

· 实验技术 ·

绍兴市市售生畜肉沙门菌分子分型与耐药分析

何琴芬, 蒋卓婧, 唐诗洁, 周梁康, 张琴超

绍兴市疾病预防控制中心微生物检验科, 浙江 绍兴 312071

摘要: **目的** 了解浙江省绍兴市市售生畜肉中沙门菌的分子分型与耐药特征, 为耐药沙门菌防控提供依据。**方法** 于2023年3—11月采集绍兴市超市、农贸市场和餐饮店生畜肉样品检测沙门菌, 进行血清分型; 采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)和多位点序列分型(MLST)进行分子分型; 采用微量肉汤稀释法和全基因组测序(WGS)进行耐药表型和耐药基因分析。**结果** 329份生畜肉中检出沙门菌34株, 检出率为10.33%; 检出14种血清型, 优势血清型为里森沙门菌和伦敦沙门菌, 分别为9和8株, 占26.47%和23.53%。PFGE分型获得31种带型图谱和23个带型簇, 相似度为30.80%~100.00%, 无明显优势带型。MLST共检出15种序列型别(ST), 其中里森沙门菌均为ST469型, 伦敦沙门菌均为ST155型。对四环素和氨苄西林的耐药率较高, 分别为44.12%和35.29%。共产生13种耐药谱, 其中8种为多重耐药谱, 多重耐药率为29.41%。检测到8类14种耐药基因, 其中氨基糖苷类耐药基因*aac(6)-Iaa*携带率为100.00%; 苯丙醇类抗生素耐药表型与耐药基因一致性最高, 为97.06%; 喹诺酮类抗生素耐药表型与耐药基因无一致性。**结论** 绍兴市市售生畜肉样品检出的沙门菌血清型以里森沙门菌和伦敦沙门菌为主; PFGE带型呈现多态性, MLST主要为ST469型和ST155型; 对四环素和氨苄西林耐药率较高, 存在多重耐药现象。

关键词: 生畜肉; 沙门菌; 血清型; 耐药; 脉冲场凝胶电泳; 多位点序列分型

中图分类号: R378.2

文献标识码: A

文章编号: 2096-5087 (2024) 10-0915-06

Molecular typing and drug resistance of *Salmonella* in market-sold raw livestock meats in Shaoxing City

HE Qinfen, JIANG Zhuojing, TANG Shijie, ZHOU Liangkang, ZHANG Qincao

Department of Microbiological Inspection, Shaoxing Center for Disease Control and Prevention, Shaoxing, Zhejiang 312071, China

Abstract: Objective To investigate the molecular typing and drug resistance of *Salmonella* in market-sold raw livestock meats in Shaoxing City, Zhejiang Province, so as to provide the basis for the prevention and control of drug-resistant *Salmonella*. **Methods** *Salmonella* isolates were detected and serotyped from raw livestock meat samples collected from supermarkets, agricultural markets and restaurants in Shaoxing City between March and November 2023. Molecular typing was performed using pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) and multilocus sequence typing (MLST). Antibiotic resistance phenotypes and resistance gene analyses were conducted using broth microdilution method and whole genome sequencing. **Results** A total of 34 *Salmonella* isolates were detected from 329 samples and the positive rate was 10.33%. There were 14 serotypes, with *S. Rissen* (9 isolates, 26.47%) and *S. London* (8 isolates, 23.53%) being dominant. PFGE typing revealed 31 band patterns and 23 banding pattern clusters of *Salmonella*, and the similarity ranged from 30.80% to 100.00%, without dominant band patterns. MLST identified 15 sequence typing (ST) types, and *S. Rissen* were all ST469 and *S. London* were all ST155. *Salmonella* strains exhibited high levels of resistance to tetracycline (44.12%) and ampicillin (35.29%). Thirteen resistance patterns were identified, with 8 multidrug resistant patterns

DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2024.10.021

基金项目: 绍兴市科技计划项目基础公益类 (2023A14019)

作者简介: 何琴芬, 本科, 主管技师, 主要从事食品卫生微生物检验工作

通信作者: 张琴超, E-mail: 984114654@qq.com

(29.41%)。There were 8 classes of 14 resistance genes, with aminoglycoside resistance gene *aac(6')-Iaa* found in 100.00% of the strains. The highest concordance rate between the resistance phenotype and gene was observed for phenicol antibiotics (97.06%), while there was no concordance between the quinolone resistance phenotype and genes. **Conclusions** *S. Rissen* and *S. London* are the predominant serotypes in market-sold raw livestock meats in Shaoxing City. The PFGE band types of the *Salmonella* isolates show polymorphism distribution, and MLST are mainly ST469 and ST155. The isolates have high levels of resistance to tetracycline and ampicillin, manifesting multidrug resistance.

Keywords: raw livestock meat; *Salmonella*; serotype; drug resistance; pulsed-field gel electrophoresis; whole genome sequencing

沙门菌是引起食源性疾病暴发的主要致病菌，其广泛分布对公共卫生构成了严重威胁^[1-2]。2012—2020年绍兴市共报道7起沙门菌暴发事件，暴露人数为463人，罹患率达20.52%^[3]。沙门菌血清型多样，且不同地区、不同来源的优势血清型不同，增加了沙门菌的监测和溯源难度。抗生素耐药是沙门菌防控与治疗的难点^[4]，我国耐药沙门菌的比例呈上升趋势，尤其是β-内酰胺类、喹诺酮类、四环素类和利福平类耐药沙门菌^[5]；多重耐药菌株日益增多，且其耐药基因可在不同种类细菌之间传播^[6-7]。本研究对绍兴市市售生畜肉中分离的34株沙门菌进行分析，了解其分子分型与耐药特征，为食源性沙门菌感染防控及临床用药提供依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集

于2023年3—11月随机采集绍兴市市售生畜肉329份，分别来源于超市135份、农贸市场181份和餐饮店13份，包括猪肉185份、牛肉93份、羊肉50份和兔肉1份。

1.2 主要仪器与试剂

基质辅助激光解析飞行时间质谱仪（德国Bruker）；VITEK-2 Compact全自动细菌鉴定/药敏分析系统（法国BioMérieux）；Sensititre AIM全自动菌液接种仪、AIM Vizion微生物药敏分析仪（美国Thermo）；CHEF Mapper型PFGE仪（美国Bio-Rad）；Gel XR型凝胶成像仪（美国Bio-Rad）。缓冲蛋白胨水、四硫磺酸钠煌绿增菌液、亚硒酸盐胱氨酸增菌液和亚硫酸铋琼脂（青岛海博）；沙门菌属显色培养基（法国科玛嘉）；VITEK-2革兰阴性细菌鉴定卡（法国BioMérieux）；沙门菌属诊断血清试剂盒（丹麦SSI）；革兰阴性需氧菌药敏检测板（美国Thermo）；限制性内切酶*Xba* I（美国Promega）；蛋白酶K（美国Thermo）；Seakem Gold Agarose（美国Lonza）；沙门菌H9812由浙江省疾病预防控制中心提供；铜绿假单胞菌ATCC 27853、大肠埃希菌ATCC 35218购

自北京中源合聚生物科技有限公司。

1.3 方法

1.3.1 菌株分离与血清分型

称取25g样品加入到225mL缓冲蛋白胨水中，(36±1)℃培养18h后，分别取1mL培养液转种于四硫磺酸钠煌绿增菌液和亚硒酸盐胱氨酸增菌液内，混匀后分别置于(42±1)℃和(36±1)℃培养24h，划线接种于亚硫酸铋琼脂平板和沙门菌属显色培养基平板，置于(36±1)℃分别培养48h和24h；挑取可疑菌落，使用全自动细菌鉴定/药敏分析系统和质谱仪进行生化鉴定，对鉴定为沙门菌的菌株进行血清学分型。按照沙门菌属诊断血清试剂盒说明书进行玻片凝集试验，根据考夫曼-怀特抗原表确定沙门菌血清型。

1.3.2 分子分型

脉冲场凝胶电泳（pulsed-field gel electrophoresis, PFGE）参照《2023年国家食源性疾病预防工作手册》推荐的食源性致病菌标准操作方案进行。刮取适量新鲜菌落制成1.3×10⁹ CFU/mL菌悬液，使用1% Seakem Gold进行包埋，制备胶块。将胶块转移至含蛋白酶K的细胞裂解液中，54℃裂解4h。用预热至50℃无菌超纯水、TE缓冲液清洗胶块。用限制性内切酶*Xba* I 37℃酶切4h。设置电泳条件：电压6.0 V/cm，脉冲参数2.16~63.80 s，时间19.5 h，温度14℃。Gelred染色后，使用凝胶成像仪读取电泳图谱；运用BioNumerics V7.6软件对电泳图谱进行处理，使用非加权配对算术平均法进行聚类分析，条带位置差异容许度和优化值均为1%。以沙门菌H9812作为参考株。

委托上海伯杰有限公司开展全基因组测序（whole genome sequencing, WGS），将组装拼接好的序列上传至pubMLST数据库（<https://pubmlst.org/organisms>）进行多位点序列分型（multilocus sequence typing, MLST），获得沙门菌序列型别（sequence typing, ST）。

1.3.3 耐药表型和耐药基因检测

采用微量肉汤稀释法进行药敏试验，测定沙门菌

对青霉素类抗生素氨苄西林 (AMP), β -内酰胺类抗生素氨苄西林/舒巴坦 (AMS)、阿莫西林/克拉维酸 (AMC)、头孢他啶/阿维巴坦 (CZA), 头孢类抗生素头孢西丁 (CFX)、头孢唑啉 (CFZ)、头孢呋辛 (CFM)、头孢噻肟 (CTX)、头孢他啶 (CAZ)、头孢吡肟 (CPM)、头孢噻吩 (CEF), 碳氢霉烯类抗生素亚胺培南 (IPM)、美罗培南 (MEM)、厄他培南 (ETP), 氨基糖苷类抗生素庆大霉素 (GEN)、链霉素 (STR)、阿米卡星 (AMI), 乳菌肽脂肽类抗生素多黏菌素 E (CT)、多黏菌素 B (PB), 大环内酯类抗生素阿奇霉素 (AZM), 四环素类抗生素四环素 (TET)、替加环素 (TIG), 喹诺酮类抗生素萘啶酸 (NAL)、环丙沙星 (CIP), 苯丙醇类抗生素氯霉素 (CHL)、氟苯尼考 (FFC) 和叶酸途径抑制剂甲氧苄啶/磺胺甲噁唑 (SXT) 的耐药情况。挑取纯菌培养的新鲜菌落, 制成 1.5×10^8 CFU/mL 菌悬液; 取 10 μ L 上述菌悬液于 11 mL 无菌肉汤培养基中, 充分混匀; 使用 Sensititre AIM 全自动菌液接种仪接种后, 将 50 μ L 上述稀释菌液加至药敏板微孔中, (36 ± 1) $^{\circ}$ C 培养 18~20 h; 利用微生物药敏分析仪判读药敏结果。以铜绿假单胞菌 ATCC 27853 和大肠埃希菌 ATCC 35218 作为质控菌株。折点判断 (S: 敏感; I: 中介; R: 耐药) 参照《2023 年国家食源性疾病预防工作手册》食源性致病菌药敏试验标准操作程序。耐药谱型为菌株所耐抗生素的集合; 菌株同时耐抗生素 3 类及以上定义为多重耐药, 该耐药谱型为多重耐药谱型^[8]。耐药基因基于 WGS 所得的序列, 使用在线分析工具 ResFinder 4.5.0 (<http://www.genepi.food.dtu.dk/resfinder>) 检测。

根据药敏试验结果判定菌株为表型耐药或不耐药。根据抗生素耐药基因携带情况判定菌株为该抗生素耐药基因阳性或阴性。将表型耐药且耐药基因阳性和表型不耐药且耐药基因阴性判定为耐药表型与耐药基因一致, 一致率 = (表型耐药且耐药基因阳性菌株数 + 表型不耐药且耐药基因阴性菌株数) / 菌株总数。

2 结果

2.1 沙门菌检出情况及血清分型结果

检测生畜肉样品 329 份, 检出沙门菌 34 株, 检出率为 10.33%, 其中 30 株来源于猪肉, 2 株来源于牛肉, 2 株来源于羊肉。血清分型结果显示, 34 株沙门菌鉴定出 14 种血清型, 以里森沙门菌、伦敦沙门菌和吉韦沙门菌为主, 分别为 9、8 和 3 株, 占

26.47%、23.53% 和 8.82%, 另外, I 4, [5], 12:i:-、德尔卑沙门菌、山夫登堡沙门菌各 2 株, 鼠伤寒沙门菌、阿贡纳沙门菌、波恩沙门菌、黄金海岸沙门菌、乌干达沙门菌、汤卜逊沙门菌、纽波特沙门菌和印第安纳沙门菌各 1 株。

2.2 分子分型

除 2 株沙门菌因 DNA 降解而无法分型外, 其余沙门菌共获得 31 种 PFGE 带型图谱, 带型相似度为 30.80%~100.00%, 其中仅有 2 株沙门菌带型相同, 无明显优势带型。以带型相似度大于 85.00% 为标准可分为 23 个带型簇。

基于 WGS 的 MLST 分型结果显示, 34 株沙门菌检出 15 种 ST 型。9 株里森沙门菌均为 ST469 型; 8 株伦敦沙门菌均为 ST155 型; 3 株吉韦沙门菌均为 ST516 型; 2 株德尔卑沙门菌均为 ST40 型; 2 株 I 4, [5], 12:i:-沙门菌均为 ST34 型; 2 株山夫登堡沙门菌分别为 ST185 型、ST14 型。比较两种分子分型结果显示, PFGE 带型簇相同, ST 型也相同; 反之, ST 型相同, PFGE 带型簇不一定相同。见图 1。

2.3 耐药情况

2.3.1 耐药表型分析

34 株沙门菌中有 21 株对抗生素存在耐药, 耐药率为 61.76%, 对 TET、AMP 的耐药率较高, 分别为 44.12%、35.29%。未检测到 CZA、CPM、IPM、MEM、ETP、AMI、TIG 和 CIP 的耐药株。所有菌株对碳氢霉烯类抗生素 IPM、MEM 和 ETP 均表现为敏感。见表 1。10 株沙门菌为多重耐药, 多重耐药率为 29.41%, 其中有 4 株沙门菌最高耐受 6 类抗生素。耐药谱型共有 13 种, 其中 8 种为多重耐药谱。见图 2。

2.3.2 耐药基因检测结果

34 株沙门菌检出 8 类 14 种抗生素耐药基因, 所有菌株均携带氨基糖苷类耐药基因 *aac(6)-Iaa*, 携带率最高; 14 株携带四环素类耐药基因, 携带率为 41.18%。另外, 2 株里森沙门菌携带季胺盐类消毒剂耐药基因 *qacE*。见图 2。

2.3.3 耐药表型与耐药基因一致性

34 株沙门菌耐药表型与抗生素耐药基因关联分析结果显示, 苯丙醇类、四环素类、叶酸途径抑制剂、 β -内酰胺类、氨基糖苷类、喹诺酮类抗生素耐药表型与耐药基因一致率分别为 97.06%、85.29%、82.35%、79.41%、23.53% 和 0, 见表 2。其中 8 株沙门菌携带喹诺酮类耐药基因 *qnrS1*, 但对 CIP 表现为 7 株中介和 1 株敏感。

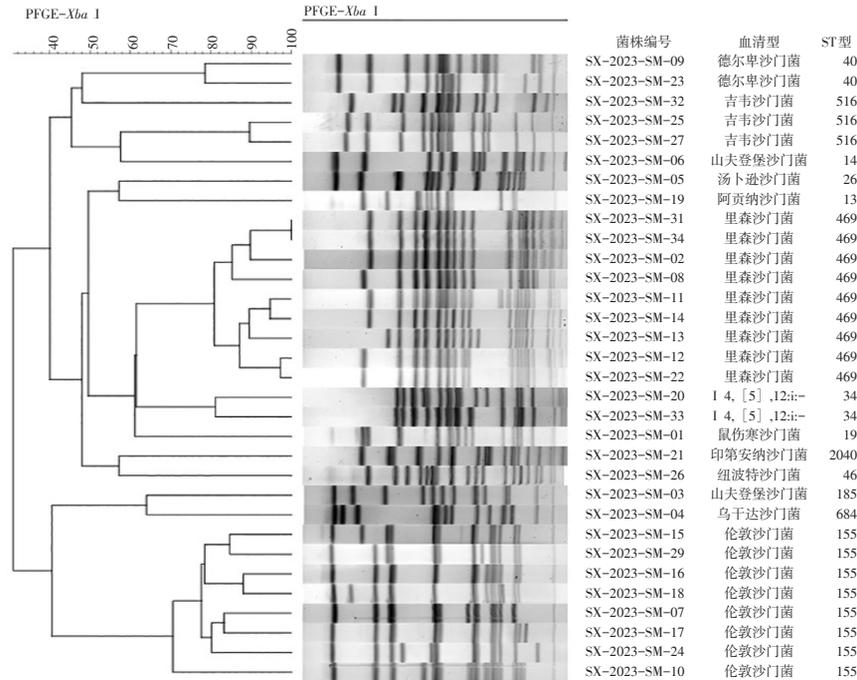


图 1 2023 年绍兴市市售生畜肉沙门菌分子分型

Figure 1 Molecular typing analysis of *Salmonella* from market-sold raw livestock meats in Shaoxing City, 2023

表 1 2023 年绍兴市市售生畜肉沙门菌耐药情况 [n (%)]

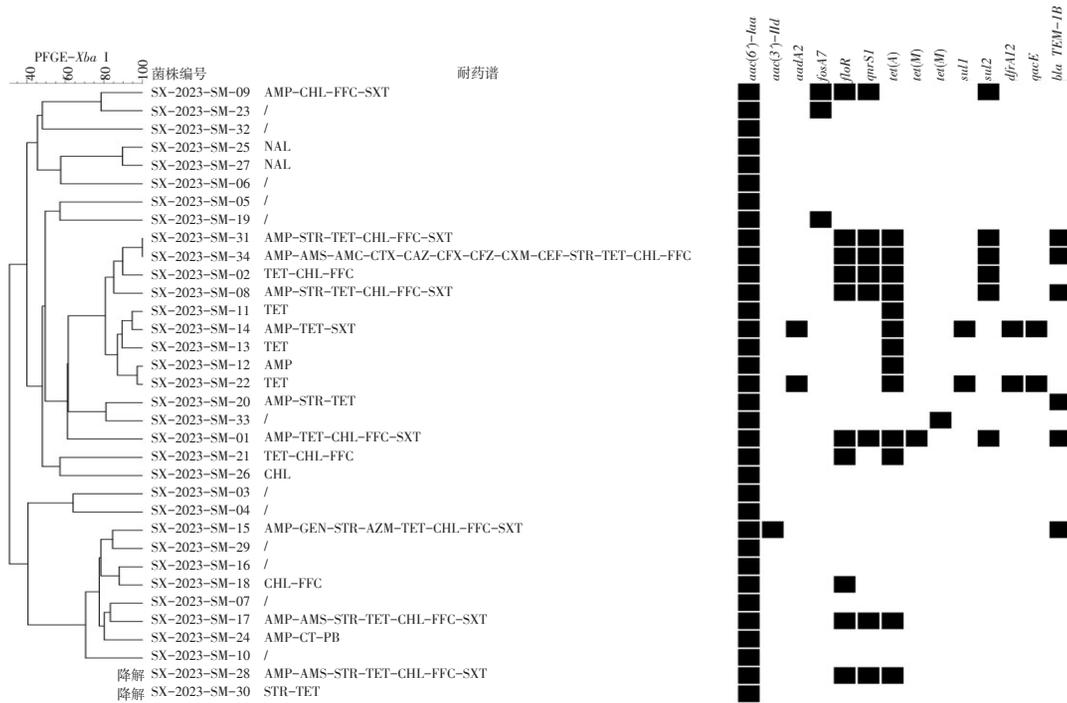
Table 1 Drug resistance of *Salmonella* from market-sold raw livestock meats in Shaoxing City, 2023 [n (%)]

抗生素	耐药	中介	敏感
AMP	12 (35.29)	1 (2.94)	21 (61.76)
AMS	3 (8.82)	8 (23.53)	23 (67.65)
AMC	1 (2.94)	1 (2.94)	32 (94.12)
CZA	0		34 (100.00)
CFX	1 (2.94)	0	33 (97.06)
CFZ	1 (2.94)	8 (23.53)	25 (73.53)
CXM	1 (2.94)	0	33 (97.06)
CTX	1 (2.94)	0	33 (97.06)
CAZ	1 (2.94)	0	33 (97.06)
CPM	0	0	34 (100.00)
CEF	1 (2.94)	0	33 (97.06)
IPM	0	0	34 (100.00)
MEM	0	0	34 (100.00)
ETP	0	0	34 (100.00)
GEN	1 (2.94)	0	33 (97.06)
STR	8 (23.53)		26 (76.47)
AMI	0	0	34 (100.00)
CT	1 (2.94)	33 (97.06)	
PB	1 (2.94)	33 (97.06)	
AZM	1 (2.94)		33 (97.06)
TET	15 (44.12)	0	19 (55.88)
TIG	0	0	34 (100.00)
NAL	2 (5.88)		32 (94.12)
CIP	0	10 (29.41)	24 (70.59)
CHL	11 (32.35)	1 (2.94)	22 (64.71)
FFC	11 (32.35)	1 (2.94)	22 (64.71)
SXT	8 (23.53)	0	26 (76.47)

3 讨论

本研究于 2023 年 3—11 月采集绍兴市 329 份市售生畜肉分离出 34 株沙门菌，共检出 14 种血清型，优势血清型为里森沙门菌、伦敦沙门菌，与广西壮族自治区^[9]、湖州市^[10]、深圳市福田区的报道结果^[11]相似，但与余姚市的报道结果^[12]不同，提示沙门菌优势血清型的分布存在一定的地域性。

PFGE 分型结果显示，34 株沙门菌共获得 31 种带型图谱，分属于 23 个带型簇，未发现明显的优势带型，表明绍兴市市售生畜肉源沙门菌 PFGE 型别呈现多态性，与郑州市研究结果^[13]相似。根据 TENOVER 等^[14]提出的原则判断菌株间关系，提示 34 株沙门菌亲缘关系较低。另外相同采样时间、不同采样地点检出的 2 株里森沙门菌 SX-2023-SM-31 和 SX-2023-SM-34 高度同源，推断可能存在相同的传染源或供应链。本研究还基于 WGS 对沙门菌进行 MLST 分型，发现 2 株里森沙门菌的 ST 型一致，进一步说明了两者可能存在相同传染源或供应链。除山夫登堡沙门菌对应 2 种 ST 型 (ST185 和 ST14)，其余菌株数≥2 的血清型均只对应 1 种 ST 型，说明血清型与 ST 型间有较好的相关性，与彭思露等^[15]报道结果一致。另外，本研究对 2 种分子分型结果进行比较，发现相同的 PFGE 带型簇有相同的 MLST 分型，相同的 MLST 分型存在相同或不同的 PFGE 带型簇，但仍需扩大菌株数量更准确细致研究 2 种



注：/表示耐药谱为全敏感；■表示耐药基因阳性。

图 2 2023 年绍兴市市售生畜肉沙门菌耐药谱及耐药基因携带情况

Figure 2 Drug resistance spectrum and genes of *Salmonella* from market-sold raw livestock meats in Shaoxing City, 2023

表 2 2023 年绍兴市市售生畜肉沙门菌耐药表型与耐药基因比较

Table 2 Comparison of drug resistance phenotype and genotype of *Salmonella* from market-sold raw livestock meats in Shaoxing City, 2023

抗生素类别	表型耐药		表型不耐药		一致率/%
	耐药基因 阳性株数	耐药基因 阴性株数	耐药基因 阳性株数	耐药基因 阴性株数	
β-内酰胺类	1	2	5	26	79.41
氨基糖苷类	8	0	26	0	23.53
四环素类	12	3	2	17	85.29
喹诺酮类	0	2	8	0	0
苯丙醇类	10	1	0	23	97.06
叶酸途径抑制剂	5	3	3	23	82.35

方法之间的关系。

药敏试验结果显示，34 株沙门菌对 TET、AMP 耐药率较高，与温州市研究结果^[16]相似；多重耐药率为 29.41%，与刘军等^[17]报道结果相似，低于黄邵军等^[12]研究结果，可能与不同地区的养殖业使用的抗菌药物种类不同有关。提示应根据本地区已知沙门菌耐药情况，选择适当的抗生素治疗，减少耐药株的产生。本研究采用 WGS 技术成功检测了沙门菌的耐药基因，分析了沙门菌的耐药表型与耐药基因的关

系，发现苯丙醇类、四环素类、叶酸途径抑制剂、β-内酰胺类、氨基糖苷类、喹诺酮类抗生素耐药表型与耐药基因一致性存在差异。34 株沙门菌均携带氨基糖苷类耐药基因 *aac(6)-Iaa*，但药敏试验结果显示仅有 8 株菌耐药；8 株沙门菌携带喹诺酮类耐药基因 *qnrS1*，但 CIP 表型为中介或敏感。这与耐药基因的表达水平、药物的抗菌活性、酶的稳定性及基因型的流行有关^[18]。2 株里森沙门菌携带季胺盐类消毒剂耐药基因 *qacE*，推测该类菌可能会增加畜禽业养殖环境污染及医院感染的处置难度。

综上所述，绍兴市市售生畜肉中分离出的沙门菌血清型以里森沙门菌和伦敦沙门菌为主，对常见抗生素耐药率较高，存在多重耐药，且抗生素耐药表型与耐药基因一致性存在差异，为制定有效的防控策略以及指导临床合理用药提供了理论依据。

参考文献

[1] 李红秋, 郭云昌, 宋壮志, 等. 2019 年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析 [J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33 (6): 913-917.
 [2] 李红秋, 贾华云, 赵帅, 等. 2021 年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析 [J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34 (4): 816-821.
 [3] 邢超, 王琦梅, 任蒋磊, 等. 2012—2022 年绍兴市食源性疾病暴发事件流行特征分析 [J]. 预防医学, 2023, 35 (6): 506-508, 513.

- [4] 刘玥, 顾其芳, 刘诚, 等. 2016年上海市市售肉制品中沙门菌耐药谱与分型研究 [J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30 (2): 132-138.
- [5] WANG Y N, LIU Y, LYU N, et al. The temporal dynamics of antimicrobial-resistant *Salmonella enterica* and predominant serovars in China [J/OL]. Natl Sci Rev, 2022, 10 (3) [2024-09-12]. <https://doi.org/10.1093/nsr/nwac269>.
- [6] 施春雷. 食源性致病微生物研究的新动态 [J]. 食品安全质量检测学报, 2019, 10 (18): 5981-5982.
- [7] 吴云凤, 袁宝君, 乔昕, 等. 肉鸡胴体中沙门氏菌的分离鉴定及多重耐药谱研究 [J]. 南京医科大学学报 (自然科学版), 2012, 32 (1): 125-128.
- [8] 李春辉. MDR、XDR、PDR 多重耐药菌暂行标准定义——国际专家建议 [J]. 中国感染控制杂志, 2014, 13 (1): 62-64.
- [9] 姚雪婷, 蒋玉艳, 谭冬梅, 等. 2012—2017年广西壮族自治区市售食品中沙门菌监测数据分析 [J]. 中国食品卫生杂志, 2019, 31 (5): 449-455.
- [10] 陈莉萍, 严伟, 吴晓芳, 等. 2015—2021年湖州市食品中沙门菌污染与分子分型研究 [J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35 (2): 218-223.
- [11] 张金金, 梁静, 莫浩联, 等. 2012—2017年福田区食品中沙门菌污染状况监测及分子特征研究 [J]. 热带医学杂志, 2019, 19 (7): 816-821.
- [12] 黄邵军, 袁珊珊, 诸佳辉, 等. 浙江省余姚市猪肉和鸡肉中沙门菌的多样性及耐药性分析 [J]. 疾病监测, 2022, 37 (3): 396-400.
- [13] 赵雪蕾, 周鹏, 安戈, 等. 郑州市儿童感染性腹泻病原菌监测结果 [J]. 预防医学, 2022, 34 (4): 389-394.
- [14] TENOVER F C, ARBEIT R D, GOERING R V, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed field gel electrophoresis: criteria for bacterial strain typing [J]. J Clin Microbiol, 1995, 33 (9): 2233-2239.
- [15] 彭思露, 周厚德, 游兴勇, 等. 2014—2018年江西省食源性疾病患者沙门菌分离株 MLST 分型及流行特征研究 [J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35 (10): 1538-1544.
- [16] 胡玉琴, 章乐怡, 李毅, 等. 温州市沙门菌血清型、耐药性和 PFGE 指纹图谱研究 [J]. 预防医学, 2019, 31 (6): 640-642.
- [17] 刘军, 吴莹, 张杰, 等. 淄博市 342 份市售生肉中食源性沙门菌的型别特点及耐药性 [J]. 现代预防医学, 2018, 45 (8): 1508-1527.
- [18] 吴植, 郝福星, 刘莉, 等. 禽源沙门菌氨基糖苷类耐药表型及耐药基因研究 [J]. 中国家禽, 2016, 38 (17): 56-58.

收稿日期: 2024-07-03 修回日期: 2024-09-12 本文编辑: 周琪鑫

· 读者 · 作者 · 编者 ·

2024年优秀论文评选活动

为发现和培养优秀论文作者, 促进学术繁荣, 推动学科发展, 本刊 2024 年继续开展优秀论文评选活动。每期评选月度优秀论文 5~10 篇, 颁发优秀论文证书; 整卷出版后, 评选年度优秀论文 1 篇, 奖励 3000 元; 创新奖 10 篇, 奖励 1000 元。优秀论文通过本刊官网和微信公众号同步推送, 并向中国科学技术协会“科技期刊双语传播工程”项目推荐, 提高作者和论文的影响力。

《预防医学》杂志是浙江省科学技术协会主管、浙江省预防医学会主办、《预防医学》编辑部编辑出版的预防医学与卫生学期刊, 是中华预防医学会系列杂志。被中国科技核心期刊 (中国科技论文统计源期刊)、《中国学术期刊影响因子年报》统计源期刊、RCCSE 中国核心学术期刊、《科技期刊世界影响力指数 (WJCI) 报告》、世界卫生组织西太平洋地区医学索引 (WPRIM) 等国内外数据库收录。

2022 年获得第 31 届浙江树人出版奖提名奖, 2021 年评为第七届华东地区优秀期刊, 2020 年入选第二十七届北京国际图书博览会 (BIBF) 2020 中国精品期刊主题展。近年来, 还获得中华预防医学会期刊质量进步奖、浙江省优秀科技期刊奖、优秀期刊特色奖等荣誉。

咨询电话: (0571) 87115487, 投稿网址: www.zjyfyxzz.com。

《预防医学》编辑部