

## 研究报告

## 2017—2019年绍兴市沙门菌病人分离株的耐药性与分子分型分析

张琴超,陈金堃,陈吉铭,何琴芬

(绍兴市疾病预防控制中心,浙江绍兴 312071)

**摘要:**目的 了解绍兴市2017—2019年沙门菌病人分离株的分子分型特征及耐药情况。方法 收集245株分离自绍兴市食源性腹泻病例中的沙门菌,进行血清学分型,采用微量肉汤稀释法进行药敏检测,使用脉冲场凝胶电泳(PFGE)对分离株进行分子分型,利用BioNumerics V7.1软件进行聚类分析。结果 245株沙门菌可分为60种血清型,优势血清型为鼠伤寒沙门菌(32.24%)、肠炎沙门菌(10.20%)和伦敦沙门菌(6.94%)。225株分离株对25种抗生素存在不同程度的耐药,其中氨苄西林(77.14%)、四环素(73.88%)和链霉素(66.53%)的耐药率较高,且多重耐药率达76.33%。Xba I酶切后的鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌和伦敦沙门菌分别含48种、11种和12种不同PFGE指纹图谱。结论 绍兴市沙门菌血清型种类繁多,PFGE指纹图谱呈多样性,抗生素耐药呈现较集中且主要为氨苄西林-四环素-链霉素(AMP-TET-STR)。

**关键词:**沙门菌;血清型分型;耐药;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(2021)05-0542-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2021.05.004

### Analysis of molecular type and antimicrobial resistance of clinical strains of *Salmonella* in Shaoxing, 2017-2019

ZHANG Qinchao, CHEN Jinkun, CHEN Jiming, HE Qinfen

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

**Abstract: Objective** To understand the molecular epidemiology and antimicrobial resistance pattern of clinically isolated *Salmonella* in Shaoxing city from 2017 to 2019. **Methods** The 245 *Salmonella* strains that were isolated from foodborne disease and diarrhea cases in Shaoxing were collected and serotyped. Broth microdilution method was performed to carry out drug resistance testing. Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) and BioNumerics V7.1 software were applied to clustering analysis. **Results** The 245 isolates of *Salmonella* were composed of sixty serotypes. The predominant serovars were *Salmonella typhimurium* (32.24%), *Salmonella enteritidis* (10.20%) and *Salmonella london* (6.94%). The 225 strains were resistant to 25 antibiotics at different degrees. Among these isolates, higher rates of resistance to ampicillin (77.14%), tetracycline (73.88%) and streptomycin (66.53%) were found and the multiple drug resistance rate reached 76.33%. On the other hand, the predominant serovars were digested with Xba I, which contained 48, 11 and 12 different PFGE fingerprints, respectively. **Conclusion** *Salmonella* serotypes and PFGE fingerprints were highly diverse. Antibiotic resistance was concentrated in AMP-TET-STR.

**Key words:** *Salmonella*; serotype; antimicrobial resistance; pulsed field gel electrophoresis

沙门菌(*Salmonella*)是全球四大腹泻致病菌之一<sup>[1-2]</sup>,其引起的疾病暴发约占欧盟食源性疾病暴发总数的三分之一,也是引起美国食源性疾

的主要致病菌<sup>[3]</sup>,同时在我国占细菌性食源性疾病暴发的70%以上<sup>[4]</sup>。随着抗生素在临床治疗和动物养殖业中的广泛应用,沙门菌耐药问题也逐渐受到全世界的关注<sup>[5-6]</sup>。为了解绍兴市食源性沙门菌的分布特征,本文对2017—2019年食源性疾病监测医院收集的腹泻病人的沙门菌分离株进行血清型分布、耐药特征和PFGE分子分型特征研究,以为沙门菌感染的临床用药和溯源调查提供技术支持。

收稿日期:2021-07-06

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(2020-02)

作者简介:张琴超 女 技师 研究方向为食源性疾病主动监测

E-mail:984114654@qq.com

通信作者:何琴芬 女 主管技师 研究方向为食品安全风险监控

E-mail:185449314@qq.com

## 1 材料与方法

### 1.1 菌株来源

245株沙门菌分离株分离自2017—2019年绍兴市各县区食源性疾病监测医院的腹泻病人,沙门菌标准菌株 Braenderup 血清型 H9812 由浙江省疾病预防控制中心提供。

### 1.2 菌株鉴定与血清学分型

沙门菌分离株采用营养琼脂(广东环凯微生物科技有限公司,中国)36℃±1℃传代培养。按照GB 4789.4—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》进行菌株鉴定,采用VITEK-2全自动细菌生化鉴定系统(bioMérieux,法国)进行生化试验;使用沙门菌诊断血清试剂盒(Statens Serum Institut,丹麦)进行血清学分型。

### 1.3 药敏试验

采用微量肉汤稀释法进行药敏敏感性试验,选择氨苄西林(Ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(Ampicillin/Sulbactam, AMS)、四环素(Tetracycline, TET)、氯霉素(Chloramphenicol, CHL)、复方新诺明(Trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、头孢唑啉(Cefazolin, CFZ)、头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、头孢他啶(Ceftazidime, CAZ)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、头孢西丁(Cefoxitin, CFX)、亚胺培南(Imipenem, IMI)和美罗培南(Meropenem, MEM)等25种抗生素。挑取1~2个纯单菌落,制成0.5麦氏浊度的菌悬液,接种于无菌肉汤培养基中,利用Sensititre AIM全自动菌液接种仪(Thermo,美国)转移至革兰阴性需氧菌药敏检测板(Thermo,美国),36℃±1℃培养18~20h,采用Vizion微生物药敏分析仪(Thermo公司,美国)分析药敏结果。

### 1.4 脉冲场凝胶电泳

参照《2018年国家食源性疾病监测工作手册》<sup>[7]</sup>中食源性致病菌脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)标准操作程序对优势血清型沙门菌进行PFGE分型。刮取新鲜菌株,悬浮于含1mL细菌悬浮液(CSB)的比浊管中,采用比浊计(bioMérieux Vitek,法国)调整麦氏浊度在4.2左右。采用1% Seakem Gold(Lonza,美国)包埋菌体,制备胶块;胶块转移至含终浓度为20mg/mL蛋白酶K(Thermo,美国)的细胞裂解液(CLB)中消化和裂解;用50℃预热的清水和TE分别清洗胶块;将2mm大小胶块,放于含终浓度为50U *Xba* I(Promega,美国)的酶切体系中,37℃酶切4h。采用CHEF Mapper型脉冲场凝胶电泳仪(Bio-Rad,美国)进行PFGE,设置条件为:6.0V/cm,2.16~63.8s,19.5h;EB染色后,采用Gel XR型凝胶成像仪(Bio-

Rad,美国)观察并拍摄图像。

### 1.5 统计学分析

采用BioNumerics V7.1软件对PFGE指纹图谱进行分析。以条带位置差异容许度1%,优化值1%为前提,使用非加权配对算术平均法(Unweighted pair group average method, UPGMA)进行聚类分析<sup>[8-9]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 血清型鉴定结果

245株沙门菌可分为60种血清型,主要血清型包括:鼠伤寒沙门菌(*Salmonella typhimurium*, 32.24%)、肠炎沙门菌(*Salmonella enteritidis*, 10.20%)、伦敦沙门菌(*Salmonella london*, 6.94%)、乙型副伤寒沙门菌(*Salmonella paratyphi* B, 3.67%)、里森沙门菌(*Salmonella rissen*, 3.27%)、都柏林沙门菌(*Salmonella dublin*, 2.86%)、斯坦利沙门菌(*Salmonella stanley*, 2.04%),其他血清型沙门菌分离株每种型别均少于5株(表1)。

### 2.2 药敏试验结果

245株沙门菌分离株中225株对25种测试抗生素存在不同程度的耐药,20株沙门菌对所有测试抗生素敏感。其中,对氨苄西林的耐药率最高为77.14%,其次为四环素(73.88%)、链霉素(66.53%),对美罗培南、阿米卡星、亚胺培南、头孢西丁等抗生素普遍敏感,见表2。187株耐3类及以上抗生素,多重耐药率为76.33%,主要耐β-内酰胺类、氨基糖苷类及四环素类三大类抗生素,主要耐药型别为:AMP-TET-STR,占多重耐药株的67.91%(127/187)。

三种优势血清型沙门菌分离株中只有3株鼠伤寒沙门菌对所有测试抗生素敏感;其他菌株存在较严重的多重耐药,鼠伤寒沙门菌多重耐药率为81.58%(62/76),肠炎沙门菌多重耐药率为92.00%(23/25),伦敦沙门菌多重耐药率为100.00%(17/17)。鼠伤寒沙门菌主要耐受四环素、氨苄西林、链霉素和米诺环素,耐药率分别为84.81%、78.48%、69.62%和65.82%;肠炎沙门菌主要耐受萘啶酸、链霉素、氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、头孢唑啉和多黏菌素E,耐药率分别为88.00%、80.00%、76.00%、68.00%和68.00%;伦敦沙门菌主要耐受四环素、氨苄西林、氯霉素、复方新诺明和链霉素,耐药率分别为100%、88.24%、82.35%、82.35%和76.47%(图1)。

3种优势血清型沙门菌的耐药模式繁多,76株耐药的鼠伤寒沙门菌有53种耐药表型,主要耐药谱型为AMP-TET-MIN-STR(13.16%);25株耐药的

表1 245株沙门菌的血清型构成

Table 1 Serotype composition of the 245 isolates of *Salmonella*

血清型	菌株数	构成比/%	血清型	菌株数	构成比/%
鼠伤寒沙门菌	79	32.24	埃森沙门菌	3	1.22
肠炎沙门菌	25	10.20	阿邦尼沙门菌	3	1.22
伦敦沙门菌	17	6.94	E1群沙门菌	3	1.22
乙型副伤寒沙门菌	9	3.67	D群沙门菌	3	1.22
里森沙门菌	8	3.27	韦太夫雷登沙门菌	2	0.82
都柏林沙门菌	7	2.86	特鲁若沙门菌	2	0.82
斯坦利沙门菌	5	2.04	纽兰沙门菌	2	0.82
婴儿沙门菌	4	1.63	吉韦沙门菌	2	0.82
汤卜逊沙门菌	4	1.63	德尔卑沙门菌	2	0.82
蒙得维的亚沙门菌	4	1.63	德比沙门菌	2	0.82
利齐菲尔德沙门菌	4	1.63	彻斯特沙门菌	2	0.82
阿贡纳沙门菌	4	1.63	病牛沙门菌	2	0.82
仙台沙门菌	3	1.22	C2群沙门菌	2	0.82
圣胡安沙门菌	3	1.22	C1群沙门菌	2	0.82
罗森沙门菌	3	1.22	B群沙门菌	2	0.82
卡拉巴尔沙门菌	3	1.22	...	...	...

注:表1仅展示了菌株数量大于1的血清型

表2 245株沙门菌药敏检测结果

Table 2 Drug resistance testing of the 245 isolates of *Salmonella*

抗生素	缩写	判断标准		敏感 菌株数	中介 菌株数	耐药 菌株数	耐药率 /%		
		耐药	敏感						
β-内酰胺类	氨苄西林	AMP	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	56	0	189	77.14	
	氨苄西林/舒巴坦	AMS	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	66	79	100	40.82	
	头孢唑啉	CFZ	MIC ≥ 8	MIC ≤ 2	67	73	105	42.86	
	头孢噻肟	CTX	MIC ≥ 4	MIC ≤ 1	195	3	47	19.18	
	头孢他啶	CAZ	MIC ≥ 16	MIC ≤ 4	210	2	33	13.47	
	头孢西丁	CFX	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	224	11	10	4.08	
	亚胺培南	IMI	MIC ≥ 4	MIC ≤ 1	239	2	4	1.63	
	阿莫西林/克拉维酸	AMC	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	199	34	12	4.90	
	氨曲南	AZM	MIC ≥ 16	MIC ≤ 4	202	3	40	16.33	
	头孢吡肟	FEP	MIC ≥ 16	MIC ≤ 2	208	16	21	8.57	
	美罗培南	MEM	MIC ≥ 4	MIC ≤ 1	243	0	2	0.82	
	氨基糖苷类	庆大霉素	GEN	MIC ≥ 16	MIC ≤ 4	202	1	42	17.14
		阿米卡星	AMI	MIC ≥ 64	MIC ≤ 16	240	3	2	0.82
卡那霉素		KAN	MIC ≥ 64	MIC ≤ 16	209	7	29	11.84	
链霉素		STR	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	49	33	163	66.53	
四环素类	四环素	TET	MIC ≥ 16	MIC ≤ 4	64	0	181	73.88	
	米诺环素	MIN	MIC ≥ 16	MIC ≤ 4	93	39	113	46.12	
氯霉素	氯霉素	CHL	MIC ≥ 32	MIC ≤ 8	143	6	96	39.18	
大环内酯类	阿奇霉素	AZI	MIC ≥ 32	MIC ≤ 16	196	0	49	20.00	
多肽类	多粘菌素 E	CT	MIC ≥ 4	MIC ≤ 2	208	0	37	15.10	
	多粘菌素 B	PB	MIC ≥ 8	MIC ≤ 2	187	42	16	6.53	
磺胺类	复方新诺明	SXT	MIC ≥ 4	MIC ≤ 2	148	0	97	39.59	
	萘啶酸	NAL	MIC ≥ 32	MIC ≤ 16	139	0	106	43.27	
喹诺酮类	环丙沙星	CIP	MIC ≥ 1	MIC ≤ 0.06	75	125	45	18.37	
	左氧氟沙星	LEV	MIC ≥ 2	MIC ≤ 0.12	76	147	22	8.98	

肠道沙门菌有18种耐药表型,主要耐药谱型为AMP-AMS-CFZ-NAL-CT-STR(24.00%);17株耐药的伦敦沙门菌有14种耐药表型,主要耐药谱型为AMP-TET-CHL-SXT-GEN-AZI-CIP-STR(23.53%)(表3)。

### 2.3 PFGE分型结果

鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌和伦敦沙门菌3种优势血清型沙门菌分离株用*Xba*I酶切后,得到有

效的PFGE指纹图谱,电泳条带清晰,显示酶切完全,分子量在20~1200 kb。鼠伤寒沙门菌条带相似度为26.40%~100.00%,图谱差异较大,含48种不同的指纹图谱,分别命名为S1~S48型。其中,S4、S28型各包含6株菌,S11、S25各包含5株菌,S3、S31型各包含3株菌,S1、S10、S18、S26、S27、S32和S39型各包含2株菌,各PFGE带型菌株之间相似度均为100%;剩余带型均含1株菌(图2)。

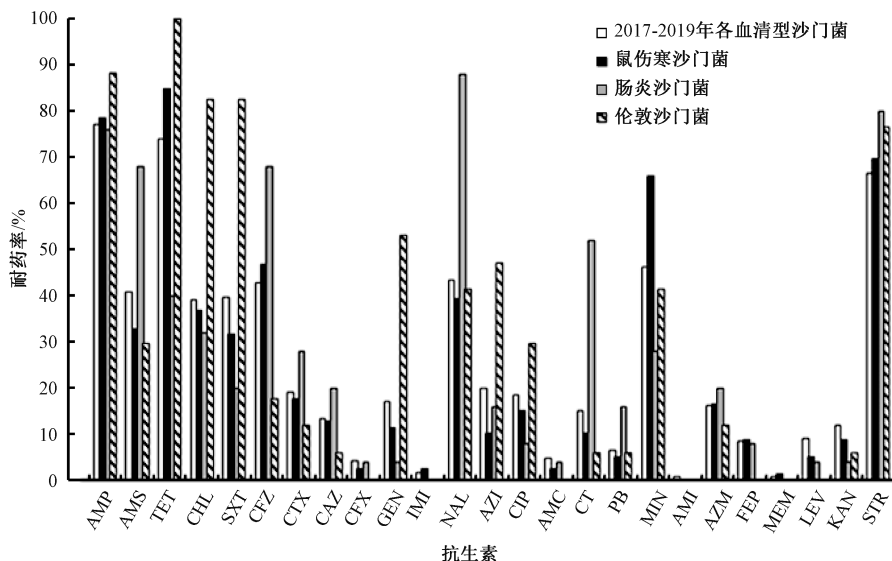


图1 245株沙门菌耐药性检测结果

Figure 1 Drug resistance testing of the 245 isolates of *Salmonella*

表3 优势血清型沙门菌的多重耐药谱

Table 3 Multidrug resistance spectrum of the predominant serotype of *Salmonella*

沙门菌 优势血清型	部分耐药谱	菌株 数	构成 比/%
鼠伤寒沙 门菌	AMP-TET-MIN-STR	10	13.16
	AMP-TET-NAL-STR	5	6.58
	AMP-TET-CFZ-NAL-STR	4	5.26
	AMP-AMS-TET-CHL-CFZ-MIN	2	3.95
	AMP-AMS-TET-CHL-SXT-CFZ-MIN-STR	2	2.63
	AMP-TET-CFZ-CTX-CAZ-MIN-AZM-FEP	2	2.63
	NAL	2	2.63
	TET-NAL	2	2.63
	AMP-TET-CHL-SXT-MIN-STR	2	2.63
	TET-MIN-STR	2	2.63
肠炎沙门菌	AMP-AMS-CFZ-NAL-CT-STR	6	24.00
	NAL-CT-PB	2	8.00
	NAL	2	8.00
伦敦沙门菌	AMP-TET-CHL-SXT-GEN-AZI-CIP-STR	4	23.53

注:表3仅展示了菌株数量大于1的耐药谱

肠炎沙门菌条带相似度为39.7%~100%,含11种不同的指纹图谱,图谱之间相差1~2个条带,分别命名为S1~S11型。其中,S2型包含6株菌,S1型含5株菌,S6型含4株菌,S5型含2株菌,各PFGE带型菌株之间相似度均为100%;S9、S10和S11型均含1株菌,且除此3株菌外,其他菌株之间相似度达到89.4%及以上(图3)。

伦敦沙门菌条带相似度为43.0%~100%,含12种不同的指纹图谱,分别命名为S1~S12型。其中,S1型包含3株菌,S9、S10和S11型各包含2株菌,各PFGE带型菌株之间相似度均为100%;剩余带型均含1株菌(图4)。

### 3 讨论

2017—2019年245株沙门菌病人分离株可分60种血清型,型别繁多,其中优势血清型为鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌和伦敦沙门菌,这有利于展开本地区的归因分析,制定有针对性的预防措施。

药敏试验结果显示,本市沙门菌病人分离株多重耐药率高达76.33%,主要耐受 $\beta$ -内酰胺类、氨基糖苷类及四环素类三大类抗生素,但存在对同类中不同种药物有不同耐药率的现象,如 $\beta$ -内酰胺类抗生素中,除氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、头孢唑啉外,沙门菌分离株对其他药物普遍敏感;氨基糖苷类抗生素中,除链霉素外,对其他药物普遍敏感,等等。该结果提示治疗沙门菌感染时,可根据药敏试验结果选择敏感抗生素进行临床治疗,尽量减少使用氨苄西林、四环素和链霉素等耐受抗生素。

喹诺酮类抗生素是治疗沙门菌感染的首选药物之一<sup>[10]</sup>。本研究发现本市沙门菌分离株对环丙沙星、左氧氟沙星普遍敏感,但对萘啶酸的耐药率为43.27%,尤其是肠炎沙门菌对萘啶酸耐药率高达88.00%,提示在治疗肠炎沙门菌感染时应避免使用萘啶酸。

本研究通过对优势血清型沙门菌耐药结果分析,发现不同血清型的沙门菌对抗生素存在不同的耐药现象,如鼠伤寒沙门菌主要耐药谱型为AMP-TET-MIN-STR,肠炎沙门菌主要耐药谱型为AMP-AMS-CFZ-NAL-CT-STR,伦敦沙门菌主要耐药谱型为AMP-TET-CHL-SXT-GEN-AZI-CIP-STR,提示在沙门菌感染治疗中,血清型分型结合药敏试验,有利于精准治疗,提高治疗效率。

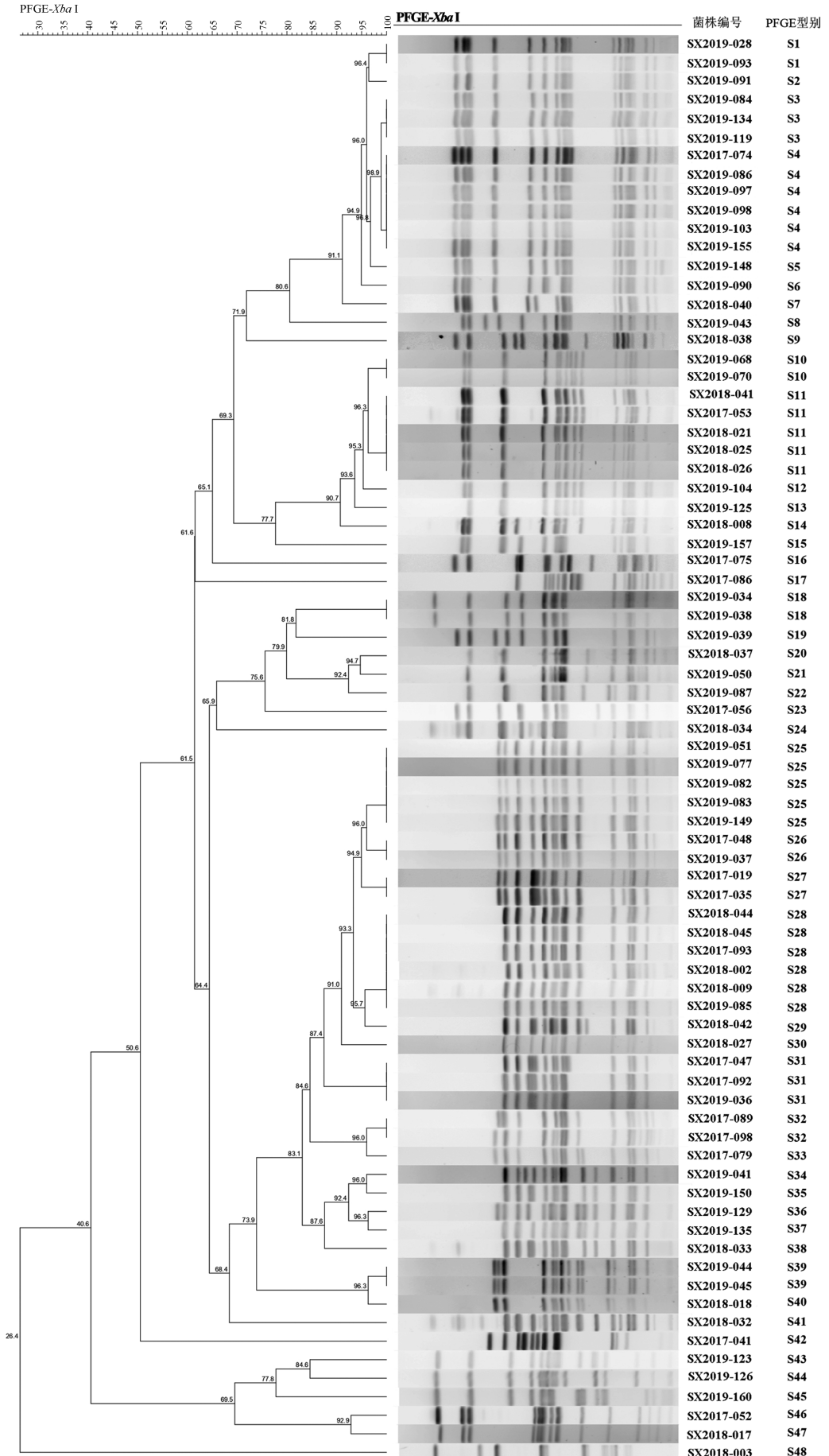


图2 鼠伤寒沙门菌 PFGE 聚类分析图

Figure 2 PFGE cluster analysis of *Salmonella typhimurium*

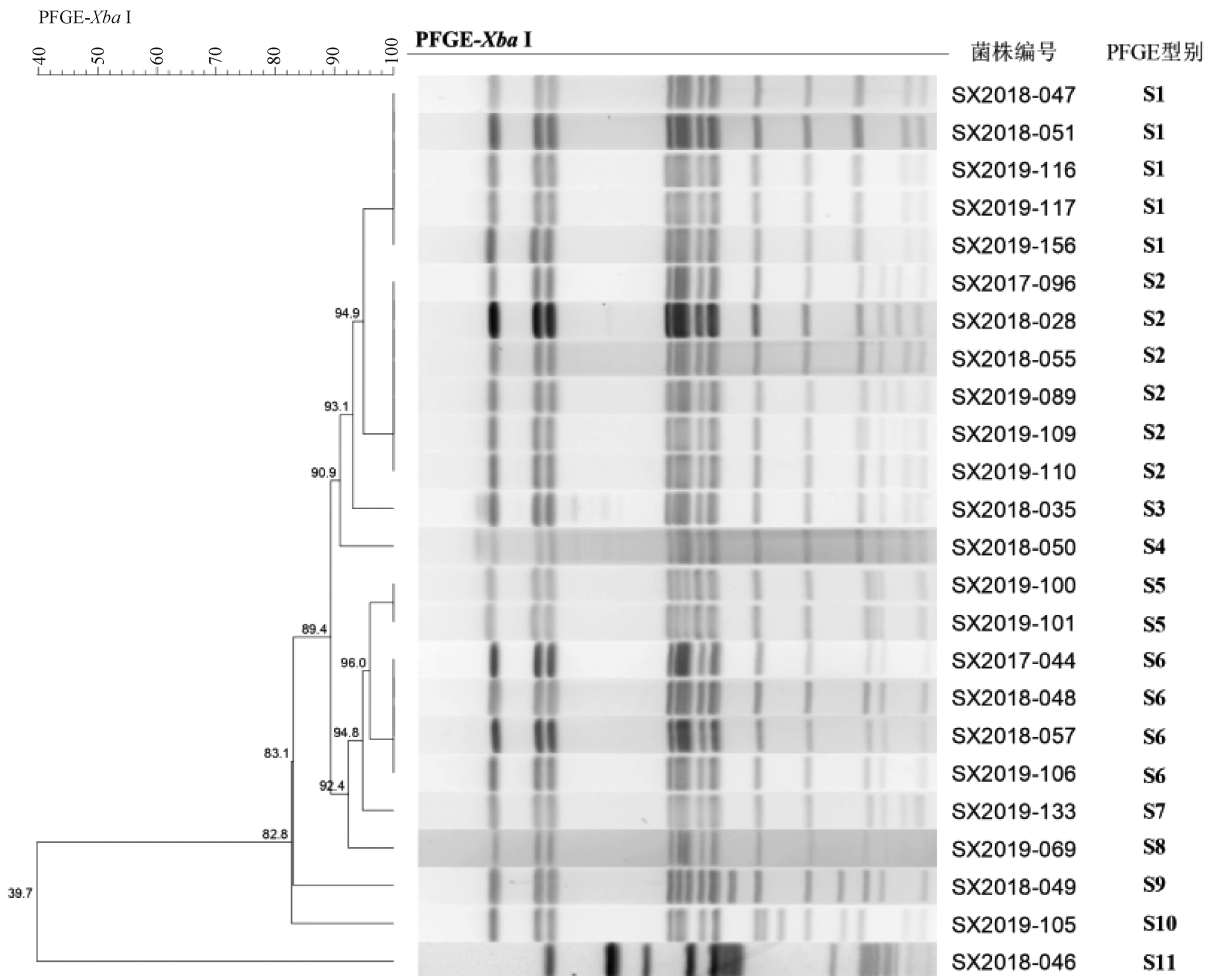


图3 肠炎沙门菌 PFGE 聚类分析图

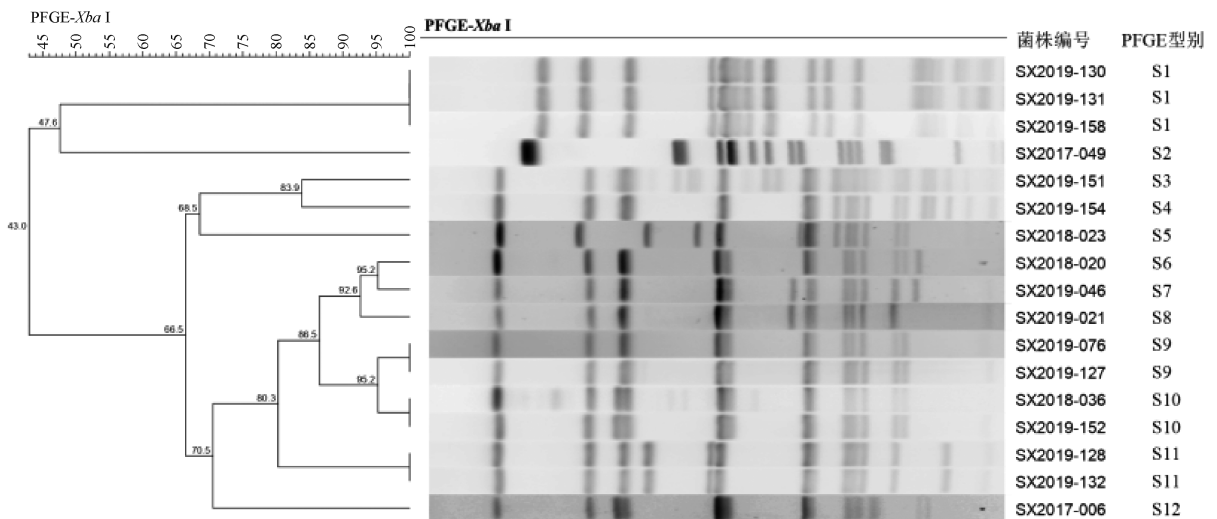
Figure 3 PFGE cluster analysis of *Salmonella enteritidis*

图4 伦敦沙门菌 PFGE 聚类分析图

Figure 4 PFGE cluster analysis of *Salmonella london*

本研究利用 PFGE 对本市优势血清型进行指纹图谱分析的结果显示,鼠伤寒沙门菌和伦敦沙门菌图谱之间差异较大,呈现分散多样性;肠炎沙门菌之间相似或有 1~2 条条带区别,具有较高同源性。结合耐药结果发现,在同一年份里,PFGE 谱型一致分离

株的耐药性相似,如 SX2019-082 和 SX2019-083 鼠伤寒沙门菌, SX2018-048 和 SX2018-057 肠炎沙门菌, SX2019-128 和 SX2019-132 伦敦沙门菌,这与胡玉琴等<sup>[11]</sup>的研究结论一致;但在不同年份,谱型一致菌株的耐药性差异较大,如 SX2018-028 和 SX2019-089 以

及SX2018-048和SX2019-106肠炎沙门菌等,这可能与不同年份使用抗生素的政策不同有关。

本研究结果提示,通过构建沙门菌指纹图谱分子分型数据库,可更高效地追溯污染源,结合药敏试验结果,可为沙门菌感染临床用药提供参考。在今后的研究中,应进一步检测典型耐药菌株的耐药基因携带情况,结合本市食品中沙门菌分离株的耐药特征,探究沙门菌耐药性产生的原因,为有效遏制耐药性传播提供技术支持。

## 参考文献

- [1] WEI S, CHELLIAH R, RUBAB M, et al. Bacteriophages as potential tools for detection and control of *Salmonella* spp. in food systems[J]. *Microorganisms*, 2019, 7(11): E570.
- [2] SCALLAN E, HOEKSTRA R M, ANGULO F J, et al. Foodborne illness acquired in the United States—major pathogens[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2011, 17(1): 7-15.
- [3] 可心. 美媒发布2019年十大食品安全新闻事件[N]. 食品伙伴网 [2019-12-27].
- [4] 杨保伟. 食源性沙门氏菌特性及耐药机制研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010.
- [5] AGYARE C, BOAMAH V E, NGOFI ZUMBI C N, et al.

Antibiotic use in poultry production and its effects on bacterial resistance [M]//YASHWANT K. *Antimicrobial Resistance-A Global Threat*. London: InTech Open Science, 2018:33-50.

- [6] MEDEIROS M A N, OLIVEIRA D C N, RODRIGUES D P, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* in chicken carcasses at retail in 15 Brazilian cities[J]. *Revista Panamericana De Salud Pública*, 2011, 30(6): 555-560.
- [7] 国家食品安全风险评估中心. 2018年国家食源性疾病预防工作手册[Z]. 2016.
- [8] 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.
- [9] CARSTENS C K, SALAZAR J K, DARKOH C. Multistate outbreaks of foodborne illness in the United States associated with fresh produce from 2010 to 2017[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 2667.
- [10] 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.
- [11] 胡玉琴, 章乐怡, 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, 31(6): 640-642.

## 研究报告

# 2018—2020年天津市津南区食源性致病菌分布及药敏分析

孙雅娜, 刘坚龄, 梁广忠, 李胜强, 李龙玉, 郑梅, 杨勇, 柯慧

(天津市津南区疾病预防控制中心, 天津 300350)

**摘要:**目的 对2018—2020年天津市津南区食源性致病菌污染进行监测及耐药分析,了解天津市津南区食源性疾病流行病学特征和耐药情况,为预防和控制食源性疾病提供依据。**方法** 对2018—2020年津南区哨点医院607例食源性疾病粪便标本进行沙门菌、致泻大肠埃希菌、副溶血性弧菌和志贺菌4种致病菌检测,并对阳性菌株做药敏分析。**结果** 607例粪便标本中共检出阳性菌株124株,阳性检出率20.43%(124/607)。其中沙门菌74株,副溶血性弧菌31株,致泻大肠埃希菌19株,未检出志贺菌。患者中,男:女为4:3(347/260);沙门菌中肠炎沙门菌检出率最高,达62.16%(46/74),致泻大肠埃希菌中肠致病性大肠埃希菌(EPEC)检出率最高;药物敏感试验中,沙门菌和致泻大肠埃希菌对氨苄西林(AMP)耐药显著,高达72.04%(67/93),且普遍存在多重耐药情况,副溶血性弧菌对头孢唑啉(CFZ)的耐药最严重[77.42%(24/31)]。**结论** 天津市津南区2018—2020年引起腹泻的食源性疾病致病菌以肠炎沙门菌、EPEC为主。分离菌株普遍对AMP耐药,且存在多重耐药情况,提示相关部门应加强对食品加工业的监管,同时加强致病菌耐药的监测力度,为津南区食品安全和临床治疗提供依据。

**关键词:**食源性疾病;致病菌监测;药敏分析

**中图分类号:**R155 **文献标识码:**A **文章编号:**1004-8456(2021)05-0548-05

**DOI:**10.13590/j.cjfh.2021.05.005