

研究报告

2021—2022年湖州市监测哨点医院感染性腹泻病例沙门菌病原学特征分析

沈月华,纪蕾,徐德顺,吴晓芳,严伟
(湖州市疾病预防控制中心,浙江湖州 313000)

摘要:目的 分析湖州市感染性腹泻患者分离沙门菌的血清型分布、耐药情况及分子分型特征,为沙门菌引起腹泻性疾病的防控、预警、溯源及临床治疗提供科学依据。方法 湖州市2021—2022年6家监测哨点医院分离出126株沙门菌,采用玻片凝集法、微量肉汤稀释法和脉冲场凝胶电泳(PFGE)法,分别进行血清学分型、抗生素最小抑菌浓度测定和分子分型。结果 126株沙门菌可分为28种血清型,优势血清型为鼠伤寒沙门菌单相变种(32.5%, 41/126),肠炎沙门菌(24.6%, 31/126)及鼠伤寒沙门菌(15.1%, 19/126)。不同血清型沙门菌对15种抗生素存在不同程度的耐药性,鼠伤寒沙门菌单相变种对四环素耐药率较高,分别为73.3%(44/60)其次氨苄西林和磺胺甲噁唑的耐药率为56.7%(34/60),鼠伤寒沙门菌对四环素和磺胺甲噁唑的耐药率较高,分别为68.4%(13/19)、52.6%(10/19),肠炎沙门菌对氨苄西林/舒巴坦的耐药率最高为54.8%(17/31),其他沙门菌对四环素的耐药率最高为51.4%(18/35),总体多重耐药率达62.7%(79/126),呈现出20种多重耐药谱。鼠伤寒沙门菌单相变种及鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌经Xba I酶切后分别获得46种和15种不同PFGE指纹图谱。结论 湖州市沙门菌感染优势血清型以鼠伤寒沙门菌单相变种和肠炎沙门菌为主,沙门菌多重耐药现象严重,PFGE带型既有多样性又具有优势带型。

关键词:沙门菌;血清分型;耐药性;分子分型;感染性腹泻;监测哨点医院

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)07-0797-08

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.07.005

Pathogenic characteristics of *Salmonella* in infectious diarrhea cases in
Huzhou City from 2021 to 2022

SHEN Yuehua, JI Lei, XU Deshun, WU Xiaofang, YAN Wei
(Huzhou Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Huzhou 313000, China)

Abstract: Objective To provide scientific basis for the prevention and control, early warning, tracing and clinical treatment of diarrheal diseases caused by *Salmonella*, the serotype distribution, drug resistance and molecular typing characteristics of *Salmonella* isolates from infectious diarrhea patients in Huzhou City were analyzed. **Methods** A total of 126 isolates of *Salmonella* were collected from 6 sentinel hospitals in Huzhou City from 2021 to 2022. The isolates were characterized by serovar determination, antimicrobial susceptibility tests, and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) typing. **Results** The 126 strains of *Salmonella* could be divided into 28 serotypes. The dominant serotypes were *Salmonella typhimurium* monophasic variant (32.5%, 41/126), *Salmonella enteritidis* (24.6%, 31/126) and *Salmonella typhimurium* (15.1%, 19/126). *Salmonella typhimurium* had different resistance characteristics to 15 antibiotics. The resistance rate of *Salmonella typhimurium* monophasic variant to tetracycline was 73.3% (44/60), ampicillin and sulfamethoxazole were all 56.7% (34/60). The resistance rate of *Salmonella typhimurium* to tetracycline and sulfamethoxazole was higher with 68.4% (13/19) and 52.6% (10/19), respectively. The highest resistance rate of *Salmonella enteritidis* to ampicillin/sulbactam was 54.8% (17/31) and that of other *Salmonella* to tetracycline was the highest with 51.4% (18/35). The overall multidrug resistance rate was 62.7% (79/126), showing 20 multidrug resistance spectra. The PFGE fingerprints of *Salmonella typhimurium* and *Salmonella enteritidis* were obtained 46 and 15 kinds types after digested by Xba I enzyme. **Conclusion** The predominant serotypes of *Salmonella* infection in Huzhou City are *Salmonella typhimurium* and *Salmonella enteritidis*. The multi-drug resistance of *Salmonella* bacteria is serious. PFGE zone

收稿日期:2023-07-27

基金项目:湖州市科技计划项目(2023GY08)

作者简介:沈月华 女 主任技师 研究方向为病原微生物检验 E-mail:yh2367599@126.com

types are both diverse and dominant.

Key words: *Salmonella*; serotyping; drug resistance; molecular typing; infections diarrhea; sentinel hospital

沙门菌是在自然界分布广泛的人畜共患病病原菌,是全球普遍的食源性致病菌,特别是在发展中国家^[1-2]。据统计,在世界各国细菌性食物中毒中,沙门菌引起的食物中毒常列榜首,在美国,沙门菌每年会导致135万人患病^[3]。我国70%~80%细菌性食物中毒由沙门菌引起^[4],主要通过食品、水等介质造成沙门菌的散发、集中暴发和散点暴发^[5-7],严重影响公众健康。沙门菌血清型别较多,其中鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌是引起人感染性腹泻最常见的血清型,1990年起全球陆续报道了鼠伤寒沙门菌一种新的血清型,未表达第2相鞭毛抗原,被认为很可能是鼠伤寒沙门菌单相变种,我国珠海^[9]等地监测发现鼠伤寒沙门菌单相变种成为当地腹泻病例中检出最多的血清型,对食品安全产生了严重威胁。随着抗生素在养殖业和临床医疗等领域的广泛应用,沙门菌耐药菌株日益增多,增加了临床治疗的难度,本研究分析2021—2022年湖州市沙门菌菌型、耐药情况、分子分型特征,给食源性疾病的临床治疗提供参考依据,为食源性疾病的预警和防控提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株来源

2021—2022年湖州市6家监测哨点医院5361例感染性腹泻患者中分离出126株沙门菌,其中2021年67株,2022年59株;沙门菌标准菌株(H9812)、大肠埃希菌(ATCC 25922)来自浙江省疾病预防控制中心。

1.1.2 主要仪器与试剂

Thermo Scientific 微生物药敏分析仪(AIMVizion, 美国赛默飞);VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪(法国梅里埃);CHEF Mapper 脉冲场凝胶电泳仪、76s/07915 全自动凝胶成像仪(美国伯乐);比浊计。

胰蛋白胨大豆琼脂(广东环凯微生物科技有限公司);氨苄西林(Ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(Ampicillin-Sulbactam, AMS)、阿奇霉素(Azithromycin, AZI)、头孢唑啉(Cefazolin, CFZ)、头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、头孢西丁(Cefoxitin, CFX)、头孢他啶(Ceftazidime, CAZ)、氯霉素(Chloramphenicol, CHL)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、黏菌素(Colistin, COL)、庆大霉素(Gentamicin, GEN)、亚胺培南(Imipenem, IMI)、四环素(Tetracycline, TET)、磺胺甲噁唑(Sulfamethoxazole, SXT)、萘啶酸(Nalidixic acid,

NAL)均购自美国 Thermo Fisher);*Xba* I 酶(日本 TaKaRa);沙门菌诊断血清试剂盒(丹麦 Statens Serum Institut);Seakem Gold(美国 Lonza)。

1.2 方法

1.2.1 细菌鉴定及血清学分型

沙门菌分离株采用胰蛋白胨大豆琼脂36℃传代培养,用全自动细菌鉴定仪进行菌株的生化鉴定,确定沙门菌阳性菌株,挑取单个菌落做O抗原玻片凝集,再用沙门菌H相诱导琼脂进行H1相和H2相的鞭毛诱导和血清凝集,根据得到的抗原式查找沙门菌血清分型表,确定其血清型别。

1.2.2 药敏试验

采用微量肉汤稀释法,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,用全自动菌液接种仪转移至革兰阴性需氧菌药敏检测板,36℃培养18h,采用微生物药敏分析仪进行结果判读。质控菌株为大肠埃希菌(ATCC 25922)。

1.2.3 脉冲场凝胶电泳

参照《国家致病菌识别网实验室监测技术手册》^[8]中非伤寒沙门菌PFGE分型程序操作对优势血清型菌株进行分子分型,挑取新鲜菌苔,悬浮于含1mL细菌悬浮液的比浊管中,采用比浊计调整麦氏浊度在4.2左右。采用1% Seakem Gold 包埋菌体,制备胶块;胶块转移至含终浓度为20mg/mL蛋白酶K的细胞裂解液中消化和裂解;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的酶切体系中,37℃酶切4h。电泳条件:片段大小30~700kb;初始转换时间2.16s;终末转换时间63.8s;电泳时间19h,电泳结束后,GelRedi染色。在凝胶成像仪中成像,数据分析PFGE图像录入国家致病菌识别网信息系统进行处理。

1.3 统计学分析

Microsoft Excel 2010 软件进行统计分析。组间比较采用 χ^2 检验。 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 沙门菌血清型分布

2021—2022年从感染性腹泻患者粪便或肛拭子标本中共检出沙门菌126株,分别属于6个群,鉴定为28种血清型,B群、D群和E群占比较多,分别为70、31和12株。B群的鼠伤寒沙门菌及单相变种菌株占比最高,为47.6%(60/126),其中鼠伤

寒沙门菌单相变种占比为 32.5%(41/126),鼠伤寒沙门菌占比为 15.1%(19/126),其次是 D 群的肠炎沙门菌,菌株占比为 24.6%(31/126),其他沙门菌菌株占比均低于 10%,见表 1。

表 1 126 株分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的沙门菌血清型分布情况

Table 1 Serotype distribution of 126 strains of *Salmonella* collected from diarrheal patients in 6 sentinel hospitals

群	血清型	抗原式	数量/株	构成比/%
B	阿贡纳沙门菌	1,4,12:f,g,s[1-2]	1	0.8
	鼠伤寒沙门菌单相变种	1,4,12:i-	41	32.5
	鼠伤寒沙门菌	1,4,12:i:1,2	19	15.1
	德尔卑沙门菌	4,12:f,g:[1-2]	2	1.6
	斯坦利沙门菌	1,4,12:d:1,2	3	2.4
	乙型副伤寒沙门菌	1,4,12:b;2	1	0.8
	喀普斯塔德沙门菌	4,12:e,h:1,7	1	0.8
	印第安沙门菌	0:4,HZ,7	1	0.8
	利密特沙门菌	1,4,12:b,1,,5	1	0.8
	C1	罗森沙门菌	6,7:f,g:1,2,7	1
卡斯特卢普沙门菌		6,7:f,g	1	0.8
汤卜逊沙门菌		6,7:k,1,6	2	1.6
利文斯通沙门菌		6,7:d,l,z13,z28	1	0.8
奥雷宁堡沙门菌		6,7:m,t	1	0.8
蒙得维的亚沙门菌		6,7:g,m[s]	1	0.8
温斯顿沙门菌		6,7:m,t	1	0.8
C2		黄金海岸沙门菌	6,8:r,z	2
	利奇菲尔德沙门菌	06,8:lv,1,5	1	0.8
	疯牛沙门菌	0:8;Hr	1	0.8
D	肠炎沙门菌	1,9,12:g,m:[1,7]	31	24.6
	韦太夫雷登沙门菌	03,10:Hr;Z6	2	1.6
	恩昌加沙门菌	010:Hl,v:H1,2	1	0.8
E1	伯明翰沙门菌	03,10:Hd:Hw	1	0.8
	明斯特沙门菌	03,010;He,h;H5	1	0.8
	伊甫里萨希沙门菌	013,22:Hz-	1	0.8
	伦敦沙门菌	3,{10},{15}:1,v:1,6	4	3.2
	纽兰沙门菌	03,10:He,h:e,n,x	1	0.8
其他	明尼苏达沙门菌	021:Hb:Henx	1	0.8
	浦那沙门菌	013,22:Hz,6	1	0.8
合计			126	100.0

2.2 耐药情况

2.2.1 2021—2022年沙门菌药敏试验

126 株沙门菌分离株中 116 株对 15 种测试抗生素存在不同程度的耐药,10 株其他沙门菌对所有测试抗生素敏感。鼠伤寒沙门菌及单相变种对四环素耐药率最高为 73.3%,其次氨苄西林和磺胺甲噁唑的耐药率为 56.7%,对阿奇霉素、庆大霉素、亚胺培南、黏菌素耐药率均小于 10.0%;肠炎沙门菌对氨苄西林/舒巴坦的耐药率最高为 54.8%(17/31),其次为磺胺甲噁唑 48.4%,对头孢噻肟、头孢西丁、氯霉素、庆大霉素、亚胺培南耐药率均小于 10.0%;其他沙门菌对四环素的耐药率最高为 51.4%(18/35),其次为氨苄西林 42.9%,对头孢他啶、黏菌素、亚胺培南素耐药率均小于 10.0%,见图 1。

2.2.2 鼠伤寒沙门菌和鼠伤寒沙门菌单相变种药敏试验

19 株鼠伤寒沙门菌中多重耐药菌共有 17 株(89.5%),氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、氯霉素耐药占 42.1%(8 株),四环素耐药占 68.4%(13 株),磺胺甲噁唑耐药占 52.6%(10 株)。41 株鼠伤寒沙门菌

单相变种中多重耐药菌株为 36 株(87.8%),耐氨苄西林株占 63.4%(26 株),氨苄西林/舒巴坦、氯霉素耐药株占 46.3%(19 株),四环素耐药占 75.6%(31 株),磺胺甲噁唑耐药占 56.1%(23 株)。两者多重耐药率、氨苄西林、四环素、磺胺甲噁唑的耐药率差异均无统计学意义($\chi^2=0.035, 2.401, 0.343, 0.063, P=0.851, 0.121, 0.558, 0.802$),临床治疗一线推荐的药物头孢、环丙沙星出现不同程度耐药,见图 2。

多重耐药结果显示,79 株沙门菌中对 3 种及以上抗生素耐药,占比 62.7%,产生 20 个耐药谱;鼠伤寒沙门菌及单相变种优势耐药谱为 AMP-NAL-TET 共有 12 株菌,产生耐药种类最多,有 12 种类耐药谱,2 株鼠伤寒沙门菌单相变种最高对 12 种抗生素产生耐药。肠炎沙门菌优势耐药谱为 AMP-CAZ-CIP-SXT 共有 7 株菌,其他沙门菌优势耐药谱为 AMP-AMS-CHL-GEN-CIP-SXT 共有 4 株,见表 2。

2.3 PFGE 分子分型结果

60 株鼠伤寒沙门菌及单相变种共分为 46 种 PFGE 带型,分别命名为 S1~S46,每种带型包含 1~

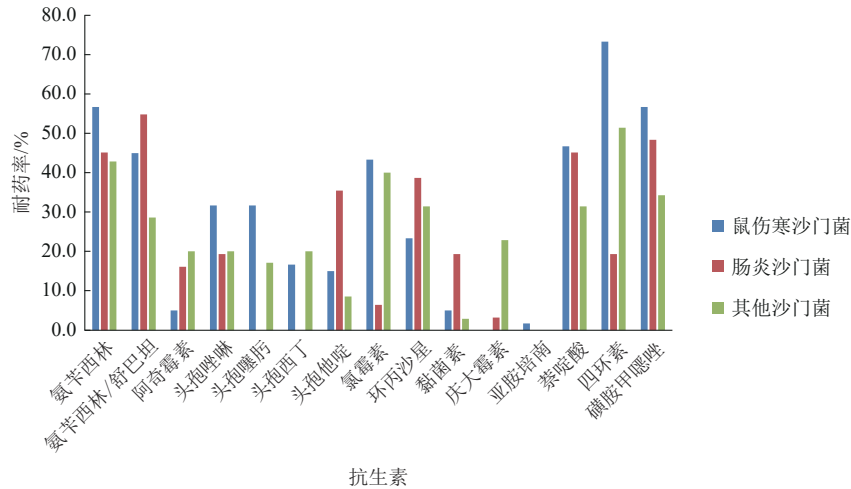


图1 126株分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的沙门菌对15种抗生素药敏试验结果

Figure 1 Fifteen antibiotics of drug sensitivity test results of 126 Strains of *Salmonella* collected from diarrheal patients in 6 sentinel hospitals

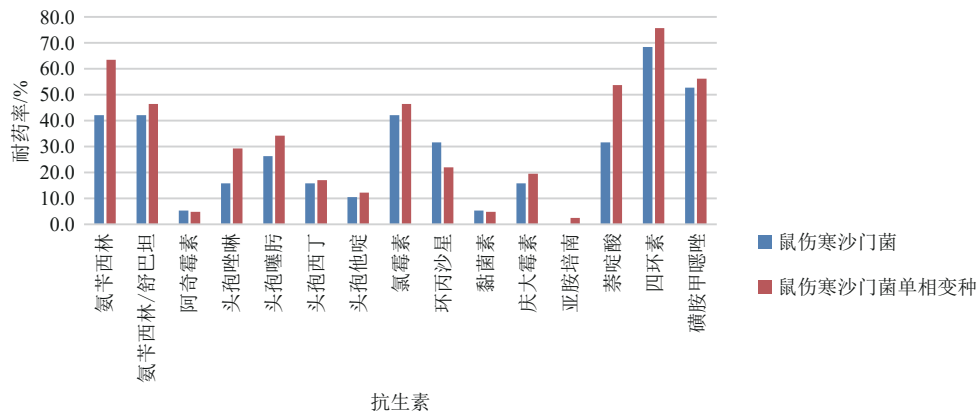


图2 分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的鼠伤寒沙门菌和鼠伤寒沙门菌单相变种对15种抗生素药敏试验结果

Figure 2 *Salmonella typhimurium* and *Salmonella typhimurium* individual varieties of 15 kinds of antibiotics susceptibility test results

表2 分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的沙门菌多重耐药谱

Table 2 Multidrug resistance spectrum of *Salmonella* of diarrheal patients from sentinel hospitals

沙门菌	部分耐药谱	菌株数/株	构成比/%
鼠伤寒沙门菌及变种	AMP-NAL-TET	12	20.0
	NAL-TET-SXT	3	5.0
	AMP-CFZ-CFX-CIP	5	8.3
	AMS-CFZ-CFX-CIP	5	8.3
	AMP-AMS-CFZ-CTX-TET	6	10.0
	CHL-CIP-COL-GEN-TET	3	5.0
	AMP-AMS-CFZ-CHL-TET-SXT	2	3.3
	AMP-AMS-CTZ-CTX-CIP-NAL-CIP	4	6.7
	AMP-AMS-CFE-CTE-CHL-CIP-GEX-TET	7	11.7
	AMP-AMS-CFE-CTX-CHL-CIP-GEN-NAL-TET	1	1.7
	AMS-AZI-CTX-CAZ-CFX-CIP-GEN-IMI-NAL-TET	1	1.7
	AMP-AMS-AZI-CFE-CTX-CAZ-CHL-CIP-COL-GEN-NAL-TET	2	3.3
	AMP-TET-NAL	3	9.7
	AMP-CAZ-CIP-SXT	7	22.6
	AMS-AZI-CAZ-CIP-SXT	5	16.1
AMP-AMS-CFZ-COL-NAL-TET	4	12.9	
肠炎沙门菌	AMP-TET-SXT	3	8.6
	AMP-CHL-TET-SXT	1	2.9
	AMP-CHL-GEN-TET-SXT	1	2.9
其他沙门菌	AMP-AMS-CHL-GEN-CIP-SXT	4	11.4

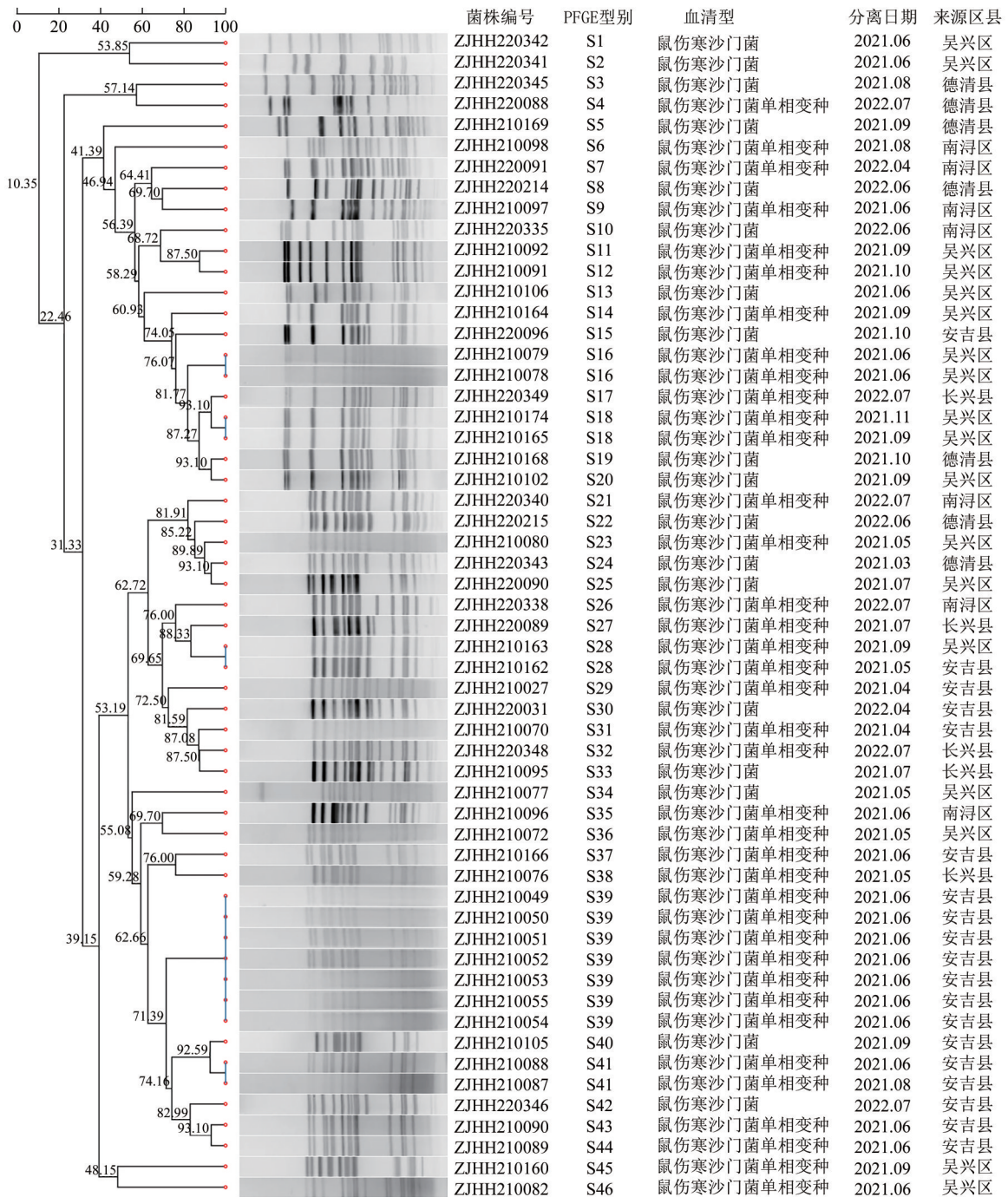


图3 分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的鼠伤寒沙门菌及单相变种PFGE聚类分析图

Figure 3 PFGE cluster analysis of *Salmonella typhimurium* and monophasial variants

7株菌,相似度均为100%,其中S39型包含7株菌,S16、S18、S28、S41各2株菌,见图3。

31株肠炎沙门菌共分为15种PFGE带型,分别命名为C1-C15型,每种带型包含1~10株菌,相似度均为100%,其中C9型包含10株菌,C5型5株菌,C6、C7、C13各2株菌,见图4。

3 讨论

沙门菌是食源性疾病常见病原菌,其中鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌是引起人感染性腹泻最常见的

血清型,在全国腹泻病例监测中鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌一直是检出率较高的致病菌^[9]。本次研究结果显示,鼠伤寒沙门菌单相变种、鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌是湖州地区沙门菌感染性腹泻的优势血清型,与国内北京^[10]、无锡^[11]、上海^[12]地区沙门菌监测结果一致,与本地区往年沙门菌监测结果一致^[13],提示本地优势沙门菌血清型未发生变化。结果显示鼠伤寒沙门菌单相变种已经取代鼠伤寒沙门菌成为湖州市最优势的沙门菌血清型,这与2015年广东省^[14]、浙江余姚^[15]沙门菌监测结果相一致,显

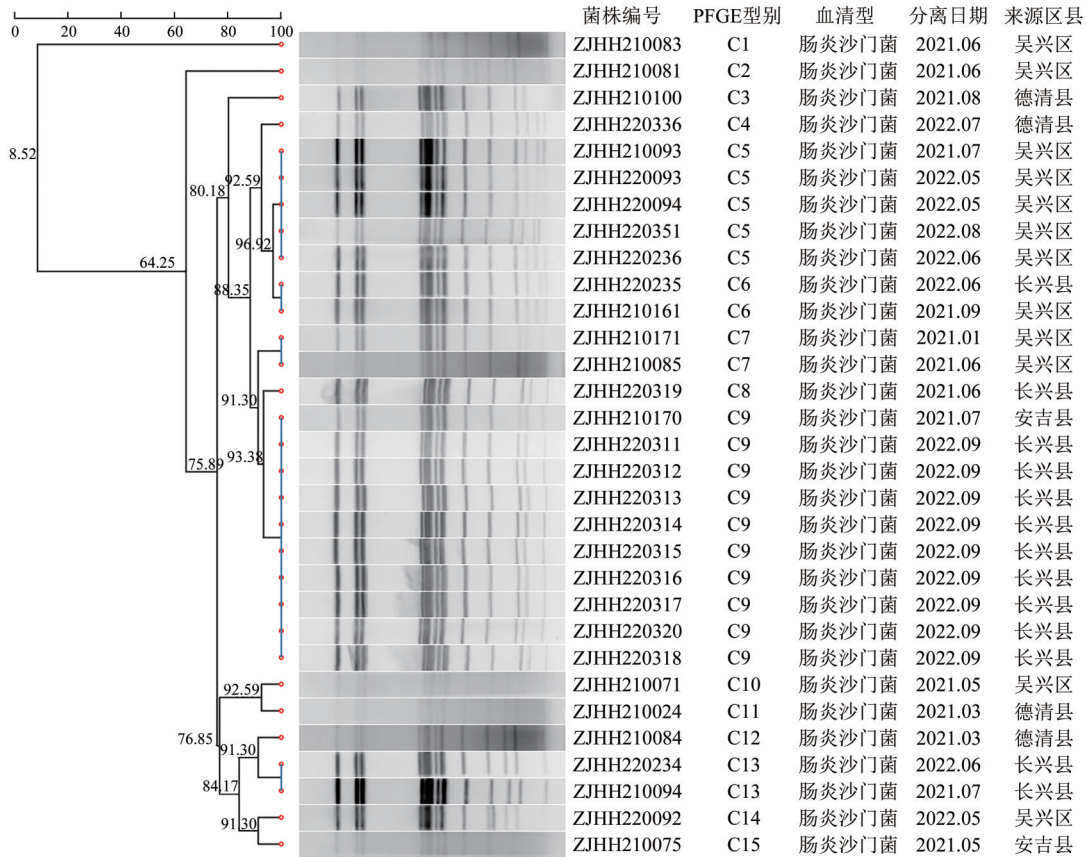


图4 分离自监测哨点医院感染性腹泻患者的肠炎沙门菌PFGE聚类分析图

Figure 4 PFGE cluster analysis of *Salmonella enteritidis* of diarrheal patients from sentinel hospitals

示了该血清型对本地人群健康的危害。

细菌耐药性是近年来医疗卫生机构面临的重大问题,本研究分别比较鼠伤寒沙门菌及单相变种、肠炎沙门菌及其他沙门菌对15种抗菌药物的耐药率,结果显示鼠伤寒沙门菌单相变种和鼠伤寒沙门菌对四环素、氨苄西林、磺胺甲噁唑耐药率较高,与文献[16]的研究结果相似,提示湖州地区对感染鼠伤寒沙门菌的腹泻患者已经不适宜用以上药物进行治疗,肠炎沙门菌对氨苄西林/舒巴坦的耐药率最高,其他沙门菌对四环素的耐药率最高,不同血清型沙门菌耐药不同抗菌药物,提示临床治疗沙门菌应谨慎经验用药。鼠伤寒沙门菌单相变种与鼠伤寒沙门菌有相似的抗原和基因特征,两者多重耐药率高,对青霉素类氨苄西林/舒巴坦、四环素类的四环素和磺胺类的磺胺甲噁唑抗菌药物耐药率较高,在临床治疗鼠伤寒沙门菌应谨慎经验用药。本研究显示沙门菌多重耐药较多,鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌的多重耐药率较其他血清型更高,与安徽、广东地区的情况类似^[17-19],发现其耐药谱日趋复杂,耐药种类也更加多样,79株对3种及以上抗生素耐药,占比62.7%,高于青岛^[20]、低于绍兴^[21],与湖州往年相关报道一致^[22],沙门菌多重耐药严重与临床过度治疗及抗菌药物的滥用密切相关

关,合理使用抗生素是监管、遏制耐药性传播和蔓延的重要环节;同时减少沙门菌耐药性的发生,应加强对沙门菌耐药的主动监测,规避引发耐药的相关因素。

PFGE是一种相对快速、准确、可靠的具有高分辨率和高重复性的分子分型方法,可以识别病原菌散发、暴发感染以及溯源感染来源,也是目前国家致病菌识别网所应用的常规技术之一^[23]。沙门菌引起的食源性疾病一般多为散发,通过PFGE技术,建立沙门菌的分子数据库,可以快速溯源食源性疾病暴发的传染源,及时阻止疾病传播,还可以明确不同地区不同年份沙门菌之间的遗传进化关系,掌握本地沙门菌优势分子型流行情况。相同的血清型其分子分型接近,但也并不完全一致。本研究显示,鼠伤寒沙门菌及变种型别多样,可能与菌株的来源不同有关,聚类分析发现鼠伤寒沙门菌单相变种相较鼠伤寒沙门菌的聚类簇更多相同克隆株。鼠伤寒沙门菌及单相变种、肠炎沙门菌均有成簇存在,其中有些簇、型别存在多次时间聚集,如鼠伤寒沙门菌S18、S41,肠炎沙门菌C5;有些甚至跨区、跨年度存在,如鼠伤寒沙门菌S39(食源性暴发事件)和肠炎沙门菌C6、C9(食源性暴发事件)、C13;在今后的防控中应及时溯源并进行流行病学调查。占

比较多的鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌虽然带型较多,但大部分同源性>85%,表明可能来源于同一祖先克隆株,尤其是几年一直出现的克隆群,提示其持续存在,为湖州地区优势克隆群。

综上所述,本研究发现人源沙门菌株存在优势克隆群,耐药状况严重,需建立科学有效的细菌耐药监测体系,加强对多重耐药菌株的持续监测,掌握本地优势分子型流行情况,重视流行病学统计分析,避免大规模暴发。

参考文献

- [1] ALZWGHAI B, YAHYARAEYAT R, FASAEI B N, et al. Rapid molecular identification and differentiation of common *Salmonella serovars* isolated from poultry, domestic animals and foodstuff using multiplex PCR assay[J]. Archives of Microbiology, 2018, 200(7): 1009-1016.
- [2] MAJOWICZ S E, MUSTO J, SCALLAN E, et al. The global burden of nontyphoidal *Salmonella gastroenteritis* [J]. Clinical Infectious Diseases, 2010, 50(6): 882-889.
- [3] Centers for Disease Control and Prevention. CDC estimates *Salmonella* bacteria cause about 1.35 million infections, 26, 500 hospitalizations, and 420 deaths in the United States every year. Food is the source for most of these illnesses [EB/OL]. [2021-09-10]. <https://www.cdc.gov/salmonella>.
- [4] 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.
- [5] 王炳发,曹春远,陈前进,等. 两起肠炎沙门菌所致食物中毒的病原学研究及溯源分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(1): 32-36.
WANG B F, CAO C Y, CHEN Q J, et al. An etiological survey and traceability analysis on two foodborne outbreak caused by *Salmonella enteritidis* [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2016, 28(1): 32-36.
- [6] 管红霞,肖勇,阙飒,等. 2016年江苏省江阴市一起伤寒疫情的实验室检测及溯源分析[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54(3): 323-326.
GUAN H X, XIAO Y, KAN B, et al. Laboratory testing and tracing analysis of a typhoid epidemic in Jiangyin city, Jiangsu province [J]. Chinese Journal of Prevention Medicine, 2020, 54(3): 323-326.
- [7] 李薇薇,王三桃,梁进军,等. 2013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, 2018, 30(3): 293-298.
LI W W, WANG S T, LIANG J J, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China Mainland in 2013 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2018, 30(3): 293-298.
- [8] 中国疾病预防控制中心. 国家致病微生物实验室监测技术手册(2022试用版)[M]. 北京: 中国疾病预防控制中心, 2022.
Chinese Center for Disease Control and Prevention. National Pathogenic bacteria Laboratory monitoring technical manual (2022 trial version) [M]. Beijing: Chinese Center for Disease Control And Prevention, 2022.
- [9] 方艳梅,杨春晓,张丽荣,等. 广东省珠海市两种常见沙门菌血清型的分子分型分析[J]. 疾病监测, 2018, 33(9): 718-723.
FANG Y M, YANG C X, ZHANG L R, et al. Molecular characteristics of two dominant serotypes *Salmonella* isolated in Zhuhai Guangdong [J]. Disease Surveillance, 2018, 33(9): 718-723.
- [10] 闻艳红,彭华,徐代庆,等. 2012—2016年北京市昌平区感染性腹泻病原菌检测结果分析[J]. 现代预防医学, 2017, 44(13): 2444-2447.
WEN Y H, PENG H, XU D Q, et al. Surveillance of infectious diarrhoea pathogens in Changping District, Beijing, 2012—2016 [J]. Modern Preventive Medicine, 2017, 44(13): 2444-2447.
- [11] 沙丹,李泓,管红霞,等. 无锡市腹泻病人沙门菌的病原学特征及分子分型研究[J]. 中国人兽共患学报, 2017, 33(4): 378-381.
SHA D, LI H, GUAN H X, et al. Pathogenic characteristics and molecular typing of *Salmonella* strains [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2017, 33(4): 378-381.
- [12] 沈隽卿,张月娟,袁国平,等. 2010—2014年上海市宝山区沙门菌监测分析及能力评估[J]. 疾病监测, 2016, 31(7): 546-553.
SHEN J Q, ZHANG Y J, YUAN G P, et al. Performance of *Salmonella* surveillance in Baoshan district, Shanghai [J]. Disease Surveillance, 2016, 31(7): 546-553.
- [13] 吴晓芳,徐德顺,纪蕾,等. 2018—2020年浙江省湖州市食源性疾病监测结果分析[J]. 疾病监测, 2021, 36(9): 958-962.
WU X F, XU D S, JI L, et al. Surveillance results of foodborne diseases in Huzhou, Zhejiang, 2018—2020 [J]. Disease Surveillance, 2021, 36(9): 958-962.
- [14] 何冬梅,柯碧霞,曾洪辉,等. 2015年广东省沙门菌监测及其耐药性分析[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2017, 37(8): 611-617.
HE D M, KE B X, ZENG H H, et al. Surveillance and drug resistance analysis of *Salmonella* in Guangdong province in 2015 [J]. Chinese Journal of Microbiology and Immunology, 2017, 37(8): 611-617.
- [15] 袁士杰,张建群,黄邵军. 2014—2018年浙江省余姚市非伤寒沙门菌监测及其耐药谱分析[J]. 疾病监测, 2019, 34(8): 725-730.
YUAN S J, ZHANG J Q, HUANG S J, et al. Surveillance and drug resistance analysis of non-typhoid *Salmonella* in Yuyao, Zhejiang, 2014—2018 [J]. Disease Surveillance, 2019, 34(8): 725-730.
- [16] 李宏杰,陈志杭,叶斌,等. 食源性相关腹泻肠炎沙门菌感染抗菌药物敏感性[J]. 中国微生态学杂志, 2018, 30(9): 1037-1040, 1046.
LI H J, CHEN Z H, YE B, et al. The anti microbial susceptibility of *Salmonella enteritis* in foodborne diarrhea [J]. Chinese Journal of Microecology, 2018, 30(9): 1037-1040, 1046.
- [17] 栗薇薇,陈晴晴,张竹慧,等. 安徽省149例腹泻病例中的分离沙门菌耐药谱及耐药基因分析[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54(2): 187-191.

- LI W W, CHEN Q Q, ZHANG Z H, et al. Analysis of drug resistance pattern and genes of *Salmonella*. spp isolated from human infections in Anhui Province [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2020, 54(2): 187-191.
- [18] 龙冬玲, 闫梅英, 崔志刚, 等. 2012—2016年深圳4家医院感染性腹泻来源非伤寒沙门菌耐药研究[J]. 中华预防医学杂志, 2017, 51(12): 1118-1121.
- LONG D L, YAN M Y, CUI Z G, et al. Antimicrobial resistance research of nontyphoidal *Salmonella enteric* infections in four hospitals in Shenzhen, 2012—2016 [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2017, 51(12): 1118-1121.
- [19] 张晶, 张欣强, 侯水平, 等. 广州市566株腹泻病例沙门菌的血清型分布及耐药性分析[J]. 实用预防医学, 2016, 23(5): 616-617, 623.
- ZHANG J, ZHANG X Q, HOU S P, et al. Serotype distribution and antibiotic resistance of 566 strains of *Salmonella* isolated from diarrhea cases in Guangzhou City [J]. Practical Preventive Medicine, 2016, 23(5): 616-617, 623.
- [20] 郭凯, 刘晓琳, 王伟栋, 等. 2014—2018年山东省青岛市腹泻病例中沙门菌分子分型及耐药分析[J]. 疾病监测, 2020, 35(4): 345-349.
- GUO K, LIU X L, WANG W D, et al. Molecular typing and drug resistance of *Salmonella* in diarrhea cases in Qingdao, Shandong, 2014—2018 [J]. Disease Surveillance, 2020, 35(4): 345-349.
- [21] 张琴超, 陈金堃, 陈吉铭, 等. 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[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 542-548.
- ZHANG Q C, CHEN J K, CHEN J M, et al. Analysis of molecular type and antimicrobial resistance of clinical strains of *Salmonella* in Shaoxing, 2017—2019 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 542-548.
- [22] 严伟, 查赈峰, 纪蕾, 等. 2018—2020年湖州市食源性疾病患者感染沙门菌耐药与分子分型研究[J]. 中国预防医学杂志, 2022, 23(8): 622-627.
- YAN W, CHA J F, JI L, et al. Drug resistance and molecular typing of *Salmonella* in patients with foodborne diseases in Huzhou of Zhejiang in 2018—2020 [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2022, 23(8): 622-627.
- [23] FADLALLAH S M, SHEHAB M, CHEAITO K, et al. PulseNet Lebanon: An overview of its activities, outbreak investigations, and challenges [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2019, 16(7): 498-503.

《中国食品卫生杂志》投稿须知

《中国食品卫生杂志》是中华预防医学会、中国卫生信息与健康医疗大数据学会共同主办的国家级食品卫生学术期刊,为中文核心期刊、中国科技核心期刊。《中国食品卫生杂志》的办刊方针是普及与提高并重。设专家述评、论著、研究报告、实验技术与方法、监督管理、调查研究、风险监测、风险评估、食品安全标准、食物中毒、综述等栏目。《中国食品卫生杂志》既报道食品安全领域的重大科研成果,也交流产生、发现于实际工作的研究结论;既涉足实验室,又深入监督管理现场;全方位报道国内外食品安全的政策、理论、实践、动态。

1 投稿的基本要求

文稿应具有创新性、科学性、实用性,文字精练,数据准确,逻辑性强。文章一般不超过5000字,如遇特殊情况请与编辑部联系。投稿时邮寄单位推荐信,介绍该文的作者、单位,文章的真实性,是否一稿两投,是否属于机密,是否受各类基金资助。如为基金资助项目,应附带资助的合同文本封面和课题参加者名单页复印件或获奖证书复印件。

2 文稿中应注意的问题

投稿前最好先阅读本刊,以便对本刊有基本的了解。尤其要注意以下问题。

2.1 作者和单位的中英文名字、所在地、邮编分别列于中英文题目之下,单位的英文名称应是系统内认可的、符合规范的。

2.2 个人署名作者在2人(含2人)以上以及集体作者,应指定一位通信作者(corresponding author)。第一作者及通信作者应有简短的中文自传:姓名、性别、学位、职称、主攻研究方向,放在文稿第一页的左下方。副高职称以上的作者应有亲笔签名。

2.3 受资助的情况(资助单位、项目名称、合同号)用中英文分别列于文稿左下方。

2.4 所有稿件都应有中英文摘要。一般科技论文的摘要包括:目的、方法、结果、结论。作者应能使读者通过阅读摘要就能掌握该文的主要内容或数据。为便于国际读者检索并了解文章的基本信息,英文摘要应比中文摘要更详细。

2.5 每篇文章应标注中英文关键词各3~8个。

2.6 缩略语、简称、代号除了相邻专业的读者清楚的以外,在首次出现处必须写出全称并注明以下所用的简称。如新术语尚无合适的中文术语译名可使用原文或译名后加括号注明原文。

2.7 用于表示科学计量和具有统计意义的数字要使用阿拉伯数字。

2.8 研究对象为人时,须注明试验组、对照组受试者的来源、选择标准及一般情况等。研究对象为试验动物时需注明动物的名称、种系、等级、数量、来源、性别、年龄、体重、饲养条件和健康状况等。动物试验和人体试验均需伦理审查文件。