

• 现场调查 •

四川省部分地区 2010—2011 年猪肉生产链中沙门菌耐药特征及分子分型研究

韩新锋 刘书亮 侯小刚 陈荀 彭珍 朱冬梅

【摘要】 目的 分析 2010—2011 年四川省部分地区猪肉生产链中沙门菌耐药特性及分子分型特征。**方法** 对分离的 112 株沙门菌采用肉汤微量稀释法进行 10 种抗生素(组合)药敏试验,参考 CLSI 标准(2010)判定结果。选取不同菌株来源、血清型和耐药谱的 74 株沙门菌,按照美国 PulseNet 标准进行脉冲场凝胶电泳(PFGE)分型。**结果** 猪肉生产链中沙门菌对四环素耐药率最高(89.29%),其次为大观霉素(36.61%)、甲氧苄啶/磺胺甲噁唑(35.71%)、萘啶酸(33.93%)和氨苄西林(24.11%),多重耐药率为 33.93%,对头孢噻唑敏感,共有 19 种耐药谱。来自猪肉生产链的 74 株沙门菌可分为 34 个 PFGE 谱型,其相似性为 40%~100%。**结论** 四川省猪肉生产链中沙门菌耐药较为严重,其血清型及耐药谱与 PFGE 分型有一定相关性;生产链中沙门菌可能存在自上游生产链向下游生产链水平传播的情况。

【关键词】 沙门菌;耐药性;猪肉生产链;脉冲场凝胶电泳

Characterization of antimicrobial resistances and molecular characteristics of *Salmonella* isolates from the pork production chain in Sichuan province, 2010–2011 Han Xinfeng, Liu Shuliang, Hou Xiaogang, Chen Xun, Peng Zhen, Zhu Dongmei. College of Food Science, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China

Corresponding author: Liu Shuliang, Email: lsliang999@163.com

This work was supported by a grant from the Special Fund of Industrial (Agriculture) Research for Public Welfare of China (No. 200903055).

【Abstract】 Objective To investigate the antimicrobial resistance and resistance profiles of *Salmonella* isolates, from the pork production chain in several districts of Sichuan province and to determine the correlation between serotype and the pulse field gel electrophoresis (PFGE) patterns. **Methods** From 2010 to 2011, a total of 112 *Salmonella* isolates from pork production chain were examined for their antimicrobial susceptibility, using the micro-dilution method against 10 antimicrobial agents. Results were assessed by the standard by the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2010). In addition, PFGE patterns were investigated among the *Salmonella* strains from different sources, under different serovars and antimicrobial profiles. **Results** For *Salmonella* isolated from the pork production chain, resistance to tetracycline (89.29%) was frequently observed. Many isolates were resistant to spectinomycin (36.61%), trimethoprim/sulfamethoxazole (35.71%), nalidixic acid (33.93%) and ampicillin (24.11%), but all of the isolates were susceptible to ceftiofur. 33.93% of the isolates were multi-drug resistant. *Salmonella* isolates from the pork production chain had 19 antibiotic resistance profiles. Totally, 34 PFGE patterns were detected among 74 *Salmonella* isolates from the pork production chain, with the PFGE patterns of the 74 *Salmonella* isolates sharing 40% to 100% similarities. **Conclusion** The antimicrobial resistances of the *Salmonella* isolates were commonly detected from the pork production chain in Sichuan province suggesting that *Salmonella* might horizontally spread from food animals to retail meat products.

【Key words】 *Salmonella*; Antimicrobial resistance; Pork production chain; Pulsed-field gel electrophoresis

沙门菌是一种具有重要公共卫生意义常见人兽共患病原菌,被 WHO 列为具有严重危害和中等危

害的食物传播性病原。全球范围内由沙门菌引起的细菌性食物中毒事件居首位。动物性食品在屠宰加工、运输、贮藏和销售等环节可能受到沙门菌污染,尤以生肉和蛋类最为常见^[1]。近年来,由于畜牧业大量使用和不规范使用抗菌药物,使沙门菌耐药问题日益严重。相关监测数据表明,沙门菌属多重耐

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.05.011

基金项目:公益性行业(农业)科研专项子课题(200903055)

作者单位:625014 雅安,四川农业大学食品学院农产品加工及贮藏工程四川省重点实验室

通信作者:刘书亮, Email: lsliang999@163.com

药率已从 20 世纪 90 年代的 20% ~ 30% 增加到 21 世纪初的 70%, 耐药率不但大幅增加, 且耐药谱也不断增宽^[2]。养殖业中大量使用抗菌药物使得动物性食品极易成为耐药细菌的“蓄水池”, 其抗药性有通过食物链转移给人体病原菌甚至益生菌的潜在危险^[3,4]。为此本研究对四川省重点地区大型养猪场、屠宰场和猪肉零售市场所分离鉴定的 112 株沙门菌进行耐药分析和脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 分型, 探讨沙门菌及其耐药菌在猪肉生产链中的分布和传播情况, 探索耐药菌从养殖场沿食品链传递到人群的方式, 为降低耐药菌株的产生、控制其传播等提供依据。

材料与方法

1. 菌株来源及鉴定: 2010—2011 年从四川省重点地区大型养猪场及同一地区的屠宰场和销售市场采集样品共 829 份, 其中养殖场取育肥猪粪样 433 份, 屠宰场取胴体分割肉样 196 份, 市场购买零售肉样 200 份。采用国家标准结合沙门菌科玛嘉显色培养基分离出疑似沙门菌, 应用针对沙门菌 *invA* 和 *hut* 基因的二重 PCR 鉴定疑似沙门菌, 共检出 112 株 11 种血清型沙门菌, 其中德尔卑沙门菌占 58.04% (65/112), 鼠伤寒沙门菌占 12.50% (14/112), 波茨坦沙门菌 (*S. potsdam*) 占 6.25% (7/112), 其余血清型占少数 (表 1)^[5]。肠炎沙门菌 (*S. enteritidis*) CICC 21482、大肠埃希菌 (*E. coli*) ATCC25922 由四川农业大学食品微生物实验室提供; 沙门菌 H9812 由中国农业大学动物医学院提供, 作为 PFGE 的对照标准菌株。

表 1 2010—2011 年四川省部分地区猪肉生产链 112 株沙门菌来源及血清分型

沙门菌血清型	各产业链沙门菌分离株数			合计
	养殖场 育肥猪	屠宰场 猪肉	零售 猪肉	
德尔卑沙门菌(<i>S. derby</i>)	45	13	7	65
鼠伤寒沙门菌(<i>S. typhimurium</i>)	12	2	0	14
波茨坦沙门菌(<i>S. potsdam</i>)	4	0	3	7
吉韦沙门菌(<i>S. give</i>)	0	2	3	5
茨昂威沙门菌(<i>S. tshiongue</i>)	1	1	0	2
圣保罗沙门菌(<i>S. saintpaul</i>)	0	0	2	2
猪霍乱或丙型副伤寒沙门菌 (<i>S. choleraesuis/Paratyphi-C</i>)	0	0	2	2
奥凯福科沙门菌(<i>S. okefoko</i>)	2	0	0	2
阿贡纳沙门菌(<i>S. agona</i>)	1	0	0	1
布伦登鲁普沙门菌(<i>S. braenderup</i>)	1	0	0	1
鸭沙门菌(<i>S. anatum</i>)	0	0	1	1
未分型	5	3	2	10

2. 培养基和抗菌药物: 普通营养琼脂、营养肉汤均购自杭州微生物有限公司; Mueller-Hinton (M-H) 肉汤购自青岛高科园海博生物技术有限公司。抗菌

药物包括①青霉素类: 氨苄西林 (AMP)、阿莫西林/克拉维酸 (AMC); ②头孢类: 头孢噻呋 (CEF); ③氨基糖苷类: 庆大霉素 (GEN)、大观霉素 (SPE); ④四环素类: 四环素 (TET); ⑤氯霉素类: 氟苯尼考 (FLO); ⑥磺胺类: 甲氧苄啶/磺胺甲噁唑 (SXT); ⑦喹诺酮类: 萘啶酸 (NAL)、环丙沙星 (CIP); 所有抗菌药物均为原药粉, 由四川农业大学食品微生物实验室提供。

3. 主要试剂和仪器: 蛋白酶 K、限制性内切酶 *Xba* I 及配套酶切缓冲液均购自宝生物工程 (大连) 有限公司; SeaKem (SKG) 琼脂糖购自美国 Bio-Rad 公司; 红四氮唑 (TTC) 购自上海灵锦精细化工有限公司。细胞悬浮液、细胞裂解液、蛋白酶 K 缓冲液均自行配制。以及 SORVALL 高速冷冻离心机、MilliQ 超纯水仪、脉冲场凝胶电泳仪 (Bio-Rad, 型号: CHEF-DR III)、凝胶成像系统 (Bio-Rad) 和 Info Quest®FP 软件 (Bio-Rad, Version 4.5)。

4. 药敏试验: 按 WHO 推荐的肉汤微量稀释法测定沙门菌分离株对 10 种临床常见抗菌药物的最小抑菌浓度 (MIC) 值。首先将检出的沙门菌菌株划线于 M-H 平板, 培养 24 h, 挑选单个菌落接种于 2 ml M-H 肉汤, 37 °C 培养 16 ~ 18 h, 用生理盐水稀释菌液, 使浓度达 0.5 号麦氏标准, 再按 1 : 100 倍肉汤稀释至菌液含量为 1 × 10⁶ CFU/ml。向微量稀释药敏盒各孔中加入稀释菌液 100 μl, 使每孔最终含菌浓度为 5 × 10⁵ CFU/ml, 在 15 min 内接种完, 37 °C 培养 16 ~ 18 h, 加 0.5% 的 TTC 试剂 1 ~ 2 滴, 培养 30 min, 观察结果, 记录对各种药物的 MIC 值, 同时以大肠埃希菌 ATCC25922 作为药敏试验的质控菌株。参考 CLSI (2010)^[6]和文献^[7], 菌株对某种抗菌药物的 MIC 值不低于表 2 标准即判断菌株对该药物耐药。

5. 沙门菌 PFGE 分型: 利用 PFGE 分析沙门菌的同源性, 方法按照美国 PulseNet 提供的标准方案^[8]。使用 Bio-Rad 公司配套的 Info Quest®FP (Version 5.0) 指纹图谱分析软件进行图像处理和数据分析, 采用非加权组平均法 (UPGMA) 对 PFGE 进行聚类分析, 条带位置差异容许度选择 1.0%, 优化值采用 1.0%, 以相似性系数 (*F*) > 85% 作为同类株的判断标准^[9]。

结 果

1. 猪肉生产链沙门菌的耐药性: 根据药敏试验结果判断耐药菌株, 并统计其耐药菌株数, 计算分离株对各种抗菌药物的耐药率, 即耐药率 = (对该药物

表2 沙门菌对 10 种抗菌药物耐药的判断标准

药敏试验	MIC(μg/ml)	药敏试验	MIC(μg/ml)
NAL	≥32	FLO	>16
CIP	≥4	SPE	>64
AMP	≥32	GEN	≥16
AMC	≥32/16	TET	≥16
CEF	≥8	SXT	≥4/76

耐药的菌株数/菌株总数)×100%。112 株沙门菌对 10 种药物的耐药率见图 1。猪肉生产链中沙门菌对 TET、SPE、SXT、NAL、AMP 的耐药率较高,分别为 89.29%、36.61%、35.71%、33.93%和 24.11%;对 GEN、AMC、CIP 和 FLO 的耐药率较低,分别为 16.96%、15.18%、12.50%和 8.93%;所有菌株对 CEF 敏感。多重耐药率(耐 3 种以上药物)为 33.93%(38/112)。

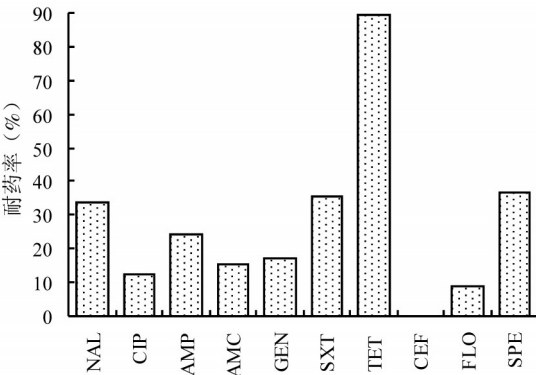


图1 2010—2011 年四川省部分地区猪肉生产链中 112 株沙门菌分离株的耐药率

来自养殖环节沙门菌分离株对 TET 耐药率最高为 88.73%,对 NAL、SPE、SXT 的耐药率分别为 35.21%、33.80%、33.80%,对 AMP (25.35%)、GEN (22.54%)、AMC (21.13%)、CIP (19.71%)、FLO (8.45%)耐药率相对较低;屠宰环节沙门菌分离株对 TET 的耐药率最高为 95.24%,对 SXT (38.10%)、AMP (33.33%)、SPE (33.33%)、NAL (28.57%)的耐药率居中,对 FLO (14.29%)、AMC (9.52%)、GEN (9.52%)、CIP (4.76%)耐药率较低;猪肉零售环节沙门菌分离株对 TET 耐药率最高为 85%,对 SPE (50%)、SXT (40%)、NAL (35%)耐药率居中,对 AMP (10%)、GEN (5%)、FLO (5%)耐药率较低,对 CEF、CIP、AMC 均敏感(图 2)。

2. 猪肉生产链中沙门菌的耐药谱:112 株沙门菌对 10 种抗菌药物(组合)共产生 19 种耐药谱(表 3),耐药谱中 TET 优势明显,占有菌株的 41.96%(47/112),NAL CIP AMP AMC FLO SPE GEN TET SXT 耐药谱占 11.61%(13/112),SPE TET SXT 占 10.71%(12/112)。养殖场沙门菌分离株对 10 种抗菌药物产

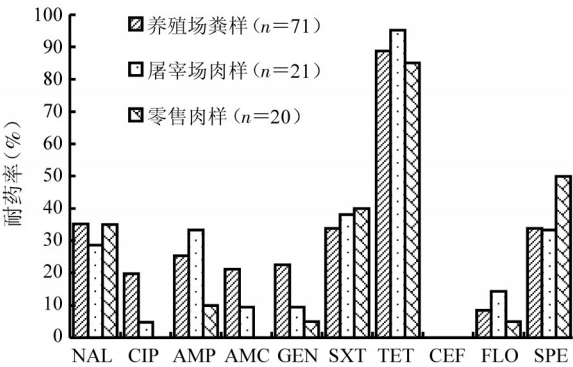


图2 2010—2011 年四川省部分地区不同猪肉生产链环节沙门菌分离株耐药率

生 13 种耐药谱,主要是 TET (31/71),NAL CIP AMP AMC SPE GEN TET SXT (12/71)、NAL TET (6/71)、SPE TET SXT (6/71) 4 种耐药谱;屠宰场沙门菌测得有 9 种耐药谱,主要是 TET (10/21)、AMP TET (2/21)、SPE TET SXT (2/21) 3 种耐药谱;市场环节的沙门菌分离株有 8 种耐药谱,主要是 TET (6/20)、SPE TET SXT (4/20) 2 种耐药谱。共发现 38 株多重耐药沙门菌,其中耐 3 种药物的 14 株 (12.5%),耐 4~5 种药物的 3 株 (2.68%),耐 6~9 种药物的 21 株 (18.75%)。

表3 2010—2011 年四川省部分地区猪肉生产链中沙门菌耐药谱分布

耐 药 谱	菌株数及来源
NAL	1Y, 1T
SPE	1S
TET	31Y, 10T, 6S
NAL TET	6Y, 2S
NAL SPE	1Y
AMP TET	1Y, 2T
TET SXT	1T
FLO TET	1Y
FLO TET SXT	1Y
NAL SPE TET	1S
SPE TET SXT	6Y, 2T, 4S
NAL SPE TET SXT	1S
NAL AMP SPE TET SXT	1Y, 1T
NAL AMP FLO SPE TET SXT	2T, 1S
NAL AMP SPE GEN TET SXT	1S
NAL CIP AMP AMC SPE GEN TET SXT	12Y, 1T
NAL AMP AMC FLO SPE GEN TET SXT	1Y, 1T
NAL CIP AMP FLO SPE GEN TET SXT	1Y
NAL CIP AMP AMC FLO SPE GEN TET SXT	1Y

注:Y 养殖场; T 屠宰场; S 市场

3. 猪肉生产链沙门菌 PFGE 分型:选取包含 11 种血清型的 74 株沙门菌分离株(养殖场 47 株、屠宰场 12 株、市场 15 株)使用限制性内切酶 *Xba* I 酶切、PFGE 分型并对电泳结果进行图谱聚类分型(图 3)。根据菌株间相似性系数(F 值)>85%视为同类菌株来判断,74 株菌经过聚类分析可分为 34 个

其中耐药率 $>50\%$ 的药物有17种,6年间菌株耐药率均有不同程度增加,其中对CIP、氧氟沙星、诺氟沙星的耐药率分别由10.7%、28.6%、7.1%增加至50.0%、75.0%、66.7%。而对于食品源或人源沙门菌,Yang等^[12]从陕西省4个地区764份市场零售肉品中分离的沙门菌对抗菌药物耐药率分别为磺胺甲噁唑(67%)、SXT(58%)、TET(56%)、NAL(35%)、CIP(21%)、头孢曲松(16%); $>80\%$ 的菌株耐1种以上的药物,53%的菌株耐3种以上药物。

本研究食源性沙门菌耐药率低于养殖环节。从养殖场到市场,沙门菌对 NAL、CIP、AMP、AMC、

来自生产链不同环节的沙门菌分离株,其耐药性有差异。马孟根等^[10]对养殖场 30 株猪源沙门菌耐药性分析表明,93.3% 的菌株有耐药性,其中对四环素类、磺胺类药物等均表现出 80% 以上的耐药率。钟传德等^[11]测定 1999—2005 年分离自我国 16 个地区规模化鸭场致病性沙门菌对 37 种抗菌药物的耐药情况,结果 175 株菌均表现为多重耐药,

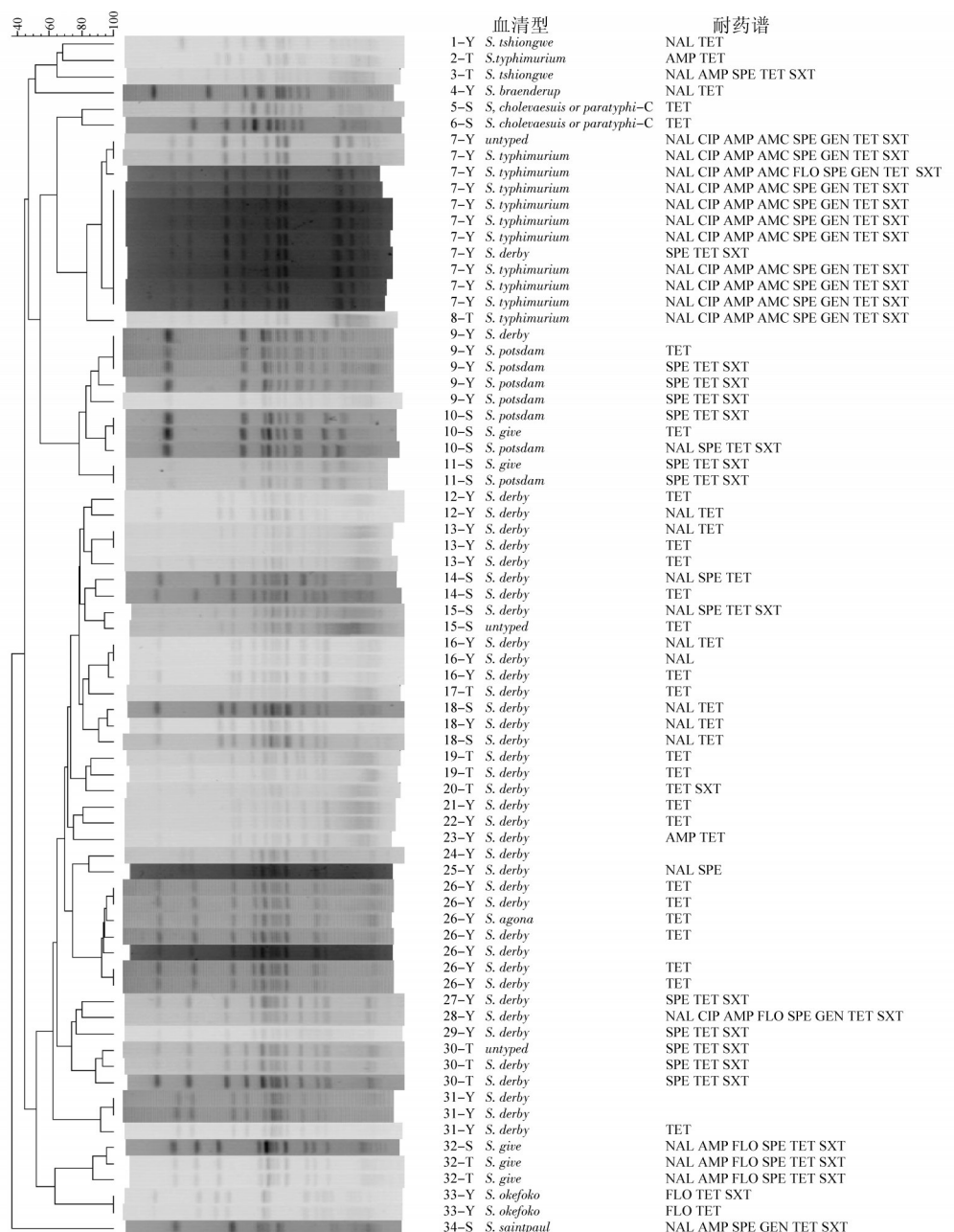


图3 猪肉生产链中74株沙门菌PFGE聚类分析图谱(*Xba*I内切酶)

FLO、GEN 和 TET 的耐药率有不同程度的降低,除了 TET 耐药率较高(85%)外,其他抗菌药物的耐药率均低于上述研究。养殖场沙门菌对 10 种药物产生了 13 种耐药谱,其中包含 4 种优势耐药谱。屠宰场沙门菌有 9 种耐药谱,市场沙门菌有 8 种耐药谱,包含 2 种优势耐药谱。食源性沙门菌的耐药性虽低于动物源沙门菌的耐药性,但后者可逐渐向前者传递^[13],因此从食品生产源头控制细菌耐药性对保障食品安全具有重要意义。

本研究参照美国 PulseNet 标准,利用 *Xba* I 对不同来源沙门菌进行酶切,结果 74 株菌分为 34 个 PFGE 谱型。结果表明,74 株菌的 PFGE 基因型相似性为 40%~100%,多数菌株的基因型相似性>50%,部分菌株表现出 100% 的基因同源性或较高的基因相似性,依据 Tenover 等^[14]判断标准,四川省猪肉生产链中大部分沙门菌在亲缘关系上有相关性,区域性特征明显。

本研究大部分沙门菌分离株的血清型、耐药表型和 PFGE 基因型趋于一致,例如 PFGE 型 7、9、13、18、26、30、32 等,其中 3 株德尔卑沙门菌(养殖场 1 株、市场 2 株)和 3 株吉韦沙门菌(屠宰场 2 株、市场 1 株)来自生产链不同环节但属于同一种 PFGE 谱型,可认为是相同的沙门菌克隆株。因此推断,猪肉生产链的沙门菌可能存在沿生产链水平传播。此外,部分沙门菌血清型虽然不相同,却表现出较高的基因同源性(如 PFGE 谱型 10、11、26),表明分离于生产链不同环节的沙门菌在进化上可能为某些基因型比较相似的沙门菌演变而来,这与国内其他文献结论一致^[15-17]。比较细菌 PFGE 分型和耐药谱型可见,相同 PFGE 分型的菌株其耐药谱型不一定相同(如 PFGE 谱型 12、13、33),而不同 PFGE 分型的菌株也可产生相同的耐药谱型(如 PFGE 谱型 12 和 18、9 和 30),可能是由于耐药基因发生突变,但是突变位点并不在 PFGE 酶切位点上,导致耐药情况不能从 PFGE 分型上表现出来^[18];也提示同一克隆型的菌株在增殖传播的过程中可能存在耐药质粒的获取或丢失,导致耐药性的改变,而不同克隆株间可能通过耐药质粒水平传播其耐药性^[19]。

参 考 文 献

- [1] Hald T, Vose D, Wegner HC, et al. A Bayesian approach to quantify the contribution of animal-food sources to human salmonellosis[J]. Risk Anal, 2004, 24(1): 255-269.
- [2] Pan ZM, Wang XQ, Zhang XM, et al. Changes in antimicrobial resistance among *Salmonella enterica* subspecies enterica serovar Pullorum isolates in China from 1962 to 2007 [J]. Vet Microbiol, 2009, 136(3/4): 387-392.
- [3] Van TT, Nguyen HN, Somooker PM, et al. The antibiotic resistance characteristic of non-typhoidal *Salmonella enterica*

- isolated from food-producing animals, retail meat and humans in South East Asia [J]. Int J Food Microbiol, 2012, 154(3): 98-106.
- [4] Aarestrup FM, Wegener HC, Collignon P. Resistance in bacteria of the food chain: epidemiology and control strategies[J]. Expert Rev Anti Infect Ther, 2008, 6(5): 733-750.
- [5] Hou XG. Isolation, identification, antibiotic resistance analysis and pulsed-field gel electrophoresis genotyping of *Salmonella* from main meat production chain in Sichuan [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2012. (in Chinese)
- [6] 侯小刚. 四川主要肉品生产链中沙门氏菌的分离鉴定、耐药性分析及 PFGE 分型[D]. 雅安:四川农业大学, 2012.
- [7] CLSI. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. Twentieth Informational Supplement. M100-S20 [S]. Clinical and Laboratory Standards Institute, Wayne, PA, USA, 2010: 34-38.
- [8] DANMAP 2010. Use of antimicrobial agents and occurrence of antimicrobial resistance in bacteria from food animals, food and humans in Denmark [R]. Statens Serum Institut, Danish Medicines Agency, National Veterinary Institute, Technical University of Denmark, National Food Institute, Technical University of Denmark, Denmark 2011: 150.
- [9] Ribot EM, Fair MA, Gautam R, et al. Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157: H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet [J]. Foodborne Pathog Dis, 2006, 3(1): 59-67.
- [10] Gomes-Neves E, Antunes P, Tavares A, et al. *Salmonella* cross-contamination in swine abattoirs in Portugal: carcasses, meat and meat handlers [J]. Int J Food Microbiol, 2012, 157(1): 82-87.
- [11] Ma MG, Wang HN, Yu Y, et al. Detection of antimicrobial resistance genes of pathogenic *Salmonella* from swine [J]. Acta Vet Zootech Sin, 2006, 37(1): 65-70. (in Chinese)
- [12] 马孟根, 王红宁, 余勇, 等. 猪源性沙门氏菌耐药基因的分析[J]. 畜牧兽医学报, 2006, 37(1): 65-70.
- [13] Zhong CD, Cheng AC, Wang MS, et al. Antimicrobial susceptibility testing and antimicrobial resistance analysis of pathogenic duck origin *Salmonella* from scaled duck farms [J]. Chin J Vet Med, 2008, 44(1): 35-37. (in Chinese)
- [14] 钟传德, 程安春, 汪铭书, 等. 规模化鸭场鸭源致病性沙门菌的药物敏感性检测及耐药性分析[J]. 中国兽医杂志, 2008, 44(1): 35-37.
- [15] Yang BW, Qu Dong, Zhang XL, et al. Prevalence and characterization of *Salmonella* serovars in retail meats of marketplace in Shaanxi, China [J]. Int J Food Microbiol, 2010, 141(1/2): 63-72.
- [16] Kich JD, Coldebella A, Morés N, et al. Prevalence, distribution, and molecular characterization of *Salmonella* recovered from swine finishing herds and a slaughter facility in Santa Catarina, Brazil [J]. Int J Food Microbiol, 2011, 151(3): 307-313.
- [17] Tenover FC, Arbeit RD, Goering RV. How to select and interpret molecular strain typing methods for epidemiological studies of bacterial infections: a review for healthcare epidemiologists [J]. Infect Control Hosp Epidemiol, 1997, 18(6): 426-439.
- [18] Zhou Z, Liu XM. Antimicrobial resistance patterning and molecular typing for isolates of foodborne *Salmonella typhimurium* in China [J]. Chin J Food Hyg, 2007, 19(3): 221-224. (in Chinese)
- [19] 周正, 刘秀梅. 中国食源性鼠伤寒沙门菌耐药谱及 PFGE 分型研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2007, 19(3): 221-224.
- [10] Yang BW, Zhang XL, Qu D, et al. Serotyping and genotypic characterization of *Salmonella* serovars from retail meat in Shaanxi province (2007-2008) [J]. Acta Microbiol Sin, 2010, 50(5): 654-660. (in Chinese)
- [11] 杨保伟, 张秀丽, 曲东, 等. 2007-2008 陕西部分零售畜禽肉沙门菌血清型和基因型[J]. 微生物学报, 2010, 50(5): 654-660.
- [12] Wang XQ. Pulsed-field gel electrophoresis genotyping and characterization of multi-drug-resistant *Salmonella enterica* isolates [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2007. (in Chinese)
- [13] 王晓泉. 不同来源多重耐药性沙门氏菌分离株耐药机制和脉冲场凝胶电泳分析[D]. 扬州: 扬州大学, 2007.
- [14] Ong G, Wilson I, Smyth B, et al. Antimicrobial resistance in non-typhoidal *Salmonellas* from humans in Northern Ireland, 2001-2003: standardization needed for better epidemiological monitoring [J]. Epidemiol Infect, 2007, 135(4): 675-680.
- [15] Yang LL, Chen ZL, Liu JH, et al. Molecular typing of multidrug-resistant *E. coli* isolated from farm animals, farmers and environment by pulsed-field gel electrophoresis [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2005, 39(12): 2597-2602. (in Chinese)
- [16] 杨玲丽, 陈杖榴, 刘健华, 等. 动物、环境及饲养员多重耐药大肠杆菌的 PFGE 分型研究[J]. 中国农业科学, 2005, 39(12): 2597-2602.

(收稿日期: 2013-10-22)

(本文编辑: 张林东)