

研究报告

辽宁省市售禽肉中沙门氏菌的污染状况及其 MLST 分型与耐药性分析

于淼, 耿英芝, 张铭琰, 刘海霞, 张眉眉*

辽宁省疾病预防控制中心, 辽宁 沈阳 110172

于淼, 耿英芝, 张铭琰, 刘海霞, 张眉眉. 辽宁省市售禽肉中沙门氏菌的污染状况及其 MLST 分型与耐药性分析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(7): 2486-2493.

YU Miao, GENG Yingzhi, ZHANG Mingyan, LIU Haixia, ZHANG Meimei. Contamination status, multilocus sequence typing, and drug resistance of *Salmonella* in poultry meat in Liaoning Province[J]. Microbiology China, 2024, 51(7): 2486-2493.

摘要:【背景】沙门氏菌(*Salmonella*)是重要的人畜共患病原菌, 可通过禽类及其产品传播给人类, 对人类健康造成威胁。了解市售禽肉中沙门氏菌病原学特征及耐药情况, 对公共卫生具有重要意义。【目的】了解 2022 年辽宁省市售禽肉中沙门氏菌的污染状况、血清型分布、药物敏感性及其分子流行特征情况, 探讨不同血清型与多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)、耐药性之间的关系。【方法】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》检验方法对收集的样品进行检测及生化实验鉴定, 采用玻片凝集法进行血清学实验, 用微量肉汤法对菌株进行药物敏感性试验, 使用 BioNumerics 7.6 软件对药敏结果、MLST 分型结果进行分析。【结果】53 株沙门氏菌包含 11 种血清型, 以肠炎沙门氏菌(*Salmonella enteritidis*)为主。药物敏感性分析中, 沙门氏菌对萘啶酸(nalidixic acid, NAL)的耐药率最高, 为 92.5% (49/53), 共发现有 25 种多重耐药谱, 总耐药率为 66.0% (35/53), 在耐药基因分析中, 四环素类耐药基因 *tetC* 携带率最高为 45.3% (24/53)。根据 7 种管家基因的序列沙门氏菌被分为 10 个 ST 型别和 1 个未分型型别。【结论】辽宁省市售禽肉沙门氏菌的污染率较为严重, 血清型多样化, 整体耐药水平较高, 多重耐药情况严重, 应加强对禽类规范化养殖。

关键词: 禽肉; 沙门氏菌; MLST; 耐药性; 耐药基因

*Corresponding author. E-mail: lnspxjcwsw@163.com

Received: 2023-11-14; Accepted: 2023-12-27; Published online: 2024-03-28

Contamination status, multilocus sequence typing, and drug resistance of *Salmonella* in poultry meat in Liaoning Province

YU Miao, GENG Yingzhi, ZHANG Mingyan, LIU Haixia, ZHANG Meimei*

Liaoning Center for Disease Prevention and Control, Shenyang 110172, Liaoning, China

Abstract: [Background] *Salmonella* is a major group of zoonosis pathogens that can be transmitted to humans through poultry and its products, posing a threat to human health. It is important for public health to understand the pathogenic characteristics and drug resistance of *Salmonella* in poultry meat. [Objective] To investigate the contamination status, serotype distribution, drug sensitivity, and molecular epidemic characteristics of *Salmonella* in poultry meat sold in Liaoning Province in 2022, and to explore the relationship between different serotypes, multilocus sequence typing (MLST) results, and drug resistance. [Methods] The collected samples were tested according to the method in the National Standard for Food Safety: Microbiology Inspection of *Salmonella* (GB 4789.4—2016), and the strains were identified by biochemical tests. The slide agglutination method was used for the serological test, and the micro-broth method was employed to examine the drug sensitivity of the strains. BioNumerics 7.6 was used to analyze the results of drug sensitivity tests and MLST. [Results] The 53 *Salmonella* strains belonged to 11 serotypes, mainly *S. enteritidis*. The resistance rate of *Salmonella* to nalidixic acid (NAL) was the highest, 92.5% (49/53). A total of 25 multiple drug resistance spectra were identified, and the total resistance rate was 66.0% (35/53). Among the drug resistance genes, the tetracycline resistance gene *tetC* showed the highest carrying rate of 45.3% (24/53). The strains of *Salmonella* were classified into 10 sequence types (STs) and 1 unclassified type according to the sequences of 7 housekeeping genes. [Conclusion] The *Salmonella* in poultry meat sold in Liaoning Province demonstrates serious contamination, with diverse serotypes, high overall drug resistance, and serious multidrug resistance. Efforts should be doubled for the standardization of poultry breeding.

Keywords: poultry meat; *Salmonella*; multilocus sequence typing (MLST); drug resistance; drug resistance gene

沙门氏菌是一种重要的人畜共患病病原菌和食源性病原菌，是危害养殖业和人类健康的主要病原菌之一。沙门氏菌血清型众多，不同血清型致病性及耐药性有一定差异。近年来由于抗菌药物在养殖业的广泛和不合理使用，使得沙门氏菌耐药水平逐年上升，且耐药谱也不断发生变化，沙门氏菌已诱发多种耐药机制^[1]。因此，研究我国禽源沙门氏菌的血清型及耐药

性变化趋势，对我国开展沙门氏菌流行病学研究有重要意义。近几年全基因组测序技术迅猛发展，采用该技术可以简单、高效地筛选耐药基因并研究细菌的耐药性能力。

本研究调查辽宁省 2022 年市售禽肉中分离出的沙门氏菌污染状况及血清型分布、多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)和耐药状况，明确我省市售禽肉中沙门氏菌的优势

血清型、耐药性及耐药基因携带情况,以期为我省禽源沙门氏菌的流行病学、耐药性研究及全基因组测序分析技术的应用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 样品

2022 年采集辽宁省内市售禽肉(包括沈阳市 40 份、抚顺市 20 份、本溪市 20 份、铁岭市 20 份、阜新市 20 份、鞍山市 15 份、锦州市 15 份)共计 150 份样品,分离出 53 株沙门氏菌,其中包括 103 份生鲜禽肉分离出 38 株沙门氏菌和 47 份调理禽肉制品(生肉添加调味料)分离出 15 株沙门氏菌。药敏试验质控菌株选用大肠埃希菌 ATCC 25922,保藏于辽宁省疾病预防控制中心微生物实验室。

1.1.2 主要试剂和仪器

沙门氏菌诊断血清,广州健仑生物科技有限公司;革兰阴性需氧菌药敏测试板,海口星佰科技有限公司;GN 生化鉴定卡,生物梅里埃公司;细菌 DNA 提取试剂盒(磁珠法),江苏硕世生物科技股份有限公司。VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定系统和麦氏比浊计,生物梅里埃公司;全自动核酸提取仪,江苏硕世生物科技股份有限公司。

1.1.3 培养基

沙门氏菌科玛嘉显色培养基,上海欣中生物有限公司;药敏接种培养液(纯水 1 000 mL,营养肉汤培养基干粉 21 g,氧化钙 61.05 mg,氯化镁 43.54 mg),复星诊断科技有限公司。

1.2 方法

1.2.1 菌株复核及血清学鉴定

将各市检出的 53 株沙门氏菌株进行复核检验。所有菌株经沙门氏菌显色平板初步鉴定,后经 VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定仪最终

鉴定为沙门氏菌。采用玻片凝集法,根据国家标准 GB 4789.4—2016^[2]和沙门氏菌诊断血清说明书,对沙门氏菌株进行 O 相凝集反应和 H 相血清诱导分型,参照 Kauffman-White 沙门氏抗原表鉴定沙门氏菌血清型。

1.2.2 药物敏感性试验

采用微量肉汤稀释法测定最小抑菌浓度(MIC),实验用 10 类 14 种抗微生物药物包括氨苄西林(ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin-Sulbactam, AMS)、头孢西丁(cefotaxime, CFX)、头孢唑啉(cefazolin, CFZ)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、四环素(tetracycline, TET)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、萘啶酸(nalidixic acid, NAL)、复方磺胺(compound sulfamethoxazole, SXT)、多黏菌素 E (polymyxin E, CT)、头孢他啶/阿维巴坦(ceftazidime and avibactam sodium, CZA)和亚胺培南(imipenem, IPM)。将备检菌株经 2 次传代培养后,制作 0.5 麦氏浊度菌悬液,取 60 μ L 加入含有 12 mL 药敏接种培养液的加样槽中,充分混匀,随后用 8 通道微量移液器依次取 100 μ L 稀释菌液加入到除阴性对照孔外的 95 孔药敏板中,阴性对照孔加无菌肉汤培养液 100 μ L,将接种后的药敏板放置于 36 $^{\circ}$ C 温箱培养 16–18 h,实验结果参照美国临床和实验室标准化委员会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)^[3]制定的药敏试验执行标准进行判定。

1.2.3 全基因组测序及分析

将沙门氏菌阳性菌株提取的核酸送至北京诺禾致源生物信息科技有限公司进行二代全基因组测序。将测序结果(ScienceDB 数据库,DOI: 10.57760/sciencedb.09123)与 <https://sppt.cfsa.net.cn:8207/bacsys/software> 网站数据库进行比对分析,分析后得到菌株相应的 ST 型别及相应的耐

药基因, 将全基因组序列导入 BioNumerics 7.6 软件构建最小生成树。

2 结果与分析

2.1 市售禽肉中沙门氏菌的污染状况

2022 年共采集并检测来自辽宁省内市售禽肉 150 份样品, 其中 53 份检出沙门氏菌, 阳性率为 35.3% (53/150), 本溪市检出率最高为 35.8% (19/53), 铁岭市检出率为 17.0% (9/53), 沈阳市检出率为 15.1% (8/53), 鞍山市、锦州市、抚顺市检出率均为 9.4% (各 5/53), 阜新市检出率为 3.8% (2/53)。

2.2 血清型分布

本研究中 53 株沙门氏菌分属 11 个血清型, 其中肠炎沙门氏菌(*Salmonella enteritidis*)检出率最高为 58.5% (31/53), 其他血清型按占比由高到低依次为肯塔基沙门氏菌(*Salmonella Kentucky*) (17.0%, 9/53)、印第安纳沙门氏菌(*Salmonella Indiana*) (7.5%, 4/53)、鼠伤寒沙门

氏菌(*Salmonella typhimurium*) (3.8%, 2/53)、波茨坦沙门氏菌(*Salmonella Potsdam*) (1.9%, 1/53)、婴儿沙门氏菌(*Salmonella infantis*) (1.9%, 1/53)、萨奥沙门氏菌(*Salmonella Sao*) (1.9%, 1/53)、门登沙门氏菌(*Salmonella Menden*) (1.9%, 1/53)、阿贡纳沙门氏菌(*Salmonella Agona*) (1.9%, 1/53)、里定沙门氏菌(*Salmonella Reading*) (1.9%, 1/53)、布伦登卢普沙门氏菌(*Salmonella Brendonlup*) (1.9%, 1/53)。

2.3 药敏试验结果

对 53 株沙门氏菌进行 14 种抗微生物药物耐药试验, 结果显示, 沙门氏菌对萘啶酸(NAL)、氨苄西林(AMP)、四环素(TET)的耐药率较高, 分别为 92.5% (49/53)、71.7% (38/53)、45.3% (24/53), 对亚胺培南(IPM)的耐药率为 0.0% (表 1)。仅有 1 株沙门氏菌对所有测试药物均敏感。有 35 株沙门氏菌分离株耐 3 种及 3 种以上药物, 共产生 25 种多重耐药谱, 总耐药率为 66.0% (35/53), 其中 1 株沙门氏菌最多, 具有 12 种药物抗性。

表 1 53 株沙门氏菌对 14 种抗菌药物的耐药情况

Table 1 Antimicrobial resistance of 53 *Salmonella* strains to 14 antimicrobial agents

药物名称 Antimicrobial agent	耐药 Resistance		中介 Intermediation		敏感 Susceptibility	
	菌株数 Number of strains	耐药率 Drug resistance rate (%)	菌株数 Number of strains	中介率 Intermediate rate (%)	菌株数 Number of strains	敏感率 Sensitive rate (%)
氨苄西林 AMP	38	71.7	0	0.0	15	28.3
头孢他啶/阿维巴坦 CAZ	10	18.9	1	1.9	42	79.2
氨苄西林/舒巴坦 AMS	12	22.6	22	41.5	19	35.9
亚胺培南 IPM	0	0.0	0	0.0	53	100.0
四环素 TET	24	45.3	1	1.9	28	52.8
萘啶酸 NAL	49	92.5	0	0.0	4	7.5
头孢西丁 CFX	1	1.9	8	15.1	44	83.0
氯霉素 CHL	16	30.1	1	1.9	36	68.0
头孢噻肟 CTX	18	34.0	0	0.0	35	66.0
头孢唑啉 CFZ	19	35.8	11	20.8	23	43.4
庆大霉素 GEN	14	26.4	1	1.9	38	71.7
多黏菌素 E CT	11	20.8	0	0.0	42	79.2
环丙沙星 CIP	14	26.4	25	47.2	14	26.4
复方磺胺 SXT	21	39.6	0	0.0	32	60.4

2.4 MLST 分型结果

基于全基因组测序结果, 53 株沙门氏菌根据 7 种管家基因的序列被分为 10 个 ST 型别, 分别为 ST11 (58.5%, 31/53)、ST198 (17.0%, 9/53)、ST17 (7.5%, 4/53)、ST19 (3.8%, 2/53)、ST2039 (1.9%, 1/53)、ST32 (1.9%, 1/53)、ST413 (1.9%, 1/53)、ST13 (1.9%, 1/53)、ST321 (1.9%, 1/53) 和 ST22 (1.9%, 1/53), 1 株菌为未分型菌株。将全基因组序列导入 BioNumerics 7.6 软件构建最小生成树(图 1)。

2.5 沙门氏菌耐药基因检测结果

53 株沙门氏菌对耐药基因的携带率见表 2。经全基因组测序分析出 7 类 24 种耐药基因, 包

括 5 种氨基糖苷类耐药基因[*aac(3)-IId*, *StrB*, *aac(3)-IVa*, *aac(6')-Iaa*, *aph(3')-Ia*], 3 种 β -内酰胺类耐药基因(*bla_{TEM-1B}*, *bla_{OXA-1}*, *TEM*), 3 种苯丙醇类耐药基因(*catB*, *floR*, *cmlA1*), 2 种四环素类耐药基因(*tetA*, *tetC*), 4 种喹诺酮类耐药基因[*oqxA*, *oqxB*, *qnrS1*, *aac(6')-Ib-cr*], 3 种磺胺类耐药基因[*Sul1*, *Sul2*, *Sul3*], 4 种青霉素类耐药基因(*bla_{TEM-141}*, *bla_{TEM-1B}*, *bla_{CTX-M-55}*, *bla_{OXA-1}*)。其中 *tetC* 携带率最高为 45.3% (24/53), 其次为 *tetA* 携带率为 41.5% (22/53), 携带率最低的耐药基因为 *cmlA1*, 仅有 1 株占比 1.9% (1/53)。7 类抗生素耐药表型和耐药基因型的符合率为 66.7%–100%, 四环素类符合率为 100%。

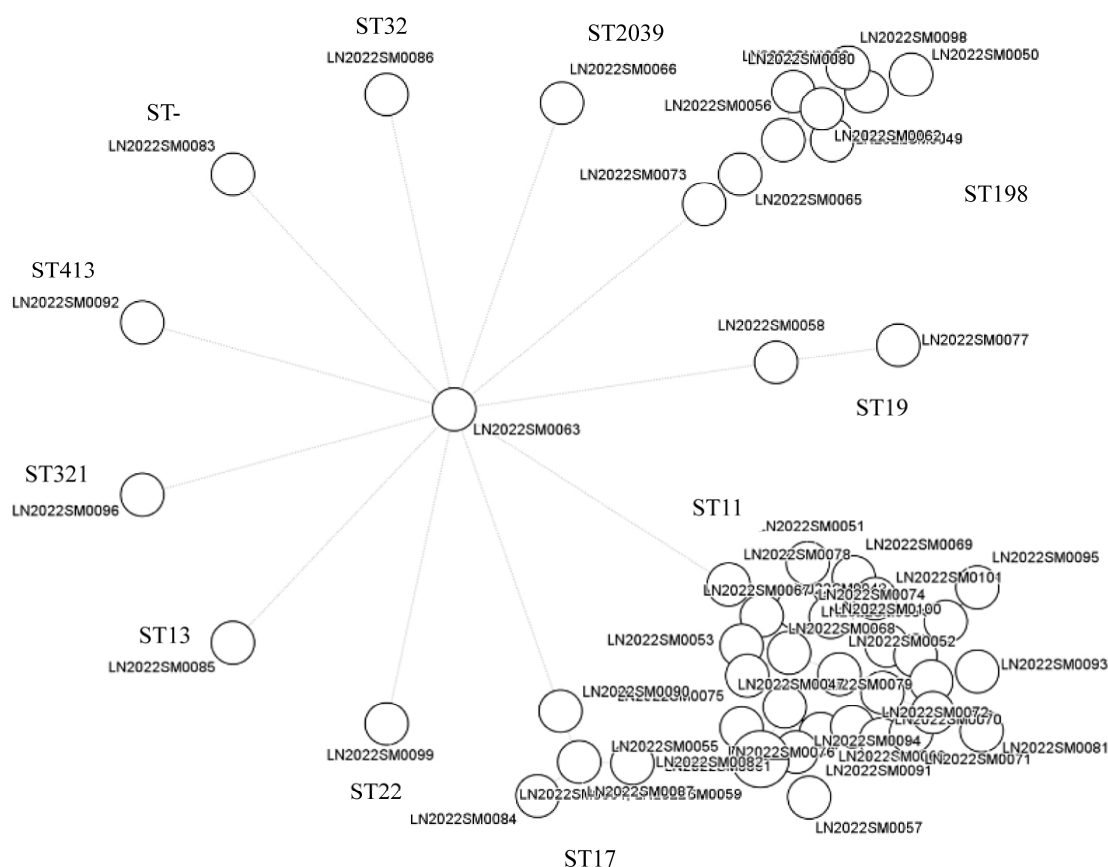


图 1 53 株沙门氏菌的最小生成树

Figure 1 Minimum spanning trees of 53 *Salmonella* strains.

表 2 53 株沙门氏菌对耐药基因携带情况

Table 2 Drug resistance genes carried by 53 *Salmonella* strains

抗生素类别 Antibiotics category	耐药基因 Drug resistance gene	数量 Number of strains	携带率 Carrier rate (%)
氨基糖苷类 Aminoglycosides	<i>aac(3)-IId</i>	9	17.0
	<i>StrB</i>	16	30.2
	<i>aac(3)-IVa</i>	4	7.5
	<i>aac(6')-Iaa</i>	14	26.4
β-内酰胺类 β-lactams	<i>aph(3')-Ia</i>	12	22.6
	<i>bla_{TEM-1B}</i>	7	13.2
	<i>bla_{OXA-1}</i>	4	7.5
	<i>TEM</i>	18	34.0
苯丙醇类 Phenicol	<i>catB</i>	3	5.7
	<i>floR</i>	15	28.3
	<i>cmlA1</i>	1	1.9
四环素类 Tetracycline	<i>tetA</i>	22	41.5
	<i>tetC</i>	24	45.3
喹诺酮类 Quinolone	<i>oqxA</i>	2	3.8
	<i>oqxB</i>	2	3.8
	<i>qnrS1</i>	6	11.3
	<i>aac(6')-Ib-cr</i>	5	9.4
磺胺类 Sulfonamides	<i>Sul1</i>	14	26.4
	<i>Sul2</i>	16	30.2
	<i>Sul3</i>	2	3.8
青霉素类 Penicillin	<i>bla_{TEM-141}</i>	21	39.6
	<i>bla_{TEM-1B}</i>	7	13.2
	<i>bla_{CTX-M-55}</i>	18	34.0
	<i>bla_{OXA-1}</i>	4	7.5

2.6 相关性分析

2.6.1 血清型与 ST 型相关性分析

53 株沙门氏菌包括 11 种血清型, 分别对应 10 种 ST 型(表 3), 其中萨奥沙门氏菌对应的 ST 型未进一步分型。

2.6.2 血清型和耐药性相关性分析

本研究的 53 株沙门氏菌耐药结果显示, 血清型与耐药性存在一定关联。萨奥沙门氏菌对所试抗生素均敏感; 检出的 9 株肯塔基沙门氏菌多重耐药谱为 6 重到 11 重, 其中耐 10 种抗生素菌株占比最多为 55.6% (5/9), 对 AMP、GEN、NAL 这 3 种抗生素耐药率均为 100% (9/9), 耐

表 3 53 株沙门氏菌血清型百分比构成和 ST 型分布

Table 3 Distribution of serotypes and STs of 53 *Salmonella* strains

血清型 Serotype	菌株数量 Number of strains (%)	ST 型 ST type
肠炎沙门氏菌 <i>Salmonella enteritidis</i>	31 (58.5)	ST11
肯塔基沙门氏菌 <i>Salmonella Kentucky</i>	9 (17.0)	ST198
印第安纳沙门氏菌 <i>Salmonella Indiana</i>	4 (7.5)	ST17
鼠伤寒沙门氏菌 <i>Salmonella typhimurium</i>	2 (3.8)	ST19
波茨坦沙门氏菌 <i>Salmonella Potsdam</i>	1 (1.9)	ST2039
婴儿沙门氏菌 <i>Salmonella infantis</i>	1 (1.9)	ST32
门登沙门氏菌 <i>Salmonella Menden</i>	1 (1.9)	ST413
阿贡纳沙门氏菌 <i>Salmonella Agona</i>	1 (1.9)	ST13
里定沙门氏菌 <i>Salmonella Reading</i>	1 (1.9)	ST321
布伦登卢普沙门氏菌 <i>Salmonella Brendonlup</i>	1 (1.9)	ST22
萨奥沙门氏菌 <i>Salmonella Sao</i>	1 (1.9)	ST-

药状况最为严重; 肠炎沙门氏菌对 NAL 耐药率为 100% (31/31)。

3 讨论与结论

本研究显示, 2022 年辽宁省内市售禽肉总检出率为 35.3% (53/150)。傅伟欣等^[4]报道显示 2020 年福建禽肉中沙门氏菌检出率为 22.5%; 胡凤清等^[5]报道显示南平市生禽肉沙门氏菌检出率为 31.0%; 陈培超等^[6]报道显示 2019–2020 年上海市嘉定区禽肉沙门氏菌检出率为 20.5%; 于明明等^[7]报道了 2019 年潍坊市生禽肉沙门氏菌检出率为 16.4%。综上数据显示, 辽宁省市售生禽肉中沙门氏菌的污染处于较高水平, 可进一步研究生禽的饲养、屠宰及禽肉的加工、流通、售卖环节过程中存在的问题, 有利于发现降低禽肉中沙门氏菌污染的方法。

沙门氏菌血清型分布广泛, 种类繁多。本研究的 53 株沙门氏菌经血清鉴定分析共得到 11 个血清型, 其中以肠炎沙门氏菌为优势血清型。这

与赵建梅等^[8]报道的肠炎沙门氏菌是我国部分地区禽源沙门氏菌的优势血清型基本一致,也与陈晓晖等^[9]报道的北京地区肠炎沙门氏菌大多属于鸡源基本一致。由此可知,我国禽类中沙门氏菌流行的血清型多以肠炎沙门氏菌为主。本研究结果表明血清型与 ST 型具有较强的相关性,每种血清型对应一种 ST 型,这一结果与曲梅等^[10]的研究结果基本一致。因此,MLST 方法可用于食品、动物或人群中沙门氏菌的血清型预测。

本研究选取 10 类 14 种抗生素进行耐药实验,结果显示,沙门氏菌中共产生 25 种多重耐药谱,整体耐药率为 66.0% (35/53),菌株均有不同程度耐药,一些菌株多重耐药问题严重,说明辽宁省地区市售禽肉中沙门氏菌耐药情况不容乐观。其中萘啶酸耐药率最高为 92.5% (49/53)、氨苄西林耐药次之为 71.7% (38/53),这与广东省广州市鸡源沙门氏菌对萘啶酸和氨苄西林耐药率结果相似^[11],也与李兵兵等^[12]、李欣等^[13]结果相似。沙门氏菌感染临床推荐用药为喹诺酮类和三代头孢类^[14],但本研究中对一代喹诺酮类耐药为 92.5% (49/53),三代喹诺酮类耐药率为 26.4% (14/53),中介率也达 47.2% (25/53),提示本地区临床用药慎重选用喹诺酮类药物。最敏感药物为亚胺培南,耐药率为 0,这与多地区研究结果相似^[6,15],分析原因可能与其在体内稳定性差,很少用于养殖业有关。多黏菌素已在 2018 年被禁止用于动物饲料添加剂,但本次研究中多黏菌素耐药率为 20.8% (11/53),提示多地区还要加强对饲料添加剂的监管。

耐药基因是细菌产生耐药性的机制之一,本研究的 53 株分离株中,经全基因组测序结果分析到氨基糖苷类、 β -内酰胺类、苯丙醇类、四环素类、喹诺酮类、磺胺类、青霉素类 7 类抗生素耐药基因,其优势耐药基因分别为 *StrB*、*TEM*、*flaR*、*tetC*、*qnrS1*、*Sul2*、*blaTEM-141*。

七类耐药基因检出情况与耐药表型除喹诺酮类的符合率都在 66.7%–100%,其中四环素的符合率最高为 100%,说明耐药表型与耐药基因型存在密切关系,但又存在差异。喹诺酮类抗生素中萘啶酸表型耐药检出 49 株,基因耐药仅检出 11 株,分析其原因耐药表型的形成是一个复杂过程,是多因素多途径共同作用的结果^[10]。

综上所述,2022 年辽宁省市售禽肉中沙门氏菌呈现出检出率高、血清型分布广泛、耐药问题严重的现象。本实验采用常规检测方法和全基因组测序分析方法对辽宁省内市售禽肉沙门氏菌耐药性进行分析研究,各耐药基因在沙门氏菌中的表达及作用机制还需要进一步研究。耐药问题应引起各部门高度重视,加强卫生监督的同时规范抗生素使用并采取防范措施,以减少食源性沙门氏菌的耐药性,保障食品安全。

REFERENCES

- [1] 张珍,施开创,王孝德,黎宗强,尹彦文,屈素洁,陆文俊. 2015–2017 年广西鸡源沙门氏菌耐药性与致病性的相关性分析[J]. 南方农业学报, 2019, 50(10): 2350–2358.
ZHANG Z, SHI KC, WANG XD, LI ZQ, YIN YW, QU SJ, LU WJ. Correlation between antimicrobial resistance and pathogenicity of *Salmonella* from chicken in Guangxi during 2015–2017[J]. Journal of Southern Agriculture, 2019, 50(10): 2350–2358 (in Chinese).
- [2] 国家卫生和计划生育委员会,国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验: GB 4789.4—2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017.
National Health and Family Planning Commission of THE P.R.C., State Food and Drug Administration. National food safety standard-Food microbiological examination. *Salmonella* Test: GB 4789.4—2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017 (in Chinese).
- [3] Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing-30th Edition: CLSI M100-Ed30[S]. Clinical And Laboratory Standards Institute, 2018.
- [4] 傅伟欣,李闽真,洪锦春,郑盈翔,陈伟伟. 2020 年福建省生禽肉中沙门菌污染状况及病原学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 587–590.

- FU YX, LI MZ, HONG JC, ZHENG YX, CHEN WW. Analysis of *Salmonella* contamination and pathogenic characteristics in raw poultry meat in Fujian Province in 2020[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 587-590 (in Chinese).
- [5] 胡凤清, 叶素贞, 饶晓虹, 徐赫谦, 吴春敏. 南平市零售生禽肉中沙门菌检出率、耐药性与分子特征分析[J]. 海峡预防医学杂志, 2022, 28(3): 44-47.
- [6] 陈培超, 黄强, 孙攀, 董玉婷, 彭谦. 2019–2020 年上海市嘉定区市售禽肉中沙门氏菌耐药性分析[J]. 上海预防医学, 2022, 34(5): 411-416.
- CHEN PC, HUANG Q, SUN P, DONG YT, PENG Q. Analysis of *Salmonella* drug resistance in poultry sold in Jiading District from 2019 to 2020[J]. Shanghai Journal of Preventive Medicine, 2022, 34(5): 411-416 (in Chinese).
- [7] 于明明, 汪忆梦, 刘德辉, 王晓威. 潍坊市市售生禽(畜)肉中空肠弯曲菌和沙门菌污染状况调查[J]. 社区医学杂志, 2022, 20(1): 6-9.
- YU MM, WANG YM, LIU DH, WANG XW. Investigation on *Campylobacter jejuni* and *Salmonella* contamination in raw poultry and livestock meat sold in Weifang City[J]. Journal of Community Medicine, 2022, 20(1): 6-9 (in Chinese).
- [8] 赵建梅, 李月华, 张青青, 赵格, 王娟, 刘娜, 黄秀梅, 王君玮, 曲志娜. 2008–2017 年我国部分地区禽源沙门氏菌流行状况及耐药分析[J]. 中国动物检疫, 2019, 36(8): 27-35.
- ZHAO JM, LI YH, ZHANG QQ, ZHAO G, WANG J, LIU N, HUANG XM, WANG JW, QU ZN. Analysis on the prevalence and antimicrobial resistance of poultry *Salmonella* in some regions of China during 2008 to 2017[J]. China Animal Health Inspection, 2019, 36(8): 27-35 (in Chinese).
- [9] 畅晓晖, 张捷, 亓合媛, 石嵩, 杨向莹, 杨磊, 赵琢, 李小林, 史文聿, 孙清岚, 马俊才, 陈广全. 北京地区肉类中沙门氏菌全基因组分型及耐药分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(3): 783-791.
- CHANG XH, ZHANG J, QI HY, SHI S, YANG XY, YANG L, ZHAO Z, LI XL, SHI WY, SUN QL, MA JC, CHEN GQ. Genotyping and drug resistance analysis of *Salmonella* in meat in Beijing[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(3): 783-791 (in Chinese).
- [10] 曲梅, 田祎, 黄英, 张新, 贾蕾, 吕冰, 张代涛. 2018–2021 年北京市沙门氏菌血清型及喹诺酮类耐药表型和基因型分析[J]. 现代预防医学, 2022, 49(13): 2413-2419.
- QU M, TIAN Y, HUANG Y, ZHANG X, JIA L, LÜ B, ZHANG DT. Serotypes and quinolone resistant phenotypes and genotypes of *Salmonella* strain in Beijing, 2018–2021[J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(13): 2413-2419 (in Chinese).
- [11] 朱坤鹏, 向莹, 邱少富, 杨海燕, 杜昕颖. 2018 年广东省广州市鸡源和猪源鼠伤寒沙门菌耐药性及分子特征分析[J]. 疾病监测, 2023, 38(5): 567-573.
- ZHU KP, XIANG Y, QIU SF, YANG HY, DU XY. Antibiotic resistance and molecular characteristics of *Salmonella* Typhimurium isolated from chicken and pork in Guangzhou, Guangdong Province in 2018[J]. Disease Surveillance, 2023, 38(5): 567-573 (in Chinese).
- [12] 李兵兵, 刘纯成, 刘靓, 李双姝, 范乃来, 侯海燕, 金晶, 邢亚东. 2015–2016 年淮安市售禽畜肉中沙门菌污染及其病原学特征[J]. 卫生研究, 2018, 47(2): 260-265, 300.
- LI BB, LIU CC, LIU L, LI SS, FAN NL, HOU HY, JIN J, XING YD. Prevalence and etiologic agent of *Salmonella* in livestock and poultry meats in Huai'an City during 2015–2016[J]. Journal of Hygiene Research, 2018, 47(2): 260-265, 300 (in Chinese).
- [13] 李欣, 俞佳莉, 乔雪飞, 吴佳瑾, 安娜, 夏瑜洁, 吴健灏. 沙门氏菌在食品与食源性疾病中分布及病原特征分析[J]. 实用预防医学, 2020, 27(7): 801-806.
- LI X, YU JL, QIAO XF, WU JJ, AN N, XIA YJ, WU JH. Distribution and pathogenic characteristics of *Salmonella* in food and foodborne diseases[J]. Practical Preventive Medicine, 2020, 27(7): 801-806 (in Chinese).
- [14] 张竹慧, 陈晴晴, 撒楠, 马泰, 汪梦, 吴小珉, 王鹏, 韩海红, 孙永. 2015–2020 年安徽省腹泻病人沙门菌血清型分布及耐药性研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 536-541.
- ZHANG ZH, CHEN QQ, SA N, MA T, WANG M, WU XM, WANG P, HAN HH, SUN Y. Serotypes and drug resistance characteristics of *Salmonella* isolated from diarrheal patients in Anhui Province, 2015–2020[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 536-541 (in Chinese).
- [15] 李茜茜, 乌伊罕, 曲琳. 2016–2020 年内蒙古自治区肉及肉制品中沙门菌血清型分布与耐药性分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2023, 39(5): 478-486.
- LI QQ, WU YH, QU L. Analysis of antimicrobial susceptibility and serotype distribution of *Salmonella* in meat and meat products in Inner Mongolia during 2016–2020[J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2023, 39(5): 478-486 (in Chinese).