

江苏地区旺兹沃思沙门菌耐药和毒力基因及同源进化分析

李成超^{1,2}, 吴心悦^{1,2}, 王福众^{1,2}, 徐瑞阳^{1,2}, 徐正中^{1,2}, 郑成坤^{1,2},
焦新安^{1,2}, 陈祥^{1,2*}

1 扬州大学, 江苏省人兽共患病学重点实验室/江苏省动物重要疫病与人兽共患病防控协同创新中心,
江苏 扬州

2 扬州大学, 农业农村部农产品质量安全生物性危害因子(动物源)控制重点实验室, 江苏 扬州

李成超, 吴心悦, 王福众, 徐瑞阳, 徐正中, 郑成坤, 焦新安, 陈祥. 江苏地区旺兹沃思沙门菌耐药和毒力基因及同源进化分析[J]. 微生物学报, 2025, 65(9): 4224-4232.

LI Chengchao, WU Xinyue, WANG Fuzhong, XU Ruiyang, XU Zhengzhong, ZHENG Chengkun, JIAO Xin'an, CHEN Xiang. Antimicrobial resistance, virulence genes, and evolution of *Salmonella* Wandsworth isolates from Jiangsu[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(9): 4224-4232.

摘要:【目的】针对分离自江苏地区 4 个不同奶牛场的粪便和垫料样本中的旺兹沃思沙门菌进行耐药表型和基因组特征分析。【方法】采用玻片凝集法复核血清型, K-B 纸片扩散法检测耐药性; 利用全基因组测序(whole-genome sequencing, WGS)结合生物信息学分析多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)类型、耐药基因和毒力基因特征, 基于核心基因组单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNPs)数据构建系统发育树, 分析分离株间的同源性及其不同来源流行菌株间的进化关系。【结果】7 株分离株鉴定为旺兹沃思沙门菌, 药敏试验结果显示其对 14 种抗生素均敏感。MLST 均为 ST1498, 携带 1 个氨基糖苷类药物耐药基因 *aac(6)-Iaa* 和 8 类 106 个毒力基因。SNPs 分析表明, 有 6 株分离株的同源性较高, 其中 3 株分离株的 SNPs 差异为 0。【结论】本研究从江苏省奶牛场中分离出罕见的 ST1498 型旺兹沃思沙门菌, 该菌对测试的抗菌药物均未显示耐药性, 携带 1 种耐药基因和多种毒力基因。发现同一奶牛场存在旺兹沃思沙门菌的克隆传播现象, 提示应加强奶牛场中沙门菌的监测, 以减轻潜在的流行病学风险。

关键词: 旺兹沃思沙门菌; 全基因组测序; 耐药基因; 毒力基因

资助项目: 国家重点研发计划(2022YFC2604200); 江苏省农业科技自主创新资金[CX(21)1004]; 高等学校学科创新引智计划(D18007); 江苏高校优势学科建设工程项目(PAPD)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2022YFC2604200), the Jiangsu Agriculture Science and Technology Innovation Fund (CX(21)1004), the "111" Project (D18007), and the Priority Academic Program Development of Jiangsu Higher Education Institutions (PAPD).

*Corresponding author. E-mail: chenxiang@yzu.edu.cn

Received: 2025-02-26; Accepted: 2025-03-24; Published online: 2025-05-14

Antimicrobial resistance, virulence genes, and evolution of *Salmonella* Wandsworth isolates from Jiangsu

LI Chengchao^{1,2}, WU Xinyue^{1,2}, WANG Fuzhong^{1,2}, XU Ruiyang^{1,2}, XU Zhengzhong^{1,2}, ZHENG Chengkun^{1,2}, JIAO Xin'an^{1,2}, CHEN Xiang^{1,2*}

1 Jiangsu Key Lab of Zoonosis/Jiangsu Co-innovation Center for Prevention and Control of Important Animal Infectious Diseases and Zoonoses, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu, China

2 Key Lab of Prevention and Control of Biological Hazard Factors (Animal Origin) for Agrifood Safety and Quality of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu, China

Abstract: [Objective] To investigate the antimicrobial resistance phenotypes and genomic characteristics of *Salmonella* Wandsworth isolates from fecal and bedding samples across four dairy farms in Jiangsu. [Methods] Serotyping was reconfirmed by the slide agglutination method, and antimicrobial susceptibility was determined via the Kirby-Bauer disk diffusion assay. Whole-genome sequencing was performed, followed by bioinformatics analysis to characterize multilocus sequence typing (MLST) profiles, antimicrobial resistance genes, and virulence genes. A phylogenetic tree was built based on core genome single nucleotide polymorphisms (SNPs) to assess genetic homology among strains and elucidate population evolutionary relationships between prevalent strains from diverse sources. [Results] Seven *Salmonella* Wandsworth isolates were identified, all exhibiting susceptibility to 14 tested antimicrobials. The isolates were identified as ST1498 by MLST, harboring the aminoglycoside resistance gene *aac(6')-Iaa* and 106 virulence genes spanning eight functional categories. The analysis of SNPs revealed high genetic homogeneity, with six isolates clustering closely and three isolates showing a difference of zero in SNPs. [Conclusion] This study isolated a rare ST1498-type *Salmonella* Wandsworth from dairy farms in Jiangsu. The isolates demonstrate susceptibility to all tested antimicrobials while harboring a resistance gene and multiple virulence genes. These findings highlight the necessity of enhanced *Salmonella* surveillance in dairy farms to mitigate potential epidemiological risks.

Keywords: *Salmonella* Wandsworth; whole-genome sequencing; antimicrobial resistance genes; virulence genes

沙门菌是一种革兰氏阴性菌，作为常见的人畜共患病原菌，目前已鉴定出 2 600 多种血清型^[1]。根据考夫曼-怀特的血清型分型方案，旺兹沃思沙门菌属于 Q 血清群，是 A-F 群之外的罕见血清型，其“O”抗原为 O:39，“H”抗原包括 H1:b 和 H2:1,2。

20 世纪七八十年代，中国香港某医院曾因直肠体温计交叉污染导致旺兹沃思沙门菌传播，

引起儿科病房持续院感暴发^[2]。2007 年，美国 23 个州共报告了 69 例由旺兹沃思沙门菌和鼠伤寒沙门菌混合感染的暴发病例，其中有 56 例血流感染病例，除 3 例成人病例外，其余病例均为 3 岁以下婴幼儿^[3]。2005–2012 年上海市网络实验室的监测数据显示，在 6 358 株人源和非人源沙门菌中共检出 81 株旺兹沃思沙门菌(人源 30 株、非人源 51 株)，在罕见沙门菌中居首位，

主要分离自水产养殖产品，其中牛蛙和甲鱼是主要宿主^[4]。2022 年，中国香港一名 57 岁糖尿病患者感染旺兹沃思沙门菌后引发了腹膜炎^[5]。综上所述，旺兹沃思沙门菌对儿童和老人具有较强的致病性，其感染病例数由过去低水平呈现上升趋势，这一现象值得警惕^[4]。

本研究从江苏省奶牛场中检出旺兹沃思沙门菌，通过药敏试验和全基因组测序技术分析了该菌的耐药表型、耐药基因及毒力基因特征，并结合不同国家来源的旺兹沃思沙门菌基因组构建系统发育树以解析其分子进化关系，以期为进一步揭示该菌的传播规律及制定防控策略提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

2021–2024 年在江苏省和山东省 30 个奶牛场采集不同样本分离沙门菌，其中江苏部分地区的 4 个奶牛场中分离鉴定出旺兹沃思沙门菌，原始数据储存在国家微生物科学数据中心(<https://nmcdc.cn>)，编号为 NMDC10019771，菌株基本信息见表 1。

1.2 主要试剂

Mueller Hinton Agar, Becton Dickinson 公司；XLT4 琼脂、LB 肉汤，青岛海博生物技术有限公司；细菌基因组 DNA 提取试剂盒，天根生化科技(北京)有限公司；沙门氏菌属诊断血清，宁波天润生物药业有限公司；30 种抗生素药敏纸片，常德比克曼生物科技有限公司。

1.3 菌株复苏与鉴定

保存菌株接种于 XLT4 琼脂平板上，37 °C 培养 24 h，挑取黑色单菌落接种于 LB 琼脂平板上，37 °C 培养 24 h，使用沙门氏菌诊断血清进行沙门菌特异性血清凝集，参照 White-Kauffmann-Le Minor 抗原表进行血清型鉴定。

1.4 药敏试验

参照美国临床和实验室标准协会(clinical and laboratory standards institute, CLSI)药敏标准，采用 K-B 纸片扩散法对分离株进行药敏试验。选取亚胺培南、头孢曲松、头孢哌酮、庆大霉素、阿米卡星、链霉素、卡那霉素、四环素、米诺环素、氨苄西林、环丙沙星、左氟氧沙星、诺氟沙星、氯霉素 14 种抗菌药物的药敏纸片。取 0.5 麦氏单位菌液 100 μL，均匀涂布于 MH 琼脂平板上，贴上药敏片，37 °C 恒温培养 18–24 h，以大肠杆菌 ATCC 25922 作为质控菌株。

1.5 全基因组测序

沙门菌的基因组 DNA 测序委托安诺优达基因科技(北京)股份有限公司完成，在 Illumina NovaSeq 6000 平台上进行测序，移除低质量序列后，获得测序数据(clean data)，使用 Unicycler v0.4.7 进行基因组拼接和 QUAST v5.0.2 检查每个拼接序列的质量。

1.6 全基因组序列分析

使用 SeqSero2 在线分析平台(<http://www.denglab.info/SeqSero2>)进行血清型预测。使用 PubMLST 数据库(<https://pubmlst.org/databases/>)

表1 七株旺兹沃思沙门菌菌株的基本信息

Table 1 Basic information of seven *Salmonella* Wandsworth strains

Strain ID	Accession ID	Strain source	Sample type	Isolation date
SW2889	NMDC40079548	Dairy farm A	Cow bedding	2023-08-09
SW2891	NMDC40079549	Dairy farm B	Cow bedding	2023-09-09
SW2896	NMDC40079550	Dairy farm C	Cow bedding	2023-10-16
SW3059	NMDC40079551	Dairy farm D	Calf feces	2024-07-14
SW3061	NMDC40079552	Dairy farm D	Calf feces	2024-07-14
SW3063	NMDC40079553	Dairy farm D	Adult cattle feces	2024-07-14
SW3065	NMDC40079554	Dairy farm D	Adult cattle feces	2024-07-14

对比获得 ST 型。使用 Abricate 的 Resfinder、VFDB 数据库分析基因组耐药基因、毒力基因携带情况。使用 Snippy v4.6.0 软件对 7 株旺兹沃思沙门菌和 EnteroBase 数据库(<https://enterobase.warwick.ac.uk/>)中收集的 55 株旺兹沃思沙门菌的基因组序列, 与参考菌株 SA20092095 (NCBI: SAMN04160802/NZ_CP019417)进行全基因组单核苷酸多态性分析, 通过最大似然法(maximum likelihood, ML)构建构建系统发育树, 使用 Chiplot^[6] (<https://www.chiplot.online/tvbot.html>)进行发育树的可视化分析。

2 结果与分析

2.1 血清型和多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)

根据沙门菌 O 抗原和 H 抗原凝集结果, 分离株抗原型均为 39:b:1,2。基于全基因组数据, SeqSero2 血清分型预测结果均为旺兹沃思沙门菌(39:b:1,2), 与血清学鉴定结果一致。7 株旺兹沃思沙门菌的 MLST 均为 ST1498。

表2 旺兹沃思沙门菌毒力基因分类

Table 2 Classification of virulence factors of *Salmonella* Wandsworth

Type	<i>Salmonella</i> Wandsworth (NMDC40079548)
Number of virulence genes	106
Adherence	<i>csgA</i> , <i>csgB</i> , <i>csgC</i> , <i>csgD</i> , <i>csgE</i> , <i>csgF</i> , <i>csgG</i> , <i>fimC</i> , <i>fimD</i> , <i>fimF</i> , <i>fimH</i> , <i>fimI</i> , <i>lpfA</i> , <i>lpfB</i> , <i>lpfC</i> , <i>lpfD</i> , <i>lpfE</i> , <i>steA</i> , <i>steB</i> , <i>steC</i> , <i>misL</i> , <i>ratB</i> , <i>shdA</i> , <i>sinH</i>
Mg ²⁺ transport	<i>mgtB</i> , <i>mgtC</i>
Fe ²⁺ transport	<i>entA</i> , <i>entB</i>
Antimicrobial activity	<i>mig-14</i>
Effector delivery system	<i>invA</i> , <i>invB</i> , <i>invC</i> , <i>invE</i> , <i>invF</i> , <i>invG</i> , <i>invH</i> , <i>invI</i> , <i>invJ</i> , <i>orgA</i> , <i>orgB</i> , <i>orgC</i> , <i>prgH</i> , <i>prgI</i> , <i>prgJ</i> , <i>prgK</i> , <i>sicA</i> , <i>sicP</i> , <i>sipA</i> , <i>sipB</i> , <i>sipC</i> , <i>sipD</i> , <i>spaO</i> , <i>spaP</i> , <i>spaQ</i> , <i>spaR</i> , <i>spaS</i> , <i>slrP</i> , <i>avrA</i> , <i>ssaC</i> , <i>ssaD</i> , <i>ssaE</i> , <i>ssaG</i> , <i>ssaH</i> , <i>ssaI</i> , <i>ssaJ</i> , <i>ssaK</i> , <i>ssaL</i> , <i>ssaM</i> , <i>ssaN</i> , <i>ssaO</i> , <i>ssaP</i> , <i>ssaQ</i> , <i>ssaR</i> , <i>ssaS</i> , <i>ssaT</i> , <i>ssaU</i> , <i>ssaV</i> , <i>sscA</i> , <i>sscB</i> , <i>sseA</i> , <i>sseB</i> , <i>sseC</i> , <i>sseD</i> , <i>sseE</i> , <i>sseF</i> , <i>sseG</i> , <i>sseJ</i> , <i>sseK1</i> , <i>sseK2</i> , <i>sseL</i> , <i>sopA</i> , <i>sopB</i> , <i>sopD</i> , <i>sopD2</i> , <i>sopE2</i> , <i>sptP</i> , <i>pipB</i> , <i>pipB2</i> , <i>sifA</i> , <i>sifB</i> , <i>spiC</i> , <i>sspH2</i> , <i>gogB</i>
Outer membrane protein OmpA (<i>Acinetobacter</i>)	<i>ompA</i>
Ferrienterobactin ABC transporter ATPase (<i>Escherichia</i>)	<i>fepC</i>
Iron-enterobactin ABC transporter permease (<i>Dickeya</i>)	<i>fepG</i>

2.2 药敏试验

对 7 株旺兹沃思沙门菌的药敏检测结果表明, 所有菌株对测试的 14 种抗生素均表现敏感。

2.3 耐药基因分析

七株菌均仅携带 1 种氨基糖苷类抗生素抗性基因 *aac(6')-Iaa*, 但 *aac(6')-Iaa* 是沙门菌中的隐性基因, 不能赋予沙门菌氨基糖苷类抗生素耐药性^[7]。

2.4 毒力基因分析

VFDB 数据库分类结果显示, 7 株旺兹沃思沙门菌共携带 8 类毒力基因, 各菌株携带毒力基因数量在 104–106 种。与分离株 NMDC40079548 相比, 其他 6 株菌均不携带与效应转移系统相关的毒力基因 *sspH2*。此外, 分离株 NMDC40079550 和 NMDC40079554 不携带毒力基因 *shdA*, 其他毒力基因的携带情况一致, 见表 2。

2.5 不同来源的旺兹沃思沙门菌系统发育分析

截至 2024 年 12 月, EnteroBase 数据库共收

录了 74 株旺兹沃思沙门菌全基因组序列, 其 MLST 均为 ST1498。本研究获取了 55 株具有完整背景信息的 ST1498 型旺兹沃思沙门菌, 并基于全基因组测序数据对本研究分离的 7 株旺兹沃思沙门菌进行了系统发育分析。结果显示, 分离株 NMDC40079548 与荷兰 2008 年来自食物的分离株 SAMEA7112740 相近, 而其他分离株 NMDC40079549、NMDC40079550、NMDC40079551、NMDC40079552、NMDC40079553 和 NMDC40079554 在系统发育树中形成独立进化分支。奶牛场 D 的分离株 NMDC40079551、NMDC40079552、NMDC40079553 间 SNPs 差异为 0, 与同场的分离株 NMDC40079554 间 SNPs 差异数为 87 个, 不同奶牛场的分离株间 SNPs 差异数 ≥ 25 个, 见图 1。

旺兹沃思沙门菌的基因组序列来源广泛, 涵盖美国、澳大利亚、英国、德国、中国台湾省、东南亚等, 表明其具有广泛的地理分布特征。从宿主分布来看, 分离源呈现高度多样性, 包括人源、虾、贝壳、鱼、青蛙、蔬菜零食等多种宿主。值得注意的是, 旺兹沃思沙门菌的主要宿主为水生动物, 尤其是青蛙、虾和鱼类等(表 3)。

3 讨论与结论

牛沙门菌病临床上主要表现为水样或血性腹泻, 多伴随发热、精神沉郁及食欲不振等症状。牛群中流行的沙门菌血清型主要为都柏林、纽波特、鼠伤寒、肯塔基^[8-9]。然而, 关于旺兹沃思沙门菌感染的报道相对较少, 其耐药表型和分子流行特征信息也较为有限。

研究表明泰国的蛇类养殖场中检出了旺兹沃思沙门菌, 可在人、蛇及青蛙之间形成循环传播^[10]。泰国东北部的一项研究显示, 青蛙是沙门菌的重要宿主, 且旺兹沃思沙门菌是优势血清型^[11]。中国香港的一项调查研究表明, 菜市场食用蛙样本中旺兹沃思沙门菌的检出率高达 16.0%, 提示蛙类是该菌的重要宿主^[12]。中国

上海市 2006–2011 年水产品中沙门菌的研究数据显示, 旺兹沃思沙门菌的占比为 12.0%, 表明该菌是水产品中重要的食源性致病菌^[13]。基于文献查询结果^[14-22], 旺兹沃思沙门菌分布于我国多个省份, 其中华东地区和华南地区检出量高于其他地区; 福建、湖南和陕西等地也有零星检出, 表明该菌在局部环境中长期存在; 1975 年(福建省)至 2022 年(广西壮族自治区), 在我国持续检出该菌, 且呈现上升趋势, 这可能与沙门菌检测技术的提升或实际污染的加剧有关。

综上所述, 旺兹沃思沙门菌的主要宿主是两栖类及水产动物。本研究从江苏省 4 个奶牛场的奶牛粪便和牛床垫料样本中检出该菌, 初步推断其可在奶牛-养殖环境之间形成循环传播。这一结果表明, 旺兹沃思沙门菌的宿主范围已扩展至奶牛, 提示其具有更广泛的宿主适应性。综合分析奶牛场的地理分布和采样时间, 4 个奶牛场均位于城郊过渡带, 周边毗邻灌溉农田与自然水系, 旺兹沃思沙门菌阳性样本集中于 7–10 月, 该时段恰逢江苏省夏秋高温多雨季节, 蛇类、青蛙等野生动物活动频繁, 提示奶牛场周边的两栖及爬行类野生动物^[23-24]的季节性活动可能是旺兹沃思沙门菌在奶牛场传播的关键驱动因素。

常规血清学分型由于主观判断和血清质量的局限性会影响血清凝集结果的准确性, 导致少数沙门菌血清型难以正确鉴定。Zhang 等^[25]建立了 SeqSero2.0 数据库平台, 无须对原始数据进行基因组组装, 通过上传原始测序数据即可快速准确地预测沙门菌血清型。本研究分离的 7 株旺兹沃思沙门菌均仅携带 *aac(6)-Iaa* 一种耐药基因, 对检测的 14 种抗菌药物敏感, 分离株的耐药基因型和表型结果一致。值得注意的是, 尽管当前菌株未表现出耐药性, 但已有研究报道过多重耐药旺兹沃思沙门菌的流行^[2,4]。沙门菌感染宿主并导致疾病通常需要通过黏附宿主细胞、分泌和转运毒素, 以及具备在巨噬细胞



表3 菌株序列的基本信息

Table 3 Basic information of strain sequences

Region	Date	Isolation source (number of strains)
美国 USA	2007	Veggie snack (17)
	2010	Human (1), fish (1)
	2013	Human (1)
	2015	Human (1), shrimp (2)
	2023	Human (1)
英国 United Kingdom	2015	Human (2)
	2017	Human (1)
	2019	Human (1)
奥地利 Austria	1999	Wild animal (1)
荷兰 Netherlands	2008	Food (1)
爱尔兰 Ireland	2007	Human (1)
加拿大 Canada	2009	Shrimp (1)
德国 Germany	2021	Crickets (1)
澳大利亚 Australia	2024	Human (8)
越南 Vietnam	2001	Ark shell (1)
	2006	Shrimp (1)
	2007	Fish (1)
	2008	Frog (1)
	2009	Fish (2)
泰国 Thailand	2010	Fish (1)
	2001	Tree lizard (1)
	2004	Frog (1)
缅甸 Myanmar	2005	Frog (1)
	2002	Shrimp (1)
柬埔寨 Cambodia	2016	Food (1)
中国台湾 Taiwan Province (China)	2004	Human (2)
合计 Total		55

中生长和存活的能力。本研究分离的 7 株旺兹沃思沙门菌均携带这些关键毒力基因，表明这些分离株具有完整的致病潜能。因此，有必要加强对罕见沙门菌血清型的监测和研究。

系统发育分析表明，分离株 NMDC40079549、NMDC40079550、NMDC40079551、NMDC40079552、NMDC40079553 和 NMDC40079554 在系统发育树中聚类，同源性较高。SNPs 分析显示，奶牛场 D 的分离株 NMDC40079551、NMDC40079552、NMDC40079553 间 SNPs 差

异为 0，提示存在克隆传播现象。相比之下，上述 3 株菌株与同场的分离株 NMDC40079554 间 SNPs 差异为 87 个，可能来源于不同的传播链或独立进化事件。此外，不同奶牛场中的分离株具有较高的遗传相似性(SNPs 差异为 25–112 个)，也可能存在跨区域传播的现象。

综上所述，本研究揭示了江苏部分地区奶牛场中旺兹沃思沙门菌的流行，初步推断其可在奶牛-养殖环境之间形成循环传播。阳性样本集中于夏秋高温多雨季节，可能与奶牛场周边

环境以及野生动物的季节性活动相关。未来研究可进一步拓展采样范围至奶牛场周边水系以及野生动物等, 为沙门菌在奶牛场中的传播机制提供更全面的数据支撑。

作者贡献声明

李成超: 设计并执行实验、分析数据和撰写文章; 吴心悦: 执行调研和数据收集; 王福众: 数据分析和修改文章; 徐瑞阳: 修改文章; 徐正中: 指导实验设计和审阅文章; 郑成坤: 结果验证和审阅文章; 焦新安: 关键性修订和技术指导; 陈祥: 指导实验设计、关键性修订和技术指导。

作者利益冲突公开声明

不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] ISSENHUTH-JEANJEAN S, ROGENTIN P, MIKOLEIT M, GUIBOURDENCHE M, de PINNA E, NAIR S, FIELDS PI, WEILL FX. Supplement 2008 – 2010 (no. 48) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme[J]. Research in Microbiology, 2014, 165(7): 526-530.
- [2] LING J, CHAU PY, ROWE B. *Salmonella* serotypes and incidence of multiply-resistant *Salmonellae* isolated from diarrhoeal patients in Hong Kong from 1973 – 1982[J]. Epidemiology and Infection, 1987, 99(2): 295-306.
- [3] SOTIR MJ, EWALD G, KIMURA AC, HIGA JI, SHETH A, TROPPI S, MEYER S, MICHAEL HOEKSTRA R, AUSTIN J, ARCHER J, SPAYNE M, DALY ER, GRIFFIN PM, TEAM SWOI. Outbreak of *Salmonella* Wandsworth and Typhimurium infections in infants and toddlers traced to a commercial vegetable-coated snack food[J]. The Pediatric Infectious Disease Journal, 2009, 28(12): 1041-1046.
- [4] 黄峥, 刘芸, 汤泓, 李颖, 石维敏, 张静, 李勇, 林征, 张岭, 金汇明, 王传清, 阚颀, 史贤明, 许学斌. 旺兹沃思沙门菌耐药分子流行病学特征研究[J]. 疾病监测, 2015, 30(1): 50-57.
HUANG Z, LIU Y, TANG H, LI Y, SHI WM, ZHANG J, LI Y, LIN Z, ZHANG L, JIN HM, WANG CQ, KAN B, SHI XM, XU XB. Study on molecular epidemiology and antibiotic resistance of *Salmonella* Wandsworth[J]. Disease Surveillance, 2015, 30(1): 50-57 (in Chinese).
- [5] PAK WLW, CHAN KL, CHAN Z, LAW WP, WONG YH, LAM CK, WONG SHS. *Salmonella* Wandsworth peritoneal dialysis-related peritonitis following persistent infection: a case report with a review of literature[J]. Nephrology, 2022, 27(5): 468-470.
- [6] XIE JM, CHEN YR, CAI GJ, CAI RL, HU Z, WANG H. Tree Visualization By One Table (tvBOT): a web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees[J]. Nucleic Acids Research, 2023, 51(W1): W587-W592.
- [7] MAGNET S, COURVALIN P, LAMBERT T. Activation of the cryptic *aac(6')*-Iy aminoglycoside resistance gene of *Salmonella* by a chromosomal deletion generating a transcriptional fusion[J]. Journal of Bacteriology, 1999, 181(21): 6650-6655.
- [8] RODRIGUEZ-RIVERA LD, WRIGHT EM, SILER JD, ELTON M, CUMMINGS KJ, WARNICK LD, WIEDMANN M. Subtype analysis of *Salmonella* isolated from subclinically infected dairy cattle and dairy farm environments reveals the presence of both human- and bovine-associated subtypes[J]. Veterinary Microbiology, 2014, 170(3/4): 307-316.
- [9] RODRIGUEZ-RIVERA LD, CUMMINGS KJ, LONERAGAN GH, RANKIN SC, HANSON DL, LEONE WM, EDRINGTON TS. *Salmonella* prevalence and antimicrobial susceptibility among dairy farm environmental samples collected in Texas[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2016, 13(4): 205-211.
- [10] PRAPASARAKUL N, PULSRIKARN C, VASARUCHAPONG T, LEKCHAROEN P, CHANCHAITHONG P, LUGSOMYA K, KESCHUMRAS N, THANOMSUKSINCHAI N, TANCHIANGSAI K, TUMMARUK P. *Salmonella* serovar distribution in cobras (*Naja kaouthia*), snake-food species, and farm workers at Queen Saovabha Snake Park, Thailand[J]. Journal of Veterinary Diagnostic Investigation, 2012, 24(2): 288-294.
- [11] RIBAS A, POONLAPHDECHA S. Wild-Caught and Farm-Reared amphibians are important reservoirs of *Salmonella*, a study in North-East Thailand[J]. Zoonoses and Public Health, 2017, 64(2): 106-110.
- [12] BOSS S, STEPHAN R, HORLBOG JA, MAGOURAS I, COLON VA, LUGSOMYA K, STEVENS MJA, NÜESCH-INDERBINEN M. Serotypes, antimicrobial resistance profiles, and virulence factors of *Salmonella* isolates in Chinese Edible Frogs (*Hoplobatrachus rugulosus*) collected from wet markets in Hong Kong[J]. Foods, 2023, 12(11): 2245.
- [13] ZHANG JM, YANG XW, KUANG D, SHI XM, XIAO WJ, ZHANG J, GU Z, XU XB, MENG JH. Prevalence of antimicrobial resistance of non-typhoidal *Salmonella* serovars in retail aquaculture products[J]. International Journal of Food Microbiology, 2015, 210: 47-52.
- [14] 谢一俊, 郑国樾, 陈建辉, 李海丹, 罗朝晨, 陈亢川. 福建省 1975–2003 年沙门菌监测结果分析[J]. 海峡预防医学杂志, 2004, 10(6): 7-10.
XIE YJ, ZHENG GK, CHEN JH, LI HD, LUO CC, CHEN KC. Surveillance and analysis on *Salmonella* in Fujian (1975 – 2003) [J]. Strait Journal of Preventive Medicine, 2004, 10(6): 7-10 (in Chinese).
- [15] 张芳, 马国柱, 潘立, 刘长宏, 王安礼, 李雪梅, 连西兰, 石一. 陕西省 2002–2006 年食源性致病菌污染状况[J].

- 中国公共卫生, 2008, 24(2): 222-224.
- ZHANG F, MA GZ, PAN L, LIU CH, WANG AL, LI XM, LIAN XL, SHI Y. Surveillance and analysis for food-borne pathogens in retailed foods in Shaanxi Province, 2002–2006[J]. *Chinese Journal of Public Health*, 2008, 24(2): 222-224 (in Chinese).
- [16] 张广伟, 李艳芬, 许贝贝, 杨芳, 张秀丽, 张丁. 2013年河南省腹泻人群志贺菌、沙门菌血清型分布[J]. *中国卫生检验杂志*, 2015, 25(8): 1259-1261.
- ZHANG GW, LI YF, XU BB, YANG F, ZHANG XL, ZHANG D. The serotypes distribution of *Salmonellae* and *Shigellae* from diarrheic patients in 2013 in Henan Province[J]. *Chinese Journal of Health Laboratory Technology*, 2015, 25(8): 1259-1261 (in Chinese).
- [17] 黄邵军, 罗学辉, 诸佳辉. 2018–2019年浙江省余姚市水环境中沙门菌多样性及耐药性分析[J]. *疾病监测*, 2020, 35(10): 946-952.
- HUANG SJ, LUO XH, ZHU JH. Diversity and drug resistance of *Salmonella* in river environment of Yuyao, Zhejiang, 2018–2019[J]. *Disease Surveillance*, 2020, 35(10): 946-952 (in Chinese).
- [18] 吴炎农, 周昶宇, 莫宗鑫, 凌誌穗, 温渝健, 夏樱花, 张耀平, 谢丽莉, 罗铭. 2022年广西壮族自治区玉林市食品及公共场所从业人员沙门菌携带状况及耐药分析[J]. *疾病监测*, 2023, 38(9): 1101-1107.
- WU YN, ZHOU CY, MO ZX, LING ZS, WEN YJ, XIA YH, ZHANG YP, XIE LL, LUO M. Carriage and drug resistance of *Salmonella* in employees engaged in food and public place services in Yulin, Guangxi Zhuang Autonomous Region, 2022[J]. *Disease Surveillance*, 2023, 38(9): 1101-1107 (in Chinese).
- [19] 郑美惠, 赖天兵, 贾华云, 让蔚清, 梁进军, 段宏波, 吴诗蓝. 湖南省2017–2021年食源性疾病主动监测病原学及流行特征分析[J]. *现代预防医学*, 2023, 50(7): 1327-1332.
- ZHENG MH, LAI TB, JIA HY, RANG WQ, LIANG JJ, DUAN HB, WU SL. Analysis of the etiology and epidemiological characteristics of active surveillance of foodborne diseases in Hunan Province, 2017–2021[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2023, 50(7): 1327-1332 (in Chinese).
- [20] 张金飞, 郑卫江, 姚文. 深圳地区动物肉源沙门菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. *畜牧与兽医*, 2019, 51(1): 49-55.
- ZHANG JF, ZHENG WJ, YAO W. Isolation, identification and resistance of *Salmonella* spp. isolated from animal meat[J]. *Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2019, 51(1): 49-55 (in Chinese).
- [21] 张冬然, 黄少平, 李爱军, 赵霞, 周彦明, 张萌萌. 2014–2018年北京市房山区腹泻监测病例沙门菌监测结果[J]. *职业与健康*, 2020, 36(6): 749-751.
- ZHANG DR, HUANG SP, LI AJ, ZHAO X, ZHOU YM, ZHANG MM. Monitoring results of *Salmonella* in diarrhea monitoring cases in Fangshan District of Beijing City from 2014–2018[J]. *Occupation and Health*, 2020, 36(6): 749-751 (in Chinese).
- [22] 高红梅, 吴丽珠, 马英. 2014–2018年上海市青浦区食源性疾病病原学监测分析[J]. *职业与健康*, 2020, 36(5): 608-612, 617.
- GAO HM, WU LZ, MA Y. Pathogen monitoring and analysis of foodborne disease in Qingpu District of Shanghai from 2014–2018[J]. *Occupation and Health*, 2020, 36(5): 608-612, 617 (in Chinese).
- [23] ZHENG DM, BONDE M, SØRENSEN JT. Associations between the proportion of *Salmonella* seropositive slaughter pigs and the presence of herd level risk factors for introduction and transmission of *Salmonella* in 34 Danish organic, outdoor (non-organic) and indoor finishing-pig farms[J]. *Livestock Science*, 2007, 106(2/3): 189-199.
- [24] YAMAGUCHI E, FUJII K, KAYANO M, SAKURAI Y, NAKATANI A, SASAKI M, HERTL JA, GROHN YT. Is *Salmonella enterica* shared between wildlife and cattle in cattle farming areas? an 11-year retrospective study in Tokachi district, Hokkaido, Japan[J]. *Veterinary Medicine and Science*, 2022, 8(2): 758-770.
- [25] ZHANG SK, den BAKKER HC, LI ST, CHEN J, DINSMORE BA, LANE C, LAUER AC, FIELDS PI, DENG XY. SeqSero2: rapid and improved *Salmonella* serotype determination using whole-genome sequencing data[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, 85(23): e01746-19.