

广东省2013—2014年食源性疾病主动监测的病原学特征分析

柯碧霞 何冬梅 谭海玲 曾洪辉 杨彤 李柏生 梁宇恒 卢玲玲
梁骏华 黄琼 柯昌文

511430 广州,广东省疾病预防控制中心(柯碧霞、何冬梅、谭海玲、李柏生、梁宇恒、卢玲玲、梁骏华、黄琼、柯昌文); 510440 广州,广东省生物制品与药物研究所耐药监测室(曾洪辉、杨彤)

通信作者:柯昌文, Email:kecw1965@aliyun.com

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.10.012

【摘要】 目的 了解广东省腹泻病例中沙门菌、志贺菌、副溶血弧菌和4种致泻性大肠埃希菌[肠产毒性大肠埃希菌(ETEC)、肠致病性大肠埃希菌(EPEC)、产志贺毒素大肠埃希菌(STEC)、肠侵袭性大肠埃希菌(EIEC)]的感染情况及其血清型别、耐药变化和分子特征。**方法** 对2013—2014年广东省食源性疾病主动监测检出的沙门菌、志贺菌、副溶血弧菌和4种致泻性大肠埃希菌株进行血清分型、药物敏感试验和PFGE分型。**结果** 2013—2014年检测粪便标本57 834份,分离到3 372株致病菌,检出率为5.83%;沙门菌的检出阳性率最高,其次是副溶血弧菌、致泻性大肠埃希菌、志贺菌。3 213株沙门菌分为143种血清型,最常见的血清型为鼠伤寒、4,5,12:i:-、肠炎、斯坦利和德尔卑沙门菌。沙门菌对头孢类和氟喹诺酮类药物均较敏感;不同血清型沙门菌对抗生素的耐药率有明显差异,10种最常见血清型中,肠炎沙门菌对头孢类药物的耐药率最高,德尔卑沙门菌对环丙沙星的耐药率最高。2 289株各血清型沙门菌的PFGE型别分布多样,表现出较大的指纹图谱多态性。85株副溶血弧菌分为10种血清型,最主要的血清型为O3:K6(61.18%),其次是O4:K8(10.59%);*tdh*携带率高(81.18%),*trh*携带率较低(7.06%),有10株菌(11.76%)不携带该两种毒力基因;副溶血弧菌对亚胺培南、茶啶酸、复方新诺明、氯霉素、四环素的敏感率均>95%。13株志贺菌分别为宋内志贺菌9株、福氏志贺菌3株、鲍氏志贺菌1株;对头孢他啶、环丙沙星、氯霉素较敏感(76.92%)。检出的86株致泻性大肠埃希菌中ETEC 29株(33.72%),EPEC 27株(31.39%),STEC 27株(31.39%),EIEC 3株(3.48%)。**结论** 2013—2014年广东省食源性疾病主动监测中沙门菌检出率最高(5.57%),其次是副溶血弧菌、致泻性大肠埃希菌、志贺菌;沙门菌、副溶血弧菌和志贺菌对头孢类和氟喹诺酮类药物敏感;沙门菌感染中仅发现聚集性病例,但未监测到暴发。

【关键词】 食源性疾病主动监测;致病菌;病原学特征

基金项目:广东省省级科技计划(2013B060400012,2014A020219004);中美新发和再发传染病合作项目(1U2GGH000018-01)

Active etiological surveillance for foodborne diseases in Guangdong province, 2013–2014 Ke Bixia, He Dongmei, Tan Hailing, Zeng Honghui, Yang Tong, Li Bosheng, Liang Yuheng, Lu Lingling, Liang Junhua, Huang Qiong, Ke Changwen

Guangdong Provincial Center for Disease Control and Prevention, Guangzhou 511430, China (Ke BX, He DM, Tang HL, Li BS, Liang YH, Lu LL, Liang JH, Huang Q, Ke CW); Guangdong Provincial Institute of Biological Products and Material Medicine, Guangzhou, 510440, China (Zeng HH, Yang T)

Corresponding author: Ke Changwen, Email: kecw1965@aliyun.com

【Abstract】 Objective To study the infection status, serotypes, drug resistance and molecular characteristics of *Salmonella*, *Shigella*, *Vibrio parahaemolyticus*, enterotoxigenic *Escherichia (E.) coli* (ETEC), pathogenic *E. coli* (EPEC), Shiga Toxin producing *E. coli* (STEC) and Enteroinvasive *E. coli* (EIEC) collected from diarrhea patients in Guangdong. **Methods** The strains of *Salmonella*, *Shigella*, *V. parahaemolyticus* and 4 kinds of *E. coli* isolated from foodborne diseases surveillance during

2013–2014 were collected to conduct serotyping, drug resistance test and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). **Results** A total of 3 372 stains of pathogens were isolated from 57 834 stool samples during 2013–2014, the overall positive rate was 5.83% and the positive rate of *Salmonella* was highest, followed by that of *V. parahemolyticus*, 4 kinds of *E. coli* and *Shigella*. And 3 213 strains of *Salmonella* were divided into 143 serotypes. The most prevalent serotypes were *Salmonella typhimurium*, 4, 5, 12:i:-, *Enteritidis*, *Stanley* and *Derby*. *Salmonella* was sensitive to cephalosporin and fluoroquinolones, and showed significant differences in drug resistance rate among different serotypes. In top 10 common serotypes, *S. enteritidis* and *S. derby* were most resistant to cephalosporin and ciprofloxacin respectively. PFGE was performed for 2 289 strains of *Salmonella*, showing distribution diversity and significant fingerprint polymorphisms. The 85 strains of *V. parahemolyticus* were divided into 10 serotypes, O3 : K6 (61.18%) was the most common serotype, followed by O4 : K8. The results showed that the carrying rate of virulence genes *tdh* (81.18%) was high, while the carrying rate of *trh* was low (7.06%), and there were 10 strains carrying no the two kinds of virulence genes. The sensitive rate of *V. parahemolyticus* to imipenem, nalidixic acid, SMZ-TMP, chloramphenicol and tetracycline were more than 95%. Thirteen strains of *Shigella* were detected, including 9 strains of *Shigella sonnei*, 3 strains of *Shigella flexneri* and 1 strain of *Shigella boydii*. The strains all showed sensitivity to ceftazidime, ciprofloxacin and chloramphenicol (76.92%). There were 86 strains of *E. coli* detected, including 29 strains of ETEC (33.72%), 27 strains of EPEC (31.39%), 27 strains of STEC (31.39%) and 3 strains of EIEC (3.48%). **Conclusions** In the active etiological surveillance for foodborne diseases in Guangdong during 2013–2014, the detection rate of *Salmonella* was highest (5.57%), followed by that of *V. parahemolyticus*, 4 kinds of *E. coli* and *Shigella*. *Salmonella*, *V. parahemolyticus* and *Shigella* were sensitive to cephalosporin and fluoroquinolones. Clustered cases of *Salmonella* infection were found in the surveillance, but no outbreaks occurred.

【Key words】 Foodborne diseases active surveillance; Pathogenic bacteria; Etiological characteristics

Fund programs: Guangdong Provincial Science and Technology Plan Project (2013B060400012, 2014A020219004); Sino-US Collaborative Program on Emerging and Re-emerging Infectious Diseases (1U2GGH000018–01)

广东省自2007年始在全省哨点医院进行食源性主动监测,监测的病原体包括沙门菌、志贺菌、副溶血弧菌和4种致泻性大肠埃希菌[肠产毒性大肠埃希菌(ETEC)、肠致病性大肠埃希菌(EPEC)、产志贺毒素大肠埃希菌(STEC)、肠侵袭性大肠埃希菌(EIEC)]。本文分析2013—2014年广东省食源性主动监测的致病病原学特征,以掌握其血清型分布、耐药性和分子特征变化。

资料与方法

选择广东省广州、湛江、韶关、东莞、佛山、珠海、河源、茂名、阳江、中山、江门和揭阳12个城市的31所(2013年为30所)医院为监测哨点医院。采集哨点医院内符合腹泻病例定义(以腹泻症状为主,每日排便 ≥ 3 次且粪便性状异常,如稀便、水样便、黏液便或脓血便等就诊病例)者的粪便标本,检测沙门菌、志贺菌、副溶血弧菌和4种致泻性大肠埃希菌(ETEC、EPEC、STEC、EIEC)。阳性菌株由哨点医院集中送至广东省CDC或广州、珠海、佛山、东莞、中山市CDC微生物实验室,进一步做菌株复核、血清分型、PFGE分子分型和药敏试验(K-B法)。粪便样本检验、食源性病原菌分子分型及药敏试验方法参见国家食品安全风险评估中心编制的《2013年国

家食源性主动监测工作手册》中第5部分《生物样本检验标准操作程序》。药敏纸片分配器为英国OXOID公司产品;CHEF MAPPER脉冲场凝胶电泳仪和GEL Doc EQ凝胶成像分析系统、PCR仪为美国Bio-Rad公司产品;比浊仪为美国DADE BEHRING公司产品;Bln I酶购自宝生物工程(大连)有限公司,Xba I酶购自美国Promega公司,SeaKem Gold Agarose琼脂糖为美国Cambrex公司生产,蛋白酶K为MERCK公司产品。所有试剂均在有效期内使用。

结 果

一、致病菌检出情况

2013—2014年广东省食源性主动监测系统检测的4种致病菌中以沙门菌检出阳性率最高,其次是副溶血弧菌、致泻性大肠埃希菌,志贺菌检出率最低(表1)。

表1 2013—2014年广东省食源性主动监测致病菌检出株数和检出率(%)

年份	标本数	致病菌数	沙门菌	副溶血弧菌	致泻性大肠埃希菌	志贺菌
2013	29 415	1 532(5.21)	1 463(4.97)	43(0.15)	17(0.05)	9(0.03)
2014	28 419	1 874(6.59)	1 759(6.19)	42(0.15)	69(0.24)	4(0.01)
合计	57 834	3 406(5.89)	3 222(5.57)	85(0.15)	86(0.15)	13(0.02)

二、致病病原学特征

1. 沙门菌:

(1)血清型分布:共分离到沙门菌3 222株。其中9株菌血清不能分型外,其余3 213株可分为143种血清型。绝大多数菌株为常见的A~F群,只有19株(0.59%)为以外的血清型,分别为O:13(G)群4株、O:6,14(H)群1株、O:16(D)群5株、O:18(K)群1株、O:28(M)群3株、O:35(O)群1株、O:39(Q)群2株、O:40(R)群和O:43(U)群各1株。2014年检出广东省以往(2013年以前)未监测到的罕见血清型菌株,如Amsterdam、Augustenborg、Daytona、Clackamas、Fareham等。143种血清型中最常见的血清型为鼠伤寒、4,5,12:i:-、肠炎、斯坦利和德尔卑沙门菌。排前10位的血清型中鼠伤寒沙门菌变种4,5,12:i:-的数量变化最大;阿贡纳沙门菌有大幅增多,从2013年的11株增加至2014年的49株,增幅345%;伦敦沙门菌增幅为82%(表2)。

(2)耐药特征:对3 204株沙门菌进行12种抗生素的药物敏感实验,发现人源株对首选治疗药物头孢类和氟喹诺酮类均较敏感,对头孢他啶、头孢噻肟、头孢吡肟的耐药率分别为8.61%、14.17%、

9.39%;对环丙沙星耐药率为8.58%;对基础类药物的耐药率较高,如对氨苄西林、磺胺甲二唑、链霉素的耐药率均超过50%(表3)。比较广东省前10位血清型沙门菌对抗菌药物的耐药率,发现不同血清型菌株的耐药率有明显差异,如对头孢类药物,在10种最常见血清型中肠炎沙门菌的耐药率最高,而阿贡纳沙门菌耐药率最低,两者对头孢他啶、头孢噻肟和头孢吡肟的耐药率经 χ^2 检验差异有统计学意义(均 $P<0.05$);对环丙沙星,前10位血清型中德尔卑沙门菌的耐药率最高,而罗森沙门菌不耐药,两者的差异有统计学意义($P<0.05$)。3 204株沙门菌中有1 933株(60.33%)为多重耐药菌。

(3)PFGE分子分型及暴发监测:2013—2014年共对2 289株菌用*Xba*I酶切进行PFGE分子分型。前4种最常见血清型沙门菌的PFGE型别分布多样,表现出较大的指纹图谱多态性,其中肠炎沙门菌的PFGE型别较少,指纹图谱多态性亦较少(表4)。2014年监测系统共发现56例聚集性病例(任一特定PFGE谱型的沙门菌感染病例,从首例发病时间起计算,14d内出现 ≥ 2 例与其PFGE分子分型图谱相同的病例,则定义为聚集病例;如未构成聚集,则从第2例发病时间继续往后搜索,如此类推),经追踪调查,均未发现病例间有共同饮食暴露史。2014年7—12月,监测系统发现伦敦沙门菌和阿贡纳沙门菌检出异常增多,PFGE分子分型结果表明(图1、2),伦敦沙门菌有2个聚集,阿贡纳沙门菌有6个聚集,但聚集病例的菌株*Bln*I酶切图谱并不一致。流行病学调查未发现病例间有共同饮食暴露史。

2. 副溶血弧菌:2013—2014年共分离到副溶血弧菌85株,分为10种血清型。主要血清型为O3:K6(52株,

表2 2013年和2014年广东省排前10位的血清型沙门菌

排位	2013年			2014年		
	血清型	株数	构成比(%)	血清型	株数	构成比(%)
1	鼠伤寒沙门菌	362	24.74	鼠伤寒沙门菌	447	25.41
2	肠炎沙门菌	249	17.02	4,5,12:i:-	387	22.00
3	4,5,12:i:-沙门菌	232	15.86	肠炎沙门菌	214	12.17
4	斯坦利沙门菌	145	9.91	斯坦利沙门菌	182	10.35
5	德尔卑沙门菌	72	4.92	德尔卑沙门菌	66	3.75
6	罗森沙门菌	52	3.55	伦敦沙门菌	51	2.90
7	韦太夫雷登沙门菌	34	2.32	阿贡纳沙门菌	49	2.79
8	伦敦沙门菌	28	1.91	罗森沙门菌	40	2.27
9	纽波特沙门菌	22	1.50	韦太夫雷登沙门菌	22	1.25
10	圣保罗沙门菌	16	1.09	纽波特沙门菌	21	1.19
	其他	251	17.18	其他	280	15.92
	合计	1 463	100.00		1 759	100.00

表3 3 204株前10位血清型沙门菌对抗菌药物的耐药率(%)

血清型	株数	氨苄西林	头孢他啶	环丙沙星	氯霉素	头孢噻肟	头孢吡肟	萘啶酸	磺胺甲二唑	链霉素	四环素	甲氧苄啶	庆大霉素
鼠伤寒沙门菌	799	85.61	9.01	11.89	55.19	15.77	11.51	61.58	85.86	75.34	87.86	59.82	46.81
4,5,12:i:-沙门菌	615	91.22	9.76	10.57	41.95	17.72	12.36	49.76	95.77	82.60	95.93	38.05	37.24
肠炎沙门菌	460	71.52	12.17	1.96	10.43	21.09	15.00	75.22	74.13	59.57	39.78	14.35	6.74
斯坦利沙门菌	326	15.64	3.07	2.76	5.21	5.21	3.07	15.95	46.63	25.77	20.86	11.66	4.60
德尔卑沙门菌	137	59.12	2.19	22.63	48.18	5.11	2.92	59.85	87.59	67.88	87.59	62.04	39.42
罗森沙门菌	92	86.96	9.78	0.00	3.26	13.04	8.70	5.43	80.43	57.61	91.30	85.87	15.22
韦太夫雷登沙门菌	56	26.79	3.57	5.36	8.93	14.29	5.36	14.29	51.79	33.93	25.00	21.43	10.71
阿贡纳沙门菌	60	65.00	0.00	1.67	10.00	0.00	1.67	30.00	68.33	76.67	75.00	63.33	20.00
纽波特沙门菌	44	22.73	6.82	9.09	11.36	6.82	2.27	22.73	65.91	29.55	36.36	18.18	11.36
伦敦沙门菌	28	75.00	3.57	3.57	71.43	3.57	0.00	32.14	75.00	78.57	78.57	71.43	60.71
合计	3 204	66.64	8.61	8.58	32.99	14.17	9.39	48.06	77.31	62.39	68.01	40.79	27.84

表4 4种血清型沙门菌PFGE主要谱型及数量

血清型	株数	型别数	主要谱型编号	主要谱型图谱	主要谱型数
鼠伤寒沙门菌	752	243	JPXX01.GD0004		24
			JPXX01.GD0197		13
4,5,12:i:-沙门菌	588	217	JPXX01.GD0070		19
			JPXX01.GD0028		18
肠炎沙门菌	444	79	JEGX01.GD0006		42
			JEGX01.GD0126		37
			JEGX01.GD0075		32
斯坦利沙门菌	311	93	JNGX01.GD0006		33
			JNGX01.GD0007		32

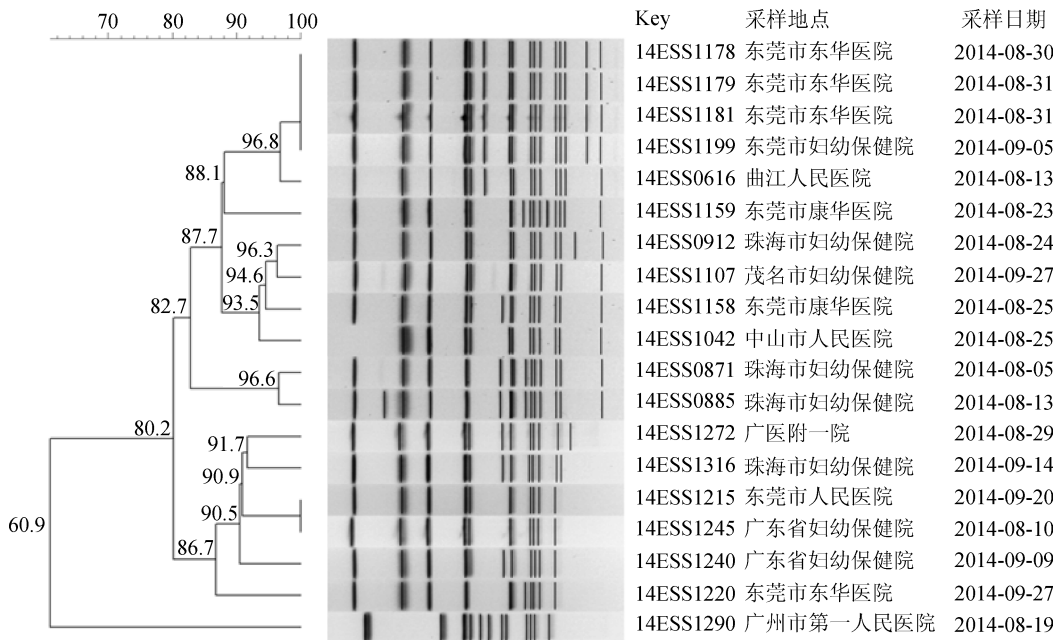


图1 人源株伦敦沙门菌的PFGE聚类分析

61.18%),其次是O4:K8和O4:KUT(各9株,分别为10.59%),其他为O1:KUT(5株)、O1:K56(4株)、O4:K55(2株)及O4:K9、O1:K36、O2:KUT和O5:KUT各1株。85株副溶血弧菌的O抗原均可分型,有16株菌(18.82%)的K抗原不能分型。分离菌株的耐热直接溶血素基因(*tdh*)携带率高(81.18%),耐热直接溶血素相关基因(*trh*)携带率较低(7.06%),有10株菌(11.76%)不携带这两种毒力基因。85株副溶血弧菌对氨苄西林全部耐药,对磺胺复合物和头孢噻吩的耐药率也较高,分别为43.30%和40.25%(表5);对亚胺培南、萘啶酸、复方新诺明、氯霉素、四环素的敏感率均>95%,而对头孢曲松、阿米卡星和环丙沙星的敏感率分别为58.49%、55.34%、43.40%。有20株(23.5%)为多重耐药株。

表5 85株副溶血弧菌抗菌药物敏感性分析

药物名称	耐药率(%)	中敏率(%)	敏感率(%)
氨苄西林	100.00	0.00	0.00
磺胺复合物	43.30	8.30	48.30
头孢噻吩	40.25	54.09	5.66
头孢曲松	6.29	35.22	58.49
阿米卡星	8.18	36.48	55.34
环丙沙星	0.63	55.97	43.40
亚胺培南	1.26	5.66	93.08
庆大霉素	1.26	10.06	88.68
萘啶酸	0.63	0.63	98.74
复方新诺明	0.00	0.63	99.37
氯霉素	0.00	0.63	99.37
四环素	0.63	0.63	98.74

3. 志贺菌和致泻性大肠埃希菌:2013—2014年共检出志贺菌13株,分别为宋内志贺菌9株、福氏志

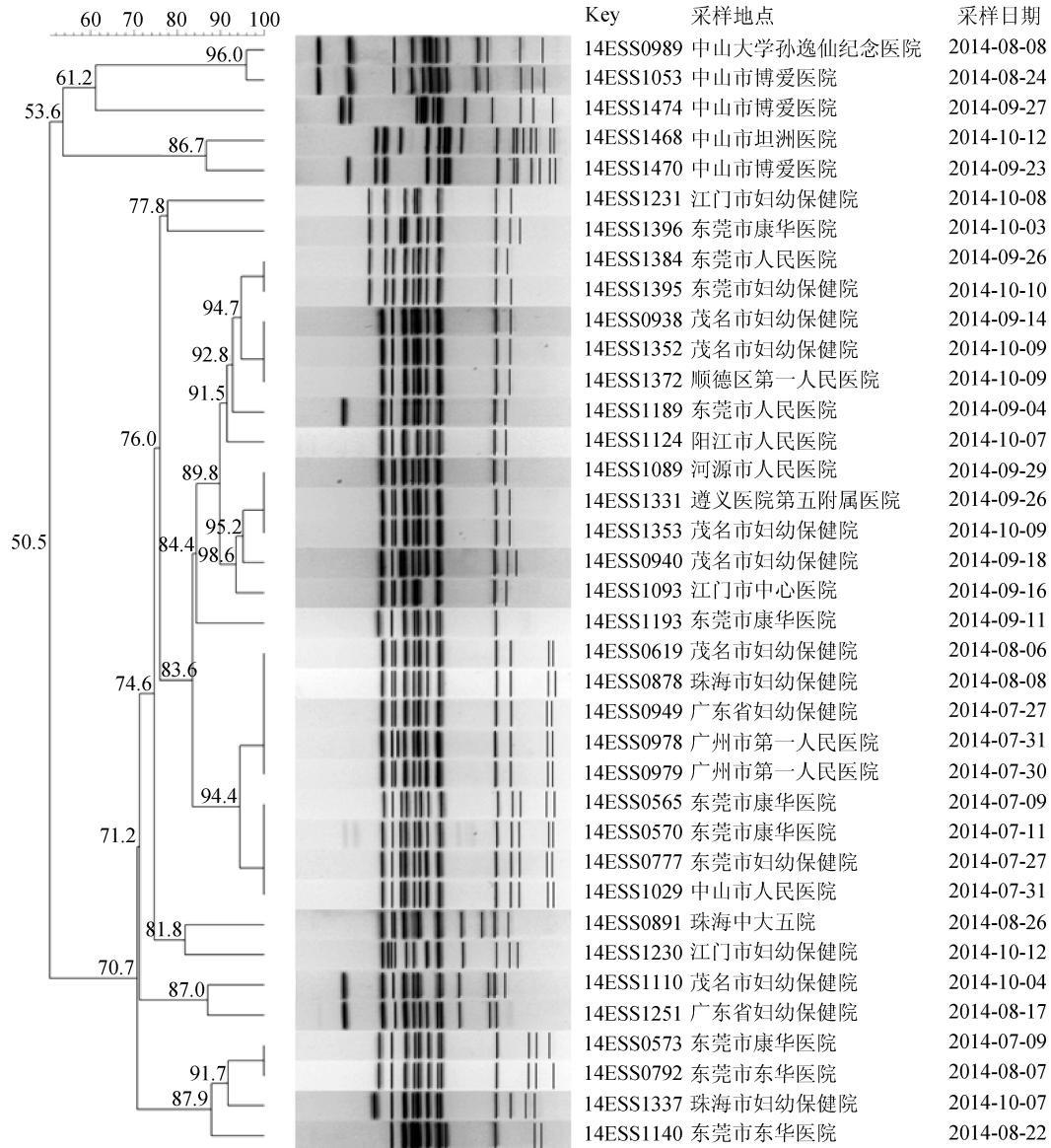


图2 人源株阿贡纳沙门菌的PFGE聚类分析

贺菌3株和鲍氏志贺菌1株。13株志贺菌对12种抗菌药物有不同程度的耐药,对氨苄西林、萘啶酸、磺胺复合物、链霉素、四环素和甲氧苄啶的耐药率均>80%,对头孢他啶、环丙沙星、氯霉素较敏感(敏感率均为76.92%),但对头孢噻肟和头孢吡肟的敏感率只有38.46%和61.53%。2013年检出的鲍氏志贺菌为广东省首次检出的血清型,并对检测的12种抗菌药物均敏感。共检出致泻性大肠埃希菌86株,分别为EPEC 29株(33.72%),EPEC 27株(31.39%),STEC 27株(31.39%),EIEC 3株(3.48%)。检测到毒力基因*ipaH*(3株)、*eltA*(18株)、*vtx1*(4株)、*vtx2*(23株)、*eae*(27株)、*estA*(13株)。2014年有7例同时感染2~3种致泻性大肠埃希菌,其中3例STEC和EPEC混合感染,2例EPEC和EPEC混合感染,

1例EIEC和EPEC混合感染,1例同时感染STEC、EPEC和EPEC。27株STEC中携带*vtx2*毒力基因占85%,携带*vtx1*毒力基因占15%。

讨论

广东省食源性主动监测中沙门菌分离率从2010年的3.28%^[1],增长到2012年的5%^[2],直至2014年的6.57%,已达到发达国家的水平(5%~8%)。年监测样本量从8405份增长至28419份,表现为监测能力的提高。本次监测分析的4种病原体中,除沙门菌检出率较高外,志贺菌、副溶血弧菌和致泻性大肠埃希菌均很低。其原因可能是后两种菌不是哨点医院日常检测的项目,导致副溶血弧菌和致泻性大肠埃希菌的检出数很少。广东省地属沿

海,当地民众普遍喜食海鲜,因此副溶血弧菌是监测食物中毒首要微生物性致病因子,但本研究监测到的副溶血弧菌阳性数(2014年检出42株)远远低于沙门菌(2014年检出1 867株)。因此还应加强哨点医院实验室检测副溶血弧菌的能力。

血清型4,5,12:i:-沙门菌是鼠伤寒沙门菌变种的单相沙门菌,其O抗原和H抗原第一相均同鼠伤寒沙门菌,但缺少H抗原第二相。目前该血清型已成为许多国家人群感染沙门菌病最常见的血清型之一^[3-4]。但我国至今鲜见有关于血清型4,5,12:i:-沙门菌的报道。广东省从2008年起在监测中检出该血清型沙门菌,并发现其数量逐年增多^[5],至2014年4,5,12:i:-沙门菌在检出的各血清型中排第二位(22.00%),已成为广东省人源沙门菌最主要的血清型之一。

本次监测的人源沙门菌对首选治疗药物头孢类和氟喹诺酮类均较敏感;志贺菌对环丙沙星较敏感,与文献报道一致^[6-7];副溶血弧菌对亚胺培南、复方新诺明敏感,但对头孢噻吩的耐药率高于其他省报道^[8-10]。2007—2012年广东省前10种血清型沙门菌对抗生素的耐药率进行比较发现^[5],多数血清型沙门菌耐药率较稳定,但肠炎沙门菌对头孢类药物的耐药率有大幅上升,德尔卑沙门对喹诺酮类药物的耐药率也有大幅上升。2007—2012年肠炎沙门菌对头孢他啶、头孢噻肟、头孢吡肟的耐药率分别为4.28%、5.45%、7.01%,而2013—2014年肠炎沙门菌对头孢他啶、头孢噻肟、头孢吡肟的耐药率分别为12.17%、21.09%、15.00%,增幅分别为184%、287%和114%。2007—2012年分离的46株德尔卑沙门菌对萘啶酸和环丙沙星的耐药率只有36.96%和8.69%,而2013—2014年分离的137株德尔卑沙门菌对这两种药物的耐药率已达到59.85%和22.63%,增幅分别为57%和160%。因此应加强对细菌耐药的监测。

利益冲突 无

参 考 文 献

[1] 何冬梅,柯碧霞,邓小玲,等. 2010年广东省沙门菌监测及其病原学特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2012, 46(5): 424-429. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.05.010.
He DM, Ke BX, Deng XL, et al. Surveillance and analysis on the pathogenic features of *Salmonella* in Guangdong province in 2010 [J]. Chin J Prev Med, 2012, 46(5): 424-429. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.05.010.

[2] 李剑森,梁骏华,柯碧霞,等. 2012年广东省食源性疾病预防监测结果分析[J]. 华南预防医学, 2013, 39(6): 10-16.

Li JS, Liang JH, Ke BX, et al. Surveillance of foodborne disease in Guangdong, 2012 [J]. South Chin J Prev Med, 2013, 39(6): 10-16.

[3] Moreno Switt AI, Soyer Y, Warnick LD, et al. Emergence, distribution, and molecular and phenotypic characteristics of *Salmonella enterica* serotype 4, 5, 12: i: - [J]. Foodborne Pathogens Dis, 2009, 6(4): 407-415. DOI: 10.1089/fpd.2008.0213.

[4] Soyer Y, Moreno Switt A, Davis MA, et al. *Salmonella enterica* serotype 4, 5, 12: i: -, an emerging *Salmonella* serotype that represents multiple distinct clones [J]. J Clin Microbiol, 2009, 47(11): 3546-3556. DOI: 10.1128/JCM.00546-09.

[5] Ke BX, Sun JF, He DM, et al. Serovar distribution, antimicrobial resistance profiles, and PFGE typing of *Salmonella enterica* strains isolated from 2007-2012 in Guangdong, China [J]. BMC Infect Dis, 2014, 14(1): 338. DOI: 10.1186/1471-2334-14-338.

[6] 夏梦,张智洁,刘勇. 152株沙门菌临床分离株的耐药性及同源分析[J]. 医学临床研究, 2014, 31(12): 2311-2314, 2317. DOI: 10.3969/j.issn.1671-7171.2014.12.009.

Xia M, Zhang ZJ, Liu Y. Analysis of antimicrobial susceptibility and genetic homogeneity of 152 clinical isolates of *Salmonella* [J]. J Clin Res, 2014, 31(12): 2311-2314, 2317. DOI: 10.3969/j.issn.1671-7171.2014.12.009.

[7] 冯建军,姚素霞. 山西省腹泻病原菌检测分析及耐药性研究[J]. 中国基层医药, 2015, 22(16): 2441-2443. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1008-6706.2015.16.013.

Feng JJ, Yao SX. Analysis of distribution and antimicrobial resistance of enteric pathogens in Shanxi province [J]. Chin J Prim Med Pharm, 2014, 31(12): 2411-2443. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1008-6706.2015.16.013.

[8] 王秋亚,朱联辉,张兰荣,等. 2009—2011年北京通州区分离的副溶血性弧菌的耐药谱分析[J]. 生物技术通信, 2012, 23(3): 333-336. DOI: 10.3969/j.issn.1009-0002.2012.03.006.

Wang QY, Zhu LH, Zhang LR, et al. Analysis of antibiotics resistance in *Vibrio parahaemolyticus* isolated in Tongzhou district, Beijing, 2009-2011 [J]. Lett Biotechnol, 2012, 23(3): 333-336. DOI: 10.3969/j.issn.1009-0002.2012.03.006.

[9] 何珊珊,陈敏,金海英. 病人标本检出副溶血性弧菌生物学特征及耐药性研究[J]. 中国消毒学杂志, 2015, 32(9): 877-878.

He SN, Chen M, Jin HY. Study on biological characteristics and drug resistance of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from patients [J]. Chin J Disinfect, 2015, 32(9): 877-878.

[10] 沈丽珍,张爱鸣,陈素菜,等. 急性肠炎患者副溶血弧菌的流行病学与耐药性分析[J]. 疾病监测, 2014, 29(1): 56-57. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2014.01.015.

Shen LZ, Zhang AM, Chen SC, et al. Epidemiology and drug resistance of acute *Vibrio parahaemolyticus* infection [J]. Dis Surveill, 2014, 29(1): 56-57. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2014.01.015.

(收稿日期: 2016-03-19)

(本文编辑: 张林东)