

食源性疾病

2014—2018年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株 MLST 分型
及流行特征研究

彭思露,周厚德,游兴勇,童微,刘成伟,姜茗,刘道峰,张强

(江西省疾病预防控制中心,江西省食源性疾病预防溯源重点实验室,江西南昌 330029)

摘要:目的 掌握江西省食源性疾病患者沙门菌分离株优势 ST(MLST)型及其时空分布特征、流行趋势,分析血清型与 ST 型的对应关系。方法 以分离自 2014—2018 年江西省食源性疾病患者的 313 株沙门菌为研究对象,采用多位点序列分型(MLST)技术对菌株进行基因分型,探讨 ST 型别的时空分布特征及其与血清型的对应关系。结果 313 株沙门菌共分为 39 种 ST 型,占比最高的是 ST34(32.59%),其次是 ST11(15.97%)、ST19(11.50%)。每年的优势 ST 型基本为 ST34、ST11、ST19,地区间 ST 型分布存在差异:上饶市 ST 型种类最多(20 种),其次是抚州市(15 种)、景德镇市(14 种);南昌市优势 ST 型别为 ST11、新余和鹰潭市优势 ST 型为 ST19,而其他地市的优势 ST 型均为 ST34。313 株沙门菌共分为 30 个血清型,优势血清型为 4,[5],12:i:- (30.35%)、肠炎沙门菌(15.97%)、鼠伤寒沙门菌(14.06%)。结论 江西省食源性疾病患者沙门菌分离株的 ST 型别较多,年度流行 ST 型以 ST34、ST11、ST19 为主。这三种优势 ST 型在江西省不同地区间均有分布,但 ST 型在时空分布上也存在地区差异。

关键词:食源性疾病患者沙门菌; MLST; 流行特征; 江西省

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2023)10-1538-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2023.10.020

The multi-locus sequence typing and epidemiological characteristics of *Salmonella* isolated from patients with foodborne diseases from 2014 to 2018 in Jiangxi Province

PENG Silu, ZHOU Houde, YOU Xingyong, TONG Wei, LIU Chengwei, JIANG Ming,
LIU Daofeng, ZHANG Qiang

(Jiangxi Province Center for Disease Control and Prevention, Jiangxi Province Key Laboratory of Diagnosing and Tracing of Foodborne Disease, Jiangxi Nanchang 330029, China)

Abstract: Objective To understand the predominant multi-locus sequence typing types, their temporal and spatial distribution characteristics, and epidemic trends of *Salmonella* isolated from patients with foodborne diseases in Jiangxi Province, the corresponding relation between the serotypes and sequence types (STs) was analyzed. **Methods** Three hundred and thirteen isolates from patients with foodborne diseases from 2014 to 2018 in Jiangxi Province were used as the research subjects. Multi-locus sequence typing was used to genotype the strains. The relation between the spatial and temporal distribution characteristics of the STs and serotypes was analyzed. **Results** The 313 isolates were divided into 39 STs. The dominant STs were ST34 (32.59%), ST11 (15.97%), and ST19 (11.50%). The most common ST types annually were ST34, ST11, and ST19. There were regional differences in the distribution of STs. Shangrao had the most STs (20), followed by Fuzhou (15) and Jingdezhen (14). The dominant STs in Nanchang, Xinyu, and Yingtan were ST11, ST19, and ST19, respectively, whereas the dominant ST type in the other cities was ST34. The 313 *Salmonella* isolates were classified into 30 serotypes. The dominant serotypes were *S. serovars* 4[5],12:i:- (30.35%), *S. enteritidis* (15.97%), and *S. typhimurium* (14.06%). **Conclusion** Many STs of *Salmonella* strains, but mainly ST34, ST11, and ST19, were isolated from patients with foodborne diseases in Jiangxi Province. The three dominant STs were distributed in different regions of Jiangxi Province, but there were also individual differences in the temporal and spatial distribution of the STs.

收稿日期:2022-09-15

基金项目:国家自然科学基金项目(82003467);江西省自然科学基金面上项目(20202BAB206066);江西省重点研发计划(20192BBGL70053);江西省卫生健康委科技计划项目(20204846,202211293)

作者简介:彭思露 女 主管技师 研究方向为食源性疾病预防控制 E-mail:jxcdc_peng@163.com

通信作者:张强 男 主管技师 研究方向为食源性疾病预防控制 E-mail:yuxiaqingfeng@163.com

Key words: *Salmonella* isolates from foodborne diseases patients; multi-locus sequence typing; epidemiological characteristics; Jiangxi Province

沙门菌是全球重要的食源性致病菌,每年因沙门菌感染而引起的食源性疾病事件占食源性疾病的70%~80%^[1]。因此,沙门菌的准确和快速分型对事件调查和准确溯源非常重要。沙门菌按表型分型方法有血清学分型和噬菌体分型,分子分型方法有多位点序列分型(Multi-locus sequence typing, MLST)、多位点可变重复序列(Multiple locus variable-number tandem repeat analysis, MLVA)、规律间隔成簇短回文重复序列(Clustered regularly interspaced short palindromic repeats, CRISPR)、脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)和全基因组测序(Whole genome sequencing, WGS)等。目前血清学分型是沙门菌最常用的方法,全世界已发现2 600多种血清型,但该方法操作烦琐、鉴定时间长、主观性较强。MLST是基于沙门菌7个管家基因*aroC*、*dnaN*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA*、*thrA*的序列特征与差异进行分型。PETHPLERDPRAO等^[2]对180株沙门菌分型出127种ST型和52种血清型。MLST具有更高的分辨率和可重复性,在补充、替代血清分型方面有优势^[3]。而且全球MLST的数据库已建立,如牛津大学(pubmlst.org)和爱尔兰库克大学(mlst.ucc.ie)数据库,不同实验室的结果具有可比性。除了分型外,MLST还能准确反映细菌基因水平上的差异,体现菌株间的遗传同源性^[4]。该法与PFGE技术相比,更适合于菌株间进化关系及微生物群体遗传学的分析,常用于广义的流行病学研究^[5]。

目前,对江西省食源性疾病患者沙门菌分离株的MLST分型研究未见报道。本研究对2014—2018年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株进行MLST分型,旨在较为全面掌握江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型的时空分布特征,了解沙门菌ST型在江西省内的流行趋势,有助于食源性疾病的快速溯源,也为进一步研究江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型演变机制提供数据基础。

1 材料与方 法

1.1 主要仪器与试剂

Nanodrop(北京凯奥科技发展有限公司), Illumina X-ten 平台(北京诺禾致源科技股份有限公司),MALDI-TOF MS(德国 Bruker 公司),BioNumeric7.6(比利时 Applied-Maths 公司),DNA 提取试剂盒(QiAamp DNA Mini Kit,德国 QIAGEN 公司),沙门

显色培养基(法国 Chromagar 公司),SBG 增菌液(青岛海博生物技术有限公司)。

313 株沙门菌分离自 2014—2018 年江西省食源性疾病患者的粪便或肛拭子。

1.2 试验方法

1.2.1 菌株的分离与鉴定

按照国家食源性疾病监测工作手册对粪便或肛拭子进行沙门菌的分离和鉴定。

1.2.2 全基因组的提取与测序

刮取新鲜菌落,按照 DNA 提取试剂盒使用说明提取菌株基因组 DNA,利用 Nanodrop 完成 DNA 含量测定和初步质控。

菌株基因组 DNA 的浓度、完整性及纯度经检测合格后,通过 Illumina X-ten 平台完成全基因组测序。平均测序读长 200~300 bp,采用 PE150,测序深度 100×。

1.2.3 MLST 分析

通过 BioNumeric7.6 软件拼接、分析全基因组测序数据,参照 pubmlst.org 数据库,检索 *aroC*、*dnaN*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA*、*thrA* 7 个等位基因的基因号,组合获得一个 ST 型。通过 BioNumeric7.6 对分离株溯源分析。

1.2.4 血清分型

将双末端测序原始数据按照 Reads(paired-end & interleaved)格式上传至 seqsero1.0 数据库(<http://www.denglab.info/SeqSero>),进行比对后得出沙门菌的抗原式和血清型。

2 结 果

2.1 2014—2018年江西省各地区食源性疾病患者样品中沙门菌分离情况

从 2014—2018 年江西省食源性疾病患者的粪便或者肛拭子中分离得到共 313 株沙门菌,2014—2018 年每年分别从 11 个地市分离得到 33 株、72 株、49 株、86 株和 73 株沙门菌,各地市每年具体的分离情况详见表 1。

2.2 血清结果

将测序序列与 Seqsero 数据库比对,发现 313 株沙门菌共有 30 种血清型,优势血清型为 4,[5],12:i:- (30.35%)、肠炎(15.97%)和鼠伤寒(14.06%),而奥里翁、病牛、哈达尔、利物浦、印第安纳、爪哇安纳等血清型(均占 0.32%)较为少见。在地区分布上,4,[5],12:i:-、肠炎和鼠伤寒沙门菌分布较

表1 2014—2018年江西省各地区食源性疾病患者样品中沙门菌分离情况

Table 1 Isolation of *Salmonella* from foodborne disease patients in different regions of Jiangxi province from 2014 to 2018

地区	2014/株	2015/株	2016/株	2017/株	2018/株
上饶市	8	19	11	24	32
景德镇市	4	11	7	11	8
抚州市	7	7	12	9	2
南昌市	3	4	5	7	15
宜春市	0	12	4	9	0
赣州市	2	6	1	9	4
吉安市	4	5	1	5	5
九江市	5	3	4	6	1
萍乡市	0	4	0	4	5
新余市	0	1	1	2	1
鹰潭市	0	0	3	0	0
合计	33	72	49	86	73

广,基本覆盖江西省各地市。布伦登卢普沙门菌、科特布斯沙门菌、阿贡纳沙门菌、吉韦沙门菌和科

瓦利斯沙门菌分别集中分布在某一特定地市。在时间分布上,4,[5],12:i:-、肠炎、鼠伤寒、利齐菲尔德、斯坦利、汤卜逊等血清型每年都有检出,而4,[5],12:i:-每年检出率最高,且鼠伤寒沙门菌检出率呈增长趋势。血清型地区分布及时间分布具体见表2。

2.3 江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型的时间分布特征

313株沙门菌分离株共分为39种ST型,其中ST34(32.59%)、ST11(15.97%)、ST19(11.50%)为优势ST型,三种ST型共占60.06%。

ST34分离株连续5年的占比一直远高于其他ST型,表明江西省食源性疾病患者沙门菌分离株每年的流行ST型为ST34,ST34型菌株对应的血清型为4,[5],12:i:-(93.14%)和鼠伤寒沙门菌(6.86%),见图1。

表2 2014—2018江西省食源性疾病患者沙门菌分离株血清型分布情况

Table 2 Distribution of food-borne disease patients *Salmonella* serotypes in Jiangxi Province from 2014 to 2018

血清型	菌株数	地市分离菌株数	2014年	2015年	2016年	2017年	2018年
			菌株数	菌株数	菌株数	菌株数	菌株数
4,[5],12:i:-	95	上饶市(38)、景德镇市(12)、抚州市(9)、九江市(8)、宜春市(7)、萍乡市(6)、赣州市(6)、南昌市(5)、吉安市(4)	12	24	12	24	23
肠炎沙门菌	50	南昌市(14)、上饶市(11)、宜春市(7)、九江市(4)、萍乡市(4)、赣州市(3)、景德镇市(3)、吉安市(2)、抚州市(1)、新余市(1)	6	8	6	23	7
鼠伤寒沙门菌	44	上饶市(12)、景德镇市(10)、南昌市(5)、抚州市(3)、鹰潭市(3)、九江市(3)、赣州市(2)、吉安市(2)、萍乡市(2)、新余市(2)	2	8	9	10	15
德尔卑沙门菌	15	吉安市(4)、抚州市(3)、赣州市(2)、景德镇市(2)、上饶市(2)、九江市(1)、新余市(1)	5	4		2	4
里森沙门菌	15	上饶市(7)、赣州市(4)、南昌市(4)		2	1	6	6
利齐菲尔德沙门菌	13	抚州市(6)、赣州市(3)、吉安市(1)、景德镇市(1)、萍乡市(1)、上饶市(1)	1	3	4	3	2
斯坦利沙门菌	11	上饶市(4)、吉安市(3)、景德镇市(1)、南昌市(1)、宜春市(1)、赣州市(1)	2	4	1	2	2
伦敦沙门菌	9	上饶市(3)、吉安市(2)、景德镇市(2)、南昌市(2)		2		3	4
汤卜逊沙门菌	8	景德镇市(3)、上饶市(3)、抚州市(1)、宜春市(1)	1	3	1	2	1
黄金海岸沙门菌	7	上饶市(3)、景德镇市(1)、南昌市(1)、新余市(1)、宜春市(1)	2	2		3	
纽波特沙门菌	5	抚州市(2)、上饶市(2)、宜春市(1)	1	1		2	1
圣保罗沙门菌	5	抚州市(2)、吉安市(2)、景德镇市(1)		2	1	1	1
鸭沙门菌	4	抚州市(3)、上饶市(1)			3		1
婴儿沙门菌	4	九江市(2)、宜春市(2)		2	2		
布伦登卢普沙门菌	3	抚州市(3)		3			
查理沙门菌	3	抚州市(1)、上饶市(1)、宜春市(1)	1	1		1	
科特布斯沙门菌	3	宜春市(3)		2		1	
新加坡沙门菌	3	上饶市(2)、景德镇市(1)			2	1	
阿贡纳沙门菌	2	景德镇市(2)					2
火鸡沙门菌	2	南昌市(1)、上饶市(1)				1	1
吉韦沙门菌	2	上饶市(2)					2
科瓦利斯沙门菌	2	抚州市(2)			2		
奥里翁沙门菌	1	上饶市(1)					1
病牛沙门菌	1	景德镇市(1)			1		
哈达尔沙门菌	1	九江市(1)			1		
甲型副伤寒	1	宜春市(1)		1			
利物浦沙门菌	1	南昌市(1)			1		
乙型副伤寒变种	1	景德镇市(1)			1		
印第安纳沙门菌	1	赣州市(1)				1	
爪哇安纳沙门菌	1	抚州市(1)			1		

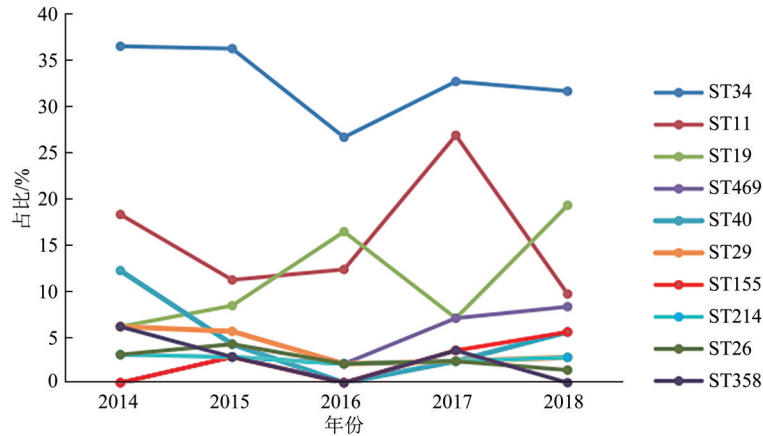


图1 2014—2018年江西省不同ST型沙门菌流行情况

Figure 1 Prevalence of ST types of *Salmonella* isolates in Jiangxi province from 2014 to 2018

2014—2018年分别检出了11、19、18、19和18种ST型,从图1中可以看出年度优势ST型基本为ST34、ST11、ST19,随着时间的迁移,每年出现了特有的ST型,如ST31(2014年),ST311、ST85(2015年),ST2441、ST1541、ST1499、ST1547、ST1959、ST33、ST423(2016年),ST166、ST17、ST45(2017年),ST13、ST1557、ST516、ST524、ST64、ST684(2018年)。

2.4 江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型的地区分布特征

地市间存在着多种不同的ST型沙门菌,上饶市ST型种类最多(20种),其次是抚州市(15种)和景德镇市(14种)。同一地区分离的沙门菌ST型种类数略高于或等于血清型种类数,见图2。

除南昌、新余和鹰潭市外,其他地市的流行ST型均为ST34;南昌市的流行ST型为ST11,对应的血清型为肠炎沙门菌;新余和鹰潭市的流行ST型均为ST19,对应的血清型为鼠伤寒沙门菌。宜春市ST34与ST11占比相同。地市的优势ST型多为ST34、ST11(九江、上饶、萍乡、宜春),其他地市优势ST型分别为:抚州市ST34、ST1885,赣州市ST34、ST469,吉安市ST34、ST29,景德镇市ST34、ST19,南昌市ST11、ST19,表明地市间的优势ST型存在差异,见图2。

ST型没有明显的地域聚集性,同时ST型在地区间存在个体性差异,如抚州市ST2441、ST311、ST1541、ST50、ST1547、ST166、ST31,上饶市ST45、ST1557、ST516、ST524、ST64、ST684,景德镇市ST1499、ST423、ST13,宜春市ST32、ST808、ST85等,均是该地市独有的ST型(图3)。

2.5 MLST与血清分型对比分析

MLST与血清分型对应情况见表3。一种ST型基本对应一种血清型,而ST34分别对应4、[5],12:i:-和鼠伤寒沙门菌,这两种血清型之间的遗传关系

紧密,前者为后者的二项单项变种。23种(23/30,76.67%)血清型分别对应一种ST型,如4、[5],12:i:-对应ST34,肠炎沙门菌对应ST11。

从聚类分析中可得,一种血清型对应多种ST型的情况下,这些ST型的亲缘关系较近(图4)。同一血清型对应的多种ST型之间只相差一个等位基因的有:ST34与ST19、ST1557(对应鼠伤寒沙门菌),ST1885与ST214(对应利齐菲尔德沙门菌),ST27与ST50(对应圣保罗沙门菌),ST2441与ST64(对应鸭沙门菌);ST516与ST524(对应吉韦沙门菌)有2个等位基因的差异。纽波特沙门菌对应ST45、ST46、ST31与ST166,其中ST45、ST46、ST31聚在一簇。

3 讨论

研究基于WGS数据进行MLST分型无需对7个管家基因进行单独PCR及测序,可直接利用全基因组数据对菌株进行MLST分型,不仅操作简便,而且获取的WGS数据可用于后续的深入分析。

本研究显示江西省食源性疾病患者沙门菌分离株以ST34最为流行。浙江省5个地区^[6]以ST11、ST19为主,石家庄^[7]引起腹泻的沙门菌主要是ST11型,南京^[8]腹泻儿童中沙门菌优势型别是ST34和ST11,广东地区^[9]引起儿童腹泻的沙门菌主要是ST34和ST19,ST34在南方更为流行。

江西省食源性疾病患者沙门菌分离株优势ST型在时间分布上较为稳定,2014—2018年优势ST型基本为ST34、ST11、ST19,体现了江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型的流行趋势。HU等^[10]研究发现在2011—2018年中国大陆分离的3500株食源性沙门菌中有一半以上是鼠伤寒沙门菌或鼠伤寒单项变种(4,[5],12:i:-),都是ST34;在中国,ST34是临床、动物性食品以及农场动物是最常检测

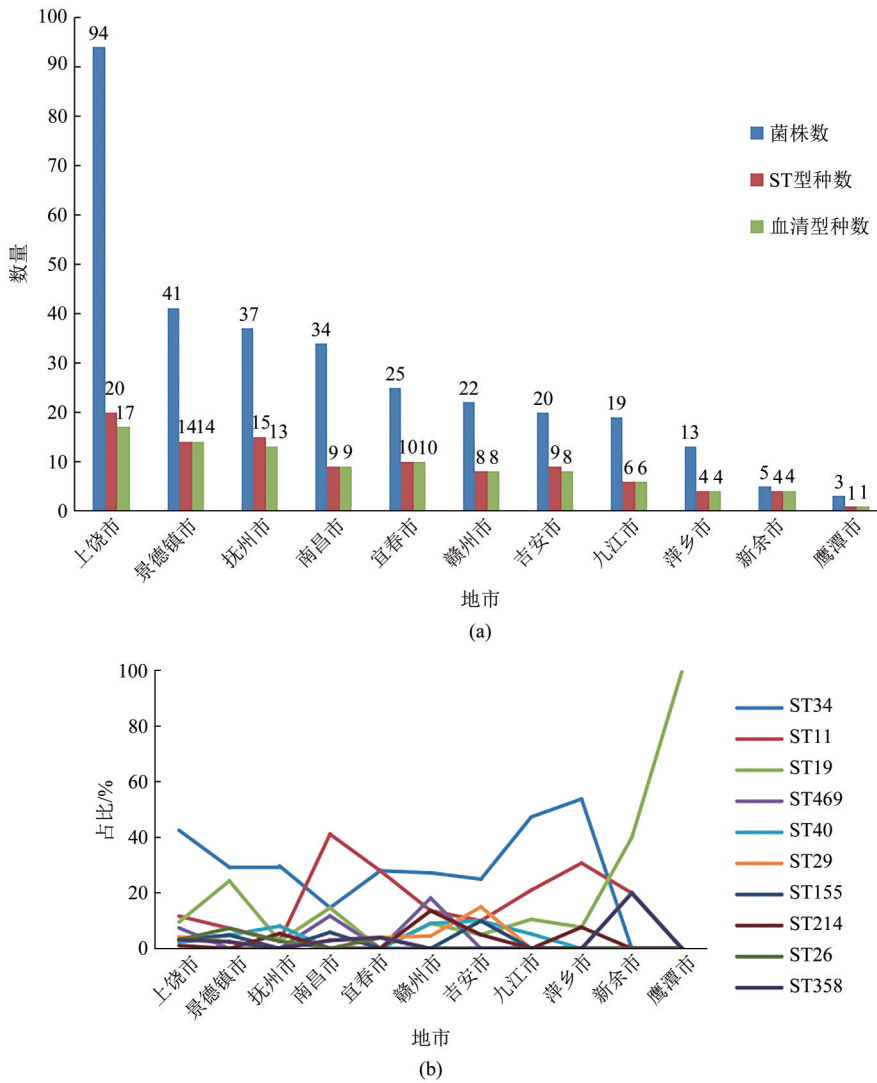


图2 2014—2018年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型地域分布

Figure 2 Regional distribution of ST type of *Salmonella* isolated from food-borne disease patients in Jiangxi province from 2014 to 2018

到的 MLST 型别,也是欧洲^[11]各地的食品暴发事件中最常检测到的 MLST 型别。此外,每年都出现了往年未出现过的 ST 型,可能是由于临床用药偏向性或环境选择压力导致。

ST34、ST11、ST19 三种优势 ST 型在江西省不同地区间均有分布,表明不同地区间沙门菌可能存在交叉传播。大部分地区的优势 ST 型是 ST34,但有三个地区出现了不同的优势 ST 型,如南昌市的优势 ST 型为 ST11,ST11 多在中国北方地区流行,而南昌市作为江西省的省会城市,跨省、跨市人员流动比其他地区更大,可能是导致这一现象的原因。新余和鹰潭市收集到的菌株数量太少,其优势型 ST19 不足以客观反应这两个地市沙门菌的流行特征。此外,一些地市存在独有的 ST 型,由于这些 ST 型对应的菌株数量较少,其中大部分 ST 型对应的也是江西省食源性疾病患者沙门菌分离株中较少见的血清型,该 ST 型及对应的血清型是否有强

烈的地域偏向性,及偏向性的形成原因还有待样本量的积累和进一步的数据挖掘。

RANJBAR 等^[12]研究发现较于血清分型,MLST 的分辨力更高,可体现相同或不同血清型菌株在基因水平上的关系。本研究发现除了 ST34 对应两种血清型(4,[5],12:i:-和鼠伤寒沙门菌)外,一种 ST 型只对应一种血清型,说明血清型与 ST 型间具有很强的相关性,能够为血清分型提供指导和帮助,该结果与相关研究一致^[4,13]。4,[5],12:i:-在 2014—2018 年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株中占比最大(30.35%)。4,[5],12:i:-沙门菌在全球多个国家检出率大幅度增加,并呈上升趋势,可引起危害较严重的沙门菌疫情的暴发^[14]。黄静敏^[15]研究发现广东地区 4,[5],12:i:-流行菌群具有明确的系统发育进化分支,很可能由鼠伤寒沙门菌的 ST34 克隆谱系发育进化而来。因此,本课题下一步计划研究江西省 4,[5],12:i:-流行株的耐药机制及进化趋势。

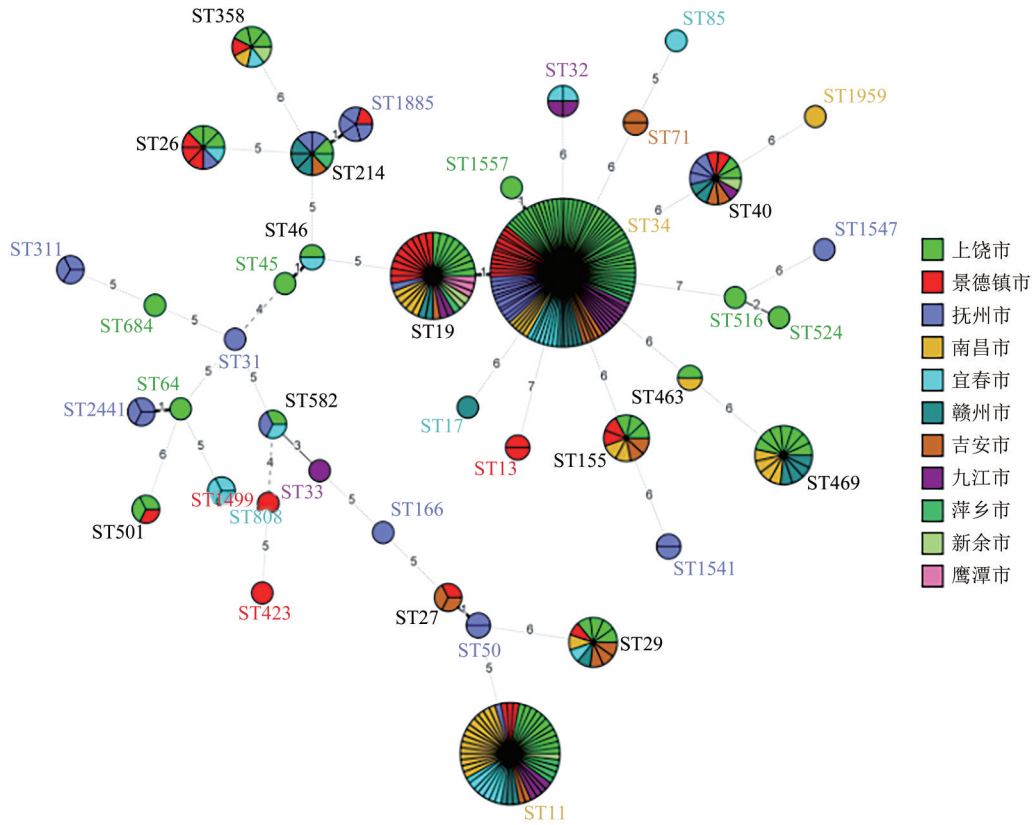


图3 2014—2018江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型-地市聚类分析

Figure 3 Cluster analysis of ST type-region of *Salmonella* isolated from food-borne disease patients in Jiangxi province from 2014 to 2018

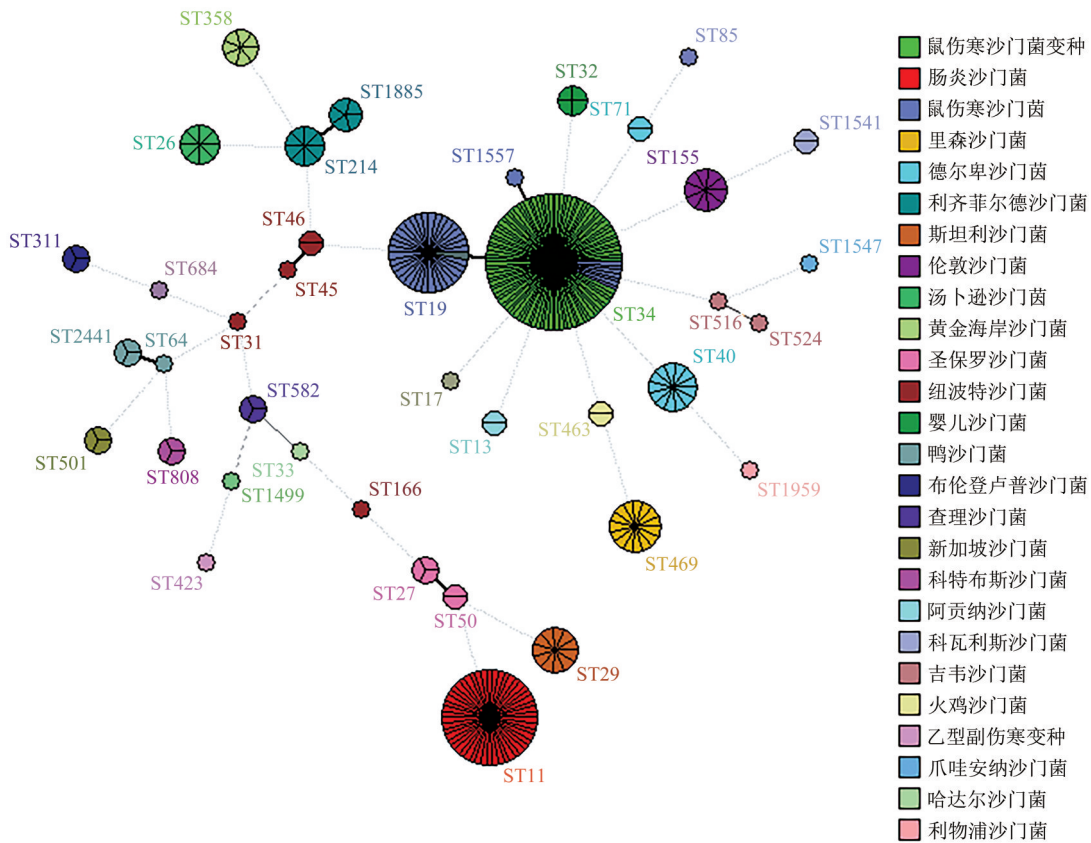


图4 2014—2018江西省食源性疾病患者沙门菌分离株ST型-血清型聚类分析

Figure 4 Cluster analysis of ST type-serotypes of *Salmonella* isolated from food-borne disease patients in Jiangxi province from 2014 to 2018

表3 2014—2018江西省食源性疾病患者沙门菌分离株血清型及其对应的ST型

Table 3 The serotypes and corresponding ST types of food-borne disease patients *Salmonella* isolates in Jiangxi province from 2014 to 2018

血清型	ST型(菌株数)			
4,[5],12:i:-	ST34(95)			
肠炎沙门菌	ST11(50)			
鼠伤寒沙门菌	ST19(36)	ST34(7)	ST1557(1)	
德尔卑沙门菌	ST40(13)	ST71(2)		
里森沙门菌	ST469(15)			
利齐菲尔德沙门菌	ST1885(5)	ST214(8)		
斯坦利沙门菌	ST29(11)			
伦敦沙门菌	ST155(9)			
汤卜逊沙门菌	ST26(8)			
黄金海岸沙门菌	ST358(7)			
纽波特沙门菌	ST46(2)	ST45(1)	ST31(1)	ST166(1)
圣保罗沙门菌	ST27(3)	ST50(2)		
婴儿沙门菌	ST32(4)			
鸭沙门菌	ST2441(3)	ST64(1)		
新加坡沙门菌	ST501(3)			
布伦登卢普沙门菌	ST311(3)			
查理沙门菌	ST582(3)			
科特布斯沙门菌	ST808(3)			
火鸡沙门菌	ST463(2)			
阿贡纳沙门菌	ST13(2)			
科瓦利斯沙门菌	ST1541(2)			
吉韦沙门菌	ST516(1)	ST524(1)		
奥里翁沙门菌	ST684(1)			
病牛沙门菌	ST1499(1)			
哈达尔沙门菌	ST33(1)			
甲型副伤寒沙门菌	ST85(1)			
利物浦沙门菌	ST1959(1)			
乙型副伤寒变种沙门菌	ST423(1)			
印第安纳沙门菌	ST17(1)			
爪哇安纳沙门菌	ST1547(1)			

参考文献

[1] 丁凤兰, 柳江山, 张小芳, 等. 一种基于PCR技术的沙门氏菌血清分型试剂盒与传统血清分型方法比较[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(4): 668-672.

DING F L, LIU J S, ZHANG X F, et al. Comparison of a PCR-based *Salmonella* serotyping kit with traditional serotyping methods [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 668-672.

[2] PETHPLERDPRAO P, SUPA-AMORNKUL S, PANVISAVAS N, et al. *Salmonella enterica* multilocus sequence typing and its correlation with serotypes [J]. Food Biotechnology, 2017, 31(2): 73-79.

[3] 徐红红. 沙门氏菌的分子流行病学和耐药性状研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2021.

XU H H. Molecular epidemiology and drug resistance of *Salmonella* [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2021.

[4] ALIKHAN N F, ZHOU Z M, SERGEANT M J, et al. A genomic overview of the population structure of *Salmonella* [J]. PLoS Genetics, 2018, 14(4): e1007261.

[5] MAIDEN M C J. Multilocus sequence typing of bacteria [J]. Annual Review of Microbiology, 2006, 60: 561-588.

[6] 杨燕, 孙长贵, 陈晓, 等. 浙江5个地区2010—2012年沙门菌流行特征及分子分型研究[J]. 临床检验杂志, 2013, 31(8): 621-624.

YANG Y, SUN C G, CHEN X, et al. Epidemiological characters and molecular typing of *Salmonella* in 5 regions of Zhejiang province during 2010—2012 [J]. Chinese Journal of Clinical Laboratory Science, 2013, 31(8): 621-624.

[7] 牛莉娅, 徐保红, 王燕, 等. 2011年—2016年石家庄地区食物中毒菌株沙门菌的多位点序列分型[J]. 中国卫生检验杂志, 2018, 28(9): 1060-1062.

NIU L Y, XU B H, WANG Y, et al. Multilocus sequence typing of *Salmonella* strains isolated from food poisoning in Shijiazhuang during 2011—2016 [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2018, 28(9): 1060-1062.

[8] 徐飞, 王庭庭, 谈华, 等. 腹泻儿童沙门菌多位点序列及耐药特征分析[J]. 临床儿科杂志, 2018, 36(7): 520-523.

XU F, WANG T T, TAN H, et al. The multilocus sequence typing and drug resistance characteristics of *Salmonella* in children with diarrhea [J]. Journal of Clinical Pediatrics, 2018, 36(7): 520-523.

[9] XU L Q, HE Q J, TANG Y X, et al. Multi-locus sequence and drug resistance analysis of *Salmonella* infection in children with diarrhea in Guangdong to identify the dominant ST and cause of antibiotic-resistance [J]. Experimental and Therapeutic Medicine, 2022, 24(5): 678.

[10] HU Y J, FANNING S, NGUYEN S V, et al. Emergence of a *Salmonella enterica* serovar Typhimurium ST34 isolate, CFS629, carrying a novel *mcr-1.19* variant cultured from egg in China [J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2021, 76(7): 1776-1785.

[11] CARNEVALI C, MORGANTI M, SCALTRITI E, et al. Occurrence of *mcr-1* in colistin-resistant *Salmonella enterica* isolates recovered from humans and animals in Italy, 2012 to 2015 [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2016, 60(12): 7532-7534.

[12] RANJBAR R, ELHAGHI P, SHOKOOHIZADEH L. Multilocus sequence typing of the clinical isolates of *Salmonella enterica* serovar typhimurium in Tehran hospitals [J]. Iranian Journal of Medical Sciences, 2017, 42(5): 443-448.

[13] 张璐. 鸡源沙门氏菌血清型、耐药性及分子流行病学研究[D]. 北京: 中国兽医药品监察所, 2021.

ZHANG L. Study on Serotypes, antimicrobial resistance and molecular epidemiology of *Salmonella* spp. from chicken [D]. Beijing: China Institute of Veterinary Drugs Control, 2021.

[14] ELBEDIWI M, WU B B, PAN H, et al. Genomic characterization of *mcr-1*-carrying *Salmonella enterica* serovar 4, [5], 12: I: - ST 34 clone isolated from pigs in China [J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 2020, 8: 663.

[15] 黄静敏. 广东地区沙门菌1,4,[5],12:i:-的耐药特征及分子进化研究[D]. 广州: 南方医科大学, 2021.

HUANG J M. Drug resistance characteristics and molecular evolution of *Salmonella* 1,4,[5]12:i:- in Guangdong province [D]. Guangzhou: Southern Medical University, 2021.