

研究报告

苏州市沙门氏菌血清型、耐药及多位点序列分型分析

王小龙, 邹文燕, 朱莉勤, 张梦寒, 沈强*

苏州市疾病预防控制中心 病原微生物与生物检验科, 江苏 苏州 215137

王小龙, 邹文燕, 朱莉勤, 张梦寒, 沈强. 苏州市沙门氏菌血清型、耐药及多位点序列分型分析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(10): 4245-4256.

WANG Xiaolong, ZOU Wenyan, ZHU Liqin, ZHANG Menghan, SHEN Qiang. Serotypes, drug resistance, and multilocus sequence types of *Salmonella* isolates in Suzhou[J]. Microbiology China, 2024, 51(10): 4245-4256.

摘要:【背景】沙门氏菌(*Salmonella*)是一种人兽共患病病原菌,是引起人类感染性腹泻最常见的病原菌之一。【目的】分析苏州市2023年分离的176株沙门氏菌的血清型、耐药情况和分子分型。

【方法】血清型鉴定采用玻片凝集法;药敏试验采用微量肉汤法;多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)采用全基因组测序,测序结果与PubMLST数据库进行比对得出菌株的ST型别。【结果】176株沙门氏菌共鉴定出了42种血清型分属于9个血清群。血清型以肠炎沙门氏菌(*Salmonella enteritidis*, 26.70%)和鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*, 18.75%)为优势血清型。176株菌对氨苄西林的耐药率最高(60.23%),其次是链霉素(47.16%)。所有菌株均对头孢他啶/阿维巴坦、美罗培南、厄他培南和阿米卡星敏感。多重耐药率达到57.39%,多重耐药模式达到51种,其中包含青霉素类+ β -内酰胺/ β -内酰胺抑制剂复合物+头孢类的多重耐药模式有18种。176株菌共检出43种ST型别,检出率前三的ST型别分别为ST11、ST34和ST19,检出率分别为27.27%、10.80%和7.95%。【结论】苏州市沙门氏菌的血清型和ST型别种类多,血清型以肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌为优势型别,ST型以ST11为优势型别。多重耐药现象严重,应加强监测。

关键词:沙门氏菌;血清型;耐药;ST型别

资助项目:苏州市重大疾病、传染病预防和控制关键技术(研究)项目(GWZX202202, GWZX202302);苏州市医学重点学科(SZXX202117)

This work was supported by the Key Technologies (Research) Project for Prevention and Control of Major Diseases and Infectious Diseases in Suzhou (GWZX202202, GWZX202302) and the Suzhou Medical Key Discipline Project (SZXX202117).

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

Received: 2024-01-17; Accepted: 2024-03-30; Published online: 2024-04-28

Serotypes, drug resistance, and multilocus sequence types of *Salmonella* isolates in Suzhou

WANG Xiaolong, ZOU Wenyan, ZHU Liqin, ZHANG Menghan, SHEN Qiang*

Pathogenic Microbiology and Biological Laboratory, Suzhou Center for Disease Control and Prevention, Suzhou 215137, Jiangsu, China

Abstract: [Background] *Salmonella* is a zoonotic pathogen and one of the most common pathogens causing infectious diarrhea in humans. [Objective] To analyze the serotypes, drug resistance, and multilocus sequence types of 176 *Salmonella* strains isolated in Suzhou, 2023. [Methods] The serotypes of the isolates were identified by the slide agglutination method. The drug resistance was tested by the micro-broth dilution method. The multilocus sequence typing (MLST) was performed by whole genome sequencing, and the sequencing results were compared with PubMLST to obtain the sequence types (STs) of the strains. [Results] A total of 42 serotypes belonging to 9 serogroups were identified for the 176 *Salmonella* isolates. The dominant serotypes were *Salmonella enteritidis* (26.70%) and *Salmonella typhimurium* (18.75%). The resistance rate of the 176 strains to ampicillin was the highest (60.23%), followed by that to streptomycin (47.16%). All the strains were sensitive to ceftazidime/avibactam, meropenem, ertapenem, and amikacin. The multidrug resistance (MDR) of the 176 strains reached a rate of 57.39%, with 51 patterns (including 18 patterns involving penicillins+ β -lactam/ β -lactam inhibitor complex+cephalosporins). The 176 strains presented 43 STs, among which ST11, ST34, and ST19 were the top three, with the detection rates of 27.27%, 10.80% and 7.95%, respectively. [Conclusion] The *Salmonella* strains in Suzhou present diverse serotypes and STs. The dominant serotypes are *S. enteritidis* and *S. typhimurium*, and the dominant ST is ST11. The MDR phenomenon is serious and thus surveillance should be strengthened.

Keywords: *Salmonella*; serotypes; drug resistance; sequence type (ST)

沙门氏菌(*Salmonella*)是一种人兽共患病原菌,也是引起食源性疾病暴发的主要病原菌,目前已发现血清型别多达 2 600 多种^[1-2]。全球每年因沙门氏菌感染引发的肠胃炎病例约 9 400 万,造成 15.5 万人死亡^[3]。在中国,约有 70%–80%食源性疾病暴发是由沙门氏菌引起,导致每年 987 万例肠胃炎病例发生^[4]。对人类致病的沙门氏菌主要为 A 群–F 群,不同血清型的致病性差异较大^[5]。多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)可以方便地进行跨时空、地域比对,也是国内外监测沙门氏菌常用的

分型方法^[6-14]。本研究对 2023 年苏州市分离的 176 株沙门氏菌进行血清凝集试验和 MLST 分子分型,并对其进行药敏试验,了解苏州市沙门氏菌的血清型和 ST 型分布状况及耐药现状,为沙门氏菌的溯源分析和临床用药提供参考。

1 材料与方 法

1.1 样品

176 株沙门氏菌中有 174 株来源于苏州市 10 个区县(市)的哨点医院和社区卫生服务中心腹泻病例样本,2 株来源于动物性淡水产品,菌

株按照参考文献[15]进行分离鉴定。

1.2 培养基、主要试剂和仪器

三糖铁琼脂,海博生物技术有限公司;XLD琼脂,OXOID公司;沙门氏菌显色培养基,科玛嘉公司;Schwormagar 诱导软琼脂及沙门氏菌属诊断血清,SSI公司;沙门氏菌属诊断血清,宁波天润生物药业有限公司。DNA Tissue Kit 核酸提取试剂盒, Qiagen GmbH公司;革兰氏阴性菌药敏板, Thermo Scientific公司。VITEK 2 compact 全自动微生物生化鉴别系统,梅里埃公司;药敏鉴定全自动菌液接种仪、自动判读系统和 EZ2 Connect 全自动智能样本提取工作站, Qiagen GmbH公司;Qubit 3.0 Fluorometer 荧光定量仪, Life Invitrogen公司。

1.3 菌株复核鉴定及血清凝集

根据参考文献[15]对菌株进行复核鉴定及血清凝集。

1.4 多位点序列分型

菌株核酸的提取采用 EZ2 Connect 全自动智能样本提取工作站及配套的 DNA Tissue Kit 核酸提取试剂盒,核酸提取后送交测序公司进行测序。菌株全基因组测序委托苏州金唯智生物科技有限公司。测序完成后的数据用 CLC Genomics Workbench 21.0.4 软件进行去除低质量数据和 *De Novo* 拼接,将拼接完成的数据上传至 PubMLST 网站(<https://pubmlst.org/organisms/salmonella-spp>)得出每株菌的 ST 型别。

1.5 药敏试验

采用微量肉汤法对 176 株沙门氏菌进行 11 类 27 种抗生素的耐药性测试。这些抗生素为氨苄西林(ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin/sulbactam, AMS)、阿莫西林/克拉维酸(amoxicillin/clavulanate, AMC)、头孢他啶/阿维巴坦(ceftazidime/avibactam, CZA)、头孢西丁

(cefoxitin, CFX)、头孢唑啉(cefazolin, CFZ)、头孢呋辛(cefuroxime, CXM)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)、头孢吡肟(cefepime, CPM)、头孢噻呋(ceftiofur, CEF)、亚胺硫霉素(imipenem, IPM)、美罗培南(meropenem, MEM)、厄他培南(ertapenem, ETP)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、链霉素(streptomycin, STR)、阿米卡星(amikacin, AMI)、多黏菌素 E (colistin, CT)、多黏菌素 B (polymyxin B, PB)、阿奇霉素(azithromycin, AZM)、四环素(tetracycline, TET)、替加环素(tigecycline, TIG)、萘啶酸(nalidixic acid, NAL)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)和甲氧苄氨嘧啶/磺胺甲噁唑(trimethoprim/sulfamethoxazole, SXT)。药敏试验参考文献[16], 以大肠埃希氏菌(*Escherichia coli*) ATCC 25922 为质控菌株。以参考文献[16-17]为药敏判断标准,将耐受 3 类及 3 类以上抗生素的菌株定义为多重耐药(multidrug resistance, MDR)菌株。

1.6 统计分析

用 Excel 2016 进行结果汇总。利用 BioNumerics v8.1 软件基于 MLST 分型的 7 个管家基因 *aroC*、*dnaN*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA* 和 *thrA* 进行菌株聚类分析。采用 ChiPlot 工具^[18]对不同血清型菌株的耐药情况进行可视化展示。采用 SPSS 22.0 软件进行统计学分析,卡方检验的检验水准为 $\alpha=0.05$ 。利用桑基图绘制在线网站(<https://www.sankeymatic.com/build/>)绘制桑基图展示血清型、ST 型、地域和多重耐药之间的关系。

2 结果与分析

2.1 血清型及 ST 型

从 176 株沙门氏菌鉴定出 42 种血清型和

43 种 ST 型。42 种血清型分属于 B、C1、C2、C3、D、E1、E4、G、I 等 9 个血清群，以 D 群的菌株数量最多，有 48 株，占比 27.27%，其次是 B 群有 43 株(24.43%)。血清型以肠炎沙门氏菌(*Salmonella enteritidis*, 47 株, 26.70%)和鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*, 33 株, 18.75%)为主要血清型，接下来依次为伦敦沙门氏菌(*Salmonella london*, 8 株, 4.55%)、黄金海岸沙门氏菌(*Salmonella goldcoast*, 7 株, 3.98%)、肯塔基沙门氏菌(*Salmonella kentucky*, 5 株, 2.84%)、汤卜逊沙门氏菌(*Salmonella thompson*, 5 株, 2.84%)和吉韦沙门氏菌(*Salmonella give*, 5 株, 2.84%)。其他血清型均不足 5 株，其中德尔卑沙门氏菌(*Salmonella derby*)为 2 株，占比 1.14%，详见图 1。ST 型排名前 3 位依次是 ST11、ST34 和 ST19，检出率分别为 27.27%、10.80%和 7.95%。血清型和 ST 型之间有一定关联关系，ST11 主要由肠炎沙门氏菌组成(95.83%)，ST34 主要由鼠伤寒沙门氏菌组成(94.74%)，大多血清型只分布于 1-3 种 ST 型，如黄金海岸沙门氏菌只分布于 ST358，汤卜逊沙门氏菌只分布于 ST26。肠炎沙门氏菌大部分分布在 ST11，少部分分布在 ST34，鼠伤寒沙门氏菌大部分分布在 ST34 和 ST19，少部分分布于 ST654，详见图 1。

2.2 药敏试验结果

2.2.1 27 种抗生素耐药情况

27 种抗生素的药敏判定浓度标准见表 1，176 株菌对各种类抗生素的药敏结果见表 2。176 株菌对氨苄西林的耐药率最高(60.23%)，其次是链霉素(47.16%)。所有菌株均对头孢他啶/阿维巴坦、美罗培南、厄他培南和阿米卡星敏感。从抗生素类别来看，菌株对碳青霉烯类抗生素整体敏感度最高，所测试的 3 种碳青霉烯类抗生素，仅有 1 株菌对亚胺硫霉素中介，其余均为敏感。菌株对氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、

链霉素、四环素和萘啶酸等 5 种抗生素耐药率达到 30%以上。

2.2.2 不同血清型的耐药率结果

肠炎沙门氏菌对 NAL 的耐药率(95.74%)远高于鼠伤寒沙门氏菌(21.21%)和其他血清型沙门氏菌(22.92%)，差异具有统计学意义($P < 0.001$ ，小于经过 Bonferroni 校正的 $P = 0.0167$)，鼠伤寒沙门氏菌和其他血清型沙门氏菌之间对 NAL 的耐药结果无统计学意义($P = 0.840 > 0.0167$)。肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌对 AMP 的耐药率(89.36%和 90.91%)、AMS 的耐药率(61.70%和 54.55%)、CFZ 的耐药率(42.55%和 42.42%)高于其他血清型沙门氏菌对这 3 种抗生素的耐药率(35.42%、18.75%和 12.50%)，差异均具有统计学意义($P < 0.001$ ，小于经过 Bonferroni 校正的 $P = 0.0167$)。鼠伤寒沙门氏菌对 STR、TET、CHL、SXT 和 FFC 的耐药率均在 50%以上，显著高于肠炎沙门氏菌和其他血清型沙门氏菌，耐药率的差值均在 25%以上，差异均具有统计学意义($P < 0.0167$) (图 2)。

2.2.3 不同血清型沙门氏菌的多重耐药

176 株沙门氏菌多重耐药率达到 57.39%，其中肠炎沙门氏菌的多重耐药率为 80.85%，鼠伤寒沙门氏菌的多重耐药率为 87.88%。多重耐药模式达到 51 种，其中包含青霉素类(A)+ β -内酰胺/ β -内酰胺抑制剂复合物(B)+头孢类(C)的多重耐药模式有 18 种(图 3)。数量最多的一种耐药模式为 A+B+E+H+J+K，共检出 6 株菌，占多重耐药菌株的 5.94%，没有明显优势的多重耐药模式。有 4 株菌耐受所测试的 9 种类别抗生素，其中 2 株为汤卜逊沙门氏菌，1 株为鼠伤寒沙门氏菌，1 株为斯坦利沙门氏菌(*Salmonella stanley*)。字母代号所代表的抗生素类别名称见表 2。肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌的耐药模式均呈现多样性，无明显的优势耐药模式。

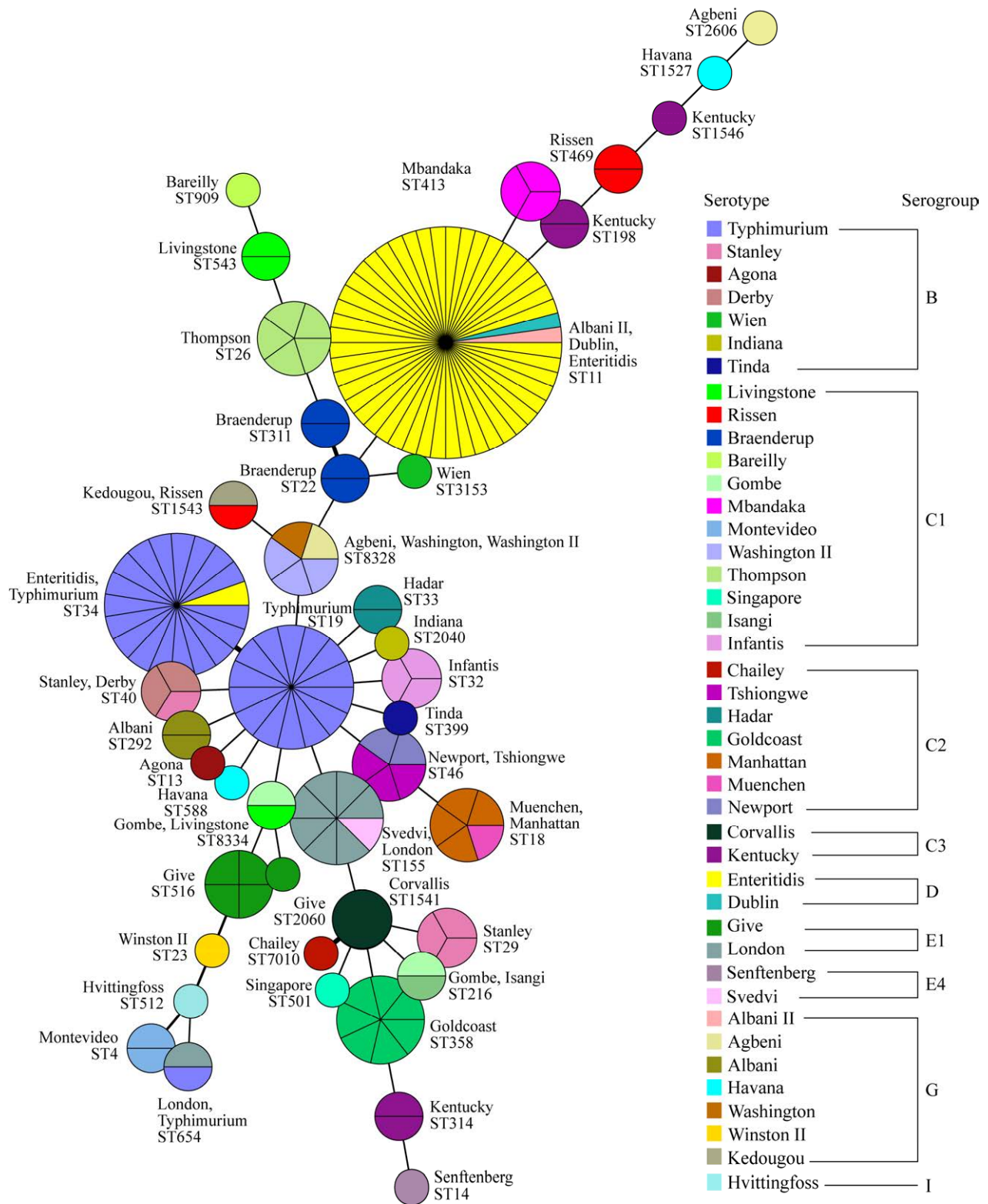


图 1 176 株沙门氏菌血清型和 ST 型分布最小生成树

Figure 1 The minimum spanning tree of the results of serotypes and STs distribution among 176 *Salmonella* isolates.

表 1 27 种抗生素的药敏折点

Table 1 Drug resistance breakpoints of 27 antibiotics

抗生素名称 Antimicrobial agents	药敏折点 Drug resistance breakpoint ($\mu\text{g/mL}$)		
	敏感 Sensitive	中介 Intermediate	耐药 Resistant
氨苄西林 Ampicillin	≤ 8	16	≥ 32
氨苄西林/舒巴坦 Ampicillin/sulbactam	$\leq 8/4$	16/8	$\geq 32/16$
阿莫西林/克拉维酸 Amoxicillin/clavulanate	$\leq 8/4$	16/8	$\geq 32/16$
头孢他啶/阿维巴坦 Ceftazidime/avibactam	$\leq 8/4$	—	$\geq 16/4$
头孢西丁 Cefoxitin	≤ 8	16	≥ 32
头孢唑啉 Cefazolin	≤ 2	4	≥ 8
头孢呋辛 Cefuroxime	≤ 8	16	≥ 32
头孢噻肟 Cefotaxime	≤ 1	2	≥ 4
头孢他啶 Ceftazidime	≤ 4	8	≥ 16
头孢吡肟 Cefepime	≤ 2	4–8	≥ 16
头孢噻呋 Ceftiofur	≤ 2	4	≥ 8
亚胺硫霉素 Imipenem	≤ 1	2	≥ 4
美罗培南 Meropenem	≤ 1	2	≥ 4
厄他培南 Ertapenem	≤ 0.5	1	≥ 2
庆大霉素 Gentamicin	≤ 4	8	≥ 16
链霉素 Streptomycin	≤ 16	—	≥ 32
阿米卡星 Amikacin	≤ 16	32	≥ 64
多黏菌素 E Colistin	—	≤ 2	4
多黏菌素 B Polymyxin B	—	≤ 2	4
阿奇霉素 Azithromycin	≤ 16	—	≥ 32
四环素 Tetracycline	≤ 4	8	≥ 16
替加环素 Tigecycline	≤ 2	4	≥ 8
萘啶酸 Nalidixic acid	≤ 16	—	≥ 32
环丙沙星 Ciprofloxacin	≤ 0.06	0.12–0.5	≥ 1
氯霉素 Chloramphenicol	≤ 8	16	≥ 32
氟苯尼考 Florfenicol	≤ 4	8	≥ 16
甲氧苄氨嘧啶/磺胺甲噁唑 Trimethoprim/sulfamethoxazole	$\leq 2/38$	—	$\geq 4/76$

—: 无药敏折点

—: No drug resistance breakpoint.

2.3 沙门氏菌分布特征

苏州市 6 个区 4 个县(市)所检出的沙门氏菌血清型有各自的特点。常熟市、工业园区、昆山市、吴中区、张家港市以肠炎沙门氏菌为主要血清型,检出率在 29.55%–43.75%之间。姑苏区和高新区则以鼠伤寒沙门氏菌为优势血清型,检出率分别为 33.33%和 30.77%。吴江

区分离株的血清型较为分散,太仓市、相城区检出菌株数量少且血清型分散,无优势血清型。肠炎沙门氏菌主要属于 ST11,鼠伤寒沙门氏菌主要由 ST34 和 ST19 组成。除太仓市外,各区域均检出了多种 ST 型别。昆山市多重耐药菌株明显多于非多重耐药菌株,而吴江区则相反(图 4)。

表 2 176 株沙门氏菌药敏结果

Table 2 Drug resistance test results of 176 strains of *Salmonella* isolates

抗生素类别/代号 Drug classification/Code	抗生素名称 Antimicrobial agents	菌株数量/比例 Number of strains/Ratio (%)		
		耐药 Resistant	中介 Intermediate	敏感 Sensitive
青霉素类/A Penicillins/A	氨苄西林 Ampicillin	106/60.23	1/0.57	69/39.20
β-内酰胺/β-内酰胺抑制剂复合物/B β-lactam/β-lactam inhibitor complex/B	氨苄西林/舒巴坦 Ampicillin/Sulbactam	65/36.93	34/19.32	77/43.75
	阿莫西林/克拉维酸 Amoxicillin/Clavulanate	8/4.54	23/13.07	145/82.39
	头孢他啶/阿维巴坦 Ceftazidime/Avibactam	0/0.00	–	176/100.00
头孢类/C Cephalosporins/C	头孢西丁 Cefoxitin	6/3.41	3/1.70	167/94.89
	头孢唑啉 Cefazolin	46/26.14	58/32.95	72/40.91
	头孢呋辛 Cefuroxime	22/12.50	7/3.98	147/83.52
	头孢噻肟 Cefotaxime	22/12.50	0/0.00	154/87.50
	头孢他啶 Ceftazidime	14/7.95	0/0.00	162/92.05
	头孢吡肟 Cefepime	4/2.27	12/6.82	160/90.91
	头孢噻吩 Ceftiofur	23/13.07	1/0.57	152/86.36
碳青霉烯类/D Carbapenems/D	亚胺硫霉素 Imipenem	0/0.00	1/0.57	175/99.43
	美罗培南 Meropenem	0/0.00	0/0.00	176/100.00
	厄他培南 Ertapenem	0/0.00	0/0.00	176/100.00
氨基糖苷类/E Aminoglycosides/E	庆大霉素 Gentamicin	12/6.82	0/0.00	164/93.18
	链霉素 Streptomycin	83/47.16	–	93/52.84
	阿米卡星 Amikacin	0/0.00	0/0.00	176/100.00
多肽类/F Polymyxins/F	多黏菌素 E Colistin	16/9.09	160/90.91	–
	多黏菌素 B Polymyxin B	6/3.41	170/96.59	–
大环内酯类/G Macrolides/G	阿奇霉素 Azithromycin	11/6.25	–	165/93.75
四环素类/H Tetracyclines/H	四环素 Tetracycline	78/44.32	1/0.57	97/55.11
	替加环素 Tigecycline	0/0.00	1/0.57	175/99.43
喹诺酮和氟喹诺酮类/I Quinolones and fluoroquinolones/I	萘啶酸 Nalidixic acid	74/42.05	–	102/57.95
苯丙醇类/J Phenylpropanols/J	环丙沙星 Ciprofloxacin	14/7.95	88/50.00	74/42.05
	氯霉素 Chloramphenicol	51/28.98	1/0.57	124/70.45
叶酸途径抑制剂/K Folate pathway antagonists/K	氟苯尼考 Florfenicol	48/27.27	7/3.98	121/68.75
	甲氧苄氨嘧啶/磺胺甲噁唑 Trimethoprim/Sulfamethoxazole	46/26.14	–	130/73.86

–: 无药敏折点

–: No drug resistance breakpoint.

3 讨论与结论

据美国和欧洲的报道，肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌是导致人类沙门氏菌病的前两大血清型^[19-20]。苏州市 2023 年检出的沙门氏菌血

清型以肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌为主，与沈赟等^[21]报道的 2015–2019 年江苏省腹泻病人检出的沙门氏菌主要血清型相同。杭州市、成都市、南通市都曾经报道人源样本中的沙门氏菌血清型以鼠伤寒沙门氏菌和肠炎沙门氏菌

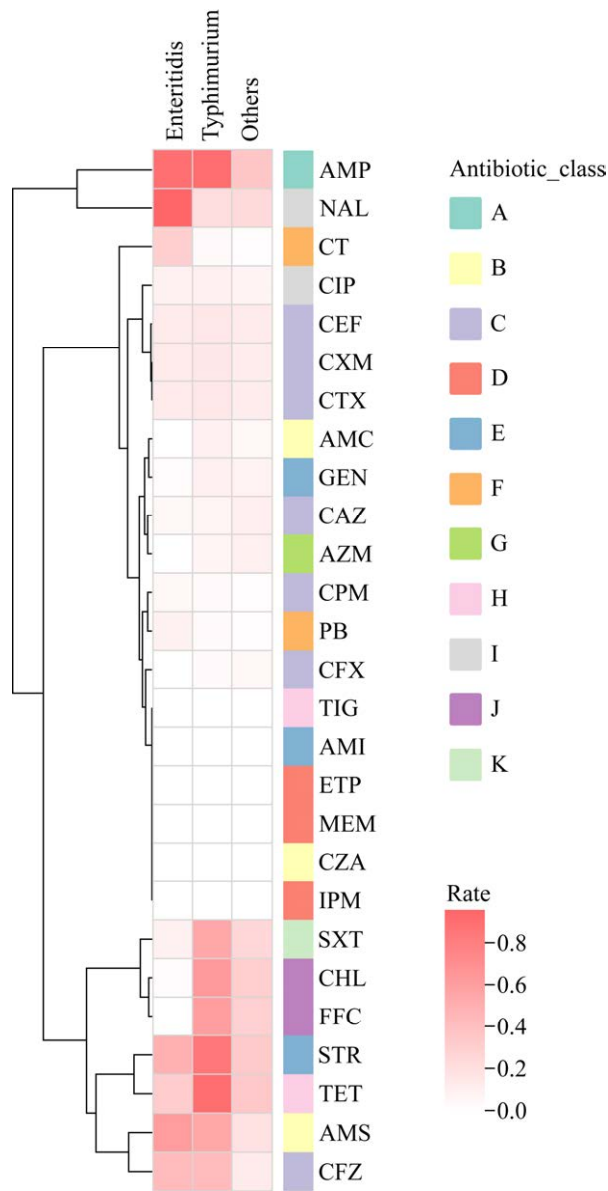


图2 沙门氏菌不同血清型对27种抗生素的耐药热图 抗生素类别代号所代表的抗生素类别见表2

Figure 2 The heat map of the resistance to 27 antibiotics in different serotypes of *Salmonella* isolates. The antibiotic classes represented by the antibiotic class code were shown in the table 2.

为主^[4,22-23]。但曲梅等^[8]报道北京市哨点医院腹泻病例中的沙门氏菌分离株血清型主要是肯塔基沙门氏菌,其次是肠炎沙门氏菌^[8],可见我

国部分地区沙门氏菌主要血清型仍然有自身特点。以往多地研究表明德尔卑沙门氏菌是猪源样本沙门氏菌检出的主要血清型之一,在猪源分离株中的检出率均在18%以上^[4,24-27]。本研究中德尔卑沙门氏菌检出率较低,为1.14%。杭州市腹泻病例中德尔卑沙门氏菌检出率也较低,为4.60%,低于猪肉中该血清型的检出率(25.42%)^[4]。爱沙尼亚检出的德尔卑沙门氏菌在人源样本中占比仅为1.16%,但在同时期的猪源样品中占比达73.33%^[28]。德尔卑沙门氏菌虽然也是人源样本中经常被检出的血清型之一,但其可能在猪源样本中更流行。

本研究结果显示 ST 型别与血清型高度关联。ST11 是主要的 ST 型别,占比27.27%,然后是 ST34 和 ST19,占比分别为10.80%和7.95%。ST11 主要由肠炎沙门氏菌组成(95.83%), ST34 主要由鼠伤寒沙门氏菌组成(94.74%)。ST11 与肠炎沙门氏菌的这种高度关联性在其他研究者的报道中也普遍存在^[4,7-8,29]。然而,这种关联并不一定是一一对应的,本研究及以往其他研究结果显示,一种血清型可能包含1种或1种以上 ST 型,一种 ST 型也可能包含1种或1种以上血清型^[8,29-30]。各地区检出的主要 ST 型别也有一定差异。Weng 等^[4]报道的杭州市腹泻病例分离株以 ST11、ST19、ST34 为主要型别;肖颖等^[31]报道的成都市腹泻病例分离株则以 ST34 和 ST19 为主要型别;曲梅等^[8]报道的北京地区的腹泻病例分离株则以 ST198 最多,其次是 ST11。总体而言 ST11 较为常见。食品中则另有不同,多位研究者报道 ST40 较为流行,检出率处在第一或第二位^[4,6-7,29]。

本研究中沙门氏菌多重耐药严重,多重耐药率达到57.39%,低于2015-2019年从江苏省腹泻病例中分离的沙门氏菌的多重耐药率(67.38%)^[21]。全国多地报道沙门氏菌的多重耐

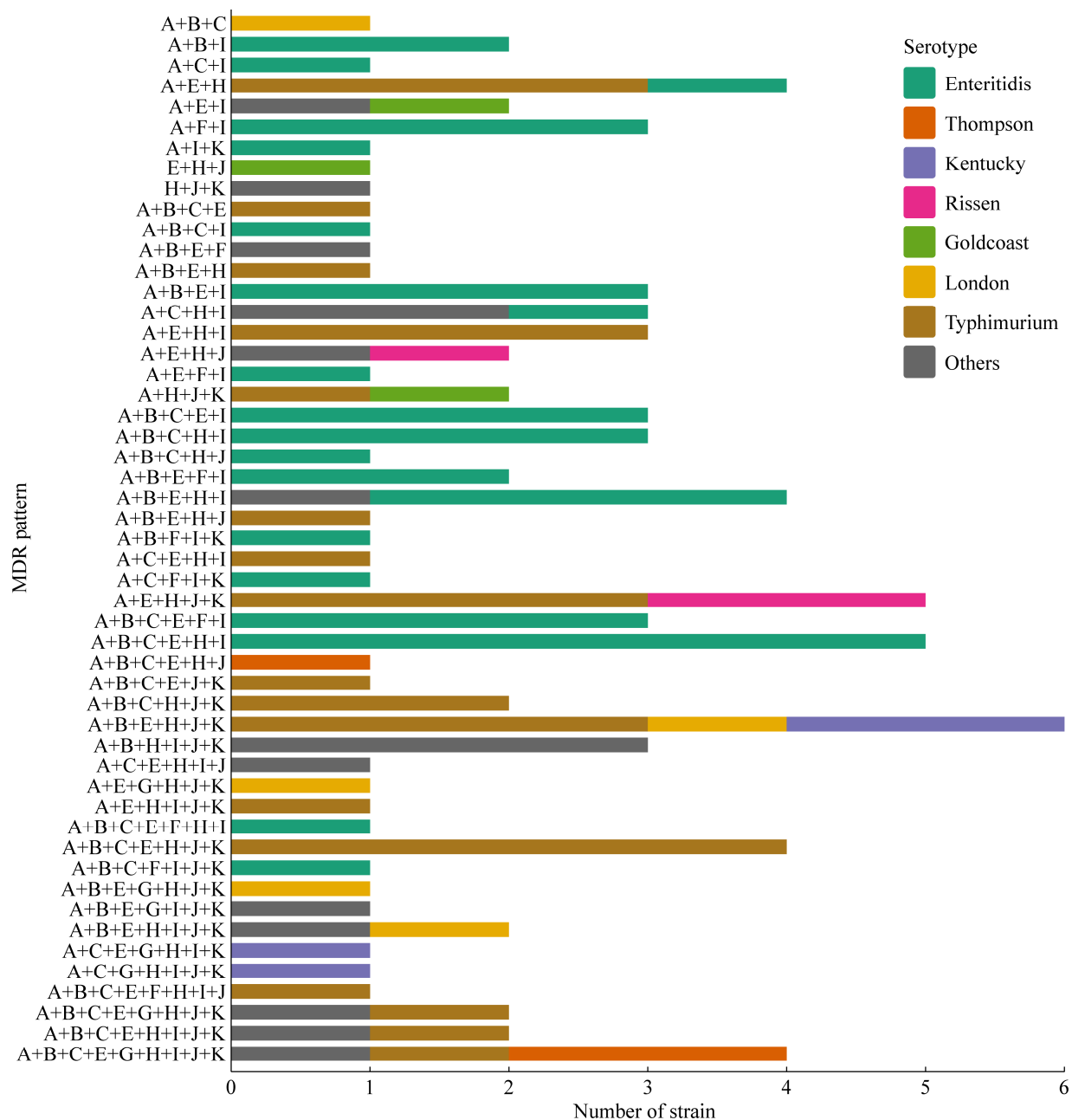


图3 不同血清型沙门氏菌多重耐药情况柱状堆积图 多重耐药菌株数量小于3的血清型归为其他血清型；A：青霉素类；B：β-内酰胺/β-内酰胺抑制剂复合物；C：头孢类；D：碳青霉烯类；E：氨基糖苷类；F：多肽类；G：大环内酯类；H：四环素类；I：喹诺酮和氟喹诺酮类；J：苯丙醇类；K：叶酸途径抑制剂

Figure 3 The stacked bar diagram of multidrug resistance in different serotypes of *Salmonella* isolates. Serotypes with less than 3 multidrug-resistant strains were classified as other serotypes; A: Penicillins; B: β-lactam/β-lactam inhibitor complex; C: Cephalosporins; D: Carbapenems; E: Aminoglycosides; F: Polymyxins; G: Macrolides; H: Tetracyclines; I: Quinolones and fluoroquinolones; J: Phenylpropanols; K: Folate pathway antagonists.

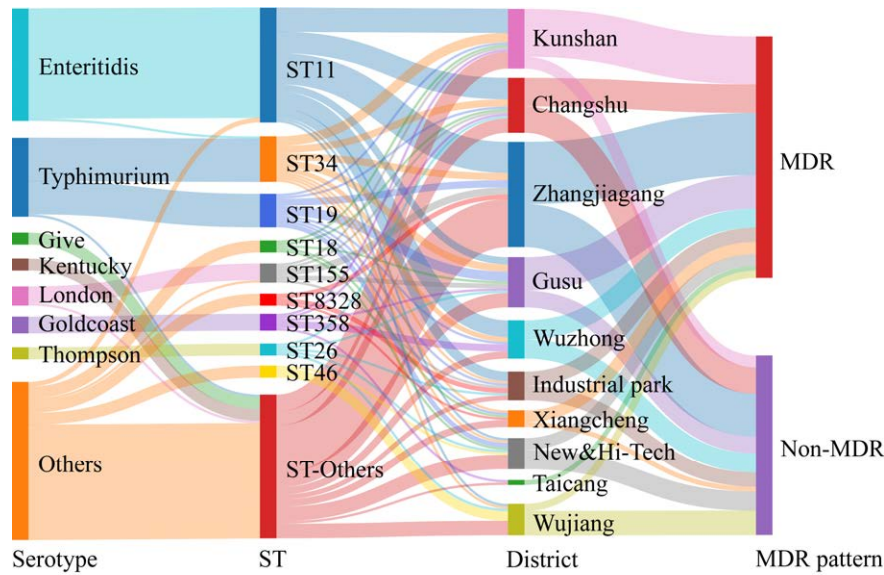


图 4 苏州市沙门氏菌分布特征桑基图 包含菌株数量小于 5 的血清型和 ST 型分别归为其他血清型和其他 ST 型

Figure 4 The sankey diagram of distribution characteristics of *Salmonella* isolates in Suzhou. Serotypes and sequence types containing less than 5 strains were classified as other serotypes and other sequence types, respectively.

药率高于 60.0%^[6-7,23,25,29-30,32-33], 多重耐药现象较为普遍。世界卫生组织已把氟喹诺酮耐药沙门氏菌列为对人类健康威胁最大的 6 个高优先级耐药菌之一^[34]。本研究中菌株对 NAL 的耐药率为 42.05%, 高于成都地区和北京地区腹泻病例沙门氏菌分离株对 NAL 的耐药率(35.50%和 33.77%)^[8,23]。不同地区沙门氏菌分离株对 CIP 的耐药率差别较大, 本研究分离株的耐药率为 7.95%, 低于以往江苏、北京、内蒙古分离株的耐药率(17.0%、17.5%和 45.3%)^[5,8,21], 与成都分离株耐药率接近(10.5%)^[23]。本研究中菌株对碳青霉烯类抗生素敏感率很高, 除 1 株菌对 IPM 中介外, 其余均为敏感, 与内蒙古、成都和江苏以往报道的菌株对 IPM 的敏感率接近(均大于 98%)^[5,21,23]。总而言之, 苏州地区沙门氏菌多重耐药现象不容忽视, 应进行持续监测。

REFERENCES

- [1] XIA Y, LI H, SHEN YQ. Antimicrobial drug resistance in *Salmonella enteritidis* isolated from edible snakes with pneumonia and its pathogenicity in chickens[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2020, 7: 463.
- [2] LEÃO C, SILVEIRA L, USIÉ A, GIÃO J, CLEMENTE L, THEMUDO P, AMARO A, PISTA A. Genetic diversity of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar enteritidis from human and non-human sources in Portugal[J]. *Pathogens*, 2024, 13(2): 112.
- [3] YANG XJ, WU QP, ZHANG JM, HUANG JH, CHEN L, WU S, ZENG HY, WANG J, CHEN MT, WU HM, GU QH, WEI XH. Prevalence, bacterial load, and antimicrobial resistance of *Salmonella* serovars isolated from retail meat and meat products in China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 2121.
- [4] WENG R, GU YH, ZHANG W, HOU X, WANG H, TAO JQ, DENG MH, ZHOU MR, ZHAO YF. Whole-genome sequencing provides insight into antimicrobial resistance and molecular characteristics of *Salmonella* from livestock meat and diarrhea patient in Hanzhong, China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 899024.

- [5] 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氏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).
- [6] 钟宇婧, 周倩, 黄靖宇, 郭华, 向婧姝, 张德著, 刘英, 李军, 李世军, 周黎. 贵州省动物性食品中沙门氏菌耐药及分子特征相关性研究[J]. 现代预防医学, 2023, 50(1): 163-168.
ZHONG YJ, ZHOU Q, HUANG JY, GUO H, XIANG JS, ZHANG DZ, LIU Y, LI J, LI SJ, ZHOU L. Correlation of drug resistance and molecular characteristics of *Salmonella* in animal food, Guizhou[J]. Modern Preventive Medicine, 2023, 50(1): 163-168 (in Chinese).
- [7] 包轶伦, 李辉, 李孟寒, 江涛, 崔鑫楠, 赫英英, 于梦雅, 余东敏, 徐进, 李凤琴, 胡豫杰. 2014–2015 年北京市批发市场肉类食品中沙门氏菌表型和基因组特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2022, 56(6): 815-823.
BAO YL, LI H, LI MH, JIANG T, CUI XN, HE YY, YU MY, YU DM, XU J, LI FQ, HU YJ. Phenotypic and genomic characterization for *Salmonella* isolates recovered from meat products in Beijing wholesale markets, 2014–2015[J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2022, 56(6): 815-823 (in Chinese).
- [8] 曲梅, 田祎, 黄瑛, 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* strains in Beijing, 2018–2021[J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(13): 2413-2419 (in Chinese).
- [9] KUMAWAT M, NABI B, SHARMA P, PAL N, SARMA DK, SHUBHAM S, TIWARI RR, SINGH S, KUMAR M. Assessment of multidrug-resistant profile, multi-locus sequence typing and efflux pump activity in *Salmonella* Typhimurium isolated from hospital sewage[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2023, 39(6): 162.
- [10] SHU G, QIU JY, ZHENG YL, CHANG L, LI HH, XU FN, ZHANG W, YIN LZ, FU HL, YAN QG, GAN T, LIN JC. Association between phenotypes of antimicrobial resistance, ESBL resistance genes, and virulence genes of *Salmonella* isolated from chickens in Sichuan, China[J]. Animals: an Open Access Journal from MDPI, 2023, 13(17): 2770.
- [11] GÓMEZ-BALTAZAR A, GODÍNEZ-OVIEDO A, VÁZQUEZ-MARRUFO G, VÁZQUEZ-GARCIDUEÑAS MS, HERNÁNDEZ-ITURRIAGA M. Genomic analysis of the MLST population structure and antimicrobial resistance genes associated with *Salmonella enterica* in Mexico[J]. Genome, 2023, 66(12): 319-332.
- [12] KAUR S, PAYNE M, LUO LJ, OCTAVIA S, TANAKA MM, SINTCHENKO V, LAN RT. MGTdb: a web service and database for studying the global and local genomic epidemiology of bacterial pathogens[J]. Database, 2022, 2022: baac094.
- [13] SHENG HJ, SUO J, DAI JH, WANG SY, LI M, SU L, CAO MY, CAO YW, CHEN J, CUI SH, YANG BW. Prevalence, antibiotic susceptibility and genomic analysis of *Salmonella* from retail meats in Shaanxi, China[J]. International Journal of Food Microbiology, 2023, 403: 110305.
- [14] 周明明, 史秋橙, 张秀彩, 梅玲玲, 叶义花, 方潮, 尚世强. 儿童来源肠道沙门氏菌肠道亚种非 A–F 群血清型分离株的耐药性及分子流行病学和毒力基因分布[J]. 中华检验医学, 2021, 44(11): 1057-1063.
ZHOU MM, SHI QC, ZHANG XC, MEI LL, YE YH, FANG C, SHANG SQ. Resistance, molecular epidemiology and virulence gene of non-A–F group serotype isolates of *Salmonella enterica* enteric subspecies isolated from children[J]. Chinese Journal of Laboratory Medicine, 2021, 44(11): 1057-1063 (in Chinese).
- [15] 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 PRC, China Food and Drug Administration. Microbiological examination of food hygiene: examination of *Salmonella*: GB 4789.4—2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017 (in Chinese).
- [16] 国家食品安全风险评估中心. 2023 年国家食源性疾病监测工作手册[Z]. 北京: 国家食品安全风险评估中心, 2023.
China National Center for Food Safety Risk Assessment. National foodborne disease surveillance workbook for 2023[Z]. Beijing: China National Center for Food Safety Risk Assessment, 2023 (in Chinese).
- [17] HUMPHRIES R, BOBENCHIK A, HINDLER J, SCHUETZ A. Overview of changes to the clinical and laboratory standards institute performance standards for antimicrobial susceptibility testing, M100, 32nd edition[Z]. 2022.

- [18] XIE JM, CHEN YR, CAI GJ, CAI RL, HU Z, WANG H. Tree visualization by one table (tvBOT): a web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees[J]. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51(W1): W587-W592.
- [19] Centers for Disease Control and Prevention. National *Salmonella* surveillance annual report[J]. 2016. <https://www.cdc.gov/nationalsurveillance/salmonella-surveillance.html>.
- [20] EUROSURVEILLANCE EDITORIAL TEAM. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2010[J]. *European Communicable Disease Bulletin*, 2012, 17(10): 20113.
- [21] 沈赟, 秦思, 郑东宇, 霍翔. 江苏省 2015–2019 年沙门氏菌的血清型和耐药状况分析[J]. *现代预防医学*, 2021, 48(12): 2263-2267.
- SHEN Y, QIN S, ZHENG DY, HUO X. Serotype and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from 2015 to 2019 in Jiangsu Province[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2021, 48(12): 2263-2267 (in Chinese).
- [22] XU HY, ZHANG WB, ZHANG K, ZHANG Y, WANG ZY, ZHANG W, LI Y, LI QC. Characterization of *Salmonella* serotypes prevalent in asymptomatic people and patients[J]. *BMC Infectious Diseases*, 2021, 21(1): 632.
- [23] 黎明, 孔喜梅, 袁齐武, 杨洋. 成都市未成年人群腹泻沙门氏菌血清型、耐药及分子分型研究[J]. *现代预防医学*, 2021, 48(21): 3996-4000, 4027.
- LI M, KONG XM, YUAN QW, YANG Y. Serotype, drug resistance and molecular typing of *Salmonella* among children in Chengdu[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2021, 48(21): 3996-4000, 4027 (in Chinese).
- [24] CHALIAS A, GRISPOLDI L, GOGA BC. A risk assessment model for *Salmonella* spp. in swine carcasses[J]. *EFSA Journal European Food Safety Authority*, 2022, 20(Suppl 1): e200405.
- [25] ZHANG ZH, LI JY, ZHOU RS, XU QQ, QU SY, LIN HG, WANG Y, LI PS, ZHENG XF. Serotyping and antimicrobial resistance profiling of multidrug-resistant non-typhoidal *Salmonella* from farm animals in Hunan, China[J]. *Antibiotics*, 2023, 12(7): 1178.
- [26] EFSA, European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2020/2021[J]. *EFSA Journal European Food Safety Authority*, 2023, 21(3): e07867.
- [27] 李荧, 潘美伶, 赵婉妤, 马炳存, 崔学文, 李增婷, 吕鑫, 许欣. 成都市猪肉源沙门菌优势血清型及耐药性研究[J]. *现代预防医学*, 2022, 49(5): 802-807.
- LI Y, PAN ML, ZHAO WY, MA BC, CUI XW, LI ZT, LÜ X, XU X. Dominant serotype and drug resistance of *Salmonella* isolated from pork, Chengdu[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2022, 49(5): 802-807 (in Chinese).
- [28] KUUS K, KRAMARENKO T, SÖGEL J, MÄESAAR M, FREDRIKSSON-AHOMAA M, ROASTO M. Prevalence and serotype diversity of *Salmonella enterica* in the Estonian meat production chain in 2016–2020[J]. *Pathogens*, 2021, 10(12): 1622.
- [29] WANG Z, ZHANG J, LIU S, ZHANG Y, CHEN C, XU MM, ZHU YB, CHEN BX, ZHOU W, CUI SH, YANG BW, CHEN J. Prevalence, antimicrobial resistance, and genotype diversity of *Salmonella* isolates recovered from retail meat in Hebei Province, China[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2022, 364: 109515.
- [30] ZHAO LY, LIU G, TANG WL, SONG XB, ZHAO XY, WANG C, LI YZ, ZOU M. Antimicrobial resistance and genomic characteristics of *Salmonella* from broilers in Shandong Province[J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2023, 10: 1292401.
- [31] 肖颖, 武雅婷, 赵婉妤, 崔学文, 黎明, 许欣. 成都市人源沙门菌基因组特征分析[J]. *中国人兽共患病学报*, 2022, 38(5): 433-440, 446.
- XIAO Y, WU YT, ZHAO WY, CUI XW, LI M, XU X. Analysis of genomic characteristics of *Salmonella* in humans in Chengdu[J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2022, 38(5): 433-440, 446 (in Chinese).
- [32] 袁梦, 袁月明, 陈辉, 俞慕华, 段永翔, 胡鹏威. 2018–2021 年南山区食物中毒中肠炎沙门氏菌与布利丹沙门氏菌遗传特征和耐药性分析[J]. *中国人兽共患病学报*, 2022, 38(12): 1106-1112.
- YUAN M, YUAN YM, CHEN H, YU MH, DUAN YX, HU PW. Biological and genetic characteristics of *Salmonella enteritidis* and *Salmonella blegdam* in food poisoning in Nanshan District, 2018–2021[J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2022, 38(12): 1106-1112 (in Chinese).
- [33] 王喜, 李珂, 常志顺, 高洪, 信爱国. 云南地区鸭源沙门菌的分离鉴定及耐药性和毒力基因分析[J]. *微生物学通报*, 2022, 49(9): 3770-3783.
- WANG X, LI K, CHANG ZS, GAO H, XIN AG. Isolation and identification of *Salmonella* from ducks in Yunnan Province and analysis of its antimicrobial resistance and virulence gene[J]. *Microbiology China*, 2022, 49(9): 3770-3783 (in Chinese).
- [34] World Health Organization. Prioritization of pathogens to guide discovery, research and development of new antibiotics for drug resistant bacterial infections, including tuberculosis. <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-EMP-IAU-2017.12>.