

食源性疾病

2021年8月珠海一起食源性疾病暴发事件中金黄色葡萄球菌病原学特征分析

方艳梅¹,龙冬玲¹,京舒婷¹,陈晶京¹,杨春晓¹,黄辉涛¹,黄利群¹,黄开松²

(1. 珠海市疾病预防控制中心微生物检验所,广东珠海 519064;2. 广东医科大学广东省医学分子诊断重点实验室,广东东莞 523822)

摘要:目的 研究一起食源性疾病事件金黄色葡萄球菌(金葡菌)病原学特征和同源性。方法 采用国标方法分离鉴定病原菌,微量肉汤稀释法检测菌株对16种药物的敏感性,全基因组测序和生物信息学分析病原菌分子遗传特征和同源性。结果 该事件分离得到16株金黄色葡萄球菌,包括8株患者分离株,1株厨工分离株和7株食品分离株。MLST和Spa分型结果为ST7-t91、ST5-t548、ST398-t588和ST965-t62,患者株分为ST7-t91型和ST5-t548型;ST7分离株均对四环素和青霉素耐药,携带耐药基因、*tet(K)*、*blaZ*和*lnu(A)*,ST5株对16种抗生素均敏感;cgMLST分析发现ST7型菌株间等位基因差异≤3;毒力基因注释发现ST7株携带*sea*、*chp*、*scn*和*sak*毒力基因,ST5株携带*chp*、*scn*、*sak*、*seg*、*selk*、*selm*、*selo*和*seln*毒力基因。结论 该事件由多个ST型金葡菌混合感染引起,以ST7-t91型为主,该克隆株致病力强,但对头孢类抗生素和喹诺酮类等临床一线抗生素敏感。

关键词:食源性疾病;金黄色葡萄球菌;全基因组测序;cgMLST;肠毒素

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)06-0735-06

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.06.015

Pathogenic characteristics of *Staphylococcus aureus* isolates from a foodborne disease outbreak in Zhuhai City in August, 2021FANG Yanmei¹, LONG Dongling¹, JING Shuping¹, CHEN Jingjing¹, YANG Chunxiao¹, HUANG Huitao¹, HUANG Liqun¹, HUANG Kaisong²

(1. Microbiology Lab, Zhuhai Center for Disease Control and Prevention, Guangdong Zhuhai 519064, China; 2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Medical Molecular Diagnostics, Guangdong Medical University, Guangdong Dongguan 523822, China)

Abstract: Objective To characterize the pathogenic characteristics and homology of *Staphylococcus aureus* (SA) isolated from a foodborne outbreak. **Methods** A selection medium was applied to culture the possible infectious agent according to national standard methods, and the micro broth dilution method was applied to determine the isolate's sensitivity to 16 drugs. Whole genome sequencing and bioinformatics analysis were employed to investigate the isolates' molecular genetic characteristics and homology. **Results** A total of 16 SA strains were isolated in this outbreak, including eight strains isolated from patients, one from the kitchen worker, and seven from food. MLST and Spa typing analysis identified five distinct types in this outbreak, namely ST7-t91, ST5-t548, ST398-t588 and ST965-t62, in which the ST7-t91 and ST5-t548 types account for strains from humans; All ST7 isolates were resistant to tetracycline and penicillin, carrying resistance genes *aadD*, *tet(K)*, *blaZ*, and *lnu(A)* respectively, while the ST5 strain was sensitive to all tested antibiotics; cgMLST analysis revealed that the difference of these ST7 strains was less than three loci. Gene annotation revealed that ST7 strains contained the *sea*, *chp*, *scn*, and *sak* virulence genes, while ST5 possessed *chp*, *scn*, *sak*, *seg*, *selk*, *selm*, *selo*, and *seln* genes. **Conclusion** This outbreak was caused by mixed infections of multiple ST types of SA, with ST7-t91 as the predominant type, and this clone present a high pathogenicity and was sensitive to some first-line clinical antibiotics tested, such as cephalosporins and quinolones.

Key words: Foodborne outbreak; *Staphylococcus aureus*; whole genome sequencing; cgMLST; enterotoxin

收稿日期:2023-07-18

基金项目:广东省科技计划(2021B1212030002)

作者简介:方艳梅 女 主任技师 研究方向为病原微生物 E-mail:93327521@qq.com

通信作者:黄开松 男 副教授 研究方向为病原微生物 E-mail:kaisong@gdmu.edu.cn

食源性疾病是人类通过摄食含有有毒有害物质(包括生物性病原体)等致病因子的食物所造成的疾病。据统计2021年全国共上报食源性疾病暴发事件数5493起,累计发病32334人,死亡117人,微生物性致病因子导致的发病人数最多,占53.05%^[1]。沙门菌、副溶血弧菌和金黄色葡萄球菌(以下简称“金葡菌”)是我国主要微生物致病因子^[2]。人类摄入被金葡菌及其肠毒素(Staphylococcal Enterotoxins, SEs)污染的食物可引起呕吐和腹泻等症状,SEs是金葡菌食源性疾病的主要致病因子,目前文献报道了23种SEs,分为经典肠毒素(SEA-SEE)和新型肠毒素(SEG-SELX),引起食物中毒的肠毒素以SEA为主^[3]。基于全基因组测序(Whole Genome Sequencing, WGS)的耐药及毒力基因注释和进化树分析已被广泛应用于传染病疫情防控和暴发事件溯源等。2021年8月24日在珠海市发生了一起由金葡菌引起的食源性疾病暴发事件,本研究采用药敏试验、WGS和cgMLST等方法研究致病金葡菌的病原学特征和同源性,为食源性疾病预防提供数据参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 病例定义

2021年8月24日17点接到珠海某公司发生疑似食源性疾病的报告。疑似病例:2021年8月24日起珠海某公司内出现呕吐、腹痛或腹泻等任一症状者。临床病例:2021年8月24日起在某公司内出现呕吐(≥ 1 次/d)或腹泻(≥ 3 次/d,且伴有粪便性质改变)症状之一者。确诊病例:临床病例+实验室检测阳性人员或疑似病例+实验室检测阳性的人员。按病例定义在该公司内部员工搜索病例。

1.1.2 主要仪器与试剂

VITEK 2 Compact(Bio Mérieux)、全自动药物敏感分析仪(Thermo Fisher/AIM)、超微量分光光度计(Thermo Fisher/NanoDrop2000)、测序仪(Illumina/novaseq)。

7.5%氯化钠肉汤(北京陆桥/210603)、金葡菌微量稀释法药敏板(上海星佰/20210525)、BHI肉汤(北京陆桥/210507)、血平板(北京陆桥/210725)、Baird-Parker培养基(广东环凯/024040)、MYP平板(北京陆桥/210317)、BCL鉴定卡(Bio Mérieux/21345)、GP鉴定卡(Bio Mérieux/21342)、溶葡萄球菌酶(北京索莱宝/204D022)、DNA抽提试剂(Qiagen/51306)。

1.2 方法

1.2.1 分离培养及鉴定

流行病学调查推断该事件可疑致病菌为金葡菌、蜡样芽孢杆菌。将采集的病例肛拭子标本、可疑食品和环境样按食品安全国家标准《食品安全国家标准食品微生物学检验蜡样芽孢杆菌检验》(GB 4789.14—2014)^[4]和《食品安全国家标准食品微生物学检验金黄色葡萄球菌检验》(GB 4789.10—2016)^[5]进行检测。蜡样芽孢杆菌鉴定方法:采用平板计数法检测,用生理盐水将样本稀释,选择3个稀释度(1:10、1:100、1:1000)的样品匀液,均以0.3、0.3和0.4 mL接种量分别移入MYP平板,用无菌L棒涂布整个平板,30℃培养24 h,挑取至少5个可疑菌落纯培养,用VITEK 2 Compact的BCL鉴定卡进行生化鉴定,最后做典型菌落计数和确认。金葡菌鉴定方法:将样本接种于7.5%氯化钠肉汤增菌培养,37℃培养24 h后接种于BP平板和血平板。挑取可疑菌落纯培养后用VITEK 2 Compact的GP鉴定卡进行生化鉴定,并测试凝固酶试验。

1.2.2 药敏试验

金葡菌药敏试验采用微量肉汤稀释法,试验方案参考国家致病菌识别网技术手册(2020版)-细菌药物敏感性检测实验篇和金葡菌药敏试剂说明书进行。药敏结果参照美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)2019年标准进行耐药表型判定,质控菌株选择ATCC 29213。16种抗生素包括苯唑西林、红霉素、克林霉素、左氧氟沙星、四环素、庆大霉素、万古霉素、替考拉宁、利福平、复方新诺明、达托霉素、青霉素、红霉素/克林霉素、利奈唑胺、头孢西丁和呋喃妥因。

1.2.3 基因组DNA提取

提取试剂选用Qiagen DNA Mini Kit,按操作手册提取,提取后采用NanoDrop2000超微量分光光度计测定基因组DNA纯度和浓度。基因组DNA的浓度为97~113 ng/ μ L,最终体积为100 μ L。

1.2.4 全基因组测序及分析

分离株提取的菌株DNA全基因组在Illumina novaseq平台上完成测序,采用paired-end 2×150 bp,测序深度为100~200 X,获得的序列片段(reads)在CLC Genomics Workbench 9.5.3平台上从头拼接方式(de novo)拼接和组装。拼接序列在线数据库Center for Genomic Epidemiology平台分析MLST型别(ST型)和Spa型,用ResFinder数据库分析菌株的耐药基因,相似度设为90%,覆盖率设为90%。用数据库VFDB查找菌株毒力基因,相似度设为100%,覆盖率设为100%。重要毒力基因序列再用

Blastn 比对确认。

1.2.5 cgMLST 聚类分析

按国家食源性疾病监测项目方案将菌株序列上传 Bionumerics 7.6 软件,以菌株 cgMLST 构建最小生成树。按照文献《用全基因组测序方法分析三起耐甲氧西林金黄色葡萄球菌暴发事件》^[6]中 cgMLST 判定菌株同源性的方法进行判定,判定方法为金葡菌 1 861 个核心基因位点中 ≤8 个等位基因差异的菌株视为同源,9~29 个等位基因差异的菌株视为可能相关,30 个或更多等位基因差异的菌株视为不相关。

2 结果

2.1 基本情况

2021 年 8 月 24 日 17 点接到疑似食源性疾病事件报告。该事件发生在某公司食堂,该公司共 3 000 人,按病例定义共搜索到 18 个病例,患病率为 1.38%(18/3 000),分布在各部门,男女比例为 8:1,年龄介于 23~48 岁。主要临床症状为呕吐、腹泻、腹痛,其中呕吐最多达 11 次/d,腹泻最多达 5 次/d,大便性状多为水样便,腹痛主要为脐周阵痛,部分病例有低热、头痛等症状,症状分布情况见表 1。首例发病时间为 8 月 24 日 14:00,末例发病时间为 8 月 24 日 17:30。该公司食堂有 4 个窗口分发食物,首例病例食用了 2 号窗口的烧鸭和肉卷,其他病例自述均食用了 2 号窗口午餐。现场调查时发现其厨房卫生条件良好。

表 1 2021 年珠海金黄色葡萄球菌导致的食源性疾病病例临床症状分布

Table 1 Distribution of clinical symptoms among 18 cases of Zhuhai in 2021

临床症状	病例数	发生率/%
腹泻	14	77.78
腹痛	14	77.78
发热	4	22.22
恶心	16	88.89
呕吐	16	88.89
头晕	10	55.56
头痛	2	11.11

2.2 分离培养

共采集 83 份样品及标本,包括病例肛拭子 11 份,食堂厨工肛拭子 10 份,食堂环境样品 14 份(其中饭堂 2 号窗口环境 4 份、1 号窗口环境样 2 份、后厨环境样 8 份),食堂食物样品 48 份。共分离到 16 株金葡菌,其中 8 株来自病例,1 株来自厨工,7 株来自食物样品,均为 24 日午餐相关食材,分别为烧鸭、鸡蛋肉丝、酸豆角鸡胗、剁椒鱼块、青瓜片、花菜和粉汤。所有样本均未检出蜡样芽胞杆菌。

见表 2。

表 2 2021 年珠海食源性疾病样品分离的 16 株金葡菌病原学特征一览表

Table 2 List of pathogenic characteristics of 16 SA isolates of Zhuhai in 2021

菌株编号	MLST 型	Spa 型	耐药情况	耐药基因	来源
21SA60	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA61	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA62	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA63	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA64	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA65	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA66	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	病例
21SA67	ST5	t548	—	—	病例
21SA68	ST398	t588	PEN	—	厨工
21SA70	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	鸡蛋肉丝
21SA71	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	青瓜片
21SA72	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	花菜
21SA73	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	烧鸭
21SA74	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	剁椒鱼块
21SA75	ST965	t62	—	—	粉汤
21SA76	ST7	t91	TET-PEN	<i>aadD</i> 、 <i>tet(K)</i> 、 <i>blaZ</i> 、 <i>lnu(A)</i>	酸豆角鸡胗

注:—表示未检出;TET 表示对四环素耐药;PEN 表示对青霉素耐药

2.3 MLST 和 Spa 分型

16 株菌经 MLST 和 Spa 分型获得 4 个型别,分别为 ST7-t91(13 株)、ST5-t548(1 株)、ST398-t588(1 株)和 ST965-t62(1 株)。ST7-t91 型菌株中 7 株为病例分离株,6 株为食品分离株,ST5-t548 株为病例分离株,ST398-t588 株为厨工分离株,ST965-t62 株分离自食品粉汤。其中 ST5-t548 和 ST965-t62 同属于 CC5 克隆群。见表 2。

2.4 药物敏感试验和耐药基因

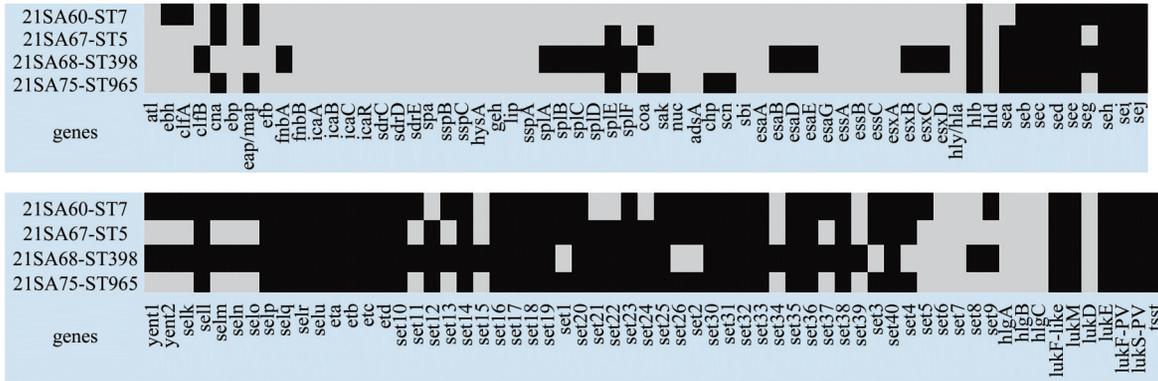
ST398 株对青霉素耐药;所有 ST7 株均对四环素和青霉素耐药,对其他抗生素均敏感;ST5 和 ST965 株对 16 种抗生素均敏感,见表 2。耐药基因分析发现 ST7 株均携带 *aadD*、*tet(K)*、*blaZ* 和 *lnu(A)* 耐药基因,分别介导细菌对氨基糖苷类药物、四环素、β 内酰胺类和林可酰胺类耐药;ST398、ST5 和 ST965 株均未检出耐药基因。

2.5 毒力基因

利用 VFDB 数据库分析金葡菌 128 个毒力基因在 16 株分离株中的分布情况,结果见图 1。所有分离株均携带溶血素基因(*hly/hla*、*hld*、*hlgA*、*hlgB*、*hlgC*)和杀白细胞素基因(*lukD*),均不携带毒性休克综合征基因(*tssI*)。不同 ST 型分离株携带肠毒素基因情况不一样,ST7 分离株携带经典肠毒素 *sea*。ST5 和 ST965 携带位于肠毒素基因簇(Enterotoxin gene cluster, *egc*)的新型肠毒素基因(*seg*、*selk*、*selm*、*seln*、*selo*),分离自厨工的 ST398 株未携带肠毒素基因。另外,除了 ST965 分离株,其他菌株均检出先天免疫逃避簇

(Immune evasion cluster, IEC)基因,如趋化抑制蛋白基因(*chp*)、葡萄球菌补体抑制剂基因(*scn*)和葡激酶基

因(*sak*),又因 ST7 分离株携带 *sea* 基因,IEC 型别为 A 型,而 ST5 和 ST398 未携带 *sea*,IEC 型别为 B 型。



注:灰色为检出,黑色为未检出

图1 2021年珠海食源性疾病分离的4种ST型金葡菌毒力基因分布

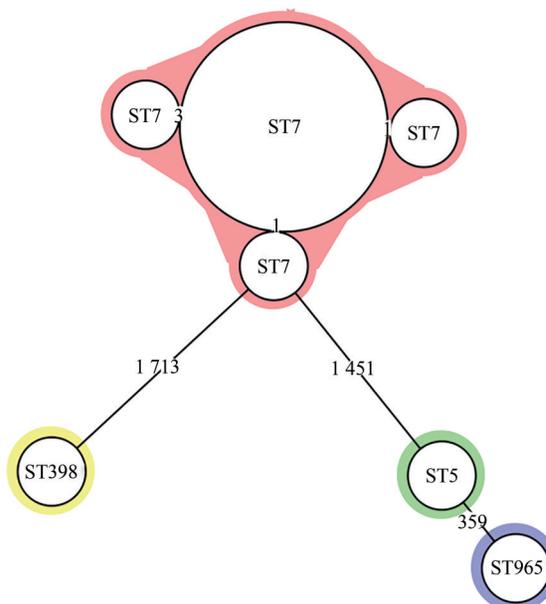
Figure 1 Distribution of virulence genes among 4 ST types of SA isolates of Zhuhai in 2021

2.6 cgMLST分析

分离株基因组数据上传 Bionumerics 7.6,以分离株 cgMLST 构建最小生成树,发现 16 株金葡菌等位基因差异数在 0~1 713 之间,13 株 ST7 聚在一个分支,等位基因差异数在 0~3 之间;ST7 株与 ST398 株等位基因差异数为 1 713 个,与 ST5 株等位基因差异数为 1 451 个;ST5 株和 ST965 株等位基因差异数为 359 个。可见分离自患者和食品的 ST7-t91 株高度同源。见图 2。

3 讨论

在 2021 年 8 月珠海的这起食源性疾病暴发事



注:圆之间的数字代表两个分支等位基因差异数

图2 2021年珠海食源性疾病分离的16株金葡菌cgMLST最小生成树

Figure 2 Minimum spanning tree of cgMLST of 16 SA isolates of Zhuhai in 2021

件中,7个病例和6份可疑食物均检出ST7-t91型金葡菌,其携带*sea*致病基因,cgMLST分析显示ST7-t91型分离株高度同源。病例24日均食用了2号窗口的午餐(当天午餐有17种菜式),首例病例食用了烧鸭和肉卷,而检出金葡菌的6份食物中有5份为2号窗口24日午餐相关食物,如烧鸭、剁椒鱼块、花菜和青瓜片等,这些食物加工方式不一样,故推测可能是2号窗口厨具或者餐具受到污染导致的。但是采集的14份环境样中均未检出金葡菌,可能是因为环境样采集时间(24日20:00)为24日晚餐后,食堂环境已经过清洗消毒,采集的环境样不能真实反映午餐时厨房环境受污染情况。据报道ST7金葡菌是国内金葡菌食源性疾病事件中较为常见的型别,常见于零售肉制品及禽类屠宰环节^[7-9]。近年来广州市和海南相继报道了携带*sea*的ST7-t91型金葡菌引起的暴发事件^[10-11],提示该型别可能是近期华南地区金葡菌食源性疾病事件主要基因型,应加以关注。另外病例还检出ST5-t548,食品检出ST965-t62型金葡菌,提示该食堂食品可能受到不同来源金葡菌污染,食品存在交叉污染现象。ST5型在我国食品安全风险监测及暴发事件中常检出,以ST5-t002型为主^[7-8]。

金葡菌先天免疫逃避簇位于 ϕ Sa3int前噬菌体,IEC可增强金葡菌在人体内定居、传播和持续存在的能力。VAN WAMEL等^[12]将IEC分成7个型别(A-G),A型毒性最强,携带IEC完整基因(*sak*、*sea*、*scn*和*chp*),菌株毒性随着基因的缺失或突变而成比例下降。本事件所有ST7株均为A型,为高毒力菌株;人源株ST5和ST398携带*chp*、*scn*和*sak*,为B型,ST965食品株未检出IEC基因。这提示了相较于其他人源株,ST7株在体内有更强的增殖能

力和致病力。

肠毒素是金葡菌食源性疾病主要致病因子,以经典肠毒素为主,该事件主要致病菌 ST7 型金葡菌携带经典肠毒素 *sea* 基因。据 OMOE 等^[13]报道, 100 μg/kg 的新型肠毒素(SEIK、SEIL、SEIM、SEIN、SEIO、SEIP 和 SEIQ)做猴子催吐实验发现所有测试毒素均具有催吐活性,推测部分新型肠毒素可能引发食物中毒。2015 年和 2017 年在瑞士和日本报道了 3 起由携带位于 *egc* 基因簇的新型肠毒素基因(*seg*、*selk*、*selm*、*seln*、*selo*)金葡菌引起的食源性暴发事件^[14-15]。在本次报道的事件中患者分离株 21SA67(ST5 型)也携带了 *egc* 基因,而未发现携带经典肠毒素基因。这些事件证实了携带 *egc* 基因金葡菌具有引起食物中毒的能力。CHENG 等^[16]研究我国东部 496 株不同来源的金葡菌肠毒素基因分布情况发现 *egc* 基因占比呈上升趋势,高达 61.68%,远超过经典肠毒素基因的 25.67%。携带 *egc* 基因金葡菌可能是食品安全潜在风险,应加强食源性来源金葡菌肠毒素携带情况的监测。

研究发现食物中毒来源金葡菌对青霉素耐药率高,其次是红霉素和克拉霉素^[9]。该事件 ST7 株耐药情况和海南的报道一样^[13],对青霉素和四环素耐药,对头孢类抗生素、喹诺酮类抗生素等临床一线抗生素敏感,携带耐药基因 *aadD*、*tet(K)*、*blaZ*、*Inu(A)*。另外发现患者菌株 21SA68 对青霉素耐药,而全基因组分析未发现携带 β 内酰胺酶基因,可能是因为青霉素结合蛋白突变造成。

引起食源性暴发事件的金葡菌 ST 型和肠毒素基因呈现多样性的趋势,采用全基因组测序和进化关系分析可了解事件分离株的同源性,也可深入了解致病菌携带致病因子的情况,有利于分析暴发事件的致病因子,为暴发事件的控制措施提供参考。在食源性疾病监测或食品风险因素监测中可增加 ST 型、肠毒素基因以及耐药性的检测,以便了解我国食源性来源金葡菌的分子遗传特征变化趋势。

参考文献

- [1] 李红秋,贾华云,赵帅,等. 2021 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(4): 816-821.
LI H Q, JIA H Y, ZHAO S, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese mainland in 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 816-821.
- [2] 夏琳琳,邱爽,王若彤,等. 2011—2020 年中国食源性疾病暴发的时空趋势[J]. 卫生研究, 2023, 52(2): 226-231.
XIA L L, QIU S, WANG R T, et al. Foodborne disease outbreaks in China from 2011 to 2020 [J]. Journal of Hygiene

Research, 2023, 52(2): 226-231.

- [3] BASTOS C P, BASSANI M T, MATA M M, et al. Prevalence and expression of staphylococcal enterotoxin genes in *Staphylococcus aureus* isolated from food poisoning outbreaks [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2017, 63(10): 834-840.
- [4] 国家卫生和计划生育委员会. 食品安全国家标准食品微生物学检验蜡芽杆菌检验:GB 4789.14—2014[S], 北京: 中国标准出版社, 2014.
National Health and Family Planning Commission. National food safety standard-Food microbiological examination: *Bacillus cereus* GB 4789.14—2014 [S]. Beijing: Standards Press of China, 2014.
- [5] 国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准食品微生物学检验金黄色葡萄球菌检验: GB 4789.10—2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
National Health and Family Planning Commission, National Food and Drug Administration. National food safety standard-Food microbiological examination: *Staphylococcus aureus* GB 4789.10—2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016.
- [6] CUNNINGHAM S A, CHIA N, JERALDO P R, et al. Comparison of whole-genome sequencing methods for analysis of three methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* outbreaks [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2017, 55(6): 1946-1953.
- [7] 吕国平,李亚子,郭玉梅,等. 金黄色葡萄球菌食物中毒株遗传特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2018, 13(2): 185-188.
LYU G P, LI Y Z, GUO Y M, et al. Analysis of the characteristics of *Staphylococcus aureus* isolated in outbreaks of food poisoning [J]. Journal of Pathogen Biology, 2018, 13(2): 185-188.
- [8] WU S, HUANG J H, WU Q P, et al. *Staphylococcus aureus* isolated from retail meat and meat products in China: Incidence, antibiotic resistance and genetic diversity [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2767.
- [9] 张鹏飞,徐旭,王婷,等. 肉鸡屠宰环节中金黄色葡萄球菌的流行及分子特征和耐药性[J]. 食品科学, 2022, 43(14): 302-310.
ZHANG P F, XU X, WANG T, et al. Prevalence, molecular characteristics and antimicrobial susceptibility of *Staphylococcus aureus* in broiler slaughter and processing chain [J]. Food Science, 2022, 43(14): 302-310.
- [10] 周勇,何颖意,王丰伟,等. 食物中毒来源金黄色葡萄球菌 ST6 和 ST7 菌株分子特征研究[J]. 中华预防医学杂志, 2022, 56(2): 178-184.
ZHOU Y, HE Y Y, WANG F W, et al. Molecular characterization of *Staphylococcus aureus* ST6 and ST7 isolates from food-borne illness outbreaks [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2022, 56(2): 178-184.
- [11] GUO Y H, YU X J, WANG J X, et al. A food poisoning caused by ST7 *Staphylococcus aureus* harboring *sea* gene in Hainan Province, China [J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1110720.
- [12] VAN WAMEL W J, ROOIJAKKERS S H, RUYKEN M, et al. The innate immune modulators staphylococcal complement inhibitor and chemotaxis inhibitory protein of *Staphylococcus aureus* are located on beta-hemolysin-converting bacteriophages [J]. Journal

- of Bacteriology, 2006, 188(4): 1310-1315.
- [13] OMOE K, HU D L, ONO H K, et al. Emetic potentials of newly identified staphylococcal enterotoxin-like toxins[J]. Infection and Immunity, 2013, 81(10): 3627-3631.
- [14] JOHLER S, GIANNINI P, JERMINI M, et al. Further evidence for staphylococcal food poisoning outbreaks caused by *egc*-encoded enterotoxins[J]. Toxins (Basel), 2015, 7(3): 997-1004.
- [15] UMEDA K, NAKAMURA H, YAMAMOTO K, et al. Molecular and epidemiological characterization of staphylococcal foodborne outbreak of *Staphylococcus aureus* harboring *seg*, *sei*, *sem*, *sen*, *seo*, and *selu* genes without production of classical enterotoxins[J]. International Journal of Food Microbiology, 2017, 256: 30-35.
- [16] CHENG J H, WANG Y, CAO Y Z, et al. The distribution of 18 enterotoxin and enterotoxin-like genes in *Staphylococcus aureus* strains from different sources in East China [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2016, 13(4): 171-176.