

# 山西省 2015—2016 年食源性疾病主动监测的病原学特征分析

郝瑞娥, 姚素霞, 张秋香, 杨红霞, 王 洋, 韩吉婷

**摘要:**目的 了解山西省食源性疾病主动监测中沙门菌、志贺菌、副溶血性弧菌、致泻性大肠埃希菌(包括粘附性大肠埃希菌 EAEC、致病性大肠埃希菌 EPEC、侵袭性大肠埃希菌 EIEC、产毒性大肠埃希菌 ETEC)的病原谱、耐药情况及分子分型。**方法** 对 2015—2016 年山西省食源性疾病主动监测病例中分离到的沙门菌、志贺菌、副溶血性弧菌、致泻性大肠埃希菌进行血清学分型、药物敏感性试验以及 PFGE 分型。**结果** 2015—2016 年共采集腹泻病人标本 2 505 例,检出目标菌数 157 例,检出率为 6.27%,其中致泻性大肠埃希菌 82 例(3.27%)、沙门菌 51 例(2.04%)、志贺菌 14 例(0.56%)、副溶血性弧菌 10 例(0.40%)。致泻性大肠埃希菌中,分离率最高的是 EPEC。在对 15 种常见抗生素药敏实验中,致泻性大肠埃希菌对亚胺培南全部敏感(100%),对头孢他啶和甲氧苄啶\磺胺甲恶唑敏感率大于 90%。沙门菌以肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌 2 个血清型为主,沙门菌对亚胺培南全部敏感(100%),对头孢西丁和头孢他啶敏感率大于 90%。副溶血性弧菌毒力基因全部为 *tdh* 阳性。**结论** 山西省 2015—2016 年食源性疾病主动监测中,检出率最高的是致泻性大肠埃希菌,其次为沙门菌、志贺菌、副溶血性弧菌。

**关键词:**食源性疾病;主动监测;病原学;药敏;分子分型

中图分类号:R378.2

文献标识码:A

文章编号:1002-2694(2019)09-0852-05

## Active etiological surveillance for foodborne diseases in Shanxi Province, 2015—2016

HAO Rui-e, YAO Su-xia, ZHANG Qiu-xiang, YANG Hong-xia, WANG Yang, HAN Ji-ting

(Shanxi Center for Disease Control and Prevention, Taiyuan 030012, China)

**Abstract:** To analyze the pathogenic types, drug resistance and molecular characteristics of *Escherichia coli* (including *Enteropathogenic E. coli* EAEC, *Pathogenic E. coli* EPEC, *Enteroinvasive E. coli* EIEC, *Enterotoxigenic E. coli* ETEC), *Salmonella*, *Shigella* and *Vibrio parahaemolyticus* isolated from surveillance once of food borne disease cases in Shanxi Province. The strains of *Salmonella*, *Shigella*, *Vibrio parahaemolyticus* and 4 kinds of *E. coli* isolated from food-borne diseases surveillance during 2015—2016 were collected to conduct serotyping, drug resistance test and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). A total of 157 stains of pathogens were isolated from 2505 diarrhea patients during 2015—2016, the overall positive rate was 6.27%, including 82 strains of *E. coli* (3.27%), 51 strains of *Salmonella* spp (2.04%), 14 strains of *Shigella* (0.56%) and 10 strains of *Vibrio parahaemolyticus* (0.40%). The most prevalent *E. coli* strains were EPEC. In the study of 15 common antibiotic drugs, all *E. coli* strains were sensitive to IPM (100.0%), The sensitivity rates of CFX and TMP/SMZ were greater than 90%. The dominant serotypes were *Salmonella* typhimurium and *Salmonella* enteritidis. All *Salmonella* strains were sensitive to IPM (100.0%), The sensitivity rates of CFX and CAZ were greater than 90%. All 10 *parahaemolyticus* isolates were *tdh* positive. In the active etiological surveillance for foodborne disesses in Shanxi during 2015—2016, the detection rate of *E. coli* was highest, then *Salmonella* and *Shigella*, the detection rate of *Vibrio parahaemolyticus* was lowest.

**Keywords:** foodborne diseases; active surveillance; pathogenic bacteria; antibiotic susceptibility; molecular typing

食源性疾病主动监测是食品安全风险监测工作的重要内容,山西省自 2012 年开始在全省哨点医院开展食源性疾病主动监测,监测的病原体包括沙门菌、志贺菌、副溶血性弧菌、肠致泻性大肠埃希菌(包

括肠致病性大肠埃希菌EPEC、肠侵袭性大肠埃希菌EIEC、肠集聚性黏附大肠埃希菌EAEC、肠产毒性大肠埃希菌ETEC),现将山西省2015—2016年食源性疾病主动监测病原学特征、血清型分布、耐药性和分子分型进行分析。

## 1 材料与方法

**1.1 材料** 采集由食品或怀疑由食品引起的腹泻标本,每日排便3次或3次以上,且粪便性状异常(稀便、水样便、粘液便、脓血便等),取病人新鲜粪便>5 g/mL,于清洁、干燥、无吸水性的无菌容器中,然后用棉拭子转入Cary-Blair运送培养基中,在冷藏条件下24 h内送至太原市级疾病预防控制中心进行检测,检测完成后于每月的第1和第3周将分离的菌株集中送到山西省级疾病预防控制中心。山西省级疾病预防控制中心负责食源性致病菌分离株的复核、血清学分型、耐药性试验和分子分型。

**1.2 仪器与试剂** 药敏连续加样仪(美国Thermog公司);CHEF-DR III system脉冲场凝胶电泳仪(美国Bio-Rad公司);Gel Dol XR凝胶成像系统(美国Bio-Rad公司)。科玛嘉沙门菌显色培养基(批号:P000653);SS培养基(批号:150415);TCBS琼脂(150729);食源性革兰阴性菌板(批号:B5534);限制性内切酶Xba I(批号:0421602);蛋白酶k(批号:10744100),所用试剂均在有效期内使用。

## 1.3 方法

**1.3.1 病原菌的分离与鉴定** 将上述的菌株按照《食源性疾病监测工作手册》要求的方法进行生化、血清学鉴定。

**1.3.2 药敏实验** 采用微量肉汤稀释法对鉴定的菌株进行MIC值测定,药物有氨苄西林、氨苄西林\舒巴坦、四环素、红霉素、氯霉素、头孢唑林、环丙沙星、甲氧苄啶\磺胺甲恶唑、头孢他啶、亚胺培南、萘啶酸、头孢西丁、头孢噻肟、庆大霉素、阿奇霉素。按产品说明书进行操作,结果根据美国临床和实验室标准化协会(CLSI2013)标准进行判断。

**1.3.3 分子分型** 按照国家食源性疾病分子溯源网络(TraNet)中沙门菌脉冲场凝胶电泳(PFGE)标准分型方法进行操作,PFGE图像应用BioNumerics 6.6软件进行分析。

**1.4 质量控制** 药敏实验以大肠埃希菌ATCC25922、ATCC35218作为质控菌株,沙门菌PFGE分型采用沙门菌标准菌株H9812。

## 2 结果

**2.1 致病菌的检出情况** 2015—2016年共采集腹泻样本2505份,检出致泻性大肠埃希菌、沙门菌、志贺菌,副溶血性弧菌共157株,其中致泻大肠埃希菌82株,沙门菌51株,志贺菌14株,副溶血性弧菌10株(见表1)。

表1 2015—2016年山西省食源性疾病主动监测致病菌检出阳性数及阳性率

Tab.1 Positive number and positive rate of food-borne diseases detected by active monitoring of pathogenic bacteria in Shanxi, 2015—2016

年份	采样数	检出目标菌数	致泻性大肠埃希菌	沙门菌	志贺菌	副溶血性弧菌
2015	1 139	49(4.30%)	29(2.54%)	16(1.40%)	3(0.26%)	1(0.09%)
2016	1 366	108(7.91%)	53(3.88%)	35(2.57%)	11(0.81%)	9(0.66%)
合计	2 505	157(6.27%)	82(3.27%)	51(2.04%)	14(0.56%)	10(0.40%)

## 2.2 致病菌的病原分型

**2.2.1 致泻性大肠埃希菌分型** 共检出82株,其中EPEC 37株、EAEC 24株、ETEC19株、EIEC 2株。

**2.2.2 沙门菌血清分型** 2015—2016年共分离到沙门菌51株,主要为肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌,肠炎沙门菌18株,鼠伤寒沙门菌15株。肠炎沙门菌的血清型均为[9,12:g,m:-],鼠伤寒沙门菌中,其中12株为2相缺失的鼠伤寒沙门菌,其血清型为[4,5,12:i:-],是鼠伤寒沙门氏菌主要血清型。其

次为纽波特沙门菌4株,山夫登堡沙门菌和乙型副伤寒沙门菌各3株,德尔卑沙门菌和罗森沙门菌各2株,阿西纳沙门菌、温斯顿沙门菌、甲型付伤寒沙门菌、基伍沙门菌各1株。

**2.2.3 志贺菌血清分型** 共分离到志贺菌14株,其中宋内氏志贺菌9株,福氏志贺菌2a型4株,福氏志贺菌Xv型1株。

**2.2.4 副溶血性弧菌** 2015—2016年共分离到副溶血性弧菌10株,毒力基因全部为tdh阳性。

## 2.3 致病菌的耐药特征

2.3.1 致泻性大肠埃希菌 对亚胺培南 100% 敏感, 对甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、头孢他啶、头孢唑林、头孢西丁敏感率分别为 93.90%、93.90%、87.80%、85.37%。对红霉素的耐药率为 98.78% (见表 2)。

表 2 山西省 2015—2016 年致泻性大肠埃希菌药敏结果

Tab.2 Drug resistance of *Escherichia coli*  
in Shanxi, 2015—2016

药物名称	敏感率/%	中敏/%	耐药/%
氨苄西林	24(29.26)	0(0)	58(70.73)
氨苄西林/舒巴坦	34(41.46)	30(36.59)	18(21.95)
四环素	31(37.80)	1(1.16)	50(60.98)
红霉素	0(0)	1(1.16)	81(98.78)
氯霉素	32(39.02)	20(24.39)	30(36.59)
头孢唑啉	72(87.80)	0(0)	10(12.20)
环丙沙星	45(54.88)	0(0)	37(45.12)
甲氧苄啶/磺胺甲恶唑	77(93.90)	2(2.44)	3(3.66)
头孢他啶	77(93.90)	2(2.43)	3(3.66)
亚胺培南	82(100)	0(0)	0(0)
奈啶酸	48(58.54)	0(0)	34(41.46)
头孢西丁	70(85.37)	3(3.66)	10(12.20)
头孢噻肟	55(67.07)	0(0)	27(32.93)
庆大霉素	53(64.63)	0(0)	29(35.37)
阿奇霉素	47(57.32)	45(54.88)	31(37.80)

2.3.2 沙门菌 对亚胺培南、头孢西丁、头孢他啶、庆大霉素、头孢噻肟的敏感率分别为 100%、98.04%、94.19%、88.24%、86.27% (见表 3)。

2.3.3 志贺菌 对亚胺培南、头孢西丁、头孢他啶的敏感率分别为 100%、92.86%、85.71%。对甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、氨苄西林、红霉素耐药率均为 100%, 对庆大霉素的耐药率为 85.71%, 说明志贺菌多重耐药现象特别严重。

2.3.4 副溶血性弧菌 对环丙沙星、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、萘啶酸、庆大霉素、氨苄西林、舒巴坦、亚胺培南均为 100% 敏感, 对氯霉素、四环素、头孢西丁、头孢噻肟均为 90% 敏感。

2.4 沙门菌 PFGE 分型 山西省 2015—2016 年分离到的 51 株沙门菌用限制性内切酶 *Xba* I 酶切进行 PFGE 分子分型, 并对电泳结果进行图谱聚类分析, 结果 2015—2016 年沙门菌相似度在 56.3%~100% 之间, 根据菌株间相似性 100% 视为同一 PF-

GE 带型。51 株菌共产生 32 种条带。其中有 7 组 PFGE 带型是 100% 相似。其中有 1 次为鼠伤寒沙门菌 (ZD-16-004~ZD-16-006) 聚集性暴发, 通过聚类发现, 该事件来自同一菌株感染。18 株肠炎沙门菌有 2 组相同的 PFGE 带型 (见图 1)。

表 3 山西省 2015—2016 年沙门菌药敏结果

Tab.3 Antibiotic susceptibility of *Salmonella*  
in Shanxi, 2015—2016

药物名称	敏感率/%	中敏率/%	耐药率/%
氨苄西林	15(29.41)	0(0)	36(70.59)
氨苄西林/舒巴坦	16(31.37)	14(27.45)	21(41.18)
四环素	29(56.86)	1(1.96)	21(41.18)
红霉素	0(0)	1(1.16)	50(98.84)
氯霉素	42(82.56)	4(6.98)	5(10.47)
头孢唑啉	20(39.53)	12(24.42)	18(36.05)
环丙沙星	45(88.37)	0(0)	6(11.63)
甲氧苄啶/磺胺甲恶唑	28(54.65)	0(0)	23(45.35)
头孢他啶	48(94.19)	2(3.92)	3(5.88)
亚胺培南	51(100)	0(0)	0(0)
奈啶酸	22(43.14)	0(0)	29(56.86)
头孢西丁	50(98.04)	0(0)	1(1.96)
头孢噻肟	44(86.27)	0(0)	7(13.73)
庆大霉素	45(88.24)	0(0)	6(11.76)
阿奇霉素	44(86.27)	3(5.88)	(7.84)

## 3 讨 论

2015—2016 年山西省食源性疾病监测的 4 种病原体中, 致泻性大肠埃希菌的分离率最高, 沙门菌次之, 志贺菌和副溶血性弧菌分离率较低, 山西省属于内陆省份, 吃海鲜产品相对较少, 故副溶血性弧菌检出率较低。

沙门菌, 在自然界分布广泛, 血清型众多, 目前已知的血清型有 2 500 多种, 山西省 2015—2016 年食源性疾病监测中, 分离到的沙门菌共 10 个血清型, 说明山西省食源性疾病沙门菌感染存在多态性。其中肠炎沙门菌分离率第一, 其血清型为 [9, 12:g, m, -], 这与河南省监测报道一致<sup>[1]</sup>, 其次为鼠伤寒沙门菌, 其血清型为 [4, 5, 12:i, -], 是鼠伤寒沙门菌变种的单相沙门氏菌, 其 O 抗原和 H 抗原第一项与鼠伤寒沙门菌相同, 仅缺少 H 抗原第二相。目前肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌 2 相缺失型已成为山西省近几年沙门菌最主要的血清型<sup>[2]</sup>, 也是我国与

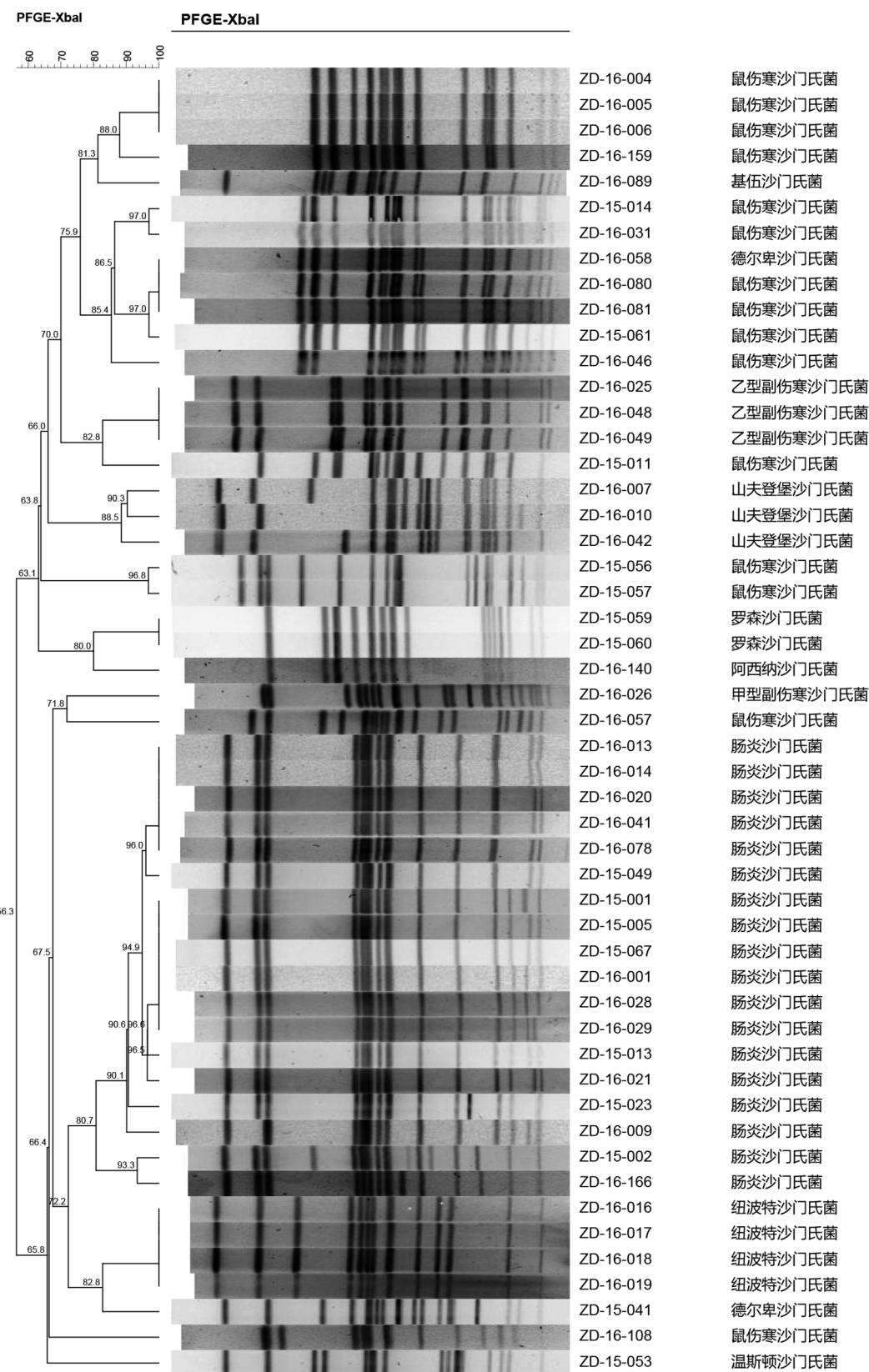


图 1 2015—2016 年沙门菌聚类分析图

Fig.2 PFGE patterns of the *Salmonella* in 2015–2016

许多国家人群感染沙门菌病最常见的血清型，这与国内文献报道一致<sup>[3-4]</sup>。

**沙门菌耐药:**近年来,由于抗生素的广泛使用甚至滥用,使沙门菌的耐药越来越严重。本研究中,沙

门菌对氨苄西林、奈啶酸、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、头孢唑啉、四环素、氨苄西林/舒巴坦的耐药率均在35%以上,沙门菌对亚胺培南100%敏感,这与广东省<sup>[5-6]</sup>、河南省<sup>[7]</sup>报道一致。从而提示我们今后要在药敏结果指导下合理应用抗生素,防止多重耐药株的流行及其变异。

副溶血性弧菌,毒力基因以tdh为主,与郑文龙等<sup>[8]</sup>、吕虹等<sup>[9]</sup>报道一致,临床分离株通常携带有毒力基因。药敏结果提示:副溶血性弧菌对多种抗生素敏感,与文献报道有一定的差异<sup>[10-11]</sup>,而山西省分离到的菌株对氨苄西林100%敏感。说明不同地区分离到的菌株对抗生素的耐药性有一定的差异,进一步提示我们各地应根据药敏结果准确用药。继续加强副溶血性弧菌的耐药性监测,减缓副溶血性弧菌耐药性的扩散和传播,具有重要的指导意义。随着人们生活水平的提高及饮食多样化,目前内陆城市居民膳食食用水产品越来越多,所以副溶血性弧菌引起的腹泻也应该引起重视,做好卫生宣教工作。

脉冲场凝胶电泳技术(PFGE)是基于限制性内切酶的分型方法,其原理通过改变脉冲电场的电流大小、方向和作用时间,有效分离DNA分子,各个菌株间通过比较电泳图谱的条带,分析菌株间有无关联,是否来自同一菌株,是目前分子分型技术的“金标准”。通过2015—2016年沙门菌聚类分析,鼠伤寒沙门菌(ZD-16-004~ZD-16-006)为聚集性暴发,来自于一起鼠伤寒沙门氏菌引起的食物中毒<sup>[12]</sup>。18株肠炎沙门菌中,有2组相同的PFGE带型分布于不同时间、地区,说明不同时期、不同地区能分离到相同血清型的同源性菌株。

目前食源性疾病发病由暴发逐渐转为多点散发的趋势,为满足公共卫生事件的病原学溯源研究和分子流行病学研究,利用PFGE技术对沙门菌进行精准分型,PFGE技术既可以对表面上散发分布的病例寻找可能的联系,也可对已确认的暴发疫情进行传染源的追踪,达到预防和控制的目的。采用PFGE分型技术,相同血清型的菌株,PFGE图谱不一定相同,据此可进一步区分各菌株间的微小差别,从而在食源性疾病暴发调查及监测中发挥重要的作用<sup>[13-15]</sup>。

#### 利益冲突:无

**引用本文格式:**郝瑞娥,姚素霞,张秋香,等.山西省2015—2016年食源性疾病主动监测的病原学特征分析[J].中国人兽共患病学报,2019,35(9):852-856. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2019.00.094

852-856. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2019.00.094

#### 参考文献:

- [1] 赵嘉咏,张玉凯,谢志强,等.2011—2013年河南省肠炎沙门菌耐药与分子分型研究[J].中华预防医学杂志,2016,50(3):261-265. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2016.03.014
- [2] 冯军军,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
- [3] 柯碧霞,何冬梅,谭海玲,等.广东省2013—2014年食源性疾病主动监测的病原学特征分析[J].中华流行病学杂志,2016,37(10):1373-1378. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.10.012
- [4] 梁燕霞,李小南,伍绍东.204例儿童感染鼠伤寒沙门氏菌临床分析[J].中国实用医药,2016,11(17):44-45. DOI: 10.14163/j.cnki.11-5547/r.2016.17.022
- [5] 何广概,黄潮新,曹传敏,等.105株沙门菌的血清型分布及药敏试验结果分析[J].广东医学院学报,2016,34(2):192—194. DOI:10.3969/j.issn.1005-4057.2016.02.025
- [6] 罗淑华,黄鹏飞,李燕,等.2010—2011年深圳市光明新区沙门氏菌流行特征及耐药分析[J].热带医学杂志,2012,12(11):1370-1372,1378.
- [7] 程春荣,沈艳丽,董柯,等.郑州市2006—2011年腹泻病人沙门菌血清型和耐药谱分析[J].中国人兽共患病学报,2012,28(10):1017-1019. DOI:10.3969/j.issn.1002-2694.2012.10.012
- [8] 郑文龙,王卓,马洁,等.副溶血性弧菌病原学和分子流行病学流行特征研究进展[J].疾病监测,2015,30(4):337-341. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2015.04.022
- [9] 吕虹,李莉,黄玉兰,等.2006年—2013年四川省副溶血性弧菌毒力基因及耐药分析[J].中国卫生检验,2015,25(12):2045-2048.
- [10] 严寒秋,黄瑛,吕冰,等.不同来源副溶血性弧菌耐药性分析[J].中国卫生检验杂志,2015,25(21):3765-3771.
- [11] 李薇薇,梅玲玲,唐震,等.2007—2009年中国副溶血性弧菌临床分离株分子特征分析[J].中华预防医学杂志,2014,48(1):44-52. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2014.01.010
- [12] 郝瑞娥,姚素霞,张秋香,等.一起鼠伤寒沙门氏菌引起食物中毒的病原鉴定与同源性分析[J].中国卫生检验杂志,2017,27(14):2023-2025.
- [13] 杨燕,孙长贵,陈晓,等.浙江5个地区2011—2012年沙门菌流行特征及分子分型研究[J].临床检验杂志,2013,(08):621-624.
- [14] 刘靓,李兵兵,李双妹,等.淮安地区食源性沙门氏菌耐药性及分子分型研究[J].徐州医科大学学报,2017,37(10):664-667. DOI:10.3969/j.issn.1000-2065.2017.10.009
- [15] 程招敏,蓝锴,柏彩英,等.鼠伤寒沙门菌分子分型及耐药性特点[J].国际检验医学杂志,2016,37(12):1601-1603. DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2016.12.004