

云南省肠炎沙门菌及德尔卑沙门菌脉冲场凝胶电泳分子分型及耐药性研究

田云屏, 任翔, 邹颜秋硕, 汤晓召*

(云南省疾病预防控制中心, 昆明 650022)

摘要: **目的** 了解云南省沙门菌患者中分离最多的肠炎沙门菌及食品中分离最多的德尔卑沙门菌脉冲场凝胶电泳(pulse field gel electrophoresis, PFGE)分子分型及耐药状况。**方法** 参照中国细菌性传染病分子分型实验室监测网络 Pulse Net China 的沙门菌 PFGE 分子分型方法进行分子分型。分析耐药板最低抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)值, 根据美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standard Institute, CLSI)的相应标准获得 S、I、R 结果。**结果** 56 株肠炎沙门菌呈 11 种 PFGE 带型, 有 4 种优势带型, 对氨苄舒的耐药率最高, 为 57.14%, 对亚胺培南最敏感。27 株德尔卑沙门菌呈 25 种 PFGE 带型, 对复合磺胺的耐药率最高, 为 64.29%, 对亚胺培南最敏感。**结论** 肠炎沙门菌分子分型有明显的优势带型, 本地区肠炎沙门菌对氨苄舒的耐药率最高。德尔卑沙门菌分子分型呈多样分布, 复方磺胺是本地区德尔卑沙门菌最耐药抗生素。2 种沙门菌都对亚胺培南最敏感。

关键词: 肠炎沙门菌; 德尔卑沙门菌; 脉冲场凝胶电泳; 耐药性

Molecular typing by pulsed-field gel electrophoresis and drug resistance of *Salmonella enteritidis* and *Salmonella derby* in Yunnan province

TIAN Yun-Ping, REN Xiang, ZOU Yan-Qiu-Shuo, TANG Xiao-Zhao*

(Yunnan Center for Disease Control and Prevention, Kunming 650022, China)

ABSTRACT: Objective To investigate pulse field gel electrophoresis molecular typing and drug resistance of the most isolated *salmonella enteritidis* in patients and *salmonella derby* in food in Yunnan province. **Methods** Molecular typing of salmonella PFGE was performed by reference to Pulse Net China. Analyze the minimum inhibitory concentration (MIC) value of the drug-resistant plate, and obtain the S, I, R and according to the corresponding standards of the Clinical and Laboratory Standard Institute (CLSI). **Results** The 56 strains of *salmonella enteritidis* showed 11 PFGE bands and 4 dominant bands, with the highest resistance to ampicillin (57.14%) and the most sensitive to imipenem (57.14%). The 27 strains of salmonella delby showed 25 PFGE types, with the highest drug resistance to sulfonamide compound (64.29%) and the most sensitive to imipenem. **Conclusion** The molecular classification of *Salmonella enteritidis* has obvious dominant band type, and the drug resistance rate of *Salmonella enteritidis* to ampicillin is the highest in this area. The molecular types of *Salmonella derby* showed diverse distribution, and compound sulfanilamide was the most resistant antibiotic to *Salmonella derby*. Both *Salmonella enteritidis* and *Salmonella derby* are most sensitive to imipenem.

*通讯作者: 汤晓召, 硕士, 主要研究方向为食品风险监测与评估。E-mail: 1137406849@qq.com

*Corresponding author: TANG Xiao-Zhao, Master, Yunnan Center for Disease Control and Prevention, Kunming 650022, Yunnan, China. E-mail: 1137406849@qq.com

KEY WORDS: *Salmonella enteritidis*; *Salmonella derby*; pulse field gel electrophoresis; drug resistance

1 引言

沙门菌病是我国及世界各地的常见病和多发病,美国 1996~1999 年居 7 种细菌性食物中毒的第二位,我国多年来一直居细菌性食物中毒的首位。早在上世纪 90 年代,国外就将脉冲场凝胶电泳(pulse field gel electrophoresis, PFGE)技术用于食物中毒的溯源研究,而我国是本世纪初才开始相关的研究工作。目前沙门菌多重耐药性问题日益严重,全球都面临挑战,耐药性问题的研究也日显迫切。云南省至 2012 年才开始相关问题的研究,目前相关研究较少。

2015 年以来,云南省从沙门菌感染患者中分离出来的沙门菌排第一位的是肠炎沙门菌,从食品中分离出来的沙门菌排第一位的是德尔卑沙门菌。据报道,非伤寒沙门菌引起的临床沙门菌感染,17%是由肠炎沙门菌引起的^[1]。我国多个地区曾报道,从食品中分离的沙门菌排第一位的是德尔卑沙门菌^[2-5]。本研究对云南省 2015~2017 分别从沙门菌感染患者及食品中分离出来的 56 株肠炎沙门菌和 27 株德尔卑沙门菌进行了 PFGE 分子分型及耐药性研究,以了解云南省肠炎沙门菌和德尔卑沙门菌的基因型分布特征及耐药特点,完善我国分子分型网络数据库,期为肠炎沙门菌和德尔卑沙门菌的预防及控制提供相关的数据支持,为云南省沙门菌耐药情况提供本底数据。

2 材料与方法

2.1 菌株

实验菌株分离自我省 2015~2017 年食源性疾病主动监测哨点医院沙门菌感染患者及食源性致病菌监测的各类食品,由 VITEK2 全自动微生物鉴定系统及质谱仪复核鉴定。PFGE 标准 Marker 菌株 H9812 由国家病原体监测网络 TraNetChina 提供。耐药实验质控菌株 ATCC29212、ATCC29213、ATCC25922、ATCC27853 购自中国微生物菌种保藏管理委员会普通微生物中心。

2.2 培养基及试剂

HE、营养琼脂培养基(北京陆桥技术股份有限公司); VITEK2 GN 鉴定卡(法国 bioMérieux 公司),沙门菌诊断血清(丹麦 STATENS SERUM INSTITUT 公司);限制性内切酶 *Xba*I(日本 TaKaRa BIO INC 公司); Seakem Gold Agarose(美国 Lonza Rockland 公司);蛋白酶 K(德国 MERCK 公司); Tris-HCl、乙二胺四乙酸(ethylene diamine tetraacetic acid, EDTA)(美国 Solarbio 公司); Gelred 染料(美国 BIOTIUM 公司);革兰氏阴性需氧菌耐药板(中国上海星佰生物技术有限公司)。

2.3 仪器设备

VITEK2 全自动微生物分析系统(法国 bioMérieux 公

司), Autoflex speed 质谱仪(美国 Bruker 公司); DSHZ-300A 水浴摇床(中国太仓市实验设备厂); CHEF-MAPPER 脉冲场凝胶电泳仪及凝胶成像系统(美国 Bio-Rad 公司)。

2.4 实验方法

2.4.1 菌株及血清学鉴定

所有分离到的沙门菌菌株用 VITEK2 全自动微生物分析系统及质谱仪进行复核确认。依据沙门菌血清型属 White-Kauffmann-Le Minor 抗原表,用沙门菌血清型属诊断血清确定血清型。

2.4.2 脉冲场凝胶电泳分型

参照中国细菌性传染病分子分型实验室监测网络 Pulse Net China 的沙门菌 PFGE 分子分型方法,用 SeaKem Glod Agarose 将沙门菌包埋,用 *Xba*I 酶切,把得到的 DNA 片段用 Chefmapper 进行脉冲场凝胶电泳分型,最后将成像结果用 Bionumerics 7.6 软件聚类分析。

2.4.3 耐药试验

用肉眼判读的方法对耐药板进行读数,由说明书分析得出最低抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)值,并根据美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standard Institute, CLSI)的相应标准获得相应敏感(S)、中度敏感(I)、和耐药(R)的结果。每次试验均采用国际标准株 ATCC29212、ATCC29213、ATCC25922、ATCC27853 作质控对照。

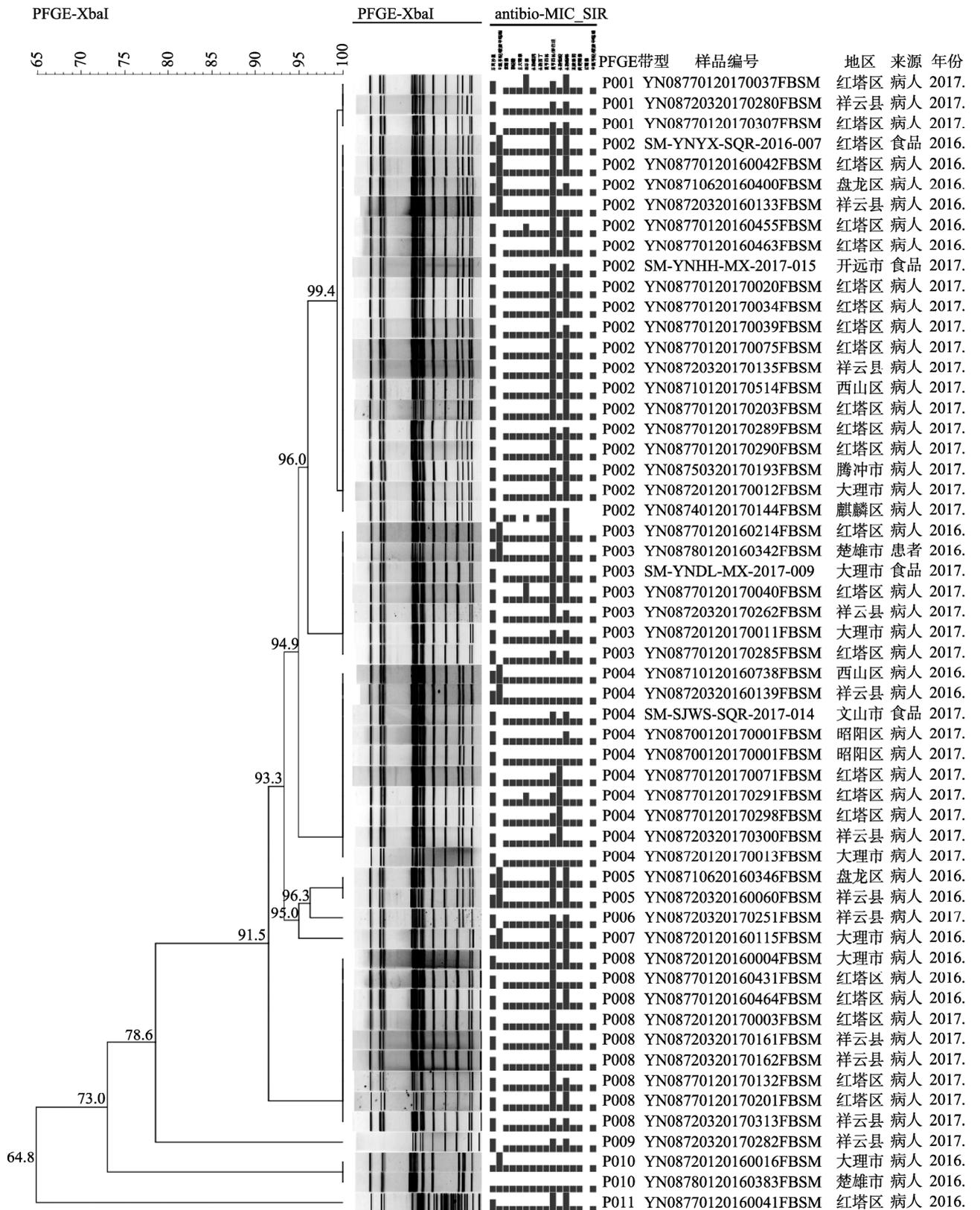
3 结果与分析

3.1 分子分型特征及与耐药的相关性

3.1.1 肠炎沙门菌分子分型特征及与耐药的相关性

如图 1 所示,56 株肠炎沙门菌用 *Xba*I 酶切,进行脉冲场电泳后,按照 100%的相似度,PFGE 图谱分成 11 个 PFGE 带型,分别命名为 P001-P011。其中优势带型 4 组, P002、P003、P004、P008,分别含有 19、7、10 和 9 株菌。虽然 4 组优势带型的相似度是 100%,但每组各菌株之间没有明显的地域、来源、时间等聚集性。按照 Tenover 等^[6]的分类原则,56 株肠炎沙门菌分属 5 个克隆系,覆盖了 91.07%的菌株(51/56)。

56 株肠炎沙门菌的 4 组优势带型中的各菌株之间的同源性均为 100%,但它们的耐药谱却不相同。P002 组中有 9 种耐药谱, P003 组中有 5 种耐药谱, P004 组中有 6 种耐药谱, P008 组中有 4 种耐药谱。也存在带型不同,但耐药谱相同,如 P002 组第 1、2 条、P003 组第 1、2 条、P005 组第 1、2 条、P007,这几组带型彼此不同,但它们的耐药谱相同。同样, P001 组最后 2 条、P003 组最后 2 条、P004 组第 3 条、P006、P008 组最后 1 条、P009 也是各组带型不同,但耐药谱相同。



注: 1. 耐药谱中, 高方块为耐药, 中方块为中度敏感, 低方块为敏感。2. 因红霉素无折点判断标准, 虽然全程参与实验, 但未参与计算结果。

图 1 56 株肠炎沙门菌聚类分析及耐药谱图

Fig.1 Cluster analysis and drug resistance spectra of 56 strains of *Salmonella enteritidis*

3.1.2 德尔卑沙门菌分子分型特征及与耐药的相关性

如图 2 所示, 27 株德尔卑沙门菌用 *Xba* I 酶切, 进行脉冲场电泳后, 按照 100% 的相似度, PFGE 图谱分为 25 种带型, 分别命名为 P001-P025, 25 种带型中 P001、P017 型各有 2 株, 其余各型均为 1 株, 无明显的优势带型。此外, 同源性较高的带型也无明显的地域、来源、时间等聚集特征。

27 株德尔卑沙门菌有 25 种带型, 耐药谱也更多样化。同样德尔卑沙门菌也存在带型相同, 但耐药谱不同, 如 P001 组、P017 组中 2 株菌株带型相同, 但耐药谱彼此不同, 而 P013、P017 组第 1 条、P025、3 株菌株带型不同, 但耐药谱相同。

3.2 耐药结果

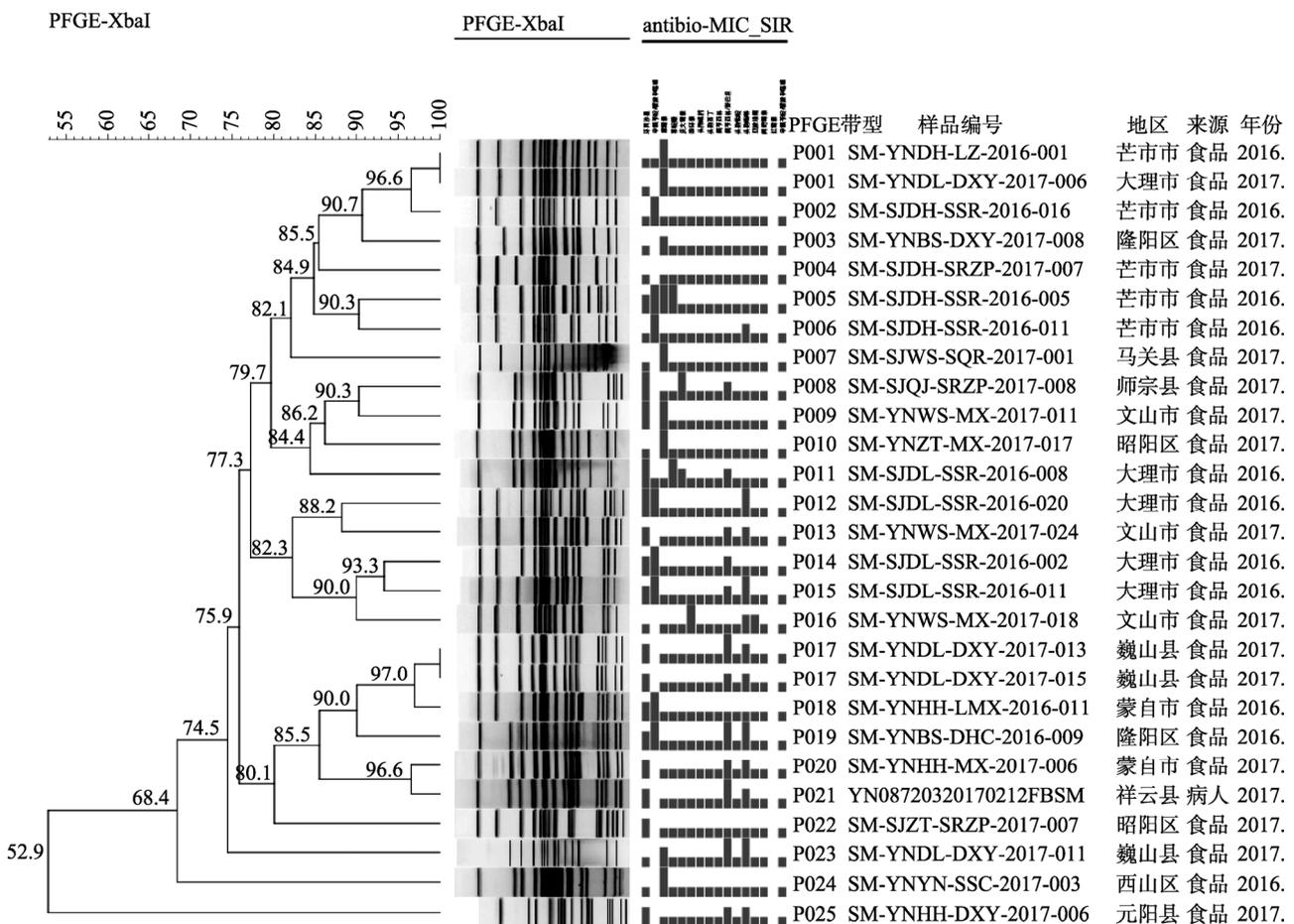
对 56 株肠炎沙门菌及 27 株德尔卑沙门菌进行了包括: 氨苄西林(ampicillin, AMP)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)、氨苄舒(ammonia benzyl shu, AMS)、亚胺培南

(imipenem, IMP)、四环素(tetracycline, TET)、萘啶酸(nalidixic acid, NAL)、红霉素(Erythromycin, ERY)、头孢西丁(cefotaxime, CFX)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢唑林(cefazolin, CFZ)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、复方磺胺(SXT)、阿奇霉素(azithromycin, AZM)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)共 15 种抗生素的耐药试验。

3.2.1 肠炎沙门菌耐药结果

56 株肠炎沙门菌有 13 株对 15 种药物敏感。另有 15 株、18 株、9 株、1 株菌株分别对 1 种、2 种、3 种、4 种抗生素耐药。对 2 种抗生素耐药的菌株占构成比最高, 为 32.14%。9 株肠炎沙门菌对 3 种抗生素耐药, 其中 8 株的耐药谱为 SXT+CFZ+AMS。1 株肠炎沙门菌对 4 种抗生素耐药, 耐药谱为 AMS+SXT+CFZ+TET, 见表 1。

56 株肠炎沙门菌对氨苄舒的耐药率最高, 为 57.14%, 其次是头孢唑林, 46.43%、复方磺胺, 32.14% 排列第 3, 如图 3。



注: 1. 耐药谱中, 高方块为耐药, 中方块为中度敏感, 低方块为敏感。2. 因红霉素无折点判断标准, 虽然全程参与实验, 但未参与计算结果。

图 2 27 株德尔卑沙门菌聚类分析及耐药谱图

Fig.2 Cluster analysis and Drug resistance spectra of 27 strains of *Salmonella derby*

56 株肠炎沙门菌均对氨苄西林、亚胺培南、萘啶酸、头孢西丁、氯霉素、头孢噻肟、庆大霉素、阿奇霉素、环丙沙星等 8 种抗生素敏感。54 株、17 株、16 株肠炎沙门菌分别对环丙沙星、氨苄舒、头孢唑林中度敏感。32 株、26 株、18 株肠炎沙门菌分别对氨苄舒、头孢唑林、复方磺胺耐药, 见表 2。

3.2.2 德尔卑沙门菌耐药结果

27 株德尔卑沙门菌有 3 株对 15 种抗生素敏感。有 12 株、6 株、6 株德尔卑沙门菌分别对 1 种、2 种、3 种抗生素耐药, 对 1 种抗生素耐药的德尔卑沙门菌构成比最高,

为 44.44%。6 株德尔卑沙门菌对 3 种抗生素耐药, 有 5 种耐药谱, 表 3。

27 株德尔卑沙门菌对复方磺胺的耐药率最高, 为 64.29%, 耐药率排第二位是氯霉素, 25.00%, 对氨苄舒、头孢噻肟、环丙沙星的耐药率均为 14.29%, 如图 4。

27 株德尔卑沙门菌均对头孢噻肟、头孢西丁、氨苄西林、头孢他啶、阿奇霉素等 5 种抗生素敏感。12 株、8 株、8 株德尔卑沙门菌分别对对环丙沙星、氨苄舒、头孢唑林中度敏感。19 株、7 株德尔卑沙门菌分别对复方磺胺、氯霉素耐药, 见表 3。

表 1 56 株肠炎沙门菌耐药谱
Table 1 Drug resistance spectrum of 56 strains of *Salmonella enteritidis*

耐药状况/种	各种耐药组合及菌株数量/株	耐药菌株数(构成比/%)
0		13(23.21)
1	AMS(6)、SXT(5)、CAZ(3)、CFZ(1)	15(26.79)
2	AMS+CFZ(15)、SXT+AMS(2)、SXT+CAZ(1)	18(32.14)
3	SXT+CFZ+AMS(8)、SXT+CFZ+TET(1)	9(16.07)
4	AMS+SXT+CFZ+TET(1)	1(1.79)
合计		56(100.00)

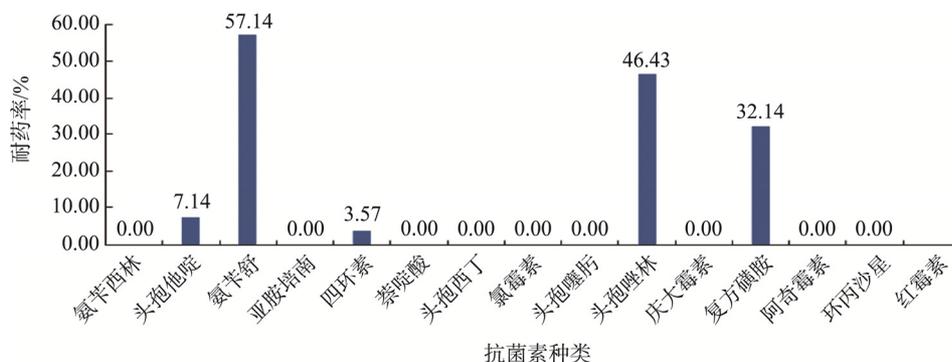


图 3 56 株肠炎沙门菌耐药率
Fig.3 Resistance rate of 56 strains *salmonella enteritidis*

表 2 肠炎沙门菌和德尔卑沙门菌耐药实验结果
Table 2 Drug sensitivity test results of *salmonella enteritidis* and *salmonella derby*

抗菌药物	肠炎沙门菌			德尔卑沙门菌			
	R	I	S	R	I	S	
环丙沙星		54	2	环丙沙星	4	12	11
复方磺胺	18		38	复方磺胺	19		8
氯霉素			56	氯霉素	7	2	18
萘啶酸			56	萘啶酸	2		25
庆大霉素			56	庆大霉素	1	1	25
四环素	2	2	52	四环素	1		26
头孢噻肟			56	头孢噻肟			27
头孢西丁			56	头孢西丁			27

续表 2

抗菌药物	肠炎沙门菌			德尔卑沙门菌		
	R	I	S	R	I	S
氨苄西林			56	氨苄西林		27
氨苄舒	32	17	7	氨苄舒	4	8
头孢他啶	4		52	头孢他啶		27
头孢唑林	26	16	14	头孢唑林	4	8
亚胺培南			56	亚胺培南	0	1
阿奇霉素			56	阿奇霉素		27

表 3 27 株德尔卑沙门菌耐药谱
Table 3 Drug resistance spectrum of 27 strains of *Salmonella derby*

耐药状况	各种耐药组合及菌株数量/株	耐药菌株数(构成比/%)
耐 0 种	—	3(11.11)
耐 1 种	SXT(8)、CHL(3)、TET(1)	12(44.44)
耐 2 种	SXT+AMS(2)、SXT+CHL(2)、SXT+CFZ(1)、CIP+CHL(1)	6(22.22)
耐 3 种	SXT+AMS+CFZ(2)、SXT+CHL+NAL(1)、SXT+CIP+GEN(1)、SXT+CIP+CFS(1)、SXT+CIP+CHL(1)	6(22.22)
合计		27(100.00)

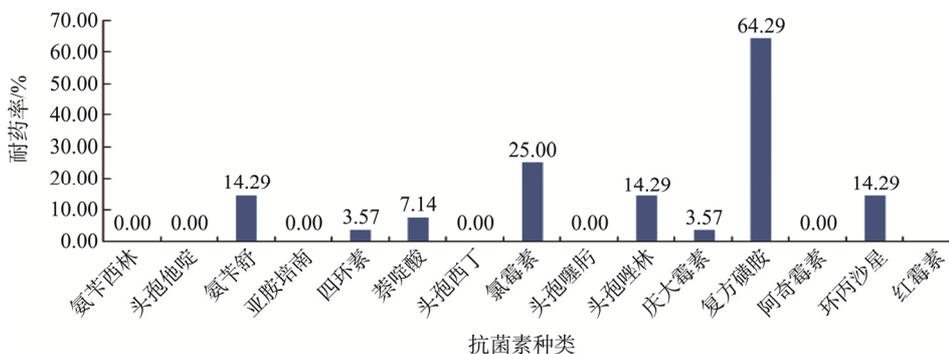


图 4 27 株德尔卑沙门菌耐药率

Fig.4 Resistance rate of 27 strains of *salmonella derby*

4 讨论与结论

脉冲场凝胶电泳是一种研究细菌分子分型同源性的有效方法, 现已被广泛用于多种病原体暴发流行的溯源分析中。云南省肠炎沙门菌的 PFGE 分子分型带型种类少, 同源性高, 这与我国福建、吉林、北京、上海、广东、河南等^[7-12]的研究报道相同, 此结果揭示(1) 2015~2017 年云南省沙门菌并没有形成大规模流行, 而是高度散发, 或潜在着一些没有识别的小范围暴发。(2) 云南省肠炎沙门菌的 PFGE 分子分型带型种类少, 同源性高, 这可能与云南省地处边疆, 人口流动性少、接受外来或输入性感染的机会少, 病原体重组的几率小有关。(3) 云南省许多不同时间、地区的肠炎沙门菌菌株 PFGE 分子分型带型同源性为 100%, 而实际上云南省流行病学并未报告发生肠炎沙

门菌的爆发流行。是否提示“PFGE 分子分型带型种类少, 同源性高”是肠炎沙门菌 PFGE 分子分型特点, 在溯源肠炎沙门菌引起的疾病爆发原因时, 要注意结合流行病学的资料探讨分离的肠炎沙门菌菌株同源性是由疾病爆发引起的还是彼时、彼地就存在相同同源性的流行株。(4) 1 种内切酶的肠炎沙门菌的 PFGE 分子分型溯源分析, 未必能完全真实反映菌株基因组的特征, 必要时需要其他内切酶如 SpeI 等进一步鉴别, 用双酶切方法, 来细分出肠炎沙门菌的基因组的特征^[13,14]。

云南省德尔卑沙门菌的 PFGE 带型种类较多, 没有明显的优势带型, 这与其他地区的研究也是类似的^[15-17]。此结果揭示(1) 德尔卑沙门菌 PFGE 分子分型带型种类多, 同源性低, 这可能与德尔卑沙门菌的进化过程有关。(2) 如果云南省发现某时间段、某地区, 食品或者患者中分离的

菌株同源性高时, 就应该引起注意, 考虑存在疾病的流行问题。

细菌病原体日益严重的耐药问题广泛困扰着许多国家, 中国的耐药问题也引起了多方的关注, 耐药的肠炎沙门菌陆续被报道^[18-22]。但各省、市最高耐药率抗生素种类各有差别, 广州、珠海、福建龙岩市等^[18-20]报道萘啶酸是该地区最耐药; 辽宁省、武汉市^[21,22]报道链霉素是该地区最耐药, 云南省肠炎沙门菌耐药率排列第一位的是氨苄舒, 为 57.14%, 其次是头孢唑林, 46.43%, 复方磺胺, 32.14% 排列第三。四川省^[16]、广州市^[23]报道四环素是该地区德尔卑沙门菌最耐药, 河南省^[15]报道氨苄西林是该地区最耐药, 云南省德尔卑沙门菌耐药率最高是复方磺胺, 为 64.29%, 耐药率排第二位是氯霉素, 25.00%, 对氨苄舒、头孢唑林、环丙沙星的耐药率均为 14.29%。各省、市最高耐药率抗生素种类不同, 此结果揭示(1) 云南省沙门菌多重耐药不明显, 云南省是少数民族地区, 各民族都用一些民间方法进行疾病的治疗, 抗生素没有广泛滥用。(2) 云南省在治疗沙门菌引起的疾病时, 可优先考虑进行氨苄舒、头孢唑林、复方磺胺、氯霉素等抗菌素的耐药性检测。治疗沙门菌耐药病例时, 可优先考虑头孢类抗生素的使用。(3) 全国各地的沙门菌耐药种类不同, 是否与各地临床医生用药习惯有关, 原因需进一步探讨。

此外, 肠炎沙门菌、德尔卑沙门菌都存在 PFGE 带型相同但耐药谱不同。同样, 不同的 PFGE 带型的肠炎沙门菌、德尔卑沙门菌却有相同的耐药谱, 原因有待于进一步研究、探讨。

参考文献

- [1] 李梦东, 王宇明. 实用传染病学[M]. 第三版. 北京人民卫生出版社, 2004.
Li MD, Wang YM. Practical epidemiology [M]. Third Edition. Beijing People's Health Press, 2004.
- [2] 赵建梅, 王娟, 王君玮, 等. 山东地区生猪和家禽屠宰环节沙门菌血清型分布[J]. 中国食品卫生杂志, 2015, 27(5): 503-508.
Zhao JM, Wang J, Wang JW, et al. Distribution of *Salmonella* serotype in pig and poultry slaughter in Shandong [J]. Chin J Food Hyg, 2015, 27(5): 503-508.
- [3] 陈伟伟, 叶玲清, 吴春敏, 等. 福建省食品中沙门菌的分布特征[J]. 海峡预防医学杂志, 2017, 23(2): 65-67.
Chen WW, Ye LQ, Wu CM, et al. Distribution characteristics of *Salmonella* in food in Fujian [J]. Strait J Prev Med, 2012, 23(2): 65-67.
- [4] 孙吉昌, 游兴勇, 曾艳兵, 等. 江西省零售畜禽肉中分离的 136 株沙门菌血清学鉴定与分析[J]. 实验与检验医学, 2012, 30(1): 10-12.
Sun JC, You XY, Ceng YB, et al. Serological identification and analysis of 136 strains of *Salmonella* isolated retail meat and poultry in Jiangxi province [J]. J Exp Lab Med, 2012, 30(1): 10-12.
- [5] 郑慧娟, 潘志明, 焦新安. 德尔卑沙门菌的研究进展[J]. 中国人兽共患病学报, 2017, 33(7): 642-645.
Zheng HJ, Pan ZM, Jiao XA. Research progress of *Salmonella derby* [J]. Chin J Zoonosis, 2017, 33(7): 642-645.
- [6] Tenover FC, Arbeit RD, Goering RV, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed field gel electrophoresis: criteria for bacterial strain typing [J]. J Clin Microbiol, 1995, 33(9): 2233-2239.
- [7] 陈前进, 曹春远, 李美华, 等. 肠炎沙门菌 PFGE 分子分型及耐药性研究[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2017, 37(7): 534-539.
Chen JJ, Cao CY, Li MH, et al. PFGE molecular typing and drug resistance of *Salmonella enteritis* [J]. Chin J Microbiol Immunol, 2017, 37(7): 534-539.
- [8] 刘桂华, 赵薇, 王艳秋. 沙门菌血清及脉冲场凝胶电泳分型[J]. 中国公共卫生, 2013, 29(2): 235-238.
Liu GH, Zhao W, Wang YQ. Classification of *Salmonella* serum and pulsed field gel electrophoresis [J]. Chin J Public Health, 2013, 29(2): 235-238.
- [9] 曲梅, 黄芳, 张新, 等. 2008-2009 年北京市沙门菌流行特征和分子分型[J]. 中华预防医学杂志, 2011, 45(2): 113-117.
Qu M, Huang F, Zhang X, et al. Prevalence characteristics and molecular typing of *Salmonella* in Beijing from 2008 to 2009 [J]. Chin J Prev Med, 2011, 45(2): 113-117.
- [10] 许学斌, 袁政安, 金汇明, 等. 上海市肠炎沙门菌流行特征和分子分型研究[J]. 上海预防医学, 2009, 21(4): 149-152, 195.
Xu XB, Yuan ZA, Jin HM, et al. Epidemiological characteristics and molecular typing of *Salmonella enteritis* in Shanghai [J]. Shanghai Prev Med, 2009, 21(4): 149-152, 195.
- [11] 何冬梅, 柯碧霞, 邓小玲, 等. 2010 年广东省沙门菌监测及其病原学特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2012, 46(5): 424-429.
He DM, Ke BX, Deng XL, et al. Surveillance and analysis of pathogenic characteristics of *Salmonella* in Guangdong province in 2010 [J]. Chin J Prev Med, 2012, 46(5): 424-429.
- [12] 赵嘉咏, 张白帆, 穆玉蛟, 等. 2013 年至 2015 年河南省肠炎沙门菌耐药状况与分子分型[J]. 中华传染病杂志, 2017, 35(8): 481-485.
Zhao JY, Zhang BF, Mu YJ, et al. Drug resistance and molecular typing of *salmon-lla enteritis* in Henan province from 2013 to 2015 [J]. Chin J Infect Diseases, 2017, 35(8): 481-485.
- [13] 计融, 李燕俊, 王玉平, 等. 多位点序列分型和脉冲场凝胶电泳在肠炎沙门菌分子分型的比较[J]. 中华流行病学杂志, 2006, 27(12): 1065-1068.
Ji R, Li YJ, Wang YP, et al. Comparison of multilocus sequence analysis and pulsed field gel electrophoresis in molecular typing of *Salmonella enteritis* [J]. Chin J Epidemiol, 2006, 27(12): 1065-1068.
- [14] 李燕俊, 刘秀梅, 赵熙, 等. 中国部分食品中肠炎沙门菌分离株的 PFGE 分子型别分析研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2008, 20: 385-388.
Li YJ, Liu XM, Zhao X, et al. Analysis of PFGE molecular type in some food isolates of *Salmonella enteritis* in China [J]. Chin J Food Hyg, 2008, 20: 385-388.
- [15] 王岚, 贾华云, 陈帅, 等. 湖南省食源性德尔卑沙门菌耐药谱及 PFGE 分型研究[J]. 实用预防医学, 2013, 20(8): 915-918.
Wang L, Jia HY, Chen S, et al. Study on drug resistance and PFGE typing

- of food-borne *Salmonella derby* in Hunan province [J]. *Practical Prev Med*, 2013, 20(8): 915–918.
- [16] 赵嘉咏, 穆玉姣, 谢志强, 等. 河南省德尔卑沙门菌和阿贡纳沙门菌耐药药与分子分型研究[J]. *中国病原生物学杂志*, 2016, 114(6): 517–521.
Zhao JY, Mu YJ, Xie ZQ, *et al.* Study on drug resistance and molecular typing of *Salmonella derby* and agunna in Henan province [J]. *J pathogen Biol*, 2016, 114(6): 517–521.
- [17] 吕虹, 雷高鹏, 黄伟峰, 等. 2007—2016 年四川省德尔卑沙门菌耐药与分子分型分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2018, 30(6): 570–576.
Lv H, Lei GP, Huang WF, *et al.* Drug resistance and molecular typing analysis of *Salmonella derby* in Sichuan province from 2007 to 2016 [J]. *Chin J Food Hygi*, 2013, 30(6): 570–576.
- [18] 周兰兰, 方艳梅, 魏泉德, 等. 2015 年—2017 年珠海市肠炎沙门菌分子分型和耐药性研究[J]. *中国卫生检验杂志*, 2018, 28(13): 1573–1575, 1595.
Zhou LL, Fang YM, Wei QD, *et al.* Molecular typing and drug resistance of *Salmonella enteritis* in Zhuhai city from 2015 to 2017 [J]. *Chin J Health Lab Technol*, 2008, 28 (13): 1573–1575, 1595.
- [19] 孙朋浩, 邱荣超, 李书宁, 等. 广州市生鲜鸡中肠炎沙门菌的监测及耐药基因的分子鉴定[J]. *畜牧兽医学报*, 2018, 49(2): 388–395.
Sun PH, Qiu RC, Li SN, *et al.* Surveillance of *Salmonella enteritis* and molecular identification of drug resistance genes in fresh chickens in Guangzhou [J]. *Acta Vet Zootech Sin*, 2008, 49(2): 388–395.
- [20] 金建潮, 袁丹茅, 李美华, 等. 龙岩市不同来源的肠炎沙门菌耐药性分析[J]. *河南预防医学杂志*, 2018, 181(1): 43–45.
Jin JC, Yuan DM, Li MH, *et al.* Resistance analysis of *Salmonella enteritis* from different sources in Longyan [J]. *Henan J Prev Med*, 2011, 181(1): 43–45.
- [21] 雷露, 毛玲玲, 刘学升, 等. 辽宁省肠炎沙门菌耐药性及分子分型特征[J]. *中国卫生检验杂志*, 2018, 28(5): 534–536.
Lei L, Mao LL, Liu XS, *et al.* Drug resistance and molecular typing characteristics of *Salmonella enteritis* in Liaoning province [J]. *Chin J Health Lab Technol*, 2008, 28(5): 534–536.
- [22] 周俊英, 付有荣, 郭清莲, 等. 生鲜肉中肠炎沙门菌分子生物学特征分析[J]. *中国公共卫生*, 2007, (10): 1227–1228.
Zhou JY, Fu YR, Guo QL, *et al.* Molecular biological characteristics of *Salmonella enteritis* in raw meat [J]. *Chin Public Health*, 2007, (10): 1227–1228.
- [23] 侯水平, 李孝权, 邓志爱, 等. 德尔卑沙门菌耐药性及 PFGE 分型研究[J]. *中国卫生检验杂志*, 2009, 19(6): 1222–1224, 1339.
Hou SP, Li XQ, Deng ZA, *et al.* Study on drug resistance and PFGE typing of *Salmonella derby* [J]. *Chin J Health Lab Technol*, 2009, 19(6): 1222–1224, 1339.

(责任编辑: 王 欣)

作者简介



田云屏, 副主任技师, 主要研究方向
食源性疾病监测。
E-mail: 504820232@qq.com



汤晓召, 硕士, 主要研究方向为食品风
险监测与评估。
E-mail: 1137406849@qq.com