

2023~2024年江苏宜兴地区99株沙门氏菌血清学分型与全基因组学特征分析研究

刘远山, 乔健健, 张涛, 吴亦琴(宜兴市疾病预防控制中心, 江苏宜兴 214206)

摘要: **目的** 分析江苏宜兴地区沙门氏菌的分子流行病学特征及抗生素耐药情况, 为区域性沙门氏菌防控提供科学依据。**方法** 对宜兴市2023~2024年食源性疾病患者分离的48株沙门氏菌和健康从业人员体检中分离的51株沙门氏菌进行血清学分型、全基因组测序和药物敏感性试验, 分析菌株的血清学分型、多位点序列分型、耐药基因、毒力基因、系统发育关系、耐药表型。**结果** 在99株沙门氏菌中共检出25种血清型和21种ST型, 鼠伤寒沙门氏菌占比最高(42.42%), 其在腹泻患者分离株中占比达56.25%。优势ST型为ST19(26.26%)、ST34(19.19%)和ST11(14.14%), ST19型在腹泻患者分离株中占比最高(37.50%)。共检测出28种耐药基因, 20种耐药基因检出率为100%, 耐药基因 *TEM-1* 在腹泻患者分离株中检出率最高(75.00%), 差异具有统计学意义($\chi^2=15.72, P<0.001$)。毒力基因共检出107种, 79种毒力基因检出率为100%, *sodCI* 和 *sseI/srfH* 毒力基因在腹泻患者分离株中检出率显著(77.08%), 差异具有统计学意义($\chi^2=4.55, P=0.036$)。耐药基因 *TEM-1*、*tet(B)*、*AAC(6')-Iaa* 与多种毒力基因具有显著相关性。系统发育分析显示, 99株沙门氏菌共分为6个主要分支, 其中分支I菌株毒力基因数量最高(106.96 ± 0.20), 腹泻患者分离株的占比也最大(68.00%)。耐药分析显示, 沙门氏菌分离株对氨苄西林(65.66%)和四环素(59.60%)具有高耐药性。**结论** 宜兴地区沙门氏菌血清型、ST型、耐药表型种类多样, 具有一定的多重耐药性, 且呈现耐药与毒力基因协同的特征, 应注意抗生素使用并进行耐药与毒力基因的协同监测。

关键词: 沙门氏菌; 血清学分型; 全基因组学; 宜兴地区

中图分类号: R378.22; R446.5 **文献标志码:** A **文章编号:** 1671-7414(2026)03-080-07

doi: 10.3969/j.issn.1671-7414.2026.03.015

A Study on the Serotyping and Whole-Genome Characteristics of 99 *Salmonella* Strains Collected in Yixing, Jiangsu Province (2023~2024)

LIU Yuanshan, QIAO Jianjian, ZHANG Tao, WU Yiqin

(Yixing Center for Disease Control and Prevention, Jiangsu Yixing 214206, China)

Abstract: Objective To analyze the molecular epidemiological characteristics and antibiotic resistance profiles of *Salmonella* isolates in the Yixing region of Jiangsu Province, providing a scientific basis for regional *Salmonella* control and prevention. **Methods** Serotyping, whole-genome sequencing, and antimicrobial susceptibility testing were performed on 48 *Salmonella* strains isolated from patients with foodborne illnesses and 51 strains isolated from healthy food industry workers during physical examinations in Yixing City from 2023 to 2024. The analyses focused on serotyping, multilocus sequence typing (MLST), antibiotic resistance genes, virulence genes, phylogenetic relationships, and resistance phenotypes. **Results** Among the 99 *Salmonella* strains, 25 serotypes and 21 sequence types (ST) were identified. *Salmonella typhimurium* accounted for the highest proportion (42.42%), representing 56.25% of the isolates from diarrheal patients. The predominant ST types were ST19 (26.26%), ST34 (19.19%), and ST11 (14.14%), with ST19 being the most prevalent among isolates from diarrheal patients (37.50%). A total of 28 antimicrobial resistance genes were detected, 20 of which were present in all isolates. The *TEM-1* gene showed a significantly higher prevalence in isolates from diarrheal patients (75.00%, $\chi^2=15.72, P<0.001$). A total of 107 virulence genes were identified, with 79 genes present in all isolates. The detection rates of *sodCI* and *sseI/srfH* genes were significantly higher in isolates from diarrheal patients (77.08%, $\chi^2=4.55, P=0.036$). Correlation analysis revealed significant positive associations between the resistance genes *TEM-1*, *tet(B)*, *AAC(6')-Iaa*, and multiple virulence genes. Phylogenetic analysis classified the 99 isolates into six major clades, with clade I having the highest number of virulence genes (106.96 ± 0.20) and the greatest proportion of diarrheal patient isolates (68.00%). Antibiotic resistance analysis revealed that *Salmonella* isolates exhibited high resistance to Ampicillin (65.66%) and Tetracycline (59.60%). **Conclusions** *Salmonella* isolates in the Yixing region exhibit diverse serotypes, ST types, and resistance phenotypes, with a certain degree of multidrug resistance, and display characteristics of synergy between

基金项目: 宜兴市“陶都之光”科技攻关项目(2023SF25)。

作者简介: 刘远山(1995-), 男, 博士, 实验师, 研究方向: 实验室检验分析, E-mail: 936042873@qq.com。

通讯作者: 吴亦琴, 女, 硕士, 副主任技师, 研究方向: 微生物检验, E-mail: 363221168@qq.com。

resistance and virulence genes, showing the importance of prudent antibiotic use and the coordinated surveillance of both resistance and virulence genes.

Keywords: *Salmonella*; serotyping; whole genome sequencing; Yixing Region

沙门氏菌(*Salmonella*)是全球公认的导致人类急性细菌性肠胃炎的主要原因之一,由其引发的食源性疾病在全球范围内长期威胁公共卫生安全^[1]。沙门氏菌分型复杂多样,且多重耐药性问题持续加剧,导致临床治疗和疾病防控压力显著升高^[2]。近年来,全基因组测序技术的普及为病原菌精准分型、耐药与毒力机制解析提供了全新视角^[3]。本研究基于宜兴地区2023至2024年从食源性疾病患者腹泻粪便样品和健康从业人员粪便样本中分离的99株沙门氏菌,通过全基因组测序技术全面解析其ST型分布、耐药基因携带情况和毒力基因分布情况,并与抗生素耐药性检测结果相结合,系统评估本地区菌株的地域特征与流行病学风险,旨在为针对性优化抗菌治疗方案、制定区域性预防监测策略提供关键数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究对象 沙门氏菌共99株,48株从2023~2024年宜兴市医疗机构门诊食源性疾病患者腹泻粪便样品中分离获得(腹泻患者分离株),51株从健康从业人员体检粪便样品中分离所得(健康人员分离株)。所有菌株均由宜兴市疾病预防控制中心保存。

1.2 仪器与试剂 培养箱(美国Thermo Fisher Scientific公司);EXS1600全自动微生物质谱检测系统及质谱系统微生物样本预处理试剂盒(中国中元汇吉生物技术股份有限公司);PhoenixTM M50全自动微生物鉴定药敏分析及革兰氏阴性菌药敏测试板Phoenix 449480 RUONMIC-801(美国BD公司);沙门氏菌显色平板、血平板(法国CHROMagar公司);沙门氏菌诊断血清试剂盒(丹麦Statens Serum Institut)。以上试剂均在有效期内使用。

1.3 方法

1.3.1 菌种验证及血清分型:将收集到的沙门氏菌株按照《食品安全国家标准/食品微生物学检验/沙门氏菌检验》(GB 4789.4-2024)^[4]进行培养,接种血平板进行纯化,经EXS1600全自动微生物质谱检测系统复核鉴定后,使用沙门氏菌诊断血清进行血清凝集分型。对照White-Kauffmann-Le Minor抗原表确认沙门氏菌血清型。

1.3.2 全基因组测序及生物信息学分析:99株沙门氏菌的DNA提取、二代测序、组装均由伯杰科技有限公司完成。生物项目数据NMDC10019769存储在微生物科学数据中心(National Microbiology Data Center, NMDC)(<https://nmdc.cn/resource/genomics/project/detail/NMDC10019769>)。将从公司获得拼装后的fasta文件利用Prokka(version 1.13)工具进行注

释^[5]。使用多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)(version 2.23.0)工具^[6],比对*aroC*、*dnaD*、*hemD*、*hisD*、*purE*、*sucA*以及*thrA*这7个管家基因,获得菌株的ST分型。利用Python的NetworkX库构建基于MLST的最小生成树。使用ABRicate(version 1.0.1)的VFDB库进行毒力基因标注,使用ABRicate的CARD库进行耐药基因标注。使用realphy(version 1.12)对99株沙门氏菌的全基因组进行比对^[7],使用Puzzle tree(version 5.3.rc16)的最大似然法进行进化树构建。以上工具均于本地Linux系统中利用Conda安装并使用。最后使用Evolview对构建后进化树进行标注与上色。

1.3.3 耐药基因与毒力基因的共现网络分析:基于Python 3.10构建了耐药基因和毒力基因的共现网络,省略了在99株菌株中均出现的基因。使用NetworkX生成无向图,将耐药基因置于正中,毒力基因于左右两侧环绕。节点大小和线条粗细根据基因的共现频率按比例进行缩放,筛选共现强度排名前10%的关键基因节点,将这些关键基因节点发出的所有连接为红色,其他线条为灰色。

1.3.4 药敏试验:采用微量肉汤稀释法,使用BD Phoenix M50仪器测定抗菌药物对沙门氏菌的最小抑菌浓度,包括头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、氨苄西林(Ampicillin, AMP)、厄他培南(Ertapenem, ETP)、美罗培南(Meropenem, MEM)、亚胺培南(Imipenem, IPM)、四环素(Tetracycline, TET)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、阿奇霉素(Azithromycin, AZM)、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑(Sulfamethoxazole-Trimethoprim, SXT),质控菌株为大肠埃希氏菌ATCC25922。根据2024年美国临床和实验室标准化委员会制定的微生物药物敏感性试验执行标准M100判定敏感、中介及耐药^[8]。

1.4 统计学分析 数据使用Python 3.10及其统计库进行分析。计数资料以率表示,组间比较采用Fisher精确检验,双侧检验, $P < 0.05$ 为差异具有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 沙门氏菌血清型分布情况 99株沙门氏菌共分为25种血清型,其中鼠伤寒沙门氏菌(*S. Typhimurium*)为优势血清型,占比42.42%(42/99),其次为肠炎沙门氏菌(*S. Enteritidis*)10.10%(10/99)。腹泻患者分离株的优势血清型为鼠伤寒沙门氏菌56.25%(27/48),肠炎沙门氏菌16.67%(8/48)。健康人员分离株的优势血清型为鼠伤寒沙门氏菌29.41%(15/51),伦敦沙门氏菌(*S. London*)13.73%(7/51),见图1。

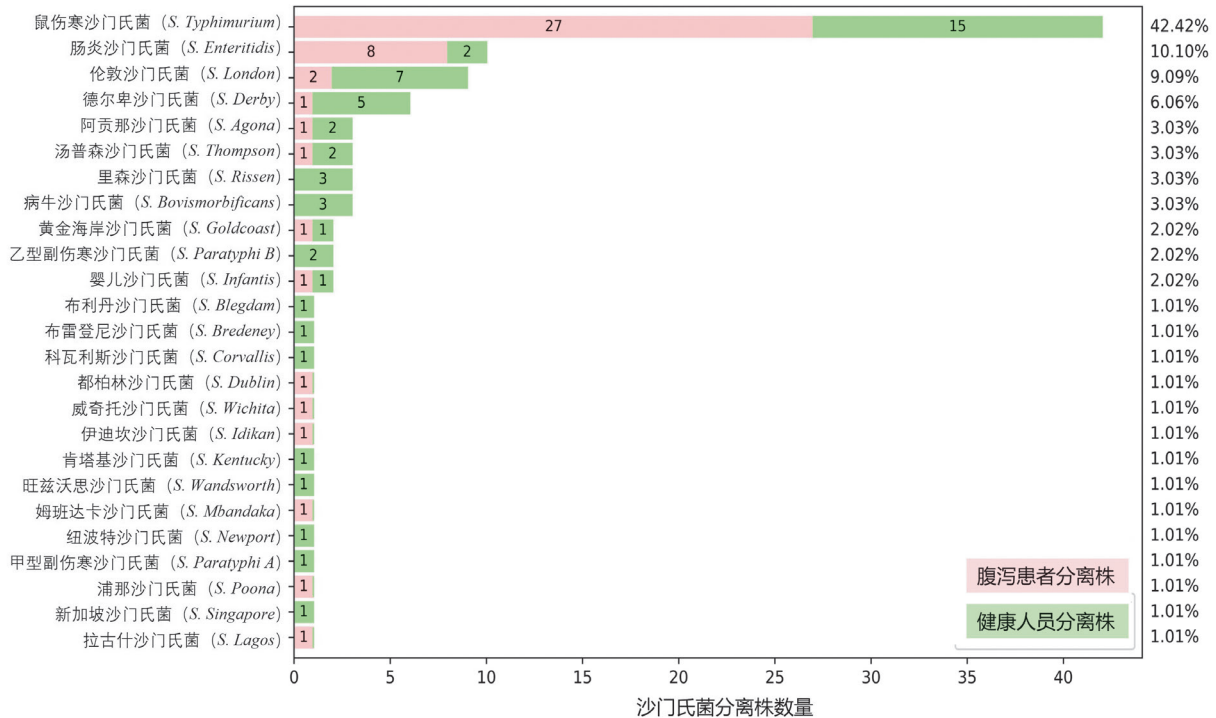


图1 不同来源沙门氏菌分离株的血清型分布特征

2.2 沙门氏菌ST型分布情况 经全基因组测序获得序列后,通过MLST比对鉴定共有21种ST型,其中占比最大的前三种优势ST型分别是:ST19型26.26%(26/99)、ST34型19.19%(19/99)、ST11型14.14%(14/99)。腹泻患者分离株的优势ST型为ST19型37.50%(18/48)、ST34型比例为20.83%(10/48)、ST11型比例为16.67%(8/48)。健康人员分离株的优势ST型为ST34型17.65%(9/51)、ST19型比例为15.69%(8/51)、ST11型比例为11.76%(6/51)。图2最左侧是依据MLST分型构建的最小生成树。

2.3 耐药基因分布 依据CARD耐药基因数据库,99株沙门氏菌共检测出28种耐药基因。图2展示了8种耐药基因,所有菌株均含以下20种基因(未在图中展示):耐药-结缔化-细胞分化(resistance-nodulation-cell division, RND)抗生素外排泵基因(*CRP*、*sdiA*、*baeR*、*cpxA*、*acrA*、*acrB*、*acrD*、*mdtB*、*mdtC*),主要促进剂超家族(major facilitator superfamily, MFS)抗生素外排泵基因(*emrA*、*emrB*、*emrR*),多药及毒性化合物排出(multidrug and toxic compound extrusion, MATE)转运体基因(*mdtK*),kdpDE基因(*kdpE*),ATP结合盒(ATP-binding cassette, ABC)抗生素外排泵基因(*yojI*、*MsbA*),十一异戊烯焦磷酸相关蛋白基因(*BacA*),H-NS同时归属于(RND抗生素外排泵基因、MFS抗生素外排泵基因),marA同时归属于(RND抗生素外排泵基因、降低 β -内酰胺类药物通透性的通用细菌孔蛋白基因),*tolC*同时归属于(RND抗生素外排泵基因、MFS抗生素外排泵基因、ABC抗生素外

排泵基因)。此处分类参考CARD AMR Gene Family (<https://card.mcmaster.ca>)。对所有耐药基因与样本来源构建相关性分析,其中仅耐药基因*TEM-1*(广谱 β -内酰胺酶基因)与样本来源具有统计学相关性,耐药基因*TEM-1*在腹泻患者分离株中阳性率为75.00%(36/48),显著高于健康人员分离株的35.30%(18/51),差异具有统计学意义($\chi^2=15.72$, $P<0.001$)。

2.4 毒力基因分布 依据VFDB毒力基因数据库,99株沙门氏菌检测出107种毒力基因。图2展示了28种毒力基因,所有菌株均含以下79种基因(未在图中展示):Curli纤维相关基因(*csgA*、*csgB*、*csgC*、*csgD*、*csgE*、*csgF*、*csgG*),I型菌毛相关基因(*fimC*、*fimD*、*fimF*、*fimH*、*fimI*),T3SS(SPI-1编码)侵袭相关基因(*invA*、*invB*、*invC*、*invE*、*invF*、*invG*、*invH*、*invI*、*invJ*),镁离子调控基因(*mgtB*、*mgtC*),T3SS(SPI-1编码)效应蛋白基因(*sicA*、*sicP*、*sipA*/*sspA*、*sipB*/*sspB*、*sipC*/*sspC*、*sipD*、*slrP*、*sopA*、*sopB*/*sigD*、*sopD*、*sopE2*、*sptP*),T3SS(SPI-1编码)相关分泌结构蛋白基因(*spaO*、*spaP*、*spaQ*、*spaR*、*spaS*),T3SS(SPI-2编码)效应蛋白基因(*pipB*、*sifA*、*sifB*、*spiC*/*ssaB*、*sseA*、*sseB*、*sseC*、*sseD*、*sseE*、*sseF*、*sseG*、*sseL*、*steA*、*steC*),TTSS(SPI-2编码)分泌结构蛋白基因(*sscA*、*sscB*、*ssaC*、*ssaD*、*ssaE*、*ssaG*、*ssaH*、*ssaI*、*ssaK*、*ssaL*、*ssaM*、*ssaN*、*ssaO*、*ssaP*、*ssaQ*、*ssaR*、*ssaS*、*ssaT*、*ssaU*、*ssaV*),抗菌肽耐药蛋白基因Mig-14(*mig-14*),外膜蛋白A基因(*ompA*),肠毒素样蛋白基因(*sinH*),铁载体相关基因(*fepG*),异分支酸酶基因(*entB*)。对沙门氏菌

毒力基因与样本来源进行了相关性分析,其中仅超氧化物歧化酶基因 *sodCI* 和 T3SS(SPI-2 编码)半胱氨酸蛋白酶效应蛋白基因 *ssel/srfH* 与样本来源具有统计学相关性。*sodCI* 和 *ssel/srfH* 在腹泻患者分离株

和健康人员分离株中占比均相同,在腹泻患者分离株中的阳性率均为 77.08%(37/48),均显著高于健康人员分离株的阳性率 56.86%(29/51),差异具有统计学意义($\chi^2=4.55, P=0.036$)。

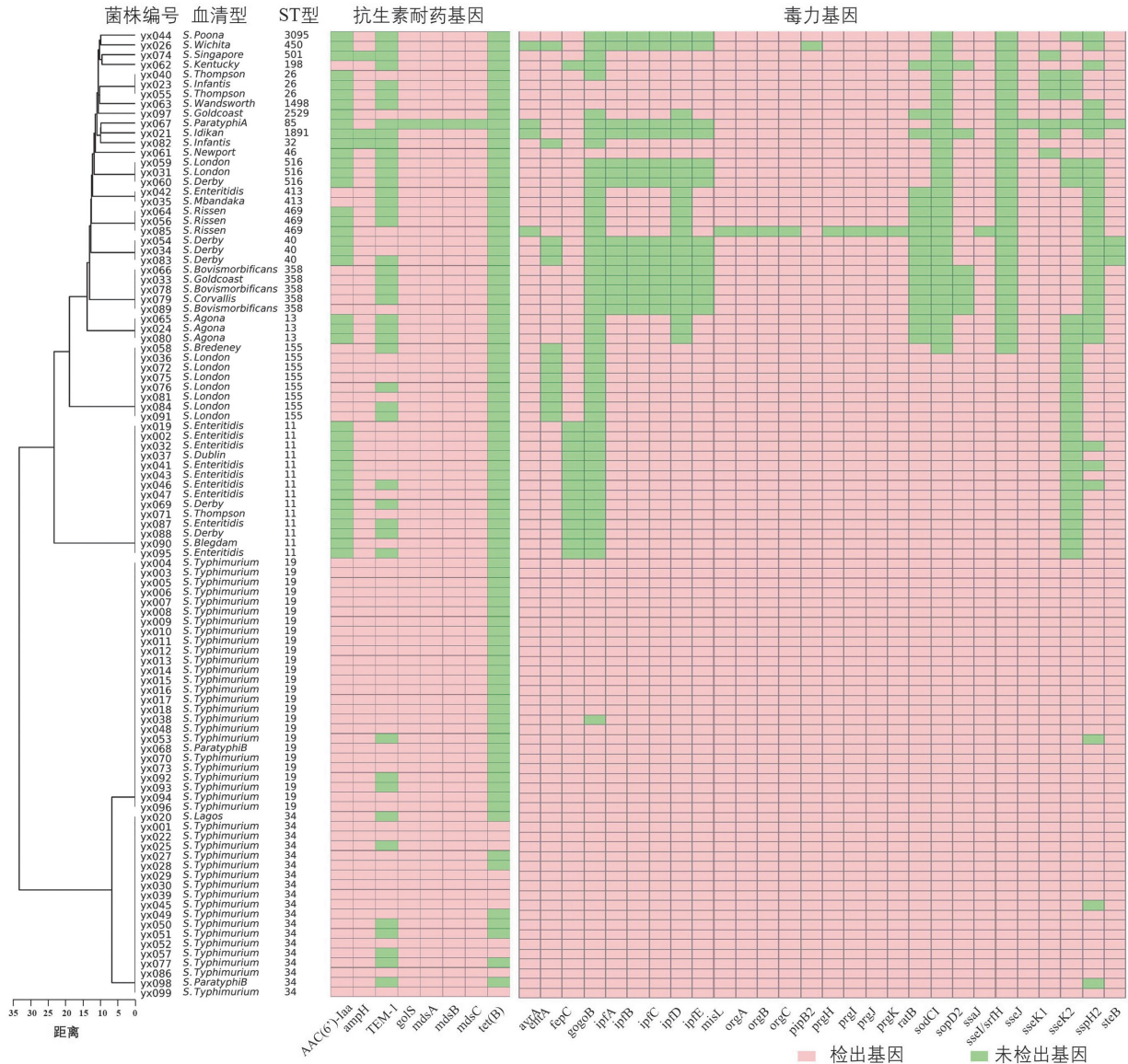


图2 耐药基因与毒力基因分布热图

2.5 毒力基因与耐药基因的相关性分析 见图3,对毒力基因和耐药基因进行相关性检验,并绘制热图(若某毒力基因与所有耐药基因,或某耐药基因与所有毒力基因的相关性P值均>0.05,则在图中略去)。耐药基因 *AAC(6')-Iaa* (氨基糖苷乙酰转移酶基因)、*tet(B)* (四环素外排蛋白基因)、*TEM-1* 与多种毒力基因呈现显著相关性($P<0.05$),且都与毒力基因 *sodCI*、*ssel/srfH* 和 *gogB* (SPI-2 抗炎效应蛋白基因) 呈现显著相关性。

2.6 毒力基因与耐药基因的共现网络分析 图4构建了基于99株菌株的共现网络图,并以共现菌株数阈值为 $N \geq 50$ 和 $N \geq 10$ 进行分层展示。图4a-b在耐药基因为研究目标的共现网络中,耐药基因 *golS*

(*mdsABC* 外排泵调控因子基因)、*mdsA* (膜融合蛋白基因)、*mdsB* (内膜转运蛋白基因)、*mdsC* (外膜通道蛋白基因) 在两个阈值下均显示为高共现基因。图4a中耐药基因 *tet(B)* 与毒力基因无共现,图4b中则出现了少量共现。图4c~d在以毒力基因为研究目标的共现网络中,毒力基因 *misL* (自分泌黏附素基因)、*orgA/B/C* (SPI-1 系统结构蛋白基因)、*pipB2* (SPI-2 系统效应蛋白基因)、*prgH/I/J/K* (针状体结构蛋白基因)、*ssaJ* (SPI-2 系统环蛋白基因)、*sseJ* (SPI-2 系统 T3SS 效应蛋白基因) 在两个阈值下均显示为高共现基因。图4c中毒力基因 *gogB* (SPI-2 抗炎效应蛋白) 与耐药基因无共现,图4d中则出现了少量共现。

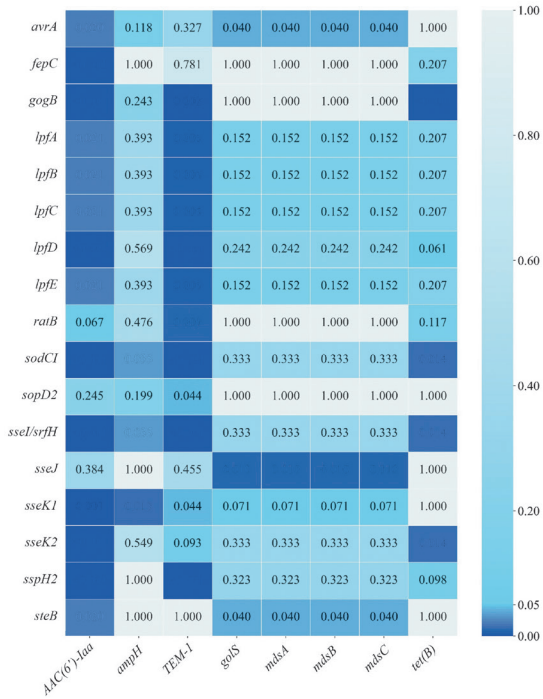
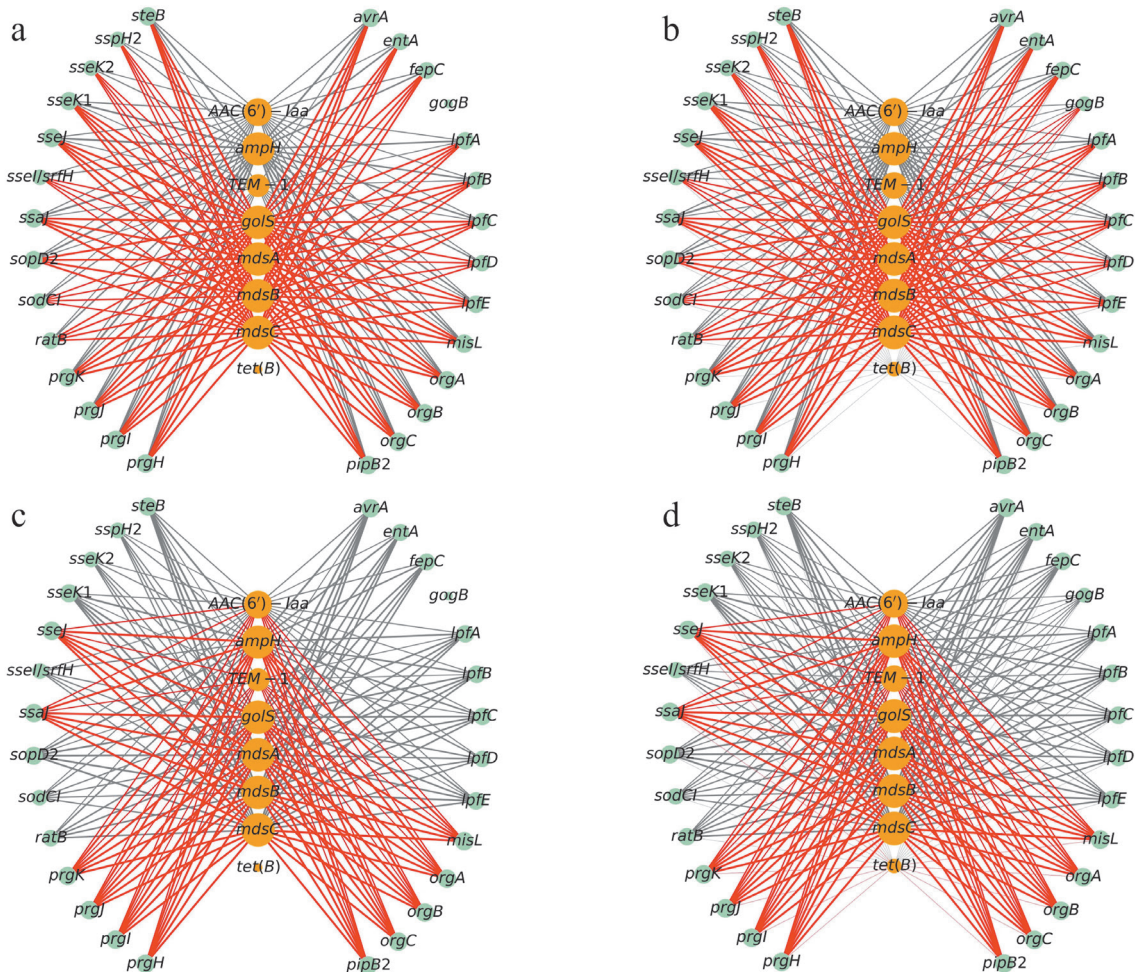


图3 毒力基因与耐药基因的关联热图

2.7 系统发育关系分析 见图5。基于全基因组序列

构建的系统发育树分析表明, 99株沙门氏菌可划分为6个主要遗传分支, 其序列分型(ST型)与系统发育聚类呈现高度一致性。其中, 分支I由25株纯系ST19型菌株构成。分支II包含19株ST34型及1株ST19型菌株(yx038)。分支III由14株ST11型形成纯系聚类。分支IV则包含13种ST型菌株, 3株ST40, 2株ST413, 1株ST198, 5株ST358, 1株ST2529, 3株ST13, 3株ST469, 3株ST516, 1株ST450, 1株ST3095, 1株ST85, 1株ST32, 1株ST1891。分支V由8株ST155型菌株形成纯系聚类。分支VI包含4种ST型菌株, 1株ST46, 3株ST26, 1株ST1498, 1株ST501。其中yx038样本为ST19型, 但在系统发育树中与其他19株ST34型样本共同划分为分支II。

如表1所示, 统计了系统发育树每个分支的菌株数量、腹泻患者分离株比例、耐药基因数量、毒力基因数量。分支I中, 腹泻患者分离株占68.00%(17/25)显著高于健康人员分离株, 分支V的腹泻患者分离株比例最低12.50%(1/8), 其余分支的样本来源分布相对均衡。对各分支的毒力基因数量统计结果表明, 分支I(106.96 ± 0.20)与分支II(106.85 ± 0.37)的毒力基因数量最高, 分支IV的毒力基因数量最低(97.46 ± 3.02)。



a. 耐药基因为研究目标 ($n \geq 50$); b. 耐药基因为研究目标 ($n \geq 10$); c. 毒力基因为研究目标 ($n \geq 50$); d. 毒力基因为研究目标 ($n \geq 10$)。

图4 耐药基因和毒力基因在沙门氏菌分离株共现网络的可视化图

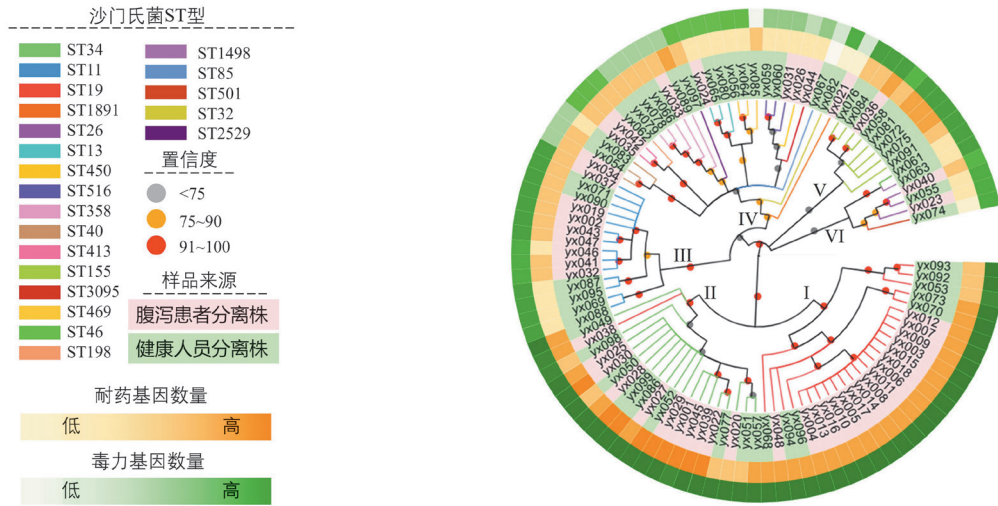


图5 2023~2024年宜兴市99株沙门氏菌系统发育树

表1 系统发育树各分支菌株的样本来源与基因特征统计

进化树分支	菌株数量	腹泻患者分离株比例	耐药基因数量	毒力基因数量
I	25	68.00%	26.88 ± 0.33	106.96 ± 0.20
II	20	55.00%	27.20 ± 0.83	106.85 ± 0.37
III	14	57.14%	25.64 ± 0.50	103.79 ± 0.43
IV	26	34.62%	25.24 ± 1.13	97.46 ± 3.02
V	8	12.50%	26.50 ± 0.53	103.75 ± 0.71
VI	6	33.33%	25.00 ± 0.63	103.17 ± 0.75

2.8 药物敏感性试验结果 本研究对99株沙门氏菌分离株进行了药物敏感性试验。其中, AMP耐药率最高, 为65.66%(65/99); TET耐药率为59.60%(59/99); CTX耐药率为10.10%(10/99); SXT耐药率为27.27%(27/99); CIP和AZM耐药率均为11(11.11%)。此外, 所有菌株对ETP、MEM、IPM均表现为完全无耐药性。随后分析了99株沙门氏菌分离株的多重耐药性, 结果表明15.15%(15/99)的菌株对4类及以上抗菌药物具有耐药性, 3.03%(3/99)对6类及以上药物耐药, 而28.28%(28/99)的菌株对所有检测抗生素均表现为无耐药性。对抗生素与沙门氏菌分离株样本来源进行了相关性分析, 结果表明部分抗生素的耐药率在腹泻患者分离株与健康人群分离株之间存在显著差异。AMP的耐药率在腹泻患者分离株中为81.25%(39/48), 显著高于健康人群分离株的50.98%(26/51); TET的耐药率在腹泻患者分离株中为70.83%(34/48), 显著高于健康人群分离株的49.02%(25/51); 差异具有统计学意义($\chi^2=10.05, 4.89$, 均 $P<0.05$)。SXT的耐药率在腹泻患者分离株中为16.67%(8/48), 低于健康人群分离株的37.25%(19/51)差异具有统计学意义($\chi^2=5.28, P<0.05$)。而CTX、

CIP、AZM、ETP、MEM、IPM在不同来源菌株间的耐药性差异均无显著统计学意义($P>0.05$)。

3 讨论

沙门氏菌是一类具有复杂分型和高度适应性的肠道致病菌, 是全球范围内引起食源性疾病暴发的主要病原体之一。其多重耐药性发展与毒力增强不仅增加了感染后的治疗难度, 也对公共卫生安全构成了挑战。因此, 结合药敏检测与全基因组测序方法, 分析本地区沙门氏菌的流行特征, 对于科学防控具有重要意义。

研究显示, 宜兴地区沙门氏菌主要优势血清学分型为鼠伤寒沙门氏菌(占比42.42%), 其次为肠炎沙门氏菌(占比10.10%), 这与无锡市^[9]、苏州市^[10]报道的沙门氏菌的血清型别类似, 但具体构成比例存在一定差异。MLST分型结果显示, ST19、ST34和ST11为本地区主要流行型别, 这与苏州市^[11]、杭州市^[12]报道的沙门氏菌的主要ST型别类似, 但宜兴市以ST19型占比最高(占比26.26%)。以上结果表明宜兴地区沙门氏菌主要血清型和ST型具有一定地域特征。

本研究通过相关性分析与共现网络构建, 研究了沙门氏菌中耐药与毒力基因的关联特征。采用

Fisher精确检验评估了两类基因出现是否具有显著相关性,参考HIGGINS等人^[13]网络可视化的方法,对耐药与毒力基因共现频率进行了可视化。相关性分析与共现网络结果表明,部分毒力基因与耐药基因虽频繁共现但无统计学相关性,后续需要进一步研究这些基因的相互作用关系。进化树分支的统计结果表明,ST19型与ST34型菌株携带毒力基因数量最多,ST155型菌株毒力基因携带数量最低。其中ST19型为高致病菌株,需对其严密监控。

本研究中的耐药性分析表明,沙门氏菌对APM(65.66%)与TET(59.60%)具有高耐药率,与邻近城市近年耐药监测趋势高度一致^[14],在治疗因沙门氏菌引起的疾病时,需要考虑到其耐药性。而沙门氏菌对碳青霉烯类药物高度敏感,后续需要进一步探究其是否可作为治疗本地沙门氏菌重症感染患者的高优先级药物。

综上所述,宜兴地区沙门氏菌感染呈现毒力与耐药基因协同演化的复杂特征,研究发现菌株毒力基因与耐药基因存在协同富集现象。因此,需要建立覆盖临床治疗、食品卫生的双重防控体系,规范抗生素使用并监测菌株的耐药情况,从而有效防控沙门氏菌带来的公共卫生风险。本研究的不足之处在于相关基因分析未涉及功能表达层面,后续可结合多组学方法深入研究沙门氏菌致病性机制。

参考文献:

- [1] 王维, 王林. 2018~2020年西安地区儿童食源性腹泻病原菌分布特征和耐药性及鼠伤寒沙门菌聚类分析[J]. 现代检验医学杂志, 2021, 36(4): 51-54, 80.
WANG W, WANG L. Analysis of pathogen distribution and drug resistance of food-borne diarrhea in children of Xi'an area from 2018 to 2020[J]. Journal of Modern Laboratory Medicine, 2021, 36(4): 51-54, 80.
- [2] 严海忠, 王娟, 罗锡华, 等. 2012~2016年广东省中山社区鼠伤寒沙门菌同源性分析及对喹诺酮类药物耐药机制研究[J]. 现代检验医学杂志, 2018, 33(4): 63-66, 69.
YAN H Z, WANG J, LUO X H, et al. Study on the homology and resistance mechanism of *Salmonella Typhimurium* to quinolone from 2012 to 2016 in Zhongshan community of Guangdong province[J]. Journal of Modern Laboratory Medicine, 2018, 33(4): 63-66, 69.
- [3] 孙炳欣, 李月婷, 武艳立, 等. 2018~2021年长春市沙门菌的分子特征及全基因组分型研究[J]. 微生物与感染, 2024, 19(2): 65-71.
SUN B X, LI Y T, WU Y L, et al. Molecular characteristics and whole genome typing of *Salmonella* in Changchun from 2018 to 2021[J]. Microbes and Infection, 2024, 19(2): 65-71.
- [4] 中华人民共和国国家卫生健康委员会, 国家市场监督管理总局. GB 4789.4-2024: 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验[S]. 北京: 中国标准出版社, 2024.
National Health Commission of the People's Republic of China, State Administration for Market Regulation. GB 4789.4-2024: National food safety standard, microbiological examination of food, examination of *Salmonella*[S]. Beijing: Standards Press of China, 2024.
- [5] SEEMANN T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation[J]. Bioinformatics, 2014, 30(14): 2068-2069.
- [6] JOLLEY K A, MAIDEN M C J. BIGSdb: scalable analysis of bacterial genome variation at the population level[J]. BMC Bioinformatics, 2010, 11: 595.
- [7] BERTELS F, SILANDER O K, PACHKOV M, et al. Automated reconstruction of whole-genome phylogenies from short-sequence reads[J]. Molecular Biology and Evolution, 2014, 31(5): 1077-1088.
- [8] CLSI M100-Ed34. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2024.
- [9] 韩毅, 沙丹, 张娜娜, 等. 2017~2020年江苏省无锡市沙门菌的血清型与耐药性研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(6): 1172-1178.
HAN Y, SHA D, ZHANG N N, et al. Study on the serotype and drug resistance of *Salmonella* in Wuxi City, Jiangsu Province from 2017 to 2020[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(6): 1172-1178.
- [10] 栾杭琪, 张梦寒, 朱莉勤, 等. 苏州市2019~2023年食源性沙门菌血清型分布及耐药特征[J]. 江苏预防医学, 2024, 35(5): 615-618.
LUAN H Q, ZHANG M H, ZHU L Q, et al. Serotype distribution and drug-resistant characteristics of foodborne *Salmonella* in Suzhou city from 2019 to 2023[J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2024, 35(5): 615-618.
- [11] 王小龙, 邹文燕, 朱莉勤, 等. 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 X L, ZOU W Y, ZHU L Q, et al. Serotypes, drug resistance, and multilocus sequence types of *Salmonella* isolates in Suzhou[J]. Microbiology, 2024, 51(10): 4245-4256.
- [12] YU L F, FAN J Z, LU S S, et al. Prevalence, antimicrobial resistance, and genomic characterization of *Salmonella* strains isolated in Hangzhou, China: a two-year study[J]. Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials, 2024, 23(1): 86.
- [13] HIGGINS D, MUKHERJEE N, PAL C, et al. Association of virulence and antibiotic resistance in *Salmonella*-statistical and computational insights into a selected set of clinical isolates[J]. Microorganisms, 2020, 8(10): 1465.
- [14] 邹志云, 严昕宇, 朱惠芳. 2017年无锡地区食品从业人员及食源性疾病患者中分离沙门菌耐药情况[J]. 江苏预防医学, 2020, 31(5): 578-581.
ZOU Z Y, YAN X Y, ZHU H F. Antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from food workers and foodborne disease patients in Wuxi in 2017[J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2020, 31(5): 578-581.

收稿日期: 2025-06-06

修回日期: 2025-07-15