

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
50(5):654-660; 4 May 2010
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q
<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>

2007-2008 陕西部分零售畜禽肉沙门氏菌血清型和基因型

杨保伟¹, 张秀丽², 曲东¹, 席美丽³, 崔生辉⁴, 申进玲³, 赵彪³, 寄宝义³, 孟江洪³

(西北农林科技大学,¹ 生命科学学院,³ 食品科学与工程学院, 杨凌 712100)

(² 河南省疾病预防控制中心, 郑州 450016)

(⁴ 中国药品生物制品检定所, 北京 100050)

摘要:【目的】研究 359 株在 2007-2008 年分离于陕西部分地区零售畜禽肉中沙门氏菌的血清型和基因型, 为确保食品安全提供依据。【方法】使用 WHO 指定的泰国 S&A 公司的沙门氏菌诊断血清, 采用玻片凝集法测定沙门氏菌的血清型。使用美国疾病预防控制中心推荐的脉冲场凝胶电泳方法确定沙门氏菌的 DNA 酶切图谱, BioNumerics 软件分析电泳结果, 确定沙门氏菌的基因型。【结果】359 株沙门氏菌共检出 24 个血清型, 以肠炎沙门氏菌 (*Salmonella* Enteritidis)、鼠伤寒沙门氏菌 (*S.* Typhimurium)、舒卜拉沙门氏菌 (*S.* Shubra)、印第安纳沙门氏菌 (*S.* Indiana) 和德尔卑沙门氏菌 (*S.* Derby) 等为主, 不常见血清型有圣保罗沙门氏菌 (*Salmonella* Saintpaul)、里地乌沙门氏菌 (*S.* Rideau)、田纳西沙门氏菌 (*S.* Tennessee)、汤卜逊沙门氏菌 (*S.* Thompson)、加里玛沙门氏菌 (*S.* Galiema)、卡罗尔沙门氏菌 (*S.* Kallo)、沙门氏菌 III a (*S.* III a)、罗森沙门氏菌 (*S.* Rissen) 和布兰卡斯特沙门氏菌 (*S.* Brancaster) 等。鸡肉中最常见血清型为肠炎沙门氏菌, 猪肉和羊肉中以德尔卑沙门氏菌检出率最高, 而牛肉中以里地乌沙门氏菌为主。359 株沙门氏菌使用 *Xba* I 酶切分型后, 按照 88% 的基因同源性, 可分为 7 个大簇。同一血清型的沙门氏菌分型后基本位于同一大簇之中, 虽然部分沙门氏菌的血清型不同, 但分型后仍表现出较高的基因同源性和相似的基因型。【结论】陕西零售肉沙门氏菌的血清型和基因型表现为多样性的特征。

关键词: 零售肉; 沙门氏菌; 血清型; 基因型

中图分类号: Q938 **文献标识码:** A **文章编号:** 0001-6209 (2010) 05-0654-07

沙门氏菌是公共卫生学上有重要意义的人畜共患病病原菌之一, 对人类的感染主要取决于其血清型和食用者的身体状况。许多血清型的沙门氏菌, 如肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌, 均可导致宿主产生腹泻等食源性疾病及其他症状^[1-4]。对食源性疾病爆发中不同菌株间同源关系的确定及其来源的追溯可通过基因分型的方法进行, 作为细菌基因分型的“黄金标准”, 脉冲场凝胶电泳 (Pulse Field Gel Electrophoresis, PFGE) 技术在病原菌分子分型中的应用研究在国外已广为报道^[5-9]。然而, 该技术并

未在国内已经开展的沙门氏菌相关研究中普遍使用, 除王晓泉 (2007)^[5] 和我国部分疾控中心外, 基本无 PFGE 技术在沙门氏菌分型中的应用研究。在陕西, 除马国柱等 (2003)^[10] 和张芳等 (2008)^[11] 2002-2006 年对食源性沙门氏菌进行了调查和血清分型外, 目前尚无针对该地区食源性沙门氏菌的最新研究及更为深入的报道。对食源性沙门氏菌进行血清型和基因型研究, 可以揭示沙门氏菌在不同地区、不同时间和不同种类食品中的分布、流行病学特征以及菌株之间的同源性, 为预警和控制食源性

基金项目: 长江学者讲座教授奖励计划项目 (Z111020001); 西北农林科技大学留学回国人员基金 (Z111020525)

作者简介: 杨保伟 (1974-), 男, 陕西商洛人, 主要从事食源性致病菌快速检测和多重耐药机理研究。Tel: +86-29-8709-2486; E-mail: ybwsheng@nwsuaf.edu.cn

收稿日期: 2009-11-08; **修回日期:** 2010-02-01

疾病爆发提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 菌株:沙门氏菌共 359 株, 分别于 2007 - 2008 年分离于采集自陕西省西安、宝鸡和杨凌等地的共 764 份零售肉鸡肉、猪肉、牛肉和羊肉样品, 菌株的分离和鉴定参考 Cui 等(2006)^[12]的方法进行。布伦登卢普沙门氏菌 (*Salmonella* Braenderup) H9812 为沙门氏菌 PFGE 分型用标准菌株, 为中国药品生物制品检定所崔生辉博士惠赠。

1.1.2 培养基和试剂:Luria-Bertani (LB) 营养琼脂和胰酪胨大豆琼脂 (Trypticase Soy Agar, TSA) 购自北京陆桥技术有限责任公司, 半固体营养琼脂购自广东环凯微生物科技有限公司。PFGE 专用琼脂糖 (SeaKem Gold Agarose) 购自美国 Cambrex 公司, 十二烷基硫酸钠 (SDS)、三羟甲基氨基甲烷盐酸 (TRIS-HCl)、乙二胺四乙酸 (EDTA)、苯甲基磺酰氟 (PMSF) 等购自 Sigma 公司, 硼酸和氯化钠购自西安化学试剂厂, 蛋白酶 K 和限制性内切酶 *Xba*I 购自宝生物工程(大连)有限公司 (TaKaRa), *Xba*I 酶切缓冲液及牛血清蛋白 (BSA) 为商品酶自带。

细胞悬浮液 (Cell Suspension Buffer)、细胞裂解液 (Cell Lysis Buffer)、蛋白酶 K 缓冲液、TE 缓冲液和 0.5 × TBE 电泳缓冲液均自行配制^[13]。

1.1.3 沙门氏菌血清分型用血清:泰国 S&A 公司诊断血清 (WHO 指定诊断血清)。包括沙门氏菌 O 多价抗血清 (*Salmonella* O Polyvalent Antiserum), O 群抗血清 (*Salmonella* O Group Antiserum), O 单因子抗血清 (*Salmonella* O Factor Antiserum), H 多价抗血清 (*Salmonella* H Polyvalent Antiserum), H 相抗血清 (*Salmonella* H phase Antiserum), H 单因子抗血清 (*Salmonella* H Factor Antiserum) 和 H 抗原诱导相抗血清 (*Salmonella* H for Phase Inversion Antiserum)。

1.2 血清型测定

沙门氏菌的血清型鉴定在河南省疾病预防控制中心完成。鉴定按照泰国 S&A 公司提供的沙门氏菌血清诊断操作步骤进行, 查阅 S&A 公司沙门氏菌抗血清诊断附录和沙门氏菌检验国家标准 (GB/T 4789.4 - 2008), 根据测定得到的抗原式确定沙门氏菌的血清型。

1.3 PFGE

PFGE 分型按照美国疾病预防控制中心推荐的分型方案进行^[13]。简言之, 沙门氏菌被专用琼脂糖

固定、裂解、洗涤后, 包埋 DNA 在 37 °C 水浴中使用 50 U 的 *Xba*I 至少酶切 2 h。得到的限制性 DNA 片段使用 Chef Mapper 脉冲场凝胶电泳分型, 电泳缓冲液为 0.5 × TBE, 电泳时间为 18 h, 电泳温度为 14 °C, 脉冲时间为 2.16 s - 63.8 s。凝胶使用溴化乙锭染色后成像, PFGE 成像结果使用 BioNumerics 软件聚类分析, 确定沙门氏菌的基因型和同源关系。布伦登卢普沙门氏菌 H9812 为分型标准质控菌。

2 结果和分析

2.1 不同种类零售肉中沙门氏菌血清型

359 株沙门氏菌共检出 24 个血清型 (表 1)。主要血清型为肠炎沙门氏菌 (31.5%), 其它分别为鼠伤寒沙门氏菌 (13.4%)、舒卜拉沙门氏菌 (10.0%)、印第安纳沙门氏菌 (9.7%) 和德尔卑沙门氏菌 (9.5%)。不常见血清型有圣保罗沙门氏菌、里地乌沙门氏菌、田纳西沙门氏菌、汤卜逊沙门氏菌、加里玛沙门氏菌、卡罗尔沙门氏菌、沙门氏菌 IIIa、罗森沙门氏菌和布兰卡斯特沙门氏菌等 (表 1)。

鸡肉中沙门氏菌主要血清型为肠炎沙门氏菌 (35.6%), 其次分别为鼠伤寒沙门氏菌 (13.0%)、舒卜拉沙门氏菌 (12.3%)、印第安纳沙门氏菌 (12.0%)、德尔卑沙门氏菌 (11.6%) 和丘古沙门氏菌 (*Salmonella* Djugu) (8.6%), 不常见血清型为罗森沙门氏菌、布兰卡斯特沙门氏菌、布伦登卢普沙门氏菌、利齐菲尔德沙门氏菌 (*Salmonella* Lithfield)、巴基斯坦沙门氏菌 (*Salmonella* Pakistan) 和比斯拉沙门氏菌 (*S. Bsilla*)。猪肉中主要血清型为德尔卑沙门氏菌 (36.8%)、肠炎沙门氏菌 (18.4%) 和鼠伤寒沙门氏菌 (15.8%), 不常见血清型为阿贡纳沙门氏菌 (*Salmonella* Agona)、里地乌沙门氏菌、巴基斯坦沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和沙门氏菌 II, 未检出舒卜拉沙门氏菌和丘古沙门氏菌。牛肉中肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌、舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌等检出率较低, 未检出奥兹马森沙门氏菌 (*S. Othmarschen*)、沙门氏菌 II、里地乌沙门氏菌、田纳西沙门氏菌和汤卜逊沙门氏菌等血清型。羊肉中主要为德尔卑沙门氏菌 (18.8%) 和丘古沙门氏菌 (18.8%), 其次为鼠伤寒沙门氏菌 (12.5%)、阿贡纳沙门氏菌 (12.5%) 和圣保罗沙门氏菌 (12.5%), 肠炎沙门氏菌、舒卜拉沙门氏菌和印第安纳沙门氏菌等检出率较低。

24 种血清型中, 罗森沙门氏菌、布兰卡斯特沙

门氏菌、布伦登卢普沙门氏菌、利齐菲尔德沙门氏菌、巴基斯坦沙门氏菌和比斯拉沙门氏菌等均为我国稀有沙门氏菌血清型。

2.2 不同地区零售肉沙门氏菌血清型

西安采集的零售肉中沙门氏菌共检出 20 种血清型,主要为肠炎沙门氏菌、舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌、丘古沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌,未检出奥兹马森沙门氏菌、里地乌沙门氏菌、利齐菲尔德沙门氏菌和巴基斯坦沙门氏菌等血清型(表 1)。其中从鸡肉中分离到的沙门氏菌共包括 19 种血清型,舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌、丘古沙门氏菌、肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌为主要血清型。猪肉中共分离出 4 个血清型的沙门氏菌,分别为德尔卑沙门氏菌、阿贡纳沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌和沙门氏菌 II。从牛肉和羊肉中分别分离出共 9 种和 6 种血清型的沙门氏菌,但每种血清型的菌株数量均较少(表 1)。

杨凌采集的零售肉共检出 15 种血清型的沙门氏菌,主要为肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌,未分离到圣保罗沙门氏菌、田纳西沙门氏菌、汤卜逊沙门氏菌、加里

玛沙门氏菌、沙门氏菌 III a、罗森沙门氏菌、布伦登卢普沙门氏菌和比斯拉沙门氏菌等。鸡肉中沙门氏菌共包括 13 种血清型,主要为肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌。猪肉源沙门氏菌共 6 个血清型,以肠炎沙门氏菌、德尔卑沙门氏菌和里地乌沙门氏菌为主。从牛肉中只检出阿贡纳沙门氏菌,羊肉中检出的沙门氏菌分别为鼠伤寒沙门氏菌、德尔卑沙门氏菌和婴儿沙门氏菌(*Salmonella Infantis*)(表 1)。

在宝鸡采集的零售肉中共检出 3 种血清型的沙门氏菌,分别为肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌(表 1)。

从表 1 还可知,从西安和杨凌分离到的沙门氏菌数量基本相当,分别为 161 株和 180 株,但该两地沙门氏菌检出的血清型却并不相同,分别为 20 种和 15 种。西安以舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和丘古沙门氏菌等 3 种血清型的沙门氏菌为主,杨凌却以肠炎沙门氏菌占绝对优势,以鼠伤寒沙门氏菌和印第安纳沙门氏菌比较常见。可见两地沙门氏菌所具有的血清型存在一定的差异。

表 1 不同采样点和不同零售肉沙门氏菌分离株的血清型

Table 1 Serotype of *Salmonella* Isolates in Different Sampling District

	Xian(西安)				Yangling(杨凌)				Baoji(宝鸡)				Total
	Chicken	Pork	Beef	Lamb	Chicken	Pork	Beef	Lamb	Chicken	Pork	Beef	Lamb	
<i>S. Enteritidis</i>	16		1	1	84	7			4				113
<i>S. Typhimurium</i>	12	3	2		20	2		2	6	1			48
<i>S. Shubra</i>	26		1	1	8								36
<i>S. Indiana</i>	22		1	1	10	1							35
<i>S. Derby</i>	4	5	2		9	4		3	2	5			34
<i>S. Djugu</i>	18		1	3	3								25
<i>S. Infantis</i>	7		1		2			1					11
<i>S. Agona</i>		4		2	2		1						9
<i>S. Othmarschen</i>					8								8
<i>S. Virchow</i>	4		1		3								8
<i>S. II</i>	3	1			3								7
<i>S. Saintpaul</i>	1		1	2									4
<i>S. Rideau</i>						4							4
<i>S. Tennessee</i>	3												3
<i>S. Thompson</i>	2												2
<i>S. Galiema</i>	2												2
<i>S. Kallo</i>	1				1								2
<i>S. III a</i>	2												2
<i>S. Rissen</i>	1												1
<i>S. Brancaster</i>	1												1
<i>S. Braenderup</i>	1												1
<i>S. Litchfield</i>					1								1
<i>S. Pakistan</i>						1							1
<i>S. Bsilla</i>			1										1
Total	126	13	12	10	154	19	1	6	12	6			359

2.3 沙门氏菌的基因型

包括 24 种血清型的 359 株沙门氏菌使用限制性内切酶 *Xba* I 酶切, PFGE 分型并对电泳结果聚类后, 按照 88% 的基因同源性, 可分为 7 个大簇 (图 1)。其中 A 簇包含 81 株沙门氏菌, 7 种血清型; B 簇包含 128 株沙门氏菌, 3 种血清型; C 簇包含 44 株菌, 10 种血清型, 为菌株和血清型种类较多的簇。D、E、F 和 G 等簇中菌株组成相对较少, 血清型也比较单一。

同一血清型的沙门氏菌 PFGE 分型后, 基本上

都位于同一大簇之中, 表明这些菌株的基因型比较相近, 同源性较高, 菌株在自然界的进化过程中可能有着较近的亲缘关系。例如, 研究中分离到的 25 株丘古沙门氏菌全部位于 D 簇, 48 株伤寒沙门氏菌全部位于 G 簇。113 株肠炎沙门氏菌虽然被分为 5 种不同的基因型, 但该 5 种基因型均包含于 B 簇之中, 各菌株的基因同源性接近 94%, 基因型高度相似。与之类似的是舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌、德尔卑沙门氏菌和阿贡纳沙门氏菌等血清型的菌株, 不但基因同源性很高, 基因型也非常相似。

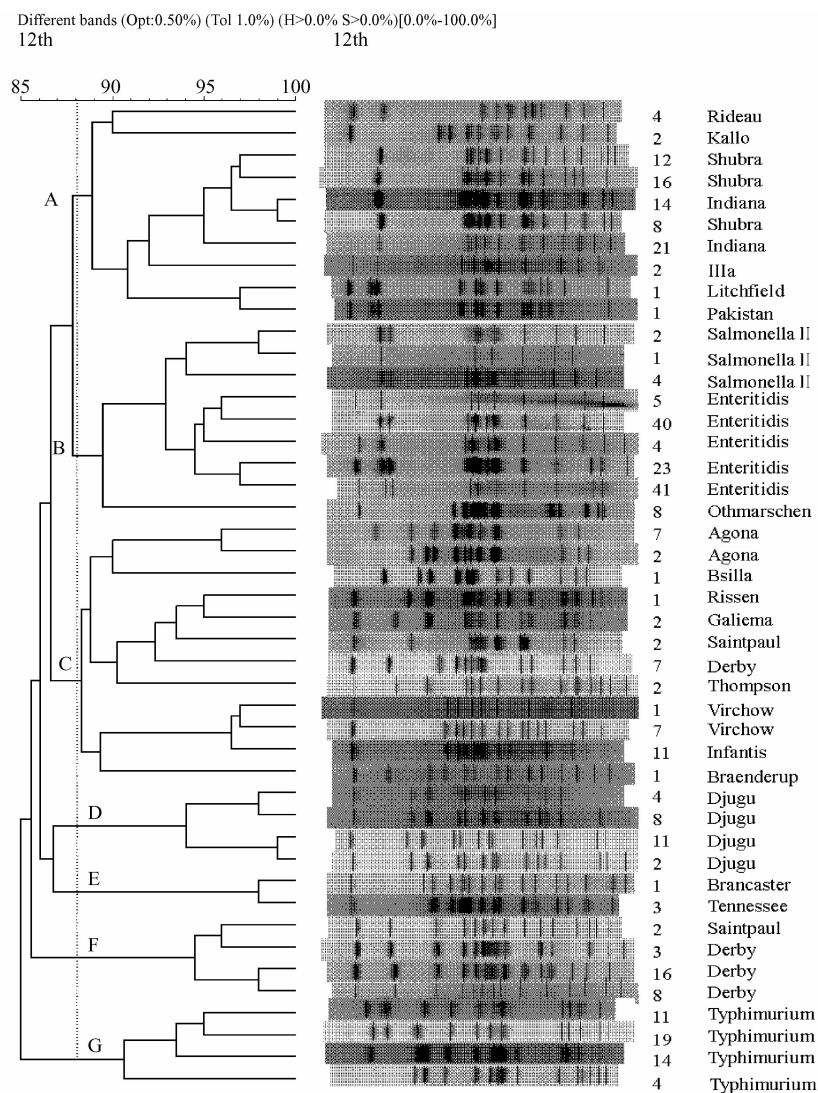


图 1 359 株食源性沙门氏菌 PFGE 基因型聚类结果

Fig. 1 Dendrogram of PFGE patterns of 359 foodborne *Salmonella*. A, B, C, D, E, F and G stand for the different genotypes subtyped by PFGE of foodborne *Salmonella*. The numbers behind the PFGE profiles are the numbers of *Salmonella* isolates that have the same PFGE pattern of each serotype.

此外, 从图 1 还可得知, 虽然部分沙门氏菌的血清型并不相同, 但其染色体 DNA 使用 *Xba* I 酶切、PFGE 分型后却表现出非常高的基因同源性 and 相似

的基因型。例如, A 簇中的 4 株里地乌沙门氏菌和 2 株卡罗尔沙门氏菌的基因同源性达到 90%, 另外 1 株利齐菲尔德沙门氏菌和 1 株巴基斯坦沙门氏菌

的基因同源性约在 97% 左右,该簇中 14 株印第安纳沙门氏菌和 8 株舒卜拉沙门氏菌的基因同源性甚至超过 98%,类似的结果也普遍存在于其它簇之中。由此表明,这些于不同时间分离于不同地区和不同零售肉种类沙门氏菌在进化上可能为具有较高基因同源性的沙门氏菌克隆演变而来,同时也表明沙门氏菌对食品污染时在时间、空间和地域上的宽广性及普遍性。

3 讨论

沙门氏菌在自然界分布广泛,种类繁多,至今已有 2,523 个血清型被发现,其中最容易引起人类患病的血清型主要为肠炎沙门氏菌、鼠伤寒沙门氏菌、德尔卑沙门氏菌和印第安纳沙门氏菌^[2-4]。在我国,引起食物中毒最常见的血清型主要是鼠伤寒沙门氏菌、都柏林沙门氏菌、德尔卑沙门氏菌、纽波特沙门氏菌和肠炎沙门氏菌等^[14]。

本研究表明,沙门氏菌中常见血清型为肠炎沙门氏菌(31.5%)、鼠伤寒沙门氏菌(13.4%)、舒卜拉沙门氏菌(10.0%)、印第安纳沙门氏菌(9.7%)和德尔卑沙门氏菌,与孟昭赫(1986)^[14]和 Xia 等(2009)^[2]报道的结果比较一致。这些被认为是主要引发很多国家和地区腹泻型疾病的沙门氏菌血清型在我国其他省份和各类食品中也被检出。王茂起等(2004)^[1]对我国食源性致病菌主动监测研究表明,2001 年我国食品中沙门氏菌的血清型主要为德尔卑沙门氏菌、阿贡纳沙门氏菌、肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌。张茂棠等(2005)^[15]从深圳市生鸡肉中分离到的沙门氏菌血清型主要为鼠伤寒沙门氏菌(26.5%)、肠炎沙门氏菌(20.6%)和阿贡纳沙门氏菌(20.6%)。张秀丽等(2009)^[16]对河南省 2006-2007 年生肉中沙门氏菌的血清型研究显示,该 2 年间污染生肉沙门氏菌仍以肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌为主。这些研究结果均和本研究所得结论一致。

研究中鸡肉源沙门氏菌最常见血清型为肠炎沙门氏菌,其它分别为鼠伤寒沙门氏菌、舒卜拉沙门氏菌、印第安纳沙门氏菌和德尔卑沙门氏菌,猪肉中主要为德尔卑沙门氏菌、肠炎沙门氏菌和鼠伤寒沙门氏菌,牛肉中为里地乌沙门氏菌,羊肉为德尔卑沙门氏菌和丘古沙门氏菌,与张秀丽等(2009)^[16]对河南省生鸡肉中沙门氏菌的血清型研究结果比较一致。蒋震羚等(2006)^[17]研究显示广西省 2002-2005 年猪肉、羊肉、牛肉和鸡肉中沙门氏菌的主要血清型均

为德尔卑沙门氏菌,韦太夫雷登沙门氏菌和肯塔基沙门氏菌分别为猪肉及牛肉和鸡肉中常见血清型。White 等(2001)^[18]研究表明,美国马里兰州鸡肉中沙门氏菌的血清型主要为伊斯坦布尔沙门氏菌,猪肉和牛肉中主要分别为鼠伤寒沙门氏菌和阿贡纳沙门氏菌。这些研究和本研究结果并不一致,表明即使食品种类相同,但其来源和地域不同,其中携带或污染沙门氏菌血清型之间也存在差异。

PFGE 分型直接对细菌染色体 DNA 进行分析,分辨力高,重复性好,是目前最理想的分型方法,常作为评价其他分型方法的参考标准^[9,19]。本研究采用美国 Pulse-Net 推荐的 PFGE 方法对 359 株沙门氏菌进行了分型,所有菌株都可得到 10-15 条左右的清晰条带,分型结果良好。按照 88% 的相似性,359 株沙门氏菌被分为 7 个大簇。同一血清型的沙门氏菌基本位于同一基因簇内,部分菌株使用 *Xba* I 酶切、PFGE 分型后表现出 100% 的基因同源性或较高的基因相似性。同时,部分簇内沙门氏菌血清型虽然并不相同,却显示出较高的基因同源性。表明不同时间分离于陕西省不同地区的沙门氏菌在进化上可能为某些基因型比较相似的特定克隆的沙门氏菌演变而来,这与周正和刘秀梅(2007)^[20]对我国食源性鼠伤寒沙门氏菌的研究结果,王晓泉等(2007)对^[5]分离自我国动物源性、食源性和饮食从业者肠道沙门氏菌进行 PFGE 分型后所得结论均比较一致。

PFGE 基因型及基因簇的多样性也在一定程度上表明陕西食源性沙门氏菌的变异度相对较大。马宏等(2006)^[6]在研究 1979-2005 年间河南省分离的伤寒沙门氏菌基因型时也得出 PFGE 基因型表现为多样性,各地区和不同年份间基因型具有交叉现象的结论。该现象出现的原因之一是沙门氏菌本身 PFGE 基因型具有多样性,如:金春光等(2005)^[7]报道在同一城市同年中分离的 14 株伤寒沙门氏菌具有 3 个 PFGE 基因型,Tsen 等(1999)^[8]等报道 55 株散发病例伤寒沙门氏菌具有 41 个基因型。另一个原因可能与沙门氏菌在陕西流行地区广泛、流行历史较长而受到免疫选择压力有关。

基于 DNA 组成研究的 PFGE 方法目前被认为是分子分型的最可信方法之一,为确定菌株之间的亲缘关系提供了可靠的技术手段^[21]。欧美很多发达国家均建立了基于 PFGE 技术的细菌分子分型国家电子网络(Pulse-Net)以确定各地致病菌的亲缘关系,追溯致病食品的源头。我国也分别在 2000 年

和 2002 年建立了国家食源性致病菌监测网和食源性疾病监测网, 为完善我们国家的食源性致病菌分型、溯源和预警体系奠定了基础^[22]。

致谢 感谢河南省疾病预防控制中心廖兴广老师和炊慧霞老师在实验中给予的指导和帮助。

参考文献

- [1] 王茂起, 冉陆, 王竹天, 等. 2001 年中国食源性致病菌及其耐药性主动监测研究. 卫生研究 (*Journal of Hygiene Research*), 2004, 33(1): 49-54.
- [2] Xia S, Hendriksen RS, Xie Z, et al. Molecular characterization and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* isolates from infections in humans in Henan province, China. *Journal of clinical microbiology*, 2009, 47(2): 401-409.
- [3] Bangtrakulnonth A, Pornreongwong S, Pulsrikarn C, et al. *Salmonella* serovars from humans and other sources in Thailand, 1993 - 2002. *Emerging Infectious Diseases*, 2004, 10:131-136.
- [4] Herikstad H, Motarjemi Y, Tauxe RV. *Salmonella* surveillance: a global survey of public health serotyping. *Epidemiology and Infection*, 2002, 129:1-8.
- [5] 王晓泉. 不同来源多重耐药性沙门氏菌分离株的耐药机制和脉冲场凝胶电泳分析. 扬州大学, 博士学位文. 2007.
- [6] 马宏, 王建丽, 黄丽莉, 等. 伤寒沙门氏菌 PFGE 基因分型研究. 医药论坛杂志 (*Journal of Medical Forum*), 2006, 27(19): 4-7.
- [7] 金春光, 徐景野, 章丹阳. 伤寒沙门菌的脉冲场凝胶电泳分型方法研究. 中国卫生检验杂志 (*Chinese Journal of Health Laboratory Technology*), 2005, 15(10): 1172-1173.
- [8] Tsen HY, Lin JS, Hu HH, et al. Use of pulsed field gel electrophoresis as an epidemiological tool for analysis of sporadic associated strains of *Salmonella typhi* isolated in Taiwan. *Journal of Applied Microbiology*, 1999, 86(5): 761-768.
- [9] Gaul SB, Wedel S, Erdman MM, et al. Use of pulsed - field gel electrophoresis of conserved XbaI fragments for identification of swine *Salmonella* serotypes. *Journal of Clinical Microbiology*, 2007, 45(2): 472-476.
- [10] 马国柱, 王安礼, 刘长宏, 等. 2002 年陕西省食品中食源性致病菌监测. 中国食品卫生杂志 (*Chinese Journal of Food Hygiene*), 2003, 15(6): 489-491.
- [11] 张芳, 马国柱, 潘立, 等. 陕西省 2002 - 2006 年食源性致病菌污染状况. 中国公共卫生 (*China Public Health*), 2008, 24(2): 222-224.
- [12] Cui S, J Zheng, J Meng. An improved method for rapid isolation of *Salmonella* from chicken carcasses. *Journal of Food Safety*. 2006, 26:49-61.
- [13] Ribot EM, Fair MA, Gautom R, et al. Standardization of pulsed - field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet. *Foodborne Pathogen Disease*, 2006, 3: 59-67.
- [14] 孟昭赫 主编. 食品卫生检验方法注解(微生物学部分). 1986, 北京: 人民卫生出版社
- [15] 张茂荣, 林琳, 刘渠, 等. 深圳市生鸡肉中沙门菌的耐药性研究. 现代预防医学 (*Modern Preventive Medicine*), 2005, 32(7): 732-733.
- [16] 张秀丽, 廖兴广, 郝宗宇, 等. 2006-2007 年河南省生肉食品中沙门菌的主动监测及其 DNA 指纹图谱库的建立. 中国卫生检验杂志 (*Chinese Journal of Health Laboratory Technology*), 2009, 19(7): 1545-1548.
- [17] 蒋震铃, 吕素玲, 唐振柱, 等. 2002 - 2005 年广西食品中沙门氏菌的监测与分析. 实用预防医学 (*Practical Preventive Medicine*), 2006, 13(5): 1262-1264.
- [18] White DG, Zhao S, Sudler R, et al. The isolation of antimicrobial-resistant *Salmonella* from retail ground meats. *New England Journal of Medicine*, 2001, 345(16): 1147-1154.
- [19] Fakhr MK, Sherwood JS, Thorsness J, et al. Molecular characterization and antibiotic resistance profiling of *Salmonella* isolated from retail turkey meat products. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2006, 3(4): 366-374.
- [20] 周正, 刘秀梅. 中国食源性鼠伤寒沙门菌株耐药谱及 PFGE 分型研究. 中国食品卫生杂志 (*Chinese Journal of Food Hygiene*), 2007, 19(3): 221-224.
- [21] Lukinmaa S, Takkunen E, Siitonen A. Molecular epidemiology of *Clostridium perfringens* related to foodborne outbreaks of disease in Finland from 1984 to 1999. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(8): 3744-3749.
- [22] 冉陆. 食源性致病菌及食源性疾病的监测动态. 中国食品卫生杂志 (*Chinese Journal of Food Hygiene*), 2001, 13(4): 42-44.

Serotypic and genotypic characterization of *Salmonella* Serovars from retails meat in Shaanxi province (2007 – 2008)

Baowei Yang^{1*}, Xiuli Zhang², Dong Qu¹, Meili Xi³, Shenghui Cui⁴, Jinling Shen³, Biao Zhao³, Baoyi Ji³, Jianghong Meng³

(¹College of Life Science, ³College of Food Science and Engineering, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China)

(²Henan Center for Disease Control and Prevention, Zhengzhou 450016, China)

(⁴National Institute for the Control of Pharmaceutical and Biological Products, Beijing 100050, China)

Abstract: [**Objective**] *Salmonella* isolates isolated from retail meats in Shaanxi Province in 2007 – 2008 were characterized to determine their serotypes and genotypes. [**Methods**] Serotyping of 359 *Salmonella* was performed using slide agglutination method using *Salmonella* hyperimmune sera, whereas genomic DNA profiles were obtained using pulse field gel electrophoresis (PFGE) with *Xba*I. The data were analyzed and a dendrogram was generated using the BioNumerics Software. [**Results**] A total of 24 serotypes were identified among the 359 *Salmonella* isolates. The most common serotypes were Enteritidis, Typhimurium, Shubra, Indiana and Derby. Other serotypes were also identified, including Saintpaul, Rideau, Tennessee, Thompson, Galiema, Kallo, III a, Rissen and Brancaster. Enteritidis and Rideau were most common in chicken and beef, respectively, whereas Derby was most common in in pork and lamb. Seven PFGE clusters were observed among the 359 isolates with 88% similarity. *Salmonella* isolates with the same serotypes were assigned to the same clusters with only a few exceptions. [**Conclusion**] *Salmonella* present in retail meats were phenotypically and genotypically diverse. A database on serotyping and molecular subtyping of *Salmonella* will enable us better understand the epidemiology of foodborne salmonellosis and identify their source more rapidly and accurately.

Keywords: *Salmonella*; Retail Meat; Serotype; Genotype

(本文责编:张晓丽)

Supported by The Program for Changjiang Scholars and the Funding of Project for Chinese Overseas Returnees of Northwest Agriculture and Forestry University. (Z111020001, Z111020525)

* Corresponding author. Tel: +86-29-87092486; E-mail: ybwsheng@nwsuaf.edu.cn

Received: 8 November 2009/Revised: 1 February 2010