

论著

福建省 1975—2021 年沙门菌血清型分布和表型特征

陈建辉^{1,2}, 刘玥³, 邱玉峰^{1,2}, 黄梦颖^{1,2}, 罗朝晨^{1,2}, 徐海滨^{1,2}, 阚乃鹏^{1,2}, 翁顺太^{1,2}, 许学斌³

(1. 福建省疾病预防控制中心 福建省人兽共患病研究重点实验室, 福建 福州 350012; 2. 福建省预防医学研究院, 福建 福州 350012; 3. 上海市疾病预防控制中心病原生物检定所, 上海 200336)

摘要:目的 回顾分析 1975—2021 年福建省人源和非人源沙门菌的血清型和表型特征。方法 收集 1975—2021 年福建省内临床、健康从业者、流通生鲜食品和环境中的沙门菌株, 使用世界卫生组织推荐沙门菌血清分型方法, 基于全基因组测序的两种预测软件比对血清型及变种, 使用生化组合和飞行质谱辅助鉴定同抗原式、不同菌型或表型变异菌型。结果 4 693 株人源和非人源沙门菌分布于含 4 个亚种的 21 个血清群(病人源 18 个、健康携带源 9 个、食品源 17 个、环境源 8 个); 甲型副伤寒、伤寒、肠炎、猪霍乱、鼠伤寒、罗森和斯坦利是 30 个肠外侵袭血清型中的优势型; 除伤寒、甲型副伤寒和乙型副伤寒外的沙门菌血清型有 96 个(病人源 63 个、健康携带源 51 个、食品源 60 个、环境源 20 个), 临床前 10 位菌型为鼠伤寒、伤寒、肠炎、德比、斯坦利、甲型副伤寒、鸭、韦太夫雷登、罗森、伦敦; 食品源前 10 位菌型为鸭、德比、鼠伤寒、斯坦利、韦太夫雷登、纽波特、肠炎、汤卜逊、阿贡纳、伦敦; 确认 14 个血清型(包括 10 个双相菌和 4 个单相菌)存在单相变种; 证实多个血清型存在硫化氢阴性、发酵乳糖或蔗糖、菌落黏液型和产色素型等表型变异现象。结论 福建省沙门菌血清型具有生物多样性与多元化特征, 侵袭性病例渐以非伤寒沙门菌为优势, 实验室应加强沙门菌的单相变种和表型变异的识别能力, 并针对生态行为传染病分散暴发疫情的宠物与环境的溯源。

关键词:沙门菌血清型; 单相变种; 生物多样性; 生态行为传染病; 溯源

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2023)09-1249-09

DOI: 10.13590/j.cjfh.2023.09.001

Distribution and phenotypic characteristics of *Salmonella* serotype from 1975 to 2021 in Fujian Province

CHEN Jianhui^{1,2}, LIU Yue³, QIU Yufeng^{1,2}, HUANG Mengying^{1,2}, LUO Chaochen^{1,2}, XU Haibin^{1,2}, KAN Naipeng^{1,2}, WENG Shuntai^{1,2}, XU Xuebin³

(1. Fujian Center for Disease Control and Prevention Fujian Key Laboratory for Zoonosis Research, Fujian Fuzhou 350012, China; 2. Fujian Institute of Preventive Medicine, Fujian Fuzhou 350012, China; 3. Division of Pathogen Testing and Analysis, Shanghai Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China)

Abstract: Objective This study aimed to analyze the serotype and phenotype of human and non-human sourced *Salmonella* from 1975 to 2021 in Fujian Province retrospectively. **Methods** *Salmonella* isolates were collected from clinical hospitals, public service employee health, circulating fresh food, and the environment from 1975 to 2021 in Fujian Province, and serotypes and variants were distinguished using WHO-recommended *Salmonella* serotyping methods. Two prediction software were used based on whole genome sequencing, while the same antigen but different isolates or phenotypic variants were identified using biochemical combinations and MALDI-TOF-MS flight mass spectrometry. **Results** There were 4 693 human- and non-human-sourced *Salmonella* isolates that contained 21 serogroups of four subspecies (18 from patients, 9 from healthy employees, 17 from food, and 8 from the environment).

收稿日期: 2022-11-25

基金项目: 福建省医学创新课题(2020CXB011); 福建省创新战略研究项目(2022R0087); 国家重点研发计划(2017YFC1600104); 上海市健康委青年课题(20174Y0141)

作者简介: 陈建辉 男 副主任技师 研究方向为传染病病原菌检测与监测 E-mail: 15859198751@139.com

通信作者: 翁顺太 男 主任技师 研究方向为细菌性传染病监测 E-mail: wengshuntai@163.com

许学斌 男 副主任技师 研究方向为病原菌的生态溯源 E-mail: xuxuebin@scdc.sh.cn

翁顺太和许学斌为共同通信作者

Salmonella paratyphoid A, *S. typhoid*, *S. enteritis*, *S. cholerae*, *S. typhimurium*, *S. rosen*, and *S. stanley* were dominant isolates in the 30 total extraintestinal invasive serotypes. There were 96 *Salmonella* serotypes other than *S. typhoid*, *S. paratyphoid* A, and *S. paratyphoid* B (63 from patients, 51 from healthy employees, 60 from food, and 20 from the environment), and the top 10 clinical serotypes were *S. typhimurium*, *S. typhoid*, *S. enteritis*, *S. derby*, *S. stanley*, *S. paratyphoid* A, *S. anatum*, *S. wetavreden*, *S. rosen*, and *S. london*, while the top 10 from food were *S. anatum*, *S. derby*, *S. typhimurium*, *S. stanley*, *S. wetavreden*, *S. newport*, *S. enteritis*, *S. tompson*, *S. agona*, and *S. london*. Fourteen serotypes (including 10 diphasic serotypes and 4 monophasic serotypes) had monophasic variants. Several serotypes had phenotypic variants such as hydrogen sulfide-negative, fermenter of lactose or sucrose, colony mucus type, and chromogenic type. **Conclusion** *Salmonella* are characterized by their biodiversity and multiple sources in Fujian Province. Invasive cases are gradually dominated by non-typhoid *Salmonella*. Laboratories should enhance their ability to diagnose monophasic variants and phenotypic variants of *Salmonella*, as well as pet and environmental traceability for scattered outbreaks of infectious diseases.

Key words: *Salmonella* serotype; monophasic variants; biodiversity; eco-behavioral infectious diseases; traceability

沙门菌是重要的人兽食物链病原菌,某些血清型(菌型)的优势克隆能定殖于食用动物的规模化养殖场,亦能共生于自然水体的藻类和原虫体内完成越冬,通过污染工业化食品加工环境,逐渐演变为全球食源性感染的流行克隆。全球每年非伤寒沙门菌的病例数约为9400万例,2017年全球侵袭性伤寒、副伤寒和非伤寒沙门菌的病例数和死亡数分别为1430万和5.35万^[1-2]。全球非伤寒沙门菌的疾病负担显著高于伤寒、副伤寒沙门菌,近期我国人源和非人源沙门菌型、序列型和耐药性研究数据证实,过去近20年我国新增29个非伤寒沙门菌型与逐渐增高的耐药特征^[3-4]。福建省背山靠海,山林物产丰富,水产养殖业发达,人员流动性高,监测显示当地感染沙门菌型较其他地区更具独特和多样的生态特征^[5]。本文基于“同一健康”理念和生态溯源的可持续性研究视角,通过不断提升沙门菌分型能力建设,引入多种血清型鉴定技术比对,优化

疑难菌型复核鉴定方法,对本省保存历年菌株尤其是存疑菌型进行回顾性鉴定与数据清洗更新,拟用准确的科学的数据为辖区内可预见的散发或暴发案例的溯源提供生物学证据^[6]。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

菌株时间跨度46年(1975—2021年)。基于福建省9个传染病监测点的市级定点疾病预防控制中心和部分医疗机构、出入境动植物检、农科院等机构送检;2006—2011年作为省级监测点加入全球沙门菌监测(WHO Global Salm-Surv, WHO/GSS)中国项目分离的感染性腹泻株;历年临床监测点(2583株)、健康从业者体检(1195株)、养殖动物(鸡和猪肉制品等流通生鲜食品)(626株)、饲料和地表水等人源和非人源外环境(289株),沙门菌共计4693株,见表1。

表1 福建省1975—2021年不同来源沙门菌的亚种分布

Table 1 The distribution of *Salmonella* subspecies from different sources in Fujian Province from 1975 to 2021

模式种	沙门菌亚种	菌株	病人	携带	生鲜	环境
肠道沙门菌	亚种 I : 肠道亚种 I	4 669	2 582	1 193	606	288
	亚种 II : 萨拉姆亚种	0	0	0	0	0
	亚种 III a : 亚利桑那亚种	1	0	0	0	1
	亚种 III b : 双相亚利桑那亚种	22	1	2	19	0
	亚种 IV : 浩敦亚种	1	0	0	1	0
	亚种 VI : 因迪卡亚种	0	0	0	0	0
邦戈尔沙门菌	亚种 V : 邦戈尔	0	0	0	0	0

1.2 主要仪器与试剂

比浊仪、系统生化鉴定(VITEK 2)(生物梅里埃,法国),飞行质谱鉴定仪(MALDI-TOF-MS)(布鲁克,德国)。

木糖赖氨酸脱氧胆酸盐琼脂平板(Xylose lysine desoxycholate agar, XLD)、沙门菌显色琼脂平板(*Salmonella* chromogenic agar, CAS)、富营养肉汤(*Salmonella* enrichment broth, SB)、哥伦比亚琼脂基

础斜面(Columbia agar base slant, BA)、I型抗原诱导培养基、多用途接种研磨棒(上海安科生物),肠道菌筛选双糖管(iron medium modified tube, KIA)与配套吲哚与硫化氢(H₂S)滤纸条、沙门菌血清型鉴别诊断生化试剂条(上海卓冀生物),沙门菌分型诊断血清72种(泰国S&A)和H因子诱导血清(丹麦SS),细菌基因组DNA提取试剂盒(北京天根生化)。

1.3 表型确认与验证

所有菌株经 XLD 和 CAS 纯化, XLD 经 48 h、(36±1) °C 培养的菌落中心无 H₂S 产生者另用 KIA 纸条法作为 H₂S 阴性的确认方法^[7]; 对抗原式相同而菌型不同者: 乙型副伤寒和乙型副伤寒爪哇变种、猪霍乱和猪霍乱孔成道夫变种、肠炎或肠炎单相菌 (Monophasic *Salmonella*, MS) 和鸡、雏沙门菌均用沙门菌血清型鉴别生化试剂条鉴定; 对乳糖阳性或赖氨酸阴性的特殊生化表型菌株使用系统生化鉴定仪和飞行质谱鉴定仪进行表型复核。

1.4 菌型鉴定的人员比对

所有菌株的菌型按照国内已有收录和未收录菌型、单相菌型未能分型进行分类, 将未收录菌型和单相菌型重新复苏, 更换鉴定人员、统一按照 WHO/GSS 网络实验室标准操作流程^[5]进行相位诱导, 对疑似单相菌型需至少完成 3 次单相诱导。

1.5 菌型鉴定的方法比对

所有 MS 和国内未见报道的新菌型菌株经全基因组序列二代测序 (Whole genome sequencing, WGS) 获得拼接草图 (上海生工生物有限公司), 使用两种开源预测分析软件 SeqSero2 (1.1.1 版本) 和 SISTR (4.0.0 版本) 平行预测菌型^[3,8-9], 如预测有多个血清型的 MS 可根据多位点序列型 (MLST 数据库 2.0 版本), 参考国内最近公开的 164 种血清型和 200 余个 MLST 大数据进行血清型比对确认^[3]。福建省之前在国内首次检出的沙门菌型均基于菌学联盟公开的中国沙门菌型大数据复核与收录^[5,10]。本次从福建省历年积累的不同来源沙门菌型的单相变种中选 10 种血清群别的双相菌型 (55 株) 和 4 种单相菌型 (16 株), 分别基于 WGS 的 SeqSero2 和 SISTR2 预测分析。对血清抗原式相同菌型乙型副伤寒/乙

型副伤寒爪哇变种、肠炎/肠炎 MS、鸡/雏补充特殊生化鉴定。

1.6 菌型命名原则

沙门菌现有菌型 2 659 种, 包含肠道沙门菌和邦戈尔沙门菌两个模式种; 分属 7 个亚种: 肠道亚种 (I)、萨拉姆亚种 (II)、亚利桑那亚种 (III a)、双相亚利桑那亚种 (III b)、浩敦亚种 (IV)、因迪卡亚种 (V) 和邦戈尔亚种 (VI)^[11-12]。本次确认的各类沙门菌型 MS 均满足 3 次 H 抗原单相或双相诱导、软件预测和 MLST 结果匹配, 抗原表无对应菌型者本次暂不作命名。

2 结果

2.1 福建省不同来源沙门菌的亚种分布

4 693 株沙门菌, 按伤寒和副伤寒、非伤寒沙门菌分类整理统计年度菌株数: 伤寒沙门菌自 1975—2000 年呈现较低水平的流行; 甲型副伤寒则自 1999 年呈现散发病例; 乙型副伤寒更为罕见; 非伤寒沙门菌自 1975 年呈现曲折上升趋势, 自 2000 年前后达到高峰值后下降, 2000—2007 年每年病例菌株仅 50 株左右, 2008 年后又逐渐呈现波段上升趋势, 2020 年前后伤寒和副伤寒逐渐消亡, 见图 1。其次, 菌株覆盖现有肠道沙门菌的 4 个亚种、21 个血清群, 其中病例源 18 个、健康携带源 9 个、食品源 17 个、环境源 8 个。病例和健康从业者携带的菌型为亚种 I 和亚种 III b 分别有 1 株和 2 株; 非人源菌株中除亚种 I 以外, 还有亚种 III b 和亚种 III a (19 株和 1 株), 多数分离自蛇类等爬行动物, 见表 1。血清群前 5 位优势菌型依次为: C1 群 (19 个菌型)、B 群 (12 个菌型)、C2~C3 (13 个菌型)、E1 群 (12 个菌型) 和 G 群 (7 个菌型)。

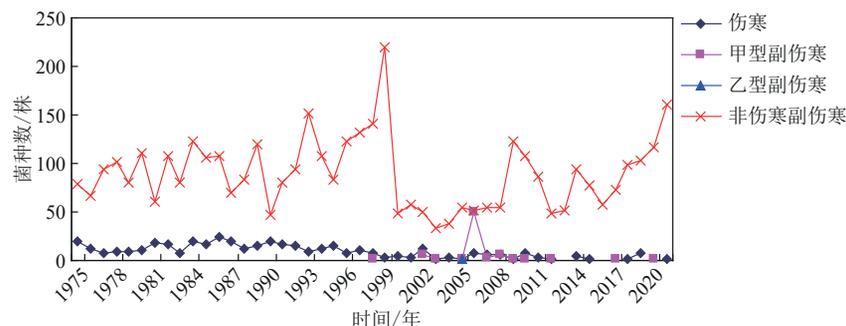


图1 福建省伤寒、非伤寒沙门菌的年度菌株分布

Figure 1 The distribution of isolates annual of *Salmonella typhi* and non-typhoid *Salmonella* in Fujian Province

不同来源菌株的菌型分布在 21 个血清群中。病例株的菌型与血清群关联 A 群至 X 群及 O:61 群; 健康从业者的菌型与血清群关联集中在 B 群至 E4 群及 M 群、N 群和 O:61 群; 生鲜食品株的菌型分布于

所有血清群 (除 A 群、P 群和 F 群) 环境株的菌型集中 B 群至 F 群及 V 群, 见图 2。

2.2 福建省不同来源沙门菌的血清型特征

4 693 株沙门菌包含 21 个血清群、99 个血清型

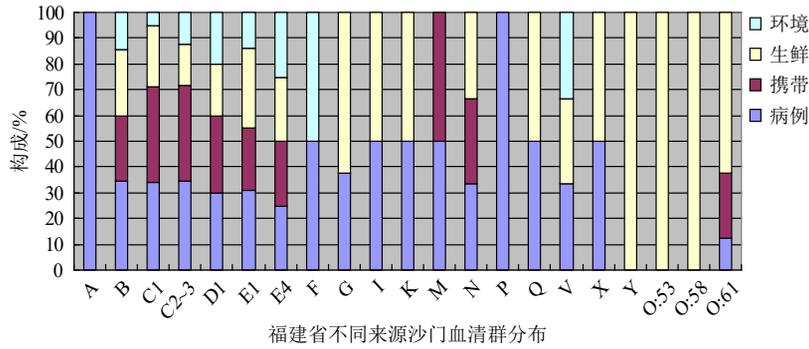


图2 福建省1975—2021年不同来源沙门菌在21个血清群中的菌型构成

Figure 2 The composition of *Salmonella* serotype by different sources in 21 *Salmonella* serogroups in Fujian Province from 1975 to 2021

(另有6株菌未对应到血清型),见表2。统计不同来源沙门菌的前10位优势血清型,病例菌型中除伤寒和甲型副伤寒仅在流行期分离较多,与鼠伤寒、肠炎、德比、斯坦利、鸭、韦太夫雷登、罗森、伦敦构成前10种致病性沙门菌的优势菌型;健康从业者的优势菌型除德比、鼠伤寒、鸭、韦太夫雷登、肠炎、斯坦利6种和病例优势型匹配外,其他4种相对优势菌型为阿贡纳、纽波特、火鸡、布洛克利;生鲜食品中除鸭、德比、鼠伤寒、斯坦利、韦太夫雷登、肠炎、伦敦7种和病例优势型匹配外,其他纽波特、汤卜逊、阿贡纳3种为相对优势型;环境菌型排除伤寒菌型为暴发案例的流调菌,鼠伤寒、鸭、斯坦利、德比4种和病例优势型匹配,其他纽波特、汤卜逊、火鸡、阿贡纳、乙型副伤寒爪哇变种5种为相对优势型。福建省不同来源的非伤寒沙门菌型暴露频率提示,病例菌株与健康从业者及生鲜食品之间关联相对环境更为密切,见表3。

表2 福建省1975—2021年不同来源沙门菌血清型
Table 2 The *Salmonella* serotype by different sources in Fujian Province from 1975 to 2021

血清群	血清型	来源				合计
		病例	携带	生鲜	环境	
C1	奥斯陆	0	0	1	0	1
	俄亥俄	0	0	2	0	2
	猪霍乱	29	0	0	0	29
	猪霍乱孔成道夫变种	1	0	0	0	1
	伊桑吉	0	0	1	0	1
	利文斯通	0	6	0	0	6
	布伦登卢普	7	10	1	0	18
	罗森	38	6	0	0	44
	蒙得维的亚	4	2	4	0	10
	奥雷宁堡	5	1	0	1	7
	汤卜逊	26	12	17	15	70
	新加坡	12	15	0	0	27
	波茨坦	9	11	6	0	26
	维尔肖	13	5	0	0	18
婴儿	8	6	6	0	20	
巴雷利	4	6	0	0	10	
三河岛	0	6	4	0	10	
姆班达卡	7	11	0	0	18	

续表

血清群	血清型	来源				合计
		病例	携带	生鲜	环境	
C2	田纳西	0	3	0	0	3
	慕尼黑	1	0	0	0	1
	曼哈顿	0	3	0	0	3
	纽波特	28	57	25	25	135
	科特布斯	3	9	1	1	14
	肯塔基	6	1	0	0	7
	布洛克利	4	35	0	2	41
	利奇菲尔德	12	2	4	0	18
	病牛	12	6	10	1	29
	黄金海岸	17	2	1	0	20
	查理	0	4	0	0	4
	科瓦利斯	2	3	0	0	5
	阿尔巴尼	1	4	0	0	5
D1	哈达尔	5	5	0	0	10
	伤寒	375	17	0	12	404
	肠炎	283	54	19	0	356
	巴拿马	0	1	0	0	1
	爪哇纳	5	0	2	1	8
D2	弗雷斯诺	0	1	0	0	1
	明斯特	3	6	0	0	9
	鸭	56	108	152	40	356
E1	火鸡	9	40	3	9	61
	阿姆斯特丹	0	0	1	0	1
	法尔肯泽	0	0	1	0	1
	伦敦	35	31	11	4	81
	吉韦	2	0	0	0	2
	乌干达	1	7	3	0	11
	韦太夫雷登	49	59	26	2	136
	阿马耶	0	1	0	0	1
	奥里翁	4	0	1	0	5
	列克星敦	1	0	1	0	2
E4	利物浦	0	0	0	1	1
	山夫登堡	5	17	5	1	28
	塔克松尼	4	7	2	0	13
F	阿伯丁	0	0	0	1	1
	未命名	1	0	0	0	1
G	特勒凯比尔	1	0	0	0	1
	普顿	0	0	1	0	1
	哈瓦那	0	0	2	0	2
	凯杜古	1	0	0	0	1
I	浦那	2	0	0	0	2
	渥兴顿	0	0	1	0	1
	古巴	0	0	1	0	1
	非丁伏斯	3	0	1	0	4
	加明那拉	1	0	0	0	1
J	<i>Salmonella</i> III b	0	0	2	0	2
	长湾尼	2	0	0	0	2

续表

血清群	血清型	来源				合计
		病例	携带	生鲜	环境	
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	2	0	2
K	塞罗	3	0	5	0	8
M	波摩那	3	1	0	0	4
N	拉马特根	11	2	2	0	15
P	姆古拉尼	1	0	0	0	1
Q	旺兹沃思	3	0	1	0	4
V	克里斯蒂安斯堡	1	0	0	0	1
	<i>Salmonella</i> III a	0	0	0	1	1
	<i>Salmonella</i> IV	0	0	1	0	1
X	姆瓦林	2	0	0	0	2
	弗贝林	0	0	1	0	1
Y	<i>Salmonella</i> III b	0	0	1	0	1
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	2	0	2
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	1	0	1
O:53	<i>Salmonella</i> III b	0	0	2	0	2
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	2	0	2
O:58	<i>Salmonella</i> III b	0	0	1	0	1
O:61	<i>Salmonella</i> III b	0	1	0	0	1
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	5	0	5
	未命名	0	0	1	0	1
	<i>Salmonella</i> III b	0	0	1	0	1
	<i>Salmonella</i> III b	0	1	0	0	1
	<i>Salmonella</i> III b	1	0	0	0	1
	未命名	0	0	4	0	4
合计		2 583	1 195	626	289	4 693

2.3 福建省 71 株单相变种的组合技术鉴定

根据临床病例沙门菌的标本来源,将肠道外标本(血流与无菌体液)分离的沙门菌定义为临床感染的侵袭性血清型,288 株肠外沙门菌分布于 30 个菌型,优势血清型依次为:甲型副伤寒、肠炎、伤寒、猪霍乱、鼠伤寒、罗森和斯坦利,见表 4;剩余 23 个菌型病例为维尔肖(7 例)、病牛(4 例)、波茨坦(3 例)、德比(3 例)、伦敦(3 例)、乙型副伤寒爪哇变种(3 例)、黄金海岸(2 例)、姆班达卡(2 例)、姆瓦林(2 例)、韦太夫雷登(2 例)、巴雷利(1 例)、波摩那(1 例)、布伦登卢普(1 例)、婴儿(1 例)、爪哇纳(1 例)、非丁伏斯(1 例)、科瓦利斯(1 例)、肯塔基(1 例)、圣保罗(1 例)、圣地亚哥(1 例)、汤卜逊(1 例)、特勒凯比尔(1 例)、鸭(1 例);肠炎几乎在肠外所有临床病例样品(血

表 3 福建省 1975—2021 年不同来源沙门菌的前 10 位优势血清型

Table 3 The top 10 of *Salmonella* serotype by different sources in Fujian Province from 1975 to 2021

排序	病例	携带者	生鲜食品	环境
1	鼠伤寒 n=1 107	德比 n=286	鸭 n=152	鼠伤寒 n=72
2	伤寒 n=375	鼠伤寒 n=155	德比 n=117	鸭 n=40
3	肠炎 n=278	鸭 n=108	鼠伤寒 n=101	纽波特 n=25
4	德比 n=126	阿贡纳 n=72	斯坦利 n=29	斯坦利 n=20
5	斯坦利 n=83	韦太夫雷登 n=59	韦太夫雷登 n=26	德比 n=18
6	甲型副伤寒 n=75	纽波特 n=54	纽波特 n=25	汤卜逊 n=15
7	鸭 n=56	肠炎 n=54	肠炎 n=18	伤寒 n=12
8	韦太夫雷登 n=49	斯坦利 n=51	汤卜逊 n=16	火鸡 n=9
9	罗森 n=38	火鸡 n=40	阿贡纳 n=15	阿贡纳 n=6
10	伦敦 n=35	布洛克利 n=34	伦敦 n=11	乙型副伤寒爪哇变种 n=4

液、骨髓、胆汁、胸腔积液、腹水、关节液、尿液、脓液)中均有检出;其次是罗森;伤寒、甲型副伤寒和猪霍乱均未曾自粪便标本检出,见图 3。

10 种双相菌型(55 株)和 4 种单相菌型(16 株)的基因组经 SeqSero2 和 SISTR 通过质控后的结果分析,SISTR 对菌型的预测识别度高于 SeqSero2,结合相同菌型的双相菌与 MS 的 ST 型结果,MS 与双相菌型的 ST 型大多相同,且多数归为同一克隆系,见表 4。相比之下,SISTR 软件预测准确性略高于 SeqSero2。

2.4 补充生化辅助鉴定

本次有 103 个血清型的抗原式相同但血清型不同,包括乙型副伤寒/乙型副伤寒爪哇变种、猪霍乱/猪霍乱孔成道夫变种、肠炎/肠炎 MS、鸡/雏,MS 为动力阴性株,肠炎 MS 对糖的利用能力和肠炎没有差异,和鸡/雏生化存在明显不同;猪霍乱和孔成

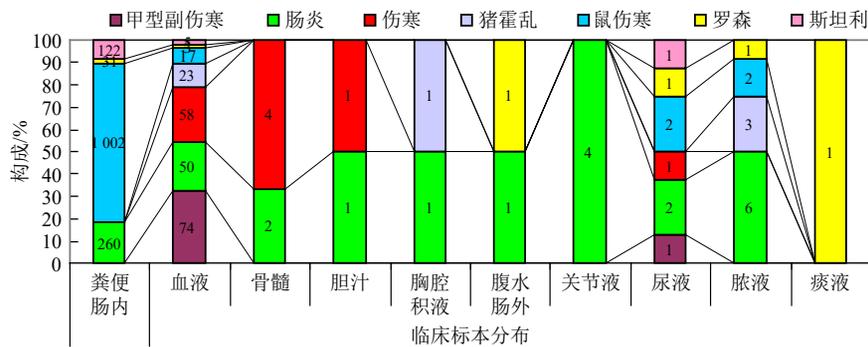


图 3 福建省 1975—2021 年肠外感染沙门菌优势侵袭性菌型的标本分布

Figure 3 The distribution of clinical samples from dominant *Salmonella* serotype of extraintestinal invasive infection in Fujian Province from 1975 to 2021

表4 沙门菌双相和单相血清型的单相菌型的复核鉴定

Table 4 Reinspection and identification of monophasic *Salmonella* relationship from *Salmonella* monophasic and *Salmonella* diphasic

类型	血清型	抗原式	SeqSero2	SISTR	MLST
双相菌和变种 n=55	乙型副伤寒, n=1	1,4,12:b:1,2	乙型副伤寒	乙型副伤寒	ST86
	乙型副伤寒爪哇变种, n=5	1,4,12:b:-	爪哇变种(3)1,4,12:b(2)	爪哇变种(5)	ST42(1);ST43(1)ST127(3)
	斯坦利, n=2	1,4,12,27:d:1,2	斯坦利	斯坦利	ST29
	斯坦利 MS, n=3	1,4,12,27:d:-	斯坦利	斯坦利	ST29
	圣保罗, n=2	1,4,12:e,h:1,2	圣保罗	圣保罗	ST27
	圣保罗 MS, n=3	1,4,12:e,h:-	圣保罗	圣保罗	ST27
	鼠伤寒, n=2	1,4,12:i:1,2	鼠伤寒	鼠伤寒	ST19
	鼠伤寒 MS, n=2	1,4,12:i:-	鼠伤寒 MS	鼠伤寒 MS	ST34
	鼠伤寒 MS, n=1	1,4,12:-:1,2	不能识别	鼠伤寒	ST34
	鼠伤寒 MS, n=2	1,4,12:-:-	不能识别	鼠伤寒	ST34
	汤卜逊, n=2	6,7,14:k:1,5	汤卜逊	汤卜逊	ST26
	汤卜逊 MS, n=2	6,7,14:k:-	汤卜逊	汤卜逊	ST26
	汤卜逊 MS, n=3	6,7,14:-:1,5	汤卜逊	汤卜逊	ST26
	维尔肖, n=2	6,7:r:1,2	维尔肖	维尔肖	ST16
	维尔肖 MS, n=2	6,7:r:-	维尔肖	维尔肖	ST16
	纽波特, n=2	6,8,20:e,h:1,2	纽波特	纽波特	ST31
	纽波特, n=2	8,20:e,h:1,2	纽波特	纽波特	ST31
	纽波特 MS, n=2	6,8,20:e,h:-	纽波特	纽波特	ST31
	明斯特, n=2	3,10:e,h:1,5	明斯特	明斯特	ST321
	明斯特 MS, n=2	3,10:e,h:-	明斯特	明斯特	ST321
	乌干达, n=2	3,10:l,z ₁₃ :1,5	乌干达	乌干达	ST684
	乌干达 MS, n=5	3,10:-:1,5	乌干达	乌干达	ST684
	阿伯丁, n=2	11:i:1,2	阿伯丁	阿伯丁	ST426
	阿伯丁 MS, n=2	11:i:-	阿伯丁	阿伯丁	ST426
	单相菌和变种 n=16	德比, n=2	1,4,5,12:f,g,s:-	德比	德比
德比 MS, n=2		1,4,5,12:-:-	德比	德比	ST40
肠炎, n=2		1,9,12:g,m:-	肠炎	肠炎	ST11
肠炎 MS, n=2		1,9,12:-:-	肠炎	肠炎	ST11
罗森, n=2		6,7,14:f,g:-	罗森	罗森	ST469
罗森 MS, n=2		6,7,14:-:-	罗森	罗森	ST469
山夫登堡, n=2		1,3,19:g,s,t:-	山夫登堡	山夫登堡	ST14
山夫登堡 MS, n=2		1,3,19:-:-	山夫登堡	山夫登堡	ST14

道夫变种之间的区别点在于 H₂S 和酒石酸钾试验; 乙型副伤寒/乙型副伤寒爪哇变种的鉴别通常依靠酒石酸钾试验,其作为单一生化指标判断菌型的敏感性存在一定误判,因此若酒石酸钾不论阴性、阳性、或是不确定,均需结合 ST 型(ST86 符合乙型副

伤寒特征^[3])进行诊断,见表 5。

2.5 福建省不同来源沙门菌的表型多样化特征

除 MS 外,最终鉴定为沙门菌的菌株中还存在较多不符合典型沙门菌生化特征的不典型沙门菌,以 H₂S 阴性者占比最多,包括菌型固有 H₂S 阴性在

表5 沙门菌相同抗原式不同血清型预期的组合生化反应鉴别诊断

Table 5 The differential diagnosis of the expected combination of biochemical reactions in different serotypes of the same antigenic *Salmonella*

沙门菌血清型	抗原式	H ₂ S	动力	阿拉伯糖	卫矛醇	肌醇	鼠李糖	覃糖	木糖	酒石酸钾	明胶
肠炎 MS	9,12:-:-	+	-	+	+	-	+	+	+	ND	ND
鸡	9,12:-:-	-	-	+	+	-	-	4 ^{2-7d}	-	ND	ND
雏	9,12:-:-	+	-	+	-	-	-	4 ^{2-7d}	-	ND	ND
丙型副伤寒	6,7:c(Vi):1,5	+	+	+	+	ND	ND	+/(+)	ND	-	ND
猪霍乱	6,7:c:1,5	-	+	-	-	ND	ND	-	ND	+	ND
猪霍乱孔成道夫变种	6,7:c:1,5	+	+	-	-	ND	ND	-	ND	+	ND
猪霍乱得忒勒变种	6,7:c:1,5	+	+	+	+	ND	ND	+	ND	+	ND
猪伤寒	6,7:c:1,5	(+)	+	(+)	(+)	ND	ND	+	ND	-	ND
乙型副伤寒	1,4,5,12:b:1,2	+	-	+	ND	ND	ND	+	+	-	-
乙型副伤寒 MS	1,4,5,12:b:-	+	-	+	ND	ND	ND	+	+	-	-
乙型副伤寒爪哇变种	1,4,5,12:b:1,2	+	-	+	ND	ND	ND	+	+	++	-
乙型副伤寒爪哇变种	1,4,5,12:b:-	+	-	+	ND	ND	ND	+	+	++	-
胥莱士亥姆	4,12,27:b:-	+	-	+	-	-	+	+	d	+	+
亚种 II 4,12:b:(<i>S. Sofia</i>)	4,12:b:-	+	-	ND	+	ND	ND	ND	ND	ND	+

注:ND:不必测;d:天;(+):多数阳性;+:敏感性 90%

内,包括甲型副伤寒、伤寒、猪霍乱、鼠伤寒、德比、山夫登堡、罗森;乳糖和蔗糖阳性菌型有鼠伤寒、山夫登堡、罗森、汤卜逊;黏液菌型为肠炎、罗森、鼠伤寒;棕色色素菌型属于甲型副伤寒。

3 讨论

食源性沙门菌病是世界范围内的重要公共卫生问题。近百年来,血清型是沙门菌分类的金标准,如毒力、宿主范围、耐药与时空基因组流行病学是沙门菌型特有的,亦是疾病监测和暴发调查的必要指标。目前,沙门菌分型仍参照怀特-考夫曼-勒密诺抗原表中 O(菌体)和 H(鞭毛)抗原表达(诱导)识别为“金标准”方法^[9,12]。

上海从 20 世纪 50 年代即自主建立伤寒与非伤寒沙门菌在人、食品供应与环境分布菌型的综合监测^[13]。20 世纪 70 年代后有关部委组织省级公共卫生实验室参与国产沙门菌诊断血清研发,逐渐融入沙门菌分型的国际规则^[12,14-15]。之后加入 WHO/GSS 项目引入国际参比实验室间质控和探索标准化分型方法给区域公共卫生实验室带来能力提升^[5,16]。目前国内的大多数临床、兽医和第三方实验室等对沙门菌分型能力仍显不足,现行沙门菌食品国标也未强制要求报告沙门菌的血清型^[17]。2018 年和 2022 年国内首个沙门菌型大数据公布 133 种和 164 种(超 200 个 ST 型)的人源和非人源血清型^[3,10],填补国内多个领域在沙门菌型监测与研究机构验证菌型的参比需求,除了解我国沙门菌型优势互作的时空特征以外,也发现极罕见菌型的临床血流感染病例^[18]。

建国初期我国上海地区临床粪便和血液标本中伤寒和甲型副伤寒的分离率分别为 51.10%、67.20% 和 4.30%、12.70%,后经 20 多年爱国卫生运动干预取得有效防控。福建省沙门菌历史数据经过二次鉴定(多数为血清学鉴定存疑的单相变种^[14]),1975—2000 年的伤寒和甲型副伤寒均呈低水平流行,甲型副伤寒自 1999 年有复燃趋势,文献提示沿海地区贝壳类水产品养殖与医院粪水溢出是导致甲型副伤寒食源性与水源性暴发源头^[19-20],福建省 2006 年暴发 1 例甲型副伤寒疑似与食用贝壳类海产品有关。乙型副伤寒和乙型副伤寒爪哇变种的表型鉴别诊断在测序技术之前存在不可避免的误判^[10,12],实际上国内乙型副伤寒(ST86)病例是罕见的^[3]。沙门菌型的优势替代和多样特征体现和生鲜食品相关的鼠伤寒(含 MS)、肠炎、德比、斯坦利、鸭、韦太夫雷登、罗森、伦敦等养殖动物(定殖)的非伤寒沙门菌^[21]。由于人体免疫力不同,越

来越多健康从业者携带沙门菌成为无症状者,成为餐饮活动潜在的传染源^[22]。福建省 2001—2008 年收集的菌株相对较少,可能和国内 2000 年前后启动防疫机构改革叠加 SARS 疫情有关,亦符合美国学者定义新发和再发传染病(含沙门菌)对弱化的公共卫生系统带来挑战的观点^[11]。

鼠伤寒(ST19)和近 10 年不断增多的鼠伤寒 MS(ST34)各自源于鸡与猪源的优势克隆、交替竞争国内首位致病菌型^[3,23]。韦太夫雷登(ST365)和罗森(ST469)均来自东南亚,先后输入国内并定殖于养殖动物(鸡和猪)融入养殖肉制品供应链由南向北扩散^[24-25]。已知诸多病例菌型与健康从业者及生鲜食品之间关联比环境更密切,此外也不能忽视沙门菌与家庭宠物(巴西乌龟与蜥蜴)有关生态行为的优势菌型(纽波特、汤卜逊、火鸡、阿贡纳、乙型副伤寒爪哇变种),控制宠物源传染病是反映城市健康监测重要指标^[26]。相同沙门菌型在不同国家存在进化差异,比如中国纽波特(淡水产品克隆)的毒力和序列型不同于美国高毒力牛克隆^[27]。乙型副伤寒爪哇变种环境寄生能力强,在美国和日本常污染新型减肥食品(代餐粉)、宠物小乌龟等隐匿性跨州暴发^[11]。因此,加强境外高毒力高致病性沙门菌型监测与预警,亦符合外防输入的生物安全战略。

福建省沙门菌的侵袭菌型从过去单一的伤寒、甲型副伤寒、猪霍乱,逐渐向肠炎、鼠伤寒、罗森、斯坦利等 30 种菌型变迁。猪霍乱是专一性寄生于种猪的人兽共患沙门菌型,1998—2008 年在东南亚的泰国、中国(含台湾地区)形成大流行,我国大陆地区多为隐匿的侵袭性病例^[28]。2010 年后我国人口老龄化比例升高(高危人群增加)、食物加工方式与来源多样化(非伤寒沙门菌型的传染源增加),加强医防合作、提高临床实验室诊断能力有助于非伤寒沙门菌型识别与溯源^[18,29]。有学者报道国内血流来源沙门菌型的优势与多样特征正趋向发达国家^[30]。攀枝花市临床监测数据也证实经济发展和生活水平提高使沙门菌型存在区域间的趋同性^[31]。侵袭性非伤寒沙门菌(肠炎、鼠伤寒等)将潜在增加易感人群,尤其是老年人的疾病负担。

福建省近 10 年持续出现的变异沙门菌(H₂S 阴性、MS、糖发酵、黏液和色素型)对传统鉴定和分型技术带来挑战,质谱满足分子水平的鉴定,较传统的系统生化更快捷,沙门菌位点序列、O/H 抗原靶位和基因组测序软件给传统分型方法带来新动力,如 MLST(2012 年)、磁珠-聚合酶链反应酶标记(Luminex, 2013 年)、SeqSero(2015 年)、SISTR(2016 年)、SeqSero2(2019 年)^[32]。有研究筛选了 14 种 MS(71 株)进行

组合技术鉴定,两种开源软件结合 ST 型可获得可信菌型,纠正过去随意命名变种的做法^[14]。鼠伤寒 MS 是近年来全球范围影响最大的单相变种,本数据库未将鼠伤寒的 MS 作为新菌型单独统计,仅保留抗原表公认的 2 种(乙型副伤寒爪哇变种和孔成道夫变种)。持续增多的 MS 可能和全球气候环境改变有关^[33]。MS 除常见菌型外,也有罕见菌型如欧洲的韦利加德^[34]。因此对沙门菌 MS,尤其是暴发源菌株要及时测序确认 ST 型,越来越多开源平台提供快速 WGS 序列生物信息分析^[32]。福建省过去 46 年基于菌株收集血清型数据存在一定局限性,未必客观对应同一时期菌型流行特征,但作者首次基于多技术手段科学鉴定、清洗数据,确认 99 个血清型,含 30 个血流感染血清型,为后续开展“同一健康”和暴发溯源研究提供生物基础;其次通过技术比对、实践评价沙门菌血清分型效度;针对过去罕见而现在越来越常见的单相变种或罕见或新 ST 型,建议结合 WGS 预测血清型、ST 型^[3,35]。

多数微生物实验室大多难以通过新老交替完成传统免疫学和基因组预测分型技术的融合应用与数据修正,有瑕疵的技术方法产生有缺陷的数据,为改善和利用历史数据,应通过大数据验证的可靠规则,将其赋予机器学习和人工智能,进而依靠更智能快速的模块化挖掘分析技术打破对沙门菌识别(属水平或生化结合血清)的传统认知,能更快融入全球“同一健康”新规则^[6,36]。

参考文献

- [1] STANAWAY J D, REINER R C, BLACKER B F, et al. The global burden of typhoid and paratyphoid fevers: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017[J]. The Lancet Infectious Diseases, 2019, 19(4): 369-381.
- [2] GBD 2017 Non-Typhoidal *Salmonella* Invasive Disease Collaborators. The global burden of non-typhoidal salmonella invasive disease: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017 [J]. The Lancet Infectious Diseases, 2019, 19(12): 1312-1324.
- [3] WANG Y N, LIU Y, LYU N, et al. The temporal dynamics of antimicrobial-resistant *Salmonella enterica* and predominant serovars in China[J]. National Science Review, 2023, 10(3): nwac269.
- [4] YANG T T, LI W W, CUI Q P, et al. Distribution and transmission of colistin resistance genes *mcr-1* and *mcr-3* among nontyphoidal *Salmonella* isolates in China from 2011 to 2020 [J]. Microbiology Spectrum, 2023, 11(1): e0383322.
- [5] 陈建辉, 欧剑鸣, 陈伟伟, 等. 1984—2016 年福建省人源与食源性沙门氏菌血清分型和耐药特征研究[J]. 疾病监测, 2019, 34(4): 316-321.
CHEN J H, OU J M, CHEN W W, et al. Serotype and drug resistance of *Salmonella* isolates of human and food sources in Fujian Province, 1984-2016 [J]. Disease Surveillance, 2019, 34(4): 316-321.
- [6] MWATONDO A, AFIFAH RS, HOLLMANN L, et al. A global analysis of One Health Networks and the proliferation of One Health collaborations[J]. Lancet, 2023, 401: 605-616.
- [7] 周永明, 陈秀华, 徐闻, 等. 沙门菌常规检测方法分段控制技术在网络实验室构建中基础作用的评估[J]. 中华流行病学杂志, 2013, 34(11): 1105-1110.
ZHOU Y M, CHEN X H, XU W, et al. The fundamental role of Stage Control Technology on the detectability for *Salmonella* networking laboratory[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2013, 34(11): 1105-1110.
- [8] UELZE L, BOROWIAK M, DENEKE C, et al. Performance and accuracy of four open-source tools for in silico serotyping of *Salmonella* spp. based on whole-genome short-read sequencing data[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2020, 86(5): e02265.
- [9] YOSHIDA C E, KRUCZKIEWICZ P, LAING C R, et al. The *Salmonella in silico* typing resource (SISTR): An open web-accessible tool for rapidly typing and subtyping draft *Salmonella* genome assemblies[J]. PLoS One, 2016, 11(1): e0147101.
- [10] 菌学联盟. 舌尖中国之沙门氏菌的食菌同源: 祝贺菌学联盟丁酉年岁末公开已收录的 133 种沙门氏菌血清型[EB/OL]. (2018-02-11)[2023-04-10]. https://mp.weixin.qq.com/s/KONB5HoKMMJsH_AXYDG9gQ.
Bacterium-learning Union. The *Salmonella* serotyping homology from humans and food source caused of the tip of the tongue in China-Congratulations to Bacterium-learning Union published 133 kinds of *Salmonella* serotype at the end of the year[EB/OL]. (2018-02-11)[2023-04-10]. https://mp.weixin.qq.com/s/KONB5HoKMMJsH_AXYDG9gQ.
- [11] 张婧莹, 黄美恋, 刘玥, 等. 2006—2020 年美国沙门氏菌跨州暴发案例分析[J]. 疾病监测, 2021, 36(8): 837-844.
ZHANG J X, HUANG M L, LIU Y, et al. Multistate *Salmonella* infection outbreaks in United States, 2006 to 2020 [J]. Disease Surveillance, 2021, 36(8): 837-844.
- [12] 朱超, 许学斌. 沙门氏菌属血清型诊断[M]. 上海: 同济大学出版社, 2009: 7-13.
ZHU C, XU X B. Serological diagnosis of *Salmonella*-species [M]. Shanghai: Tongji University Press, 2009: 7-13.
- [13] 丁锡康, 叶自儒, 刘雪园, 等. 上海市沙门氏菌沙门菌属的类型分布[J]. 中华卫生杂志, 1958, 44(3): 179-185.
DING X K, YE X J, LIU X Y, et al. The distribution of *Salmonella* serogroup and serotype in Shanghai [J]. China Health, 1958, 44(3): 179-185.
- [14] 谢一俊, 林成水, 陈亢川, 等. 福建省近年首次检出沙门氏菌血清型(变种)型别分布[J]. 中国人兽共患病杂志, 1995, (1): 18-21.
XIE Y J, LIN C S, CHEN K C, et al. Distribution of serotypes (var.) of *Salmonella* discovered in Fujian Province in recent years[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 1995, (1): 18-21.
- [15] 许学斌, 胡培玉, 席曼芳, 等. 检出一株沙门氏菌波摩那血清型[J]. 中华检验医学杂志, 2002, 25(6): 366.
XU X B, HU P Y, XI M F, et al. One *Salmonella pomona* Serotype was detected [J]. Chinese Journal of Laboratory Medicine, 2002, 25(6): 366.

- 2002, 25(6): 366.
- [16] 许学斌, 冉陆, 朱超. 沙门氏菌分型血清对比研究(上海市, 1999至2007年)[J]. 检验医学, 2010, 25(1): 51.
XU X B, RAN L, ZHU C. A comparative study of the serotyping of *Salmonella* (Shanghai, 1999-2007)[J]. Laboratory Medicine, 2010, 25(1): 51.
- [17] 刘玥, 刘夏, 崔琳, 等. 食品沙门氏菌现行国内外标准中选择性增菌和分离的等效性评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(3): 474-481.
LIU Y, LIU X, CUI L, et al. The equivalence trials of *Salmonella* selective enrichment and isolation procedures in standard methods worldwide[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(3): 474-481.
- [18] QIU Y F, NAMBIAR R B, XU X B, et al. Global genomic characterization of *Salmonella enterica* serovar telelkebir [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 704152.
- [19] 许国章, 徐景野, 周爱明, 等. 宁波市1988—2007年伤寒副伤寒流行病学和病原学研究[J]. 中华流行病学杂志, 2009, 30(3): 252-256.
XU G Z, XU J Y, ZHOU A M, et al. Epidemiological and etiological characteristics of typhoid and paratyphoid fever in Ningbo during 1988-2007[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2009, 30(3): 252-256.
- [20] 王树坤, 王志刚, 张晓和, 等. 云南省元江县2010—2011年一起甲型副伤寒暴发调查与处置[J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38(2): 200-204.
WANG S K, WANG Z G, ZHANG X H, et al. An outbreak of paratyphoid fever in a County of Yunnan Province, 2010—2011 [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2017, 38(2): 200-204.
- [21] FERRARI R G, ROSARIO D K A, CUNHA-NETO A, et al. Worldwide epidemiology of *Salmonella* serovars in animal-based foods: A meta-analysis[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2019, 85(14): e00591-e00519.
- [22] 庞晓泸, 顾桂敏, 刘玥, 等. 基于方法学评估与检测基线预测广西玉林市从业人员沙门菌带菌水平[J]. 疾病监测, 2020, 35(3): 212-217.
PANG X H, GU G M, LIU Y, et al. Methodological assessment and detection base line based prediction of *Salmonella* carriage level in catering and public service employees in Yulin [J]. Disease Surveillance, 2020, 35(3): 212-217.
- [23] MU Y, LI R, DU P, et al. Genomic epidemiology of ST34 monophasic *Salmonella enterica* serovar Typhimurium from clinical patients from 2008 to 2017 in Henan, China[J]. Engineering, 2022, 15: 34-44.
- [24] ZHANG J M, PENG Z, CHEN K F, et al. Genomic characterization of *Salmonella enterica* serovar Weltevreden associated with human diarrhea[J]. Microbiology Spectrum, 2023, 11(1): e03542-22.
- [25] XU X B, BISWAS S, GU G M, et al. Characterization of multidrug resistance patterns of emerging *Salmonella enterica* serovar rissen along the food chain in China [J]. Antibiotics, 2020, 9(10): 660.
- [26] 王闻卿, 王鸣柳, 周晓瑛, 等. 与爬行动物有关的波摩那沙门菌[J]. 疾病监测, 2014, 29(2): 163-166.
WANG W Q, WANG M L, ZHOU X Y, et al. Reemerging and reptiles related *Salmonella* Pomona in the world [J]. Disease Surveillance, 2014, 29(2): 163-166.
- [27] PAN H, ZHOU X, CHAI W Q, et al. Diversified sources for human infections by *Salmonella enterica* serovar Newport [J]. Transboundary and Emerging Diseases, 2019, 66(2): 1044-1048.
- [28] 罗铭, 顾桂敏, 景春梅, 等. 猪霍乱沙门氏菌在全球的流行和耐药特征[J]. 疾病监测, 2018, 33(8): 690-699.
LUO M, GU G M, JING C M, et al. Epidemic and drug-resistance patterns of *Salmonella choleraesuis* in the world [J]. Disease Surveillance, 2018, 33(8): 690-699.
- [29] XU X B, CHEN Y, PAN H, et al. Genomic characterization of *Salmonella* Uzaramo for human invasive infection [J]. Microbial Genomics, 2020, 6(7): mgen000401.
- [30] ZHAN Z Q, XU X B, GU Z, et al. Molecular epidemiology and antimicrobial resistance of invasive non-typhoidal *Salmonella* in China, 2007-2016 [J]. Infection and Drug Resistance, 2019, 12: 2885-2897.
- [31] 陈嫣, 崔琳, 黄伟峰, 等. 攀枝花市沙门氏菌临床分离株血清型和分子分型特征分析[J]. 检验医学, 2021, 36(11): 1125-1130.
CHEN Y, CUI L, HUANG W F, et al. Characteristics of *Salmonella* isolate serotyping and molecular subtyping in Panzhihua, Sichuan [J]. Laboratory Medicine, 2021, 36(11): 1125-1130.
- [32] KAGAMBÈGA A, HIOTT L M, BOYLE D S, et al. Serotyping of sub-Saharan Africa *Salmonella* strains isolated from poultry feces using multiplex PCR and whole genome sequencing [J]. BMC Microbiology, 2021, 21(1): 1-9.
- [33] DAVIS B P F, AMIN J, GRAHAM P L, et al. Climate variability and change are drivers of salmonellosis in Australia: 1991 to 2019 [J]. Science of The Total Environment, 2022, 843: 156980.
- [34] CHERCHAME E, GUILLIER L, LAILLER R, et al. *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Welikade: Guideline for phylogenetic analysis of serovars rarely involved in foodborne outbreaks [J]. BMC Genomics, 2022, 23: 217.
- [35] 陈嫣, 顾桂敏, 庞载元, 等. 攀枝花市首例食源感染菌血症病例中分离的乌撒拉茂沙门氏菌的生物学特征[J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(11): 913-917.
CHEN Y, GU G M, PANG Z Y, et al. First case identification of *Salmonella* Uzaramo from blood caused by foodborne infection in Panzhihua in Sichuan Province [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2020, 36(11): 913-917.
- [36] OBERREUTER H, RAU J. Artificial neural network-assisted Fourier transform infrared spectroscopy for differentiation of *Salmonella* serogroups and its application on epidemiological tracing of *Salmonella* Bovismorbificans outbreak isolates from fresh sprouts [J]. FEMS Microbiology Letters, 2019, 366(15): fnz193.