

云南省 2016—2022 年志贺氏菌分子分型及耐药性分析

尹艳珠¹⁾, 杨祖顺²⁾, 邹颜秋硕²⁾, 任翔²⁾, 国译丹²⁾, 范璐²⁾

(1) 漾濞县疾病预防控制中心检验科, 云南 漾濞 672500;

2) 云南省疾病预防控制中心检验中心, 云南 昆明 650022)

[摘要] **目的** 对云南省 2016—2022 年食源性疾病主动监测分离的志贺氏菌进行血清、分子分型和药敏试验等分析, 了解云南省志贺氏菌的病原学特性, 为志贺氏菌感染的防控和治疗提供数据支持。**方法** 2016 年 1 月至 2022 年 12 月从患者粪便中分离志贺氏菌, 采用玻片凝集法进行血清学分型, 脉冲场凝胶电泳(PFGE)进行分子分型分析, 微量肉汤稀释法进行药敏试验。**结果** 共分离志贺氏菌 89 株, 其中福氏志贺氏菌占 52.81%, 宋内志贺氏菌占 47.19%。PFGE 分析发现, 2 种志贺氏菌均分为 A 和 B 2 个聚类簇, B 簇为优势簇。47 株福氏志贺氏菌分为 30 种 PFGE 带型, 有 3 组优势带型, 42 株宋内志贺氏菌分为 22 种 PFGE 带型, 有 4 组优势带型, 并识别两起疑似暴发事件。志贺氏菌对 13 种抗生素存在不同程度的耐药, 78.65% 的菌株为多重耐药菌株。**结论** 云南省志贺氏菌 PFGE 优势带型明显, 部分带型聚集分布。耐药形势严峻, 多重耐药现象严重。福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌耐药表型存在差异。

[关键词] 志贺氏菌; 血清型; 脉冲场凝胶电泳; 耐药性

[中图分类号] R378.2 **[文献标志码]** A **[文章编号]** 2095 - 610X(2024)07 - 0079 - 08

Investigation of Molecular Typing and Drug Resistance of *Shigella* in Yunnan Province from 2016 to 2022

YIN Yanzhu¹⁾, YANG Zushun²⁾, ZOU Yanqiushuo²⁾, REN Xiang²⁾, GUO Yidan²⁾, FAN Lu²⁾

(1) Yangbi Center for Disease Control and Prevention, Yangbi Yunnan 672500; 2) Inspection Center, Yunnan Center for Disease Control and Prevention, Kunming Yunnan 650022, China)

[Abstract] **Objective** To analyze the serum typing, PFGE molecular typing, and drug-resistance of *Shigella* strains isolated from the active surveillance for foodborne diseases in Yunnan province from 2016 to 2022, the aim is to understand the pathogen characteristics of *Shigella* in this period and provide the data support for the control and treatment of *Shigella* infection. **Methods** *Shigella* strains were isolated from the feces of patients between January 2016 and December 2022. Serological typing of the strains was performed using the slide agglutination. Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) was employed to detect the molecular typing of the strains. Drug resistance test was achieved by the broth microdilution method. **Results** A total of 89 *Shigella* strains were isolated, of which *Shigella flexneri* accounted for 52.81% and *Shigella sonnei* 47.19%. Both *Shigella flexneri* and *Shigella sonnei* were divided into A and B clusters in PFGE analysis, with B as the predominant cluster. The PFGE bands of 47 *Shigella flexneri* strains were categorized as 30 types with 3 dominant classes, while 42 *Shigella sonnei* strains contained 22 types PFGE bands with 4 dominant classes. Two suspected outbreaks were distinguished. *Shigella* displayed varying degrees of drug resistance to 13 antibiotics, with a 78.65% of multiple resistant strains. **Conclusion** The dominant PFGE bands of *Shigella* in Yunnan province were clear, partial of which appeared the clustering distribution. The drug resistance of *Shigella* was severe and the phenomena of multiple drug resistance

[收稿日期] 2024 - 02 - 18

[基金项目] 云南省重点科技专项计划基金资助项目(202002AE32005)

[作者简介] 尹艳珠(1984~), 女, 云南剑川人, 医学学士, 主管技师, 主要从事微生物检验工作。

[通信作者] 范璐, E-mail: 273886578@qq.com

were very serious. Drug resistance prototypes between *Shigella flexneri* and *Shigella sonnei* were different.

[**Key words**] *Shigella*; Serum typing; Pulsed field gel electrophoresis; Drug-resistance

志贺氏菌属(*Shigella*)是引起细菌性痢疾的主要病原菌,按照血清学可分为痢疾志贺氏菌、福氏志贺氏菌、鲍氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌。由其引起细菌性痢疾的临床症状为畏寒伴有高热,继以腹痛、腹泻和里急后重,每天排便 10 次以上并呈脓血便,伴有中度的全身中毒症状^[1]。每年全球约 1.67 亿人次感染志贺氏菌,其中绝大部分感染在发展中国家。目前,我国细菌性痢疾的发病率仍显著高于发达国家^[2]。随着抗生素的大量使用,志贺氏菌对临床常用抗菌药物产生了较严重的耐药性^[3],WHO 已将志贺氏菌的耐药问题列为全球公共卫生危机之一。本研究收集了 2016~2022 年云南省食源性疾病主动监测分离的 89 株志贺氏菌,通过血清玻片凝集、脉冲场凝胶电泳(pulsed-field gel electrophoresis, PFGE)和抗菌药敏感性实验,了解云南省志贺氏菌病原特征,分析分子分型及耐药情况,为云南省志贺氏菌引起的食源性疾病的防控和治疗提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 菌株来源

采自 2016 年 1 月至 2022 年 12 月云南省食源性疾病主动监测哨点医院的腹泻患者粪便样本,样本通过生化试验和血清学的方法分离鉴定出 89 株志贺氏菌,其中 47 株福氏志贺菌,42 株宋内志贺氏菌。

1.2 培养基及试剂

志贺氏菌增菌肉汤、麦康凯(MAC)琼脂、木糖赖氨酸脱氧胆盐(XLD)琼脂、三糖铁(TSI)琼脂(北京陆桥技术股份有限公司);志贺氏菌诊断血清(宁波天润生物有限公司);GN 鉴定卡(法国梅里埃公司)。蛋白酶 K、Tris-HCl 和 TBE(索莱宝生物科技有限公司);内切酶 Not I 和 Xba I(日本 TaKaRa 公司);药敏检测板(上海星佰生物技术有限公司)。沙门氏菌标准菌株 H9812、药敏质控菌株为金黄色葡萄球菌 ATCC29213、大肠埃希氏菌 ATCC25922 和铜绿假单胞菌 ATCC27853 均由本实验室保存。所有试剂均在有效期内使用。

1.3 仪器设备

VITEK 2 全自动微生物生化鉴定系统(法国梅

里埃公司),凝胶成像系统和 CHEF-MAPPER PFGE 仪(美国伯乐公司),药敏菌液接种仪(美国赛默飞科技公司)。

1.4 研究方法

1.4.1 菌株复核及鉴定 将分离到的志贺氏菌用全自动微生物生化鉴定仪鉴定确认,用玻片凝集法进行血清分型。

1.4.2 脉冲场凝胶电泳分型 参照 Pulse Net China 技术手册对志贺氏菌进行 PFGE 分型。其中福氏志贺氏菌用 Not I 酶切,宋内志贺氏菌用 Xba I 酶切。最后用 Bionumerics 7.6 软件构建 PFGE 聚类图。

1.4.3 药物敏感试验 微量肉汤稀释法进行药敏试验,得到敏感(S)、中介(I)和耐药(R)的结果。抗菌药包括氨苄西林(AMP)、头孢唑啉(CFZ)、头孢噻肟(CTX)、头孢他啶(CAZ)、阿奇霉素(AZM)、亚胺培南(IMP)、氨苄西林/舒巴坦(AMS)、头孢西丁(CFX)、庆大霉素(GEN)、环丙沙星(CIP)、萘啶酸(NAL)、四环素(TET)、氯霉素(CHL)、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(SXT)共计 7 类 14 种。

1.4.4 统计学处理 采用 IBM spss statistics v19 对检测数据进行统计分析。福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌之间耐药差异采用卡方进行检验比较。当样本量 <40 或期望值 <5 时,采用 Fisher 确切概率检验法。 $P < 0.05$ 为差异具有统计学意义。

2 结果

2.1 志贺氏菌血清分型

2016 年 1 月至 2022 年 12 月共收集 158 株疑似志贺氏菌,通过生化试验和血清学的方法分离鉴定出 89 株志贺氏菌。福氏志贺氏菌占 52.81%(47/89),其中福氏 2a 型为主要血清型,占 76.60%(36/47)。宋内志贺氏菌占 47.19%(42/89),其中 I 相占 35.71%(15/42),II 相为优势血清型,占 64.29%(27/42),见表 1。

2.2 志贺氏菌 PFGE 分子分型

福氏志贺氏菌用 Not I 酶切后,PFGE 图谱显示带型相似度在 57.3%~100%,分为 A 簇占 4.26%(2/47)和 B 簇占 95.74%(45/47),在 B 簇中 80.00%的菌株(36/45)相似度大于 90.7%,见图 1。

表 1 云南省 2016—2022 年志贺氏菌血清型分布情况(n)
Tab. 1 Serum typing of *Shigella* in Yunnan province from 2016 to 2022 (n)

年份	福氏志贺氏菌血清型								福氏志贺菌合计	宋内志贺氏菌血清型		宋内志贺菌合计	总计
	1a	2a	2b	4a	4c	5b	6型	Y变种		I 相	II 相		
2016年	0	8	0	1	0	0	0	0	9	2	7	9	18
2017年	0	10	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	10
2018年	1	4	0	0	1	1	2	1	10	1	7	8	18
2019年	0	6	1	0	0	0	1	0	8	11	12	23	31
2020年	2	7	0	0	0	0	0	0	9	1	1	2	11
2021年	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
2022年	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
合计	3	36	1	1	1	1	3	1	47	15	27	42	89

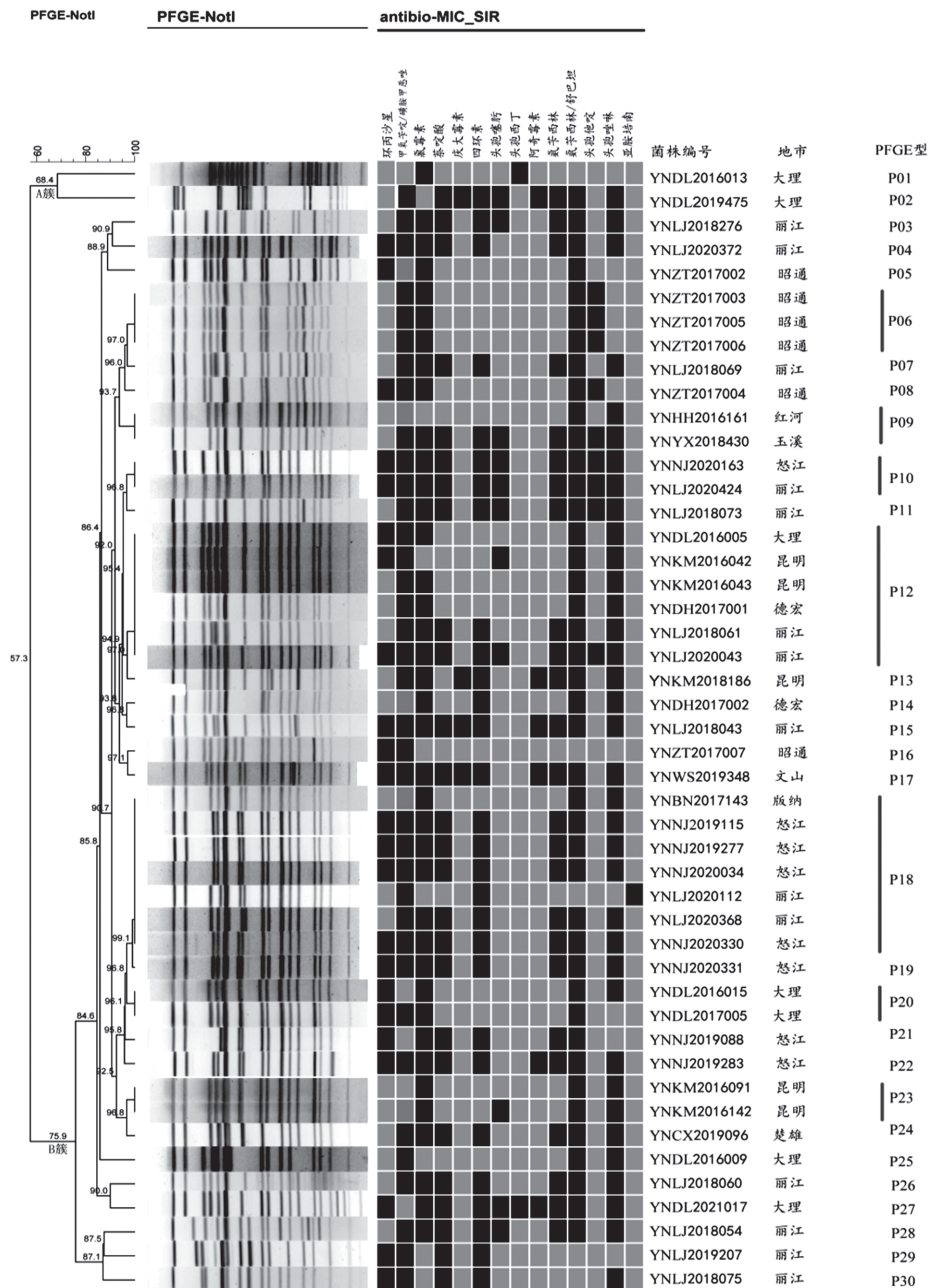


图 1 福氏志贺氏菌 PFGE 聚类和药敏结果分析

Fig. 1 Analysis of PFGE bands cluster and drug susceptibility of *Shigella flexneri*

注: 黑色方块代表耐药; 黑灰色方块代表中介; 灰色方块代表敏感。

PFGE 带型共分为 30 种，虽然呈现多样性的特点，但是仍然有优势带型，依次为 P06 型(3 株)、P12 型(6 株)、P18 型(7 株)，且部分优势带型中的菌株有时间和地域聚集性的特征：P06 型中的全部 3 株菌株均分离于 2017 年的昭通昭阳区，P18 型中的 4 株均分离于怒江泸水地区。福氏志贺氏菌 PFGE 带型和耐药谱之间没有明显的相关性，见图 1。

宋内志贺氏菌用 Xba I 酶切后，PFGE 图谱显示带型相似度在 83.7%~100%，分为 A 簇占 14.29%(6/42)和 B 簇占 85.71%(36/42)，在 B 簇中

94.44% 的菌株(34/36)相似度大于 90.7%，见图 2。PFGE 带型共分为 22 种，呈现明显的聚集性，优势带型依次为 P01 型(3 株)、P05 型(7 株)、P07 型(9 株)和 P10 型(3 株)。部分优势和非优势带型中的菌株间有明显的时间和地域聚集性特征：在优势带型中，P01 型中的全部 3 株菌株均分离于 2018 年，P05 型中全部 7 株和 P07 型中全部 9 株均分离于 2019 年，P10 型中的 2 株均分离自 2016 年红河开远市；在非优势带型中，P12 型中的 2 株分离自 2016 年大理祥云县，P20 中的 2 株分离自 2020 年昆明市盘龙区。部分宋内志贺氏菌

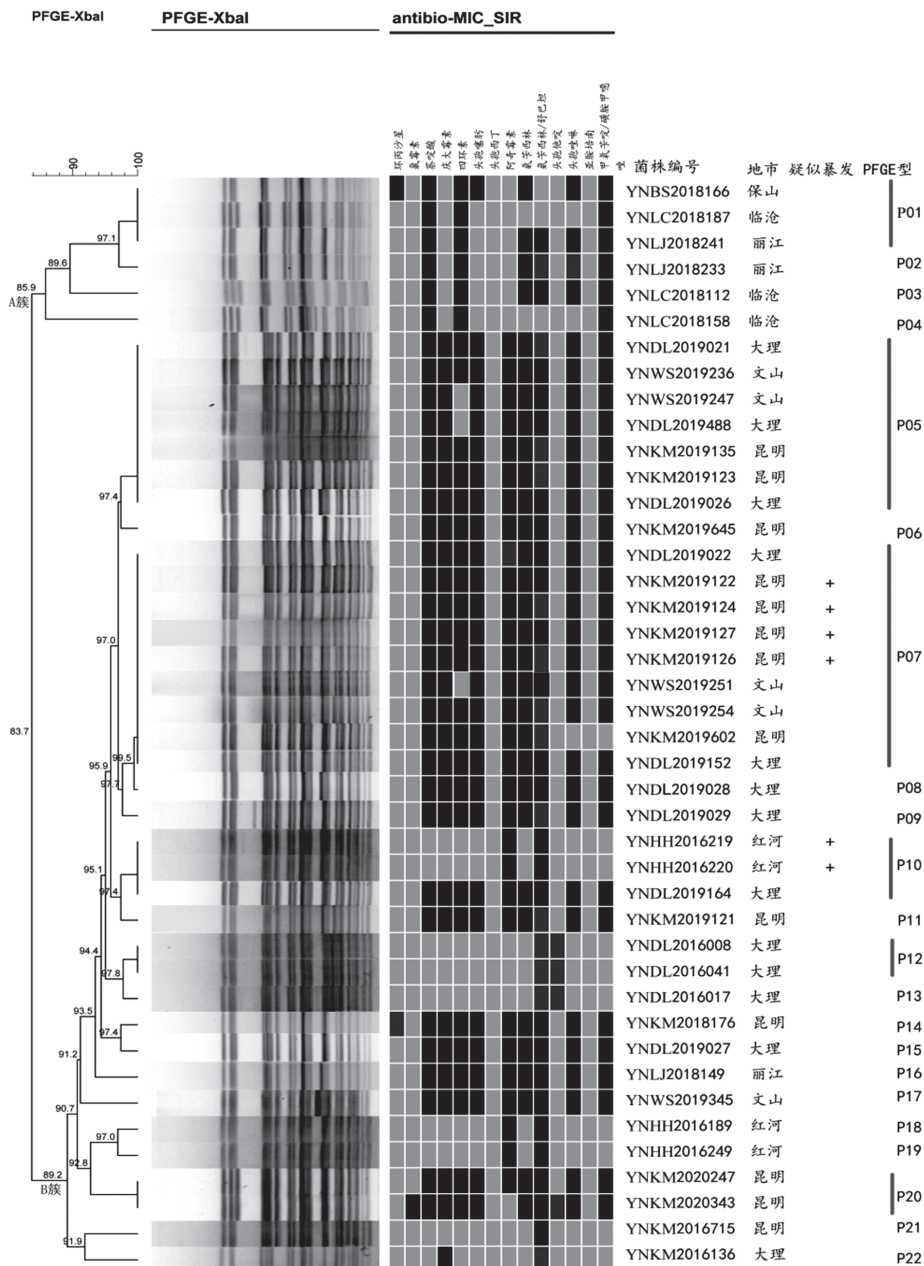


图 2 宋内志贺氏菌 PFGE 聚类和药敏结果分析

Fig. 2 Analysis of PFGE bands cluster and drug susceptibility of *Shigella sonnei*

注：黑色方块代表耐药；黑灰色方块代表中介；灰色方块代表敏感。

带型和耐药谱之间有明显的相关性, P05 型菌株为耐药克隆群, 耐药谱接近, 均 8~9 重耐药, 而 P12 型耐药谱完全相同。值得注意的是, P07 带型中 4 株昆明西山区的分离株和 P10 带型中 2 株红河开远市的分离株在采样时间和地点上高度一致, 且耐药结果也基本一致, 识别为 2 起疑似暴发, 见图 2。

2.3 志贺氏菌的耐药性分析

89 株志贺氏菌对 14 种抗生素中的 13 种均存在不同程度的耐药, 其中对 SXT(77.53%)、AMS

(69.66%)、NAL(66.29%)、TET(66.29%)、AMP(62.92%)和 CFZ(55.06%)高度耐药, 对 IMP 是 100% 不耐药, 见表 2。福氏志贺氏菌对 CHL(80.85%)、SXT(78.72%)、AMS(78.72%)、TET(61.70%)、NAL(55.32%)和 AMP(53.19%)耐药性较高, 其余均小于 50.00%。宋内志贺氏菌对 NAL(78.57%)、SXT(76.19%)、AMP(73.81%)、TET(71.43%)、AZM(69.05%)、CFZ(69.05%)、CTX(66.67%)、GEN(66.67%)和 AMS(59.52%)耐药性较高, 其余均小于 50.00%。

表 2 2016—2022 年 89 株志贺氏菌对 14 种抗生素的药敏试验结果 [n(%)]

Tab. 2 Results of drug susceptibility test of 89 *Shigella* strains to 14 antibiotics from 2016 to 2022 [n(%)]

抗生素	耐药率			χ^2	P
	47株福氏志贺菌	42株宋内志贺菌	合计		
β内酰胺类					
氨苄西林(AMP)	53.19(25/47)	73.81(31/42)	62.92(56/89)	4.041	0.044*
头孢唑啉(CFZ)	42.55(20/47)	69.05(29/42)	55.06(49/89)	6.292	0.012*
头孢噻肟(CTX)	21.28(10/47)	66.67(28/42)	42.70(38/89)	18.677	<0.001*
头孢他啶(CAZ)	8.51(4/47)	0.00(0/42)	4.49(4/89)	—	0.073
阿奇霉素(AZM)	8.51(4/47)	69.05(29/42)	37.08(33/89)	34.840	<0.001*
亚胺培南(IMP)	0.00(0/47)	0.00(0/42)	0.00(0/89)	—	—
氨苄西林/舒巴坦(AMS)	78.72(37/47)	59.52(25/42)	69.66(62/89)	3.869	0.049*
头霉素类					
头孢西丁(CFX)	2.13(1/47)	0.00(0/42)	1.12(1/89)	—	0.528
氨基糖苷类					
庆大霉素(GEN)	8.51(4/47)	66.67(28/42)	35.96(32/89)	32.576	<0.001*
氟喹诺酮类					
环丙沙星(CIP)	38.30(18/47)	2.38(1/42)	21.35(19/89)	17.041	<0.001*
萘啶酸(NAL)	55.32(26/47)	78.57(33/42)	66.29(59/89)	5.367	0.021*
四环素类					
四环素(TET)	61.70(29/47)	71.43(30/42)	66.29(59/89)	0.939	0.333
氯霉素类					
氯霉素(CHL)	80.85(38/47)	2.38(1/42)	43.82(39/89)	55.477	<0.001*
磺胺类					
甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(SXT)	78.72(37/47)	76.19(32/42)	77.53(69/89)	0.082	0.775

* $P < 0.05$ 。

福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌之间耐药差异显著, 9 种抗生素 MIC 值差异有统计学意义, 见表 2。福氏志贺氏菌对 CAZ 耐药(8.51%), 而宋内志贺氏菌对 CAZ 100% 敏感。福氏志贺氏菌对 CIP 的耐药性(38.30%)显著高于宋内志贺氏菌(2.38%), 而宋内志贺氏菌对 CTX 和 GEN 的耐药性(66.67%和 66.67%)显著高于福氏志贺氏菌(21.28%和 8.51%)。

2.4 志贺氏菌的多重耐药分析

对 3 种及以上抗生素耐药判定为多重耐药。志贺氏菌多重耐药率为 78.65%(70/89), 见表 3 和表 4。福氏志贺氏菌耐 5 种及以上抗生素的占比为 53.19%(25/47), 无明显的优势耐药谱。宋内志贺氏菌对 5 种以上抗生素具有多重耐药性的占 71.43%(30/42), 有 2 个优势耐药谱, 分别为 NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+CFZ+SXT 和

表 3 云南志贺氏菌对 14 种抗生素的多重耐药构成情况

Tab. 3 Multiple drug-resistance constitution of *Shigella* strains to 14 antibiotics

多重耐药	福氏志贺氏菌多重耐药情况		宋内志贺氏菌多重耐药情况		志贺氏菌多重耐药情况	
	耐药菌株数	构成比(%)	耐药菌株数	构成比(%)	耐药菌株数	构成比(%)
耐3类	5	10.64	2	4.76	7	7.87
耐4类	7	14.89	1	2.38	8	8.99
耐5类	1	2.13	0	0.00	1	1.12
耐6类	2	4.26	3	7.14	5	5.62
耐7类	9	19.15	1	2.38	10	11.24
耐8类	7	14.89	12	28.57	19	21.35
耐9类	4	8.51	14	33.33	18	20.22
耐10类	2	4.26	0	0.00	2	2.25
合计	37	78.72	33	78.57	70	78.65

表 4 89 株志贺氏菌的多重耐药谱

Tab. 4 Multiple drug-resistance profiles of 89 *Shigella* strains

耐药种类	福氏志贺氏菌主要耐药谱		构成比(%)	宋内志贺氏菌主要耐药谱		构成比(%)
	(菌株数)			(菌株数)		
7	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+AMP+AMS(4)		8.51			
	SXT+CHL+NAL+TET+AMP+AMS+CFZ(4)		8.51	CIP+NAL+CTX+TET+AMP+CFZ+SXT(1)		2.38
	SXT+CHL+GEN+TET+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13			
8	CIP+CHL+NAL+TET+CFX+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13	NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+CFZ+SXT(8)		19.05
	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+CTX+AMP+AMS(1)		2.13	NAL+GEN+TET+CTX+AMP+AMS+CFZ+SXT(1)		2.38
	SXT+CHL+NAL+TET+CTX+AMP+AMS+CFZ(3)		6.38	NAL+GEN+CTX+AZM+AMP+AMS+CFZ+SXT(3)		7.14
	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13			
	SXT+CHL+NAL+TET+GEN+AZM+AMP+AMS(1)		2.13			
9	SXT+CHL+NAL+TET+CTX+AMP+AMS+CAZ+CFZ(1)		2.13	CHL+NAL+GEN+TET+CTX+AMP+AMS+CFZ+SXT(1)		2.38
	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+CTX+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13	NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+AMS+CFZ+SXT(13)		30.95
	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+AZM+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13			
	SXT+NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+AMS+CFZ(1)		2.13			
10	CIP+SXT+CHL+NAL+TET+CTX+AMP+AMS+CAZ+CFZ(1)		2.13	无		0.00

NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+AMS+CFZ+SXT。优势耐药谱与地域有一定相关性：8 重耐药谱中，5 株分离于昆明，2 株分离于大理；9 重耐药谱中，4 株分离于昆明，6 株分离于大理。

3 讨论

3.1 云南省与国内部分地区志贺氏菌流行特征对比分析

志贺氏菌引起的细菌性痢疾在发展中国家主

要以福氏志贺氏菌为主。而在我国福氏志贺氏菌与宋内氏志贺氏菌病例的比例与地区经济发达程度和卫生水平有关，东部和北部的一些发达地区宋内志贺氏菌已逐渐成优势血清型^[4]。云南省 2016—2022 年福氏志贺氏菌检出率高于宋内志贺氏菌，2 种血清群构成分别为 52.81% 和 47.19%，其中福氏志贺氏菌优势血清型为 2a 型，与新疆和安徽省等地报道相似^[5-6]，宋内志贺氏菌优势血清型为 II 相，与河南和山东相一致^[7-8]。本研究发现 2020 年后，志贺氏菌分离数量开始显著降低，

表明云南省可能已进入志贺氏菌低流行趋势, 与北京市和四川省眉山市报道相似^[9-10]。

3.2 云南省福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌 PFGE 带型呈多样性

目前, 脉冲场凝胶电泳是研究细菌分子分型和同源性分析的最有效方法之一, 被认为是分子溯源的金标准, 已广泛用于发现和识别细菌性传染病的同源性、聚集性和分散性分析研究中^[11-12]。云南省福氏志贺氏菌 PFGE 带型呈现多样性的特点, 其中有优势带型 P06 型、P12 型和 P18 型, 存在一定的聚集现象, 这与北京市、山东省及黑龙江省双鸭山市等地区的调查研究结果相反^[8-9, 13], 这可能与云南省地处边疆, 交通欠发达, 人口流动性少、因此接受外来或输入性感染的机会较少有关。云南省福氏志贺菌优势带型 P12 型和 P18 型中的部分菌株还与地域具有一定相关性, 表明该地区可能存在遗传关系紧密的福氏志贺氏菌流行克隆系。而宋内志贺氏菌的 PFGE 带型呈现明显的聚集现象, 优势带型有 P01 型、P05 型、P07 型和 P10 型, 这与北京昌平区, 四川省和上海等地区报道相一致^[14-16], 表明云南省发现的绝大部分宋内志贺氏菌的遗传关系较近。同时识别出 2 起疑似暴发的菌株属于 P07 和 P10 优势带型。今后在食源性疾病监测过程中, 需要及时对疑似暴发的菌株和病理性食品的回顾性调查进行结合, 对食源性致病菌进行追踪传播源及时预防和控制。

3.3 云南省福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌耐药严重

云南省志贺氏菌耐药情况也较为严重, 对 14 种抗生素中的 13 种有不同程度耐药, 尤其对 SXT、AMS、NAL、TET 和 AMP 耐药性较高, 与国内其它地方结果相似^[9, 14, 17]。2 种志贺氏菌对 9 种抗生素的 MIC 值差异具有统计学意义, 福氏志贺氏菌对 3 种抗生素(CIP、CHL、AMS)的耐药性高于宋内志贺氏菌, 而对 6 种抗生素(NAL、GEN、CTX、AMP、CFZ、AZM)的耐药性低于宋内志贺氏菌, 表明不同血清型的志贺氏菌对多种抗生素在耐药表型上存在较大差异^[17-20], 因此临床上对不同血清型志贺氏菌感染需要采取不同的用药方案。福氏志贺氏菌对 CHL 和 AMS 的耐药性达到 78% 以上, 这 2 种抗生素可能不适合用于福氏志贺氏菌感染的临床治疗。而宋内志贺氏菌对 CTX 和 CFZ 头孢菌素耐药性达到 66% 以上, 此类抗生素可能不适合用于宋内志贺氏菌感染的临床治

疗。与此同时, 云南省志贺氏菌多重耐药性也较为严重, 多重耐药率为 78.65%, 其中宋内志贺氏菌中出现了 2 个优势耐药谱, 分别是 NAL+GEN+TET+CTX+AZM+AMP+CFZ+SXT(8 株)和 NAL+GEN+TET+CTX+AZM +AMP+AMS+ CFZ+SXT(13 株), 2 个优势多重耐药谱与地域有一定相关性, 主要分布于昆明和大理, 其它地区尚未有类似的报道^[5, 8-9, 14], 其原因可能与昆明和大理属于云南省经济较发达地区, 人口较多, 医院就诊数量较大, 出现院内交叉感染, 耐药株传播机率大有关。

本文首次对云南省食源性志贺氏菌的病原学特征进行了分析, 福氏志贺氏菌和宋内志贺氏菌 PFGE 带型分布相对聚集, 均有优势带型, 具有流行的克隆系。2 种志贺氏菌耐药表型存在差异, 且多重耐药问题严峻。本研究的结果为云南省食源性疾病的防控提供了一定的理论和现实依据。

[参考文献]

- [1] 吴疆, 张锦, 王勤环, 等. 《细菌性和阿米巴痢疾诊断标准》WS287-2008. ICS11.020 C59 23228-2008[S]. 北京: 人民卫生出版社, 2009: 1.
- [2] Bardhan P, Faruque A S, Naheed A, et al. Decrease in shigellosis-related deaths without *Shigella* spp. -specific interventions, Asia [J]. Emerg Infect Dis, 2010, 16 (11): 1718-1723.
- [3] 赵会海, 张盼, 张海谱, 等. 肠道致病菌中志贺氏菌和沙门氏菌的分布及耐药性分析 [J]. 海南医学, 2020, 31(3): 295-298.
- [4] 王建. 我国宋内志贺菌流行特征、耐药性及变异研究 [D]. 北京: 军事医学科学院, 2016.
- [5] 刘艳, 崔燕, 马鑫, 等. 102 株志贺菌血清分型与耐药性分析 [J]. 中国卫生检验杂志, 2013, 23(5): 1308-1310.
- [6] 李春, 孙永, 张钧, 等. 临床分离 34 株志贺氏菌菌群分布及耐药性分析 [J]. 安徽预防医学杂志, 2014, 20(1): 1-3.
- [7] 张濛, 吴玲玲, 李艳芬, 等. 2016 年河南省分离自患者粪便的志贺菌分型及耐药分析 [J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30(5): 519-521.
- [8] 邵坤, 张华宁, 李心朋, 等. 山东省 2011-2014 年志贺氏菌分子分型及耐药性分析 [J]. 中华疾病控制杂志,

- 2019, 23(2): 206–211.
- [9] 靳红武, 王冉, 闫爱霞, 等. 2006–2021 年北京市某区腹泻患者志贺菌病原学特征分析 [J]. 首都公共卫生杂志, 2022, 16(6): 374–379.
- [10] 王滢, 李杰, 张永辉, 等. 2017–2021 年眉山市细菌性痢疾季节性分布的影响分析 [J]. 预防医学情报杂志, 2023, 39(4): 414–417.
- [11] 顾琳, 高艳, 刘丹, 等. 腹泻患儿粪便中沙门菌的血清型、药敏分析及脉冲场凝胶电泳分子分型研究 [J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(24): 9415–9420.
- [12] Lukinmaa S, Takkunen E, Siitonen A. Molecular epidemiology of *Clostridium perfringens* related to food-borne outbreaks of disease in Finland from 1984 to 1999 [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2002, 68(8): 3744–3749.
- [13] 毕宇涵, 李鑫, 董锐, 等. 46 株福氏志贺氏菌耐药及 PFGE 分子分型分析 [J]. 中国公共卫生管理, 2016, 32(1): 85–87.
- [14] 闫革彬, 舒高林, 彭华, 等. 2015 年北京市昌平区志贺菌 PFGE 分型及耐药性 [J]. 热带医学杂志, 2017, 17(9): 1184–1187.
- [15] 雷高鹏, 吕虹, 黄玉兰, 等. 2007–2017 年四川省宋内志贺菌分离株脉冲场凝胶电泳分型及耐药性分析 [J]. *疾病监测*, 2019, 34(4): 344–347.
- [16] 梁蓓蓓, 邱少富, 崔贤艳, 等. 不同地区宋内志贺菌耐药性及脉冲场凝胶电泳分型分析 [J]. *微生物学报*, 2015, 55(9): 1215–1223.
- [17] 雷高鹏, 黄伟峰, 吕虹, 等. 2008–2021 年四川省腹泻病例中志贺氏菌分布特征和耐药分析 [J]. 预防医学情报杂志, 2023, 39(7): 820–825.
- [18] 穆玉姣, 王若琳, 张白帆, 等. 2013–2017 年河南省婴幼儿志贺菌流行特征与耐药分析 [J]. *中华疾病控制杂志*, 2019, 23(7): 835–839.
- [19] 黄海林, 李小娟, 尹建雯, 等. 2017 年至 2020 年儿童感染性腹泻沙门菌和志贺菌分布及药敏结果 [J]. *昆明医科大学学报*, 2021, 42(7): 83–87.
- [20] Ranjbar R, Farahani A. Shigella: antibiotic-resistance mechanisms and new horizons for treatment [J]. *Infection and Drug Resistance*, 2019, 12(1): 3137–3167.