 30 μg);氟喹诺酮类:环丙沙星(ciprofloxacin, CIP, 5 μg);磺胺类:磺胺甲恶唑(sulfamethoxazole, SXT, 25 μg);氯霉素类:氯霉素(chloramphenicol, C, 30 μg);四环素类:四环素(tetracycline, TE, 30 μg)。质控菌株为大肠杆菌 ATCC25922 和金黄色葡萄球菌 ATCC29213。

2.2.2 耐药基因检测

9 种耐药基因 *bla*_{TEM}、*bla*_{OXA}、*bla*_{CTX-M}、*sul1*、*aacC4*、*aac(6')*-Ib、*floR*、*tet(A)*以及 *tet(G)*的引物参考文献合成^[4-8](表 1)。

2.2.3 数据处理

本试验采用 χ^2 检验及 Pearson 相关性系数通过 SPSS 20.0 统计软件处理。

3 结果与分析

3.1 沙门氏菌血清型分型

本研究共鉴定出 21 种血清型,沙门氏菌血清型分型结果见表 2,其中肠炎沙门氏菌血清型占 36.4%(95/261),印第安纳沙门氏菌占 16.5%(43/261),鼠伤寒沙门氏菌占

表 1 耐药基因引物序列
Table 1 Primers of resistance genes

耐药基因	引物序列 5'-3'	引物序列 3'-5'	扩增长度(bp)	参考文献来源
<i>bla</i> _{TEM}	TTGGGTGCACGAGTGGGT	TAATTGTTGCCGGGAAGC	503	[4]
<i>bla</i> _{OXA}	ACCAGATTCAACTTTCAA	TCTTGGCTTTTATGCTTG	598	[4]
<i>bla</i> _{CTX-M}	CGATGTGCAGTACCAGTAA	AGTGACCAGAATCAGCGG	585	[5]
<i>sul1</i>	CTTCGATGAGAGCCGGCGGC	GCAAGGCGGAAACCCGCGCC	436	[6]
<i>aacC4</i>	GTTACACCGGACCTTGGA	AACGGCATTGAGCGTCAG	674	[4]
<i>aac</i> (6')-Ib	TTGCGATGCTCTATGAGTGGCTA	CTCGAATGCCTGGCGTGTTC	482	[7]
<i>floR</i>	CACGTTGAGCCTCTATAT	ATGCAGAAGTAGAACGCG	868	[8]
<i>tet</i> (A)	GCTACATCCTGCTTGCCCT	CATAGATCGCCGTGAAGA	210	[8]
<i>tet</i> (G)	GCTCGGTGGTATCTCTGC	AGCAACAGAATCGGGAAC	500	[8]

表 2 沙门氏菌血清型分型结果
Table 2 Results of *Salmonella* serotypes

血清型	来源		合计
	人源(%)	动物源(%)	
肠炎沙门氏菌(<i>S. enteritidis</i>)	25(29.8)	70(39.5)	95
印第安纳沙门氏菌(<i>S. indiana</i>)	1(1.2)	42(23.7)	43
鼠伤寒沙门氏菌(<i>S. typhimurium</i>)	21(25)	11(6.2)	32
德尔卑沙门氏菌(<i>S. derby</i>)	7(8.3)	23(13)	30
猪霍乱沙门氏菌(<i>S. choleraesuis</i>)	1(1.2)	10(5.6)	11
山夫登堡沙门氏菌(<i>S. senftenberg</i>)	8(9.5)	0(0)	8
都柏林沙门氏菌(<i>S. dublin</i>)	2(2.4)	1(0.6)	3
阿伯丁沙门氏菌(<i>S. aberdeen</i>)	1(1.2)	5(2.8)	6
阿贡纳沙门氏菌(<i>S. agona</i>)	1(1.2)	2(1.1)	3
病牛沙门氏菌 (<i>S. bovis</i> morbificans)	1(1.2)	0(0)	1
里森沙门氏菌(<i>S. rissen</i>)	2(2.4)	0(0)	2
伦敦沙门氏菌 (<i>S. london</i>)	4(4.8)	2(1.1)	6
蒙德维亚沙门氏菌(<i>S. montevideo</i>)	1(1.2)	1(0.6)	2
纽波特沙门氏菌(<i>S. newport</i>)	2(2.4)	0(0)	2
伤寒沙门氏菌(<i>S. syphi</i>)	2(2.4)	0(0)	2
汤卜逊沙门氏菌(<i>S. thompson</i>)	1(1.2)	0(0)	1
鸭沙门氏菌(<i>S. anatum</i>)	4(4.8)	0(0)	4
鸡白痢沙门氏菌(<i>S. pullorum</i>)	0(0)	2(1.1)	2
鲁齐齐沙门氏菌(<i>S. ruzizi</i>)	0(0)	3(1.7)	3
罗米他沙门氏菌(<i>S. lomita</i>)	0(0)	2(1.1)	2
新罗歇尔沙门氏菌 (<i>S. new-rochelle</i>)	0(0)	3(1.7)	3
合计	84	177	261

12.3%(32/261), 以及德尔卑沙门氏菌占 11.5%(30/261)。人源菌株中, 肠炎沙门氏菌所占比例最高, 为 29.8%(25/84),

其次为鼠伤寒沙门氏菌 25%(21/84)。动物源菌株中, 肠炎沙门氏菌所占比例最高, 为 39.5%(70/177), 其次为印第安纳沙门氏菌 23.7%(42/177)。

3.2 药敏试验结果

261 株沙门氏菌, 15 种抗生素耐药性检测, 对萘啶酸耐药率最高, 为 70.9%, 其次为氨苄西林 55.9%、四环素 53.3%、头孢哌酮 39.8%(表 3)。

根据来源, 人源与动物源沙门氏菌的耐药状况无差异($\chi^2=2.00, P>0.05$)。

人源与动物源沙门氏菌耐药情况经相关性统计分析, Pearson 相关性系数为 0.973, $P<0.05$, 人源与动物源沙门氏菌耐药之间存在线性相关关系(图 1)。

3.3 不同来源沙门氏菌多重耐药性分布

261 株沙门氏菌, 耐药菌株检出率为 80.1%, 耐 3 种及以上抗生素菌株所占比例为 63.2%(165 株; 人源 33 株, 动物源 132 株), 耐 9 种及以上的抗生素菌株所占比例为 17.6%(46 株; 人源 5 株, 动物源 41 株)。多数肠炎沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌耐 4 种抗生素, 鼠伤寒沙门氏菌耐 2 种抗生素的菌株相对较多, 而大多数印第安纳沙门氏菌耐 9 种抗生素以上, 呈现出超级耐药的表型。

3.4 耐药基因检测结果

261 株沙门氏菌耐药基因检测, 沙门氏菌耐药基因检测结果见表 4, 检出率最高的为 *bla*_{TEM}(51.3%), 其次为 *bla*_{CTX-M}(29.1%)和 *tet*(A)(33.3%)。根据来源, 人源菌株中, 肠炎沙门氏菌耐药基因率最高的为 *bla*_{TEM}(15.5%), 鼠伤寒沙门氏菌为 *bla*_{TEM}和 *floR*(9.5%, 7.1%), 德尔卑沙门氏菌为 *sul1*(6%)。动物源菌株中, 肠炎沙门氏菌耐药基因率最高的为 *bla*_{TEM}和 *tet*(A)(31.1%, 19.8%), 印第安纳沙门氏菌为 *aacC4*和 *floR*(17.5%, 16.4%), 鼠伤寒沙门氏菌为 *bla*_{TEM}(1.1%), 德尔卑沙门氏菌为 *tet*(A)、*sul1*(10.2%, 6.2%)。

表 3 沙门氏菌药敏实验结果
Table 3 Susceptibility test results of *Salmonella*

来源(261)	抗生素耐药率(%)														
	AMP	AMC	CTX	FOX	FEP	CFP	CRO	GN	K	AK	NA	CIP	SXT	C	TE
人源(84)	44.0	6.0	4.8	2.4	3.6	17.9	3.6	9.5	14.3	1.2	58.3	6.0	25.0	20.2	38.1
动物源(177)	61.6	21.5	27.1	2.8	20.3	50.3	26.0	26.0	33.9	18.1	76.8	25.4	34.5	36.2	60.5
合计	55.9	16.5	19.9	2.7	14.9	39.8	18.8	20.7	27.6	12.6	70.9	19.2	31.4	31.0	53.3

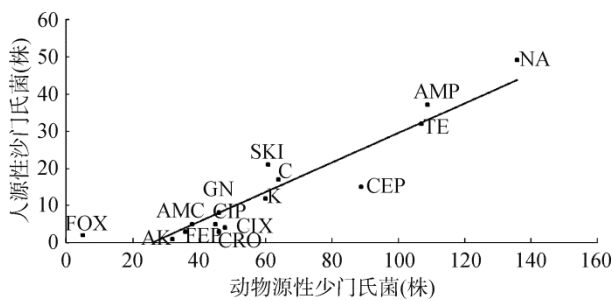


图 1 不同来源沙门氏菌耐药相关性
Fig. 1 Correlation of *Salmonella* resistance from different sources

表 4 沙门氏菌耐药基因检测结果
Table 4 Results of *Salmonella* resistance gene test

耐药基因	来源		
	人源(84) N(%)	动物源(177) N(%)	合计(261) N(%)
<i>bla</i> _{TEM}	35(41.7)	99(55.9)	134(51.3)
<i>bla</i> _{OXA}	4(4.8)	37(20.9)	41(15.7)
<i>bla</i> _{CTX-M}	3(3.6)	73(41.2)	76(29.1)
<i>sul</i> 1	21(25.0)	50(28.2)	71(27.2)
<i>aac</i> C4	12(14.3)	39(22.0)	51(19.5)
<i>aac</i> (6')-Ib	11(13.1)	41(23.2)	52(19.9)
<i>flo</i> R	13(15.5)	43(24.3)	56(21.5)
<i>tet</i> (A)	13(15.5)	74(41.8)	87(33.3)
<i>tet</i> (G)	6(7.1)	36(20.3)	42(16.1)

4 结论与讨论

本研究中检测的人源沙门氏菌主要血清型为肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌，这与 Alvarez-Fernández 等^[9]报道的肠炎沙门氏菌与鼠伤寒沙门氏菌是导致人群感染沙门氏菌病的主要血清型相关研究一致。之前有研究报道肠炎沙门氏菌、婴儿沙门氏菌、肯塔基沙门氏菌和海德堡沙门氏菌在家禽中非常普遍^[10]，但最近几年我国禽类中流行迅速且广泛的为印第安纳沙门氏菌，大部分是由于我国广大农村地区家庭自养式鸡群在鸡养殖业中占很大比例，未经过正规的养殖、屠宰与销售，使得禽肉产业链中检测出大量的印第安纳沙门氏菌污染。而本研究从鸡源分离的主要血清型为肠炎沙门氏菌和印第安纳沙门氏菌，从猪源分离

的主要血清型为德尔卑沙门氏菌，跟目前我国沙门氏菌流行的状况相符合^[11,12]。值得关注的是，印第安纳沙门氏菌主要引起禽类的急性肠炎、下痢甚至死亡，给畜牧业带来巨大损失^[13]。本研究中，除去 1 株印第安纳沙门氏菌分离于食源性疾病患者外，其余均分离于鸡产业链，表明动物中印第安纳沙门氏菌的高携带率值得引起人们的关注。但有研究报道了印第安纳沙门氏菌在部分地区人群中形成爆发^[14]，从动物源的高携带率到人源的低携带率，表明我们应加强该菌的监测。

与已报道的研究结果相比，本研究中的沙门氏菌对萘啶酸、氨苄西林、四环素、氯霉素、磺胺甲恶唑耐药率偏高^[15,16]。环丙沙星作为第三代喹诺酮类药物，因其抗菌谱广、抗菌作用强而被广泛应用于临床治疗，并作为治疗侵袭性和系统性沙门氏菌病的首选药物，本研究中沙门氏菌对环丙沙星的耐药率与已报道的研究结果水平相当^[17]。本次药敏结果显示对第三代头孢菌素耐药率相对较高，人源和动物源沙门氏菌对于头孢菌素耐药性水平差别较大，且相关研究显示头孢菌素对动物的使用可能会影响到人类的临床诊治^[18]。本文相关性数据统计也表明人源与动物源菌株在耐药性之间存在显著的相关性，对动物大量使用抗生素会导致细菌耐药性的增加，而临床对感染这种耐药细菌的患者加大抗生素的使用量与使用种类，而造成沙门氏菌多重耐药^[19]，由此形成恶性循环，对人类的健康造成巨大的威胁。本研究中有些菌株形成固定型别的耐药谱，如：AMP-CFP-NA-TE、AMP-NA-TE、AMP-CFP-NA，这也与目前沙门氏菌对这 4 种抗生素耐药率比较高的研究结果相一致^[20]。

在耐药基因方面，*bla*_{TEM} 检出率最高，*bla*_{CTX-M} 以及 *bla*_{OXA} 检出率较低，但检出的 3 种耐药基因结果均比江萍等^[21]报道的 *bla*_{TEM} 耐药基因携带率(98.2%)、*bla*_{OXA} 耐药基因携带率(63.8%)均低。造成这种检测结果之间的差异可能与地区环境，药物浓度、用法、用量的选择以及生物体的健康状况有关。从而反映出沙门氏菌对抗生素的耐药性以及耐药基因的携带状况可能存在地域性的差异。Graziani 等^[22]对从意大利不同来源分离的沙门氏菌研究表明 64.1% 的菌株对 4 种及以上的药物具有耐药性，而多重耐药沙门氏菌的出现和耐药基因的传播是沙门氏菌耐药性发生改变的直接原因，这不仅反映了沙门氏菌在耐药方面存在地域性的差异，还反映出沙门氏菌移动遗传元件之间耐药基因

的传递可能也不一样。本研究中耐药基因在不同来源沙门氏菌菌株间分布差异较大,尤其是 β -内酰胺类耐药基因以及四环素类耐药基因。根据耐药谱型分析以及多重耐药率的比较,显示出动物源沙门氏菌的多重耐药以及耐药基因分布状况较人源更为复杂,这在一定程度上反映了动物源沙门氏菌在耐药以及耐药基因传播方面扮演着重要的角色^[23]。

本研究中,沙门氏菌耐药水平较高,多重耐药性情况严重,通过统计学数据分析表明人源和动物源沙门氏菌耐药性及耐药基因紧密相关。因此,对于沙门氏菌耐药性趋势的控制以及临床沙门氏菌病的防治,应从临床和畜牧业两方面引导抗生素的合理使用。

参考文献

- [1] Bugarel M, Tudor A, Loneragan GH, *et al.* Molecular detection assay of five *Salmonella* serotypes of public interest: Typhimurium, enteritidis, newport, heidelberg, and hadar [J]. *J Microbiol Methods*, 2017, 134: 14–20.
- [2] McCrackin MA, Helke KL, Galloway AM, *et al.* Effect of antimicrobial use in agricultural animals on drug-resistant foodborne campylobacteriosis in humans: A systematic literature review [J]. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 2016, 56(13): 2115–2132.
- [3] Breuil J, Brisabois A, Casin I, *et al.* Antibiotic resistance in *Salmonellae* isolated from humans and animals in France: Comparative data from 1994 and 1997 [J]. *J Antimicrob Chemother*, 2000, 46(6): 965–971.
- [4] Guerra B, Soto SM, Argüelles JM, *et al.* Multidrug resistance is mediated by large plasmids carrying a class 1 integron in the emergent *Salmonella enterica* serotype [4, 5, 12: i: –] [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 2001, 45(4): 1305.
- [5] Batchelor M, Hopkins K, Threlfall EJ, *et al.* blaCTX-M genes in clinical *Salmonella* isolates recovered from humans in England and Wales from 1992 to 2003 [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 2005, 49(4): 1319–1322.
- [6] Sandvang D, Aarestrup FM, Jensen LB. Characterisation of integrons and antibiotic resistance genes in Danish multiresistant *Salmonella enterica* typhimurium DT104 [J]. *FEMS Microbiol Lett*, 1997, 157(1): 177–181.
- [7] Li RC, Lai J, Wang Y, *et al.* Prevalence and characterization of *Salmonella* species isolated from pigs, ducks and chickens in Sichuan province, China [J]. *Int J Food Microbiol*, 2013, 163(1): 14–18.
- [8] Ng LK, Mulvey MR, Martin I, *et al.* Genetic characterization of antimicrobial resistance in Canadian isolates of *Salmonella* serovar Typhimurium DT104 [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 1999, 43(12): 3018–3021.
- [9] Álvarez-Fernández E, Alonso-Calleja C, García-Fernández C, *et al.* Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* serotypes isolated from poultry in Spain: comparison between 1993 and 2006 [J]. *Int J Food Microbiol*, 2012, 153(3): 281–287.
- [10] Foley SL, Nayak R, Hanning IB, *et al.* Population dynamics of *Salmonella enterica* serotypes in commercial egg and poultry production [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2011, 77(13): 4273–4279.
- [11] Wang Y, Chen Q, Cui S, *et al.* Enumeration and characterization of *Salmonella* isolates from retail chicken carcasses in Beijing, China [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2014, 11(2): 126.
- [12] Lai J, Wu C, Wu C, *et al.* Serotype distribution and antibiotic resistance of *Salmonella* in food-producing animals in Shandong province of China, 2009 and 2012 [J]. *Int J Food Microbiol*, 2014, 180(3): 30.
- [13] 陆彦, 赵红玉, 刘宇, 等. 鸡源印第安纳沙门氏菌对喹诺酮类药物耐药性分析[J]. *中国人兽共患病学报*, 2013, 29(6): 605–608.
Lu Y, Zhao HY, Liu Y, *et al.* Analysis of quinolones resistance in *Salmonella* Indiana from chicken [J]. *Chin J Zoonoses*, 2013, 29(6): 605–608.
- [14] Gong J, Wang C, Shi S, *et al.* Highly drug-resistant *Salmonella enterica* serovar Indiana clinical isolates recovered from broilers and poultry workers with diarrhea in China [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 2016, 60(3): 1943–1947.
- [15] Mała Ł, Maćkiw E, Ścieżyńska H, *et al.* Antimicrobial susceptibility of *Salmonella* strains isolated from retail meat products in Poland between 2008 and 2012 [J]. *Food Control*, 2014, 36(1): 199–204.
- [16] Amajoud N, Bouchrif B, El MM, *et al.* Prevalence, serotype distribution, and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from food products in Morocco [J]. *J Infect Dev Ctries*, 2017, 11(2): 136–142.
- [17] Mwanyika GO, Subbiah M, Buza J, *et al.* A systematic review of antibiotic-resistant *Escherichia coli* and *Salmonella* data obtained from Tanzanian healthcare settings (2004–2014) [J]. *Af J Microbiol Res*, 2017, 11(2): 45–54.
- [18] Webster P. Poultry, politics, and antibiotic resistance [J]. *Lancet*, 2009, 374(9692): 773–774.
- [19] Turki Y, Mehr I, Ouzari H, *et al.* Molecular typing, antibiotic resistance, virulence gene and biofilm formation of different *Salmonella enterica* serotypes [J]. *J Gen Appl Microbiol*, 2014, 60(4): 123–130.
- [20] 王嘉炜, 肖英平, 杨华, 等. 鸡肉源沙门氏菌血清型、药敏性及部分耐药基因研究[J]. *食品科学*, 2017, 38(15): 140–146.
Wang JW, Xiao YP, Yang H, *et al.* Study on serotype, antibiotic susceptibility and some genes associated with quinolones and fluoroquinolones resistance of chicken-borne *Salmonella* [J]. *Food Sci*, 2017, 38(15): 140–146.
- [21] 江萍, 关茹飞, 夏利宁, 等. 新疆猪源沙门氏菌耐药性及耐药基因检测[J]. *中国畜牧兽医*, 2017, 44(3): 896–903.
Jiang P, Guan RF, Xia LN, *et al.* Detection of Resistance and resistance genes of *Salmonella* from Swine Xinjiang [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2017, 44(3): 896–903.
- [22] Graziani C, Busani L, Dionisi AM, *et al.* Antimicrobial resistance in *Salmonella enterica* serovar Typhimurium from human and animal sources in Italy [J]. *Vet Microbiol*, 2008, 128(3): 414–418.
- [23] Chao GX, Wang C, Wu TQ, *et al.* Molecular epidemiology and antibiotic resistance phenotypes and genotypes of *Salmonellae* from food supply chains in China [J]. *Food Control*, 2017, 77: 32–44.

(责任编辑: 姜 珊)

作者简介



申永秀, 硕士, 主要研究方向为分子流行病学。

E-mail: 2213248026@qq.com



巢国祥, 研究员, 主要研究方向为分子流行病学。

E-mail: cgx1816@sina.com