

# 贵州省多重耐药沙门菌的分子流行病学特征及 $\beta$ -内酰胺类耐药基因分析

文永仙<sup>1</sup>, 龙利<sup>2</sup>, 游旅<sup>3</sup>, 刘艳敏<sup>3</sup>, 王铭<sup>3</sup>, 汪俊华<sup>1</sup>, 韦小瑜<sup>1,3</sup>

1. 贵州医科大学公共卫生与健康学院, 环境污染与疾病监控教育部重点实验室, 贵州 贵阳 561113;

2. 铜仁市疾病预防控制中心; 3. 贵州省疾病预防控制中心

**摘要:**目的 了解贵州省多重耐药沙门菌临床分离株的分子流行病学特征, 明确菌株携带  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的情况, 为贵州省多重耐药沙门菌的防治提供参考依据。方法 以 70 株多重耐药沙门菌为研究对象, 采用微量肉汤稀释法对其进行抗生素敏感性分析, 采用多位点序列分型 (Multilocus sequence typing, MLST) 方法进行分子流行病学分析, 应用 PCR 方法检测多重耐药沙门菌  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的携带情况。结果 贵州省 70 株多重耐药沙门菌以同时对 4~5 类抗生素耐药为主, 占 64.3%, 有 4.3% 的菌株出现了泛耐药。70 株多重耐药沙门菌被分为 15 个序列型, 分属于 13 个 eBurst Group, 其中 ST34、ST11 和 ST19 是最常见 ST 型。ST 型别最多的是铜仁市, 部分地区出现独有的 ST 型, 不同优势 ST 型其耐药谱不同。80.0% 菌株至少携带一种  $\beta$ -内酰胺类耐药基因, 其中  $bla_{TEM}$  (78.6%) 最常见,  $bla_{CTX-M}$  基因占 2.9%, 包括  $bla_{CTX-M-55}$  和  $bla_{CTX-M-64}$  亚型,  $bla_{SHV}$ 、 $bla_{OXA-2}$  和  $bla_{PER}$  基因未检出。结论 贵州省多重耐药沙门菌 ST34、ST11 和 ST19 为常见序列型, 不同地区多重耐药沙门菌有一定的同源性, 这些菌株可能在不同地区进行了传播, 对  $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药主要由  $bla_{TEM}$  介导。

**关键词:**沙门菌; 多重耐药; 多位点序列分型;  $\beta$ -内酰胺酶基因

中图分类号: R378.22 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2024)22-4051-07

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202406064

## Molecular epidemiological characteristics and analysis of $\beta$ -lactam resistance genes of multi-drug resistant *Salmonella*, Guizhou

WEN Yong-xian\*, LONG Li, YOU Lv, LIU Yan-min, WANG Ming, WANG Jun-hua, WEI Xiao-yu

\* School of Public Health, the Key Laboratory of Environmental Pollution Monitoring and Disease Control, Ministry of Education, Guizhou Medical University, Guiyang, Guizhou 561113, China

**Abstract: Objective** To understand the molecular epidemiological characteristics of multi-drug-resistant (MDR) *Salmonella* clinical isolates in Guizhou Province and clarify the carrying of  $\beta$ -lactamase resistance genes to provide a reference basis for the prevention and treatment of MDR *Salmonella* in Guizhou province. **Methods** A total of 70 MDR *Salmonella* were used for the study, antibiotic susceptibility analyses of *Salmonella* were carried out using the micro broth dilution method, molecular epidemiological analyses were carried out using the method of multilocus sequence typing (MLST). Polymerase Chain Reaction was used to detect the  $\beta$ -lactamase resistance genes in the MDR *Salmonella* strains. **Results** The 70 MDR *Salmonella* strains in Guizhou province were predominantly resistant to antibiotics of 4-5 classes at the same time, accounting for 64.3% of the total, even 4.3% of the strains showed extensive drug-resistance. The 70 MDR *Salmonella* strains contained 15 sequence types, belonging to 13 eBurst groups, with ST34, ST11, and ST19 being the most common ST types. The most ST type in Tongren City, and unique ST type appeared in some cities, with different dominant ST type with different resistance profiles. The detection of  $\beta$ -lactamase gene showed that 80.0% of the strains carried at least one of  $\beta$ -lactam-resistant genes, with the most common one being  $bla_{TEM}$  (78.6%). The  $bla_{CTX-M}$  gene was detected in 2.9% strains, and the resistant genes subtypes were  $bla_{CTX-M-55}$  and  $bla_{CTX-M-64}$ . The  $bla_{SHV}$ ,  $bla_{OXA-2}$ , and  $bla_{PER}$  genes were not detected. **Conclusion** The MDR *Salmonella* ST34, ST11 and ST19 as common sequence types in Guizhou province, and there was a certain degree of homology among MDR *Salmonella* in different regions, and that these strains may have been transmitted in

基金项目: 贵州省科技支撑计划项目(黔科合支撑[2020]4Y143号); 贵州省科技基金计划项目(黔科合基础[2017]1094); 贵州省传染病预防与控制人才基地科研团队项目(RCJD2104); 贵州省卫生健康委科学基金项目(gzkwj2023-498)

作者简介: 文永仙(1996—), 女, 硕士在读, 研究方向: 肠道细菌分子流行病学研究

通信作者: 韦小瑜, E-mail: weixyuse@foxmail.com

different regions. The  $\beta$ -lactam antibiotics was mainly mediated by *bla*<sub>TEM</sub>.

**Keywords:** *Salmonella*; Multi-drug resistance (MDR); Multilocus sequence typing (MLST);  $\beta$ -lactamases genes

沙门菌是引起食源性疾病的主要病原,也是常见的人兽共患病原体<sup>[1]</sup>。在美国,每年有 135 万非伤寒沙门菌病例,导致 2.65 万人次住院和 420 人死亡<sup>[2]</sup>。同样,在欧盟所有病因明确的食源性暴发事件中,由沙门菌引起的占比较高<sup>[3]</sup>。中国食源性疾病监测系统显示,2011 年至 2020 年期间,沙门菌是引起食源性疾病最常见的致病菌之一,由沙门菌引起的食源性疾病事件 1 435 起,发病人数达 26 536 人次,腹泻患者的沙门菌分离率呈上升趋势,对人类健康构成严重的威胁<sup>[4]</sup>。

沙门菌病通常是一种自限性疾病,但在某些免疫低下人群中,抗生素仍然是治疗沙门菌病的重要手段。但抗生素的过度使用和不合理应用,使沙门菌耐药菌株不断增加,特别是产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(Extended-Spectrum  $\beta$ -lactamase, ESBLs)的多重耐药(Multi-Drug Resistance, MDR)及泛耐药(Extensive-Drug Resistance, XDR)菌株的出现,正日益成为全球公共卫生的一个重大挑战<sup>[5-6]</sup>。

血清学分型作为沙门菌监测的一个重要工具,有利于进行疫情跟踪。然而,这项技术费时费力,且沙门菌血清型数量繁多,使得血清型鉴定非常复杂<sup>[7]</sup>。多位点序列分型(Multilocus Sequence Typing, MLST)作为一种可重复性高,分辨率高的技术,是目前分子分型经常使用的方法,它通过检测多个管家基因内部片段的核苷酸序列,分析菌株间的遗传相关性,已被很多实验室用来进行流行病学调查和暴发研究<sup>[8]</sup>。

以往的研究发现,贵州省沙门菌多重耐药的情况较严重<sup>[9]</sup>,但多重耐药沙门菌分子流行病学和  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的携带情况仍不清楚。本研究拟对 2018 年临床分离的多重耐药沙门菌菌株进行 MLST 分子分型和  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因分析,了解本省多重耐药沙门菌菌株的分子流行病学特征和  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的携带情况,为贵州省多重耐药沙门菌的有效防治提供数据支撑。

## 1 材料与方法

**1.1 菌株来源** 70 株耐药沙门菌临床分离株来源于贵州省 2018 年贵阳(12 株)、遵义(2 株)、安顺(8 株)、毕节(3 株)、铜仁(31 株)、六盘水(5 株)、黔东南(5 株)、黔南(4 株)8 个市(州)感染性腹泻监测哨点医院的临床病例。将收集的所有菌株接种至沙门菌显色培养基,37℃ 培养 18 h,挑取紫色单菌落穿刺接种至克氏双糖铁琼脂,并使用 API20E 试剂条进行

生化鉴定,明确为沙门菌的菌株,采用玻片凝集法进行血清分型,根据考夫曼-怀特沙门菌属抗原表,判定菌株的血清型。本研究获得贵州省疾病预防控制中心伦理委员会批准(伦理批准号:S2019-03)。

**1.2 主要试剂及仪器** API20E 生化鉴定条(法国生物梅里埃公司)、沙门菌诊断血清(丹麦 SSI 公司)、革兰阴性需氧药敏检测板(上海星佰生物技术有限公司)、血琼脂培养基(贝瑞特生物技术有限公司)、premix Tap Version 2.0(大连宝生物工程有限公司),扩增引物由北京天一辉远有限公司合成;强制对流培养箱(路易企业有限公司)、生物安全柜(THERMO 公司)、冰箱(青岛海尔特种电器有限公司)、高速离心机(上海医用分析仪器厂)、金属浴(杭州佑宁仪器有限公司)、PCR 扩增仪(德国华奥行仪器有限公司)、凝胶成像系统(美国 Bio-Rad 公司)。

## 1.3 方法

**1.3.1 多重耐药菌株的鉴定** 采用微量肉汤稀释法测定 10 类 16 种抗生药的最小抑菌浓度(Minimum Inhibitory Concentration, MIC),所测抗生素包括环丙沙星(CIP),链霉素(STR),氨苄西林(AMP),氯霉素(CHL),磺胺异恶唑(SOX),复方新诺明(SXT),萘啶酸(NAL),阿莫西林/克拉维酸钾(AMC),头孢曲松(CRO),多西环素(DOX),庆大霉素(GEN),阿奇霉素(AZM),四环素(TCY),头孢西丁(FOX),头孢吡肟(FEP),亚胺培南(IPM)。记录所有菌株对所测抗生素的 MIC 值,根据美国临床实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standard Institute, CLSI 2017)标准判读结果,质控菌株为大肠埃希菌(ATCC25922)。多重耐药(Multi-Drug Resistance, MDR)菌定义为对 3 类及以上抗生素耐药的菌株,泛耐药(Extensive-Drug Resistance, XDR)菌定义为对 8 类及以上抗生素耐药的菌株。

**1.3.2 细菌 DNA 提取** 将多重耐药沙门菌菌株接种至营养琼脂平板上,36.5℃ ± 1.0℃ 培养 18~24 h,挑取少许菌落制成菌悬液,采用水煮法提取细菌基因组 DNA。100℃ 水煮 10 min,13 000 r/min 离心 10 min,取上清液作为 DNA 模板,保存至 -80℃ 备用。

## 1.3.3 MLST 分子分型

**1.3.3.1 管家基因扩增测序** 按照 MLST 官网(<https://enterobase.readthedocs.io/en/latest/mlst/>)提供的 7 个管家基因(thrA, purE, sucA, hisD, hemD, aroC, dnaN)的引物合成扩增引物和测序引物。采用 PCR 方法分别扩增 7 个管家基因,扩增体系为 50  $\mu$ L,

其中 DNA Taq premix 25  $\mu\text{L}$ , 上下游引物各 1  $\mu\text{L}$  (10  $\mu\text{mol/L}$ )、DNA 模板 2  $\mu\text{L}$ 、超纯水 21  $\mu\text{L}$ 。扩增反应条件为:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min,94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s,56  $^{\circ}\text{C}$  退火 1 min,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min,30 个循环,72 $^{\circ}\text{C}$  延伸 10 min。无 DNA 模板的体系及超纯水作为阴性对照。取 5  $\mu\text{L}$  扩增产物,于 1.0% 琼脂糖凝胶 120 V 电泳 25 ~ 30 min,阳性产物送至北京天一辉远生物技术有限公司进行双向测序。

**1.3.3.2 MLST 分型分析** 使用 DNASTar 进行双向序列的拼接,测序序列与相应管家基因的标准序列进行比对并截为标准长度,将比对好的序列上传至 PubMLST 网站沙门菌数据库 (<https://pubmlst.org/organisms/Salmonella-spp>),获得各菌株的等位基因谱及序列型,并应用在线 eBURST 软件进行克隆群 (eBurst Group, eBGs) 分析。7 个管家基因按照 (aroC - dnaN - hemD - hisD - purE - sucA - thrA) 的顺序进行串联,采用 MEGA 7.0 软件绘制遗传进化树,以确定不同 ST 型之间的关系。使用 BioNumerics 7.6 软件构建最小生成树分析菌株 ST 型在不同地区的分布。

**1.3.4  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的测定** 采用 PCR 方法对多重耐药沙门菌菌株进行 *bla*<sub>TEM</sub>、*bla*<sub>SHV</sub>、*bla*<sub>OXA-1</sub>、*bla*<sub>OXA-2</sub>、*bla*<sub>PER</sub>、*bla*<sub>CTX-M</sub> 和 *bla*<sub>CMY-2</sub> 基因的测定,扩增引物和 PCR 反应条件按文献提供的方法进行<sup>[10-11]</sup>。*bla*<sub>CTX-M</sub> 阳性产物送至北京天一辉远生物

技术有限公司进行测序,测序序列通过 NCBI Blast (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 对序列进行比对,确定基因亚型。

## 2 结果

**2.1 沙门菌复核鉴定及血清分型** 70 株菌株均为沙门菌菌株,分为 13 个血清型,其中居前三位的血清型为鼠伤寒沙门菌 (52.9%, 37/70)、肠炎沙门菌 (22.9%, 16/70)、伦敦沙门菌 (7.1%, 5/70)。

**2.2 抗生素敏感性试验** 10 类抗生素中青霉素类、氨基糖苷类、磺胺类、四环素类耐药率较高,其中复方异恶唑、氨苄西林和链霉素耐药率均超过 90.0%,四环素和多西环素耐药率分别为 85.7% 和 78.6%。氯霉素类和喹诺酮类呈中度水平耐药,耐药率在 24.3% ~ 64.3%。 $\beta$ -内酰胺酶抑制剂类、头孢菌素类、大环内酯类和碳青霉烯类抗生素呈低水平耐药,耐药率在 1.4% ~ 11.4% 之间,见表 1。70 株沙门菌均为多重耐药菌株,其中以同时对 4 ~ 5 类抗生素耐药为主 (64.3%, 45/70)。此外,有 4.3% 的菌株呈现出泛耐药现象,耐药种类最多的达 9 类,涵盖头孢菌素类、第三代喹诺酮类和大环内酯类和  $\beta$ -内酰胺酶抑制剂类等多个类别。沙门菌耐药谱型多样,其中耐药谱为 AMP - CHL - STR - SOX - TCY - DOX - SXT 的菌株最多 (25.7%, 18/70)。

表 1 贵州省 70 株多重耐药沙门菌临床分离株的耐药情况

Table 1 Antimicrobial resistance of 70 MDR *Salmonella* clinical isolates from Guizhou province

抗生素种类	抗生素名称	耐药 (n/%)	中介 (n/%)	敏感 (n/%)
青霉素类	氨苄西林	67 (95.7)	0 (0.0)	3 (4.3)
氯霉素类	氯霉素	45 (64.3)	1 (1.4)	24 (34.3)
氨基糖苷类	链霉素	65 (92.9)	0 (0.0)	5 (7.1)
	庆大霉素	14 (20.0)	2 (2.9)	54 (77.1)
碳青霉烯类	亚胺培南	2 (2.9)	0 (0.0)	68 (97.1)
$\beta$ -内酰胺酶抑制剂类	阿莫西林/克拉维酸钾	8 (11.4)	22 (31.4)	40 (57.1)
头孢菌素类	头孢西丁	1 (1.4)	3 (4.3)	66 (94.3)
	头孢曲松	5 (7.1)	2 (2.9)	63 (90.0)
	头孢吡肟	5 (7.1)	3 (4.3)	62 (88.6)
磺胺类	复方异恶唑	68 (97.1)	0 (0.0)	2 (2.9)
	复方新诺明	41 (58.6)	0 (0.0)	29 (41.4)
四环素类	四环素	60 (85.7)	0 (0.0)	10 (14.3)
	多西环素	55 (78.6)	3 (4.3)	12 (17.1)
喹诺酮类	环丙沙星	17 (24.3)	47 (67.1)	6 (8.6)
	萘啶酸	26 (37.1)	0 (0.0)	44 (62.9)
大环内酯类	阿奇霉素	8 (11.4)	0 (0.0)	62 (88.6)

**2.3 多重耐药沙门菌 MLST 分型分析** 70 株多重耐药沙门菌共有 15 种 ST 型 (见表 2), 其中 ST34 (25.7%, 18/70)、ST11 (22.9%, 16/70) 和 ST19 (22.9%, 16/70) 为优势型别。15 种 ST 型分属于 13

个 eBurst Group (eBGs), ST19、ST34、ST5401 属于 eBG1 群,其余 ST 型属于独立群。大多数菌株 ST 型与血清型有较好的对应关系。在 37 株鼠伤寒沙门菌中 ST34、ST19、ST36 和 ST5401 分别占 48.6% (18/

37)、43.2% (16/37)、5.4% (2/37) 和 2.7% (1/37)。其中 ST34、ST5401 分别在等位基因 dnaN19、dnaN808 与 ST19 等位基因 dnaN7 存在单个碱基变异, 分别由 G→A 和 A→G, 二者均为 ST19 的单位点变异体

(Single - Locus Variant, SLV), 它们之间遗传差异极小。ST11 和 ST155 分别对应肠炎沙门菌和伦敦沙门菌。ST358 存在于疯牛沙门菌和黄金海岸沙门菌两种不同血清型中。

表 2 贵州省 70 株多重耐药沙门菌血清型及 ST 分型结果

Table 2 Results of serotyping and ST typing of 70 MDR *Salmonella* isolates from Guizhou province

血清型	ST 型	aroC	dnaN	hemD	hisD	purE	sucA	thrA	eBG	菌株数	百分比 (%)
肠炎沙门菌	S11	5	2	3	7	6	6	11	4	16	22.9
阿贡纳沙门菌	ST13	3	3	7	4	3	3	7	54	2	2.9
鼠伤寒沙门菌	ST19	10	7	12	9	5	9	2	1	16	22.9
鼠伤寒沙门菌	ST34	10	19	12	9	5	9	2	1	18	25.7
鼠伤寒沙门菌	ST36	18	14	12	9	5	18	21	138	2	2.9
鼠伤寒沙门菌	ST5401	10	808	12	9	5	9	2	1	1	1.4
新加坡沙门菌	ST26	14	13	18	12	14	18	1	28	1	1.4
哈达尔沙门菌	ST33	2	5	6	7	5	7	12	22	1	1.4
德尔卑沙门菌	ST40	19	20	3	20	5	22	22	57	2	2.9
圣保罗沙门菌	ST50	5	21	18	9	6	12	17	14	1	1.4
斯坦利沙门菌	ST86	2	14	24	14	37	19	8	5	1	1.4
伦敦沙门菌	ST155	10	60	58	66	6	65	16	237	5	7.1
病牛沙门菌	ST358	5	110	35	122	2	19	22	251	1	1.4
黄金海岸沙门菌	ST358	5	110	35	122	2	19	22	251	1	1.4
火鸡沙门菌	ST463	92	125	78	128	138	9	141	83	1	1.4
科瓦利斯沙门菌	S1541	197	187	10	234	8	65	22	236	1	1.4

**2.4 多重耐药沙门菌耐药谱型与 ST 型的关系** 对 70 株菌株耐药谱与 ST 型进行分析发现, ST11 菌株共有 8 种耐药谱, 以 AMP - STR - SOX - NAL (50.0%, 8/16) 为主, ST19 菌株共形成 9 种耐药谱, 主要耐药谱型为 AMP - CHL - STR - SOX - TCY - DOX - SXT (50.0%, 8/16), ST34 耐 5~6 类抗生素最多, 共形成 13 种耐药谱, 且耐药谱型复杂, 无绝对优势的耐药谱型。值得注意的是, 本研究中出现 3 株泛耐药菌株, ST 型分别为 ST155、ST19 和 ST26 (见图 1)。

## 2.5 多重耐药沙门菌遗传进化分析

**2.5.1 MLST 遗传进化分析** 所有的 ST 型聚类成 A - D 四个簇 (见图 1)。A 簇包括 ST19、ST34、ST36、ST5401、ST50 和 ST86, 以鼠伤寒沙门菌所属的 ST19 和 ST34 为主。B 簇仅存在单独一株 ST26。ST155、ST1541、ST40、ST358、ST463 和 ST13 属于 C 簇, 其中菌株血清型最丰富。D 簇包括 ST33 和 ST11 两种 ST 型, 以肠炎沙门菌 ST11 为主。ST26 和 ST33 与其他 13 种 ST 型遗传距离较远。

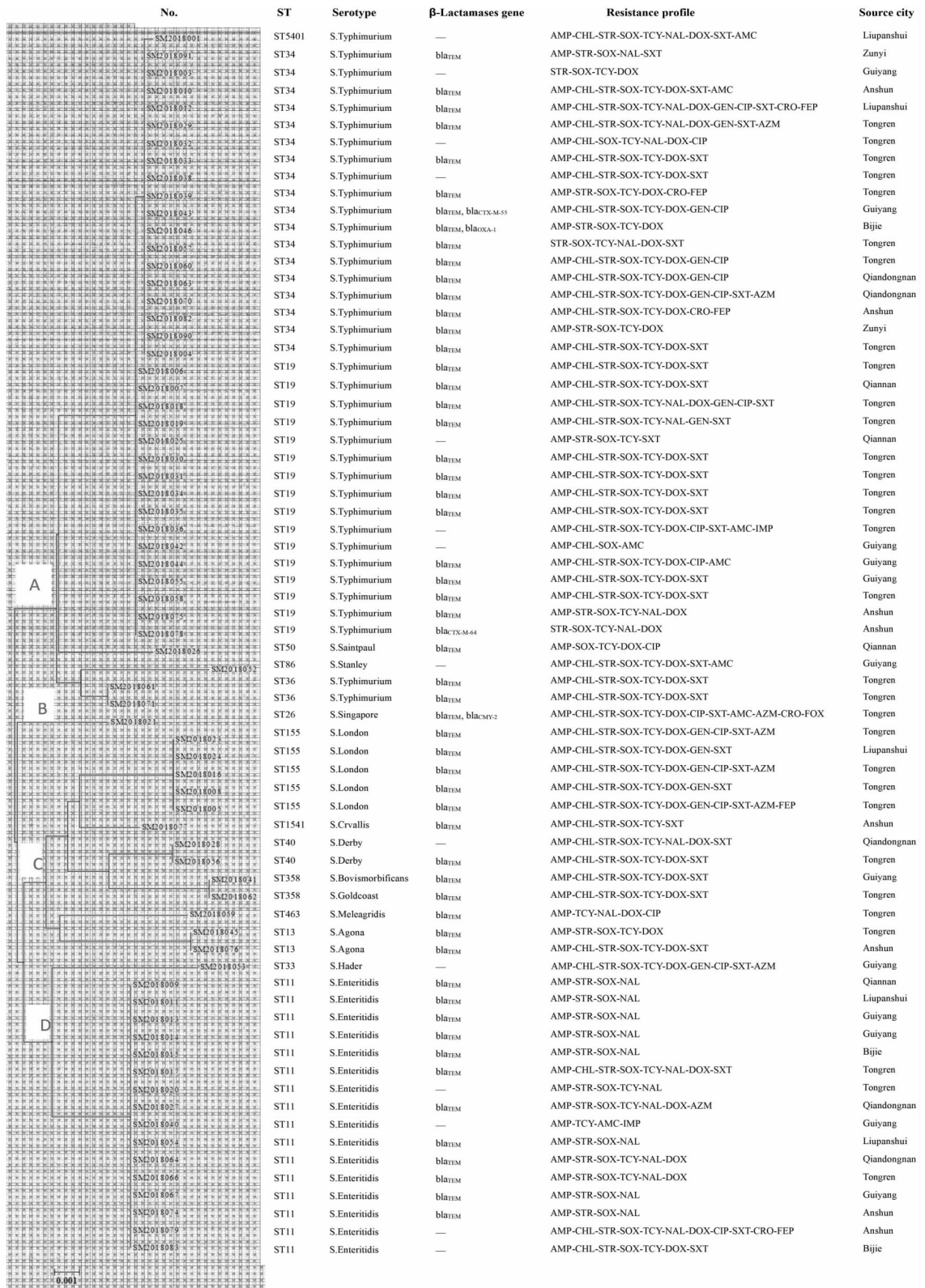
**2.5.2 MLST 最小生成树分析** 以地区为单位分类形成的最小生成树中 (见图 2), 形成了一个由 35 株菌株组成的克隆复合体, 包括 ST19、ST34 和 ST5401。所有市(州)中, 铜仁市所含 ST 型最多 (66.7%, 10/15), 其次为贵阳市 (40%, 6/15), 遵义市仅有 ST34 型分布。此外 ST26、ST36、ST463 仅在铜仁市有分布, ST33、ST86 为贵阳市独有, ST50、ST1541 和 ST5401 分别仅在黔南

州、安顺市、六盘水市分布 (见图 2)。

**2.6  $\beta$  - 内酰胺耐药基因检测结果** PCR 检测结果显示, 80.0% 菌株至少携带一种  $\beta$  - 内酰胺类耐药基因,  $bla_{TEM}$  (78.6%, 55/70) 最常见,  $bla_{CTX-M}$  占 2.9% (2/70), 包括  $bla_{CTX-M-55}$  和  $bla_{CTX-M-64}$  亚型,  $bla_{OXA-1}$  和  $bla_{CMY-2}$  检出率均为 1.4% (1/70),  $bla_{SHV}$ 、 $bla_{OXA-2}$  和  $bla_{PER}$  基因未检出。其中 80.6% (54/67) 氨苄西林耐药的菌株携带  $bla_{TEM}$ , 该基因与氨苄西林有较好的相关性。ST11 菌株中仅检出  $bla_{TEM}$  (75.0%, 12/16) 基因, ST19 菌株检出  $bla_{TEM}$  (75.0%, 12/16) 和  $bla_{CTX-M}$  (6.3%, 1/16)。此外, ST34 菌株检出携带  $bla_{TEM}$  (83.3%, 15/18)、 $bla_{CTX-M}$  (5.6%, 1/18) 和  $bla_{OXA-1}$  (5.6%, 1/18)。值得注意的是, 存在 1 株菌同时携带  $bla_{TEM}$  和  $bla_{CTX-M}$  基因导致对头孢曲松和头孢吡肟的耐药性, 另有 1 株菌同时携带  $bla_{TEM}$  和  $bla_{OXA-1}$  基因。

## 3 讨论

文献报道非伤寒沙门菌多重耐药率已从 90 年代 20%~30% 增长至本世纪的 70%<sup>[12]</sup>。特别是氟喹诺酮类、第三、四代头孢和阿奇霉素等产生耐药的菌株逐渐出现, 这将影响人类沙门菌感染的有效治疗。本研究中, 亦出现对环丙沙星、头孢曲松、阿奇霉素、亚胺培南单独或同时耐药菌株, 此外, 贵州省已出现泛耐药沙门菌菌株, 将威胁沙门菌病的有效治疗, 因此,



注:70 株多重耐药沙门菌菌株被分为四个簇,分别用 A、B、C、D 表示。每个簇内的菌株在遗传上较为接近。分支长度表示遗传距离,反映了菌株间的遗传差异。“—”表示未检出  $\beta$ -内酰胺耐药基因。

图 1 贵州省 70 株多重耐药沙门菌多位点序列分型遗传进化树

Fig. 1 MLST genetic evolution tree of 70 MDR *Salmonella* isolates from Guizhou province

沙门菌菌株耐药性的动态监测至关重要。

MLST 是一种各种病原体进行分子流行病学研究的重要方法,本研究对 70 株多重耐药沙门菌进行分

子分型,其中 ST11、ST19、ST34 为常见的序列型,这与浙江省、广东省和江西省报道的腹泻病人沙门菌多位点序列分析结果一致<sup>[13-15]</sup>。遗传进化树分析不同



- childhood obesity[J]. Chinese Journal of Disease Prevention and Control, 2021, 25(5): 500-503. (In Chinese)
- [10] Gluckman P, Nishtar S, Armstrong T. Ending childhood obesity: a multidimensional challenge[J]. Lancet, 2015, 385(9973): 1048-1050.
- [11] 李超,王荣辉,李琳,等. 中国 3~6 岁儿童肥胖危险因素病例—对照研究的 Meta 分析[J]. 卫生研究, 2022, 51(4): 656-661. Li C, Wang RH, Li L, et al. A case-control meta-analysis of obesity risk factors in children aged 3 to 6 years in China[J]. Journal of Health Research, 2022, 51(4): 656-661. (In Chinese)
- [12] 张洁. 安顺市 6 月~6 岁儿童营养性缺铁性贫血现状分析[J]. 中国保健营养, 2021, 31(30): 232-233. Zhang J. Analysis of the current situation of nutritional iron deficiency anemia in children from June to 6 years old in Anshun city[J]. China Healthcare & Nutrition, 2021, 31(30): 232-233. (In Chinese)
- [13] 季孝,丁文杰. 6 月龄~6 岁儿童贫血与全血中铁、钙、铜、铅、镁、锌水平的相关分析[J]. 预防医学, 2018, 30(9): 946-948, 952. Ji X, Ding WJ. Correlation analysis of anemia and iron, calcium, copper, lead, magnesium, zinc levels in whole blood in children aged 6 months to 6 years[J]. Journal of Preventive Medicine, 2018, 30(9): 946-948, 952. (In Chinese)
- [14] 陈社菊,李帅奇,王栋,等. 基于潜类别分析的河南省贫困地区婴幼儿营养包服用与贫血的关系[J]. 卫生研究, 2022, 51(5): 740-745, 760. Chen SJ, Li SQ, Wang D, et al. Relationship between nutrition pack consumption and anemia in infants and young children in poor areas of Henan province based on latent category analysis[J]. Journal of Health Research, 2022, 51(5): 740-745, 760. (In Chinese)
- [15] 王鸥,王丽娟,黄建,等. 营养包覆盖地区 6~23 月龄婴幼儿贫血影响因素分析[J]. 中国儿童保健杂志, 2019, 27(11): 1211-1215. Wang O, Wang LJ, Huang J, et al. Analysis on the influencing factors of anemia in infants aged 6~23 months in the areas covered by nutrition packs[J]. Chinese Journal of Child Health, 27(11): 1211-1215. (In Chinese)

收稿日期:2024-07-12

## (上接第 4056 页)

- [8] Gómez-Baltazar A, Godínez-Oviedo A, Vázquez-Marrufo G, et al. Genomic analysis of the MLST population structure and antimicrobial resistance genes associated with *Salmonella enterica* in Mexico[J]. Genome, 2023, 66(12): 319-332.
- [9] Wei XY, You L, Wang D, et al. Antimicrobial resistance and molecular genotyping of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis clinical isolates from Guizhou province of Southwestern China[J]. PLOS One, 2019, 14(9): e0221492.
- [10] Ryo NH, Kim EC, Hong SG, et al. Dissemination of SHV-12 and CTX-M-type extended-spectrum beta-lactamases among clinical isolates of *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* and emergence of GES-3 in Korea[J]. The Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2005, 56(4): 698-702.
- [11] Hasman H, Mevius D, Veldman K, et al. beta-Lactamases among extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-resistant salmonella from poultry, poultry products and human patients in the Netherlands[J]. The Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2005, 56(1): 115-121.
- [12] 徐飞,王庭庭,谈华,等. 腹泻儿童沙门菌多位点序列及耐药特征分析[J]. 临床儿科杂志, 2018, 36(7): 520-523. Xu F, Wang TT, Tan H, et al. The multilocus sequence typing and drug resistance characteristics of *Salmonella* in children with diarrhea[J]. Journal of Clinical Pediatrics, 2018, 36(7): 520-523. (In Chinese)
- [13] Chen JC, Ed-Dra A, Zhou HY, et al. Antimicrobial resistance and genomic investigation of non-typhoidal *Salmonella* isolated from outpatients in Shaoxing city, China[J]. Frontiers in Public Health, 2022, 10: 988317.
- [14] 彭思露,周厚德,游兴勇,等. 2014—2018 年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株 MLST 分型及流行特征研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35(10): 1538-1544. Peng SL, Zhou HD, You XY, et al. The multi-locus sequence typing and epidemiological characteristics of *Salmonella* isolated from patients with foodborne diseases from 2014 to 2018 in Jiangxi Province[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023, 35(10): 1538-1544. (In Chinese)
- [15] Xu L, He Q, Tang Y, et al. Multi-locus sequence and drug resistance analysis of *Salmonella* infection in children with diarrhea in Guangdong to identify the dominant ST and cause of antibiotic-resistance[J]. Experimental and Therapeutic Medicine, 2022, 24(5): 678.
- [16] Hassan ER, Alhatami AO, Abdulwahab HM, et al. Characterization of plasmid-mediated quinolone resistance genes and extended-spectrum beta-lactamases in non-typhoidal *Salmonella enterica* isolated from broiler chickens[J]. Veterinary World, 2022, 15(6): 1515-1522.
- [17] Lai JC, Mu H, Zhou BQ, et al. BlaTEM-positive *Salmonella enterica* serovars Agona and Derby are prevalent among food-producing animals in Chongqing, China[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1011719.
- [18] De Jesus Bertani AM, Vieira T, Reis AD, et al. Whole genome sequence analysis of the first reported isolate of *Salmonella* Agona carrying blaCTX-M-55 gene in Brazil[J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 2299.
- [19] Li LL, Olsen RH, Xiao J, et al. Genetic context of blaCTX-M-55 and qnrS1 genes in a foodborne *Salmonella enterica* serotype Saintpaul isolate from China[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 899062.
- [20] Shigemura H, Maeda TKH, Nakayama S, et al. Transmission of extended-spectrum cephalosporin-resistant *Salmonella* harboring a blaCMY-2-carrying IncA/C2 plasmid chromosomally integrated by ISEcp1 or IS26 in layer breeding chains in Japan[J]. The Journal of Veterinary Medical Science / the Japanese Society of Veterinary Science, 2021, 83(9): 1345-1355.
- [21] Ali MS, Song HJ, Moon BY, et al. Antibiotic resistance profiles and molecular characteristics of bla<sub>CMY-2</sub>-Carrying *Salmonella enterica* Serovar Albany isolated from chickens during 2013-2020 in South Korea[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2023, 20(11): 492-501.
- [22] Shen XH, Yin L, Zhang AY, et al. Prevalence and characterization of salmonella isolated from chickens in Anhui, China[J]. Pathogens, 2023, 12(3): 465.

收稿日期:2024-06-05