

上海市山夫登堡沙门菌流行特征和分子分型研究

许学斌 袁政安 金汇明 肖文佳 顾宝柯 陈敏 冉陆
刁保卫 崔志刚 扈庆华 阙斌

【摘要】 目的 分析上海市 2006—2007 年山夫登堡沙门菌分离株的分子流行病学特征。方法 追溯 2002—2007 年山夫登堡沙门菌食品分离株的来源;对 2005—2007 年从腹泻病例分离的山夫登堡沙门菌进行生化和 *hilA*、*invA* 基因表型鉴定、药敏试验、Riboprinter®(RP)核糖体分型和脉冲场凝胶电泳(PFGE)分析。结果 2006 年山夫登堡沙门菌列上海市非伤寒沙门菌监测确认病例第 3 位,2002—2005 年的食品分离株主要源自猪和牛肉制品。所有腹泻病例分离株除四环素(75.6%)外对其他抗生素均有较高敏感性。经 RP 和 PFGE 分子分型将硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因全部有和无的两组菌株分别归属两类在遗传学上相对独立的克隆族。34 株腹泻病例分离株分为 16 种 PFGE 带型,以同源程度较高的 4 型(4 株)、5 型(1 株)、6 型(6 株)、7 型(1 株)共 12 株菌和 11 型(3 株)、17 型(5 株)、23 型(5 株)共 13 株菌等优势带型聚类成 2 个克隆族。结论 2006 年上海市山夫登堡沙门菌感染病例是经过一定时间积累演变,由 2 个不同表型 PFGE 克隆族菌株构成较为少见的多点暴发。2007 年病例大幅减少和未监测到同一时期食品污染源的结果表明,菌株存在遗传克隆的不稳定性和传播途径的复杂性。

【关键词】 山夫登堡沙门菌;脉冲场凝胶电泳;Riboprinter®(RP);分子分型;多点暴发

Study on the epidemiological characteristics and molecular typing of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Senftenberg in Shanghai XU Xue-bin^{*}, YUAN Zheng-an, JIN Hui-ming, XIAO Wen-jia, GU Bao-ke, CHEN Min, RAN Lu, DIAO Bao-wei, CUI Zhi-gang, HU Qing-hua, KAN Biao. *Shanghai Center of Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China*

【Abstract】 Objective To study the molecular epidemiological characteristics of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Senftenberg (*Salmonella senftenberg*) in Shanghai, from 2006 to 2007. Methods A retrospective analysis in 2006 and 2007 was performed to explore the source of food-borne *Salmonella senftenberg*. The isolates from diarrhea patients between 2006 and 2007 were identified, including biochemical test, *hilA* and *invA* gene phenotyping, drug susceptibility, Riboprinter® (RP) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). Results Of the diarrhea patients isolates in the monitoring program on non-typhi *Salmonella* infection in the year of 2006 in Shanghai, number of patients caused by *Salmonella senftenberg* ranked the third. The stock of *Salmonella senftenberg* food-born isolates were derived from swine and beef products between 2003 and 2005. All of the strains from diarrhea patients were susceptible to antibiotics except tetracycline (75.6%). With RP and PFGE molecular typing, the two groups (with hydrogen sulfide and *hilA*, *invA* gene or without) could be divided into two different independent clone cluster in genetics. 34 strains of diarrhea were divided into 16 PFGE typing-pattern, and among them 12 strains including type 4 (4 strains), type 5 (1 strains), type 6 (6 strains), type 7 (1 strains) and 13 strains including type 11 (3 strains), type 17 (5 strains), type 23 (5 strains) were two different dominant clone cluster. Conclusion The epidemic of *Salmonella senftenberg* within 2006 might have been the result of a long period of case occurrence in Shanghai. This rare outbreak belonged to a cluster of outbreaks caused by two different PFGE clone clusters. Data suggested that the genetic clone of *Salmonella senftenberg* might have been unstable and the source of contamination were complicated, with the characteristics as the obvious decreasing number of patients, with no food-borne isolates in 2007.

【Key word】 *Salmonella senftenberg*; Pulsed-field gel electrophoresis; Riboprinter® (RP); Molecular typing; A cluster of outbreak

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2009.09.018

基金项目:中美新发和再发传染病合作项目(SU2GGH000018-02);艾滋病和病毒性肝炎等重大传染病防治科技重大专项-病原体网络化监测技术研究(2008ZX10004-008)

作者单位:200336 上海市疾病预防控制中心(许学斌、袁政安、金汇明、肖文佳、顾宝柯、陈敏);中国疾病预防控制中心传染病预防控制所(冉陆、刁保卫、崔志刚、阙斌);深圳市疾病预防控制中心(扈庆华)

许学斌和金汇明同为第一作者

自 1995 年美国疾病预防控制中心建立多国、多部门合作的细菌分子分型国家电子网络 (PulseNet) 监测体系以来, 因非伤寒沙门菌引发的许多公共卫生事件被各种传媒广泛报道而影响全球相关食品贸易。上海市于 2006 年加入非伤寒沙门菌全球监测网络 (GSS), 通过 2 年的监测发现山夫登堡沙门菌 (*Salmonella senftenberg*) 在 2006 年存在一过性暴发特征。为掌握该菌在上海市的暴发和流行趋势, 通过追溯性菌型分析和针对 2006—2007 年 GSS 山夫登堡沙门菌腹泻菌株的耐药等表型、脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 和核糖体分型分析, 了解该市山夫登堡沙门菌的分子流行病学特征, 为监测和防治提供依据。

材料与方法

1. 实验材料:

(1) 实验菌株: 2002—2007 年食源性山夫登堡沙门菌 7 株; 2005、2006、2007 年山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株分别为 2、34 和 5 株; 大肠埃希菌 ATCC25922 为药敏试验质控菌株; 布伦登卢普沙门菌 (*Salmonella braenderup*) H9812 作为 PFGE 的分子质量标准菌株。均由上海市疾病预防控制中心 (CDC) 菌种保藏室提供。

(2) 培养基: 改良亚硒酸煌绿增菌液 (MSBG)、罗伯特增菌液 (RVS)、木糖赖氨酸胆酸盐琼脂平板 (XLD)、CHROMagar™ 沙门菌显色琼脂平板 (CAS)、水解酪蛋白琼脂平板 (M-H)、“O”相琼脂平板和“H”相诱导琼脂平板 (上海科玛嘉科技有限公司), 肠道双支糖综合鉴别管和其他辅助生化鉴定试剂由上海市 CDC 供应室配置。以上增菌液和平板均避光 10℃ 以下保存, 在有效期内使用。

(3) 试剂和仪器: 编码沙门菌毒力岛 (SPI-1) 的关键调控子基因 (*hilA*, *invA*) 检测试剂 (上海宝生生物科技有限公司); 沙门菌分型诊断血清 50 种 (成都生物制品研究所)、沙门菌分型诊断血清 79 种 (S&A, Ltd, 泰国); 药敏分配器和 14 种抗生素纸片: 四环素 (TE)、头孢噻吩 (EFT)、阿莫西林/克拉维酸 (AMC)、氨苄西林 (AMP)、复方磺胺甲噁唑 (SXT)、环丙沙星 (CIP)、氯霉素 (C)、氧氟沙星 (OFX)、萘啶酸 (NA)、头孢吡肟 (FEP)、头孢噻肟 (CTX)、头孢他啶 (CAZ)、庆大霉素 (CN)、链霉素 (S) (Oxoid, 英国); VitekAM-60 自动生化鉴定仪 (生物梅里埃, 法国); 菌液比浊仪 (西门子, 德国); 限制性内切酶 *Xba* I (TaKaRa, 日本); SeaKem Gold 琼脂糖 (Cambraex

Bio Rockland, 美国); 脉冲场凝胶电泳仪 CHEF Mapper System 和凝胶成像系统 GEL Doc2000 (Bio-Rad, 美国); Riboprinter® (RP) 指纹图谱仪和酶切试剂 (*Pvu* II Kit)、样品处理包 (DuPont Qualicon™, 美国)。血清和抗生素纸片均在有效期内使用。

2. 实验方法:

(1) 食品样品非伤寒沙门菌检测: 根据文献 [1] 方法和 2007 年制定《上海市沙门菌病监测方案》中食品检测程序完成样品处理、分离初筛、菌株鉴定和血清分型等, 系统生化反应符合且血清抗原式符合 [3, 19: g, s, t: -] 者鉴定为山夫登堡沙门菌。

(2) GSS 监测: 由卢湾 (2007 年更换为黄浦)、金山、长宁、浦东新区 4 个监测点的 CDC 实验室按照文献 [2] 的方法和《上海市沙门菌病监测方案》中检测程序完成 12 家临床监测点医院的肠道门诊粪便样品的分离、菌株初筛鉴定和血清分型, 系统生化反应符合且血清抗原式符合 [3, 19: g, s, t: -] 者鉴定为山夫登堡沙门菌。

(3) 回顾性统计山夫登堡沙门菌的菌型构成比: 统计 1999—2007 年上海市 CDC 实验室系统收集和分离的全部沙门菌的血清型 (包括 GSS 菌型) 优势构成比的分布情况, 统计山夫登堡沙门菌在各时间段的序列排位变化。

(4) 抗生素敏感性试验: 参照 CLSI (NCCLS) 2005 年的判断标准对纸片扩散法的抑菌圈直径判断敏感 (S)、中介 (I)、耐药 (R)。EFT 判定标准: S (≤ 19 mm)、R (≥ 24 mm)、I (20 ~ 23 mm) (由 Oxoid 公司提供参考标准)。

(5) RP 指纹图谱分析: 对 2005 年的 2 株、2006 年的 34 株和 2007 年的 5 株山夫登堡沙门菌使用 Riboprinter® (RP) 指纹图谱仪进行 *Pvu* II 酶切图谱的分析比较, 操作步骤按照厂商提供手册进行。

(6) PFGE: 按照 GSS 方案要求, 在中国 CDC 传染病预防控制所腹泻病室按照 PulseNet 规定的 PFGE 标准方法, 选择 GSS 2006 年的 30 株和 2007 年 4 株山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株进行凝胶电泳、图谱分析和 BioNumerics (Version 4.0) 软件聚类分析。

结 果

1. 食源性山夫登堡沙门菌: 2002—2005 年采集市售鸡肉、鸭肉、猪肉、牛肉、豆制品、奶制品、蔬菜、水果和水产品 9 类生鲜食品分离非伤寒沙门菌, 共分离山夫登堡沙门菌 7 株。其中 1 株来源鸡肉制品,

4 株来自猪肉制品, 2 株牛肉制品。2006—2007 年开展 GSS 项目同步进行的食源性监测未分离到山夫登堡沙门菌。

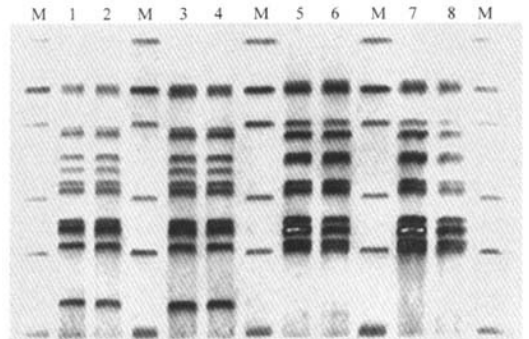
2. 山夫登堡沙门菌病例监测: 2006 年从 GSS 病例中分离到山夫登堡沙门菌 34 株(17.3%, 34/196), 被确认病例菌株集中在夏季(7—9 月)共分离 30 株, 其中 8 月为高峰期达 14 株。4 个监测点 7—9 月内以长宁区分离菌株最多(19/30), 其次为浦东新区(5/30)、卢湾区(4/30)和金山区(2/30); 2007 年 GSS 病例仅分离到山夫登堡沙门菌 5 株(3.0%, 5/168), 历史同期的 8 月未分离到, 而 9 月仅分离到 3 株。2 年内山夫登堡在非伤寒沙门菌病例血清型构成比例由 2006 年的第 3 位下降至 2007 年的第 6 位。

3. 菌型构成比的回顾性分析: 1999—2007 年收集的沙门菌株血清型 1~10 位顺位构成显示, 山夫登堡沙门菌属于比较常见的血清型之一, 在食品、食品从业者和腹泻病例中均能检出。但是以分离时间为坐标反映菌型的排列变化可以明显发现, 代表不同时间段分离山夫登堡沙门菌所构成的顺位排列呈现上升趋势; 2006 年山夫登堡沙门菌在菌型分布上处于历史的最高峰; 2007 年菌型排序出现明显下降; 同时期所进行的同步食源监测均未能从样品中分离到山夫登堡沙门菌(表 1)。

4. 抗生素耐药性: 14 种抗生素纸片测试 7 株山夫登堡沙门菌食品分离株的耐药性, 除 1 株表现为萘啶酸耐药外, 其他均敏感; 测试包括 2005 年的 2 株和 2006—2007 年 GSS 的 39 株腹泻病例分离株除对四环素耐药率为 75.6% (31/41) 和对萘啶酸耐药率为 2.4% (1/41), 其他均敏感。

5. RP 指纹图谱分析: 2005—2007 年使用 *Pvu* II 限制性内切酶对 41 株山夫登堡沙门菌腹泻病例分

离菌株染色体中的核糖体位点进行酶切分析, 结果显示为完全相同的 2 种类型电泳图谱: 11 株硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因表型均为阴性的山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株对应一类完全相同的图谱; 其余 30 株硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因表型均为阳性的山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株则对应了另一类完全相同的图谱。根据分子质量推测, 2 种表型相反菌株的核糖体型分型图谱分别对应的是 2 个存在较大遗传差异的克隆族(图 1)。



注: M: DNA 分子质量; 1~4: 硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因均阳性; 5~8: 硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因均阴性

图 1 上海市山夫登堡沙门菌分子分型图谱(酶: *Pvu* II)

6. PFGE 分型: 34 株山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株(2006 年 30 株和 2007 年 4 株)经 *Xba* I 酶切产生 16 种带型, 其中的优势带型为 6 型(6 株)、17 型(5 株)、23 型(5 株)、4 型(4 株)、11 型(3 株), 其余各型均为 1 株。经过电泳图谱的同源性聚类后产生 2 个克隆族: 4/5/6/7 型共 11 株菌的生化及基因表型特征均为硫化氢和 *hilA*、*invA* 基因阴性株, 图谱聚类显示此类菌株在遗传学上更具有相似性和独立的克隆特征, 而其余 12 个型 23 株菌的电泳图谱聚类显示属于

表 1 上海市 GSS 监测点不同年份回顾比较山夫登堡沙门菌分离血清型构成的排序变化

序号	菌 株 来 源							
	食品从业者* (n=385)	食品* (n=62)	腹泻病例* (n=42)	食品* (n=42)	腹泻病例* (n=196)	食品* (n=31)	腹泻病例* (n=168)	食品* (n=37)
1	阿贡纳沙门菌	肠炎沙门菌	肠炎沙门菌	德比沙门菌	肠炎沙门菌	德比沙门菌	肠炎沙门菌	德比沙门菌
2	德比沙门菌	德比沙门菌	阿伯丁沙门菌	肠炎沙门菌	鼠伤寒沙门菌	鼠伤寒沙门菌	鼠伤寒沙门菌	肠炎沙门菌
3	鸭沙门菌	鼠伤寒沙门菌	鼠伤寒沙门菌	鸭沙门菌	山夫登堡	肠炎沙门菌	汤卜逊沙门菌	乌普萨拉沙门菌
4	鼠伤寒沙门菌	里定沙门菌	乙型副伤寒	山夫登堡	阿伯丁沙门菌	阿伯丁沙门菌	阿伯丁沙门菌	鸭沙门菌
5	肠炎沙门菌	阿贡纳沙门菌	沙门菌德比	圣保罗沙门菌	德比沙门菌	罗米他沙门菌	婴儿沙门菌	阿贡纳沙门菌
6	阿伯丁沙门菌	肯塔基沙门菌	阿贡纳沙门菌	伦敦沙门菌	阿贡纳沙门菌	圣保罗沙门菌	山夫登堡	德比沙门菌
7	伦敦沙门菌	伦敦沙门菌	山夫登堡	科特布斯沙门菌	鸭沙门菌	印第安纳沙门菌	阿贡纳沙门菌	鼠伤寒沙门菌
8	山夫登堡	山夫登堡	姆班达卡沙门菌	-	婴儿沙门菌	鸭沙门菌	猪霍乱沙门菌	汤卜逊沙门菌
9	乙型副伤寒	鸭沙门菌	胥戈成格降沙门菌	-	罗米他沙门菌	斯坦利沙门菌	德比沙门菌	圣地亚哥沙门菌
10	里定沙门菌	汤卜逊沙门菌	圣地亚哥沙门菌	-	沙门菌科特布斯	阿贡纳沙门菌	科特布斯沙门菌	印第安纳沙门菌

注: 食品从业者菌株来源为区县 CDC 送检样品; * 分别为 1999、2002、2005、2006 和 2007 年收集菌株

更大的一组遗传克隆族群特征。以此描述 4/5/6/7 型的 11 株菌和 11/17/23 型的 13 株菌可分别对应 2006 年上海市临床腹泻病例中的 2 个优势克隆族的流行病学特征。从时间分布上分析,2006 年上海市山夫登堡沙门菌腹泻病例分离株包括以上 2 个优势克隆族中的 7 个带型;而 2007 年仅有 1 株为 4 型的同源株,其余 3 株也均不属于优势带型(图 2)。

讨 论

GSS 是重点针对非伤寒沙门菌腹泻病例所引发的“散在或暴发”案例而开展相关食源性溯源调查的全球合作项目,依靠实验室对病例菌株的血清分型和分子分型并结合完整的病例资料能甄别监测点的“多点”或“局部”流行的沙门菌血清型的流行病学特征^[3]。山夫登堡属国内较为常见的沙门菌血清型,在禽、畜等动物养殖场或屠宰场能分离到,一般仅引起散发的食源或医源性个案病例,其对大多数抗生素表现敏感,一般个案发病少见。2002—2003 年上海市开展食源性监测的资料显示,山夫登堡沙门菌多见于牛肉和猪肉制品的结论也与文献报道相符^[4]。但从 2005 年始,该菌型所致的病例数较以往相对增多,2006 年的 4、5 月连续发现该菌型病例,至 7—9 月达高峰期共报告 30 例腹泻患者,其中 2/3 病例集中在长宁区监测点(19 例),其他监测点也有部

分病例报告。2006 年 10 月以后至 2007 年报告病例数趋少。整个流行时间跨度达 3 个月之久,回顾性流行病学调查采集共同就餐点和疑似食品并未分离到预期的病原菌,配对分析显示存在不洁饮食史(海鲜类和肉制品)是此次一过性暴发的主要危险因素之一。依据上海市回顾性菌型监测资料分析,2005 年出现的山夫登堡沙门菌感染病例应该正处于流行前趋期,以此界定此次山夫登堡沙门菌流行过程应为 2005—2007 年,病例相对集中暴发于 2006 年的 7—9 月。

结合 GSS 菌株的表型鉴定结果和分离来源地分析,2006 年 7 月长宁区中心医院报告的 5 株山夫登堡沙门菌中发现有 4 株为硫化氢阴性、*hilA*、*invA* 基因缺失的表型不典型菌株,系统生化编码和血清学鉴定结果仍符合山夫登堡沙门菌特征。截止 9 月底此类菌株共报告 11 株,除 2 株源自卢湾区外,其余 9 株(除 1 株源自北新泾社区医院)有 8 株均来自长宁区中心医院监测点;同一时期报告的 19 株山夫登堡典型菌株有 8 株也出自长宁区中心医院的报告。RP 核糖体分型结果也验证了上述表型特征相反的腹泻病例分离株酶切图谱分别属于 2 个有明显遗传差异的克隆族。由此判断,在长宁区某些区域内,表型典型和不典型的山夫登堡沙门菌腹泻病例相对集中,而其他几个监测点呈高度散发的流行特征。

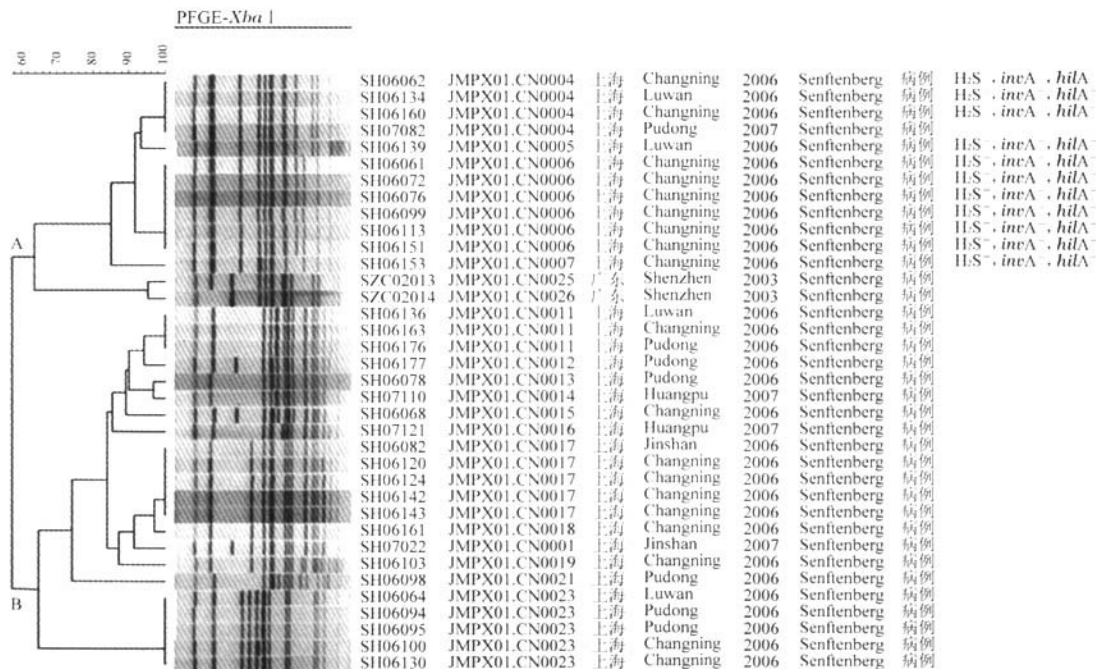


图 2 临床确诊山夫登堡沙门菌病例的 PFGE 聚类分析图谱(限制性内切酶: Xba I)

RP 核糖体分型对 DNA 片段的分辨力较 PFGE 的分型能力弱,进一步的 PFGE 分型显示,上海市 34 株(2006 年 30 株和 2007 年 4 株)山夫登堡沙门菌共呈现 16 种带型,其中 6(6/34)、17(5/34)、23(5/34)型是具有优势的主要型别。而 6 型同时也是不典型山夫登堡沙门菌的优势型,17 和 23 型则是典型山夫登堡沙门菌的优势型。与此 3 个优势型相关的病例占流行病例总数的 53.3%(16/30)。通过聚类分析,以不典型占多数的 4/5/6/7 型和典型菌株为主的 11/17/23 型产生的聚类也分别属于在遗传学特征上有较高同源性的 2 个克隆族。与此相关的病例占流行病例总数的 83.3%(25/30)。由此可解释,上海市过去广泛存在于健康人或食品中的山夫登堡沙门菌,因缺少优势的克隆菌群而不具备引起暴发或者流行的条件,所以 2006 年 7—9 月报告的 GSS 监测病例应属于 2 个克隆族、由 3 种在分子型上具有优势的菌株引起的实质为“多点暴发”流行病例。

GSS 监测方案中明确在病例监测的同时开展同步食源性监测以期能发现潜在的传染源或高危食品。结合上海市山夫登堡沙门菌过去的食品阳性株的分离背景和常规食源性监测的采样,本研究选择以大型超市的生鲜肉制品等作为常规食品采集对象进行分离监测,但未得到预期的分离结果。此阴性结果提示引发本次山夫登堡沙门菌感染病例的病原可能源于某一类特殊的食品污染源,或者此类污染源可能还不具备大范围污染其他食品的能力,但从其过去 2 年中所引起病例的事实推断,该菌可能已获得生态循环或具备在某种宿主体内复制稳定克隆的能力。

1998—2002 年西班牙西南部海岸地区的水产养殖和加工厂内 3 种甲壳类贻贝在加工过程中产品被海水中的山夫登堡沙门菌污染后形成生态循环,造成持续而潜在的污染源,并逐步与引发腹泻病例呈统计学正相关^[5]。2002 年深圳市扈庆华等最先报道国内发现 SPI-1 毒力岛缺失的山夫登堡沙门菌 *hilA* 和 *invA* 基因均阴性的结果与本次山夫登堡沙门菌不典型菌株的基因型特征相符。通过中国 PulseNet 网络将深圳市的不典型山夫登堡沙门菌的 PFGE 图谱整合到此次山夫登堡沙门菌暴发病例的图谱中重新聚类后证明:深圳市的 2 株不典型山夫登堡沙门菌之间仅存在一个 DNA 片段差异,并和本次 GSS 发现的 11 株不典型菌株间存在高度遗传同源性而能够聚集成同一个遗传克隆。两者的惟一区别在于前者引起一起局部食源性暴发案例而后者引

起较长时间的多点暴发。我们结合前期的流行病学病例配对调查结论及文献与深圳市菌株的 PFGE 图谱比对后推断:上海市 2006 年发生的由 2 个克隆族导致的山夫登堡沙门菌暴发病例,可能源于我国南方流入的寄生有山夫登堡沙门菌,并在短时间内能在宿主内完成生态循环和克隆变异的某些软体海产品引发,且此次暴发病例集中分布于长宁区,该区人群对水产品具有较强的消费能力,所以病例的发生和消亡在某种程度上符合消费者对某种甲壳类水产品消费的变化规律。

大多数非伤寒沙门菌在自然界缺少特定宿主体内的生命循环,多数在动物体内的自然储存,但如果在自然界的生存时间达 1 年之久,就有可能获得适应新环境的能力^[6,7]。由此带来的某些菌株表型的改变降低了传统分离方法的敏感性和增加了“不确定度”的影响。而扈庆华等指出基于分子生物学方法检测沙门菌多以 SPI-1 毒力岛有关基因(*hilA*、*invA*)为靶基因,事实证明缺失了 SPI-1 毒力岛的但具有 SPI-2 毒力岛的沙门菌同样有致病性^[8]。所以我们认为,基于复杂环境催化和自身遗传进化等因素,增加了沙门菌的某些血清型不断发生的某种遗传变异的概率,对有能力进行沙门菌检测的实验室在实践中需要不断验证沙门菌常规方法和分子生物学方法在日常监测和应急检测中的效果,以满足不断增长的公共卫生体制建设和疾病预防控制的技术需要。

参 考 文 献

- [1] 许学斌,顾宝柯,袁政安,等.富营养预增菌液在肉制品沙门菌常规检测方法中替代效果研究.中国人兽共患病学报,2006,22(7):633-635.
- [2] 许学斌,顾宝柯,陈敏,等.沙门菌检测方法的优化.检验医学,2007,22(6):677-680.
- [3] 顾宝柯,袁政安,金汇明,等.上海市沙门菌流行特征分析.环境与职业医学,2008,25(3):245-247.
- [4] Young JL, Hyun JK, Cheng KP, et al. Characterization of *Salmonella* spp. isolated from an integrated Broiler chicken operation in Korea. J Vet Med Sci, 2007, 69(4): 399-404.
- [5] Martinez UJ, Liebana E. Use of pulsed-field gel electrophoresis to characterize the genetic diversity and clonal persistence of *Salmonella* Senftenberg in mussel processing facilities. Int J Food Microbiol, 2005, 105(2): 153-163.
- [6] Martinez UJ, Liebana E. Investigation of clonal distribution and persistence of *Salmonella* Senftenberg in the marine environment and identification of potential sources of contamination. FEMS Microbiol Ecol, 2005, 52(2): 255-263.
- [7] Nesse LL, Refsum T, Heir E, et al. Molecular epidemiology of *Salmonella* spp. isolates from gull, fish-meal factories, feed factories, animals and humans in Norway based on pulsed-field gel electrophoresis. Epidemiol Infect, 2005, 133(1): 53-58.
- [8] Hu QH, Coburn B, Deng WY, et al. *Salmonella enterica* Serovar Senftenberg human clinical isolates lacking SPI-1. J Clin Microbiol, 2008, 46(4): 1330-1336.

(收稿日期:2009-04-20)

(本文编辑:张林东)