

## 食源性疾病

## 佳木斯市肠炎沙门菌的耐药特征及同源性分析

付宇<sup>1</sup>, 吴晓敏<sup>1</sup>, 赵婧<sup>2</sup>, 孟庆敏<sup>1</sup>, 孟敏芝<sup>1</sup>, 王彬<sup>1</sup>, 郝芸<sup>3</sup>, 包名家<sup>1</sup>

(1. 佳木斯市疾病预防控制中心, 黑龙江 佳木斯 154007; 2. 佳木斯大学附属第一医院, 黑龙江 佳木斯 154007; 3. 佳木斯大学公共卫生学院, 黑龙江 佳木斯 154007)

**摘要:**目的 了解佳木斯市优势血清型肠炎沙门菌的耐药状况及进化关系, 为临床治疗提供科学依据。方法 对来自食品和腹泻患者的沙门菌进行血清学分型, 采用微量肉汤稀释法对分离的肠炎沙门菌进行16种抗生素药敏试验, 脉冲场凝胶电泳分析菌株之间的进化关系。结果 在108株沙门菌中, 检出肠炎沙门菌55株(50.93%); 49株肠炎沙门菌有耐药性, 耐药率为89.09%, 其中33株菌(67.35%)为多重耐药, 对抗生素萘啶酸和氨苄西林的耐药率较高, 分别为81.82%和60.00%; 55株肠炎沙门菌同源性为37%~100%。结论 佳木斯地区肠炎沙门菌多重耐药率高, 菌株之间亲缘关系和耐药性存在密切关联性, 来自食品和腹泻患者的肠炎沙门菌有交叉感染现象, 依据本地区肠炎沙门菌耐药特征, 制定有针对性诊疗方案和预防控制措施, 对保障公共卫生健康发展具有重要意义。

**关键词:** 肠炎沙门菌; 耐药性; 同源性; 进化

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2024)03-0314-06

DOI: 10.13590/j.cjfh.2024.03.012

**Evolutionary associations of drug resistance in *Salmonella enteritidis* in Jiamusi City**FU Yu<sup>1</sup>, WU Xiaomin<sup>1</sup>, ZHAO Jing<sup>2</sup>, MENG Qingmin<sup>1</sup>, MENG Minzhi<sup>1</sup>, WANG Bin<sup>1</sup>,  
HAO Yun, BAO Mingjia<sup>1</sup>

(1. Jiamusi Center for Disease Control and Prevention, Heilongjiang Jiamusi 154007, China;

2. The First Affiliated Hospital of Jiamusi University, Heilongjiang Jiamusi 154007, China,

3 School of Public Health, Jiamusi University, Heilongjiang Jiamusi 154007, China)

**Abstract: Objective** The study investigated the evolutionary associations of drug resistance in main serotype *Salmonella enteritidis* (*S. enteritidis*) in Jiamusi City, to provide a scientific basis for clinical treatment. **Methods** *S. enteritidis* was isolated from food and patients with diarrhea. Serological typing was performed. Resistance against 16 antibiotics was investigated using the microbroth dilution method. Genes associated with antimicrobial resistance were analyzed by PCR, and the evolutionary relationships between strains were analyzed by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). **Results** Of the 108 *Salmonella* strains identified, 55 (50.93%) were found to be *S. enteritidis*. Forty-nine (89.09%) of these strains showed antimicrobial resistance, with 33 strains (67.35%, 33/49) found to be resistant to multiple antibiotics. The highest resistance was against nalidixic acid and ampicillin, with 81.82% and 60.00% resistance, respectively. Homologies between 37% and 100% were observed among the 55 *S. enteritidis* strains. **Conclusion** High levels of multi-antimicrobial resistance were found in *S. enteritidis* in Jiamusi. A close relationship was found between, pathogen strain and drug resistance. *S. enteritidis* in the diarrhea of infected patients can cross-infect food. As *S. enteritidis* shows significant drug resistance in this region, it is of great importance to develop targeted diagnostic and treatment programs, as well as prevention and control measures, to ensure the safety and maintenance of public health.

**Key words:** *Salmonella enteritidis*; drug resistance; homology; evolution沙门菌是食源性病原菌<sup>[1]</sup>, 大多数患者感染后有  
腹泻、发热和胃痉挛等症状, 大约持续 4~7 d<sup>[2]</sup>。2010—2021 年美国疾病预防控制中心公布, 食用冷  
冻生鸡肉产品、鸡蛋、生冷菜、豆芽、碎牛肉和土耳

收稿日期: 2022-05-31

基金项目: 佳木斯市市级科技计划创新激励类项目(SF2023JL0013)

作者简介: 付宇 男 副主任技师 研究方向为病原微生物 E-mail: fuyu\_yu@163.com

通信作者: 包名家 男 主任技师 研究方向为病原微生物 E-mail: cmubmj@163.com

其松子等食物造成多起肠炎沙门菌食源性疾病暴发事件<sup>[3-9]</sup>。近些年来,我国也发生了多起肠炎沙门菌引起的食物中毒事件,给人民生活带来严重危害<sup>[10-14]</sup>。因此,了解肠炎沙门菌的感染状况和来源,对控制疾病的发生和发展具有重要意义。

目前,多地在开展致病菌对抗生素药物敏感性检测中发现大量菌株存在耐药现象<sup>[15-17]</sup>,这与多年来临床及畜牧业过量使用抗生素有关。肠炎沙门菌受环境中大量抗生素的影响,产生了耐药现象,如福建省龙岩市、新疆乌鲁木齐等地区肠炎沙门菌对萘啶酸、氨苄西林和四环素等产生了耐药性<sup>[18-19]</sup>。然而本地区的研究数据尚未见报道,因此了解肠炎沙门菌的耐药情况,可为本地区腹泻患者的诊治及临床用药提供重要的科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 主要材料与仪器

分离自猪肉、鸡肉、熟肉制品和凉拌菜等食品样品的 59 株沙门菌,与食源性疾病主动监测哨点医院提供的,从自述食用食品后产生腹泻的患者血液或粪便中分离的 49 株沙门菌,共计 108 株;胰酪大豆胨琼脂培养基(Trypticase soy agar, TSA)平板购自广东环凯微生物科技有限公司;沙门菌属诊断血清套装购自丹麦 SSI;DL-96A1 MIC 肠杆菌科药敏试剂板购自珠海迪尔生物工程有限公司;基因组 DNA 纯化试剂盒购自 Promega、Premix Taq 购自 TaKara;蛋白酶 K 购自 Merck;SeakemGold 琼脂糖购自 Lonza;限制性内切酶 *Xba* I 购自 New England BioLabs。

EYELA LTI-700 恒温培养箱购自上海爱朗仪器有限公司;BSL-1500 II A2 型生物安全柜购自济南鑫贝西生物技术有限公司;DL-96A 细菌鉴定及药敏分析系统、SCAN-10 自动加样仪购自珠海迪尔生物工程有限公司;CHEF Mapper 脉冲场凝胶电泳仪和凝胶成像系统购自 Bio-rad;HZS-HA 水浴摇床购自哈尔滨市东联电子技术开发公司;BioNumerics 7.6.3 分析软件购自 Applied Maths。

### 1.2 沙门菌血清学分型

依据 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》中血清学分型方法,将 108 株沙门菌菌株接种 TSA 平板,进行纯培养,使用沙门菌诊断血清进行玻片凝集试验,鉴定沙门菌血清型,筛选肠炎沙门菌。

### 1.3 耐药性分析

应用 DL-96A 细菌鉴定及药敏分析系统,对肠炎沙门菌进行药物敏感性检测,并选取 16 种抗生

素(氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、四环素、美罗培南、多黏菌素 E、厄他培南、头孢他啶/阿维巴坦、头孢噻肟、头孢他啶、环丙沙星、阿奇霉素、氯霉素、萘啶酸、链霉素、复方新诺明和阿米卡星)进行测试。

按照上述肠炎沙门菌药敏实验操作方法,使用菌株大肠埃希菌 ATCC25922 进行质控试验,然后根据细菌鉴定及药敏分析系统或肠杆菌科药敏试剂板使用说明书的结果判定标准,确定质控菌株的 MIC 结果符合标准菌株的范围,才可以确定检测的肠炎沙门菌对抗生素的耐药性准确有效,参照抗微生物药物敏感性试验执行标准(CLSI)进行结果判定。

### 1.4 脉冲场凝胶电泳检测

参照 PulseNet China 技术手册之脉冲场凝胶电泳(PFGE)操作规范,沙门菌脉冲场凝胶电泳标准操作方案,对肠炎沙门菌进行同源性分析。

将纯培养的肠炎沙门菌和标准菌株沙门菌 H9812(Marker)分别混于 CSB 中,制备 400  $\mu$ L 菌悬液(4.0~4.5 麦氏单位),然后用预热 56  $^{\circ}$ C 400  $\mu$ L 的 1% Seakem Gold 制作小胶块。将制好的胶块从模具上铲到 5 mL 蛋白酶 K/CLB 混合液中,54  $^{\circ}$ C 水浴摇床中孵育 2 h,转速为 130 r/min,进行裂解。裂解后的胶块,用预热 50  $^{\circ}$ C 无菌超纯水清洗 2 次,再用 TE 清洗 4 次。然后,将胶块放入到 200  $\mu$ L 酶(*Xba* I)中酶切,确保胶块在液面下,于 37  $^{\circ}$ C 水浴中孵育至少 2.5 h。将完成酶切之后的胶块粘于梳子齿上,用 1% Seakem Gold 胶制成电泳的胶。设置电泳条件为:分子质量为 30~700 kb,初始和终末转换时间分别为 2.16 s 和 63.8 s,电泳时间 18 h。电泳完成后,将胶放置于 400 mL Gelred 稀释液中染色 30 min,再用清水脱色 1 h,每 30 min 换 1 次水。用凝胶成像系统拍摄图像和 BioNumerics version 7.6.3 软件分析电泳图像。

### 1.6 统计学分析

使用 SPSS 20.0 软件统计进行数据处理, $\chi^2$  检验分析检测结果的差异性,以  $P < 0.05$  为差异具有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 肠炎沙门菌检出情况

血清分型确定 34 株[57.63%(34/59)]肠炎沙门菌来自生猪肉、生基围虾和生鸡肉等食品样品,21 株[42.86%(21/49)]肠炎沙门菌来自腹泻患者粪便和血液。

## 2.2 肠炎沙门菌的耐药性

药敏结果显示,55株肠炎沙门菌中有49株(89.09%,49/55)对16种抗生素存在不同程度耐药(表1),来自食品和腹泻患者菌株的耐药率分别为88.24%(30/34)和90.48%(19/21),均对萘啶酸的耐药率最高,分别达到73.53%(25/34)和85.71%

(18/21);对氨苄西林的耐药率分别为52.94%(18/34)和71.43%(15/21);对厄他培南和阿奇霉素的耐药率最低,分别是2.94%(1/34)和0。来自食品与腹泻患者菌株的耐药率、菌株对萘啶酸与氨苄西林的耐药率分别比较差异, $P$ 值为0.232,差异无统计学意义。

表1 肠炎沙门菌药敏结果

Table 1 Drug sensitivity results of *Salmonella* Enteritidis

序号	抗生素名称	缩写	菌株来源	耐药		中介		敏感	
				菌株数/株	耐药率/%	菌株数/株	中介率/%	菌株数/株	敏感率/%
1	氨苄西林	AMP	食品	18	52.94	0	0.00	16	47.06
			腹泻患者	15	71.43	0	0.00	6	28.57
2	氨苄西林/舒巴坦	AMS	食品	8	23.53	8	23.53	18	52.94
			腹泻患者	10	47.62	2	9.52	9	42.86
3	四环素	TET	食品	9	26.47	0	0.00	25	73.53
			腹泻患者	5	23.81	1	4.76	15	71.43
4	美罗培南	MEM	食品	1	2.94	1	2.94	32	94.12
			腹泻患者	1	4.76	0	0.00	20	95.24
5	多黏菌素E	CT	食品	14	41.18	15	44.12	5	14.71
			腹泻患者	13	61.90	6	28.57	2	9.52
6	厄他培南	ETP	食品	1	2.94	0	0.00	33	97.06
			腹泻患者	0	0.00	1	4.76	20	95.24
7	头孢他啶/阿维巴坦	CZA	食品	3	8.82	0	0.00	31	91.18
			腹泻患者	1	4.76	0	0.00	20	95.24
8	头孢噻肟	CTX	食品	4	11.76	0	0.00	30	88.24
			腹泻患者	3	14.29	0	0.00	18	85.71
9	头孢他啶	CAZ	食品	1	2.94	1	2.94	32	94.12
			腹泻患者	1	4.76	0	0.00	20	95.24
10	环丙沙星	CIP	食品	3	8.82	24	70.59	7	20.59
			腹泻患者	0	0.00	18	85.71	3	14.29
11	阿奇霉素	AZI	食品	1	2.94	0	0.00	33	97.06
			腹泻患者	0	0.00	0	0.00	21	100.00
12	氯霉素	CHL	食品	3	8.82	0	0.00	31	91.18
			腹泻患者	0	0.00	0	0.00	21	100.00
13	萘啶酸	NAL	食品	25	73.53	0	0.00	9	26.47
			腹泻患者	18	85.71	0	0.00	3	14.29
14	链霉素	STR	食品	16	47.06	2	5.88	16	47.06
			腹泻患者	13	61.90	0	0.00	8	38.10
15	复方新诺明	SXT	食品	3	8.82	0	0.00	31	91.18
			腹泻患者	0	0.00	0	0.00	21	100.00
16	阿米卡星	AMK	食品	2	5.88	0	0.00	32	94.12
			腹泻患者	0	0.00	0	0.00	21	100.00

表2 不同来源肠炎沙门菌对萘啶酸和氨苄西林的耐药情况

Table 2 Resistance of *Salmonella* Enteritidis from different sources to nalidixic acid and ampicillin

抗生素名称	样本来源	耐药率/%
萘啶酸	食品	79.41(27/34)
	腹泻患者	85.71(18/21)
氨苄西林	食品	52.94(18/34)
	腹泻患者	71.43(15/21)

具有耐药性的49株肠炎沙门菌,33株多重耐药(67.35%,33/49),其中18株来自食品,15株来自腹泻患者,共产生23种耐药谱,来自食品的菌株最高达到六重耐药,四重耐药的菌株数最多,为12株(4.49%,12/49),其中来自食品6株和腹泻患者6株,详见表3。来自食品与腹泻患者的耐药菌株与多重耐药菌株比较差异, $P$ 值为0.168,无统计

学差异。

## 2.3 肠炎沙门菌的亲缘关系

对 *Xba* I 酶切后的55株肠炎沙门菌进行PFGE分子分型,共获得51个指纹图谱,分为27个不同图谱类型,主要形成2簇,聚类相似度为37.0%~100%,其中亲缘关系较近的菌株均在1簇中,聚类相似度为72.3%~100%,如图1所示。指纹图谱相似度100%的菌株有5组,共29株。其中,1组是5株来自鸡肉、2株来自猪肉的菌株与6株来自腹泻患者的菌株聚类相似度均为100%,另1组是4株来自鸡肉、2株来自猪肉、1株来自拌干豆腐丝的菌株与3株来自腹泻患者的菌株聚类相似度均为100%。耐药谱完全一致的菌株又分成6组,共15株,其中2组来自食品,分别是来自猪肉

表3 肠炎沙门菌的耐药谱

Table 3 Drug resistant spectrum of *Salmonella* Enteritidis

抗生素数量	耐药谱	样品来源	菌株数/株	耐药率/%
1	NAL	食品	2	3.64(2/55)
		腹泻患者	1	1.82(1/55)
	TET	食品	1	1.82(1/55)
		腹泻患者	1	1.82(1/55)
CZA	食品	1	1.82(1/55)	
2	CT-NAL	食品	6	0.91(6/55)
	CZA-NAL	腹泻患者	1	1.82(1/55)
		食品	1	1.82(1/55)
AMP-NAL	腹泻患者	1	1.82(1/55)	
3	AMP-CT-NAL	食品	1	1.82(1/55)
	AMP-NAL-STR	食品	2	3.64(2/55)
		腹泻患者	1	1.82(1/55)
	AMP-CIP-NAL	食品	1	1.82(1/55)
4	AMP-TET-NAL-STR	食品	2	3.64(2/55)
	AMP-CT-NAL-STR	食品	1	1.82(1/55)
		腹泻患者	1	1.82(1/55)
	AMP-AMS-NAL-STR	食品	2	3.64(2/55)
		腹泻患者	2	3.64(2/55)
	MEM-CT-CZA-NAL	腹泻患者	1	1.82(1/55)
AMP-AMS-CT-NAL	腹泻患者	1	1.82(1/55)	
5	AMP-TET-CT-NAL-STR	食品	3	5.45(3/55)
	AMP-AMS-CT-NAL-STR	腹泻患者	2	3.64(2/55)
		食品	3	5.45(3/55)
	AMP-AMS-CTX-NAL-SXT	腹泻患者	3	5.45(3/55)
6	AMP-AMS-CT-CTX-NAL-STR	食品	1	1.82(1/55)
		腹泻患者	2	3.64(2/55)
8	AMP-AMS-TET-CT-CTX-CAZ-NAL-STR	食品	1	1.82(1/55)
		腹泻患者	1	1.82(1/55)
9	AMP-AMS-TET-CTX--CIP-CHL-NAL-STR-SXT	食品	1	1.82(1/55)
10	AMP-AMS-TET-CTX-CIP-CHL-NAL-STR-SXT-AMK	食品	1	1.82(1/55)
	TET-MEM-ETP-CZA-CTX-CAZ-AZI-CHL-STR-AMK	食品	1	1.82(1/55)

和鸡肉的菌株 SMJMS012 和 SMJMS013, 耐药谱均是 AMP-TET-CT-NAL-STR; 来自熟肉制品和基围虾的菌株 SMJMS003 和 SMJMS005, 耐药谱均是 CT-NAL。1 组来自腹泻患者血液和粪便的菌株 SMJMS049 和 SMJMS050, 耐药谱均是 AMP-AMS-CT-CTX-NAL-STR。表明以上相同来源的肠炎沙门菌, 进化程度无明显差异, 分别来自同一污染源。3 组来自食品和腹泻患者, 分别是来自香葱拌鸡心和患者粪便的菌株 SMJMS016 和 SMJMS120, 耐药谱均是 NAL; 来自猪肉、鸡肉和患者血液的菌株 SMJMS024、SMJMS031 和 SMJMS051, 耐药谱均是 CT-NAL; 来自鸡肉、患者粪便与血液的菌株 SMJMS026、SMJMS048、SMJMS066 和 SMJMS078, 耐药谱均是 AMP-AMS-CT-NAL-STR, 表明来自食品和腹泻患者的肠炎沙门菌, 耐药谱、耐药基因和亲缘关系存在密切关联性, 两种样本有交叉感染现象。

### 3 讨论

本文共鉴定出 55 株肠炎沙门菌, 其中 49 株具有耐药性, 对抗生素萘啶酸和氨苄西林的耐药性较高, 这与国内其他地区肠炎沙门菌耐药性一致, 如

辽宁省肠炎沙门菌对萘啶酸和氨苄西林的耐药性较高<sup>[20]</sup>, 说明多年来使用喹诺酮类和  $\beta$ -内酰胺酶类抗生素的频率和剂量较大, 造成肠炎沙门菌针对该抗生素产生抗药变化。肠炎沙门菌多重耐药菌株为 33 株, 其中四重耐药的菌株数最多, 这与有些地区肠炎沙门菌多重耐药情况一致, 如上海和江苏省地区四重耐药最多<sup>[21,22]</sup>。

肠炎沙门菌菌株指纹图谱相似度较高的簇, 聚类相似度为 72.3%~100%, 说明本地区来自腹泻患者和食品的食品的肠炎沙门菌亲缘关系较近, 近期外源输入可能性小。其中, 3 组分别来自腹泻患者和食品菌株的耐药谱、耐药基因和聚类相似度完全一致, 说明该菌株隔代遗传受干扰的影响因素较小, 菌株之间亲缘关系和耐药特征存在密切关联性, 引起患者腹泻疾病的肠炎沙门菌, 很可能来源受污染的食品, 还需要进一步分析流调信息, 确定传播方式和传染源。可见, 全球经济的高速发展, 快速的人员流动和货物运输, 可使肠炎沙门菌等病原菌发生较大范围的传播, 造成人类和食品之间交叉感染的特点较突出, 应加大健康卫生的宣传力度, 提高人们对卫生知识的关注, 管控食品生产、运输、储存和销



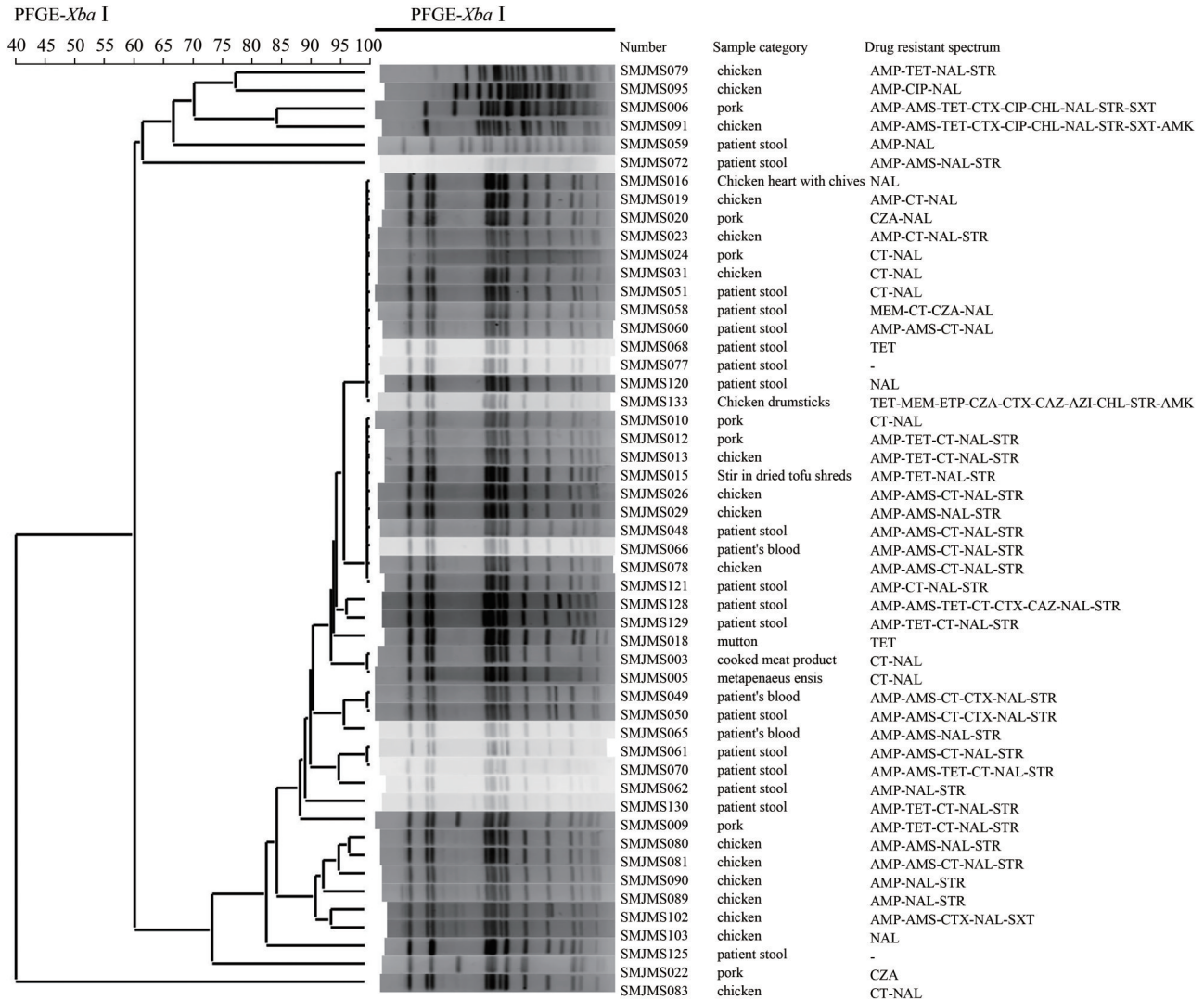


图1 肠炎沙门菌的同源性

Figure 1 Homology of *Salmonella* Enteritidis

售等环节的卫生状况,阻断病原菌传播途径,降低病原菌污染食品,保障公众健康,防止食源性疾病的暴发。

多年来,食源性疾病一直备受关注,已成为国家重点监测项目,其中沙门菌引起的食源性疾病在我国细菌性食源性疾病中居首位<sup>[23]</sup>。佳木斯市多年的监测结果显示,引起腹泻的食源性致病菌多为沙门菌,通过本研究可以确定,感染沙门菌的主要血清型为肠炎沙门菌,针对肠炎沙门菌的耐药性和同源性分析,掌握本地区肠炎沙门菌耐药情况、进化状态和污染状况,可制定疾病预防与宣传方案,倡导本地居民食用食物前勤洗手,科学保障食物在加工与食用环节的卫生,倡导畜牧业减少抗生素的大量使用,合理使用高效抑菌抗生素,避免滥用。

参考文献

[ 1 ] 朱超, 许学斌. 沙门菌属血清型诊断[M]. 上海: 同济大学出版社, 2009: 1-6.

[ 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 ] Bedard B, MPH. Geographical information software and shopper card data aided in the discovery of a *Salmonella enteritidis* outbreak associated with Turkish pine nuts [J]. Open Forum Infectious Diseases, 2016, 3(suppl\_1): 1431.

[ 4 ] MOHLE-BOETANI J C, FARRAR J, BRADLEY P, et al. *Salmonella* infections associated with mung bean sprouts: Epidemiological and environmental investigations [J]. Epidemiology and Infection, 2009, 137(3): 357-366.

[ 5 ] STILZ C R, CAVALLO S, GARMAN K, et al. *Salmonella enteritidis* outbreaks associated with egg-producing farms not regulated by food and drug administration's egg safety rule [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2022, 19(8): 529-534.

[ 6 ] WILLIAMS M S, EBEL E D. Temporal changes in the proportion of *Salmonella* outbreaks associated with 12 food commodity groups in the United States [J]. Epidemiology and Infection, 2022, 150: e126.

[ 7 ] JACKSON B R, GRIFFIN P M, COLE D, et al. Outbreak-associated *Salmonella enterica* serotypes and food commodities,

- United States, 1998-2008 [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2013, 19(8): 1239-1244.
- [ 8 ] HEDICAN E, MILLER B, ZIEMER B, et al. Salmonellosis outbreak due to chicken contact leading to a foodborne outbreak associated with infected delicatessen workers [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2010, 7(8): 995-997.
- [ 9 ] GOULD L H, WALSH K A, VIEIRA A R, et al. Surveillance for foodborne disease outbreaks - United States, 1998-2008 [J]. *MMWR Surveill Summ*. 2013, 62(2): 1-34.
- [ 10 ] 赵堡宁, 田疆. 一起肠炎沙门菌引发的食物中毒[J]. *宁夏医科大学学报*, 2019, 41(12): 1294-1296.
- ZHAO B N, TIAN J. A food poisoning incident caused by *Salmonella enteritidis* [J]. *Journal of Ningxia Medical University*, 2019, 41(12): 1294-1296.
- [ 11 ] 曾彪, 王超, 薛一凡, 等. 一起跨地区肠炎沙门菌食物中毒事件的流行病学调查与溯源[J]. *现代预防医学*, 2016, 43(19): 3479-3482.
- ZENG B, WANG C, XUE Y F, et al. Investigation and tracing on a multi-district outbreak of food poisoning event caused by *Salmonella enteritidis* [J]. *Modern Preventive Medicine*, 2016, 43(19): 3479-3482.
- [ 12 ] 宋秋坤, 赵雯婧, 王轶, 等. 一起农村宴席引起的肠炎沙门菌食物中毒事件分析[J]. *河南预防医学杂志*, 2021, 32(3): 252-255.
- SONG Q K, ZHAO W J, WANG Y, et al. Investigation and analysis on a food poisoning incident caused by a *Salmonella enteritidis* and linked to a rural banquet [J]. *Henan Journal of Preventive Medicine*, 2021, 32(3): 252-255.
- [ 13 ] 田渝, 黄治兰, 袁玲燕. 一起因食用糕点引起肠炎沙门菌食物中毒事件的调查分析[J]. *现代医药卫生*, 2019, 35(14): 2254-2256.
- TIAN Y, HUANG Z L, YUAN L Y. Investigation of *Salmonella enteritidis* in a food poisoning incident caused by patisserie [J]. *Journal of Modern Medicine & Health*, 2019, 35(14): 2254-2256.
- [ 14 ] 施菊萍, 吴鹏程, 施爱萍, 等. 一起由肠炎沙门菌引起的食物中毒事件的检测报告[J]. *医学动物防制*, 2020, 36(12): 1171-1173.
- SHI J P, WU P C, SHI A P, et al. A test report of a food poisoning incident caused by *Salmonella enteritidis* [J]. *Journal of Medical Pest Control*, 2020, 36(12): 1171-1173.
- [ 15 ] 孙雅娜, 刘坚龄, 梁广忠, 等. 2018—2020年天津市津南区食源性致病菌分布及药敏分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2021, 33(5): 548-552.
- SUN Y N, LIU J L, LIANG G Z, et al. Distribution and drug sensitivity analysis of foodborne pathogens in Jinnan District of Tianjin from 2018 to 2020 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2021, 33(5): 548-552.
- [ 16 ] 崔莹, 李艳芬, 戚浩彧, 等. 2019年河南省市售生禽肉食源性致病菌污染状况分析[J]. *河南预防医学杂志*, 2021, 32(8): 587-590.
- CUI Y, LI Y F, QI H Y, et al. Analysis on the contamination status of food-borne pathogens in raw poultry in Henan, 2019 [J]. *Henan Journal of Preventive Medicine*, 2021, 32(8): 587-590.
- [ 17 ] 李梅基, 张小梅, 强丽红, 等. 2016—2018年白银市食源性致病菌主动监测病原学及流行病学特征分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2020, 32(1): 72-76.
- LI M J, ZHANG X M, QIANG L H, et al. Epidemiologic and etiologic characteristics of foodborne diseases active surveillance in Baiyin City, 2016-2018 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2020, 32(1): 72-76.
- [ 18 ] 陈海滨, 罗招福, 李美华, 等. 57株肠炎沙门菌耐药情况分析[J]. *河南预防医学杂志*, 2018, 29(10): 737-739.
- CHEN H B, LUO Z F, LI M H, et al. Drug resistance on 57 strains *Salmonella enteritidis* [J]. *Henan Journal of Preventive Medicine*, 2018, 29(10): 737-739.
- [ 19 ] 杨毅, 王超, 陈国利, 等. 2014—2016年乌鲁木齐市肠炎沙门菌耐药与分子分型分析[J]. *医学动物防制*, 2018, 34(10): 962-964, 968.
- YANG Y, WANG C, CHEN G L, et al. Drug resistance and molecular typing of *Salmonella enteritidis* in Urumqi from 2014 to 2016 [J]. *Journal of Medical Pest Control*, 2018, 34(10): 962-964, 968.
- [ 20 ] 耿英芝, 于淼, 李飞, 等. 2016—2019年辽宁省肠炎沙门菌分离株分子分型及其耐药性[J]. *中国微生态学杂志*, 2021, 33(7): 770-773.
- GENG Y Z, YU M, LI F, et al. Molecular typing and drug resistance of *Salmonella enteritidis* in Liaoning Province, 2016-2019 [J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2021, 33(7): 770-773.
- [ 21 ] 李苗. 肠炎沙门菌耐药性及耐药相关基因分子特征研究[D]. 广州: 华南农业大学, 2017.
- LI M. Resistance and molecular characterization of resistance genes in *Salmonella enteritidis* [D]. Guangzhou: South China Agricultural University, 2017.
- [ 22 ] 王超. 肠炎沙门菌耐药特征及PFGE分子分型研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2018.
- WANG C. The analysis on antimicrobial resistance and PFGE molecular typing of *Salmonella enteritidis* [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2018.
- [ 23 ] 罗宝章, 段胜钢, 蔡华, 等. 上海市非伤寒沙门菌感染的流行病学负担概率估计[J]. *中国食品卫生杂志*, 2018, 30(1): 12-17.
- LUO B Z, DUAN S G, CAI H, et al. Epidemiological burden estimates of nontyphoidal *Salmonella* infection in Shanghai [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2018, 30(1): 12-17.