DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260106004
引用格式: 唐诗洁, 何琴芬, 张琴超. 2024 年绍兴市两起疑似由副溶血性弧菌和沙门氏菌混合感染引起的食物中毒病原学分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(8): 165–171.
TANG SJ, HE QF, ZHANG QC. Etiological analysis of 2 suspected food poisoning cases caused by mixed infection of *Vibrio parahaemolyticus* and *Salmonella* in Shaoxing City in 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(8): 165–171. (in Chinese with English abstract).

2024 年绍兴市两起疑似由副溶血性弧菌和沙门氏菌混合感染引起的食物中毒病原学分析

唐诗洁, 何琴芬, 张琴超*
(绍兴市疾病预防控制中心, 绍兴 312071)

摘 要: 目的 对 2024 年发生在绍兴市的两起疑似混合感染食物中毒事件的食源性致病菌进行病原学和溯源分析。**方法** 经复核鉴定的分离株使用玻片凝集法进行血清分型, 实时荧光聚合酶链式反应法鉴定副溶血性弧菌毒力基因(*tlh*+/*tdh*+/*trh*-), 微量肉汤稀释法检测耐药性, 脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)进行分子分型; 对分离株进行全基因组测序, 分别依据 ResFinder 和 PubMLST 数据库进行获得性耐药基因预测和多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)分析, 并基于核心基因组多位点序列分型(core genome multilocus sequence typing, cgMLST)进行分子溯源。**结果** 两起事件中事件 1 的 2 株副溶血性弧菌血清型均为 O10:K4, 毒力基因为 *tlh*+/*tdh*+/*trh*-, 耐头孢唑林, PFGE 带型相同, 为同源菌株; 2 株阿贡纳沙门氏菌对 27 种抗生素均敏感, 相同 PFGE 带型, 为同源菌株。事件 2 的 4 株副溶血性弧菌血清型均为 O3:K6, 毒力基因为 *tlh*+/*tdh*+/*trh*-, PFGE 带型相同, 但有两种不同耐药表型, 为头孢唑林和氨苄西林-头孢唑林; 2 株鲁齐齐II沙门氏菌耐药表型不同, 为萘啶酸-四环素、氨苄西林-链霉素-阿奇霉素-甲氧苄啶/磺胺甲噁唑-庆大霉素-四环素-氯霉素-氟苯尼考, PFGE 条带相似度为 51.90%。全基因组测序结果显示: 事件 1 的 2 株副溶血性弧菌 MLST 分型为 ST3 型, 分别预测出 *β*-内酰胺类耐药基因 $bla_{\text{CARB-22}}$; 沙门氏菌为 ST13 型, 共预测出 4 种耐药基因; cgMLST 聚类结果显示分别具有高度相似性。事件 2 的 4 株副溶血性弧菌为 ST3 型, 分别预测出 $bla_{\text{CARB-22}}$ 耐药基因; 2 株沙门氏菌为 ST516 和 ST398 型, 预测出 19 种耐药基因, cgMLST 聚类显示副溶血性弧菌高度同源而沙门氏菌差异较大。**结论** 通过 PFGE 分子分型、全基因组测序结果的 MLST、cgMLST 分型结果显示, 事件 1 为一起由副溶血性弧菌和沙门氏菌混合感染引起的食物中毒, 事件 2 是由副溶血性弧菌引起的食物中毒。绍兴市混合感染食物中毒事件的病原学特征为防治此类混合感染发生提供理论依据, 建议有关部门加强食品风险监管能力, 增强公众的食品安全意识。

关键词: 副溶血性弧菌; 沙门氏菌; 混合感染; 食物中毒

收稿日期: 2026-01-06
第一作者: 唐诗洁(1998—), 女, 初级检验师, 主要研究方向为食源性疾病主动监测。E-mail: 905224593@qq.com
***通信作者:** 张琴超(1993—), 女, 硕士, 主管技师, 主要研究方向为食源性疾病主动监测。E-mail: 984114654@qq.com

Etiological analysis of 2 suspected food poisoning cases caused by mixed infection of *Vibrio parahaemolyticus* and *Salmonella* in Shaoxing City in 2024

TANG Shi-Jie, HE Qin-Fen, ZHANG Qin-Chao*

(*Shaoxing Center for Disaese Control and Prevention*, *Shaoxing* 312071, *China*)

ABSTRACT: Objective To analyze the etiology and traceability of foodborne pathogens in two suspected mixed infection food poisoning events in Shaoxing City in 2024. **Methods** The re-identified isolates were serotyped by slide agglutination, virulence genes (*tlh*+/*tdh*+/*trh*-) of *Vibrio parahaemolyticus* were identified by real-time fluorescence polymerase chain reaction, drug resistance was detected by broth microdilution method, and pulsed field gel electrophoresis (PFGE) was used to detect the isolates, and were performed for molecular typing. Acquired drug resistance genes were predicted by ResFinder and multilocus sequence typing (MLST) analysis by PubMLST database. core genome multilocus sequence typing (cgMLST) was used for molecular tracing. **Results** Of the 2 incidents, both 2 isolates of *Vibrio parahaemolyticus* from incident 1 were serotype O10:K4, with virulence gene profile *tlh*+/*tdh*+/*trh*-, resistant to cefazolin, and exhibited identical PFGE banding patterns, indicating homologous strains. The 2 *Salmonella agona* isolates were susceptible to all 27 kinds of antibiotics, showed identical PFGE banding patterns, and were identified as homologous strains. The 4 *Vibrio parahaemolyticus* isolates from incident 2 were all serotype O3:K6, with virulence gene profile *tlh*+/*tdh*+/*trh*- and identical PFGE banding patterns, but exhibited two distinct antimicrobial resistance phenotypes: Cefazolin and ampicillin-cefazolin. The 2 *Salmonella ruzizi* II isolates showed different antimicrobial resistance phenotypes: Nalidixic-tetrecycline and ampicillin-streptomycin-azithromycin-trimethoprim/sulfamethoxazole-gentamicin-tetrecycline-chloramphenicol-florfenicol, with a PFGE band similarity of 51.90%. Whole-genome sequencing results showed that the 2 *Vibrio parahaemolyticus* isolates from incident 1 belonged to ST3 by MLST, and the *β*-lactam resistance gene $bla_{\text{CARB-22}}$ was predicted in each isolate. The *Salmonella* isolates were identified as ST13, and 4 kinds of antimicrobial resistance genes were predicted in total. The cgMLST clustering results showed high similarity between the isolates, respectively. The 4 *Vibrio parahaemolyticus* isolates from incident 2 belonged to ST3, and the $bla_{\text{CARB-22}}$ resistance gene was predicted in each isolate. The 2 *Salmonella* isolates were identified as ST516 and ST398, with 19 kinds of antimicrobial resistance genes predicted. cgMLST clustering revealed that the *Vibrio parahaemolyticus* isolates were highly homologous, whereas the *Salmonella* isolates were highly divergent. **Conclusion** PFGE typing, whole-genome sequencing-based MLST, and cgMLST results demonstrated that incident 1 is a food poisoning case caused by mixed infection with *Vibrio parahaemolyticus* and *Salmonella*, whereas incident 2 is attributed to *Vibrio parahaemolyticus* alone. The etiological characteristics of mixed-infection food poisoning incidents in Shaoxing City provide a theoretical basis for the prevention and control of such mixed infections. It is recommended that relevant departments strengthen food risk supervision capabilities and enhance public food safety awareness.

KEY WORDS: *Vibrio parahemolyticus*; *Salmonella*; mixed infection; food poisoning

0 引 言

食品安全群体事件中，食物中毒因致病细菌污染食品而引发，严重威胁公众健康[1–3]。据 2022 年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析显示，我国的食源性疾病暴发主要是由微生物污染引起，这些由微生物污染引起的暴发事件主要致病菌为沙门氏菌和副溶血性弧菌[4–7]。近年来，在我国食源性疾病暴发中，副溶血性弧菌是微生物致病因子的首位因素[8–9]。副溶血性弧菌是一种嗜盐性革兰氏阴性无芽孢杆菌，是海产品所致食源性疾病的首要致病菌[10]，以腹痛、腹泻、恶心、呕吐、发热为主要临床表现[11]，2018—2021 年中国大陆由副溶血性弧菌引发的食物中毒事件数在微生物性致病因子引起的食源性疾病暴发事件中居第 2 位[12–15]。沙门氏菌作为肠杆菌科革兰氏阴性菌，广泛污染食品、水源及畜产品，感染后常表现为腹痛、腹泻，重症可伴发热[16]，其所致群体性食物中毒事件在我

国细菌性食物中毒中位列前三[17−18], 年均感染人数约 300 万人次[19]。在地方层面, 类似问题同样突出。2012—2022 年间绍兴市共发生 89 起食物中毒事件, 细菌性致病因子由副溶血性弧菌、沙门氏菌等病原体组成, 其中由副溶血性弧菌引起的食物中毒事件有 33 起, 发病人数 279 人; 由沙门氏菌引起的食物中毒事件有 7 起, 发病人数 95 人[20]。混合感染往往导致临床症状的重叠与非特异性容易造成漏诊或误诊; 两种菌耐药特征及致病机制存在显著差异而导致用药冲突; 而混合感染分型复杂以及暴露源交叉又对流行病学调查提出了极高要求。本研究对 2024 年发生在绍兴市的两起疑似混合感染食物中毒事件进行病原学特征和溯源分析, 为今后混合感染食物中毒事件的处置、判定和预防提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　材　料

1.1.1　样品来源

事件 1 是 2024 年 9 月 6 日发生在绍兴某酒店的一起食物中毒事件, 本次事件发病人数为 7 人, 主要症状为腹泻、腹痛、发热、恶心等。采集样品 33 份: 病例生物样品 6 份、环境样品 10 份、留样食品样品 7 份、从业人员生物样品 10 份; 事件 2 是 2024 年 11 月 19 日发生在绍兴某学校的一起食物中毒事件, 本次事件发病人数为 14 人, 主要症状为腹痛、腹泻、呕吐等。采集样品 23 份: 病例生物样品 8 份、就餐学生生物样品 4 份、环境样品 3 份、从业人员生物样品 4 份、食品原材料样品 4 份。本研究所用菌株为 2024 年绍兴市越城区两起食物中毒事件分离株, 共 10 株, 均分离自病例生物样本, 由绍兴市越城区疾病预防控制中心分离; 其余所涉食品留样、从业人员生物样品等均未检出致病菌。所有菌株均经绍兴市疾病预防控制中心复核鉴定和血清分型。两起事件依据流调结果显示没有关联。本研究通过绍兴市疾病防治中心伦理委员会审核批准, 实施过程严格遵守相关的伦理学标准。

1.1.2　试剂与仪器

沙门菌属显色培养基、弧菌显色培养基(法国科玛嘉公司); 沙门菌诊断血清试剂盒(丹麦血清研究所); 副溶血性弧菌诊断血清试剂盒(日本生物科学研究所); 副溶血性弧菌(*tdh*/*trh*/*tlh*)三重核酸检测试剂盒(北京卓诚惠生生物科技股份有限公司); 革兰阴性细菌鉴定卡(法国生物梅里埃公司); 革兰阴性需氧菌药敏检测板(美国赛默飞世尔科技公司); 蛋白酶 K(北京索莱宝公司); Gel red(北京兰杰柯科技有限公司); 限制性内切酶 *Xba* Ⅰ、限制性内切酶 *Not* Ⅰ(美国普洛麦格公司); Seakem Gold Agarose(美国龙沙公司)。

VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定/药敏分析系统(法国生物梅里埃公司); ABI7500 荧光定量 PCR 仪、AIM Vizion 微生物药敏分析仪(美国赛默飞世尔科技公司); Bruker 基质辅助激光解析飞行时间质谱仪(德国布鲁克公司); CHEF Mapper 型脉冲场凝胶电泳仪、Gel XR 型凝胶成像仪(美国伯乐公司)。

1.2　方　法

1.2.1　菌株复核鉴定

依据 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》、GB 4789.7—2013《食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验》和《2024 年食源性疾病监测工作手册》对分离株进行复核鉴定。纯培养后由 VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定/药敏分析系统和基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法鉴定。

1.2.2　血清学分型及毒力基因检测

使用沙门氏菌诊断血清和副溶血性弧菌诊断血清进行玻片凝集试验, 确定分离株的血清型别, 灭菌生理盐水做自凝对照。使用副溶血性弧菌 *tlh*+/*tdh*+/*trh*-三重实时荧光定量 PCR 检测试剂盒进行毒力基因检测。

1.2.3　药敏试验

根据《2024 年食源性疾病监测工作手册》对分离株使用微量肉汤稀释法进行药敏试验, 选取阿莫西林/克拉维酸(amoxicillin/clavulanate, AMC)、阿米卡星(amikacin, AMK)、氨苄西林(ampicillin, AMP)、氨苄西林/舒巴坦(ampicillin-sulbactam, AMS)、阿奇霉素(azithromycin, AZI)、头孢他啶(ceftazidime, CAZ)、头孢噻呋(ceftiofur, CFT)、头孢西丁(cefoxitin, CFX)、头孢唑林(cefazolin, CFZ)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、头孢吡肟(cefepime, CPM)、多粘菌素 E (colistin, CT)、头孢噻肟(cefotaxime, CTX)、头孢呋辛(cefuroxime, CXM)、头孢他啶/阿维巴坦(ceftazidime/avibactam, CZA)、厄他培南(ertapenem, ETP)、氟苯尼考(florfenicol, FFC)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、亚胺培南(imipenem, IMP)、美罗培南(meropenem, MEM)、萘啶酸(nalidixic, NAL)、多粘菌素 B (polymyxin B, PB)、链霉素(streptomycin, STR)、甲氧苄啶/磺胺甲噁唑(trimethoprim/sulfamethoxazole, STX)、四环素(tetrecycline, TET)、替加环素(tigecycline, TIG)27 种抗生素。根据《2024 年食源性疾病监测工作手册》判定菌株对抗生素的敏感(S)、中度敏感(I)或者耐药(R)。

1.2.4　脉冲场凝胶电泳分型试验

参照《2024 年食源性疾病监测工作手册》中食源性致病菌脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)标准操作程序对分离株进行 PFGE 分型, 副溶血性弧菌、沙门氏菌分别选用内切酶 *Not* Ⅰ、*Xba* Ⅰ为限制性内切酶, 沙门菌标准菌 H9812 为分子质量标准, 37 ℃酶切 4 h, 设置副溶血性弧菌电泳条件: 电压 6 V/cm, 温度 14 ℃, 脉冲

参数 10~35 s, 时间 19.5 h; 沙门氏菌电泳条件: 电压 6 V/cm, 温度 14 ℃, 脉冲参数 2.16~63.8 s, 时间 19.5 h。电泳结束后, 使用 Gel red 染色, 脱色成像后, 使用 Gel XR 型凝胶成像仪观察并拍摄图像。

1.2.5 全基因组测序

将纯培养后的所有分离株, 送上海伯杰公司进行 Illumina NovaSeq PE150 测序, 测序数据要求: 高质量测序数据(Q20)≥1 Gb, Q30>85%, 覆盖度≥95%等。对原始数据进行质量评估后, 使用 ASM 3.15.5 软件对原始数据组装拼接。基于 PubMLST 数据库, 使用 mlst v2.23.0 进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)分型[21−22]; 依据 ResFinder 4.7.2 抗性基因数据库对沙门氏菌和副溶血性弧菌的获得性耐药基因进行预测[23]; 利用国家食源性疾病分子溯源网络进行核心基因组多位点序列分型(core genome multilocus sequence typing, cgMLST)分析及最大可能树构建。

1.3 数据处理

采用 BioNumerics V7.6 软件分别分析副溶血性弧菌和沙门氏菌的 PFGE 指纹图谱, 以条带位置差异容许度 1%, 优化值 1%为前提, 使用非加权配对算术平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析; 利用国家食源性疾病分子溯源网络构建的 cgMLST 系统进化树, 树状图节点显示各条目之间位点的差异数目(实际差异数=节点显示数×1)。采用 Office Excel 2024 和 Power Point 2024 软件对数据进行统计、制表、绘图处理。

2 结果与分析

2.1 分离鉴定结果

事件 1 共分离得到 2 株副溶血性弧菌(SXFR20240901 和 SXFR20240902)和 2 株沙门氏菌(SXSM20240901 和 SXSM20240902), 其中 SXFR20240901 和 SXSM20240901 分离自同一患者肛拭子, SXFR20240902 和 SXSM20240902 分离自同一患者肛拭子。事件 2 分离得到 4 株副溶血性弧菌 (SXFR20241201 、 SXFR20241202 、 SXFR20241203 、 SXFR20241204) 和 2 株沙门氏菌 (SXSM20241201 和 SXSM20241202), 其中 SXFR20241203 和 SXSM20241201 分离自同一患者肛拭子, SXFR20241204 和 SXSM20241202 分离自同一患者肛拭子。其余所涉样品如食品留样等由于未检出致病菌故未纳入本次研究。所有分离株经 VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定/药敏分析系统和基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法复核鉴定, 两者结果一致。

2.2 血清学和毒力基因分析结果

事件 1 的 2 株副溶血性弧菌血清型为 O10:K4, 2 株沙门氏菌为阿贡纳沙门氏菌; 事件 2 的 4 株副溶血性弧菌血清型为 O3:K6, 2 株沙门氏菌为鲁齐齐II沙门氏菌。事件 1 和事件 2 分离的 6 株副溶血性弧菌毒力基因结果均为 *tlh*+*tdh*+*trh*-(表 1)。

2.3 药敏结果

事件 1 的 2 株副溶血性弧菌均对 CFZ 耐药, 2 株沙门氏菌对 27 种抗生素均不耐药; 事件 2 的 4 株副溶血性弧菌中 SXFR20241204 和 SXFR20241201 对 AMP 和 CFZ 耐药, SXFR20241202 和 SXFR20241203 对 CFZ 耐药, 2 株沙门氏菌均对四环素耐药, 其中一株为多重耐药菌(耐药表型为 AMP-STR-AZI-SXT-GEN-TET-CHL-FFC)(表 1)。

2.4 PFGE 分子分型结果

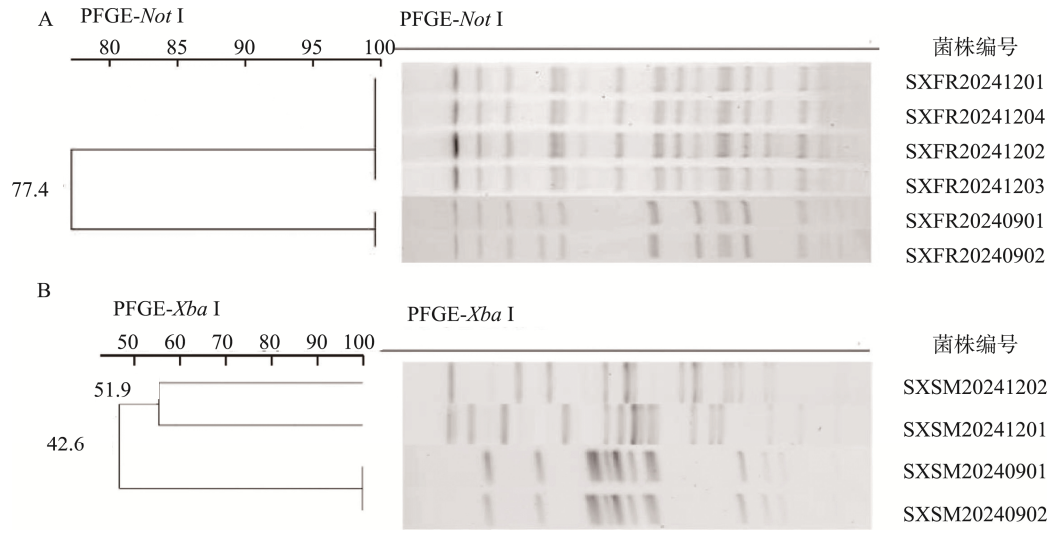
事件 1 的 2 株副溶血性弧菌和 2 株沙门氏菌 PFGE 聚类分析, 带型相似度分别为 100.00%(图 1A 和图 1B), 事件 2 的 4 株副溶血性弧菌 PFGE 带型相似度为 100.00%(图 1A), 2 株沙门氏菌 PFGE 带型相似度为 51.90%(图 1B)。

表 1 6 株副溶血性弧菌和 4 株沙门氏菌分离株的血清型、毒力基因、耐药表型

Table 1 Serotypes, virulence genes and antimicrobial resistance phenotypes of 6 *Vibrio parahaemolyticus* and 4 *Salmonella isolates*

菌株编号	菌株类型	样本类型	暴发事件	血清型	耐药表型	毒力基因
SXFR20241201	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 2	O3:K6	AMP-CFZ	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXFR20241204	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 2	O3:K6	AMP-CFZ	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXFR20241202	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 2	O3:K6	CFZ	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXFR20241203	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 2	O3:K6	CFZ	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXFR20240901	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 1	O10:K4	CFZ-CT	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXFR20240902	副溶血性弧菌	肛拭子	事件 1	O10:K4	CFZ	*tlh*+/*tdh*+/*trh*+
SXSM20241202	沙门氏菌	肛拭子	事件 2	鲁齐齐II沙门氏菌	AMP-STR-AZI-SXT-GEN-TET-CHL-FFC	/
SXSM20241201	沙门氏菌	肛拭子	事件 2	鲁齐齐II沙门氏菌	NAL-TET	/
SXSM20240901	沙门氏菌	肛拭子	事件 1	阿贡纳沙门氏菌	/	/
SXSM20240902	沙门氏菌	肛拭子	事件 1	阿贡纳沙门氏菌	/	/

注: /表示无对应耐药基因和毒力基因。



注: A. 6 株副溶血性弧菌分离株的 PFGE 聚类分析; B. 4 株沙门氏菌分离株的 PFGE 聚类分析。

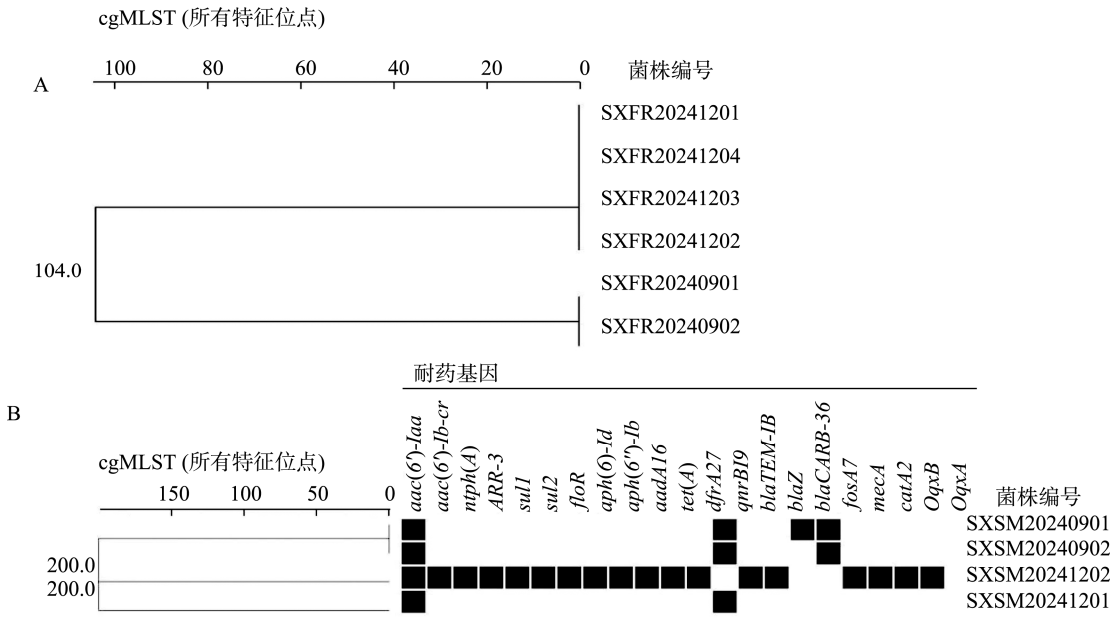
图 1　6 株副溶血性弧菌和 4 株沙门氏菌分离株的 PFGE 聚类分析

Fig.1　PFGE cluster analysis of 6 *Vibrio parahaemolyticus* and 4 *Salmonella* isolates

2.5　全基因组测序结果

事件 1 中 2 株副溶血性弧菌均为 ST3 型(图 2A), 全球范围内 ST3 副溶血性弧菌是优势型别[24–25]。分别预测出 1 种耐药基因, 为 *β*-内酰胺类耐药基因 $bla_{\text{CARB-22}}$, 耐药基因预测结果与耐药表型结果一致; 2 株沙门氏菌均为 ST13 型, 共预测出 4 个耐药基因, 均携带氨基糖苷类耐药基因 *aac*(*6′*)-*Iaa*、磷霉素类耐药基因 *fosA7* 和喹诺酮类耐药基因 *qnrB19*(图 2B), 耐药基因预测结果与耐药表型不一致。事件 2 中 4 株副溶血性弧菌均为 ST3 型(图 2A), 分别预测出耐药基因 $bla_{\text{CARB-22}}$, 耐药基因预测结果与耐药表型结果一致, 2 株沙门氏菌 ST 型分别为 ST398 型、ST516 型, 共预测出 19 个耐药基因, 均携带 *aac*(*6′*)-*Iaa*(图 2B), 耐药基因预测结果与耐药表型结果部分一致。

事件 1 中 2 株副溶血性弧菌 cgMLST 位点差异个数为 0, 属于同一进化枝(图 2A); 2 株沙门氏菌 cgMLST 位点差异个数为 0, 属于同一进化枝(图 2B)。事件 2 中 4 株副溶血性弧菌 cgMLST 位点差异个数为 0, 属于同一进化枝(图 2A); 2 株沙门氏菌 cgMLST 位点差异个数较多(位点差异个数大于 30)(图 2B)。两起事件同种菌株之间 cgMLST 位点差异个数较多(位点差异个数大于 30)(图 2A 和 B)。



注: 黑色表示携带该耐药基因, 白色表示不携带该耐药基因。A. 6 株副溶血性弧菌分离株的的全基因组测序结果; B. 4 株沙门氏菌分离株的全基因组测序结果。

图 2　6 株副溶血性弧菌和 4 株沙门氏菌分离株的全基因组测序结果

Fig. 2　Whole genome sequencing results of 6 *Vibrio parahaemolyticus* and 4 *Salmonella* isolates

3 讨论与结论

据统计，近年来我国平均每年发生食物中毒的人数接近 5 万人[26]，其发生场所主要集中于集体食堂、餐饮服务单位和家庭[27]。通常在加工食品过程中，生熟交叉污染或熟制后污染。此类污染若未通过充分加热杀菌予以消除，食用后即可引发食物中毒[28]。沙门氏菌和副溶血性弧菌是常见的食源性致病菌。两者混合感染的情况虽不常见，但一旦发生，两者的致病机制和症状可能叠加或交互，增加治疗难度。本研究选用的 PFGE 细菌分子分型方法分辨率高、重复性好、结果准确可靠，能够识别潜在的食物中毒事件并追踪暴发来源[29−30]。近年来，全基因组序列分析技术作为新的监测与预警手段，在疾控领域迅速普及和推广应用，本研究所采用的 cgMLST 分子溯源技术基于高通量测序和生物信息学分析，使食源性疾病的监测和微生物分型研究更精准，具有更好的稳定性[31−32]；结合这两种方法使溯源结果更完整更可靠。

本次研究中事件 1 中分离到的 2 株阿贡纳沙门氏菌和 2 株副溶血性弧菌 PFGE 带型分别完全一致，血清型分别相同，ST 型结果一致，且其在基因水平上分别高度同源，提示事件 1 系由沙门氏菌和副溶血性弧菌混合感染引起。事件 2 中 4 株副溶血性弧菌 PFGE 结果一致，其 ST 型相同；而 2 株鲁齐齐II沙门氏菌 PFGE 结果显示不同带型，ST 型不相同，且基因水平与分子水平分型结果相符合，提示其可能为偶然携带，即并非事件 2 食物中毒主要致病因素。提示事件 2 可能由副溶血性弧菌感染引起，也可能与检测过程中没有对多个菌落进行后续检测分析有关，导致未能溯源到同种鲁齐齐II沙门氏菌，提示在今后处理食物中毒时每一个样本尽可能挑取多个可疑菌落留待后续的检测。

本次药敏结果显示事件 1 的 2 株阿贡纳沙门氏菌对 27 种抗生素均敏感，而事件 2 的 2 株鲁齐齐II沙门氏菌均对四环素耐药，其中一株对 8 种抗生素耐药，为多重耐药菌，提示临床治疗沙门氏菌感染时尽量减少使用四环素；本研究中 8 株副溶血性弧菌未出现多重耐药情况，均对头孢唑啉耐药，提示临床治疗副溶血性弧菌感染时应避免使用头孢唑啉。细菌耐药性的产生与抗生素的使用存在直接的因果关联，减少抗生素的使用对细菌耐药性的产生具有重要意义[33]，在防治工作中应加强对菌株耐药性的长期监测，及时发现菌株耐药谱的变化，从而更好地指导临床用药。本次研究还出现了部分菌株耐药基因预测结果与表型耐药结果不一致，可能由基因沉默机制、未被模型识别的耐药机制导致，提示应扩展耐药基因数据库加强联合检测。

两起事件发生时间正值绍兴市食源性疾病暴发的夏秋季高峰，且均发生在餐饮服务单位，此外事件 1 和事件 2 虽沙门氏菌型别不同，但事件 1 和事件 2 的 4 株副溶血性弧菌均为 ST3 型，且均携带 $bla_{\text{CARB-22}}$ 耐药基因，具有高度特异性，在绍兴地区为优势流行型[34]，因此两起事件合并分析有助于了解本地副溶血性弧菌和沙门氏菌引起食物中毒分离株的分子特征，为减少此类暴发事件提供科学依据。

两起事件由于餐饮服务单位留样不全，未能对食物中毒事件相关的全部食品进行致病因子分离，导致未溯源到食品污染源。检测方法敏感度不足以及采样局限性都有可能导致食品留样或环境样品未检出致病菌，监管机构应加强对餐饮部门的卫生监督，尤其要健全餐饮的留样制度；应广泛开展食品安全与健康知识宣传活动，提高食品从业人员和居民的的食品安全、卫生意识。

参考文献

[1] MOHTAR J, MALLAH H, MARDIROSSIAN JM, *et al*. Enhancing enteric pathogen detection: implementation and impact of multiplex PCR for improved diagnosis and surveillance [J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 171.

[2] MA MH, WANG SY, ZHU XC, *et al*. The identification of *Streptococcus* pasteurianus obtained from six regions in China by multiplex PCR assay and the characteristics of pathogenicity and antimicrobial resistance of this zoonotic pathogen [J]. Pathogens, 2023, 12(4): 615.

[3] LI YB, HUANG KK, YIN J, *et al*. Clinical evaluation of a multiplex droplet digital PCR for pathogen detection in critically ill COVID-19 patients with bloodstream infections [J]. Infection, 2023, 52(3): 1027−1039.

[4] 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 WW, WANG ST, LIANG JJ, *et al*. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2013 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2018, 30(3): 293–298.

[5] 付萍, 王连森, 陈江, 等. 2015 年中国大陆食源性疾病暴发事件监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2019, 31(1): 64–70.
FU P, WANG LS, CHEN J, *et al*. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2015 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2019, 31(1): 64–70.

[6] 范鹏辉, 李红秋, 褚遵华, 等. 2023 年中国大陆食源性疾病暴发监测结果分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2024, 36(10): 1199–1208.
FAN PH, LI HQ, CHU ZH, *et al*. Analysis of foodborne diseases outbreak surveillance in China’s mainland, 2023 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(10): 1199–1208.

[7] 李红秋, 郭云昌, 刘志涛, 等. 2022 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, 2024, 36(8): 962–967.
LI HQ, GUO YC, LIU ZT, *et al*. 2022 Analysis of foodborne disease outbreaks in China’s mainland in 2022 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(8): 962–967.

[8] 陈文, 林黎, 张誉. 2011—2017 年四川省微生物性食源性疾病暴发事件分析[J]. 现代预防医学, 2019, 46(1): 14–16, 24.
CHEN W, LIN L, ZHANG Y. Outbreaks of microbial foodborne diseases, Sichuan, 2011—2017 [J]. Modern Preventive Medicine, 2019, 46(1): 14–16, 24.

[9] 马晓薇, 李泳光, 冯晶, 等. 2006—2019 年广州市食物中毒突发公共卫生事件流行病学特征分析[J]. 实用预防医学, 2021, 28(9): 1059–1062.
MA XW, LI YG, FENG J, *et al*. Epidemiological characteristics of food poisoning public health emergency events in Guangzhou City, 2006—2019 [J]. Practical Preventive Medicine, 2021, 28(9): 1059–1062.

[10] HUANG YS, HWANG CA, HUANG LH, *et al*. The risk of *Vibrio parahaemolyticus* infections associated with consumption of raw oysters as affected by processing and distribution conditions in Taiwan [J]. Food Control, 2018, 86: 101–109.

[11] 孔令汉, 贺良, 唐敏, 等. 2021 年重庆市万州区两起食物中毒事件副溶

血性弧菌溯源和耐药性分析[J]. 中国预防医学杂志, 2023, 24(7): 643–647.
KONG LH, HE L, TANG M, *et al*. The origins and antibiotic resistance of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from two food poisoning incidents in Wanzhou District of Chongqing [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2023, 24(7): 643–647.

[12] 韩海红, 寇柏洋, 马洁, 等. 2018 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):822–829.
HAN HH, KOU BY, MA J, *et al*. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese mainland in 2018 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 822–829.

[13] 李红秋, 郭云昌, 宋壮志, 等. 2019 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, 2021, 33(6): 650–656.
LI HQ, GUO YC, SONG ZZ, *et al*. Analysis of foodborne disease outbreaks in China in 2019 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(6): 650–656.

[14] 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 HQ, JIA HY, 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.

[15] 蒋凯, 宗雯琦, 戴月, 等. 2016—2020 年江苏省副溶血性弧菌食源性疾病事件流行病学分析[J]. 现代预防医学, 2022, 49(19): 3615–3620.
JIANG K, ZONG WQ, DAI Y, *et al*. *Vibrio parahemolyticus* foodborne disease events in Jiangsu, 2016—2020 [J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(19): 3615–3620.

[16] 张艳, 胡康, 张帆. 2021—2023 年南充市临床腹泻标本沙门菌分子分型及耐药性分析[J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2024, 22(4): 239–245.
ZHANG Y, HU K, ZHANG F. Molecular typing and drug resistance analysis of *Salmonella* in clinical diarrhea specimens in Nanchong City from 2021 to 2023 [J]. Parasitic Diseases and Infectious Diseases, 2024, 22(4): 239–245.

[17] 金振娅. 我国每年沙门菌食物中毒达 300 万人次[N]. 光明日报, 2015-02-04.
JING ZY. *Salmonella* food poisoning affects up to 3 million people in China every year [N]. Guangming Daily, 2015-02-04.

[18] 黄洁. 一起婚宴引发的肠炎沙门氏菌食物中毒调查[J]. 世界最新医学信息文摘, 2020, 20(81): 278–279.
HUANG J. Investigation of *Salmonella* enteritidis food poisoning caused by a wedding banquet [J]. World Latest Medical Information Digest, 2020, 20(81): 278–279.

[19] 骆业巧, 王进, 司波. 一起由沙门氏菌和金黄色葡萄球菌混合引起的食物中毒病原分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(19): 6947–6951.
LUO YQ, WANG J, SI B. Pathogen analysis of a food poisoning event caused by *Salmonella sp.* and *Staphylococcus aureus* [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(19): 6947–695.

[20] 邢超, 王琦梅, 任蒋磊, 等. 2012—2022 年绍兴市食源性疾病暴发事件流行特征分析[J]. 预防医学, 2023, 35(6): 506–508, 513.
XING C, WANG QM, REN JL, *et al*. Epidemiological characteristics of foodborne disease outbreaks in Shaoxing City from 2012 to 2022 [J]. Preventive Medicine, 2023, 35(6): 506–508, 513.

[21] JOLLEY KA, BRAY JE, MAIDEN MCJ. Open-access bacterial population genomics: BIGSdb software, the PubMLST. org website and their applications [J]. Wellcome Open Research, 2018, 3: 124.

[22] URWIN RMC. Multi-locus sequence typing: A tool for global epidemiology [J]. Trends in Microbiology, 2003, 11: 479–487.

[23] CAMACHO C, COULOURIS G, AVAGYAN V, *et al*. BLAST+: architecture and applications [J]. BMC Bioinformatics, 2009, 10(1): 421.

[24] ZHENG J, SHI B, SUN J, *et al*. Global phylogeography and genomic characterization of *Vibrio parahaemolyticus* infections in Jilin province, China (2016—2022) [J]. International Journal of Food Microbiology, 2025, 428: 110993.

[25] BAI Y, YANG Q, SUN Y, *et al*. Antimicrobial susceptibility and genomic characterization of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from aquatic foods in 15 provinces, China, 2020 [J]. International Journal of Food Microbiology, 2024, 418: 110737.

[26] 刘建平, 张锦周, 梁浩, 等. 2009—2018 年深圳市食物中毒事件流行病学分析[J]. 公共卫生与预防医学, 2021, 32(3): 41–44.
LIU JP, ZHANG JZ, LIANG H, *et al*. Analysis on epidemiological characteristics of food poisoning incidents in Shenzhen during 2009—2018 [J]. Public Health and Preventive Medicine, 2021, 32(3): 41–44.

[27] 郁旷明, 寇俊, 刘战峰, 等. 一起酒店聚餐引起的食物中毒调查分析[J]. 现代预防医学, 2018, 45(9): 1698–1700.
YU KM, KOU J, LIU ZF, *et al*. Investigation of a food poisoning accident occurred in a restaurant [J]. Modern Preventive Medicine, 2018, 45(9): 1698–1700.

[28] 倪锡河, 阮峰, 张雪宝, 等. 一起疑似奇异变形杆菌引起的食源性疾病调查分析[J]. 华南预防医学, 2018, 44(4): 317–320.
NI XH, RUAN F, ZHANG XB, *et al*. Investigation and analysis of cases of foodborne disease caused by suspicious *Proteus mirabilis* [J]. South China Journal of Preventive Medicine, 2018, 44(4): 317–320.

[29] 赵萌, 崔旭初, 于慧霞, 等. 一起沙门菌食物中毒的实验室诊断与分析[J]. 疾病监测, 2015, 30(5): 381–384.
ZHAO M, CUI XC, YU HX, *et al*. Laboratory diagnosis and analysis of a food poisoning outbreak caused by *Salmonella* [J]. Disease Surveillance, 2015, 30(5): 381–384.

[30] 严伟, 董芬芬, 纪蕾, 等. 2023 年浙江省湖州市一起食源性疾病暴发事件病原学分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(12): 1661–1666.
YAN W, DONG FF, JI L, *et al*. Etiological analysis on a foodborne disease outbreak in Huzhou, Zhejiang, 2023 [J]. Disease Surveillance, 2024, 39(12): 1661–1666.

[31] 畅晓晖. 基于全基因组测序的致病菌分型溯源技术研究进展[J]. 中国口岸科学技术, 2021, 3(S1): 41–47.
CHANG XH. Research on pathogenic traceability of pathogenic bacteria based on whole-genome sequencing [J]. China Port Science and Technology, 2021, 3(S1): 41–47.

[32] 郝潇, 赵嘉咏, 宋威蓉, 等. 单核苷酸多态性与核心基因组多位点序列分型技术在宋内志贺菌暴发疫情调查中的应用研究[J]. 现代疾病预防控制, 2024, 35(12): 940–943.
HAO X, ZHAO JY, SONG WR, *et al*. Application of wgSNP and cgMLST sequence analysis technology in the investigation of *Shigella songnei* outbreak [J]. Modern Disease Control and Prevention, 2024, 35(12): 940–943.

[33] 林秋云, 杜光文, 曾树权, 等. 潮州市食品中食源性致病菌污染状况及耐药性监测结果[J]. 中国热带医学, 2008, 8(6): 1015–1017.
LIN QY, DU GW, ZENG SQ, *et al*. Status of contamination of foods with food-borne pathogenic bacteria and results of monitoring of drug resistance in Chaozhou City [J]. China Tropical Medicine, 2008, 8(6): 1015–1017.

[34] 陈金堃, 张琴超, 何琴芬, 等. 绍兴市 5 起食源性副溶血性弧菌暴发事件的病原学特征和耐药性分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2025, 37(7): 674–680.
CHEN JK, ZHANG QC, HE QF, *et al*. Etiological characteristics and antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* strains causing five foodborne disease outbreaks in Shaoxing City [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025, 37(7): 674–680.

(责任编辑: 蔡世佳　安香玉)