DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20251209005
引用格式: 郝世轩, 张潇丹, 陶俊杰, 等. 镇江地区食源性沙门氏菌的时空分布和耐药性研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(8): 143–149.
HAO SX, ZHANG XD, TAO JJ, *et al*. Study on the spatiotemporal distribution and drug resistance of foodborne *Salmonella* in Zhenjiang Region [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(8): 143–149. (in Chinese with English abstract).

镇江地区食源性沙门氏菌的时空分布和耐药性研究

郝世轩, 张潇丹, 陶俊杰, 徐 虹, 许金凤*

(镇江市疾病预防控制中心, 镇江 212000)

摘 要: 目的 研究镇江地区食源性沙门氏菌的时空分布及耐药性。**方法** 2021—2024 年根据《江苏省食源性疾病监测工作手册》对镇江市 4 个市区哨点医院的食源性腹泻样本(粪便)开展沙门氏菌的分离培养及血清学分型, 并采用微量肉汤稀释法进行药敏试验。**结果** 2547 份食源性腹泻样本中检出沙门氏菌 117 株, 沙门氏菌的检出率为 4.59%。其中, 夏秋季样本量较多, 阳性检出率较高(5.31%和 4.75%), 不同季节沙门氏菌的检出率差异有统计学意义(χ^2=6.61, P<0.05)。润州区和丹阳市(8.23%、7.77%)的沙门氏菌检出率显著高于其他地区(χ^2=66.622, P<0.05), 镇江地区优势血清型为鼠伤寒沙门氏菌(45.30%)。本地区沙门氏菌的耐药率较高(82.05%), 对氨苄西林耐药率最高(82.05%), 其次是四环素(70.09%)和氨苄西林/舒巴坦(64.10%)、氯霉素(52.14%)等, 多重耐药率占 75.21%, 多重耐药谱呈现 52 种, 多重耐药谱以氨苄西林-氨苄西林/舒巴坦-四环素-氯霉素-复方新诺明(12.50%)和氨苄西林-氨苄西林/舒巴坦-萘啶酸-多粘菌素 E (7.95%)为主。**结论** 镇江地区食源性沙门氏菌夏秋季高发, 润州区和丹阳市检出率较高, 血清型多样化, 菌株呈现高耐药率及复杂的多重耐药谱。该结果为当地食源性疾病的精准预警、临床经验性用药指导以及抗生素耐药性监测政策的制定提供了关键科学依据。

关键词: 沙门氏菌; 时空分布; 耐药性

Study on the spatiotemporal distribution and drug resistance of foodborne *Salmonella* in Zhenjiang Region

HAO Shi-Xuan, ZHANG Xiao-Dan, TAO Jun-Jie, XU Hong, XU Jin-Feng*

(*Zhenjiang Center for Disease Control and Prevention*, *Zhenjiang* 212000, *China*)

ABSTRACT: Objective To study the spatiotemporal distribution and drug resistance of foodborne *Salmonella* in Zhenjiang Region. **Methods** From 2021 to 2024, according to the *Jiangsu Province foodborne disease surveillance work manual*, stool samples from foodborne diarrhea cases were collected from sentinel hospitals in 4 urban districts of Zhenjiang City. *Salmonella* isolation and cultivation, serotyping and drug sensitivity tests (using the broth

收稿日期: 2025-12-09
基金项目: 镇江市社会发展指导性科技项目(FZ2024106); 镇江市社会发展面上项目(SH2024009); 江苏省预防医学科研项目(Ym2023094)
第一作者: 郝世轩(1979—), 男, 副主任技师, 主要研究方向为病原微生物检测。E-mail: 383232612@qq.com
***通信作者:** 许金凤(1981—), 女, 硕士, 主任技师, 主要研究方向为病原微生物检测。E-mail: 642095775@qq.com

microdilution method) were performed. **Results** Out of 2547 samples of foodborne diarrhea, 117 strains of *Salmonella* were detected, with a detection rate of 4.59%. Among them, the sample size was larger in summer and autumn, with higher positive detection rates (5.31% and 4.75%). There was a statistically significant difference in the detection rate of *Salmonella* in different seasons (χ^2=6.61, P<0.05). The detection rates of *Salmonella* in Runzhou District and Danyang City (8.23%, 7.77%) were significantly higher than those in other areas (χ^2=66.622, P<0.05). The predominant serotypes in Zhenjiang Area were *Salmonella typhimurium* (45.30%). The drug resistance rate of *Salmonella* in this area was high (82.05%). The highest resistance was to ampicillin (82.05%), followed by tetracycline (70.09%) and ampicillin/sulbactam (64.10%), chloramphenicol (52.14%) and so on, and the situation of multidrug resistance was 75.21%, with a multidrug resistance spectrum of 52, mainly ampicillin-ampicillin/sulbactam-tetracycline-chloramphenicol-sulfamethoxazole-trimethoprim (12.50%) and ampicillin-ampicillin/sulbactam-nalidixic acid-polymyxin E (7.95%). **Conclusion** Foodborne *Salmonella* in Zhenjiang region has a high incidence in summer and autumn, with relatively high detection rates in Runzhou District and Danyang City. The serotypes are diverse, and the strains exhibit high antibiotic resistance rates and complex multidrug resistance spectrum. These results provide a key scientific basis for precise early warning of local foodborne diseases, guidance for empirical clinical medication, and the formulation of antibiotic resistance monitoring policies.

KEY WORDS: *Salmonella*; spatiotemporal distribution; drug resistance

0 引 言

食源性疾病是全球重大公共卫生挑战，沙门氏菌是其主要病原之一。我国每年由该菌引起的肠胃炎病例约达 987 万例[1]。该菌广泛存在于动物及食品供应链中，可通过污染食品感染人类，已知血清型超 2600 种，其中鼠伤寒与肠炎沙门氏菌为我国主要流行型别[2]。近年来，抗生素滥用导致其耐药问题日益严峻，多重耐药菌株的出现给临床治疗和公共卫生防控带来巨大压力，现有研究显示，沙门氏菌的流行特征具有显著的食品、地域和时间差异[3−4]，但对中小城市、特别是食品流通活跃地区的系统监测仍较为缺乏。

镇江地处江苏南部，交通发达，餐饮密集，食品流通频繁，食源性疾病风险较高，然而，该地区沙门氏菌的流行规律与耐药态势尚不明晰。因此，本研究基于 2021—2024 年镇江市食源性疾病监测数据，拟系统分析沙门氏菌检出率的时空分布、主要血清型构成及耐药谱演变。本研究首次在镇江地区开展多年度、多监测点的沙门氏菌系统调查，整合时空分析与耐药性研究，旨在建立本地耐药基线，为区域化精准防控与临床合理用药提供科学依据；为追踪本地区沙门氏菌的血清型变迁、耐药基因传播积累基线数据；也可为本地区乃至江苏省类似食源性病原监测提供方法学参考；长期开展此类监测有助于评估防控措施效果，并为应对新发耐药株提供早期预警能力。

1 材料与方法

1.1 样本来源

本研究来自江苏省食源性疾病主动监测项目，选择镇江市 4 个市区(丹阳市、句容市、润州区、丹徒区)的 4 家医院作为哨点医院，根据《江苏省食源性疾病监测工作手册》采样要求[5]，采集食源性疾病腹泻患者的粪便样本，进行沙门氏菌的分离鉴定、血清分型及药敏试验。病例定义：以腹泻症状为主，每日排便大于等于 3 次，且粪便性状异常(稀便、水样便、黏液便或脓血便等)[5]。

1.2 仪器与试剂

VITEK 2 COMPACT 全自动生化鉴定仪(法国生物梅里埃股份有限公司)；Vizion 全自动药敏仪及判读系统(美国赛默飞世尔科技公司)。

改良亚硒酸盐磺绿增菌肉汤(selenite brilliant green sulfa enrichment broth, SBG)、木糖-赖氨酸-脱氧胆酸琼脂(xylose-lysine-deoxycholic acid agar, XLD)(广东环凯微生物科技有限公司)；沙门氏菌显色培养基(法国科玛嘉微生物技术有限公司)；革兰氏阴性细菌鉴定卡(法国生物梅里埃股份有限公司)；沙门氏菌诊断血清(宁波天润生物药业有限公司和丹麦国家血清研究院 SSI)；革兰阴性菌药敏板[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]。上述试剂均在有效期内使用，并已进行试剂验收。

1.3 分离鉴定

食源性沙门氏菌的分离鉴定方法参照《江苏省食源性疾病监测工作手册》中沙门氏菌检验操作程序：样本采集(粪便)→增菌(SBG)→分离培养(沙门氏菌显色平板/XLD 平板)→生化鉴定→血清学鉴定[6]。

1.4 药敏检测

采用微量肉汤稀释药敏板法，根据美国临床和实验室标准化协会会(Clinical and Laboratory Standards Institute,

CLSI)[7]文件推荐的药敏试验抗菌药物选择原则, 对沙门氏菌进行食品风险监测推荐的 10 类 15 种抗生素检测: 即氨苄西林(ampicillin, AMP)、AMP/舒巴坦(ampicillin/sulbactam, AMS)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、阿奇霉素(azithromycin, AZM)、四环素(tetracycline, TET)、头孢唑啉(cefazolin, CFZ)、头孢西丁(cefoxitin, CFX)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、萘啶酸(nalidixic acid, NAL)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、亚胺培南(imipenem, IPM)、复方新诺明(sulfamethoxazole-trimethoprim, SXT)、多粘菌素 E (polymyxin E, CT)。最小抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)药敏试验操作和结果判读严格按照说明书进行。以 1 种微生物对 3 类或以上抗生素同时耐药定义为多重耐药[8]。同时以大肠埃希氏菌 ATCC 25922 作为药敏检测质控菌株[8]。

1.5　数据处理

检测数据应用 WPS-Excel 2013 统计汇总, 计数资料采用[*n* (%)]表示, 统计采用 SPSS 19.0 统计软件对阳性率进行卡方(χ^2)检验或 Fisher 确切概率法分析, P<0.05 表示差异有统计学意义[5]。

2　结果与分析

2.1　沙门氏菌总体检出情况

2021—2024 年镇江市共检测 2547 份食源性疾病腹泻样本, 检出沙门氏菌 117 株, 沙门氏菌总检出率为 4.59%。其中, 2021 年沙门氏菌检出率为 3.61%, 2022 年沙门氏菌检出率为 4.12%, 2023 年沙门氏菌检出率为 2.76%, 2024 年沙门氏菌检出率为 7.53%, 不同年份间沙门氏菌的检出率差异有统计学意义(χ^2=19.938, P<0.05)。

2.2　沙门氏菌不同季节检出情况

2547 份食源性疾病样本, 除冬季采样量少, 未检出沙门氏菌外, 其他季节均有沙门氏菌的检出, 其中夏秋季沙门氏菌的检出率较高, 分别为 5.31%和 4.75%, 不同季节沙门氏菌的检出率差异有统计学意义(χ^2=6.61, P<0.05)。见表 1。

2.3　沙门氏菌不同地区检出情况

4 家哨点医院均有沙门氏菌的检出, 其中润州区和丹阳市的检出率较高(8.23%、7.77%), 句容市和丹徒区的检出率较低(1.54%和 0.94%)。不同地区沙门氏菌的检出率差异有统计学意义(χ^2=66.622, P<0.05)。具体检出情况见表 2。

表 1　2021—2024 年不同时间沙门氏菌检出情况
Table 1　Detection of *Salmonella* at different times from 2021 to 2024

季节	样本数/份	沙门氏菌	检出率/%
春季(3—5 月)	536	14	2.61
夏季(6—8 月)	1375	73	5.31
秋季(9—11 月)	631	30	4.75
冬季(12—2 月)	5	0	0.00
合计	2547	117	4.59

表 2　2021—2024 年不同地区沙门氏菌检测阳性情况
Table 2　Positive cases of *Salmonella* detected in different regions from 2021 to 2024

地区	样本数/份	沙门氏菌	检出率/%
丹阳市	631	49	7.77
句容市	649	10	1.54
丹徒区	635	6	0.94
润州区	632	52	8.23
合计	2547	117	4.59

2.4　沙门氏菌血清学分布

4 年共检出 117 株沙门氏菌, 其中 2024 年检出量最高(52 株), 2022 年(26 株)和 2021 年(22 株)次之, 2023 年最少(17 株); 鼠伤寒沙门氏菌占比最多(53 株, 45.30%), 持续居高不下; 肠炎沙门氏菌(20 株, 17.09%)次之; 伦敦沙门氏菌第三(10 株, 8.55%); 2023 年检出多种本地罕见血清型(如斯特拉斯科纳、特勒凯比尔等), 具体血清学分布情况见表 3。

表 3　镇江地区食源性疾病沙门氏菌血清学分布
Table 3　Serological distribution of *Salmonella* in foodborne diseases in Zhenjiang Area

沙门氏菌血清型别	2024 年/株	2023 年/株	2022 年/株	2021 年/株	合计/株	构成比/%
鼠伤寒沙门氏菌	21	8	13	11	53	45.30
肠炎沙门氏菌	11	0	3	6	20	17.09
伦敦沙门氏菌	5	1	4	0	10	8.55
黄金海岸沙门氏菌	2	1	2	2	7	5.98
汤卜逊沙门氏菌	1	0	0	1	2	1.71
纽波特沙门氏菌	1	0	1	1	3	2.56
德尔卑沙门氏菌	2	0	1	0	3	2.56
蒙得维的亚沙门氏菌	2	0	0	0	2	1.71
肯塔基沙门氏菌	2	0	0	0	2	1.71
波茨坦沙门氏菌	0	0	1	0	1	0.85
姆班达卡沙门氏菌	0	0	1	0	1	0.85

表 3(续)

沙门氏菌血清型别	2024 年/株	2023 年/株	2022 年/株	2021 年/株	合计/株	构成比/%
罗安达沙门氏菌	0	0	0	1	1	0.85
罗森沙门氏菌	3	1	0	0	4	3.42
阿贡纳沙门氏菌	1	1	0	0	2	1.71
圣保罗沙门氏菌	1	0	0	0	1	0.85
斯坦利沙门氏菌	0	2	0	0	2	1.71
斯特拉斯科纳沙门氏菌	0	1	0	0	1	0.85
布轮登卢普沙门氏菌	0	1	0	0	1	0.85
特勒凯比尔沙门氏菌	0	1	0	0	1	0.85
合计	52	17	26	22	117	100.00

2.5 沙门氏菌的耐药情况

117 株沙门氏菌经药物敏感性试验, 有 96 株沙门氏菌对 1 类及以上抗生素耐药(耐药率 82.05%), 对 AMP 耐药率最高(82.05%), 其次是 TET (70.09%)和 AMS (64.10%)、CHL (52.14%); 对不同代的头孢类抗生素表现有差异, 一代头孢唑啉的耐药率最高(43.59%), 对三代 CTX、CAZ、二代 CFX 也表现出不同的耐药率(23.93%、15.38%、7.69%); 除了对碳青霉烯类 IPM 未产生耐药外, 其他均产生不同程度的耐药现象, 具体结果见表 4。

2.6 多重耐药谱分析

2021 至 2024 年检出的 117 株沙门氏菌, 出现多重耐药 88 株, 多重耐药率为 75.21% (88/117), 多重耐药谱达 52 种, 优势耐药谱为 AMP-AMS-TET-CHL-SXT, 构成比为 12.50%, 其次为 AMP-AMS-NAL-CT(占比 7.95%), 再次为 AMP-AMS-CFZ-NAL-CT(占比 6.82%), 具体见表 5。

表 4 2021—2024 年食源性疾病沙门氏菌对 10 类 15 种抗生素耐药情况

Table 4 Resistant situation of *Salmonella* in foodborne diseases to 15 kinds of antibiotics of 10 categories in 2021—2024

抗生素类别	抗生素名称	2024 年(*n*=52)	2023 年(*n*=17)	2022 年(*n*=26)	2021 年(*n*=22)	合计(*n*=117)
青霉素类	AMP	43 (82.69)	13 (76.47)	20 (76.92)	20 (90.91)	96 (82.05)
	AMS	27 (51.92)	8 (47.06)	20 (76.92)	20 (90.91)	75 (64.10)
头孢类	CFZ	22 (42.31)	10 (58.82)	6 (23.08)	13 (59.09)	51 (43.59)
	CAZ	9 (17.31)	3 (17.65)	2 (7.69)	4 (18.18)	18 (15.38)
	CTX	15 (28.85)	5 (29.41)	2 (7.69)	6 (27.27)	28 (23.93)
	CFX	4 (7.69)	2 (11.76)	0	3 (13.64)	9 (7.69)
碳青霉烯类	IPM	0	0	0	0	0
氨基糖苷类	GEN	10 (19.23)	4 (23.53)	5 (19.23)	4 (18.18)	23 (19.66)
大环内酯类	AZM	9 (17.31)	2 (11.76)	4 (15.38)	2 (9.09)	17 (14.53)
四环素类	TET	37 (71.15)	13 (76.47)	18 (69.23)	14 (63.64)	82 (70.09)
苯丙醇类	CHL	31 (59.62)	7 (41.18)	11 (42.31)	12 (54.55)	61 (52.14)
喹诺酮类	NAL	20 (38.46)	3 (17.65)	4 (15.38)	9 (40.91)	36 (30.77)
	CIP	16 (30.77)	4 (23.53)	4 (15.38)	5 (22.73)	29 (24.79)
磺胺类	SXT	26 (50.00)	10 (58.82)	9 (34.62)	11 (50.00)	56 (47.86)
环肽类	CT	11 (21.15)	0	3 (11.54)	6 (27.27)	20 (17.09)

注: 括号中数据单位为耐药率, 单位%。

表 5 2021—2024 年沙门氏菌多重耐药谱分布

Table 5 Distribution of multidrug resistance patterns of *Salmonella* in 2021—2024

	耐药谱	菌株数/株	构成比/%	耐药种类/类
1	AMP-CFZ-TET	1	1.14	3
2	AMP-TET-SXT	1	1.14	3
3	AMP-CHL-SXT	1	1.14	3
4	AMP-AMS-TET-CHL	1	1.14	3
5	AMP-AMS-TET-NAL	1	1.14	3
6	AMP-AMS-TET-SXT	1	1.14	3
7	AMP-AMS-NAL-CT	7	7.95	3
8	TET-NAL-CIP-CT	3	3.41	3
9	AMP-CFZ-TET-SXT	1	1.14	4
10	AMP-TET-CHL-NAL	1	1.14	4

表 5(续)

	耐药谱	菌株数/株	构成比/%	耐药种类/类
11	AMP-TET-CHL-SXT	3	3.41	4
12	AMP-AMS-CFZ-GEN-TET	1	1.14	4
13	AMP-AMS-CFZ-TET-SXT	1	1.14	4
14	AMP-AMS-CFZ-NAL-CT	6	6.82	4
15	AMP-AMS-GEN-TET-CHL	1	1.14	4
16	AMP-AMS-TET-CHL-SXT	11	12.50	4
17	AMP-AMS-CFZ-CTX-GEN-TET	1	1.14	4
18	AMP-AMS-CFZ-CTX-TET-CHL	2	2.27	4
19	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-TET-CHL	1	1.14	4
20	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-CFX-TET-CHL	2	2.27	4
21	AMP-CFZ-GEN-TET-SXT	1	1.14	5
22	AMP-CFZ-TET-CHL-SXT	1	1.14	5
23	AMP-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	5
24	AMP-TET-CHL-SXT-CT	1	1.14	5
25	AMP-CFZ-CTX-TET-CHL-SXT	1	1.14	5
26	AMP-AMS-CFZ-TET-CHL-SXT	1	1.14	5
27	AMP-AMS-CFZ-TET-NAL-CT	1	1.14	5
28	AMP-AMS-GEN-TET-CHL-SXT	1	1.14	5
29	AMP-AZM-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	5
30	AMP-AMS-CFZ-CTX-TET-CHL-SXT	2	2.27	5
31	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-GEN-CHL-SXT	1	1.14	5
32	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-TET-CIP-SXT	1	1.14	5
33	AMP-AMS-CFZ-CTX-TET-NAL-CIP-CT	1	1.14	5
34	AMP-CFZ-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	6
35	AMP-CFZ-CTX-TET-CHL-NAL-CT	1	1.14	6
36	AMP-AMS-CFZ-GEN-TET-CHL-CIP	1	1.14	6
37	AMP-AMS-CFZ-CTX-GEN-TET-CHL-SXT	3	3.41	6
38	AMP-AMS-CFZ-AZM-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	6
39	AMP-CFZ-CAZ-CTX-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	6
40	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-CFX-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	6
41	AMP-GEN-AZM-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	7
42	AMP-AMS-CFZ-GEN-AZM-TET-CHL-SXT	2	2.27	7
43	AMP-AMS-CFZ-GEN-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	7
44	AMP-AMS-GEN-AZM-TET-CHL-CIP-SXT	2	2.27	7
45	AMP-AMS-CFZ-CFX-AZM-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	7
46	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-CFX-AZM-TET-CHL-CIP-SXT	3	3.41	7
47	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-GEN-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	3	3.41	7
48	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CFX-AZM-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	7
49	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-CFX-GEN-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	7
50	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-GEN-AZM-TET-CHL-CIP-SXT	1	1.14	8
51	AMP-CFZ-CAZ-CTX-GEN-AZM-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	8
52	AMP-AMS-CFZ-CAZ-CTX-GEN-AZM-TET-CHL-NAL-CIP-SXT	1	1.14	8
合计		88		

3　讨论与结论

本研究系统分析了 2021—2024 年镇江市食源性疾病沙门氏菌的流行特征, 结果显示了鲜明的区域分布特征及迫切的防控需求。镇江市食源性沙门氏菌感染呈现出明显的时空聚集性与血清型多样性。其检出率略高于省内泰州[9]及临近江西省[10], 远高于浙江温州[11], 低于省内无锡[12], 与上海检出率相近[13]。时间分布上, 感染具有显著的夏秋季高发特征(检出率均大于 4%), 可能与高温高湿环境下细菌繁殖加快、生冷食品摄入增加有关[14–16], 符合食源性病原体的一般流行规律。本次冬季样本量偏少, 可能存在一定偏差, 下一步将扩大样本量验证。空间分布上, 地区差异性极为显著, 润州区(8.23%)和丹阳市(7.77%)的检出率远高于其他地区, 一方面反映地区间饮食结构、卫生条件或医疗检测能力的差异; 另一方面润州区 2024 年实行了多重荧光聚合酶链式反应法和培养法同时进行检测,

大大提高了本地区沙门氏菌的检出率[17]。丹阳市作为首批监测哨点在病例选择标准及采送样环节方面做得更加严格规范。也提示这些区域可能存在特定的高风险食品供应链、餐饮卫生环节或本地暴露因素，是防控的重点区域。

血清型分布显示，鼠伤寒沙门氏菌(45.30%)为本地食源性疾病的优势血清型及首要致病型别，肠炎沙门氏菌次之，与江苏省整体及我国其他地区的血清型分布基本一致[18–19]。鼠伤寒沙门氏菌的高流行可能与其较强的环境适应力和传播能力有关[20]，而肠炎沙门氏菌的减少可能与菌株变异相关[21]。2023 年出现了特勒凯比尔、斯特拉斯科纳等多种罕见血清型，表明本地沙门氏菌的血清型构成呈动态变化，可能源于 2021—2022 年属于新冠疫情封闭期间，人员流动少，2023 年是疫情全面放开后的第一年，地区间交流增多，导致输入性菌株的出现，但研究结果也发现本地新发特勒凯比尔沙门氏菌是唯一未出现任何耐药的菌株。

持续的病原学监测具有至关重要的预警价值。首先，本研究证实镇江市沙门氏菌的总体耐药形势严峻，且多重耐药现象普遍。总耐药率高达 82.05%，对 AMP、TET 等常用抗生素耐药率极高，可能与抗生素滥用相关，尤其兽医等养殖业领域[22–24]。部分菌株对三代头孢耐药，可能由 *ESBLs* 基因传播导致[25–28]。且高达 75.21%的菌株为多重耐药，衍生出 52 种耐药谱。提示可能存在耐药基因(如 *blaTEM*、*sul2*、*tetB* 等)的累积传播[29–31](后续研究中本实验室将进行基因测序及耐药基因的检测)。多重耐药谱的出现，对临床治疗构成严峻挑战[27]。其次，监测及时捕捉到了血清型构成的动态变化(如新血清型的出现与肠炎沙门氏菌的递减)，这对追溯疫情源头、识别新的流行株、评估疫苗保护效力等具有前瞻性意义。最后，夏秋季与润州区、丹阳市的高风险信号，为实施精准的季节性、区域性公共卫生干预提供了直接的决策依据。

基于上述特点与风险，提出以下防控建议：(1)实施风险分级与精准干预：对润州区、丹阳市等重点地区，深入开展食品生产、流通、餐饮环节的风险监测及排查。在夏秋季来临前，提前启动针对餐饮业、集体食堂的卫生强化监督与公众健康教育，重点宣传食品安全和正确烹饪知识。(2)加强耐药性监测与临床用药指导：基于高耐药率与多重耐药现状，须强化耐药监测网络。建议临床医生在治疗沙门氏菌感染时，参考本地药敏数据，优先使用碳青霉烯类及三代头孢中耐药率较低的药物，避免经验性滥用 AMP、TET 等高频耐药药物。严格执行抗生素处方管理，遏制耐药性进一步发展。(3)深化病原溯源与主动监测：应对血清型多样化的趋势，需提升菌株分子分型(如脉冲场凝胶电泳、全基因组测序)能力，将新发、罕见血清型菌株纳入重点溯源对象，关联分析其与特定食品、动物或环境来源的关系，实现从被动监测到主动预警的转变。同时，扩大监测范围，覆盖更多食品类别和潜在污染环节，以全面掌握本地沙门氏菌的污染图谱，为精准防控提供依据。

参考文献

[1] XIAO X, BAI L, WANG S, *et al.* Chlorine tolerance and cross-resistance to antibiotics in poultry-associated *Salmonella* isolates in China [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 4(12): 833743.

[2] 袁青, 湛志飞, 陈帅, 等. 2017—2019 年湖南省食源性疾病沙门氏菌菌型分布及药敏分析[J]. 实用预防医学, 2024, 31(4): 495–497.
YUAN Q, ZHAN ZF, CHEN S, *et al.* Analysis of serotype distribution and drug susceptibility of *Salmonella* in foodborne diseases in Hunan Province, 2017—2019 [J]. Practical Preventive Medicine, 2024, 31(4): 495–497.

[3] CHEN QW, GONG XW, ZHENG FY, *et al.* Prevalence and characteristics of quinolone resistance in isolated from retail foods in Lanzhou, China [J]. Journal of Food Protection, 2019, 82(9): 1591–1597.

[4] ZHAN Z, XU X, GU Z, *et al.* Molecular epidemiology and antimicrobial resistance of invasive non-typhoidal *Salmonella* in China, 2007—2016 [J]. Infection and Drug Resistance, 2019, 12: 2885–2897.

[5] 许金凤, 张潇丹, 巢秀琴, 等. 2017—2019 年镇江地区哨点医院食源性疾病病原监测结果[J]. 江苏预防医学, 2022, 33(4): 469–471.
XU JF, ZHANG XD, CHAO XQ, *et al*. Pathogen surveillance for foodborne diseases in sentinel hospitals, Zhenjiang, 2017—2019 [J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2022, 33(4): 469–471.

[6] 郭丰. 2020—2021 年吉林省腹泻病例中沙门氏菌的感染状况及耐药性分析[D]. 长春: 吉林大学, 2022.
GUO F. Analysis of infection status and drug resistance of *Salmonella* in diarrhea cases in Jilin Province, 2020—2021 [D]. Jilin: Jilin University, 2022.

[7] Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing M100, 32nd [Z]. 2022.

[8] 栾杭琪, 张梦寒, 朱莉勤, 等. 2019—2023 年江苏省苏州市致泻性大肠埃希菌的毒力基因分型及耐药性分析[J]. 上海预防医学, 2024, 36(10): 948–953.
LUAN HQ, ZHANG MH, ZHU LQ, *et al.* Virulence genotyping and drug resistance of diarrheagenic *Escherichia coli* in Suzhou, Jiangsu Province from 2019 to 2023 [J]. Shanghai Journal of Preventive Medicine, 2024, 36(10): 948–953.

[9] 蔡彦秋, 马智龙. 泰州市 2016—2020 年食源性腹泻患者沙门菌感染状况及耐药性分析[J]. 江苏预防医学, 2022, 33(2): 194–196.
CAI YQ, MA ZL. Analysis of *Salmonella* infection status and drug resistance in patients with foodborne diarrhea in Taizhou City, 2016–2020 [J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2022, 33(2): 194–196.

[10] 黄会金, 彭思露, 周厚德, 等. 2016—2018 年江西省食源性腹泻患者沙门氏菌感染状况和耐药性分析[J]. 现代预防医学, 2020, 47(24): 4452–4455.
HUANG HJ, PENG SL, ZHOU HD, *et al.* Prevalence and drug resistance of *Salmonella* isolated from diarrhea patients in Jiangxi Province in 2016—2018 [J]. Modern Preventive Medicine, 2020, 47(24): 4452–4455.

[11] 李毅, 章乐怡, 谢爱蓉, 等. 2006—2021 年温州地区沙门菌感染流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35(6): 940–945.
LI Y, ZHANG LY, XIE AIR. *et al.* Epidemiological characteristics of *Salmonella* infection in Wenzhou from 2006 to 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023, 35(6): 940–945.

[12] 王小娜, 周伟杰, 任梁. 2018—2020 年无锡市食源性疾病哨点医院主动监测结果分析[J]. 职业与健康, 2022, 38(18): 2494–2498.
WANG XN, ZHOU WJ, REN L. Analysis on active surveillance results of sentinel hospitals for foodborne diseases in Wuxi City from 2018—2020 [J]. Occupational Health, 2022, 38(18): 2494–2498.

[13] 段胜钢, 齐辰, 陆冬磊, 等. 2018 年上海市非伤寒沙门菌感染流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2020, 32(4): 422–426.
DUAN SG, QI C, LU DL, *et al.* Analysis on epidemiological characteristics of nontyphoid *Salmonella* infection in Shanghai, 2018 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2020, 32(4): 422–426.

[14] 王尚敏, 雷立健, 王三桃, 等. 2016—2021 年山西省食源性疾病中沙门氏菌感染的流行病学特征[J]. 公共卫生与预防医学, 2023, 34(3): 43–46.
WANG SM, LEI LJ, WANG ST, *et al.* Epidemiological characteristics of *Salmonella* infection in foodborne diseases in Shanxi Province from 2016 —2021 [J]. Journal of Public Health and Preventive Medicine, 2023, 34(3): 43–46.

[15] 伍咏瑶, 高平明, 罗威耀, 等. 2018—2022 年佛山地区小儿沙门氏菌感染的临床特征和耐药性分析[J]. 现代生物医学进展, 2024, 24(9): 1653–1657.
WU YY, GAO PM, LUO WY, *et al.* Clinical characteristics and drug resistance analysis of *Salmonella* infection in children in Foshan Area from 2018 to 2022 [J]. Progress in Modern Biomedicine, 2024, 24(9): 1653–1657.

[16] MALLIER C, CREUZET E, LAMBERT C, *et al.* Summer diarrhea in children: A monocentric French epidemiological observational study [J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 15078.

[17] 许金凤, 陈曦, 臧嘉益, 等. 多重荧光 PCR 方法联合培养法检测 4 种食源性致病菌的效果[J]. 江苏卫生保健, 2025, 27(5): 419–421.
XU JF, CHEN X, ZANG JY, *et al.* Effectiveness of multiplex fluorescence PCR combined with culture method in detecting four kinds of foodborne pathogens [J]. Jiangsu Journal of Health Care, 2025, 27(5): 419–421.

[18] 马恺, 周翌婧, 郑东宇, 等. 江苏省食源性鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌感染主动监测结果分析[J]. 江苏预防医学, 2022, 33(5): 575–577.
MA K, ZHOU YJ, ZHENG DY, *et al.* Analysis of active surveillance results for infections with foodborne *Salmonella typhimurium* and *Salmonella enteritidis* in Jiangsu Province [J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2022, 33(5): 575–577.

[19] 徐德顺, 严伟, 卢忠豪. 2019 年—2021 年浙江省湖州市食源性沙门菌感染病例特征分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2022, 32(18): 2292–2295.
XU DS, YAN W, LU ZH. Analysis on the characteristics of foodborne *Salmonella* infection cases in Huzhou City, Zhejiang Province, 2019—2021 [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2022, 32(18): 2292–2295.

[20] 干鸿翔, 许安宁, 周璐, 等. 食源和人源鼠伤寒沙门氏菌单相变种的基因组特征和毒力因子对比分析[J]. 食品科学, 2025, 46(6): 116–123.
GAN HX, XU ANN, ZHOU L, *et al.* Comparative analysis of genomic characteristics and virulence factors of *Salmonella* typhimurium monophasic variant isolates from foods and humans [J]. Food Science, 2025, 46(6): 116–123.

[21] 靳红武, 张赫, 张爽, 等. 北京市顺义区腹泻病例分离沙门氏菌耐药特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(3): 295–302.
JIN HW, ZHANG H, ZHANG S, *et al.* Drug resistance characteristics of *Salmonella* isolated from diarrheal patients in Shunyi, Beijing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(3): 295–302.

[22] 石奔, 赵薇, 孙景昱, 等. 全基因组测序分析 45 株沙门氏菌分子分型, 耐药性与毒力携带情况[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(20): 79–88.
SHI B, ZHAO W, SUN JY, *et al.* Analysis of molecular subtyping, drug sensitivity and virulence factors of 45 strains of *Salmonella* by whole genome sequencing [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(20): 79–88.

[23] CHAUDHARI R, SINGH K, KODGIRE P. Biochemical and molecular mechanisms of antibiotic resistance in *Salmonella* spp [J]. Research in Microbiology, 2023, 174(1-2): 103985.

[24] 马聪, 王伟, 严非, 等. 江浙两省案例地区养殖业抗菌药物管理现况—细菌耐药共同治理者的实践[J]. 中国社会医学杂志, 2023, 40(2): 137–140.
MA C, WANG W, YAN F, *et al.* Current situation of antibiotics management in livestock and aquatic in case areas of Jiangsu and Zhejiang Provinces: Practice of antimicrobial resistance co-administrator [J]. Chinese Journal of Social Medicine, 2023, 40(2): 137–140.

[25] 邵孟, 郭苗苗, 邱文娜, 等. 2021—2023 年苏州市某儿童医院临床沙门氏菌血清型和耐药性分析[J]. 中华医院感染学杂志, 2025, 35(11): 1679–1683.
SHAO M, GUO MM, QIU WN, *et al.* Analysis of serotypes and antibiotic resistance of clinically isolated *Salmonella* in a children's hospital in Suzhou, 2021—2023 [J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2025, 35(11): 1679–1683.

[26] FIERER J. Invasive non-typhoidal *Salmonella* (iNTS) infections [J]. Clinical Infectious Diseases, 2022, 75(4): 732–738.

[27] 王贤文, 赵丽媛, 张瑞雪, 等. 沙门氏菌血清分型及耐药机制研究进展[J]. 山东农业科学, 2024, 56(1): 174–180.
WANG XW, ZHAO LY, ZHANG RX, *et al.* Research progress on serotyping and antimicrobial resistance mechanism of *Salmonella* [J]. Shandong Agricultural Sciences, 2024, 56(1): 174–180.

[28] LONG L, YOU L, WANG D, *et al.* Highly prevalent MDR, frequently carrying virulence genes and antimicrobial resistance genes in *Salmonella* enterica serovar 4,[5],12:i:-isolates from Guizhou Province, China [J]. PLoS One, 2022, 17(5): e0266443.

[29] LUCARELLI C, DIONISI AM, FILETICI E, *et al.* Nucleotide sequence of the chromosomal region conferring multidrug resistance (R-type ASSuT) in *Salmonella* typhimurium and monophasic *Salmonella* typhimurium strains [J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2012, 67(1): 111–114.

[30] PAVELQUESI SLS, DE-OLIVEIRA-FERREIRA ACA, RODRIGUES ARM, *et al.* Presence of tetracycline and sulfonamide resistance genes in *Salmonella* spp.: Literature review [J]. Antibiotics, 2021, 10(11): 1314.

[31] LU X, ZENG M, ZHANG N, *et al*. Prevalence of 16S rRNA methylation enzyme gene *armA* in *Salmonella* from outpatients and food [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 663210.

(责任编辑: 蔡世佳　安香玉)