

研究报告

2020年绍兴市水产品污染与临床病例中副溶血性弧菌相关性分析

何琴芬,陈金堃,张琴超,陈吉铭
(绍兴市疾病预防控制中心,浙江绍兴 312071)

摘要:目的 了解2020年绍兴市副溶血性弧菌水产品分离株和临床分离株的血清型、耐药表型和分子分型特征及其相关性。方法 选取2020年绍兴地区检出的66株以甲鱼和螺类为主的水产品分离株和67株临床分离株,使用玻片凝集法对分离株进行血清分型,采用微量肉汤稀释法测定分离株对9种抗生素的耐药性,采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)法对分离株进行聚类分析。结果 66株水产品分离株分为9个血清群和35种血清型,优势血清型为O2:K28(18.18%,12/66);67株临床分离株分为4个血清群和10种血清型,优势血清型为O3:K6(47.76%,32/67)。水产品分离株对9种测试抗生素存在不同程度的耐药,临床分离株仅对氨苄西林耐药;水产品分离株对氨苄西林耐药率(19.70%,13/66)略高于临床分离株耐药率(11.94%,8/67),且存在2株多重耐药菌株。52株水产品分离株分为51种带型,50个带型簇;63株临床分离株分为32种PFGE带型,17个带型簇;115株水产品分离株和临床分离株分为83种带型,67个带型簇。结论 绍兴市以甲鱼和螺类为主的水产品中副溶血性弧菌血清群复杂多样,临床分离株耐药情况较水产品分离株轻,水产品 and 临床分离株之间分子分型相似度较低,无交叉聚集现象,需进一步扩大水产品监测范围,更加准确地确定污染源,降低由水产品引起的副溶血性弧菌食源性疾病的发生。

关键词:副溶血性弧菌;血清分型;耐药性;脉冲场凝胶电泳

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2023)06-0820-08

DOI:10.13590/j.cjfh.2023.06.004

Correlation analysis of *Vibrio parahaemolyticus* from contaminated aquatic products and clinical cases in Shaoxing in 2022

HE Qinfen, CHEN Jinkun, ZHANG Qinchao, CHEN Jiming

(Shaoxing Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Shaoxing 312071, China)

Abstract: Objective To explore the serotypes, drug-resistance phenotypes, molecular characteristics, and relevance of *Vibrio parahaemolyticus* (Vp) from aquatic and clinical isolates procured in 2020 from Shaoxing. **Methods** A total of 66 aquatic isolates (mainly soft-shelled turtles and spiral shells) and 67 clinical isolates of Vp were collected in 2020 from Shaoxing. Serotype detection was performed using slide agglutination. Drug susceptibility of nine kinds of antibiotics was acquired using the broth microdilution method. Clustering analysis was performed using pulsed field gel electrophoresis (PFGE). **Results** The 66 aquatic isolates were divided into 9 serogroups and 35 serotypes. Moreover, O2:K28 was the dominant serotype, accounting for 18.18% (12/66). The 67 clinical isolates were divided into 4 serogroups and 10 serotypes, and O3:K6 was the dominant serotype, accounting for 47.76% (32/67). The aquatic isolates were resistant to nine kinds of antibiotics at different degrees, while the clinical isolates were only resistant to ampicillin. The resistance rate of aquatic isolates to ampicillin was 19.70% (13/66), which was marginally higher than that of clinical isolates (11.94%, 8/67), with two multidrug-resistant strains. A total of 52 aquatic isolates were divided into 51 band types and 50 band clusters. Moreover, 63 clinical isolates were divided into 32 band types and 17 band clusters. The 115 strains isolated from aquatic and clinical isolates were divided into 83 band types and 67 band clusters. **Conclusion** The Vp serogroups in aquatic isolates from soft-shelled turtles and spiral shells in Shaoxing are complex and diverse. The drug resistance of clinical isolates was lower than that of aquatic isolates. The similarity of molecular typing between aquatic isolates and clinical isolates was low, and there was no cross-aggregation. Therefore, the monitoring scope of aquatic products should be further expanded, the source of pollution more accurately determined, and the occurrence of foodborne

收稿日期:2022-03-21

基金项目:浙江省公共卫生应急检测关键技术重点实验室开放基金资助(2020-02)

作者简介:何琴芬 女 主管技师 研究方向为食品安全风险监测 E-mail:185449314@qq.com

通信作者:陈吉铭 男 工程师 研究方向为食品微生物检验 E-mail:919737915@qq.com

diseases of Vp caused by aquatic products reduced.

Key words: *Vibrio parahaemolyticus*; serotype; drug resistance; pulsedfield gel electrophoresis

副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*, Vp)是一种嗜盐性革兰氏阴性弧菌,广泛存在于海水、淡水、海产品及淡水产品中,是我国沿海地区夏秋季食源性疾病暴发和急性感染性腹泻的主要病原菌之一^[1]。近年来,我国食源性疾病暴发监测网数据显示,微生物性因素引起的食源性疾病暴发事件中副溶血性弧菌引起的事件起数和发病人数位居首位^[2-4]。绍兴地区素有喜食螺类、用甲鱼滋补身体的习惯,然而有关绍兴市水产品(以甲鱼和螺类为主)与腹泻患者中分离的副溶血性弧菌现状及相关性研究报道甚少,本研究主要监测分析2020年绍兴市副溶血性弧菌的血清型分布特点、耐药情况和分子分型特征,比较两种不同来源副溶血性弧菌之间的相关性,为今后副溶血性弧菌食源性疾病的防治提供技术支持。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

收集2020年绍兴地区分离的副溶血性弧菌阳性菌株133株,其中临床分离株67株,主要来自绍兴市食源性疾病主动监测腹泻患者中分离的菌株;水产品分离株66株,主要分离自绍兴市食品风险监测水产品(甲鱼、螺类)。PFGE Marker标准菌株沙门菌H9812由浙江省疾病预防控制中心提供,药敏试验质控菌株大肠埃希氏菌ATCC 25922由美国赛默飞世尔科技公司提供。

1.2 主要仪器与试剂

VITEK-2 Compact全自动细菌鉴定/药敏分析系统(bioMérieux,法国),AIM Vizion微生物药敏分析仪(Thermo,美国),CHEF Mapper型脉冲场凝胶电泳仪(Bio-Rad,美国)、Gel XR型凝胶成像仪(Bio-Rad,美国)。

弧菌显色培养基(科玛嘉),VITEK-2革兰阴性细菌鉴定卡(bioMérieux,法国),革兰阴性需氧菌药敏检测板(Thermo,美国),副溶血性弧菌诊断血清(生研,日本),限制性内切酶*Not* I、*Xba* I(Promega,美国),Seakem Gold Agarose(Lonza,美国)、蛋白酶K(Thermo,美国)。

1.3 菌株分离鉴定与血清学分型

水产品分离株Vp按照GB 4789.7—2013《食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验》进行分离鉴定;临床分离株Vp从磁珠式菌种保藏管中取出并复苏,经VITEK-2 Compact全自动细

菌鉴定/药敏分析系统和VITEK-2革兰阴性细菌鉴定卡进行生化鉴定。使用副溶血性弧菌诊断血清进行血清学分型,灭菌生理盐水做自凝对照。

1.4 药敏试验

采用微量肉汤稀释法进行药物敏感性试验,选取氨苄西林(Ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(Ampicillin/Sulbactam, AMS)、头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、头孢他啶(Ceftazidime, CAZ)、美罗培南(Meropenem, MEM)、四环素(Tetracycline, TET)、复方新诺明(Trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、阿米卡星(Amikacin, AMI)9种抗生素。使用革兰氏阴性需氧菌药敏检测板进行MIC值测定,AIM Vizion微生物药敏分析仪进行结果判读。

1.5 PFGE分型试验

参照《2020年国家食源性疾病监测工作手册》中食源性致病菌脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)标准操作程序对133株副溶血性弧菌进行PFGE分型。副溶血性弧菌分离株选用限制性内切酶*Not* I进行酶切,Marker标准菌株沙门菌H9812选用限制性内切酶*Xba* I进行酶切。PFGE图像上传至国家致病菌识别网信息系统进行聚类分析。

2 结果

2.1 血清学分型

67株临床分离株Vp中,O抗原完全分型率为100%(67/67),分布于4个O群,即O1(5株)、O3(33株)、O4(25株)、O10(4株);K抗原完全分型率为77.61%(52/67),检测出5个K型,即K4(4株)、K6(32株)、K8(14株)、K34(1株)、K56(1株),共鉴定出10种血清型,主要型别为O3;K6(47.76%,32/67),其次为O4;K8(20.90%,14/67)(表1)。

表1 副溶血性弧菌临床分离株血清型分布

O群(菌株数)	构成比/%	血清型(菌株数)
O1(5)	7.46	O1:K4(1)、O1:K56(1)、O1:Kut(3)
O3(33)	49.25	O3:K6(32)、O3:Kut(1)
O4(25)	37.31	O4:K8(14)、O4:K34(1)、O4:Kut(10)
O10(4)	5.97	O10:K4(3)、O10:Kut(1)

66株水产品分离株Vp中,O抗原完全分型率为98.48%(65/66),分布于9个O群,即O1(9株)、O2(19株)、O3(3株)、O4(5株)、O5(8株)、O6(1株)、O8(3株)、O10(7株)、O11(10株);K抗原完全分型率

为 65.15%(43/66),检测出 23 个 K 型,主要为 K17(4 株)、K20(3 株)、K28(12 株),共鉴定出 35 种血清型,主要型别为 O2:K28(18.18%,12/66),其次为 O10:Kut(6.06%,4/66)、O11:Kut(6.06%,4/66)、O1:Kut(6.06%,4/66)、O2:Kut(6.06%,4/66)、O5:K17(6.06%,4/66),仅鉴定出 1 株 O3:K6、1 株 O4:K8(表 2)。

2.2 药敏试验结果

133 株 V_p 药敏试验结果显示,92 株对 9 种测试抗生素存在不同程度的耐药,41 株对所测试抗生

素均敏感(表 3)。临床分离株 V_p 仅对氨苄西林耐药,对其他 8 种测试抗生素敏感;而水产品分离株 V_p 对 9 种抗生素存在不同程度的耐药。133 株 V_p 对氨苄西林的总体耐药率为 15.79%(21/133),其中临床分离株的耐药率为 11.94%(8/67),水产品分离株的耐药率为 19.70%(13/66)。2 株 V_p 耐 3 类及以上抗生素,耐受 β-内酰胺类、氨基糖苷类、磺胺类、喹诺酮类及四环素类五大类抗生素,耐药型别分别为 CTX-CAZ-TET-AMI、AMP-AMS-TET-SXT-CIP,均分离自水产品。

表 2 副溶血性弧菌水产品分离株血清型分布
Table 2 Serotype distribution of V_p from aquatic isolates

O 群(菌株数)	构成比/%	血清型(菌株数)
O1(9)	13.64	O1:K26(1),O1:K32(1),O1:K58(1),O1:K60(2),O1:Kut(4)
O2(19)	28.79	O2:K3(2),O2:K20(1),O2:K28(12),O2:Kut(4)
O3(3)	4.55	O3:K6(1),O3:Kut(2)
O4(5)	7.58	O4:K8(1),O4:K13(1),O4:K34(1),O4:K42(1),O4:Kut(1)
O5(8)	12.12	O5:K15(1),O5:K17(4),O5:K30(1),O5:Kut(2)
O6(1)	1.52	O6:K46(1)
O8(3)	4.55	O8:K20(1),O8:K39(1),O8:Kut(1)
O10(7)	10.61	O10:K24(1),O10:K71(2),O10:Kut(4)
O11(10)	15.15	O11:K20(1),O11:K22(1),O11:K40(1),O11:K46(1),O11:K50(1),O11:K51(1),O11:Kut(4)
Out(1)	1.52	Out:Kut(1)

表 3 副溶血性弧菌药敏检测
Table 3 Drug resistance testing of V_p

抗生素类别	抗生素名称	水产品分离株(菌株数)				临床分离株(菌株数)			
		敏感	中介	耐药	耐药率/%	敏感	中介	耐药	耐药率/%
β-内酰胺类	氨苄西林 AMP	19	34	13	19.70	23	36	8	11.94
	氨苄西林/舒巴坦 AMS	64	1	1	1.52	67	0	0	0.00
	头孢噻肟 CTX	64	1	1	1.52	67	0	0	0.00
	头孢他啶 CAZ	65	0	1	1.52	67	0	0	0.00
	美罗培南 MEM	65	1	0	0.00	67	0	0	0.00
四环素类	四环素 TET	63	0	3	4.55	67	0	0	0.00
磺胺类	复方新诺明 SXT	65	0	1	1.52	67	0	0	0.00
喹诺酮类	环丙沙星 CIP	64	1	1	1.52	67	0	0	0.00
氨基糖苷类	阿米卡星 AMI	65	0	1	1.52	67	0	0	0.00

2.3 PFGE 结果

66 株水产品分离株 V_p 进行聚类分析,共得到 52 个有效图谱,14 株 DNA 降解。52 株菌株的条带相似度为 24.22%~100%,按照 100% 相似度为标准可分为 51 种带型,为 P1~P51,除 P44 包含 2 株菌外,其余带型均为 1 株菌。按照带型相似度大于 85% 为标准可分为 50 个带型簇,为 C1-C50(图 1)。

67 株临床分离株 V_p 进行聚类分析,共得到 63 个有效图谱,4 株降解谱。63 株菌株的条带相似度为 22.11%~100%,按照 100% 相似度为标准可分为 32 种带型,为 P1~P32,每种带型包含 1~10 株菌不等,其中 P11 包含 10 株菌,P18 包含 7 株菌,P19 包含 6 株菌。按照带型相似度大于 85% 为标准可分为 17 个带型簇,为 C1~C17(图 2)。

52 株水产品分离株 V_p 和 63 株临床分离株 V_p

进行聚类分析,115 株菌的条带相似度为 26.08%~100%,按照 100% 相似度为标准可分为 83 种带型,为 P1~P83。按照带型相似度大于 85% 为标准可分为 67 个带型簇,为 C1~C67(图 3)。

3 讨论

2020 年绍兴地区水产品分离株 V_p 与临床分离株 V_p 血清型不一致,且水产品分离株完全分型率(65.15%,43/66)低于临床分离株(77.61%,52/67)。水产品分离株血清型呈多态性分布,有 9 个 O 群、23 个 K 型,共 35 种血清型,优势血清型为 O2:K28。本研究中水产品中仅检出 1 株 O3:K6(分离自花螺),与国外报道在海水、海产品等环境样品中极少检出 O3:K6 相一致^[5],这可能是因为在环境中存在的比例较低,目前的国标定量检测法无

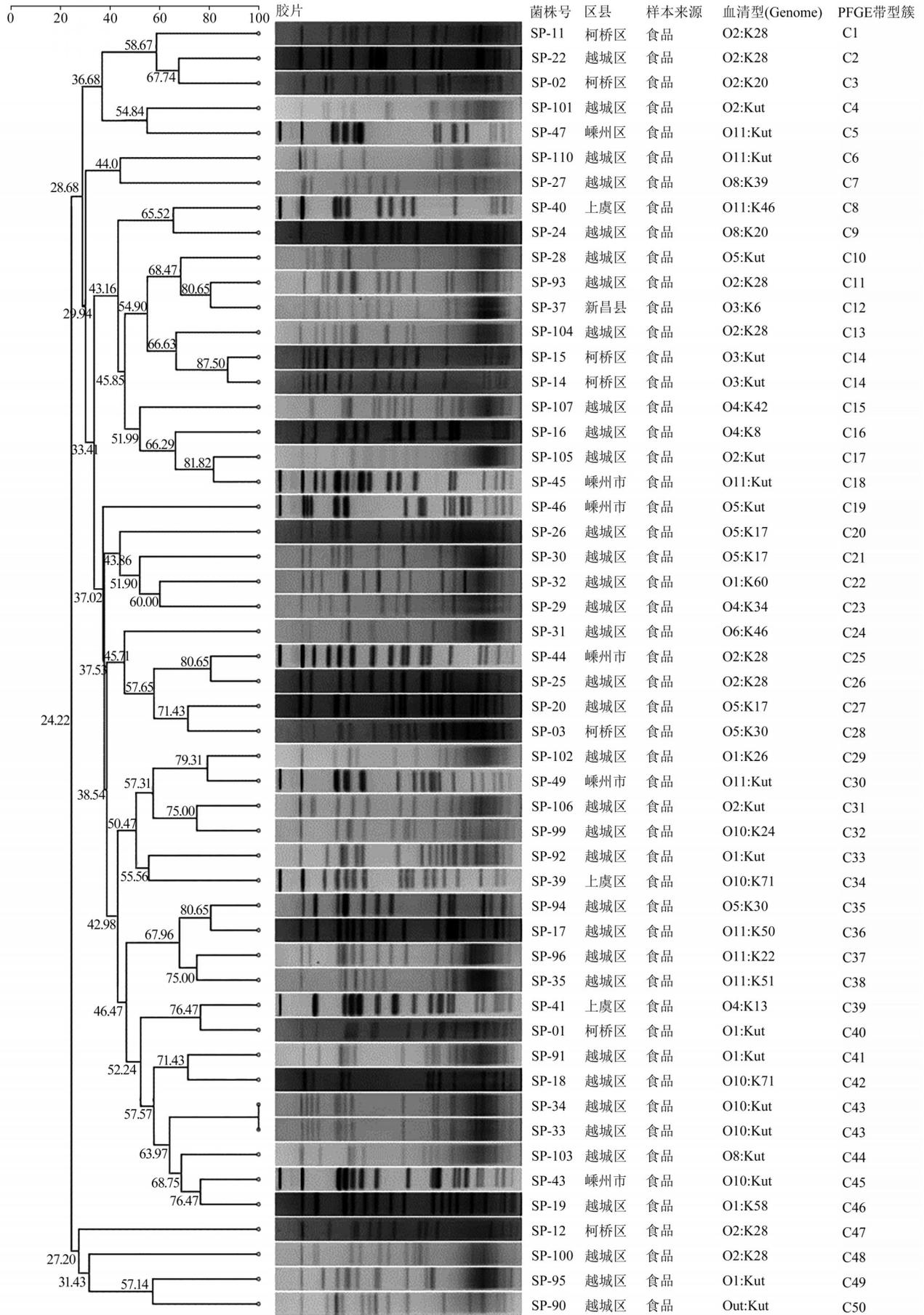


图 1 副溶血性弧菌水产品分离株 PFGE 聚类分析图
Figure 1 PFGE cluster analysis of Vp from aquatic isolates

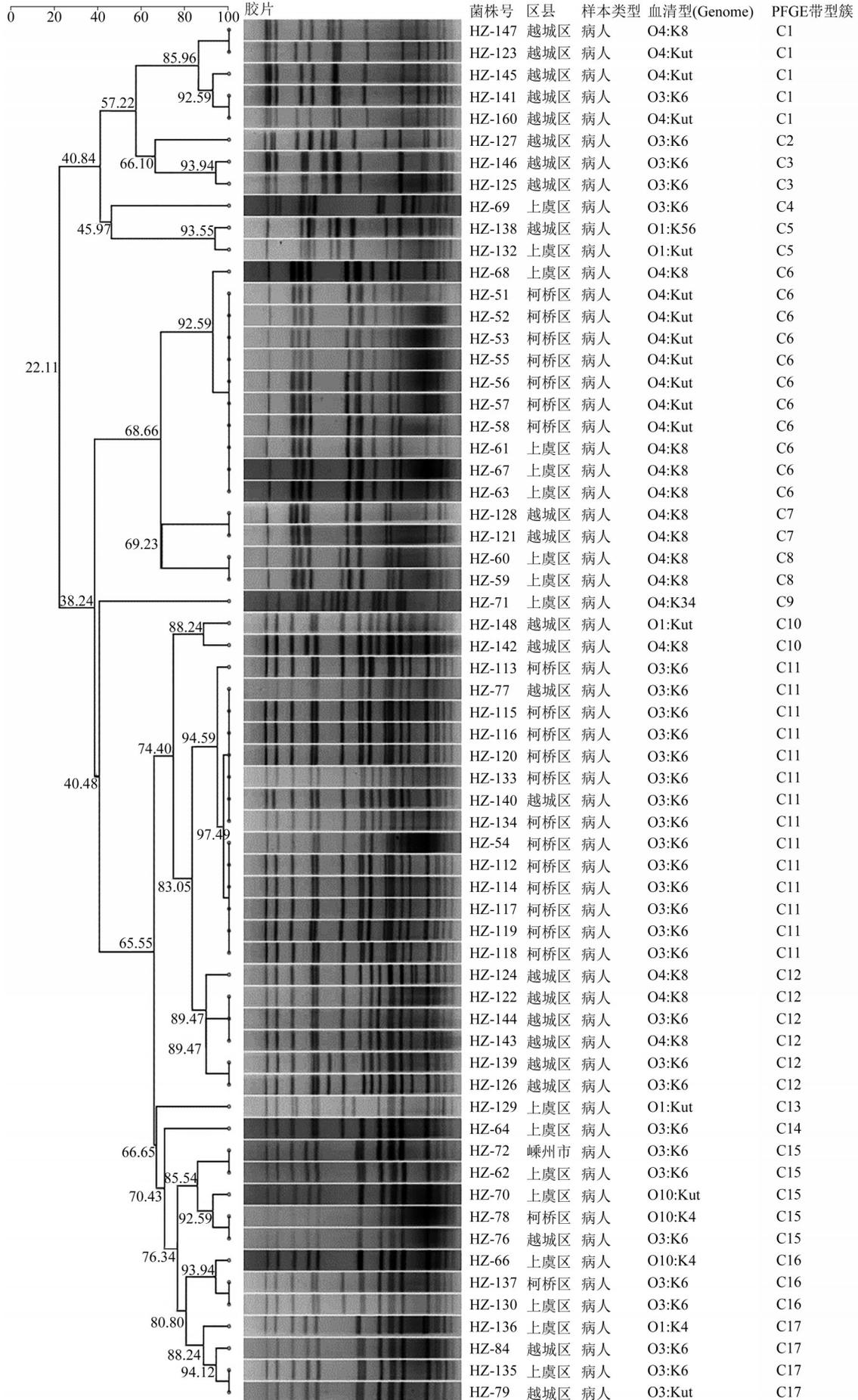


图2 副溶血性弧菌临床分离株PFGE聚类分析图

Figure 2 PFGE cluster analysis of Vp from clinical isolates

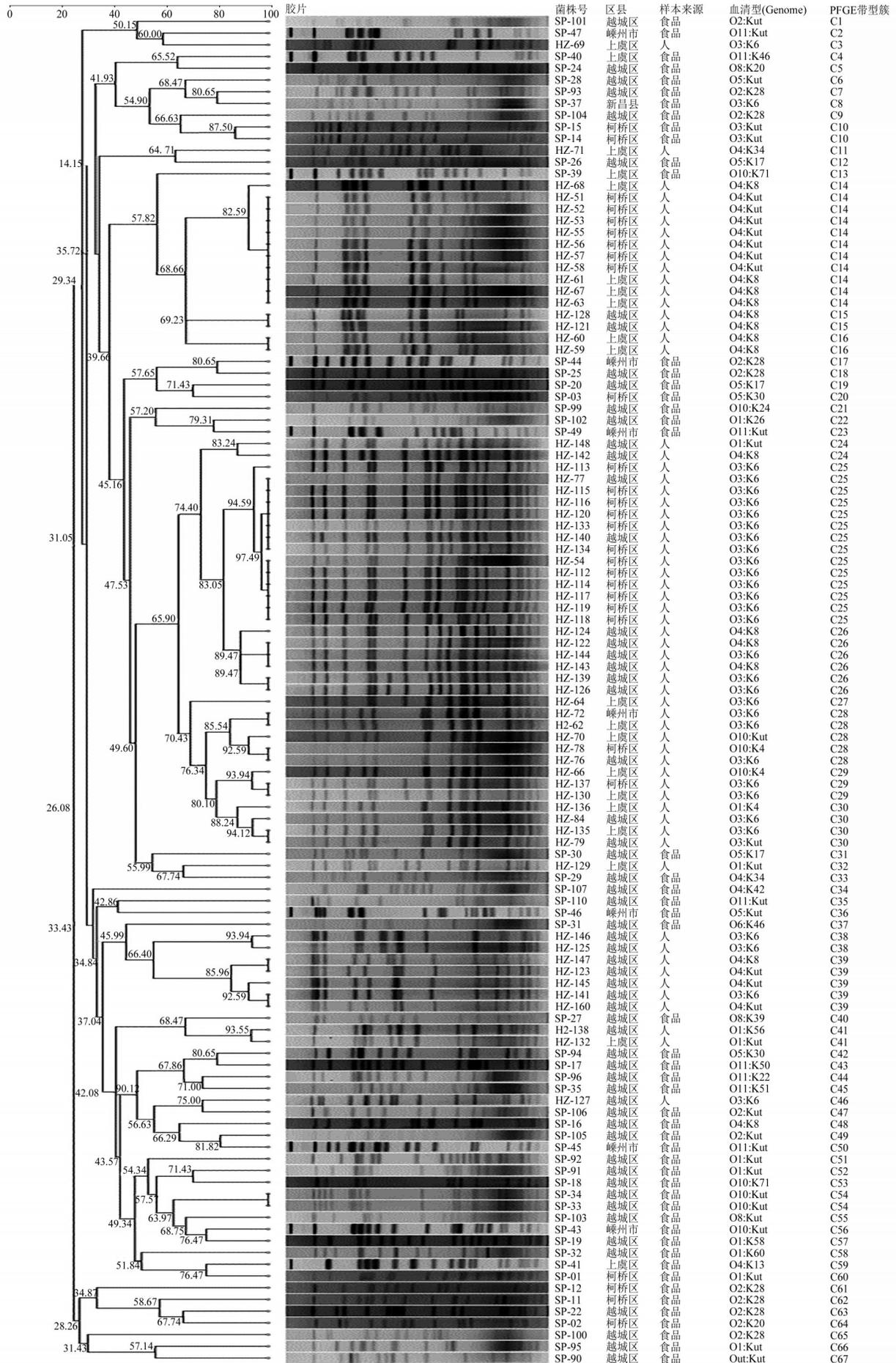


图3 副溶血性弧菌水产品分离株和临床分离株PFGE聚类分析图

Figure 3 PFGE cluster analysis of Vp from aquatic isolates and clinical isolates

法检出,需要高灵敏度的检测技术分离 O3:K6^[6]。临床分离株血清型呈相对集中分布,有 4 个 O 群、5 个 K 型,共 10 种血清型,优势血清型为 O3:K6,与国内外的报道一致^[7-8]。

有文献报道 O1、O2、O3、O4、O5 这 5 种血清型 V_p 均可引起食物中毒,其中 O3、O4 属暴发型,O1、O2、O5 属散发型^[9]。在本研究中水产品分离株血清型 O1、O2、O5 (54.55%, 36/66), O3、O4 (12.12%, 8/66) 比例高,表明绍兴市市售水产品(甲鱼、螺类)存在引起副溶血性弧菌食源性疾病的潜在风险。

药敏结果显示,临床分离株耐药现象较水产品轻,仅对氨苄西林耐药(11.94%, 8/67),对其余 8 种抗生素均敏感,此结果与其他地区 V_p 耐药性结果存在差异,远低于合肥市临床分离株 V_p 对氨苄西林的耐药率(84.1%)、苏州市病患分离株 V_p 对氨苄西林的耐药(88.98%)及湖州市临床分离株 V_p 对氨苄西林的耐药(49.2%),提示绍兴地区目前可供临床选择的抗生素种类较多,但临床治疗上仍应谨慎合理用药,避免抗生素药物的滥用,减少耐药性副溶血性弧菌的产生^[10-12]。

PFGE 分子分型结果显示,水产品分离株 PFGE 型别多而分散,52 株菌株分为 51 种带型,分属于 50 个带型簇,各簇之间相似度 24.22%~100.00%,呈高度散发态势,根据 TENOVER 等^[13]原则判断菌株间关系,提示这些水产品中副溶血性弧菌亲缘性较低,存在不同的污染源。本研究中 66 株水产品分离株中 14 株未能得到电泳条带,可能与其分离来源的环境复杂性有关。另外,在水产品分离株中发现两组相似度大于 85% 的带型簇,分别为 C14 和 C43。C43 中的 SP-33 和 SP-34 采样时间为同一天,分别分离自超市的淡水产品(螺蛳)与农贸市场的海水产品(花螺),带型完全相同,且有相同的耐药表型(全敏感)、血清型(O10:Kut),表明两株 V_p 高度同源;C14 中的 SP-14 和 SP-15 采样时间为同一天,分别分离自农贸市场与酒店的淡水产品(甲鱼),相似度为 87.50%,有相同的耐药表型(AMP 中介)、血清型(O3:Kut),表明其存在相近的亲缘关系。淡水产品中副溶血性弧菌的污染主要来源于销售加工环节的污染,提示可能存在相同的污染源或相同的进货渠道,应加强对以上环节的监督检测,确保消费者的健康安全^[14]。

临床分离株相对于水产品分离株,其相似度较高,63 株菌得到了 32 种带型,分为 17 个带型簇,说明临床流行的菌株间亲缘关系更为密切,与严伟等^[15]的报道结果相似。临床分离株中带型相同的有 13 组。P23 含 10 株菌,其中 7 株菌分别为 HZ-

51、HZ-52、HZ-53、HZ-55、HZ-56、HZ-57、HZ-58,发病时间、就诊医院、血清型一致,另外 3 株菌 HZ-61、HZ-67、HZ-63 发病时间相近(≤30 d),就诊医院、血清型一致,提示存在副溶血性弧菌食源性疾病暴发的可能性。这些带型相同的病患之间是否存在流行病学间的必然联系,需要进一步追踪调查。对于同一克隆系的菌株进行跟踪调查,有利于提高发现疾病暴发的能力,实现预警的功能^[16]。

本文对 115 株两种来源的 V_p 进行聚类,共得到 83 种带型,反映了绍兴地区副溶血性弧菌的 PFGE 型别较多,呈多样性分布。水产品分离株与临床分离株之间同源性较低(最高 75.00%),说明水产品(甲鱼、螺类)不是直接引起本地副溶血性弧菌食源性疾病的食品来源,提示本地区今后应调整水产品的监测范围。值得关注的是,同一血清型存在不同的 PFGE 带型,如 33 株 O3:K6 菌株分属 16 个带型,15 株 O4:K8 菌株分属 9 个带型;同一耐药表型有不同的 PFGE 带型,如 22 株耐氨苄西林有不同的带型;同一 PFGE 带型和血清型有不同的耐药表型,如 P11 型中血清型均为 O4:Kut 的 HZ-52(AMP 耐药)和 HZ-53(AMP 中介);同一 PFGE 带型和耐药表型有着不同的血清型,如 P11 型中耐 AMP 的 HZ-61(O4:K8)、HZ-52(O4:Kut)等。表明副溶血性弧菌血清分型、耐药表型与 PFGE 带型之间均无特殊关联性,可能与本地 V_p 耐药单一且较轻有关,提示在腹泻病原检测和食品检测中应考虑多种可能性,同一血清型副溶血性弧菌可能不是同一菌株,应挑取多个疑似菌落,提高致病菌检出率^[17]。

综上所述,市售水产品(甲鱼、螺类)不是直接引起绍兴地区副溶血性弧菌食源性疾病的高危食品,提示今后本市应健全水产品的监测范围,并持续关注食品来源和食源性腹泻患者来源副溶血性弧菌的相关性,建立副溶血性弧菌的实时监测,掌控其流行规律,以期提高本市副溶血性弧菌食源性疾病的防控,保障我市食品安全。绍兴地区临床分离株 V_p 耐药情况较水产品分离株 V_p 轻,但仍应对副溶血性弧菌的耐药性持续关注,以期精准治疗。

参考文献

- [1] 钟凌,蔡茂荣,张丽蓉,等.漳州市食源性副溶血性弧菌生物学和分子流行病学特征分析[J].预防医学情报杂志,2020,36(12):1616-1620,1628.
ZHONG L, CAI M R, ZHANG L R, et al. Biological and molecular epidemiological characteristics of foodborne *Vibrio parahaemolyticus* in Zhangzhou [J]. Journal of Preventive Medicine Information, 2020, 36(12): 1616-1620, 1628.
- [2] 毛雪丹,胡俊峰,刘秀梅.2003—2007年中国1060起细菌性

- 食源性疾病流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2010, 22(3): 224-228.
- MAO X D, HU J F, LIU X M. Epidemiological characteristics of bacterial foodborne disease during the year 2003—2007 in China [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2010, 22(3): 224-228.
- [3] 李薇薇, 郭云昌, 刘志涛, 等. 2016年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(1): 86-91.
- LI W W, GUO Y C, LIU Z T, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2016[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(1): 86-91.
- [4] 李红秋, 郭云昌, 宋壮志, 等. 2019年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(6): 650-656.
- LI H Q, GUO Y C, SONG Z Z, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China in 2019[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(6): 650-656.
- [5] WAGLEY S, KOOFHETHILE K, WING J B, et al. Comparison of *V. parahaemolyticus* isolated from seafoods and cases of gastrointestinal disease in the UK [J]. International Journal of Environmental Health Research, 2008, 18(4): 283-293.
- [6] 段永翔, 鞠长燕, 刘李, 等. 2006—2008年深圳市食源性病例和外环境的副溶血性弧菌分离株分型特征比较[J]. 微生物学报, 2011, 51(4): 518-523.
- DUAN Y X, JU C Y, LIU L, et al. Characterization of *Vibrio parahaemolyticus* obtained from environment and cases of foodborne disease in Shenzhen, during 2006—2008[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2011, 51(4): 518-523.
- [7] 胡元玮, 吴斌, 方琼楼. 金华市水产品与腹泻患者副溶血性弧菌相关性分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2021, 31(22): 2725-2727.
- HU Y W, WU B, FANG Q L. Analysis on correlation between *Vibrio parahaemolyticus* in diarrhea patients and aquatic products in Jinhua city[J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2021, 31(22): 2725-2727.
- [8] NAIR G B, RAMAMURTHY T, BHATTACHARYA S K, et al. Global dissemination of *Vibrio parahaemolyticus* serotype O3: K6 and its serovariants[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2007, 20(1): 39-48.
- [9] 吴青, 韩海红, 余东敏, 等. 北京市水产品污染与感染病例中副溶血性弧菌血清型和毒力基因型的比较研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2015, 27(4): 363-367.
- WU Q, HAN H H, YU D M, et al. Comparative study of serotypes and virulence genes of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from contaminated aquatic products and infection cases in Beijing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2015, 27(4): 363-367.
- [10] 王小龙, 张梦寒, 朱莉勤, 等. 2016—2019苏州市副溶血性弧菌的毒力基因和耐药性及分子分型研究[J]. 现代预防医学, 2020, 47(21): 3975-3980.
- WANG X L, ZHANG M H, ZHU L Q, et al. Virulence gene, drug resistance, molecular typing of *Vibrio parahaemolyticus* in Suzhou, 2016-2019[J]. Modern Preventive Medicine, 2020, 47(21): 3975-3980.
- [11] 刘了了, 方正, 钱玉春, 等. 合肥市2014—2019年副溶血性弧菌临床分离株病原学特征及耐药研究[J]. 安徽预防医学杂志, 2021, 27(3): 183-185, 252.
- LIU L L, FANG Z, QIAN Y C, et al. Pathogenic characteristics and drug resistance of clinical isolates of *Vibrio parahaemolyticus* in Hefei city from 2014 to 2019[J]. Anhui Journal of Preventive Medicine, 2021, 27(3): 183-185, 252.
- [12] 沈月华, 严伟, 朱晓娟, 等. 65株副溶血性弧菌分子分型及耐药特征分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2020, 30(8): 931-933, 940.
- SHEN Y H, YAN W, ZHU X J, et al. Molecular typing and drug resistance characteristics of 65 strains of *Vibrio arahaemolyticus* [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2020, 30(8): 931-933, 940.
- [13] TENOVER F C, ARBEIT R D, GOERING R V, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: Criteria for bacterial strain typing[J]. Journal of Clinical Microbiology, 1995, 33(9): 2233-2239.
- [14] 陈鸿鹄, 张云怡, 占利, 等. 2014年浙江省淡水动物性水产品中致病性弧菌污染来源分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2018, 28(15): 1902-1906.
- CHEN H H, ZHANG Y Y, ZHAN L, et al. Sources of pathogenic *Vibrio* spp. contaminations in freshwater products in Eastern China [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2018, 28(15): 1902-1906.
- [15] 严伟, 沈月华, 徐德顺. 2019年浙江省湖州市副溶血性弧菌病原学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(1): 74-78.
- YAN W, SHEN Y H, XU D S. Etiologic characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* stains in Huzhou of Zhejiang in 2019[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(1): 74-78.
- [16] 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. Epidemiological characteristics and molecular typing of *Salmonella* in Beijing from 2008 to 2009[J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2011, 45(2): 113-117.
- [17] 姚素霞, 郝瑞娥, 张秋香, 等. 山西省肠炎沙门菌耐药分析与分子分型研究[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2018(7): 505-509.
- YAO S X, HAO R E, ZHANG Q X, et al. Characteristics of drug resistance and molecular typing of *Salmonella enteritidis* isolated in Shanxi province[J]. Chinese Journal of Microbiology and Immunology, 2018(7): 505-509.