

几种不同血清型沙门氏菌生化结果及基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱离子峰的差异性分析

宋安华, 肖 剑, 陈 楷*

(广州市食品检验所, 广州 511400)

摘 要: 目的 了解不同血清型沙门氏菌生化结果差异及飞行质谱离子峰的差异性。**方法** 选取 10 种不同血清型的沙门氏菌, 确认其血清种类, 使用 VITEK2 全自动微生物鉴定仪进行生化分析, 采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法(matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF-MS)获得蛋白质指纹图谱, 并进行离子峰差异性分析。**结果** 10 株不同血清型沙门氏菌尿素酶、赖氨酸、H₂S 等 33 种生化结果无差异, 而 L-脯氨酸芳胺酶、乳酸盐产碱、O/129 耐受等 14 个反应结果有个别差异; 建立了 10 株沙门氏菌鉴定分型主要差异的离子峰数据库, 并发现菌株存在完全不同的离子峰: *Sal*-01 具有 8370.144 离子峰, *Sal*-03 具有 5462.553、10927.51 离子峰, *Sal*-06 具有 3013.925、6035.049 离子峰, *Sal*-07 具有 3030.747、6026.629、6067.12 离子峰。**结论** 不同血清型沙门氏菌在生化结果上有一定的差异, 通过 MALDI-TOF-MS 分析能够获得不同血清型的沙门氏菌具有差异性离子峰基础数据。

关键词: 沙门氏菌; 血清型; 生化鉴定; 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱

Biochemical results of several different serotypes of *Salmonella* and divergence analysis of matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry ion peaks

SONG An-Hua, XIAO Jian, CHEN Kai*

(Guangzhou Institute of Food Inspection, Guangzhou 511400, China)

ABSTRACT: Objective To explore the differences of biochemical results and ionic peaks in time-of-flight mass spectrum from different serotypes of *Salmonella*. **Methods** A total of 10 different serotypes of *Salmonella* were selected and the serum types were confirmed. The VITEK2 automatic microbial identification instrument was used for biochemical analysis, and matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry was used to obtain protein fingerprints and analyze the difference of ion peaks. **Results** There were no differences in 33 biochemical results of urease, lysine, H₂S and so on in 10 serotypes of *Salmonella*, while there were individual differences in 14 reaction results of L-proline aramine enzyme, alkali production of lactate, O/129 tolerance and so on. A total of 10 ion peak databases with different identification types of *Salmonella* were established, and it was found that the strains had completely different ion peaks: *Sal*-01 had 8370.14 ion peak, *Sal*-03 had 5462.553,

基金项目: 广东省科技计划项目(2017B020207004)

Fund: Supported by Guangdong Science and Technology Project of China (2017B020207004)

*通讯作者: 陈楷, 工程师, 主要研究方向为食品微生物检验技术。E-mail: ekward-ck@qq.com

*Corresponding author: CHEN Kai, Engineer, Guangzhou Institute for Food Inspection, No.53, Jiejin 2 Road, Shiqiao Street, Panyu District, Guangzhou 511400, China. E-mail: ekward-ck@qq.com

10927.51 ion peaks, *Sal*-06 had 3013.925 and 6035.049 ion peaks, and *Sal*-07 had 3030.747, 6026.629, 6067.12 ion peaks, respectively. **Conclusion** There are some differences in biochemical results between different serotypes of *Salmonella*. Basic data of different ionic peaks of *Salmonella* with different serotypes can be obtained by MALDI-TOF-MS analysis.

KEY WORDS: *Salmonella*; serotype; biochemical identification; matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry

1 引 言

沙门氏菌(*Salmonella*)是一类广泛分布于自然界的革兰氏阴性无芽孢杆菌,大多周身布满鞭毛,在世界各国的细菌性食物中毒中,沙门氏菌引起的食物中毒常列榜首,一般常见于蛋、奶、肉等污染食品,在生制的鸡肉^[1]、猪肉^[2]等生鲜食品中沙门氏菌的阳性检出率最高,可达到50%以上。据研究,沙门氏菌属种类繁多,目前有2500多个血清型^[3],具有“O、H、K”3类性质不同的抗原,不同血清型的沙门氏菌生理生化反应及致病能力不同^[4],在流行病学上,需要通过血清型分析及溯源,获得对食品沙门氏菌感染的监控预警,我国已经检出300多个不同血清型的沙门氏菌,其中引起食物中毒的沙门菌主要有30多个血清型,肠炎沙门、鼠伤寒沙门、德尔卑、都柏林等为主要血清型^[5]。

目前,沙门氏菌的检验主要是以国家标准GB4789.4-2010《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》^[6]进行分离鉴定,通过血清学试验对分离阳性菌株进行分型,这种传统的分型方法能够准确得出不同血清型的沙门氏菌,为食物中毒来源及过程分析提供方向,但该方法耗时耗力,需要对沙门的O和H因子进行测试才能确定,并且由于食品的种类和保存环境影响,菌株抗原特别是H抗原第二相遗传造成血清鉴定的困难,需要采用多代诱导方法进行抗原修复。采用分子分型^[7]的技术对沙门氏菌进行分型,取得比较准确的效果,但需要的时间较长,成本较高;而采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF-MS)^[8]技术对细菌鉴定分型能够获得较好的结果,且成本低廉,鉴定时间较短。目前基于MALDI-TOF-MS技术对沙门氏菌的分型研究仍处于探索阶段,苗丽等^[9]通过对野生沙门氏菌的鉴定分析,结果显示不同菌株之间存在质谱差异,即使同样被鉴定为肠炎沙门氏菌的菌株,但却不属于同一个型别。胡晓等^[10]通过对沙门氏菌标准菌库的建立,结果显示自建图谱数据库可以有效弥补原有数据库更新不及时和数据量不足等问题,但需要丰富原有数据库,才能提高鉴定的准确性。

在进行沙门氏菌的分型溯源时^[11],常常遇到一些复杂的血清型,需要用到多种技术手段进行鉴定比对,了解

不同血清型对应的特殊的生化反应,若使用较新的质谱技术,需要了解其分型的能力,制定准确的分型鉴定的数据库。因此,本研究选取10株有代表性的不同血清型的沙门氏菌,通过生化鉴定,找出生化反应的主要差别,并通过MALDI-TOF-MS鉴定,比对分析其主要质谱峰的差异,为沙门氏菌分型质谱库的建立提供基础数据,为沙门氏菌准确鉴定、溯源提供基础数据和技术支撑。

2 材料与方法

2.1 实验材料

2.1.1 菌株来源

不同血清型10株菌来源于实验室食品样品分离及技术开发中保存。

2.1.2 试剂

营养肉汤、营养琼脂(环凯生物科技有限公司);沙门氏菌诊断血清(丹麦SSI公司);革兰氏阴性(GN)细菌鉴定卡(法国梅里埃公司);甲酸、乙腈、三氟乙酸(色谱纯,美国Sigma公司);BTS标准蛋白(bacterial test standard, 4365.3~16952.3 Da)、 α -氰基-4-羟基肉桂酸(德国Bruker公司)。

2.1.3 仪器

HVA-85高压灭菌锅(日本HIRAYAMA平山制作所株式会社);KB240培养箱(宾德环境试验设备(上海)有限公司);II级A2型1379生物安全柜(赛默飞世尔(上海)有限公司);VITEK2 Compact全自动微生物鉴定分析系统(法国梅里埃公司)、MALDI-TOF/TOF-MS飞行质谱仪(德国Bruker公司)。

2.2 实验方法

2.2.1 菌株血清型确认

取保存的磁珠菌株进行肉汤培养活化,并接种至营养琼脂平板,使用丹麦SSI公司106种血清套装进行血清分型鉴定,按照鉴定流程首先进行“O”多价及单价因子测试,再根据结果选择使用“H”多价及H1相和H2相的测试。在玻片上滴1滴血清,取少量被检新鲜菌苔与血清混匀,同时做空白对照,观察血清凝集的程度。

2.2.2 生化鉴定

取新鲜培养物,采用VITEK2鉴定仪,使用GN鉴定卡进行测试,对10株不同血清型菌株进行生化反应结果

差异性分析。

2.2.3 质谱分析鉴定

样本前处理采用甲酸萃取法提取全菌蛋白,吸取 1 μL 提取液于 384 孔靶板上,每个样品检测 8 孔,室温下干燥。每个样品用 1 μL HCCA 基质溶液(α -氰基-4-羟基肉桂酸-50%乙腈-2.5%三氟乙酸)覆盖,并在室温下干燥。使用 Bruker MALDI-TOF/TOF-MS 仪器一级质谱 MALDI Biotyper 采集在 2000~20000 Da 的质量范围内的正线性模式图谱。采用主成分分析(principal component analysis, PCA)结合原始离子峰数据进行差异性分析,获得 10 株沙门氏菌分型的主要离子峰。

3 结果与分析

3.1 血清型确认结果

按照 2.2.1 方法进行血清学分型,获得 10 株沙门氏菌血清型。具体见表 1。

表 1 血清学鉴定确认结果

Table 1 Confirmation results of serological identification

菌株编号	血清抗原型	型(type)
Sal-01	4,12:b:1,2	Paratyphi B 乙型副伤寒
Sal-02	1,3,19:g,s,t:-	Dessau 德绍
Sal-03	18:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	II型
Sal-04	6,7:m,t:-	II型
Sal-05	6,7:g,m,s:-	Montevideo
Sal-06	9,12:g,m:-	Enteritidis 肠炎
Sal-07	48:g,Z ₅₁ :-	IIIa 或IV
Sal-08	4,5,12:i:1,2	Typhimurium 鼠伤寒
Sal-09	8,20:z ₄ ,z ₂₃ :-	科瓦利斯
Sal-10	4,12:i:1,6	阿格玛

3.2 不同血清型沙门氏菌的生化结果

分别挑取 10 株新鲜培养的菌株,制备 0.50~0.63 麦氏

菌悬液,按照 2.2.2 方法使用 VITEK GN 卡进行鉴定,对生化结果进行统计分析,得出菌株具有的不同生化反应类型差异结果,如表 2 所示。由表 2 可知,不同血清型的沙门氏菌具有不同的生化结果,47 个生化反应中共出现有 14 种差异的结果,其他生化反应结果均相同。10 株菌株中尿素酶均为阴性,赖氨酸脱羧酶均为阳性,H₂S 反应均为阳性。Sal-03、Sal-04、Sal-05 L-脯氨酸芳胺酶为阳性,其他均为阴性;Sal-08 乳酸盐产碱为阴性,其他均为阳性;Sal-04、Sal-06 O/129 耐受为阴性,其他均为阳性;Sal-05 D-麦芽糖为阴性,其他均为阳性;Sal-01、Sal-04、Sal-08、Sal-108 D-塔格糖为阳性,其他均为阴性;Sal-03 鸟氨酸脱羧酶为阴性,其他均为阳性;Sal-01、Sal-02、Sal-06、Sal-08、Sal-10 琥珀酸盐产碱为阴性,其他均为阳性;Sal-06、Sal-07、Sal-08、Sal-10 酪氨酸芳胺酶为阴性,其他均为阳性;Sal-01、Sal-05、Sal-07 γ -谷氨酰转移酶为阴性,其他均为阳性;Sal-03 α -半乳糖苷酶为阴性,其他均为阳性;Sal-02、Sal-05 5-酮-葡萄糖苷为阳性,其他均为阴性;Sal-07 磷酸酶为阴性,其他均为阳性;Sal-04、Sal-05 β -葡萄糖苷酸酶为阳性,其他均为阴性。

3.3 MALDI-TOF-MS 分析结果

3.3.1 蛋白质指纹图谱和离子峰分析

按照 2.2.3 方法通过 MALDI-TOF 检测,获得不同血清型 10 株菌株蛋白质指纹图谱,详见图 1。根据每个菌株离子峰,并通过图谱及原始数据进行比较,得出 10 株沙门氏菌主要的几组离子峰为 2888-2891、3043-3045、5612-5614、6093-6095、6255-6257、8328-8330、9521-9525;其中 Sal-05、Sal-09 无 2888-2891 离子峰,Sal-05 无 3043-3045、5612-5614、6093-6095 离子峰,Sal-08 无 6255-6257 离子峰,全部菌株均有 8328-8330、9521-9525 离子峰。选取信噪比>10 的离子峰,得出 10 个菌株的主要差异蛋白离子峰,具体详见表 3。

表 2 不同血清型沙门氏菌的生化差异结果

Table 2 Difference biochemical results of different serotypes of *Salmonella*

编号	H ₂ S	ProA	ILATK	O129R	dMAL	dTAG	ODC	SUCT	LDC	TyrA	GGT	URE	AGAL	5KG	PHOS	BGUR
Sal-01	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-
Sal-02	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-
Sal-03	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	-
Sal-04	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+
Sal-05	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+
Sal-06	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-
Sal-07	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-
Sal-08	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-
Sal-09	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-
Sal-10	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-

注: ProA- L-脯氨酸芳胺酶, ILATK-乳酸盐产碱, O129R- O/129 耐受, dMAL- D-麦芽糖, dTAG- D-塔格糖, ODC-鸟氨酸脱羧酶, SUCT-琥珀酸盐产碱, LDC-赖氨酸脱羧酶, TyrA-酪氨酸芳胺酶, GGT- γ -谷氨酰转移酶, URE-尿素酶, AGAL- α -半乳糖苷酶, 5KG-5-酮-葡萄糖苷, PHOS-磷酸酶, BGUR- β -葡萄糖苷酸酶。“+”: 阳性,“-”: 阴性。

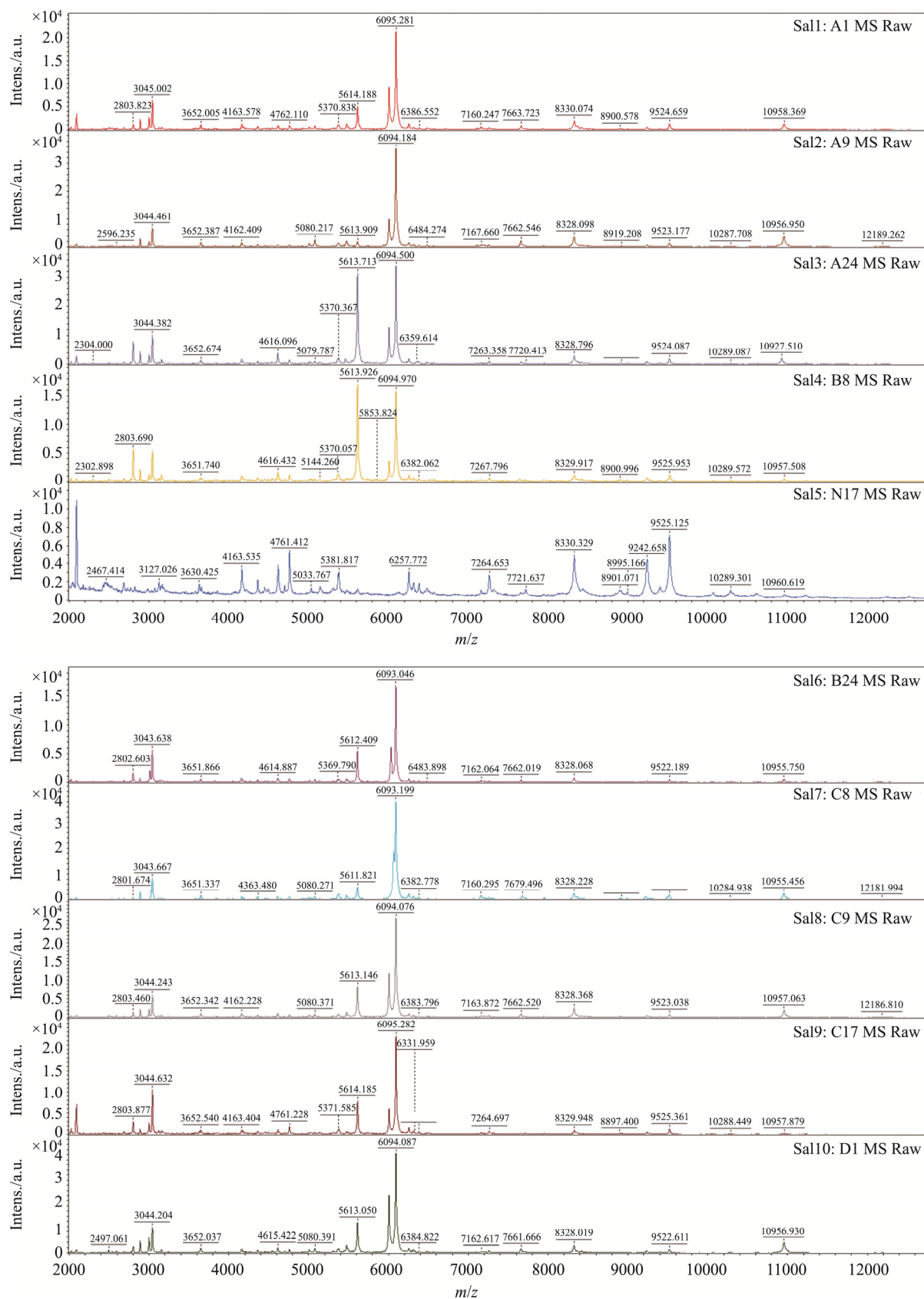


图 1 不同血清型 10 株沙门氏菌株质谱图
Fig.1 Mass spectrums of 10 strains of *Salmonella* with different serotypes

表 3 不同血清型沙门氏菌的鉴定分型主要差异离子峰结果(*m/z*)
Table 3 Results of main differential ionic peaks of *Salmonella* with different serotypes (*m/z*)

序号	Sal-01	Sal-02	Sal-03	Sal-04	Sal-05	Sal-06	Sal-07	Sal-08	Sal-09	Sal-10
1	2094.877	2094.029	2093.809	2803.69	2094.304	2802.603	3030.747	2803.46	2093.761	2803.624
2	2803.823	3002.03	2803.602	3001.36	4163.535	3013.925	3651.337	3001.65	2803.877	3001.211
3	3002.237	3652.387	3001.721	3156.808	4619.867	4161.635	5368.713	3652.342	3001.772	3652.037
4	4163.578	4162.409	3157.018	4616.432	4761.412	4614.887	5380.651	4162.228	4617.722	4615.422
5	5478.59	5009.333	4162.097	4761.65	5370.961	6035.049	5476.307	4615.391	4761.228	5080.391
6	6010.09	5080.217	4616.096	5370.057	5381.817	6051.096	6026.629	5477.562	5382.796	5477.638
7	7663.723	5370.572	5370.367	5379.736	7264.653	10955.75	6067.12	6009.013	6010.335	6008.973
8	8357.300	5380.892	5381.71	6009.74	8367.819	--	6314.523	6051.103	6051.102	6049.336
9	8370.144	5478.405	5462.553	9245.383	9242.658	--	7160.295	7662.52	7264.697	7661.666
10	9241.851	6009.227	6009.262	10957.51	--	--	7679.496	10957.06	9240.537	10884.16
11	10958.37	7662.546	6053.241	--	--	--	8358.149	--	--	10956.93
12	--	10879.51	8359.687	--	--	--	8367.295	--	--	--
13	--	10956.95	9238.886	--	--	--	9225.403	--	--	--
14	--	--	10927.51	--	--	--	9500.107	--	--	--
15	--	--	--	--	--	--	10955.46	--	--	--

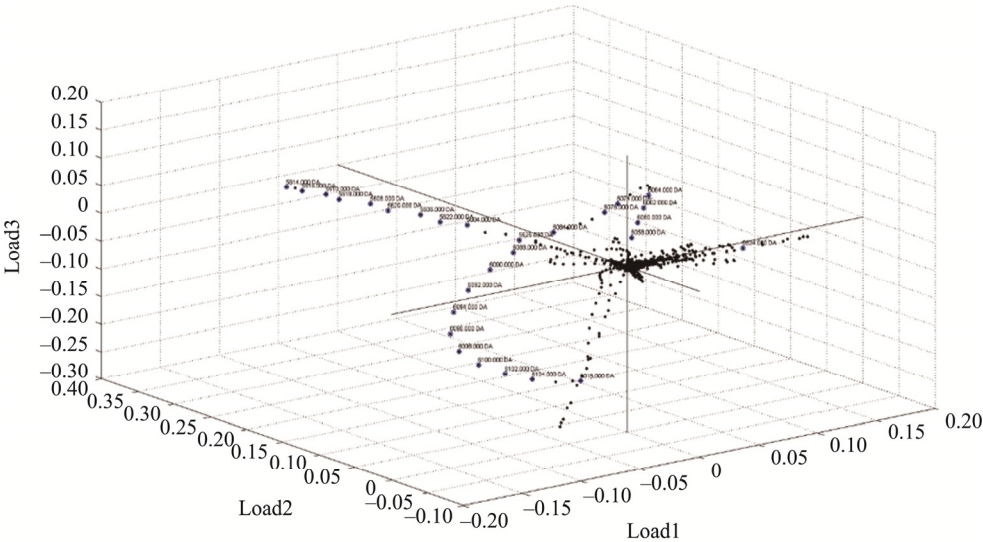


图 2 10 株不同血清型沙门氏菌株质谱 PCA 分析载荷图
Fig.2 Mass spectrometry PCA analysis load diagram of 10 strains of *Salmonella* with different serotypes

3.3.2 蛋白质指纹图谱主成分分析(PCA)

通过对 10 株菌株蛋白质指纹图谱主成分分析(PCA), 详见图 2, 图中每个点代表图谱峰列表中的一个谱峰, 峰点离原点的距离愈远, 说明这个峰在区分数据组中贡献愈大, 由图中可获得 5614、5612、5616、5618、5620、5622、5606、5604、6094、6096、6098、6100、9526、9524、9528、9530、9520、9522、9532、9534 为最外围一组离子峰。

4 结论与讨论

通过本次研究, 对 10 株不同血清型的沙门氏菌重新进行血清分型确认, 结果同保存时血清型完全相同。通过 VITEK2 生化鉴定仪, 获得了比较全面的生化反应结果, 由于沙门氏菌的血清型较多, 其生化反应结果也是多样化, 特别是 H₂S、赖氨酸等反应^[5], 比如, 沙门菌双向亚利桑那

亚种、猪霍乱、多数甲型副伤寒等 H_2S 为阴性, 少数菌株 β 半乳糖苷酶为阳性、液化明胶等反应。本研究中 10 株不同血清型沙门氏菌尿素酶、赖氨酸、 H_2S 等 33 种生化结果无差异, 发现有 *L*-脯氨酸芳胺酶、乳酸盐产碱、O/129 耐受、 α -半乳糖苷酶等 14 个反应结果有差异, 反映了同一沙门氏菌属生长代谢存在种或亚种的区别, 获得了一些特殊的生化结果类型, 通过血清分型分类, Montevideo 型 *D*-麦芽糖为阴性, 血清式为 18:Z4, Z23: -(II型)鸟氨酸脱羧酶为阴性、 α -半乳糖苷酶为阴性, 血清式为 48:g, Z51: -(IIIa 或 IV)磷酸酶为阴性, 血清式为 6, 7:m, t: -(II型)、Montevideo 型的葡萄糖苷酸酶为阳性。

不同血清型的沙门氏菌的分子遗传不同, 每个类别菌株表达的蛋白种类有一定的差异, 通过飞行质谱仪, 可获得菌属种及亚种的蛋白质指纹图谱^[12], 分析质谱离子峰的差异, 对于建立分型溯源数据库有重要意义。本研究通过飞行质谱谱图和原始离子峰数据分析, 得出 10 株沙门氏菌主要的几组离子峰, 并获得区别鉴定分型的主要差异的离子峰, 通过表 3 中的系列数据及菌株特殊离子峰的缺失, 比如: *Sal*-05(Montevideo)缺失 2888–2891、3043–3045、5612–5614、6093–6095 离子峰, *Sal*-08 (Typhimurium 鼠伤寒)缺失 6255–6257 离子峰 *Sal*-09(科瓦利斯)缺失 2888–2891, 而又有些菌株存在完全不同的离子峰, 比如: *Sal*-05(Montevideo)缺失 2888–2891、3043–3045、5612–5614、6093–6095 离子峰, *Sal*-08 (Typhimurium 鼠伤寒)缺失 6255–6257 离子峰 *Sal*-09(科瓦利斯)缺失 2888–2891, 而又有些菌株存在完全不同的离子峰, 比如: *Sal*-01 (Paratyphi B 乙型副伤寒)具有 8370.144 离子峰, *Sal*-03(II型)具有 5462.553、10927.51 离子峰, *Sal*-06(Enteritidis 肠炎)具有 3013.925、6035.049 离子峰, *Sal*-07(IIIa 或 IV)具有 3030.747、6026.629、6067.12、6314.523、7160.295、7679.496、9225.403、9500.107 离子峰。

目前, 对沙门氏菌的鉴定方法及流行病学调查研究较多, 但对于血清型和生化鉴定之间的关联性研究较少, 研究两者之间的关联, 有助于提高鉴定分型的准确性^[13]。对于运用蛋白质质谱技术进行沙门氏菌鉴定, 目前已有研究成果, 郑秋月等^[14]通过主成分分析及聚类分析对不同血清型、不同地区来源及不同宿主的 74 株沙门氏菌进行溯源研究, 结果显示 MALDI-TOF-MS 对沙门氏菌具有很好的溯源能力, 相同宿主或来源的沙门氏菌蛋白表达更为相似, 但由于沙门氏菌众多复杂的血清型分类, 采用蛋白质质谱分型技术, 全部的遗传信息均参与细菌的鉴别, 细菌常常因不同的环境影响而产生变异, 细菌的耐药性会随着不同时期的抗生素使用产生不同的耐药谱从而影响细菌的 MALDI-TOF-MS 鉴定分型^[15], 且研究成果不明显, 因此还需进一步加大菌株数量, 进行基础研究, 开发细菌质谱分型技术, 提高工作效率, 降低试验成本。

参考文献

- [1] 韩荣伟, 于忠娜, 张莉, 等. 我国鸡肉产品中沙门氏菌风险评估的研究进展[J]. 食品科学, 2015, 23: 372–376.
Han RW, Yu ZN, Zhang L, et al. Advances in risk assessment of *Salmonella* spp. in chicken products in China [J]. Food Sci, 2015, 23: 372–376.
- [2] 柴云雷, 郭丽, 马雪, 等. 生猪肉中沙门氏菌的分离与鉴定[J]. 食品安全质量检测学报, 2016, 7: 2951–2955.
Chai YL, Guo L, Ma X, et al. Isolation and identification of *Salmonella* in raw pork [J]. J Food Saf Qual, 2016, 7: 2951–2955.
- [3] Brenner FW, Villar RG, Angulo FJ, et al. *Salmonella* nomenclature [J]. J Clin Microbiol, 2000, 38(7): 2465–2467.
- [4] 王志伟. 不同沙门氏菌及干扰菌的分离鉴定[J]. 食品研究与开发, 2012, 33(1): 168–170.
Wang ZW. Isolation and identification to different *Salmonella* and interfering strains [J]. Food Res Dev, 2012, 33(1): 168–170.
- [5] 朱超, 许学斌. 沙门菌属血清型诊断[M]. 上海: 同济大学出版社, 2009.
Zhu C, Xu XB. Serological diagnosis of *Salmonella*-species [M]. Shanghai: Tongji University Press, 2009.
- [6] GB 4789.4-2010 食品安全国家标准 食品微生物学检验沙门氏菌检验[S].
GB 4789.4-2010 National food safety standard-Food microbiological examination-*Salmonella* [S].
- [7] 张建梅, 温慧欣, 陈泽辉, 等. 厦门市 139 株沙门氏菌血清型分布及分子分型分析[J]. 现代预防医学, 2019, 46(7): 102–108.
Zhang JM, Wen HX, Chen ZH, et al. Serotype distribution and genotype analysis of 139 strains of *Salmonella* in Xiamen [J]. Mod Prev Med, 2019, 46(7): 102–108.
- [8] 杜美红, 赵瑞雪, 李静雯. 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱分析技术在微生物检测与鉴定中的应用[J]. 食品安全质量检测学报, 2017, 8(2): 457–461.
Du MH, Zhao RX, Li JW. Application of matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry in the detection and identification of microorganisms [J]. J Food Saf Qual, 2017, 8(2): 457–461.
- [9] 苗丽, 陈静, 徐耀辉, 等. 利用 MOLDI-TOF-MS 方法对沙门氏菌野毒株的鉴定与分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2017, (15): 173–176, 293.
Miao L, Chen J, Xu YH, et al. Identification and analysis of *Salmonella* field strains through the method of MOLDI-TOF-MS [J]. Heilongjiang Anim Sci Vet Med, 2017, (15): 173–176, 293.
- [10] 胡晓, 林肖惠, 佟巍, 等. 沙门菌 MALDI-TOF-MS 标准菌库的建立及应用研究[J]. 卫生研究, 2014, 43(1): 40–46.
Hu X, Lin XH, Tong W, et al. Study on establishment of mass spectrometry database of *Salmonella* species by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry [J]. J Hyg Res, 2014, 43(1): 40–46.
- [11] 郑秋月, 战晓微, 肖珊珊, 等. 沙门氏菌 MALDI-TOF MS 分型方法建立[J]. 中国公共卫生, 2014, 30(10): 1344–1347.
Zheng QY, Zhan XW, Xiao SS, et al. Establishment of MALDI-TOF MS classification method for *Salmonella* [J]. Chin J Public Health, 2014, 30(10): 1344–1347.
- [12] 鲍春梅, 宋新爱, 崔恩博, 等. MALDI-TOF-MS 鉴定宋内志贺菌的临床应用[J]. 传染病信息, 2014, 27(3): 152–156.

- Bao CM, Song XA, Cui EB, *et al.* Clinical application of MALDI-TOF-MS in identification of shigella sinensis [J]. Inf Dis Inf, 2014, 27(3): 152–156.
- [13] Bradley LB, Shawn MD, Bearson. Host specific differences alter the requirement for certain Salmonella genes during swine colonization [J]. Vet Microbiol, 2011, 150: 215–219.
- [14] 郑秋月, 战晓微, 徐杨, 等. 食源性致病菌沙门氏菌 MALDI-TOF MS 溯源分析[J]. 食品科技, 2013, 38(12): 315–320.
- Zheng QY, Zhan XW, Xu Y, *et al.* Traceability analysis of foodborne Salmonella by MALDI-TOF MS [J]. Food Sci Technol, 2013, 38(12): 315–320.
- [15] Wolters M, Rohde H, Maier T. MALDI-TOF-MS fingerprinting allows for discrimination of major methicillin-resistant Staphylococcus aureus lineages [J]. Int J Med Microbiol, 2011, 301: 64–68.

(责任编辑: 韩晓红)

作者简介



宋安华, 高级工程师, 主要研究方向为食品安全检验技术。

E-mail: zpsah2@163.com



陈 楷, 工程师, 主要研究方向为食品微生物检验技术。

E-mail: ekward-ck@qq.com