

腹泻患儿粪便中沙门菌的血清型、药敏分析及脉冲场凝胶电泳分子分型研究

顾 琳, 高 艳*, 刘 丹, 焦 洋, 段 杉, 张 越

(北京市朝阳区疾病预防控制中心, 北京 100021)

摘 要: **目的** 研究 2019 年北京市朝阳区 0~10 岁腹泻患儿粪便中分离出的沙门菌的血清型、脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)分子分型研究及耐药特点。**方法** 对分离自腹泻患儿病例的 47 株沙门菌进行血清分型, 采用微量肉汤稀释法进行 27 种抗生素的药敏实验; 采用 PFGE 脉冲场凝胶电泳进行指纹图谱分型研究。**结果** 47 株沙门分为 8 种血清型, 优势血清型有 2 种, 分别为肠炎沙门菌 23 株占 48.94%, 鼠伤寒沙门菌 14 株占 29.79%。47 株沙门菌对磺胺异恶唑耐药率(57.45%)最高, 其次为氨苄西林(48.94%)和链霉素(48.94%)。23 株肠炎沙门菌可分成 8 个 PFGE 指纹图谱, 14 株鼠伤寒沙门菌可分成 13 个 PFGE 指纹图谱。**结论** 北京市朝阳区 0~10 岁儿童食源性沙门菌血清主要为肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌, 各血清型的耐药性有所不同, PFGE 指纹图谱呈多样性。

关键词: 食源性疾患; 沙门菌; 血清型; 药敏实验; 脉冲场凝胶电泳

Serotype, drug resistance analysis and pulsed field gel electrophoresis molecular typing of *Salmonella* isolated from feces of children with diarrhea

GU Lin, GAO Yan*, LIU Dan, JIAO Yang, DUAN Shan, ZHANG Yue

(Beijing Chaoyang District Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100021, China)

ABSTRACT: Objective To study the serotype, pulsed field gel electrophoresis(PFGE) molecular typing and drug resistance characteristics of *Salmonella* isolated from feces of children aged 0–10 years with diarrhea in Chaoyang district of Beijing in 2019. **Methods** The serotyping of 47 *Salmonella* isolated from children with diarrhea was performed. The sensitivity of 27 antibiotics was determined by micro broth dilution method. The fingerprints were classified by PFGE. **Results** The 47 *Salmonella* strains were divided into 8 serotypes, of which the dominant serotypes were 2, including 23 strains of *Salmonella enteritidis* (48.94%) and 14 strains of *Salmonella typhimurium* (29.79%). The drug resistance rate of 47 *Salmonella* strains to sulfamethoxazole (57.45%) was the highest, followed by ampicillin (48.94%) and streptomycin (48.94%), and 23 strains of *Salmonella enteritidis* could be divided into 8 PFGE fingerprints, and 14 *Salmonella typhimurium* strains could be divided into 13 PFGE fingerprints. **Conclusion** *Salmonella enteritidis* and *Salmonella typhimurium* are the main food borne *Salmonella* in children aged 0–10 years in Chaoyang district of Beijing. The drug resistance of each serotype was different, and the PFGE fingerprint is diverse.

KEY WORDS: foodborne diseases; *Salmonella*; serotype; drug sensitivity test; pulsed field gel electrophoresis

*通讯作者: 高艳, 副主任检验师, 主要研究方向为病原微生物。E-mail: 15101545765@163.com

*Corresponding author: GAO Yan, Associate Chief Inspector, Beijing Chaoyang District Center for Disease Control and Prevention, No.23, Huaweili, Chaoyang, Beijing 100021. E-mail: 15101545765@163.com

1 引言

我国每年约有 4 万例儿童腹泻, 其中 10 岁以下儿童腹泻发病率最高^[1]。沙门菌是人畜共患肠道传染病, 也是食源性疾患的主要病原菌。随着食物供应冷链技术的快速发展, 食源性疾病中沙门菌感染现象日趋严重, 已成为全球关注的公共卫生问题^[2-4]。因此沙门菌引起的儿童腹泻, 备受关注。近年来, 随着抗生素在临床抗感染治疗中的大量使用, 沙门菌的耐药性问题日益严峻^[5]。为了解北京市朝阳区 10 岁以下儿童沙门菌的血清型、耐药性和分子分型特征, 本研究对 2019 年朝阳区食源性疾病监测系统中分离自腹泻儿童病例的 47 株沙门菌进行血清分型、耐药性分析和脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)指纹图谱研究, 对沙门菌引起的儿童腹泻进行了溯源分析, 为沙门菌的抗菌治疗提供了参考, 对当地的沙门菌防控有重要意义。

2 材料与方法

2.1 材料

收集北京市朝阳区 2019 年 1 至 12 月沙门菌感染的 10 岁以下儿童腹泻粪便标本中分离出的 47 株沙门菌。药敏质控菌株为大肠埃希氏菌 ATCC25922 和 PFGE 的分子质量标准参考菌株 H9812, 为实验室保藏。

2.2 仪器与试剂

2.2.1 仪器

CHEF MAPPE-XA 脉冲场凝胶电泳仪(美国 Bio-Rad 公司); Bionumetics6.5 凝胶成像图像分析系统(美国 Bio-Rad 公司); Lighting2000 全自动细菌药敏接种判读仪(上海星佰)。

2.2.2 试剂

沙门菌诊断血清(丹麦 SSI 公司); 革兰阴性需氧菌药敏检测板(上海星佰公司); *Xba*I 限制性内切酶(3000 U, 日本 TaKaRa Bio 公司); Sea Kem Gold Agarose 琼脂糖(北京索莱宝科技有限公司); Tris-HCl 缓冲溶液(pH 8.0, 1 mol/L, 北京索莱宝科技有限公司); 乙二胺四乙酸溶液(pH 8.0, 0.5 mol/L 北京索莱宝科技有限公司); 5×TBE(北京索莱宝科技有限公司); 10000×GelRed 染液(美国 Biotium 公司); 氯化钠(分析纯, 国药集团)。所有试剂均在有效期内使用。

2.3 方法

2.3.1 血清学分型

将已复苏的沙门菌株用玻片凝集法进行血清凝集。取 50 μ L 沙门菌诊断血清滴至无菌玻片上, 与 1 接种环菌苔混匀, 若 10 秒钟内出现凝集颗粒, 判定为血清凝集阳性。依次进行 O 抗原凝集、H1 相抗原凝集和 H2 相抗原凝集,

根据《沙门菌属血清型诊断》^[6], 确定沙门菌的血清型。47 株沙门菌检出 8 种血清型, 分别为肠炎沙门菌 23 株, 鼠伤寒沙门菌 14 株, 阿贡纳沙门菌 4 株, 汤普逊沙门菌 2 株, 巴雷利沙门菌, 圣地亚哥沙门菌, 病牛沙门菌, 纽波特沙门菌各 1 株。

2.3.2 PFGE 分型

选用 *Xba*I 限制性内切酶对实验用沙门菌株和 H9812 进行酶切, 酶切条件: 37 $^{\circ}$ C, 3 h。电泳参数: 其实转换时间(initial switch time): 2.2 s, 最终转换时间(final switch time): 63.8 s, 电场强度(voltage gradient): 6 V/cm, 脉冲夹角(included angle): 120 $^{\circ}$, 转化时间变化因子(ramping factor): 线性(linear), 电泳温度: 14 $^{\circ}$ C, 电泳时间: 19 h。使用 450 mL 灭菌去离子水和 50 mL 的 1 mol/L 的氯化钠溶液, 加入 150 μ L GelRed 原液, 配制成 GelRed 染液。电泳结束后, 用 GelRed 染液染色 30 min, 灭菌去离子水脱色 45 min。采用凝胶成像系统获取图像。PFGE 图像导入 Bio Numerics 7.6 软件, 设置 Dice 相关系数为 1.5%, 选择非加权组平均法, 设置条带位置差异容许度为 1.5%, 进行聚类分析, 分型标准参考文献^[7], 相似度 100%认为是同一 PFGE 带型。

2.3.3 药敏实验

采用微量肉汤稀释法对最低抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC 值)进行测定。将沙门菌株转种营养琼脂平板, 37 $^{\circ}$ C 培养 18 h, 混悬于药敏接种水中, 制成 0.5 麦氏单位悬液, 移取 60 μ L 菌悬液至药敏肉汤液中, 上下颠倒混匀后, 接种到药敏检测微孔板中, 每孔 100 μ L, 阴性对照孔加 100 μ L 无菌药敏肉汤液。药敏检测微孔板上包被氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、四环素、氯霉素、复方磺胺甲噁唑、头孢唑啉、头孢噻肟、头孢他啶、头孢西丁、庆大霉素、亚胺培南、萘啶酸、阿奇霉素、磺胺异噁唑、环丙沙星、阿莫西林/克拉维酸、多黏菌素 E、多黏菌素 B、米诺环素、阿米卡星、氨基糖苷、头孢吡肟、美罗培南、左氧氟沙星、卡那霉素、链霉素, 共 27 种药物。同时用大肠埃希氏菌 ATCC 25922 作为质控菌株。将药敏板放至 36 $^{\circ}$ C 温箱, 孵育 18 h, 后判读结果。药敏检测微孔板浑浊孔, 为该药物在此浓度下不能抑制细菌生长, 计为耐药; 清亮孔, 为该药物在此浓度下可以抑制细菌生长, 计为敏感。全自动细菌药敏接种判读仪判读时, 以每种药物清亮孔数计数药敏实验结果(若发生跳孔, 则重复实验)。药敏实验结果判定及抗生素药物选择, 按照美国临床实验室标准化研究所(CLSI)2020 年出版的临床微生物实验室标准^[8], 关于肠道菌群药物使用规则及折点进行参考选择。

2.3.4 统计学方法

应用 SPSS19.0 统计软件进行数据分析, 率的比较采用 χ^2 检验, 以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

3 结果与分析

3.1 样本信息

本研究中的 47 株沙门菌分离自 2019 年北京市朝阳区某儿童医院因腹泻就诊的 47 名 10 岁以下患儿的粪便标本, 其中男性患儿 34 人, 女性患儿 13 人; 年龄分布 0~3 岁患儿 28 人, 3~5 岁患儿 15 人, 5~10 岁患儿 4 人。

47 株沙门中鉴定出 8 种血清型, 其中肠炎沙门 23 株, 占 48.94%; 鼠伤寒沙门菌 14 株, 占 29.79%, 属于优势菌株。其他为阿贡纳沙门菌 4 株, 8.51%; 汤普逊沙门菌 2 株, 占 4.26%; 巴雷利沙门菌, 圣地亚哥沙门菌, 病牛沙门菌, 纽波特沙门菌各 1 株, 各占 2.13%。

3.2 耐药性分析

47 株沙门菌对磺胺异恶唑耐药率最高, 达到 57.45%, 其次为氨苄西林, 为 48.94%。不同血清型的沙门菌耐药率有差别, 肠炎沙门菌对萘啶酸的耐药率最高, 23 株肠炎沙门菌中有 19 株产生耐药, 耐药率达到 82.61%; 其次为氨苄西林, 23 株肠炎沙门菌中有 15 株产生耐药, 耐药率为 65.22%。鼠伤寒沙门菌对磺胺异恶唑和米诺环素的耐药率最高, 14 株鼠伤寒沙门菌中有 12 株对这 2 种药物产生耐药, 耐药率达到 85.71%; 其次是多西环素和四环素, 14 株鼠伤寒沙门菌中有 11 株对这 2 种药物耐药, 耐药率为 78.75%。本次实验中沙门菌对抗菌药物的耐药谱, 见图 1。

本次实验中检出的 8 种血清型的沙门菌, 对头孢他啶, 头孢吡肟, 亚胺培南, 多粘菌素 B, 美罗培南, 氨基糖苷, 左氧氟沙星均敏感, 47 株沙门菌中仅有 1 株肠炎沙门菌对头孢噻肟耐药。头孢噻肟、头孢他啶为三代头孢, 头孢吡肟为四代头孢, 亚胺培南、多粘菌素 B、美罗培南为碳青霉烯类, 氨基糖苷属于单环内酯类, 左氧氟沙星为四代喹诺

酮。沙门菌对三代头孢, 四代头孢, 碳青霉烯类, 四代喹诺酮等广谱杀菌的抗菌药物, 以及单酰胺环类的新型内酰胺类抗菌素, 均较为敏感。但碳青霉烯类和喹诺酮类药物后天耐药发展很快, 需及时监测细菌的耐药性变化, 合理规范用药, 减少耐药的发生。

本次实验中检出的血清型圣地亚哥沙门菌, 病牛沙门菌, 纽波特沙门菌对 27 种药物均敏感。这 3 种血清型的沙门菌在日常监测中, 检出率较低, 较少感染人体, 因此抗菌药物对其作用不多, 尚没有引起后天耐药的情况。47 株沙门菌中, 32 株存在多重耐药的情况, 如表 1 其中鼠伤寒沙门菌多重耐药 13 株, 肠炎沙门菌多重耐药 18 株, 其他血清型中仅 1 株巴雷利沙门菌存在多重耐药的情况。经 χ^2 检验, 以鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌血清型为优势血清型, 其他血清型为非优势血清型, 优势血清型与非优势血清型沙门菌的多重耐药情况的差异有显著的统计学意义 ($\chi^2=16.629, P<0.05$), 显示沙门菌的多重耐药与优势血清型有关。

3.3 PFGE 指纹图谱分析

对 47 株沙门菌株进行 PFGE 指纹图谱分型, 共获得 31 种带型。其中 23 株肠炎沙门菌, 带型相似度较高, 8 种带型, 相似度为 82.69%~100.0%。14 株鼠伤寒沙门菌株的 PFGE 带型较为分散, 获得 13 种带型, 相似度为 73.81%~100%; PFGE 指纹图谱聚集性与血清型有很高的关联性。23 株肠炎沙门菌 PFGE 聚类分析见图 2, 23 株肠炎沙门菌分为 8 种带型, 条带相似度高, 不同带型也仅有一到两个条带的差异, 这与肠炎沙门菌以往的文献研究^[9]结果相同。14 株鼠伤寒沙门菌 PFGE 聚类分析见图 3, 14 株鼠伤寒沙门菌分为 13 种带型, 带型差异较肠炎沙门菌大。带型相同的菌株同源性高, PFGE 分子分型研究有助于对鼠伤寒沙门菌污染的食源性疾患溯源。

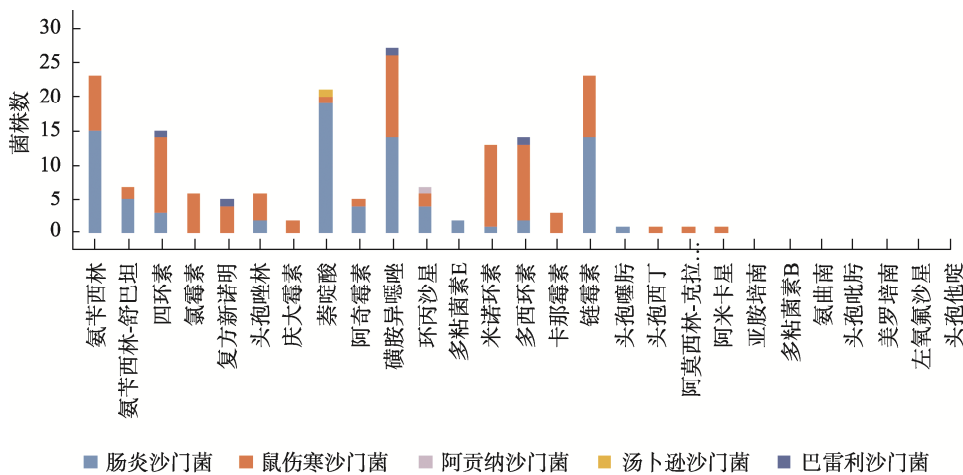


图 1 沙门菌耐药谱分析
Fig.1 Analysis of *Salmonella* resistance spectrum

表 1 优势血清型与非优势血清型沙门菌的多重耐药(株)
Table 1 Multiple drug resistance of *Salmonella* serotypes and non-dominant serotypes (strains)

	多重耐药	非多重耐药
优势血清型	31	7
非优势血清型	1	8

注: $\chi^2=16.629, P=0.00005$ 。

4 结论与讨论

本研究 47 例沙门菌, 分为 8 种血清型, 优势血清型为肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌, 与历年来朝阳区食源性沙门菌主要血清型一致, 也与我国其他地区, 引起食源性腹泻的沙门菌优势血清型一致^[10,11], 对监测朝阳区沙门菌血清学的流行病学特征和变化有重要意义, 对儿童食源性腹泻疾病的预防和控制有重要意义。

抗生素是治疗细菌感染的食源性腹泻的基本药物, 但近年来细菌的耐药问题越来越严重。本次研究中对 47 株沙门菌的药敏研究结果表明, 朝阳区沙门菌的耐药情况

十分严峻, 尤其是优势血清型 23 株肠炎沙门菌, 对 12 种药物有不同程度的耐药, 其中对萘啶酸, 氨苄西林, 磺胺异噁唑, 链霉素的耐药性均达到 60%以上, 其中肠炎沙门菌对一代喹诺酮类药物萘啶酸的耐药率最高, 表明朝阳区沙门菌对喹诺酮类药物的耐药情况较为严重。而另一优势血清型鼠伤寒沙门菌的耐药情况同样不容乐观。14 株鼠伤寒沙门菌对磺胺异噁唑, 链霉素和四环素类药物耐药严重, 其中磺胺异噁唑和米诺环素耐药率高达 80%。提示四环素类, 一代喹诺酮类, 一代头孢以及磺胺类药物已不适用于沙门菌感染的治疗^[12]。而沙门菌对三代头孢, 四代头孢, 碳青霉烯类, 单环内酯类以及四代喹诺酮等新型广谱类的抗生素耐药率低, 可用于肠道感染沙门菌的治疗。

多重耐药指的是对三类或三类以上的抗菌药物同时出现耐药的情况, 多重耐药的出现增加了治疗的难度, 使感染的发病率上升^[13]。鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌的多重耐药情况严重, 可能与患者自行用药, 没有按医生指导的时间用药等原因导致的抗生素不规范使用有关。而非优势血清型中的巴雷利沙门菌的多重耐药, 可能与耐药基因间的水平传递有关。新型抗生素在临床使用过程中, 需进行细菌的耐药性分析, 合理规范用药, 提高治疗效果。

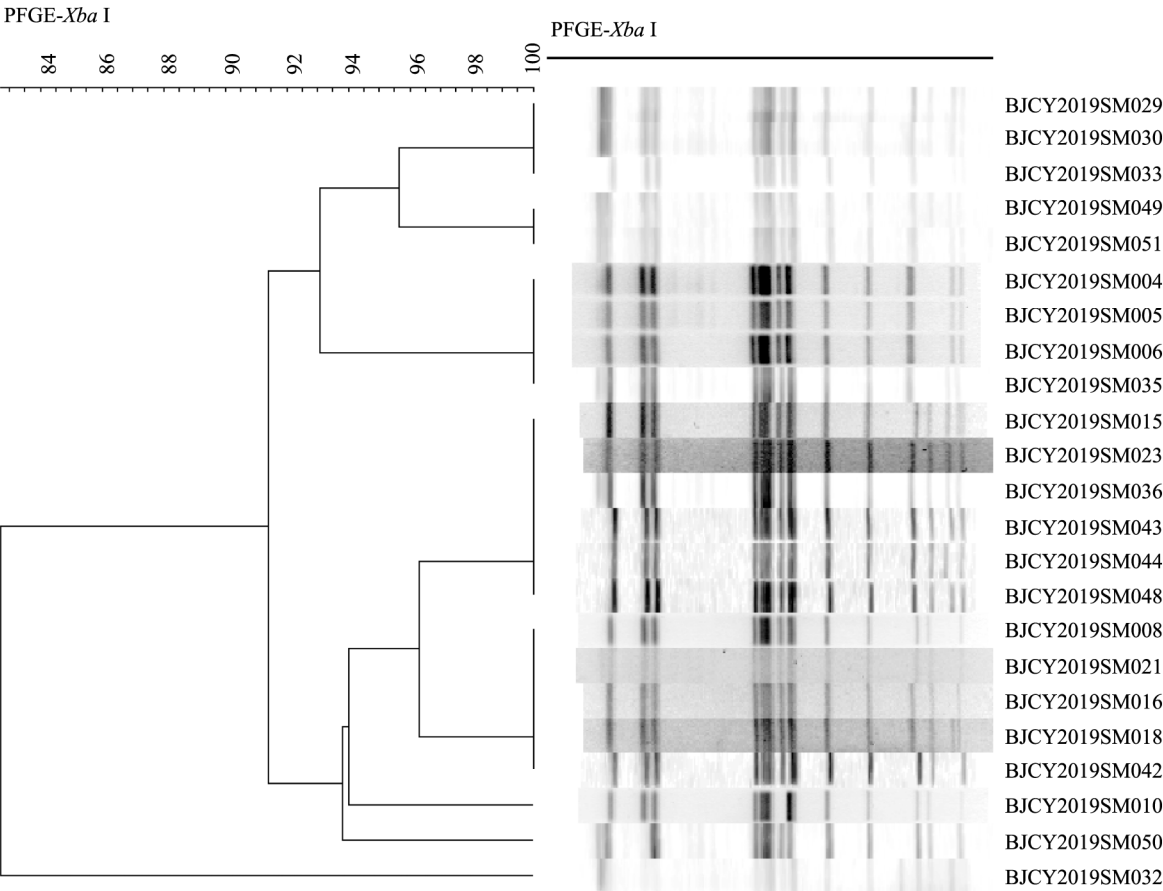


图 2 23 株肠炎沙门菌 PFGE 聚类结果
Fig.2 PFGE clustering results of 23 *Salmonella enteritis* strains

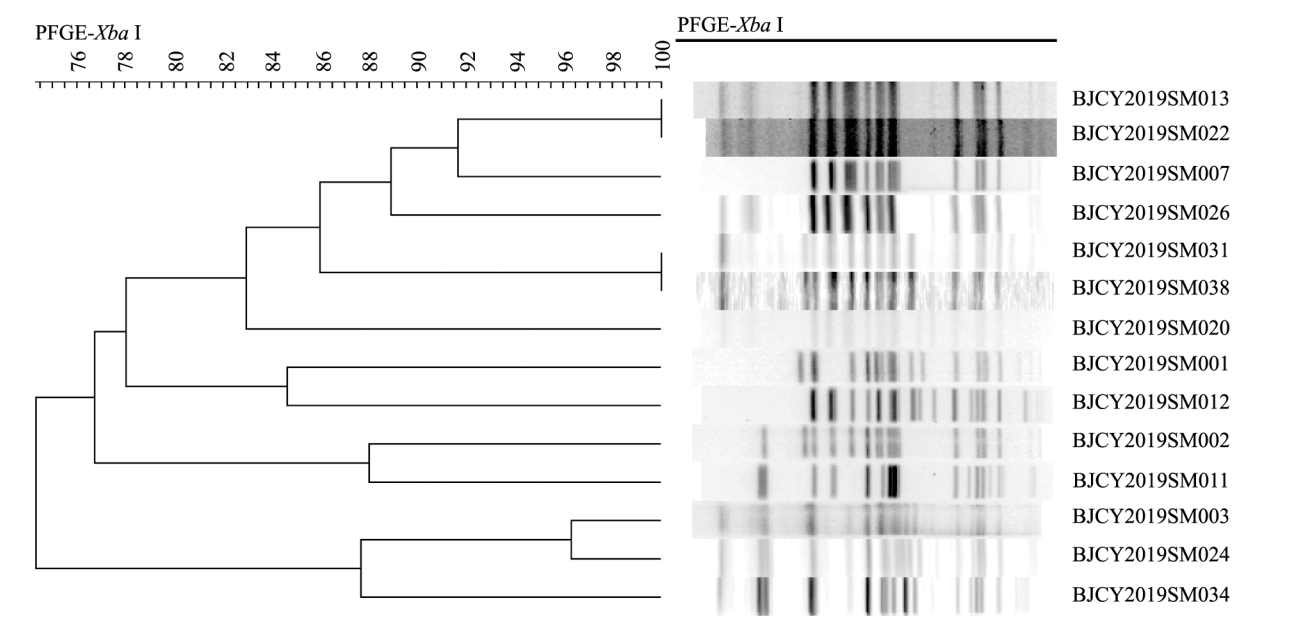


图 3 14 株鼠伤寒沙门菌 PFGE 聚类结果
Fig.3 PFGE clustering results of 14 *Salmonella typhimurium* strains

PFGE 分子分型近年来广泛用于细菌分子流行病学研究,具有重复性好,分辨率高,结果稳定可靠和易于标准化的特点。本次研究结果表明,同一血清型沙门菌的 PFGE 图谱并不完全相同。肠炎沙门菌的 PFGE 图谱聚集性强,具有很高的同源性,这与国内其他省市的相关研究一致^[14-16]。而另一种优势血清型鼠伤寒沙门菌的 PFGE 图谱条带差异较大,存在多样性的特点,这更有利于食源性疾患的溯源分析。此结果与国内其他省市的相关研究相似^[9]。部分 PFGE 指纹图谱相同或相似度高的菌株的耐药表型与 PFGE 带型聚类呈现一致性,如带型相同的鼠伤寒沙门菌 BJCY2019SM13、BJCY2019SM22 均对氨苄西林、西环素、环丙沙星、多西环素、链霉素,米诺环素,磺胺异噁唑耐药,耐药谱完全一致;而 BJCY2019SM31 和 BJCY2019SM38 均显示多重耐药;PFGE 指纹图谱相同的肠炎沙门菌耐药谱基本相同,表明分型相同的菌株可能有相似或相同的耐药谱,与胡玉琴等^[9]、周兰兰等^[17]的研究结论一致。

在治疗沙门菌感染前,鉴定沙门菌血清型并进行药敏实验,可提高临床治疗的有效性。进行细菌耐药模式的持续性监测,有利于辅助临床的精准用药,从而控制耐药菌株的产生,同时完善朝阳区沙门菌的 PFGE 指纹图谱库,有助于提高本地区儿童沙门菌引起的食源性腹泻爆发的预警能力。

参考文献

[1] Mei Q, Bing L, Xin Z, *et al*. Prevalence and antibiotic resistance of bacterial pathogens isolated from childhood diarrhea in Beijing,

hina(2010-2014) [J]. Gut Pathogens, 2016, 8(1): 1-9.

[2] Murgia M, Bouchrif B, Timinouni M, *et al*. Antibiotic resistance determinants and genetic analysis of *Salmonella enterica* isolated from food in Morocco [J]. J Food Microbiol, 2015, 215: 31-39.

[3] 王伟, 胡豫杰, 徐进, 等. 鼠伤寒沙门菌婴幼儿分离株耐药基因及毒力基因研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(5): 567-575.

Wang W, Hu YJ, Xu J, *et al*. Analysis of antibiotic resistance genes and virulence genes in *Salmonella typhimurium* isolated from fecal samples of children under 5-year old by whole genome sequencing [J]. Chin J Food Hyg, 2016, 28(5): 567-575.

[4] Wijk SJLV, Fricke F, Herhaus L, *et al*. Linear ubiquitination of cytosolic *Salmonella typhimurium* activates NF-kappaB and restricts bacterial proliferation [J]. Nat Microbiol, 2017, 2: 17066.

[5] Kimberlin DW, Brady MT, Jackson MA, *et al*. Red Book: 2015 report of the committee on infectious diseases [R]. Elk Grove Village, IL: American Academy of Pediatrics, 2015.

[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] 沙门菌属血清型诊断[Z]. *Salmonella* serotype diagnosis [Z].

[8] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: 2019 M-100 [S]. 2019.

[9] 胡玉琴, 张乐怡, 李毅, 等. 温州市沙门菌血清型、耐药性和 PFGE 指纹图谱研究[J]. 预防医学, 2019, 6(31): 640-642.

Hu YQ, Zhang LY, Li Y, *et al*. Study on serotype, drug resistance and PFGE fingerprint of *Salmonella* in Wenzhou [J]. Prev Med, 2019, 6(31): 640-642.

[10] 周林, 李静, 徐文健. 首都儿科研究所附属儿童医院门诊感染性腹泻患儿的细菌病原学分析[J]. 中华检验医学杂志, 2019, 5(42): 359-364.

- Zhou L, Li J, Xu WJ, *et al.* Analysis of bacterial etiology of the outpatients with infectious diarrhea in the children's hospital capital institute of pediatrics [J]. *Chin J Lab Med*, 2019, 42(5): 359–364.
- [11] 曲梅, 黄瑛, 吕冰, 等. 北京市肠道门诊腹泻儿童沙门菌感染状况和耐药性分析[J]. *现代预防医学*, 2017, 44(22): 4091–4095.
- Qu M, Huang Y, Lv B, *et al.* Analysis on characteristic and drug resistance of *Salmonella* infection among diarrheal children from intestinal clinics in Beijing [J]. *Mod Prev Med*, 2017, 44(22): 4091–4095.
- [12] 赵夜, 林菁, 赖宗乐. 小儿复杂型鼠伤寒沙门菌感染治疗特点及药敏结果分析[J]. *中国医学创新*, 2020, 17(15): 121–125.
- Zhao Y, Lin J, Lai ZL. Treatment characteristics and drug sensitivity analysis of complex *Salmonella typhimurium* infection in children [J]. *Med Innov China*, 2020, 17(15): 121–125.
- [13] 赵峻英, 董剑, 杨静, 等. 多重耐药菌的医院感染状况及耐药性分析[J]. *中国实验诊断学*, 2018, 22(10): 46–50.
- Zhao JY, Dong J, Yang J, *et al.* The analysis of hospital infections and drug resistance of multidrug-resistant bacteria [J]. *Chin J Lab Diagn*, 2018, 22(10): 46–50.
- [14] 马景宏, 张眉眉, 马妮, 等. 辽宁食源性沙门菌血清型、耐药谱及 PFGE 分型特征[J]. *中国微生态学杂志*, 2018, 30(3): 268–272.
- Ma JH, Zhang MM, Ma N, *et al.* Serotyping, drug resistance spectrum and PFGE typing of foodborne *Salmonella* isolates in Liaoning [J]. *Chin J Microbiol*, 2018, 30(3): 268–272.
- [15] 李颖, 张爽, 王彦波, 等. 2014-2017 年北京市顺义区腹泻病例中沙门菌流行特征与分子分型特征分析[J]. *疾病监测*, 2018, 33(10): 803–808.
- Li Y, Zhang S, Wang YB, *et al.* Epidemiological and molecular characteristics of *Salmonella* in patients with diarrhea in Shunyi district of Beijing, 2014-2017 [J]. *Dis Surveill*, 2018, 33(10): 803–808.
- [16] 郭凯, 刘晓琳, 王伟栋, 等. 2014-2018 年山东省青岛市腹泻病例中沙门菌分子分型及耐药分析[J]. *疾病监测*, 2020, 35(4): 345–349.
- Guo K, Liu XL, Wang WD, *et al.* Molecular typing and drug resistance of *Salmonella* in diarrhea cases in Qingdao, Shandong, 2014-2018 [J]. *Dis Surveill*, 2020, 35(4): 345–349.
- [17] 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 enteritidis* in Zhuhai from 2015 to 2017 [J]. *Chin J Health Lab Technol*, 2018, 28(13): 1573–1575, 1595.

(责任编辑: 韩晓红)

作者简介



顾琳, 硕士, 主管检验师, 主要研究方向为病原微生物。

E-mail: sdgulin304@126.com



高艳, 博士, 副主任检验师, 主要研究方向为病原微生物。

E-mail: 15101545765@163.com