

波摩那沙门菌耐药及分子流行病学特征研究

刁保卫 胡雪明 王传清 侯琦 黄峥 金汇明 肖文佳 李晓虹 冉陆
阚飙 史贤明 林玫 王鸣柳 许学斌

【摘要】 目的 研究波摩那沙门菌的耐药分子流行病学特征。方法 基于上海市网络实验室连续性监测腹泻病例和环境食品及广西地区爬行动物监测的波摩那沙门菌进行抗菌药物耐药和脉冲场凝胶电泳(PFGE)分析。结果 2005—2012年上海市网络实验室诊断临床病例分离沙门菌4 553株,居前10位的20个血清型均为A~F群,波摩那沙门菌在少见的非A~F群中仅次于旺兹沃思沙门菌排第2位,并对低年龄组人群普遍易感,症状有血样便和二次感染现象。确认食源环境沙门菌1 805株,前10位血清型明显比人源株更具多样性,波摩那沙门菌在少见型中列第3位,多源自甲鱼、海水贝壳类和爬行动物。波摩那沙门菌非人源分离株耐药性显著高于人源株,PFGE结果分属A和B不同克隆簇。克隆A为非流行株的多重耐药株,菌株多源自淡水养殖鱼类;克隆B为不耐药的流行株,分为B-I(分离自低年龄组)和B-II(分离自成年组)2个亚簇,前者与海水贝壳类动物、陆龟、蜥蜴分离株同源,后者与海水贝壳类动物分离株同源,其中1例人源株对8种抗生素呈多重耐药。结论 波摩那沙门菌属少见菌型,但对婴幼儿有较高致病性。上海市近期分离的波摩那沙门菌与2005年病例菌株存在遗传进化关系,需要对致病克隆加强监测并预警进食海鲜和爬行动物的感染风险。

【关键词】 波摩那沙门菌;低年龄组;多重耐药;致病克隆

Study on the molecular epidemiology and antibiotic resistance of *Salmonella enterica* serovar Pomona Diao Baowei¹, Hu Xueming², Wang Chuanqing³, Hou Qi⁴, Huang Zheng⁵, Jin Huiming⁶, Xiao Wenjia⁶, Li Xiaohong⁷, Ran Lu⁸, Kan Biao¹, Shi Xianming⁹, Lin Mei¹⁰, Wang Mingliu¹⁰, Xu Xuebin⁶. 1 National Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China; 2 Center for Disease Control and Prevention of Jing'an District, Shanghai; 3 Affiliated Children Hospital of Fu-Dan University; 4 Shanghai United Family Hospital; 5 Center for Disease Control and Prevention of Changning District, Shanghai; 6 Shanghai Municipal Center for Disease Control and Prevention; 7 Shanghai Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau; 8 Chinese Center for Disease Control and Prevention; 9 School of Agriculture and Biology, Shanghai Jiaotong University; 10 Guangxi Zhuang Autonomous Regional Center for Disease Control and Prevention

Corresponding authors: Xu Xuebin, Email: xbxu@scdc.sh.cn; Wang Mingliu, Email: wmlml@126.com
This work was supported by grants from the National High Technology Research and Development Program of China (863 Program) (No. 2012AA101601-4); the Mega-projects of Science and Technology Research of China (No. 2012ZX10004215-003); the Subproject 6 of the China-US EID (Emerging Infectious Diseases) Cooperation Project (No. 1U2GGH000961-01); the Natural Science Foundation Project of Guangxi (No. 2012GXNSFAA053159) and the Project of Shanghai Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau (No. HK002-2013).

【Abstract】 Objective To study the epidemiological characteristics and antibiotic resistance of *Salmonella enterica* serovar Pomona (*S. Pomona*). **Methods** Antimicrobial susceptible testing

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.07.019

基金项目: 国家“863”项目(2012AA101601-4); 国家“十二五”重大专项(2012ZX10004215-003); 中美新发和再发传染病合作项目(1U2GGH000961-01); 广西自然科学基金(2012GXNSFAA053159); 上海出入境检验检疫局课题(HK002-2013)

作者单位: 102206 北京, 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所(刁保卫、阚飙); 上海市静安区疾病预防控制中心(胡雪明); 复旦大学附属儿科医院(王传清); 上海民营和睦家医院(侯琦); 上海市长宁区疾病预防控制中心(黄峥); 上海市疾病预防控制中心(金汇明、肖文佳、许学斌); 上海出入境检验检疫局(李晓虹); 中国疾病预防控制中心(冉陆); 上海交通大学农业与生物学院(史贤明); 广西壮族自治区疾病预防控制中心(林玫、王鸣柳)

刁保卫、胡雪明同为第一作者

通信作者: 许学斌, Email: xbxu@scdc.sh.cn; 王鸣柳, Email: wmlml@126.com

(AST) and pulsed field gel electrophoresis (PFGE) methods were used to analyze on *S. Pomona* strains that were isolated from diarrhea cases through the diarrhea network monitoring program, environment and food samples in Shanghai as well as from reptiles in Guangxi Zhuang Autonomous Region. **Results** 4 553 clinic *Salmonella* (*S.*) strains were isolated from the Shanghai network laboratories from 2005 to 2012. The top 10 serotypes would include 20 serotypes all belonged to A-F groups, while *S. Pomona* was next to *S. Wandsworth*, according to the non- A-F groups. Young children seemed to be susceptible to *S. Pomona*, and might cause bloody stools and super-infection. The top 10 serotypes from 1 805 foodborne *Salmonella* strains were significantly more extensive than those from the human *S. Pomona* strains, followed by those rare serotypes which were mostly isolated from turtle, sea-shellfish and reptiles. Antibiotic resistance of *S. Pomona* strains from other sources were significantly more severe than those from human samples, and belonged to A and B clones by means of PFGE. Clone A strains were non-epidemic strains which showed multi-drug resistance (MDR) to antimicrobials. Clone B was the main epidemic-causing strain that not resistant to drugs, which consisting B- I from young-age-groups and B- II were from the seniors. B- I strains were homologous to those from shellfish, tortoises and lizards, while B- II strains only showing homology to those from shellfish. One *S. Pomona* strain—MDR, isolated from human was homologous to 8 antimicrobials. **Conclusion** *S. Pomona* was a quite common serotype among those rare serotypes, which showed higher pathogenicity to infants while genetic evolution might take place when comparing them with the strains isolated from the clinics in 2005. Surveillance programs should be intensified along with the early warnings systems on infections which were from seafood and reptiles.

【Key words】 *Salmonella enterica* serovar Pomona; Low-age-group; Multi-drug resistance; Pathogenic clones

随着全球范围食品、旅游、涉禽涉畜涉宠物及肉制品加工与物流贸易行为增加,非伤寒沙门菌相关流行克隆(血清型)愈来愈引起关注。欧美国家高度防控动物源高耐药菌株对人(尤其高危人群)传播耐药克隆潜在的风险,并对耐药肠道病原菌(包括伤寒和副伤寒沙门菌)定义为“复燃和再发的传染病”^[1]。近 10 年间欧美网络监测系统已发现以爬行动物和宠物龟为媒介的波摩那沙门菌暴发和散发病例^[2,3]。我国自 2006 年在多个省级公共卫生实验室开展针对沙门菌的综合监测,并建立脉冲场凝胶电泳(PFGE)分子分型网络化实验室和资源库,本研究针对波摩那沙门菌进化和耐药分子流行病学特征进行分析。

材料与方 法

1. 建立网络实验室监测体系:上海市网络实验室集成临床和环境食源标本检测流程,采用临床与公共卫生实验室执行的“上海市感染性食源性病原菌(沙门菌)监测网络实验室标准操作规程”,由各哨点实验室按照流程分段完成人源和非人源(环境源、食源、水源等)采样、样品前处理、初筛甄别、表型确认和血清分型、复核及系统生化反应检测,完成临床腹泻病例和环境、食品源非伤寒沙门菌连续性监测。统计上海市 2005—2012 年开展连续性沙门菌综合监测的优势血清型构成排序(包括人源和非人源、常见与非常见沙门菌株);收集波摩那沙门菌腹泻诊断病例信息(包括 2001 年上海市首例波摩

那沙门菌临床病例^[4])。凡菌株血清抗原式符合 [28:y:1,7] 者鉴定为波摩那沙门菌。

2. 研究菌株:2005—2012 年上海市网络实验室连续性监测的人源和非人源沙门菌 6 358 株;波摩那沙门菌 36 株(源自上海地区 32 株,其中人源株 15 株、非人源株 17 株;源自广西地区 4 株,均为非人源株);测试抗生素敏感试验波摩那沙门菌 29 株(人源 13 株、非人源 16 株);大肠埃希菌 ATCC25922 为药敏试验质控菌株;布伦登卢普沙门菌 H9812 作为 PFGE 的分子质量标准菌株(由上海市疾病预防控制中心菌种保藏室提供)。

3. 培养基和仪器:包括胰大豆胨蛋白胨肉汤(TSB)、亚硒酸煌绿增菌液(SBG)、罗伯特增菌液(RVS)、木糖赖氨酸胆酸盐琼脂平板(XLD)、沙门菌显色琼脂平板(CAS)、抗生素敏感性琼脂平板(MH)、沙门菌“O”和“H”相位鉴定琼脂平板、肠道双支糖综合鉴别管和其他生化鉴定管(上海科玛嘉微生物技术有限公司)、沙门菌分型血清 145 种(SSI, 丹麦)、限制性内切酶 *Xba* I (TaKaRa, 日本)、低熔点琼脂糖(SeaKem Gold, Cambrex Bio Rockland, 美国)。所用试剂和血清等均避光置 10 ℃ 以下保存,有效期内使用。采用 VitekAM-60 自动生化鉴定仪和菌液比浊仪(生物梅里埃,法国),脉冲场凝胶电泳仪(CHEF mapper system)和凝胶成像系统(GEL Doc2000, Bio-Rad, 美国)。

4. 抗生素敏感性试验:利用药敏分配器和 16 种抗菌药物纸片[四环素(TET)、头孢替唑(EFT)、阿

莫西林/克拉维酸(AMC)、氨苄西林(AMP)、复方新诺明(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)、甲氧苄氨嘧啶(W)、头孢他啶(CAZ)、庆大霉素(CN)、磺胺异恶唑(S3)、链霉素(S)](Oxoid, 英国); 参照 CLSI-2012 年颁布的纸片法判定标准 M-100 解释其敏感(S)、中介(I)、耐药(R)。EFT 判定标准由厂家提供, 分别为 20 mm ≤ 21 ~ 22 mm ≥ 23 mm。

5. PFGE: 按照 PulseNet China 技术方案规定的非伤寒沙门菌 PFGE-*Xba* I 标准方法, 完成 36 株波摩那沙门菌凝胶电泳并使用 BioNumerics (Version 6.0) 软件进行聚类分析。

结 果

1. 波摩那沙门菌腹泻病例: 包括 2001 年上海市首例报道的波摩那沙门菌临床腹泻病例共有 14 例临床诊断病例。除 2011 年有 4 例外, 其余年度病例

数为 1 ~ 3 例, 属低水平散发状态。分析 14 例的年龄分组和临床症状发现, 1 ~ 5 岁低年龄组病例为主(5 例), 且临床症状更严重, 如出现血样便、发热、呕吐和二次感染现象。

2. 沙门菌人源和非人源株血清型构成:

(1) 人源菌株及血清型优势排序: 统计 2005—2012 年上海市网络实验室连续性监测的人源沙门菌 4 553 株, 依据相同病例(菌株)数和血清群排列最常见的 21 个血清型依次为: B 群的乙型副伤寒、斯坦利、胥戈成格隆、圣保罗、德比、阿贡纳、鼠伤寒; C1 群的布伦登卢普、汤卜逊、婴儿、维尔肖、姆班达卡; C2 ~ 3 群的纽波特; D 群的肠炎; E1 群的明斯特、鸭、火鸡、伦敦; E4 群山夫登堡; F 群的阿伯丁; Q 群旺兹沃思。除 Q 群外的 20 个血清型属于常见的 A ~ F 群沙门菌, 代表了常见的人源沙门菌血清型; 波摩那沙门菌在 F 群以外的少见人源沙门菌中排第 2 位(菌株数 15、病例数 14)。各年度的人源沙门菌血清型总排序变化见表 1。

表 1 2005—2012 年上海市基于感染性病原体网络化实验室监测的沙门菌人源株/非人源株优势血清型

排 序	2005 年	2006 年	2007 年	2008 年	2009 年	2010 年	2011 年	2012 年
A ~ F 群	42/112	253/31	226/37	358/190	300/201	686/312	1 394/469	1 294/453
1	肠炎/德比 8/33	肠炎/德比 57/8	肠炎/德比 49/11	肠炎/肠炎 92/33	肠炎/德比 92/31	鼠伤寒/鼠伤寒 197/60	肠炎/德比 597/102	肠炎/德比 491/106
2	鼠伤寒/肠炎 7/27	鼠伤寒/鼠伤寒 53/7	鼠伤寒/肠炎 46/8	鼠伤寒/德比 74/17	鼠伤寒/肠炎 85/31	肠炎/德比 191/38	鼠伤寒/肠炎 342/82	鼠伤寒/鼠伤寒 404/101
3	阿伯丁/ 鼠伤寒 6/16	山夫登堡/肠炎 37/5	汤卜逊/ 乙型副伤寒 33/4	伦敦/新加坡 39/16	汤卜逊/阿伯丁 20/23	汤卜逊/肠炎 30/30	汤卜逊/鼠伤寒 56/75	汤卜逊/肠炎 50/56
4	德比/鸭 3/8	阿伯丁/阿伯丁 11/3	阿伯丁/鸭 18/4	山夫登堡/ 印第安纳 30/10	山夫登堡/ 鼠伤寒 18/20	阿贡纳/ 汤卜逊 25/20	德比/汤卜逊 48/22	德比/汤卜逊 40/27
5	乙型副伤寒/ 山夫登堡 2/7	阿贡纳/ 印第安纳 9/2	山夫登堡/ 印第安纳 11/2	汤卜逊/ 鼠伤寒 17/9	德比/ 旺兹沃思 11/12	火鸡/ 印第安纳 24/13	婴儿/ 印第安纳 34/19	阿贡纳/ 印第安纳 33/18
6	胥戈成格隆/ 阿贡纳 2/4	纽波特/- 9/-	阿贡纳/- 8/-	圣保罗/ 胥戈成格隆 9/8	婴儿/阿马耶 9/11	山夫登堡/ 非丁伏斯 21/13	斯坦利/ 阿贡纳 29/15	斯坦利/ 山夫登堡 24/14
7	汤卜逊/ 圣保罗 2/4	汤卜逊/- 8/-	姆班达卡/- 7/-	布伦登卢普/ 汤卜逊 8/8	阿伯丁/ 汤卜逊 8/9	伦敦/ 山夫登堡 18/12	伦敦/火鸡 26/15	纽波特/罗森 19/12
8	维尔肖/ 伦敦 2/4	婴儿/- 6/-	德比/- 6/-	姆班达卡/ 波摩那 7/8	斯坦利/ 山夫登堡 5/8	德比/ 旺兹沃思 17/12	山夫登堡/ 阿伯丁 26/15	山夫登堡/ 姆班达卡 15/10
9	姆班达卡/ 肯塔基 2/3	鸭/- 6/-	婴儿/- 6/-	阿伯丁/ 阿伯丁 7/7	姆班达卡/ 阿贡纳 5/6	纽波特/ 阿伯丁 14/10	阿贡纳/ 姆班达卡 25/14	布伦登卢普/ 婴儿 14/9
10	伦敦/阿伯丁 2/3	明斯特/- 5/-	火鸡/- 5/-	纽波特/ 山夫登堡 5/7	火鸡/伦敦 5/6	布伦登卢普/ 斯坦利 13/9	阿伯丁/ 旺兹沃思 18/12	旺兹沃思/ 阿贡纳 14/8
非 A ~ F 群	1/2	6/0	3/1	6/24	6/14	15/37	22/22	20/18
Q 群旺兹沃思 30/50	0/1	1/0	-	3/7	3/12	4/12	5/12	14/7
M 群波摩那 15/17	1/1	3/0	1/0	1/8	2/0	1/5	6/1	0/2
G 群渥兴顿 10/2	-	1/0	1/0	-	-	2/0	6/0	0/2
I 群非丁伏斯 4/19	-	-	1/1	0/2	1/0	1/13	1/2	0/1

注: 分子为人源株, 分母为非人源株

(2) 非人源菌株及血清型优势排序: 统计 2005—2012 年上海市网络实验室连续性监测的非人源沙门菌 1 805 株, 依据相同的环境和食源性沙门菌菌株数和血清型排列最常见的血清型依次为: B 群的乙型副伤寒、斯坦利、胥戈成格隆、圣保罗、德比、阿贡纳、鼠伤寒、印第安纳; C1 群的罗森、汤卜逊、新加坡、婴儿、姆班达卡; C2~3 群的肯塔基; D 群的肠炎; E1 群的鸭、火鸡、伦敦、阿玛耶; E4 群的山夫登堡; F 群的阿伯丁; I 群的非丁伏斯; M 群的波摩那; Q 群的旺兹沃思。除 Q、M、I 群外的 21 个血清型组成了常见的非人源沙门菌血清型, 相比人源菌中某些优势型(布伦登卢普、维尔肖、纽波特、明斯特), 印第安纳、罗森、新加坡、肯塔基、阿玛耶、非丁伏斯、波摩那更具有食源沙门菌的血清型优势。波摩那沙门菌在 F 群以外的少见非人源沙门菌中排第 3 位(菌株数 17, 其中猪肉制品类 2 株, 海水贝壳类动物 5 株, 甲鱼 4 株, 淡水贝壳类 2 株, 淡水鱼类 2 株, 黄浦江水 2 株)。各年度的非人源沙门菌血清型总排序变化见表 1。

3. 波摩那沙门菌药敏试验: 使用 16 种抗菌药物纸片检测 29 株(人源 13 株、非人源 16 株)波摩那沙门菌药物敏感性。13 株人源株对绝大多数抗菌药物敏感, 耐药率最高为 S3(23.1% 耐药和 46.2% 中度耐药); 按 CLSI2012 标准对氟喹诺酮类抗生素均敏感, 但按照伤寒、副伤寒的判断标准则有 1 株菌(7.7%)对 CIP 耐药; 仅 1 株菌对 CTX 和 CAZ 耐药。16 株非人源菌株对所有头孢类药物均敏感, 耐药率最高的仍是 S3(75.0% 耐药和 18.7% 中度耐药)。按 CLSI2012 标准对 CIP 未出现耐药株, 但按照伤寒、副伤寒的判断标准则有 3 株菌(18.7%)对 CIP 耐药; 对 NA 中度耐药率达 50.0%。非人源株对 TET、AMC、AMP、S3 的耐药率和人源株相比差异有统计学意义($P < 0.05$), 见表 2。

4. 波摩那沙门菌 PFGE 分型和聚类分析: 36 株波摩那沙门菌经 *Xba* I 酶切产生 13 种带型, 优势带型依次为 1 型(8 株)、2 型(6 株)、3 型(4 株)、4 型(4 株)、5 型(3 株)、6 型(2 株)、7 型(2 株)、8 型(2 株)、9~13 型(各 1 株)。带型图谱经软件聚类后生成 2 个明显不同的独立克隆簇, 即克隆簇 A 由 1 型(8 株)及 11~13 型(各 1 株)构成, 其余菌株构成克隆簇 B。克隆簇 A 菌株间的同源相似性 $> 97\%$, 其耐药特征和克隆簇 B 相比差异有统计学意义, 属于相对耐药菌株; 克隆簇 B 菌株间的同源相似性 $> 90\%$, 除 1 株耐 8 种药(EFT、CTX、CAZ、AMP、CN、S3、S、

表 2 波摩那沙门菌人源和非人源株对 16 种抗菌药物敏感性试验

药物	人源株($n=13$)			非人源株($n=16$)		
	R	I	S	R	I	S
TET	15.4(2) ^a	0	84.6(11)	68.7(11) ^a	0	31.2(5)
EFT	7.7(1)	0	92.3(12)	0	0	100.0(16)
AMC	0	0	100.0(13)	68.7(11)	0	31.2(5)
AMP	0 ^a	7.7(1)	92.3(12)	68.7(11) ^a	0	31.2(5)
SXT	15.4(2)	0	84.6(11)	6.2(1)	0	93.7(15)
CIP	0	7.7(1)	92.3(12)	0	18.7(3)	81.2(13)
CIP ^b	7.7(1)	0	92.3(12)	18.7(3) ^a	0	81.2(13)
C	0	7.7(1)	92.3(12)	0	0	100.0(16)
OFX	0	7.7(1)	92.3(12)	0	0	100.0(16)
NA	0	15.4(2)	84.6(11)	0	50.0(8)	50.0(8)
FEP	0	0	100.0(13)	0	0	100.0(16)
CTX	7.7(1)	0	92.3(12)	0	12.5(2)	87.5(14)
W	15.4(2)	0	84.6(11)	6.2(1)	0	93.7(15)
CAZ	7.7(1)	0	92.3(12)	0	0	100.0(16)
CN	7.7(1)	0	92.3(12)	0	0	100.0(16)
S3	23.1(3) ^a	46.2(6)	30.8(4)	75.0(12) ^a	18.7(3)	6.2(1)
S	7.7(1)	38.5(5)	53.8(7)	0	25.0(4)	75.0(12)

注: 括号外数据为率(%), 括号内数据为株数; ^a $\chi^2 > 3.84$, $P < 0.05$; ^b 按照 CLSI2012 伤寒、副伤寒判断标准

CIP) 和 3 种中度耐药(OFX、NA、C) 外, 其余菌株属相对敏感株。克隆簇 A 仅 1 株为 2005 年腹泻病例分离株, 其余除分离自蛇(1 株)、海水贝壳类(2 株)和猪肉制品(2 株)外, 均来自淡水鱼、甲鱼、淡水贝壳类及自然水体(江水)等; 克隆簇 B 中 14 株腹泻病例菌株分别以 2、3 型为主, 并与 6 型(2 株)和 9 型(1 株)共同组成 B 克隆 I (B-I), 其中主要聚集的优势分子型来自成年组腹泻病例; 克隆簇 B 中以 4、5 型为主并与 10 型(1 株)共同组成 B 克隆 II (B-II), 其中主要聚集的优势分子型来自低年龄组腹泻病例。克隆簇 B 源自上海市 3 株、玉林市 1 株均分离自海产品以及广西合浦县动物保护站的陆龟和蜥蜴, 菌株分别与不同时间、不同区域分离的波摩那沙门菌腹泻病例分离株之间存在 100% 的遗传同源性, 而源自淡水样本仅有 1 株(分离自黄浦江原水)与波摩那沙门菌腹泻病例 2 型菌株间存在 100% 的遗传同源性, 提示源自海产品和爬行动物菌株可能与波摩那沙门菌腹泻病例存在暴露关系。2 例波摩那沙门菌二次感染的幼儿病例分离株其 PFGE 分子型有 1 例(2 株菌)为 100% 同源、另 1 例(2 株菌)之间因出现 1 个条带的差异而被分为 5 型和 10 型(图 1)。

讨 论

2013 年美国疾病预防控制中心发布了“国家抗生素耐药报告”明确将耐药的伤寒和非伤寒沙门菌

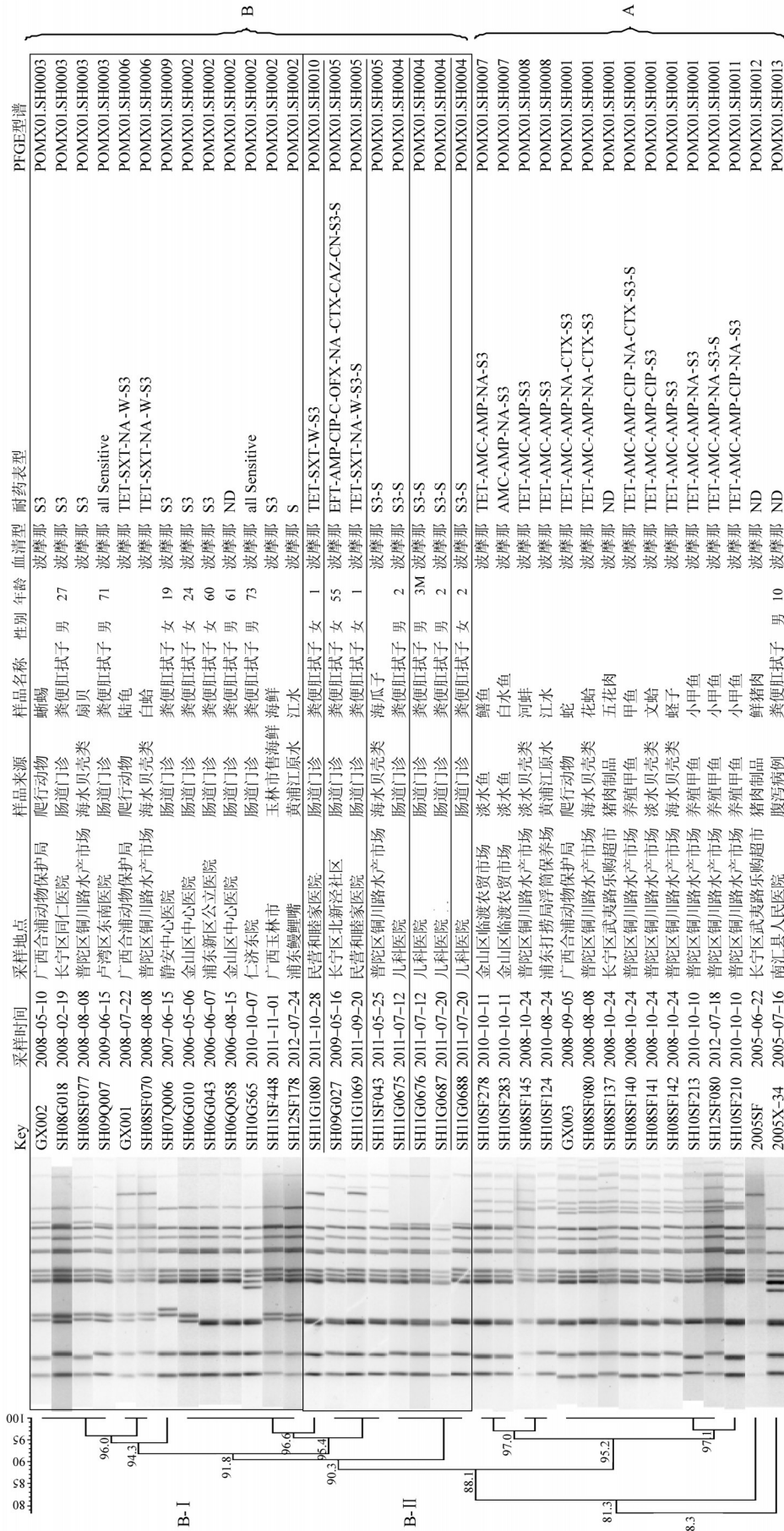


图1 波摩那沙门菌PFGE聚类分析(限制性内切酶:Xba I)

列入严重威胁范畴^[5]。而细菌分子耐药机制研究也证实高耐药鼠伤寒动物源菌株和人源菌株之间的克隆转化仍然存在种群障碍^[6,7]。我国自 2004 年建立了非伤寒沙门菌分子分型网络数据库,有助于重点监控和研究典型的多重耐药沙门菌暴发疫情。

牛和爬行动物已证实是波摩那沙门菌的宿主^[8]。1960—2007 年随着全球公共卫生实验室诊断能力和监测体系完善,在瑞典、加拿大和美国因爬行动物(宠物龟约占 6%)而感染波摩那沙门菌的散发和暴发病例显著增加^[1-3,9]。其中低龄组感染病例部分出现血样便症状^[1]。

本研究中上海市人感染 A~F 群沙门菌优势血清型仍以常见的 20 个血清型为主;而非 A~F 群中,波摩那沙门菌仅次于旺兹沃思沙门菌位列第二;源自环境和食品的沙门菌其优势血清型在群别上具有更明显多样性,波摩那沙门菌在非 A~F 群中位居第三,仅次于旺兹沃思和非丁伏斯沙门菌之后。虽然本文中上海市沙门菌感染病例与宠物相关的危险因素从 2006 年的 5% 上升至 2012 年的 8% (仅次于食源性危险因素),但食源性暴露仍是波摩那沙门菌感染病例的主要风险,明确无宠物龟接触史的低龄组病例其临床危重症状(尤其是血样便和二次感染)明显高于其他年龄组。波摩那沙门菌非人源株的耐药性高于人源株,提示我国在淡水和海水贝壳及甲鱼养殖过程中存在非常严重的抗生素暴露风险而导致出现多重耐药株。

采用 PFGE 聚类分析探讨波摩那沙门菌感染散发病例分离株与非人源株同源性关系。表明源自淡水养殖(包括甲鱼)的波摩那沙门菌属于非致病克隆簇 A,但仍有 1 例 2005 年病例分离株似乎与后续所有病例菌株之间存在进化关联;而致病克隆簇 B 绝大多数源自病例株,与源自上海、广西地区海产品、陆龟、蜥蜴等爬行动物分离株有 100% 的同源性,提示上述地区的海产品和爬行动物中存在波摩那沙门菌致病分子型。由于来自低龄组病例菌株致病克隆带型(B-II)有别于其他年龄组病例(B-I),且鉴于低龄组病例严重的临床症状和出现的多重耐药菌型,有必要通过网络实验室对该族中 4 型和 5 型波摩那沙门菌预警通报,以防控潜在的疫情。

目前我国人群消费和行为模式上仍与发达国家存在较大差异,波摩那沙门菌感染源并不与美国报道的宠物龟分离株克隆同源,但爬行动物仍是波摩那沙门菌潜在的带菌媒介,并给沿海养殖业带来新的食源性污染风险。而城市化的进程打破人类和自然界生态物种间的安全距离和平衡,可能导致感染非常见病原菌,发生行为生态型传染病^[10]。

参 考 文 献

- [1] Woodward DL, Khakhria R, Johnson WM. Human Salmonellosis associated with exotic pets [J]. J Clin Microbiol, 1997, 35(11): 2786-2790.
- [2] Salna B, Monson T, Kurzynski T, et al. Salmonellosis associated with pet turtles-Wisconsin and Wyoming, 2004 [J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep, 2005, 54(9): 223-236.
- [3] de Jong B, Andersson Y, Ekdahl K. Effect of regulation and education on reptile-associated Salmonellosis [J]. Emerg Infect Dis, 2005, 11(3): 398-403.
- [4] Xu XB, Hu PY, Xi MF, et al. Isolation of one *Salmonella enterica* serovar Pomona strain in Shanghai [J]. Chin J Lab Med, 2002, 25(6): 366. (in Chinese)
许学斌, 胡培玉, 席曼芳, 等. 检出一株沙门菌波摩那血清型 [J]. 中华检验医学杂志, 2002, 25(6): 366.
- [5] Department of Health and Human Services, CDC. Antibiotic resistance threats in the United States [M]. The National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, 2013: 7.
- [6] Simon LH, Dorothée H, Brahim B, et al. Highly drug-resistant *Salmonella enterica* serotype Kentucky ST198-X1: a microbiological study [J]. Lancet Infect Dis, 2013, 8(13): 672-679.
- [7] Mather AE, Reid SWJ, Maskell DJ, et al. Distinguishable epidemics of multidrug-resistant *Salmonella typhimurium* DT104 in different hosts [J]. Science, 2013, 341(9): 1514-1517.
- [8] Miller AS. Salmonellosis in Botswana. I. Incidence in cattle [J]. J Hyg, 1971, 69(3): 491-496.
- [9] CDC. Turtle-associated Salmonellosis in humans-United States, 2006-2007 [J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep, 2007, 56(26): 649-652.
- [10] Xu JG. Behavioral and ecological infectious diseases: from SARS to H7N9 avian influenza outbreak in China [J]. Chin J Epidemiol, 2013, 34(5): 417-418. (in Chinese)
徐建国. 从 SARS 到人感染 H7N9 禽流感——行为生态型传染病 [J]. 中华流行病学杂志, 2013, 34(5): 417-418.

(收稿日期: 2014-01-15)

(本文编辑: 张林东)