

上海市浦东新区食源性小肠结肠炎耶尔森菌耐药及分子流行病学特征

王闻卿^{1,2} 崔琪奇^{1,2} 王筱^{1,2} 张勇琪^{1,2} 李彩云^{1,2} 苏靖华^{1,2} 赵冰^{1,2}
黄红^{1,2} 朱林英^{1,2} 许学斌³ 郝莉鹏²

¹上海市浦东新区疾病预防控制中心微生物检验科 200136; ²复旦大学浦东预防医学
研究院, 上海 200136; ³上海市疾病预防控制中心病原微生物鉴定所 200336

通信作者: 许学斌, Email: xbxu@scdc.sh.cn; 郝莉鹏, Email: lphao@pdcdc.sh.cn

【摘要】 目的 了解上海市浦东新区食源性小肠结肠炎耶尔森菌耐药及分子流行病学特征。**方法** 2012—2016年主动、定点采集上海市浦东新区4类流通生鲜食品,使用冷增菌方法分离小肠结肠炎耶尔森菌,并分析菌株生物型、血清型、毒力基因型、耐药性和PFGE分子型别。**结果** 共采集食品3 900份(禽类590份、畜类1 074份、水产品1 488份、蔬菜748份),其中111份(2.8%)检出小肠结肠炎耶尔森菌。禽类制品(5.3%, 31/590)和畜类制品(4.5%, 48/1 074)的检出率高于水产品(1.6%, 24/1 488)和蔬菜制品(1.1%, 8/748)。分离株以生物1A型(95.5%)和O:8血清型(42.3%)为主,且分离数与年总分离数呈正相关。所有菌株均缺失4种(*ail*、*ystA*、*yadA*和*virF*)产毒株标记的毒力基因,76株(68.5%)*ystB*基因阳性(其中35株属于1A/O:8/*ystB*)。分离株对氨苄西林(74.8%)和阿莫西林/克拉维酸(70.3%)的耐药率最高,对头孢西丁不敏感率超过50.0%;未发现三代头孢菌素或氟喹诺酮类抗菌药物耐药株,38.7%(43/111)的菌株为多重耐药。O:8和O:5血清型菌株分别存在44和18种PFGE分子型别。**结论** 上海市浦东新区食源性小肠结肠炎耶尔森菌暴露风险以禽类制品和畜类制品为主,优势菌型为1A/O:8/*ystB*,虽无典型产毒株特征但仍有潜在致病力。菌株耐药率处于较低水平但存在多重耐药株,PFGE分子型别提示菌株呈高度遗传多样性。

【关键词】 小肠结肠炎耶尔森菌; 生鲜食品; 耐药; 分子型别

基金项目: 上海市浦东新区卫生和计划生育委员会卫生计生科研项目(PW2017A-10)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.03.019

Antimicrobial resistance and molecular epidemiology of foodborne *Yersinia enterocolitica* in Pudong New District, Shanghai

Wang Wenqing^{1,2}, Cui Qiqi^{1,2}, Wang Xiao^{1,2}, Zhang Yongqi^{1,2}, Li Caiyun^{1,2}, Su Jinghua^{1,2}, Zhao Bing^{1,2}, Huang Hong^{1,2}, Zhu Linying^{1,2}, Xu Xuebin³, Hao Lipeng²

¹Department of Microbiology of Pudong New District Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200136, China; ²Pudong Institute of Preventive Medicine, Fudan University, Shanghai 200136, China; ³Institute for Microbiology of Shanghai Municipal Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China

Corresponding authors: Xu Xuebin, Email: xbxu@scdc.sh.cn; Hao Lipeng, Email: lphao@pdcdc.sh.cn

【Abstract】 Objective To investigate the antimicrobial resistance and molecular epidemiology of foodborne *Yersinia (Y.) enterocolitica* in Pudong New District of Shanghai. **Methods** Four kinds of raw food samples were collected in retail circulation sites in Pudong from 2012 to 2016. Cold enrichment method was used to isolate *Y. enterocolitica* and further detection of biotype, serotype, virulent genes, antimicrobial susceptibility of the isolates and pulsed field gel electrophoresis (PFGE) were conducted. **Results** A total of 3 900 raw food samples were collected during this period, including poultry product ($n=590$), livestock product ($n=1 074$), aquatic product ($n=1 488$), vegetable ($n=748$), in which 111 (2.8%) were contaminated by *Y. enterocolitica*. The detection rates of *Y. enterocolitica* in poultry product samples (5.3%, 31/590) and livestock product samples (4.5%, 48/1 074) were higher than those in aquatic product samples (1.6%, 24/1 488) and vegetable samples (1.1%, 8/748). The predominant biotype was 1A (95.5%) and predominant serotype was O:8 (42.3%). All the strains

lacked *ail*, *ystA*, *yadA* and *virF* genes, which encoded pathogenic *Y. enterocolitica*. Seventy six (68.5%) strains harbored *ystB* gene, in which 35 (31.5%) belonged to 1A/O : 8/*ystB* pattern. Most strains were resistant to ampicillin (74.8%) and amoxicillin/clavulanic acid (70.3%), and non-sensitive rate to Cefoxitin was over 50.0%. No third generation cephalosporin or fluoroquinolone resistant strains were detected, but 38.7% (43/111) strains were multidrug resistant (MDR). Serotype O : 8 and O : 5 strains had 44 and 18 PFGE patterns, respectively. **Conclusions** The main foodborne exposure sources of *Y. enterocolitica* in raw food were poultry and livestock products in Pudong New District. 1A/O : 8/*ystB* was the predominant pattern with potential pathogenicity despite lacks of typical pathogenic virulent genes. The antimicrobial resistant rates of *Y. enterocolitica* were at a low level, but MDR strains still existed. Molecular types of the isolates showed highly genetic diversity.

[Key words] *Yersinia enterocolitica*; Raw food; Antimicrobial resistance; Molecular type

Fund program: Research Grant for Health Science and Technology of Pudong Health and Family Planning Commission of Shanghai (PW2017A-10)

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.03.019

小肠结肠炎耶尔森菌是一种重要的食源性致病菌^[1]。人通过直接或间接接触受污染的流通食品导致急性腹泻或结缔组织并发症^[2-3]。小肠结肠炎耶尔森菌引起的食源性疾病在全球范围内日益增多,无论是典型的暴发或是散发都对公众健康造成严重的危害^[4-6]。为了解小肠结肠炎耶尔森菌在上海市浦东新区流通食品中的分布特征、耐药表型特征和分子型别,从2012年起主动开展4类流通生鲜食品连续性基线监测,为建立食源性致病菌主动监测网络和食品安全风险评估及科学防控提供决策依据。

对象与方法

1. 样品采集:根据上海市浦东新区人口分布和经济水平,选取城区、城乡结合区、郊区9家农贸市场和9家超市作为监测点。2012年4月至2016年12月,每月定期定点随机采集生鲜食品共3 900份:包括水产品1 488份(海水鱼、海水介壳、海水软体、淡水介壳),畜类制品1 074份(猪肉、羊肉、牛肉等),禽类制品590份(鸡肉、鸭肉、鸡肝等)和蔬菜748份(黄瓜、豆芽、菠菜等)。每份食品采样量>250 g,当天送达实验室检测。

2. 主要试剂和仪器:改良磷酸盐缓冲液(PBS)、改良克氏双糖管和动力培养基(中国上海华康生物有限公司);耶尔森菌选择性琼脂平板(CIN)(中国上海科玛嘉微生物技术有限公司);系统生化鉴定条API20E(法国生物梅里埃公司),5种小肠结肠炎耶尔森菌O抗原分型诊断血清(O:1,2、O:3、O:5、O:8、O:9)(日本生研公司);生物分型试剂(丹麦Rosco公司);革兰阴性需氧菌药敏检测板(中国上海星佰生物技术有限公司);毒力基因多重PCR试剂盒(中国北京卓诚惠生生物科技股份有限公司);限制性内切酶 *Not* I、*Xba* I(日本TaKaRa公司);SeaKem Gold Agarose(美国Lonza公司);全自

动药敏试验菌液接种仪(美国赛默飞公司);脉冲场凝胶电泳仪及成像系统(美国伯乐公司);毛细管电泳仪(德国Qiagen公司)。

3. 分离培养与鉴定:参照文献[7]。取25 g样品均质后加入225 ml PBS,置4℃增菌,于第7、14、21天,吸取0.5 ml经碱处理后划线接种CIN,置26℃培养24 h,挑取3~5个可疑菌落接种改良克氏双糖管和动力培养基进行初筛及后续系统生化鉴定。

4. 表型鉴定:生化表型符合小肠结肠炎耶尔森菌者进行生物分型和血清分型^[8];按照PCR试剂盒操作说明,扩增*ail*、*ystA*、*ystB*、*yadA*和*virF*基因,采用毛细管电泳仪进行产物分析。

5. 药敏试验:参照2017年版美国临床实验室标准化委员会推荐的肉汤稀释法和判断标准^[9],测试分离株对氨苄西林(AMP)、阿莫西林-克拉维酸(AMC)、氨苄西林-舒巴坦(AMS)、头孢西丁(CFX)、头孢噻肟(CTX)、头孢他啶(CAZ)、头孢吡肟(FEP)、庆大霉素(GEN)、阿米卡星(AMI)、卡那霉素(KAN)、萘啶酸(NAL)、环丙沙星(CIP)、左氧氟沙星(LEV)、多粘菌素B(PB)、多粘菌素E(CT)、亚胺培南(IPM)、美罗培南(MEM)、四环素(TET)、米诺环素(MIN)、多西环素(DOX)、复方新诺明(SXT)、氯霉素(CHL)、氨基糖苷类(AZM)11类23种抗菌药物的最低抑菌浓度(MIC)。质控菌株为大肠埃希菌(ATCC25922)和肺炎克雷伯菌(ATCC700603)。

6. 分子分型:参照2017年国家致病菌识别网中小肠结肠炎耶尔森菌PFGE标准化方法^[10],选用限制性内切酶 *Not* I对47株O:8血清型和18株O:5血清型菌株进行酶切分型。电泳参数:脉冲时间为2~20 s,电泳时间为18 h。分子量标为布伦登卢普沙门菌(H9812)。使用BioNumerics 5.10软件对电泳图谱进行聚类分析。聚类算法为非加权配对平均法(UPGMA),电泳条带优化度为1.5%,相似度为100.0%。

7. 统计学分析:使用 Excel 2007 软件进行数据处理、SPSS 16.0 软件进行统计学分析,率的比较使用 χ^2 检验和 Fisher's 确切概率法, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1. 一般情况:3 900 份生鲜食品中有 111 份 (2.8%) 检出小肠结肠炎耶尔森菌。不同食品小肠结肠炎耶尔森菌检出率从高到低分别为禽类制品 (5.3%, 31/590)、畜类制品 (4.5%, 48/1 074)、水产品 (1.6%, 24/1 488) 和蔬菜 (1.1%, 8/748), 不同食品检出率差异有统计学意义 ($\chi^2 = 39.3, P < 0.001$)。不同食品小肠结肠炎耶尔森菌检出率不具有明显的季节特征。见图 1。

2. 表型特征:111 株菌株中包括生物 1A 型 106 株 (95.5%), 生物 2 型 5 株。O:8 血清型 47 株 (42.3%), O:5 血清型 18 株 (16.2%), O:3 血清型 1 株, O:1,2 血清型 1 株, 未定型 44 株, O:8 血清型菌株分离数与年总分离数呈正相关, 见图 2。所有菌株均缺失 *ail*、*ystA*、*yadA* 和 *virF* 基因, 76 株 *ystB* 基因阳性 (68.5%)。1A/O:8/*ystB* 为优势型别 (31.5%), 其次为 1A/O:5/*ystB* (12.6%)。1A/O:8/*ystB* 型别以畜类制品 (12 株) 和水产品 (12 株) 为主, 1A/O:5/*ystB* 型别以禽类制品 (6 株) 和畜类制品 (6 株) 为主。

3. 耐药性特征:111 株菌株对 AMP 和 AMC 耐药率较高, 分别为 74.8% 和 70.3%, 其次为 NAL 和 CFX, 分别为 27.0% 和 14.4%。经趋势 χ^2 检验, 不同年份菌株对 4 种抗菌药物耐药率无下降趋势 ($P >$

0.05), 见图 3。对 SXT、AMS、TET 耐药率在 1.8% ~ 8.1%, 未发现对其他 16 种抗菌药物产生耐药性的菌株。对 CFX、AMS、AMP 和 AMC 中介耐药率较高, 为 15.3% ~ 43.2%, 对 CFX 不敏感率超过 50.0%。43 株菌株为耐 ≥ 3 类抗菌药物的多重耐药株, 多重耐药率为 38.7% (43/111), 见表 1。

4. 分子分型:47 株 O:8 血清型菌株可分为 44 种 PFGE 型别, 不同来源菌株间遗传相似度在 59.2% ~ 100.0%, 呈多样性。3 株水产品分离株 (海水介壳和海水鱼) 具有相同的分子型别, 其中同一摊位不同进货来源的 1 株海水介壳和 1 株海水鱼分离株毒力基因型和耐药谱一致。1 株猪肾和 1 株鸡肉分离株具有相同的分子型别, 但毒力基因型和耐药谱不完全一致。2 株生物 2 型的菌株遗传相似度为 76.6%, 耐药谱差异较大。见图 4。18 株 O:5 血清型菌株可分为 18 种 PFGE 型别, 菌株间遗传相似度在 61.5% ~ 87.2%。不同型别菌株毒力基因型相似度较高, 但耐药谱有一定差异。见图 5。

讨 论

小肠结肠炎耶尔森菌具有嗜冷性特点, 低温条件下仍能繁殖并产生毒素导致食源性疾病 (冰箱病), 由其引起的耶尔森菌病在欧洲地区是排位第三的常见人畜共患病^[11]。我国报道的 2 次食物中毒事件均是患者食用受污染食品所致^[12], 并且不同食品分离株的型别和致病力也存在差异^[13-14]。因此了解食品中小肠结肠炎耶尔森菌病原学及分子流行病学特征对公众健康具有特别重要的意义。

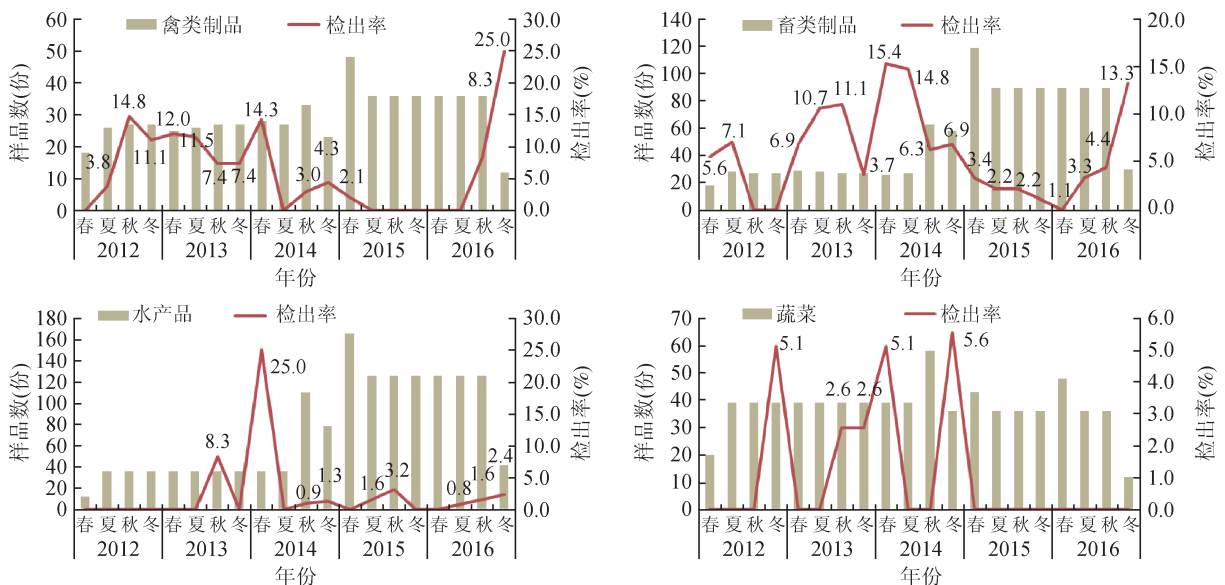


图 1 上海市浦东新区不同季节食源性小肠结肠炎耶尔森菌检出情况

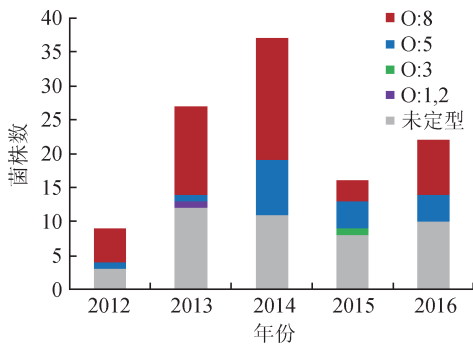
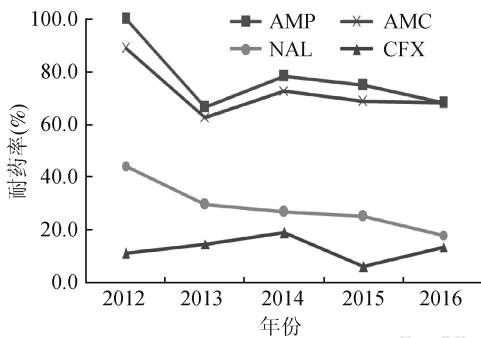


图2 上海市浦东新区不同年份食源性小肠结肠炎耶尔森菌血清型分布



注: AMP: 氨苄西林; AMC: 阿莫西林-克拉维酸; NAL: 萘啶酸; CFX: 头孢西丁

图3 上海市浦东新区不同年份食源性小肠结肠炎耶尔森菌对4种抗菌药物耐药性变化

表1 上海市浦东新区111株小肠结肠炎耶尔森菌对23种抗菌药物耐药性

抗菌药物/ 耐药表型	率(%)			抗菌药物/ 耐药表型	率(%)		
	R	I	S		R	I	S
AMP	74.8	24.3	0.9	PB	0.0	0.0	100.0
AMC	70.3	15.3	14.4	CT	0.0	0.0	100.0
AMS	2.7	34.2	63.1	IPM	0.0	1.8	98.2
CFX	14.4	43.2	42.3	MEM	0.0	1.8	98.2
CTX	0.0	0.0	100.0	TET	8.1	4.5	87.4
CAZ	0.0	0.0	100.0	MIN	0.0	0.0	100.0
FEP	0.0	0.0	100.0	DOX	0.0	1.8	98.2
GEN	0.0	0.0	100.0	SXT	1.8	0.0	98.2
AMI	0.0	0.0	100.0	CHL	0.0	0.0	100.0
KAN	0.0	0.0	100.0	AZM	0.0	0.0	100.0
NAL	27.0	0.0	73.0	MDR(≥3种)	38.7		
CIP	0.0	3.6	96.4	MDR(≥4种)	6.3		
LEV	0.0	0.9	99.1				

注: R代表耐药, I代表中介, S代表敏感, MDR代表多重耐药; AMP: 氨苄西林; AMC: 阿莫西林-克拉维酸; AMS: 氨苄西林-舒巴坦; CFX: 头孢西丁; CTX: 头孢噻肟; CAZ: 头孢他啶; FEP: 头孢吡肟; GEN: 庆大霉素; AMI: 阿米卡星; KAN: 卡那霉素; NAL: 萘啶酸; CIP: 环丙沙星; LEV: 左氧氟沙星; PB: 多粘菌素B; CT: 多粘菌素E; IPM: 亚胺培南; MEM: 美罗培南; TET: 四环素; MIN: 米诺环素; DOX: 多西环素; SXT: 复方新诺明; CHL: 氯霉素; AZM: 氨曲南

本研究结果显示, 食源性小肠结肠炎耶尔森菌检出率为2.8%, 与我国南方地区同类食品检出率(2.03%)相似^[15]。禽类制品和畜类制品检出率最高,

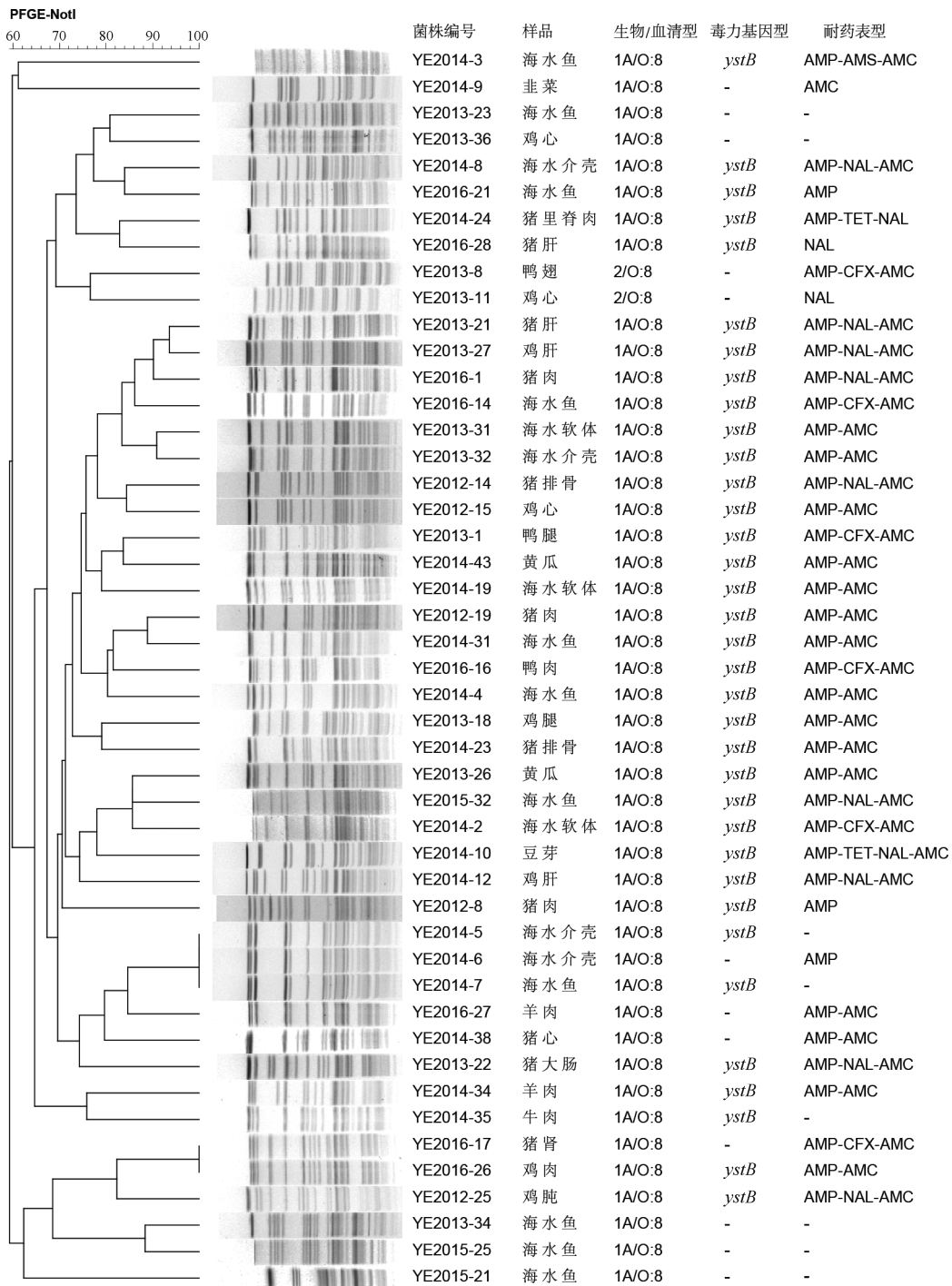
与我国北方4个省份的研究结果一致^[16], 提示禽畜类制品是食源性小肠结肠炎耶尔森菌的重要暴露风险因素, 今后应加强此类食品的监测工作, 增加监测种类、数量和频率, 确保食物供应链的安全。

东南亚和欧洲地区的研究结果表明, 食源性小肠结肠炎耶尔森菌以3/O:3型和4/O:3为主, 不携带 *ystB* 基因^[14,17], 此类菌株通常携带位于染色体的毒力基因 (*ail*, *ystA*) 和致病性质粒 pYV, 属于传统意义上的致病性小肠结肠炎耶尔森菌, 也是全球主要的腹泻菌株型别^[4-5]。本研究结果显示, 食源性小肠结肠炎耶尔森菌以1A/O:8/*ystB*型为主, 未检出致病性小肠结肠炎耶尔森菌, 与国外研究结果不同, 推测与采集的食品类型不同和地区性差异有关。由于缺乏产毒株标记的毒力基因, 1A/O:8/*ystB*型菌株通常被认为是非致病性的, 但国外研究表明, 生物1A型小肠结肠炎耶尔森菌携带的 *ystB* 基因与致病性菌株携带的 *ystA* 基因高度同源, 对乳鼠具有致病性, 纯化的 *YstIB* 肠毒素 (0.4 pmol) 最低有效剂量 (MED) 远低于 *YstIA* 肠毒素 (7.6 pmol), 证明其具有潜在的致病力^[18]。此外, 芬兰腹泻患者的病例对照研究显示, 大多数分离的小肠结肠炎耶尔森菌属于生物1A型^[19]。因此, 有必要对此类菌株进行持续性监测和进一步研究。

有研究表明, 小肠结肠炎耶尔森菌产生两种β-内酰胺酶 (*BlaA* 和 *BlaB*), 能水解多种青霉素和头孢菌素^[20]。本研究结果同样显示, 分离株对青霉素类抗菌药物处于高水平耐药。对NAL耐药率为27.0%, 与广州地区研究结果一致(29.3%)^[15]。本研究中CFX耐药率(14.4%)低于Peng等^[16]研究结果(61.5%), 但超过50%菌株对CFX表现为不敏感, 可能与不同养殖场抗菌药物使用情况不同有关。

本研究结果显示, 食源性小肠结肠炎耶尔森菌对绝大部分抗菌药物耐药率较低, 但仍有38.7%的菌株表现为多重耐药, 提示畜牧养殖业应加强抗菌药物管控, 降低多重耐药菌株的比例, 防止超级耐药细菌的发生。本研究为掌握上海市浦东新区食源性小肠结肠炎耶尔森菌耐药基线水平和长期的耐药性监测提供了科学依据。

作为细菌分子分型的金标准, PFGE分型通过分析菌株间相互关系以及遗传变异特征, 为流行病学调查提供方法和证据^[21]。本研究结果显示, 不同来源菌株间相似度较低, 聚类关系不明显, 无优势型别, 呈多样性。生物/血清型、毒力基因型和耐药表型与聚类结果较难建立很好的相关性, 与我国对禽



注：“-”代表无型别；AMP:氨苄西林；AMS:氨苄西林-舒巴坦；AMC:阿莫西林-克拉维酸；NAL:萘啶酸；TET:四环素；CFX:头孢西丁
图4 上海市浦东新区O:8血清型小肠结肠炎耶尔森菌PFGE聚类分析图谱

肉及德国对猪肉的相关研究结果一致^[16,22],提示上海市浦东新区食源性小肠结肠炎耶尔森菌存在多种遗传克隆,其分布和数量较均等。同一摊位不同进货来源的食品分离株具有相同的分子型别、毒力基因型和耐药表型特征,提示在食品储存、销售环节之间存在交叉污染的可能。本研究对象主要为销售场所食品,但未对食品养殖/种植、屠宰、加工、运输等环节开展相关监测和研究,尚不能完整的揭示小肠

结肠炎耶尔森菌在各环节中污染情况及特征。

综上所述,本研究系统性地对上海市浦东新区食品销售流通环节不同生鲜食品持续性监测和研究,获得本地区小肠结肠炎耶尔森菌的耐药及分子流行病学特征,为下一步扩大监测对象和范围提供理论依据。持续开展从动植物养殖到流通环节的一系列监测,逐步建立基于多部门的流行病学和病原学综合监测平台,不断完善食源性致病菌大数据,对



注：“-”代表无型别；AMP:氨苄西林；AMS:氨苄西林-舒巴坦；AMC:阿莫西林-克拉维酸；NAL:萘啶酸；TET:四环素；CFX:头孢西丁；SXT:复方新诺明

图5 上海市浦东新区O:5血清型小肠结肠炎耶尔森菌PFGE聚类分析图谱

食品安全风险评估和疾病暴发预警具有重要意义。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

[1] Chlebicz A, Śliżewska K. Campylobacteriosis, salmonellosis, yersiniosis, and listeriosis as zoonotic foodborne diseases: a review [J]. Int J Environ Res Public Health, 2018, 15 (5) : 863. DOI: 10.3390/ijerph15050863.

[2] Fàbrega A, Vila J. *Yersinia enterocolitica*: pathogenesis, virulence and antimicrobial resistance [J]. Enferm Infecc Microbiol Clin, 2012, 30 (1) : 24-32. DOI: 10.1016/j.eimc.2011.07.017.

[3] Rodio DM, Bressan A, Ambrosi C, et al. *Yersinia enterocolitica* in Italy: a case of septicemia and abdominal aortic aneurysm infection [J]. Front Med, 2018, 5: 156. DOI: 10.3389/fmed.2018.00156.

[4] MacDonald E, Heier BT, Nygård K, et al. *Yersinia enterocolitica* outbreak associated with ready-to-eat salad mix, Norway, 2011 [J]. Emerg Infect Dis, 2012, 18 (9) : 1496-1499. DOI: 10.3201/eid1809.120087.

[5] Duan R, Liang JR, Zhang J, et al. Prevalence of *Yersinia enterocolitica* bioserotype 3/O:3 among children with diarrhea, China, 2010-2015 [J]. Emerg Infect Dis, 2017, 23 (9) : 1502-1509. DOI: 10.3201/eid2309.160827.

[6] Marimon JM, Figueroa R, Idigoras P, et al. Thirty years of human infections caused by *Yersinia enterocolitica* in northern Spain: 1985-2014 [J]. Epidemiol Infect, 2017, 145 (11) : 2197-2203. DOI: 10.1017/S095026881700108X.

[7] 杨晋川, 王鑫, 刘金芳, 等. 徐州地区 2004-2006 年腹泻病患儿和家畜家禽及食品中小肠结肠炎耶尔森菌分布调查 [J]. 中华流行病学杂志, 2008, 29 (2) : 204. DOI: 10.3321/j.issn: 0254-6450.2008.02.025.

Yang JC, Wang X, Liu JF, et al. Preliminary investigation on distribution of *Yersinia enterocolitica* in Xuzhou of 2004-2006 [J]. Chin J Epidemiol, 2008, 29 (2) : 204. DOI: 10.3321/j.issn: 0254-6450.2008.02.025.

[8] Wang X, Cui ZG, Wang H, et al. Pathogenic strains of *Yersinia enterocolitica* isolated from domestic dogs (*Canis familiaris*) belonging to farmers are of the same subtype as pathogenic *Y. enterocolitica* strains isolated from humans and may be a source of human infection in Jiangsu province, China [J]. J Clin Microbiol, 2010, 48 (5) : 1604-1610. DOI: 10.1128/JCM.01789-09.

[9] Clinical and Laboratory Standards Institute. M100-S27 Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; twenty-seven informational supplement [S]. Wayne, PA: CLSI, 2017.

[10] Wang X, Qiu HY, Jin D, et al. O:8 serotype *Yersinia enterocolitica* strains in China [J]. Int J Food Microbiol, 2008, 125 (3) : 259-266. DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2008.04.016.

[11] Eurosurveillance Editorial Team. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2010 [J]. Euro Surveill, 2012, 17 (10) : 20113.

[12] 于恩庶. 中国小肠结肠炎耶尔森菌病研究进展 [J]. 中华流行病学杂志, 2000, 21 (6) : 453-455. DOI: 10.3760/j.issn: 0254-6450.2000.06.016.

Yu ES. Research progress on *Yersiniosis* in China [J]. Chin J Epidemiol, 2000, 21 (6) : 453-455. DOI: 10.3760/j.issn: 0254-6450.2000.06.016.

[13] Yang HS, Gu WP, Qiu HY, et al. Comparison of growth and the cytotoxins induced by pathogenic *Yersinia enterocolitica* bioserotypes 3/O:3 and 2/O:9 [J]. Front Cell Infect Microbiol, 2017, 7: 158. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00158.

[14] Fois F, Piras F, Torpdahl M, et al. Prevalence, bioserotyping and antibiotic resistance of pathogenic *Yersinia enterocolitica* detected in pigs at slaughter in Sardinia [J]. Int J Food Microbiol, 2018, 283: 1-6. DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2018.06.010.

[15] Ye QH, Wu QP, Hu HJ, et al. Prevalence and characterization of *Yersinia enterocolitica* isolated from retail foods in China [J]. Food Control, 2016, 61: 20-27. DOI: 10.1016/j.foodcont.2015.09.016.

[16] Peng ZX, Zou MY, Li MH, et al. Prevalence, antimicrobial resistance and phylogenetic characterization of *Yersinia enterocolitica* in retail poultry meat and swine feces in parts of China [J]. Food Control, 2018, 93: 121-128. DOI: 10.1016/j.foodcont.2018.05.048.

[17] Thong KL, Tan LK, Ooi PT. Genetic diversity, virulotyping and antimicrobial resistance susceptibility of *Yersinia enterocolitica* isolated from pigs and porcine products in Malaysia [J]. J Sci Food Agric, 2017, 98 (1) : 87-95. DOI: 10.1002/jsfa.8442.

[18] Ramamurthy T, Yoshino KI, Huang XZ, et al. The novel heat-stable enterotoxin subtype gene (*ystB*) of *Yersinia enterocolitica*: nucleotide sequence and distribution of the *yst* genes [J]. Microb Pathog, 1997, 23 (4) : 189-200. DOI: 10.1006/mpat.1997.0146.

[19] Huovinen E, Sihvonen LM, Virtanen MJ, et al. Symptoms and sources of *Yersinia enterocolitica*-infection: a case-control study [J]. BMC Infect Dis, 2010, 10: 122. DOI: 10.1186/1471-2334-10-122.

[20] Singhal N, Kumar M, Virdi JS. Molecular analysis of β -lactamase genes to understand their differential expression in strains of *Yersinia enterocolitica* biotype 1A [J]. Sci Rep, 2014, 4: 5270. DOI: 10.1038/srep05270.

[21] 王丽丽, 徐建国. 脉冲场凝胶电泳技术 (PFGE) 在分子分型中的应用现状 [J]. 疾病监测, 2006, 21 (5) : 276-279. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2006.05.020.

Wang LL, Xu JG. Application status of pulsed field gel electrophoresis (PFGE) in molecular typing [J]. Dis Surveill, 2006, 21 (5) : 276-279. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2006.05.020.

[22] von Altrock A, Seinige D, Kehrenberg C. *Yersinia enterocolitica* isolates from wild boars hunted in lower Saxony, Germany [J]. Appl Environ Microbiol, 2015, 81 (14) : 4835-4840. DOI: 10.1128/AEM.00550-15.

(收稿日期: 2018-09-29)
(本文编辑: 万玉立)