

我国牛羊主产区小肠结肠炎耶尔森菌的病原特征研究

郑宇,李焓笑,赵强,王菡,胡盼,任洪林,李岩松,柳增善,卢士英

摘要:目的 对2018—2020年我国牛羊主产区牛羊源小肠结肠炎耶尔森菌进行病原特征研究,为该菌的防控提供科学依据。**方法** 对来自于6个地区的2 291份样本进行分离培养、PCR鉴定、玻片凝集以及药敏试验,以掌握其感染情况、毒力基因型和血清型的分布以及耐药情况。**结果** 在2 291份样本中,共分离出该菌109株,总检出率为4.76%,其中辽宁地区检出率最高(20.42%),并且各地区检出率差异有统计学意义($\chi^2=288.153, P<0.01$),而各种类样本检出率差异无统计学意义($\chi^2=1.734, P>0.05$)。在本次分离菌株中,ystB基因为优势毒力基因,O:5,27为优势血清型,菌株对氨苄西林、红霉素、磺胺异恶唑和头孢噻吩耐药率为100%,对多粘菌素B和氟苯尼考敏感率为100%。**结论** 牛、羊源小肠结肠炎耶尔森菌在全国牛、羊主产区分布不广泛,但其多重耐药率较高,建议加强对该菌耐药性的监测与管理。

关键词:小肠结肠炎耶尔森菌;毒力基因;血清型;耐药性

中图分类号:R378

文献标识码:A

文章编号:1002-2694(2021)06-0473-05

Etiologic characteristics of *Yersinia enterocolitica* in the main breeding areas of cattle and sheep in China

ZHENG Yu, LI Han-xiao, ZHAO Qiang, WANG Han, HU Pan, REN Hong-lin, LI Yan-song, LIU Zeng-shan, LU Shi-ying

(Key Laboratory of Zoonosis Research, Ministry of Education,
Institute of Zoonosis, Jilin University, Changchun 130062, China)

Abstract: To research the etiologic characteristics of *Yersinia enterocolitica* in the main breeding areas of cattle and sheep in China from 2018 to 2020, and provide a basis for its prevention and control, 2 291 samples from six cities were collected for isolation and culture, and positive strains were tested for virulence genes, serotype typing, and drug resistance. The results showed that 109 positive strains were isolated from 2 291 samples, and the total detection rate was 4.76%, with the highest detection rate (20.42%) occurring in Liaoning. The detection rate varied significantly between regions ($\chi^2=288.153, P<0.01$), whereas the detection rate of various types of samples showed no significant difference ($\chi^2=1.734, P>0.05$). Among the positive strains, the *ystB* gene was the dominant virulence gene, and O:5,27 was the dominant serotype. The resistance rates of the isolates to ampicillin, erythromycin, sulfisoxazole, and cephalothin were 100%. However, the sensitivity rates of the isolates to colistin B and florfenicol were 100%. The study illustrates that *Yersinia enterocolitica* is not widely distributed in the main breeding areas of cattle and sheep in China. Their multi-drug resistance rates are high; therefore, drug resistance surveillance of *Yersinia enterocolitica* should be strengthened.

Keywords: *Yersinia enterocolitica*; virulence gene; serotype; drug resistance

Supported by the National Key Research and Development Program (No. 2018YFD0500504)

Corresponding author: Lu Shi-ying, Email: lushiying1129@163.com

“十三五”国家重点研发计划项目(No.2018YFD0500504)

通讯作者:卢士英,Email:lushiying1129@163.com;

ORCID:F-5406-2018

作者单位:吉林大学人兽共患病研究所,长春 130062

小肠结肠炎耶尔森菌是一种食源性肠道病原体,可引起耶尔森菌病——欧盟第三大常见的人兽共患病^[1]。作为能够在0℃~45℃生存的细菌^[2],

它不仅存在于各类家养动物和野生牲畜中,还存在于各种冷藏食品中^[3]。人食用了被小肠结肠炎耶尔森菌污染的生猪肉或新鲜牛奶等食物,会出现腹泻、发烧等症状,并且引起局部炎症和心血管疾病等^[4]。耶尔森菌病在全球范围内流行,根据美国疾病控制与预防中心 2016 年的报道,美国每年有 11.7 万人受到耶尔森菌病的影响,其中有 640 例需要住院治疗,35 人死亡^[5];在 20 世纪 80 年代,我国发生过 2 次耶尔森菌病的暴发流行^[6]。由此可见,对各地区各物种的小肠结肠炎耶尔森菌流行规律和病原特征的研究是非常有必要的。为此,本研究于 2018—2020 年从我国牛羊主产区的牛羊养殖屠宰加工场采集各类样本(粪、乳、饲草以及环境样本),采用冷增菌法处理样本后进行菌株分离培养鉴定、毒力基因鉴定、血清型鉴定以及耐药性鉴定,对结果进行分析,总结了近两年全国牛羊主产区该菌的流行规律和病原学特征,为预防和监测小肠结肠炎耶尔森菌的传播奠定基础。

1 材料与方法

1.1 参考菌株 小肠结肠炎耶尔森菌参考菌株 CMCC52225 购买自中国医学微生物菌种保藏中心;HZ 菌株为华中农业大学赠予菌株。

1.2 样本采集 采集 2018—2020 年黑龙江省、吉林省、辽宁省、内蒙古自治区、陕西省和新疆自治区牛羊养殖屠宰加工厂的各类样本共 2 291 份,其中黑龙江省 744 份,吉林省 937 份,辽宁省 426 份,内蒙古自治区 100 份,新疆自治区 58 份,陕西省 26 份。在各类样本中,包含粪样 1 968 份,乳样 152 份,肉样 116 份,环境样本 33 份,饲草样本 22 份。

1.3 仪器与试剂 小肠结肠炎耶尔森菌选择性培养基 CIN-1 与增菌液改良磷酸盐缓冲液,购买自青岛海博生物技术有限公司;PCR 仪与凝胶成相分析系统,购买自新加坡应用生物公司;2x M5 HiPer plus Taq HiFi PCR mix,购买自北京聚合美生物科技有限公司;立式双层恒温振荡培养箱,购买自哈尔滨市东联电子技术开发有限公司;引物由上海生工生物工程有限公司合成;血清分型所用的血清试剂为实验室保存试剂;耐药性鉴定所用的抗菌药物药敏纸片,购买自杭州微生物试剂有限公司。

1.4 样本分离鉴定 取适量样本置于 10 倍体积的改良磷酸盐缓冲液中,4 ℃ 放置 7~14 d 以达到增菌效果,沾取增菌液于 CIN-1 培养基 25 ℃ 划线培养 18~24 h 后,挑取“公牛眼”状红色菌落于 LB 液体培养基中于 25 ℃ 摆菌 8 h,以 foxA^[7] 为目的基

因,直接取菌液作为模板进行 PCR 鉴定,将 PCR 结果为阳性的菌株进行生化反应鉴定,将确定为小肠结肠炎耶尔森菌的菌株于 -80 ℃ 保存,并利用统计学方法将分离结果进行统计与分析。

1.5 毒力基因检测 对小肠结肠炎耶尔森菌的 5 个主要毒力基因(*ail*, *ystB*^[8], *ystA*, *yadA*, *virF*^[9])分别进行 PCR 检测,PCR 反应总体系为 20 μL,其中包括 2x M5 HiPer plus Taq HiFi PCR mix 10 μL, 上下游引物各 0.8 μL, DNA 模板 2 μL, 其余用 ddH₂O 补足。PCR 扩增程序包括 94 ℃ 预变性 5 min, 95 ℃ 变性 30 s, 61 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 min, 共 35 个循环, 72 ℃ 延伸 4 min, 产物与 DL 2 000 marker 用 2% 凝胶电泳分离 (120 V, 20 min), 引物序列见表 1。

表 1 基因检测的 PCR 引物序列
Tab.1 Primer sequences for *Yersinia enterocolitica* genes detection

引物名称	引物序列(5'-3')	扩增长度/bp
<i>foxAF</i>	GGTCCTTGAGCGTATTGATG	1 094
<i>foxAR</i>	GGTCATCGTTTCAGCAGTTT	
<i>ailF</i>	GGTCGTTGCTTATACTCATC	142
<i>ailR</i>	CCAGTAATCCATAAAGGCTAAC	
<i>ystAF</i>	ATCGACACCAATAACCGCTGAG	79
<i>ystAR</i>	CCAATCACTACTGACTTCGGCT	
<i>ystBF</i>	GGACACCGCACAGCTTATA	253
<i>ystBR</i>	GATTGCAACATAACCTACAAC	
<i>yadAF</i>	CTTCAGATACTGGTGTGCGCTGT	849
<i>yadAR</i>	ATGCCTGACTAGAGCGATATCC	
<i>virFF</i>	GGCAGAACAGCAGTCAGACATA	561
<i>virFR</i>	GGTAGCATAGAGAATACGTCG	

1.6 血清分型检测 利用多重 PCR 方法^[10]与玻片凝集方法进行血清型检测。玻片凝集法是将分离的阳性菌株划线培养,挑出菌落与已稀释的血清试剂在载玻片上混匀后观察是否出现凝集现象,并设置生理盐水作为空白对照。

1.7 耐药性检测 本实验主要针对 15 种药物进行耐药性的检测(氨苄西林、头孢唑林、丁胺卡那、庆大霉素、红霉素、诺氟沙星、环丙沙星、多粘菌素 B、磺胺异恶唑、复方新诺明、氯霉素、头孢噻吩、呋喃唑酮、恩诺沙星、氟苯尼考)。具体操作如下:取适量菌液于 LB 平板涂匀后贴药敏纸片,25 ℃ 培养 18~24 h,通过测量抑菌圈直径大小来判断药物对该菌的

抑制效果。耐药性结果判定标准见表 2^[11]。

表 2 耐药性结果的判定标准

Tab.2 Judgment criteria for drug resistance results

抗菌药名称	判定标准(抑菌圈大小)		
	耐药	中介	敏感
氨苄西林	≤13	14-16	≥17
头孢唑林	≤14	15-17	≥18
丁胺卡那	≤13	14-17	≥18
庆大霉素	≤12	13-14	≥15
红霉素	≤13	14-22	≥23
诺氟沙星	≤12	13-16	≥17
环丙沙星	≤15	16-20	≥21
多粘菌素 B	≤8	9-11	≥12
磺胺异恶唑	≤10	11-15	≥16
复方新诺明	≤10	11-15	≥16
氯霉素	≤12	13-17	≥18
头孢噻吩	≤14	15-17	≥18
呋喃唑酮	≤14	15-16	≥17
恩诺沙星	≤15	16-20	≥21
氟苯尼考	≤12	13-17	≥18

2 结果

2.1 不同地区样本分离结果 对 2 291 份样本进行 PCR 鉴定以及生化鉴定结果见表 3,共分离到 109 株小肠结肠炎耶尔森菌,总检出率为 4.76%,其中辽宁检出率为 20.42%,新疆为 15.51%,黑龙江为 0.81%,吉林为 0.75%,内蒙古和陕西地区未分离出阳性菌株。利用卡方检验进行差异分析,结果显示各地区检出率差异有统计学意义($\chi^2 = 288.153, P < 0.01$),辽宁和新疆检出率远高于其他地区。

表 3 各地区样本中小肠结肠炎耶尔森菌的分离结果

Tab.3 Results of *Yersinia enterocolitica* in samples from various regions

来源	样本数量/份	阳性菌株数/株	阳性率/%
吉林	937	7	0.75
黑龙江	744	6	0.81
辽宁	426	87	20.42
内蒙古	100	0	0
新疆	58	9	15.51
陕西	26	0	0

2.2 不同种类样本分离结果 本实验采集样本种类分为粪样(1 968 份)、乳样(152 份)、肉样(116 份)、环境样(33 份)和饲草样(22 份)。分离结果见表 4,其中小肠结肠炎耶尔森菌检出率最高的是环境样(12.12%),其次是粪样(5.34%),而其他种类样本检出率均为 0%。粪样和环境样的检出率差异无统计学意义($\chi^2_{校正} = 1.734, P > 0.05$)。

表 4 各种类样本中小肠结肠炎耶尔森菌的分离结果

Tab.4 Results of *Yersinia enterocolitica* in various samples

来源	样本数量/份	阳性菌株数/株	阳性率/%
粪样	1 968	105	5.34
乳样	152	0	0
肉样	116	0	0
环境样本	33	4	12.12
饲草样本	22	0	0

2.3 毒力基因检测结果 对 109 株阳性菌株进行毒力基因检测,结果显示(见表 5)有 71 株菌株毒力基因携带情况为 *ail* -、*ystA* -、*ystB* +、*yadA* -、*virF* -,并将其定义为 I 型毒力基因型(65.14%);其余的 38 株毒力基因携带情况为 *ail* -、*ystA* -、*ystB* -、*yadA* -、*virF* -,并将其定义为 II 型毒力基因型(34.86%),而上述 I、II 型菌株通常被认为是致病性菌株^[12],因此,本次采样地区中的小肠结肠炎耶尔森菌致病概率很小,并且根据毒力基因所占百分比分析,*ystB* 是本次采样地区小肠结肠炎耶尔森菌的优势毒力基因。

2.4 血清分型检测结果 对 109 株阳性分离菌株进行血清分型,结果见表 5。共检测出 3 种血清型,包含 O : 5,27 血清型 51 株(46.79%),O : 6,30 血清型 3 株(2.75%),O : 5 血清型 3 株(2.75%),其余 52 株未分型(47.71%)。其中 O : 6,30 血清型只出现在辽宁地区(3.45%);O : 5 血清型虽然在辽宁(2.30%)和黑龙江地区(16.67%)均有检出,但数量较少;O : 5,27 血清型出现在黑龙江(66.67%)吉林(57.14%)和辽宁地区(49.43%),不仅覆盖范围广,而且所占比例高;新疆地区 9 株阳性菌株均未分型。综上可知,O : 5,27 血清型被认为是本次采样地区小肠结肠炎耶尔森菌的优势血清型。

表 5 小肠结肠炎耶尔森菌分离株的血清型与
毒力基因检测结果

Tab.5 Results of serotype and virulence genotypes of
Yersinia enterocolitica isolates

来源	血清型	菌株数 (株)	毒力基因				
			<i>ail</i>	<i>ystA</i>	<i>ystB</i>	<i>yadA</i>	<i>virF</i>
黑龙江	O : 5,27	4	—	—	+	—	—
黑龙江	O : 5	1	—	—	+	—	—
黑龙江	—	1	—	—	+	—	—
吉林	O : 5,27	3	—	—	+	—	—
吉林	O : 5,27	1	—	—	—	—	—
吉林	—	3	—	—	—	—	—
辽宁	O : 5,27	42	—	—	+	—	—
辽宁	O : 5,27	1	—	—	—	—	—
辽宁	O : 5	1	—	—	—	—	—
辽宁	O : 5	1	—	—	+	—	—
辽宁	O : 6,30	3	—	—	+	—	—
辽宁	—	23	—	—	—	—	—
辽宁	—	16	—	—	+	—	—
新疆	—	9	—	—	—	—	—

2.5 耐药性检测结果 对 15 种抗菌药物的耐药性检测结果见表 6, 菌株对氨苄西林、红霉素、磺胺异恶唑和头孢噻吩 100% 耐药, 对多粘菌素 B 和氟苯尼考 100% 敏感。除此之外, 菌株对呋喃唑酮和复方新诺明的耐药率较高, 均在 75% 以上, 对氯霉素较敏感。

表 6 小肠结肠炎耶尔森菌分离株的耐药性检测结果

Tab.6 Results of drug resistance of *Yersinia enterocolitica* isolates

抗菌药物	敏感率/%	中介率/%	耐药率/%
氨苄西林 AMP	0	0	100
头孢噻林 CZ	15.79	52.63	31.58
丁胺卡那 AK	15.79	78.95	5.26
庆大霉素 GM	15.79	78.95	5.26
红霉素 E	0	0	100
诺氟沙星 NFX	52.63	31.58	15.79
环丙沙星 CIP	36.84	36.84	26.32
多粘菌素 B PB	100	0	0
磺胺异恶唑 SIZ	0	0	100
复方新诺明 SXT	5.26	15.79	78.95
氯霉素 CHL	84.21	5.26	10.53
头孢噻吩 KF	0	0	100
呋喃唑酮 AOZ	0	5.26	94.74
恩诺沙星 ENR	36.84	57.89	5.26
氟苯尼考 FFC	100	0	0

3 讨 论

对 2018—2020 年 2 291 份我国牛羊主产区牛羊源小肠结肠炎耶尔森菌的调查发现, 这些地区的阳性样本总检出率为 4.76%, 与李旭等^[13]在牛羊中的阳性总检出率(分别为 2.78% 和 0.89%)相符, 但与 2018 年六安市猪粪检出率(25%)^[14]和江西省生猪源检出率(20.86%)^[15]相差较大, 这可能是因为生猪是小肠结肠炎耶尔森菌的主要宿主。利用 SPSS 进一步分析得知各地区检出率的差异有统计学意义, 其中辽宁检出率最高, 其次是新疆、黑龙江和吉林。从样本种类进行分析, 环境样本检出率高达 12.12%, 其次是粪样检出率 5.34%, 而环境样本中分离到的阳性菌株均来自于屠宰使用的案板, 这提示各养殖屠宰加工厂要注意屠宰加工环境, 以免将细菌等微生物带入动物性食品中, 影响人类健康。

毒力基因检测结果表明, 本次分离到 71 株毒力基因 I 型菌株(只含 *ystB* 毒力基因)和 38 株毒力基因 II 型菌株(不含毒力基因)。虽然 I、II 型被认为是非致病性菌株, 但在食源性暴发疾病样本中已经检测到含 *ystB* 基因的菌株^[16], 这说明携带 *ystB* 基因的菌株或许存在一定致病力, 应该引起相应的重视。李旭^[13]等在牛源样本分离菌株中的非致病性菌株检出率达到 94.44%, 与本研究中非致病性菌株检出率为 100% 的结果相符, 也与本实验室所建立的多重 PCR 方法^[8]结果一致, 这说明近年来存在于牛羊源样本中非致病性小肠结肠炎耶尔森菌占绝大多数, 而致病性菌株较少, 但致病菌株的潜在影响力仍不可忽视。

目前, 在世界上已知的 60 余个小肠结肠炎耶尔森菌血清型中, O : 3, O : 8, O : 9, O : 5, 27, O : 13a 等对人类具有致病力, 而我国大多数致病菌株的血清型为 O : 3 和 O : 9^[17]。本次对 109 株阳性分离菌株进行常见的几种血清型检测, 没有发现血清型为 O : 3 和 O : 9 的菌株, 有少数菌株血清型为 O : 5 和 O : 6, 30, 46.79% 的菌株血清型为 O : 5, 27, 其余菌株血清型待定。该地区血清型为 O : 5, 27 的所有菌株均未被检测出致病基因, 而 Platt-Samoraj 等^[18]在 5 株分离的 O : 5, 27 血清型菌株中检测到 3 株含有 *ail* 致病基因, 这说明 O : 5, 27 血清型菌株对于国内的养殖屠宰加工场所而言相对安全, 但其对人类安全的威胁仍然不容小觑。

抗菌药物的过度使用已然成为全球细菌疾病治疗面临的重要挑战, 为了减少小肠结肠炎耶尔森菌抗生素滥用的现象, 本研究针对 109 株阳性分离株进行 15 种抗菌药物的药敏试验, 结果显示所有分离

菌株均具有耐药现象,并且对氨苄西林、红霉素、磺胺异恶唑和头孢噻吩4种药物耐药率达到100%,对呋喃唑酮和复方新诺明也有较强耐药性,对多粘菌素B、氟苯尼考和氯霉素敏感,这与Baumgartner等^[19]的研究结果一致,说明多粘菌素B等3种药物可以作为临床治疗的首选药物。除此之外,本次分离菌株的多重耐药率(对2种及以上抗菌药物耐药)达到100%,其中有74.39%的菌株对5种抗菌药物耐药,这可能与养殖场的环境消毒和喂养牲畜时过量添加抗生素有关。因此,我国应对小肠结肠炎耶尔森菌的耐药状况进行监测,避免日常动物饲养与临床治疗中抗生素的滥用,最终为动物和人类的健康提供保障。

利益冲突:无

引用本文格式:郑宇,李焰笑,赵强,等.我国牛羊主产区小肠结肠炎耶尔森菌的病原特征研究[J].中国人兽共患病学报,2021,37(6):473-477. DOI:10.3969/j.issn.1002-2694.2021.00.070

参考文献:

- [1] Koskinen J, Keto-Timonen R, Virtanen S, et al. Prevalence and dynamics of pathogenic *Yersinia enterocolitica* 4/O : 3 among finnish piglets, fattening pigs, and sows[J]. Foodborne Pathog Dis, 2019, 16(12):831-839. DOI: 10.1089/fpd.2019.2632
- [2] Drummond N, Murphy BP, Ringwood T, et al. *Yersinia enterocolitica*: a brief review of the issues relating to the zoonotic pathogen, public health challenges, and the pork production chain[J]. Foodborne Pathog Dis, 2012, 9(3):179-189. DOI: 10.1089/fpd.2011.0938
- [3] Younis G, Mady M, Awad A. *Yersinia enterocolitica*: prevalence, virulence, and antimicrobial resistance from retail and processed meat in Egypt[J]. Vet World, 2019, 12(7):1078-1084.
- [4] 关乃瑜,夏爽,赵丽丽,等.断奶仔猪源小肠结肠炎耶尔森菌的分离鉴定及其致病性研究[J].中国预防兽医学报,2015,37(9):679-682. DOI: 10.3969/j.issn.1008-0589.2015.09.07
- [5] 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
- [6] Bucher M, Meyer C, Grötzbach B, et al. Epidemiological data on pathogenic *Yersinia enterocolitica* in Southern Germany during 2000–2006[J]. Foodborne Pathog Dis, 2008, 5(3):273-280. DOI: 10.1089/fpd.2007.0076
- [7] Syczylo K, Platt-Samoraj A, Bancerz-Kisiel A, et al. The prevalence of *Yersinia enterocolitica* in game animals in Poland[J]. PLoS One, 2018, 13(3):e0195136. DOI: 10.1371/journal.pone.0195136
- [8] 郑宇,赵强,李焰笑,等.鉴定小肠结肠炎耶尔森菌及其毒力基因的多重PCR检测方法的建立[J].中国兽医科学,2020,50(10):1249-1256. DOI: 10.16656/j.issn.1673-4696.2020.0178
- [9] 许文炯,丁洁,陈晓蔚,等.小肠结肠炎耶尔森菌主要毒力基因分析[J].中国人兽共患病学报,2007,23(7):675-677.
- [10] Garzetti D, Susev R, Fruth A, et al. A molecular scheme for *Yersinia enterocolitica* patho-serotyping derived from genome-wide analysis[J]. Int J Med Microbiol, 2014, 304(3/4):275-283. DOI: 10.1016/j.ijmm.2013.10.007
- [11] WS/T 125-1999,纸片法抗菌药物敏感试验标准[S].中华人民共和国卫生部,1999.
- [12] Rusak LA, de Castro Lisboa Pereira R, Freitag IG, et al. Rapid detection of *Yersinia enterocolitica* serotype O : 3 using a duplex PCR assay[J]. J Microbiol Methods, 2018, 154:107-111. DOI: 10.1016/j.mimet.2018.10.014
- [13] 李旭,梁俊容,肖玉春,等.小肠结肠炎耶尔森菌在中国家畜家禽间分布的研究[J].中国媒介生物学及控制杂志,2015,26(2):145-147,171. DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2015.02.009
- [14] 高大维,张凤,陈智超,等.六安地区小肠结肠炎耶尔森菌分型分布和特征分析[J].中国人兽共患病学报,2019,35(10):939-943. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2019.00.122
- [15] 杨梦,王鹏,袁辉,等.江西省猪和啮齿动物宿主小肠结肠炎耶尔森菌病原学研究[J].中国人兽共患病学报,2020,36(7):544-548. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2020.00.089
- [16] Bhagat N, Virdi J S. The enigma of *Yersinia enterocolitica* biovar 1A[J]. Crit Rev Microbiol, 2011, 37(1):25-39. DOI: 10.3109/1040841X.2010.506429
- [17] 景怀琦,李继耀,肖玉春,等.O : 3 和 O : 9 小肠结肠炎耶尔森菌主要毒力基因分布调查[J].中国媒介生物学及控制杂志,2004,15(4):317-319.
- [18] Platt-Samoraj A, Żmudzki J, Pajdak-Czaus J, et al. The Prevalence of *Yersinia enterocolitica* and *Yersinia pseudotuberculosis* in small wild rodents in Poland[J]. Vector Borne Zoonotic Dis, 2020, 20(8):586-592. DOI: 10.1089/vbz.2019.2586
- [19] Baumgartner A, Küffer M, Suter D, et al. Antimicrobial resistance of *Yersinia enterocolitica* strains from human patients, pigs and retail pork in Switzerland[J]. Int J Food Microbiol, 2007, 115(1):110-114.