

## 研究报告

## 鄂尔多斯市一起食物中毒事件中沙门菌耐药及同源性分析

贾媛<sup>1</sup>,刘春玲<sup>1</sup>,杨春燕<sup>1</sup>,张迪<sup>1</sup>,肖洪涛<sup>1</sup>,赵龙<sup>2</sup>

(1. 鄂尔多斯市疾病预防控制中心,内蒙古鄂尔多斯 017010;2. 东胜区疾病预防控制中心,内蒙古鄂尔多斯 017000)

**摘要:**目的 了解鄂尔多斯市一起食物中毒事件中沙门菌的血清型、耐药状况及同源性,为食物中毒事件调查溯源提供科学依据。方法 对来自食物中毒事件中的腹泻患者及他们共同的就餐环境、就餐食物中检出的沙门菌采用实时荧光定量PCR的方法进行血清分型、微量肉汤稀释法进行药敏试验、脉冲场凝胶电泳试验和全基因组测序进行同源性分析。结果 成功分离培养到沙门菌12株(来自2份蛋黄酱,1份打蛋器涂抹拭子,9名患者的粪便),经血清分型鉴定为肠炎沙门菌,且12株肠炎沙门菌均为多重耐药株,其耐药谱为STR-AMP-AMS-NAL-CIP-CT;12株肠炎沙门菌同源性大于80%。结论 引起本次食物中毒的肠炎沙门菌均为多重耐药,且来自食品、厨具及患者的肠炎沙门菌具有高度的同源性,可判断该起食物中毒事件是由患者食用了被肠炎沙门菌污染的蛋黄酱引起。

**关键词:**食物中毒;肠炎沙门菌;耐药;脉冲场凝胶电泳;全基因组测序

中图分类号:R155

文献标识码:A

文章编号:1004-8456(2024)11-1209-05

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.11.001

**Drug resistance and homology analysis of *Salmonella* in a food poisoning incident in Ordos City**JIA Yuan<sup>1</sup>, LIU Chunling<sup>1</sup>, YANG Chunyan<sup>1</sup>, ZHANG Di<sup>1</sup>, XIAO Hongtao<sup>1</sup>, ZHAO Long<sup>2</sup>

(1. Ordos Center for Disease Control and Prevention, Inner Mongolia Ordos 017010, China; 2. Dongsheng District Center for Disease Control and Prevention, Inner Mongolia Ordos 017000, China)

**Abstract: Objective** To understand the serotype, drug resistance status, and homology of *Salmonella* in the food poisoning incident, and provide scientific basis for investigating and tracing the source of the food poisoning incident.

**Methods** Real time fluorescent quantitative PCR was used for serotyping of *Salmonella* from diarrhea patients in food poisoning events, their common dining environment and food samples, micro broth dilution method was used for drug sensitivity test, pulsed field gel electrophoresis test and whole genome sequencing for homology analysis. **Results** Twelve strains of *Salmonella* were successfully isolated and cultured (including 2 food samples, 1 kitchen utensil sample and feces from 9 patients), which were identified as *Salmonella enterica* by serum typing. All 12 strains of *Salmonella enterica* were multidrug-resistant strains, with the predominant resistance being STR-AMP-AMS-NAL-CIP-CT; The homology of 12 strains of *Salmonella enteritidis* is greater than 80%. **Conclusion** The *Salmonella enterica* that caused the food poisoning in this case are all multidrug-resistant, and the *Salmonella enterica* from food, kitchen utensils and patients have a high degree of homology, indicating that the food poisoning incident was caused by this food.

**Key words:** Food poisoning; *Salmonella enteritidis*; drug resistance; pulsed field gel electrophoresis; whole genome sequencing

沙门菌属为革兰氏阴性杆菌,通常具有周身鞭毛、能运动、兼性厌氧,广泛分布于自然界中,是人类和动物常见的病原菌。主要临床症状为呕吐、腹

泻、发热和胃痉挛等,严重者可导致关节炎、脑膜炎、心肌炎、败血症等多种并发症<sup>[1-3]</sup>。由沙门菌引起的食物中毒多年来在我国细菌性食物中毒事件

收稿日期:2024-08-04

基金项目:鄂尔多斯市重点传染病病原溯源分析及耐药性研究(2021YY社213-68)

作者简介:贾媛 女 主管技师 研究方向为微生物检验 E-mail:jiayuan0975@163.com

刘春玲 女 主治医师 研究方向为食品检验与分析 E-mail:2421756904@qq.com

贾媛和刘春玲为并列第一作者

通信作者:杨春燕 女 副主任技师 研究方向为微生物检验 E-mail:315284893@qq.com

中居首位<sup>[4-5]</sup>。沙门菌血清型种类繁多,目前已发现的大约有2600多种,其分布呈地域性差异,我国已发现的约290个血清型<sup>[6-8]</sup>。不同血清型在机体内引发的临床症状也不尽相同<sup>[9]</sup>。肠炎沙门菌、鼠伤寒沙门菌和猪霍乱沙门菌等可产生耐热的肠毒素,导致呕吐、腹泻或更严重的症状<sup>[10-12]</sup>。鄂尔多斯市近几年里发生的食物中毒事件大部分也是由沙门菌引起的,且肠炎沙门菌为优势血清群。由于近年来临床抗生素的滥用,细菌的耐药情况越来越严重。因此研究细菌耐药情况,对临床治疗具有指导性意义。

2022年7月初,鄂尔多斯市东胜区某医院陆续收治了多名腹痛、腹泻患者(住院9例,门诊6例),问诊发现这些患者均有东胜区某烧烤店就餐史,主要症状为发热、腹痛、腹泻,偶有恶心、呕吐、头痛等症状。主要就餐食品为烤面包(涂抹自制蛋黄酱)、羊肉串、烤鱼、烤鸡脆骨。随即辖区疾控中心对可疑食品(椰香吐司、自制蛋黄酱、自制板筋酱、自制蔬菜酱等)及餐具(打蛋器)进行采样检测,并成功从自制蛋黄酱(两种包装)和打蛋器涂抹拭子中分离培养出3株沙门菌,与此同时辖区医院也从9名患者粪便中成功分离出沙门菌。两种蛋黄酱和打蛋器涂抹拭子及患者粪便中共分离出12株沙门菌,均送至鄂尔多斯市疾病预防控制中心作进一步分析。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

2022年7月鄂尔多斯市东胜区一起食物中毒事件中采集的椰香吐司、蛋黄酱(两种包装)、板筋酱、蔬菜酱共5份可疑食品中分离得到2株沙门菌,可疑餐具打蛋器中分离得到1株沙门菌,鄂尔多斯市某医院自15名食物中毒患者粪便中分离到9株沙门菌。

### 1.2 试剂

营养琼脂购自北京陆桥科技有限公司;沙门氏菌血清型分子鉴定试剂盒购自美正科生物科技有限公司;革兰氏阴性需氧菌药敏盘购自上海复星佰生物技术有限公司;1M Tris-HCl 缓冲液、0.5M EDTA 溶液、10×TBE 缓冲液、蛋白酶K均购自索莱宝;Seakem Gold Agarose 购自 Lonza;限制性内切酶 *Xba* I 购自 TaKara;4S Gelred 核酸染料,10 000×水溶液购自生工生物工程(上海)股份有限公司;建库及测序上机试剂盒购自 illumina。

### 1.3 仪器

电热恒温培养箱购自上海博讯实业有限公司医疗设备厂;实时荧光定量PCR仪、脉冲场凝胶电泳

仪、凝胶成像仪均购自 BioRad;微生物质谱仪购自 Bruker;全自动药敏仪购自上海复星佰生物技术有限公司;电热恒温水槽购自上海一恒科技有限公司;水浴恒温培养摇床购自常州朗越仪器制造有限公司;二代测序仪购自 illumina。

## 1.4 方法

### 1.4.1 沙门菌血清分型

将自哨点医院和属地疾控中心送检的菌株接种营养琼脂平板进行复苏,经质谱仪鉴定为沙门菌属,取营养琼脂平板上的培养物提取核酸,按操作说明书进行实时荧光定量PCR检测,并记录Ct值。将Ct值录入美正沙门氏菌血清分型表格进行结果判读。

### 1.4.2 沙门菌药物敏感性检测

取营养琼脂平板上的培养物制备成0.5麦氏浊度的菌悬液,取20 μL菌悬液接种4 mL药敏接种培养液中混匀,取3 mL培养液接种革兰氏阴性药敏盘中(避免产生气泡),放入全自动药敏分析仪中进行药物敏感性检测,18~20 h后由仪器自动读取结果。试验过程中选用ATCC25922作为质控菌株。药物种类和浓度范围见表1。

### 1.4.3 沙门菌PFGE分型

按照国家致病菌识别网技术规范-非伤寒沙门氏菌PFGE分子分型操作说明对菌株进行分型。

#### 1.4.3.1 plug制备

将沙门菌和标准菌株H9812(Marker)制成4.0~4.5麦氏浊度的菌悬液(CSB),再加入蛋白酶K与1%SKG琼脂糖混匀(避免产生气泡),加入plug模具,室温下凝固。

#### 1.4.3.2 细菌的裂解

将上述plug移入细胞裂解液中,置于恒温振荡器中55℃温育2 h。

#### 1.4.3.3 plug清洗

将plug置于带滤帽的screw-cap管中,用纯水清洗两次,再用TE清洗4次,每次10 min。

#### 1.4.3.4 plug中DNA的酶切

将plug切成2 mm宽的小胶块,置于*Xba* I酶切体系中(50 U/块),37℃温育3 h。

#### 1.4.3.5 酶切片段的电泳

将小胶块置于梳齿底部,待干燥固定后,加入55℃、1%SKG琼脂糖,制备成大胶块(避免产生气泡)。设置电泳条件:Low MW:30 kb;High MW:700 kb;Run time:18.5 h;Initial switch time:2.16 s;Final switch time:63.8 s。

#### 1.4.3.6 图像获取

电泳结束后将胶块进行染色、脱色后,置于凝胶成像仪上成像;将图像上传至国家致病菌识别网

表 1 药敏检测板的药物种类和参考范围

Table 1 Drug types and reference range of drug sensitivity testing plate

序号	药物	英文全称	缩写	参考范围/( $\mu\text{g}/\text{mL}$ )
1	氯霉素	Chloramphenicol	CHL	8~32
2	萘啶酸	Nalidixic acid	NAL	
3	链霉素	Streptomycin	STR	8~32
4	复方新诺明	Trimethoprim/sulfamethoxazole	SXT	2/38~4/76
5	四环素	Tetracycline	TET	4~16
6	美罗培南	MeropeneM	MEM	1~4
7	氨苄西林	Ampicillin	AMP	8~32
8	阿米卡星	Amikacin	AMI	16~64
9	氨苄西林/舒巴坦	Ampicillin/Sulbactam	AMS	8/4~32/16
10	厄他培南	Ertapenem	ETP	0.5~2
11	多黏菌素 E	Polymyxin E	CT	1~4
12	替加环素	Tigecycline	TGC	1~2
13	头孢他啶/阿维巴坦	Cefotaxime/Avibactam	CZA	8/4~16/4
14	阿奇霉素	Azithromycin	AZM	
15	头孢噻肟	Cefotaxime	CTX	1~4
16	头孢他啶	Ceftazidime	CAZ	4~16
17	环丙沙星	Ciprofloxacin	CIP	0.06~1

信息系统中进行图像处理 and 聚类分析。

1.4.4 沙门菌全基因组测序

将沙门菌纯培养物进行核酸提取,按照 illumina 试剂说明书进行纯化、定量、酶切、加接头、再纯化、定量、稀释至 15 pm 后上机,上机参照试剂盒说明书操作。下机数据使用病原微生物信息系统(北京微未来科技公司)进行自动拼接、分析报告。

2 结果

2.1 沙门菌血清分型结果

对食物中毒事件中分离培养得到的 12 株沙门菌经沙门菌血清分型试剂盒检测,结果均为肠炎沙门菌。

2.2 沙门菌药敏试验结果

对 12 株沙门菌进行药敏试验,结果显示 12 株

沙门菌耐药谱完全一致,均对链霉素、氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦耐药、萘啶酸、环丙沙星、多黏菌素 E 耐药,耐药率为 100%,其耐药谱为 STR-AMP-AMS-NAL-CIP-CT,对 3 类及以上药物产生耐药判定为多重耐药株,故 12 株肠炎沙门菌均为多重耐药株(图 1)。

2.3 沙门菌 PFGE 分型结果

12 株肠炎沙门菌 PFGE 图谱共分为 4 个不同图谱类型,形成了两个簇,聚类相似度在 85.48%~100%,其中 7 名患者粪便中分离到的沙门菌与其中一份蛋黄酱(盒装)中沙门菌成簇,且相似度为 100%;2 名患者粪便中分离到的沙门菌与打蛋器涂抹拭子中沙门菌成簇,相似度为 100%。另外一份蛋黄酱(袋装)与盒装蛋黄酱图谱相似度为 98.08%。两簇之间的相似度为 85.48%。

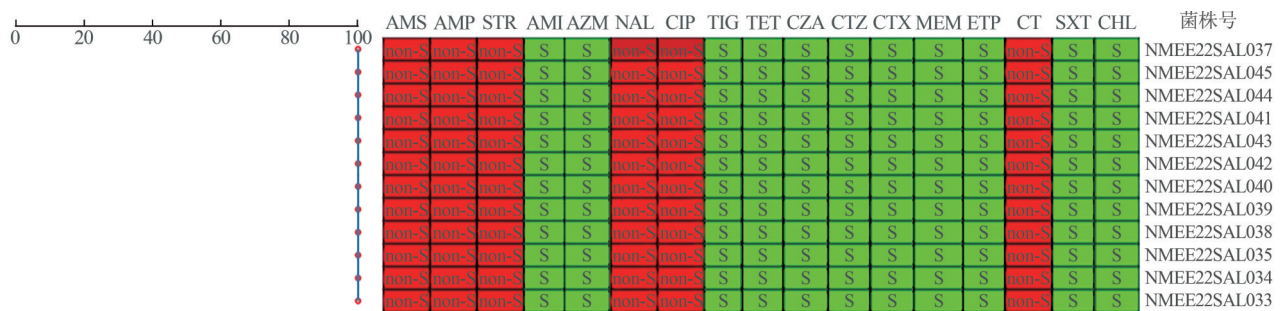


图 1 12 株肠炎沙门菌耐药图谱

Figure 1 Resistance map of 12 *Salmonella enteritidis*

2.4 沙门菌全基因组测序结果

2.4.1 MLST 和 cgMLST 分型

通过对沙门菌管家基因 *aroC*、*dnaN*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA*、*thrA* 进行多位点序列分型(MLST),结果为 ST11 型。由于 MLST 分辨率低,利用核心基因组多位点序列分析(cgMLST)做进一步研究,其分

型结果为 cgST 166127 型。见表 2。

3 讨论

沙门菌是引起食源性疾病最常见的病原体之一,世界各地的细菌性食物中毒事件中,沙门菌引起的食物中毒事件数量长居榜首<sup>[13]</sup>。我国大约有

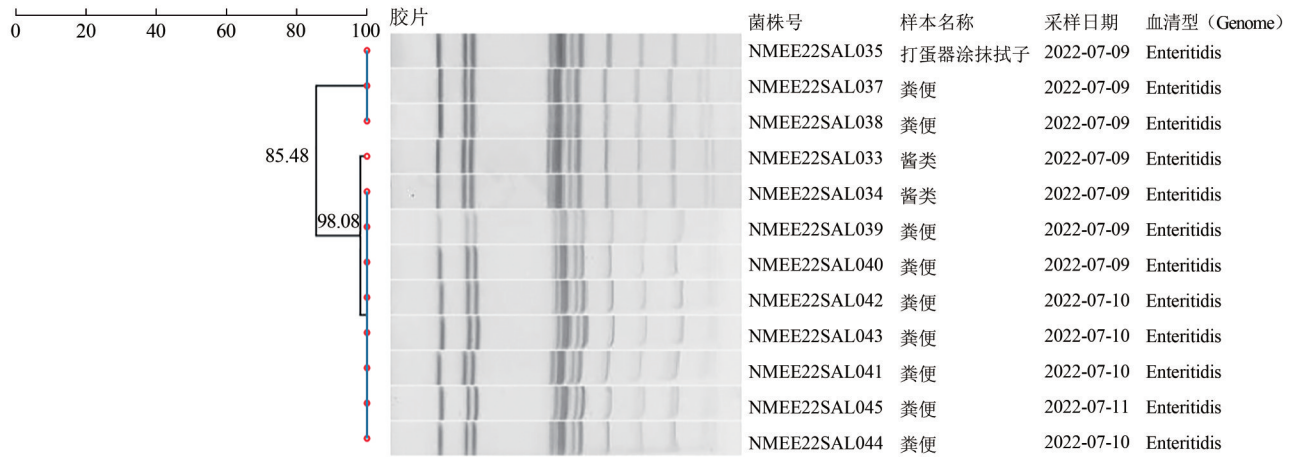


图2 沙门菌 PFGE 分型聚类图

Figure 2 *Salmonella* PFGE Typing Cluster Diagram

表2 cgMLST 结果统计信息表

Table 2 Statistic results of cgMLST

样本编号	等位基 因个数	检测 个数	检测 率/%	cgST	匹配等位 基因个数	匹配 率/%
NMEE22SAL033	3 002	2 769	92.24	166 127	2 766	92.14
NMEE22SAL034	3 002	2 770	92.27	166 127	2 767	92.17
NMEE22SAL035	3 002	2 771	92.31	166 127	2 768	92.21
NMEE22SAL037	3 002	2 770	92.27	166 127	2 767	92.17
NMEE22SAL038	3 002	2 772	92.34	166 127	2 768	92.21
NMEE22SAL039	3 002	2 772	92.34	166 127	2 768	92.21
NMEE22SAL040	3 002	2 770	92.27	166 127	2 767	92.17
NMEE22SAL041	3 002	2 770	92.27	166 127	2 767	92.17
NMEE22SAL042	3 002	2 750	91.61	166 127	2 744	91.41
NMEE22SAL043	3 002	2 769	92.24	166 127	2 766	92.14
NMEE22SAL044	3 002	2 770	92.27	166 127	2 767	92.17
NMEE22SAL045	3 002	2 769	92.24	166 127	2 766	92.14

70%~80% 的食源性疾病是由沙门菌引起的<sup>[14]</sup>。从 2019 年至今鄂尔多斯市每年至少有一起食物中毒事件是由沙门菌引起的,而且在多起沙门菌食物中毒事件中肠炎沙门菌所占比例最高。随着分子生物学的发展与普及,实时荧光定量 PCR 技术在菌种鉴定、血清分型、毒力基因鉴定等方面的应用越来越广泛,比起传统的生化鉴定和血清凝集方法,具有灵敏度高、特异性强、速度快等特点。本次食物中毒事件利用荧光定量 PCR 技术对 12 株沙门菌进行血清分型,通过判读软件直接给出结果为肠炎沙门菌。

近年来,细菌耐药性让临床医生颇感无奈,且伴随着抗生素的不规范使用,细菌的耐药性及耐药种类也在不断增加,多重耐药已成为普遍现象。在该起肠炎沙门菌感染事件中,12 株沙门菌均对链霉素、氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、萘啶酸、环丙沙星、多黏菌素 E 耐药,为多重耐药,耐药率 100%。耐药种类主要为 β-内酰胺类(AMP、AMS)、喹诺酮类(NAL、CIP)、多肽类(CT)、氨基糖苷类(STR),由此给我们敲响警钟,应加强抗生素管理,减少经验

用药,控制耐药继续发展下去。

PFGE 是 20 世纪 80 年代中期发展起来的一种非常有效的分子分型方法<sup>[15-16]</sup>,可分析不同菌株之间遗传多样性及遗传关系,从而发现暴发、识别传染源及推测流行范围<sup>[17]</sup>。本次事件中 12 株沙门菌 PFGE 条带基本一致。TALON 等<sup>[18]</sup>在 PFGE 聚类分析结果中解释,85% 以上相同条带的菌株认为是同一来源的菌株,50% 以上的条带不同的菌株认为无流行病学相关,可初步判断该事件中 12 株沙门菌为同一型别,为同一暴发来源。由于 PFGE 试验过程复杂,很难得到完美的条带,在条带识别的时候存在很多主观因素,因此分辨能力有限,必须结合流行病学资料进行佐证。因此我们进一步对菌株进行全基因组测序,并对测序数据进行分析,结果显示 12 株沙门菌的 MLST 型均为 ST11 型,其基因长度分布、类别数量分布、MLST 分型管家基因序列种类编号均高度一致。cgMLST 是使用某一个种的细菌核心基因组中上千个基因位点的序列差异对菌株进行区分和分型的方法,与传统 MLST 分析相比具有更高分辨力,在金黄色葡萄球菌、嗜肺军团菌、结核分枝杆菌等多种病原菌的分型和分析流行病学研究中显示了非常好的应用前景<sup>[19]</sup>。本次分析的 12 株沙门菌 cgMLST 的 cgST 分型均为 166127,表明了样本之间的高度同源性,且流行病学调查中发现 9 名感染者均进食过涂有自制面包酱的烤面包,而该面包酱为烧烤店自制的以蛋液为主料的酱料,可初步判断污染源为鸡蛋液。由于条件限制没有进行进一步的溯源。

综上所述,该起食物中毒事件的元凶为蛋黄酱,蛋黄酱是以鸡蛋为原料加以辅助调料配制而成,患者因食用了被肠炎沙门菌污染的蛋黄酱导致中毒。众所周知,鸡蛋是沙门菌感染的常见食品之一,公众在处理鸡蛋制品时最好先清洁蛋壳,同时

外出就餐时尽量选择一些环境干净卫生、烹饪方式安全的地方,避免发生类似的事件。

## 参考文献

- [ 1 ] MSTER A, CUNHA G, TEIXEIRA N, et al. Rhabdomyolysis due to *Salmonellosis*: a case report of a rare presentation [J]. *Cureus*, 2021, 13(11): 19781.
- [ 2 ] JITHIN C, SHAJI R K. Acute Encephalopathy as a Presenting symptom of nontyphoidal *Salmonellosis* in children [J]. *Pediatric Infectious Disease*, 2021, 3(2): 81-82.
- [ 3 ] DUPONT H L. The growing threat of foodborne bacterial enteropathogens of animal origin [J]. *Clinical Infectious Diseases*, 2007, 45(10): 1353-1361.
- [ 4 ] 吴双志, 刘洋, 胡锋, 等. 2011—2013年牡丹江市食品中沙门氏菌的分布调查 [J]. *医学动物防制*, 2015, 31(9): 1005-1007.
- WU S Z, LIU Y, HU F, et al. *Salmonella* distribution survey in food of Mudanjiang city during 2011—2013 [J]. *Journal of Medical Pest Control*, 2015, 31(9): 1005-1007.
- [ 5 ] 李杰, 丁承超, 翟续昭, 等. 沙门氏菌检测技术研究进展 [J]. *微生物学杂志*, 2017, 37(4): 126-132.
- LI J, DING C C, ZHAI X Z, et al. Advances in *Salmonella* detection techniques [J]. *Journal of Microbiology*, 2017, 37(4): 126-132.
- [ 6 ] 徐家芳, 谢永登. 沙门氏菌研究进展 [J]. *广西畜牧兽医*, 2020, 36(2): 92-94.
- XU J F, XIE Y D. Research progress on *Salmonella* [J]. *Guangxi Journal of Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2020, 36(2): 92-94.
- [ 7 ] 张文成, 朱丽臻, 李富强, 等. 沙门氏菌血清型研究进展 [J]. *齐鲁工业大学学报*, 2019, 33(5): 10-14.
- ZHANG W C, ZHU L Z, LI F Q, et al. Progress in serotype of *Salmonella* [J]. *Journal of Qilu University of Technology*, 2019, 33(5): 10-14.
- [ 8 ] 郑林, 祝令伟, 郭学军, 等. 沙门氏菌主要流行血清型耐药性的研究进展 [J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(6): 8-12.
- ZHENG L, ZHU L W, GUO X J, et al. Research progress on drug resistance of the main prevalent serotypes of *Salmonella* [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2020, 48(6): 8-12.
- [ 9 ] HERRERO-FRESON A, OLSEN J E. *Salmonella* Typhimurium metabolism affects virulence in the host - A mini-review [J]. *Food Microbiology*, 2018, 71: 98-110.
- [ 10 ] HIYOSHI H, TIFFANY C R, BRONNER D N, et al. Typhoidal *Salmonella* serovars: ecological opportunity and the evolution of a new pathovar [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2018, 42(4): 527-541.
- [ 11 ] FERRARI R G, ROSARIOD 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): 591-628.
- [ 12 ] GILCHRIST J J, MACLENNAN C A. Invasive nontyphoidal *Salmonella* disease in Africa [J]. *EcoSal Plus*, 2019, 8(2): 23.
- [ 13 ] 李娜, 姜慧钰, 时玉雯, 等. 一起沙门氏菌食物中毒的溯源分析及药敏检测 [J]. *保健医学研究与实践*, 2022, 19(1): 42-45.
- LI N, JIANG H Y, SHI Y W, et al. Traceability analysis and drug sensitivity testing of a food poisoning caused by *Salmonella* [J]. *Health Medicine Research and Practice*, 2022, 19(1): 42-45.
- [ 14 ] 刘桂丹, 黄伟, 卢丽宇, 等. 2018—2020年自贡市食源性疾病沙门氏菌监测及耐药分析 [J]. *预防医学情报杂志*, 2022, 38(4): 557-562, 568.
- LIU G D, HUANG W, LU L Y, et al. Surveillance results and drug resistance of food-borne *Salmonella* in Zigong City from 2018 to 2020 [J]. *Journal of Preventive Medicine Information*, 2022, 38(4): 557-562, 568.
- [ 15 ] LAPPE N D, CONNOR J, DORAN G, et al. Role of subtyping in detecting *Salmonella* cross contamination in the laboratory [J]. *BMC Microbiology*, 2009(9): 155.
- [ 16 ] POSSEBON F S, TIBA CASAS M R, NERO L A, et al. Prevalence, antibiotic resistance, PFGE and MLST characterization of *Salmonella* in swine mesenteric lymph nodes [J]. *Preventive Veterinary Medicine*, 2020, 179: 105024. DOI:10.1016/j.prevetmed.2020.105024.
- [ 17 ] 杜银菊, 梁胜楠, 段瑶, 等. 2015—2017年聊城市腹泻病例中沙门氏菌分子分型及耐药性研究 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2019, 35(10): 915-921.
- DU Y J, LIANG S N, DUAN Y, et al. Molecular typing and antimicrobial resistance test of *Samlmonella* from diarrheal case in Liaocheng city, China, from 2015 to 2017 [J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2019, 35(10): 915-921.
- [ 18 ] TALON D, CAILLEAUX V, THOUVERZE M, et al. Discriminatory power and usefulness of pulsed-field gel electrophoresis in epidemiological studies of *Pseudomonas aeruginosa* [J]. *Journal Hospital Infection*, 1996, 32: 135-145.
- [ 19 ] 余树坤, 刘浪, 谭雅心, 等. 一起鼠伤寒沙门氏菌ST19引起的食物中毒调查、溯源分析与探讨 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2024, 40(1): 82-89.
- YU S K, LIU L, TAN Y X, et al. Investigation, traceability analysis, and discussion of food poisoning caused by *Salmonella typhimurium* ST19 [J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2024, 40(1): 82-89.