研究报告

2015—2020年宜宾市肉类食品沙门菌血清型及分子分型研究

刘欣玲[1]，王烜[2]，邓开旗[2]，黄玥[1]，张莹[1]，李玖洪[1]，毛俐[1]，张红[2]

（1. 成都医学院公共卫生学院，四川 成都 610500；2. 宜宾市疾病预防控制中心，四川 宜宾 644600）

摘 要：目的 研究宜宾市肉类食品中沙门菌分离株的血清型和分子分型特征，分析沙门菌污染的危险因素。**方法** 收集2015—2020年宜宾市辖区（县）肉类食品沙门菌分离株29株，进行血清型鉴定和脉冲场凝胶电泳（PFGE）分子分型分析，并就地域、物种来源和售卖方式对沙门菌血清群检出构成比的影响进行多因素Logistic回归分析。**结果** 29株沙门菌分离株共检出14种血清型（分属4个群），主要优势血清型为鼠伤寒沙门菌、吉韦沙门菌和肠炎沙门菌。聚类分析显示PFGE分子分型为18种带型。肠炎沙门菌带型相似度100%，来自同一传染链；吉韦沙门菌有2种带型，鼠伤寒沙门菌有4种带型，相似度较差；多因素Logistic分析显示，影响D群沙门菌检出的主要危险因素为地域分布（OR=1.053，P<0.05）；影响E群沙门菌检出的主要危险因素为物种来源（OR=3.887，P<0.05）和地域分布（OR=1.227，P<0.05）。**结论** 监管部门应从家禽养殖地地域来源和肉类物种来源两个方面加强宜宾市肉类食品安全监督。

关键词：沙门菌；血清型；分子分型；多因素分析

中图分类号：R155 **文献标识码：**A **文章编号：**1004-8456（2023）03-0321-05

DOI:10.13590/j.cjfh.2023.03.001

Salmonella serotyping and molecular typing in meat products in Yibin city of Sichuan Province from 2015 to 2020

LIU Xinling[1], WANG Xuan[2], DENG Kaiqi[2], HUANG Yue[1], ZHANG Ying[1], LI Jiuhong[1], MAO Li[1], ZHANG Hong[2]

（1. College of Public Health, Chengdu Medical College, Sichuan Chengdu 610500, China；
2. Yibin Center for Disease Control and Prevention, Sichuan Yibin 644600, China）

Abstract: Objective To analyze the influencing factors of *Salmonella* contamination, the serotype distribution and molecular typing of *Salmonella* isolates in meat products in Yibin city were studied. **Methods** A total of 29 *Salmonella* strains isolated from commercial meat products in Yibin city of from 2015 to 2020 were analyzed by slide agglutination test for serotype and pulsed field gel electrophoresis（PFGE）for molecular subtyping. Multivariate Logistic regression analysis was carried out on the effects of geographical distribution, sample source and sales mode on the detection composition of *Salmonella* serogroup. **Results** Fourteen serotypes and 4 serogroups were detected in the *Salmonella* isolates. The dominant bacteria were *Salmonella typhimurium*, *Salmonella give* and *Salmonella enteritidis*. The PFGE cluster analysis showed 18 genotype. The genotypes of *Salmonella enteritidis* were highly homologous with similarity index of 100%, indicating the same source. *Salmonella typhimurium* with 4 genotypes *and Salmonella give* with 2 genotypes both had lower similarity. Multivariate Logistic analysis showed that the risk factor on serogroup D of *Salmonella* was geographical distribution（OR=1.053, P<0.05）. The risk factors on serogroup E of *Salmonella* were sample source（OR=3.887, P<0.05）and geographical distribution（OR=1.227, P<0.05）. **Conclusion** The poultry breeding sites and sample source are risk factors for *Salmonella* infection, and the hygienic inspection should be reinforced accordingly.

Key words: *Salmonella*; serotype; molecular typing; multivariate analysis

---

收稿日期：2022-01-22

基金项目：国家自然科学基金（81601859）；成都市科技局技术创新（2019-YF05-00104-SN）；成都医学院-宜宾市疾病预防控制中心联合基金（2021LHYB05）；省级大学生创新创业训练计划（S202013705080）

作者简介：刘欣玲 女 在读研究生 研究方向为卫生检验 E-mail：liuxinling202211@163.com

通信作者：张红 女 副主任技师 研究方向为微生物检验 E-mail：yb_zhanghong@126.com

毛俐 女 教授 研究方向为卫生检验研究 E-mail：chemistrymao@126.com

张红和毛俐为共同通信作者

沙门菌(*Salmonella*)分为肠道沙门菌(*Salmonella enterica*)和邦戈沙门菌(*Salmonella bongori*)。肠道沙门菌中的非伤寒沙门菌(Nontyphoidal *Salmonella*)是常见食源性病原菌之一。全球每年1.3亿非伤寒沙门菌引发病例中,61.5%(约8 000万)是食源性感染[1]。在四川省食源性疾病哨点医院的主动监测中,非伤寒沙门菌检出率最高[2-3],其中,鼠伤寒沙门菌(*Salmonella typhimurium*)、肠炎沙门菌(*Salmonella enteritidis*)、吉韦沙门菌(*Salmonella give*)是流行病学上分离率较高的血清型[4-6],感染宿主非常广泛,且从食品生产链的养殖、屠宰、销售到餐桌等任何一个环节都可能被其污染,在公共卫生和食品安全领域都贻害无穷[7-9]。宜宾市于2018年12月入选"国家致病菌识别网"的省属监测点,通过监测点菌株表型复核和分子分型分析,可初步掌握本地区沙门菌血清型和分子流行基线特征。利用Logistic回归模型分析地域、物种来源及售卖方式等多种因素与沙门菌检出构成比之间的关系,有望找出宜宾市肉类食品沙门菌污染的危险因素,为宜宾市应对潜在的食源性散发、暴发疫情提供生物背景和溯源样本数据参考。

1 材料与方法

1.1 材料

在2015—2020年期间,按照《国家食品安全风险监测工作手册》在宜宾市辖区县监测点(含5个零售点和6个家禽养殖基地),采集肉类样品共29份,包括鸡肉(5份)、鸭肉(11份)、鹅肉(4份)、田螺(7份)以及猪肉(2份),除部分鸡鸭肉为冷冻样本,猪肉为熟食,其余肉类样本均新鲜状态采集,低温保存,2 h内送至实验室。5类肉类食品共分离出29株沙门菌,均经宜宾市疾病预防控制中心微生物实验室复检。

对29株沙门菌的基本情况进行分组,地域分为家禽养殖基地(珙县、江安县、长宁县、高县、南溪、筠连)和非家禽养殖基地(其他地区);物种来源分为禽肉(鸡肉、鸭肉和鹅肉)和非禽肉(田螺和猪肉);售卖方式分为常温和冷链两个方式。

1.2 主要仪器与试剂

脉冲场凝胶电泳仪(CHEF MAPPER)、凝胶成像系统(Gel DocXR+)均购自美国Bio-Rad公司;全自动微生物鉴定系统(VITEK Ⅱ Compact)、麦氏比浊仪(DENSICHEK)均购自法国生物梅里埃;生物安全柜(1374BSL-2S),超纯水仪(EDI 15)均购自美国Thermo公司。

限制性内切酶*Xba* Ⅰ(美国New England Biolabs公司);蛋白酶K(美国Sigma-Aldrich Amresco公司);沙门菌显色培养基(法国Chromagar公司);沙门菌属诊断血清(宁波天润生物药业有限公司);Gelred核酸凝胶染料(美国Biotium公司);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、亚硫酸铋琼脂、HE琼脂、木糖赖氨酸脱氧胆盐琼脂均购自青岛海博生物技术有限公司。

1.3 方法

1.3.1 血清分型

依据《食品安全国家标准 食品微生物检验 沙门菌检验》(GB 4789.4—2016)规定的沙门菌O&H抗原标准化鉴定流程,进行沙门菌血清型鉴定。

1.3.2 分子分型

根据美国PulseNet脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis,PFGE)标准化分型方法[10]进行操作,以限制性内切酶*Xba* Ⅰ消化基因组DNA,经CHEF MAPPER脉冲场电泳仪电泳,GelRed染色,Gel DocXR+凝胶成像系统获得原始图谱。运用BioNumerics v7.6软件(比利时Applied-Maths公司),相似度系数设置为Dice,容许度1.5%,采用非加权平均法(Unweighted pair-group method with arithmetic mean,UPGMA)对PFGE图像进行聚类分析并绘制树状图。

1.4 统计学分析

采用SPSS 13.0软件进行单因素和多因素Logistic回归分析,计数资料用例数和构成比百分率表示,组间比较用χ^2检验,以$P<0.05$为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 血清分型

29株肉类食品沙门菌分离株经O&H抗原鉴定,共检出14种血清型,分布于B、C、D和E 4个群(表1),其中以E群菌株最多,为11株(37.93%)。居前3位的血清型分别为鼠伤寒沙门4株(13.79%),吉韦沙门菌4株(13.79%),肠炎沙门菌3株(10.34%),其余各血清型菌株数量较少。

2.2 PFGE分子分型

29株沙门菌PFGE分子分型为18种带型,分别命名为P01~P18。图1聚类分析显示,相同血清型肠炎沙门菌带型相似度100%,比鼠伤寒沙门菌、吉韦沙门菌带型更为集中,不同时间、物种来源的菌株存在较高的同源性,提示其可能存在同一传播链。吉韦沙门菌存在P14和P15两种带型,相似度67.74%,呈散发趋势;鼠伤寒沙门菌存在P05、P06、P09、P10 4种带型,相似度较差,呈散发趋势。不同

表1 29株沙门菌菌株资料与血清分型结果

Table 1 Data and serotyping results of 29 *Salmonella* strains

血清群	编号	血清分型	来源	年度	地区	百分比/%
B群	SM2015YB087	德尔卑沙门菌	鲜鸭肉	2015	江安县	20.69
	SM2018YB072	德尔卑沙门菌	泡椒鸡脚	2018	江安县	
	SM2018YB010	鼠伤寒沙门菌	鲜田螺	2018	高县	
	SM2019TB092	鼠伤寒沙门菌	熟猪肉香肠	2019	宜宾市叙州区	
	SM2020YB005	鼠伤寒沙门菌	鲜鹅肉	2020	宜宾市叙州区	
	SM2020YB070	鼠伤寒沙门菌	鲜鸭肉	2020	屏山	
C群	SM2016YB010	罗森沙门菌	熟猪肉	2016	长宁县	24.14
	SM2018YB004	肯塔基沙门菌	鲜田螺	2018	筠连	
	SM2020YB073	阿尔巴尼沙门菌	鲜鸭肉	2020	江安县	
	SM2020YB076	格罗斯出浦沙门菌	鲜鸭肉	2020	兴文县	
	SM2020YB078	格罗斯出浦沙门菌	鲜鸭肉	2020	兴文县	
	SM2020YB128	里森沙门菌	鲜鸭肉	2020	南溪	
	SM2020YB130	里森沙门菌	鲜鸭肉	2020	长宁县	
D群	SM2015YB090	肠炎沙门菌	冻鸡肉	2015	江安县	17.24
	SM2015YB118	布利丹沙门菌	冻鸭肉	2015	珙县	
	SM2015YB141	布利丹沙门菌	冻鸡肉	2015	高县	
	SM2015YB171	肠炎沙门菌	冻鸡肉	2015	筠连	
	SM2020YB063	肠炎沙门菌	鲜鸭肉	2020	长宁县	
E群	SM2015YB119	西翰普顿沙门菌	鲜鸡肉	2015	珙县	37.93
	SM2015YB144	山夫登堡沙门菌	冻鸭肉	2015	高县	
	SM2018YB005	伦敦沙门菌	鲜田螺	2018	珙县	
	SM2018YB006	吉韦沙门菌	鲜田螺	2018	珙县	
	SM2018YB007	吉韦沙门菌	鲜田螺	2018	珙县	
	SM2018YB011	吉韦沙门菌	鲜田螺	2018	高县	
	SM2018YB057	吉韦沙门菌	鲜田螺	2018	江安县	
	SM2020YB016	山夫登堡沙门菌	鲜鸭肉	2020	珙县	
	SM2020YB061	明斯特沙门菌	鲜鹅肉	2020	南溪	
	SM2020YB062	明斯特沙门菌	鲜鹅肉	2020	南溪	
	SM2020YB066	伦敦沙门菌	鲜鹅肉	2020	长宁县	

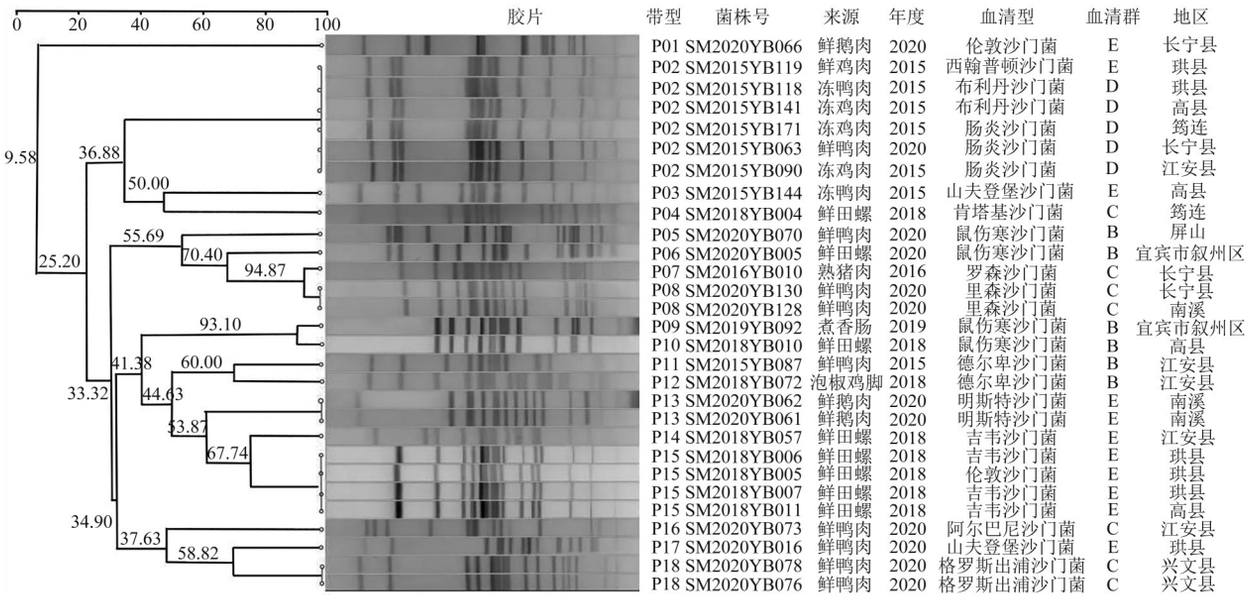

图1 29株沙门菌PFGE分型聚类分析图

Figure 1 PFGE cluster analysis of 29 *Salmonella* strains

血清型沙门菌带型表现出较高的同源性特征：1株西翰普顿沙门菌、2株布利丹沙门菌与3株肠炎沙门菌同属P02带型，相似度近100%，基本为2015年采集，样本来源均为鸡肉和鸭肉，提示2015年鸡鸭家禽中沙门菌呈集中爆发趋势，且珙县来源菌株（33.33%，2/6）略占优势；3株吉韦沙门菌与1株伦敦沙门菌同属P15带型，相似度近100%，且来源于同一年和同一物种田螺，提示2018年田螺中沙门菌呈集中爆发趋势，珙县来源菌株（3/4，75.00%）占明显优势。

2.3 单因素和多因素分析

对比地域、物种来源和售卖方式3个可能影响宜宾市沙门菌血清群检出情况的影响因素发现，家禽养殖基地沙门菌检出率（24/29，82.76%）高于非

家禽养殖基地(5/29,17.24%),禽肉中沙门菌的检出率(20/29,68.97%)高于非禽肉(9/29,31.03%),常温检出率(24/29,82.76%)高于冷链(5/29,17.24%)。由表2可见,不同地域和售卖方式对D血清群检出差异有统计学意义(P<0.05),不同地域和物种来源对E血清群和B血清群沙门菌检出差异有统计学意义(P<0.05),但不同物种来源和售卖方式对B群检出差异无统计学意义(P>0.05)。C血清群沙门菌检出的单因素分析差异均无统计学意义(P>0.05)。

表2 影响沙门菌血清群检出的单因素分析(N=29)

Table 2 Single factor analysis of *Salmonella* serogroup detection (N = 29)

影响因素	B群			C群			D群			E群		
	检测数/构成比(n/%)	χ^2	P	检测数/构成比(n/%)	χ^2	P	检测数/构成比(n/%)	χ^2	P	检测数/构成比(n/%)	χ^2	P
地域												
家禽养殖基地	3/10.34	5.690	0.029	5/17.24	0.830	0.383	5/17.24	1.259	0.015	11/37.93	3.692	0.020
非家禽养殖基地	3/10.34			2/6.90			0			0		
物种来源												
禽肉	4/13.79	0.231	0.620	5/17.24	0.489	0.466	5/17.24	1.922	0.079	6/20.69	4.397	0.037
非禽肉	2/6.90			2/6.90			0			5/17.24		
售卖方式												
常温	6/20.69	1.576	0.108	7/24.14	1.922	0.079	1/3.45	16.677	0.000	10/34.48	0.825	0.345
冷链	0			0			4/13.79			1/3.45		

结合单因素分析中差异有统计学意义的影响因素,对D和E血清群的地域、物种来源和售卖方式进行非线性Logistic回归模型分析(纳入标准=0.10,排除标准=0.15),结果如表3所示。在D血清群检出情况中,地域OR值为1.053,说明家禽养殖基地的D群血清检出构成比是非家禽养殖基地的1.053倍,为危险因素;售卖方式的OR值是0.017,说明售卖方式为D血清群检出的保护因素。在E血清群检出情况中,地域OR值为1.227,说明家禽养殖基地的E血清群检出构成比是非家禽养殖基地的1.227倍,为危险因素;物种来源OR值为3.887,说明禽肉的E血清群检出构成比是非禽肉的3.887倍,为危险因素;售卖方式的OR值为0.374,说明售卖方式也为E血清群检出的保护因素。

表3 影响不同沙门菌血清群检出的多因素Logistic分析结果(N=29)

Table 3 Multivariate Logistic analysis results affecting the detection of different *Salmonella* serogroups (N = 29)

血清群	影响因素	B	$S.E$	Wald	P	OR	95%CI
D群	地域	0.052	0.157	0.109	0.742	1.053	(0.774,1.434)
	物种来源	−18.623	15137.687	0.000	0.999	0.000	(0.000,0.000)
	售卖方式	−4.096	1.527	7.199	0.007	0.017	(0.001,0.332)
E群	地域	0.205	0.104	3.908	0.048	1.227	(1.002,1.504)
	物种来源	1.358	1.100	1.523	0.217	3.887	(0.450,33.558)
	售卖方式	-0.984	1.340	0.539	0.463	0.374	(0.027,5.171)

注:B表示回归系数;$S.E$表示标准误差;Wald表示χ^2值;P表示显著性;OR表示比值比;CI表示可信区间

3 讨论

四川省宜宾市位于我国西南,地处云贵川三省接合部,在金沙江、岷江、长江三江交汇处,市辖10个行政区划单位(其中市辖区3个,县7个),属亚热带湿润季风气候。研究检出宜宾肉类食品沙门菌分离株,主要优势菌为鼠伤寒沙门菌、吉韦沙门菌和肠炎沙门菌,这和云南省食源优势菌为鼠伤寒沙门菌[11]、贵州省食源优势菌株肠炎沙门菌[12-13]等的情况类似,也与国内引起食源性疾病的沙门菌血清型基本一致[14],提示食源性沙门菌优势血清型与地域分布密切相关。

PFGE是当前同源性分析较为有效、可靠的方法,也是国际公认的分子流行病学研究和溯源的金标准,广泛应用于食源性疾病监测和暴发疫情溯源[15-16]。通过血清型与分子分型研究发现,同一血清型根据不同的遗传背景分成不同带型,通过带型的相似度可判断疫情的同源性。宜宾市肠炎沙门菌集中在同一优势带型P02,提示为同一传播链。吉韦沙门菌存在相似度较低的2个带型,鼠伤寒沙门菌存在4个带型,提示散发传播链较为复杂。带型相似度较高的菌株大部分来自珙县、高县、长宁县、筠连等宜宾南部相邻辖区县,且2015年沙门菌在鸡鸭家禽中呈集中暴发趋势,2018年沙门菌在田螺中呈集中暴发趋势,其中尤以珙县菌株来源占比优势较大,提示在宜宾市珙县等家禽养殖集散地有食源性疫情源的风险。

多因素Logistic分析发现,地域为影响D血清群沙门菌检出的危险因素;地域和物种来源为影响

E 血清群检出的危险因素。与雷高鹏等[17]报道的四川省鸭和猪源的沙门菌暴发，可能原因与家禽养殖基地相关的结果相一致。上述聚类同源性分析与 Logistic 回归分析结果具有一致性，即地域分布和物种来源是影响沙门菌检出的重要因素。由此可见，监管部门应从家禽养殖地域来源和肉类物种来源两个方面加强宜宾市肉类食品安全监督。

参考文献

[1] DOYLE M P, DIEZ-GONZALEZ F, HILL C. Food Microbiology: Fundamentals and Frontiers, 5th Edition[M]. Washington, DC: ASM Press, 2019.

[2] 陈文，林黎，张誉. 2011—2017年四川省微生物性食源性疾病暴发事件分析[J]. 现代预防医学，2019，46(1)：14-16，24.
CHEN W, LIN L, ZHANG Y. Outbreaks of microbial foodborne diseases, Sichuan, 2011—2017 [J]. Modern Preventive Medicine, 2019, 46(1): 14-16, 24.

[3] 陈文，兰真，杨小蓉，等. 2013—2018年四川省食源性疾病哨点医院主动监测结果分析[J]. 现代预防医学，2020，47(13)：2466-2470.
CHEN W, LAN Z, YANG X R, et al. Foodborne disease active surveillance in the sentinel hospital of Sichuan province, 2013—2018[J]. Modern Preventive Medicine, 2020, 47(13): 2466-2470.

[4] HENDRIKSEN R S, VIEIRA A R, KARLSMOSE S, et al. Global monitoring of *Salmonella serovar* distribution from the World Health Organization Global Foodborne Infections Network Country Data Bank: Results of quality assured laboratories from 2001 to 2007[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2011, 8(8): 887-900.

[5] PERESI J T M, DE ALMEIDA I A Z C, DE CARVALHO TEIXEIRA I S, et al. High rates of *Salmonella* contamination in raw kibbe from commercial establishments: Predominance of *Salmonella* Give [J]. International Journal of Environmental Health Research, 2021, 31(6): 626-635.

[6] DONACHIE A, MELILLO T, BUBBA L, et al. National outbreak of *Salmonella* Give linked to a local food manufacturer in Malta, October 2016[J]. Epidemiology and Infection, 2018, 146(11): 1425-1432.

[7] CABRAL C C, PANZENHAGEN P H N, DELGADO K F, et al. Contamination of carcasses and utensils in small swine slaughterhouses by *Salmonella* in the northwestern region of the state of Rio de Janeiro, Brazil[J]. Journal of Food Protection, 2017, 80(7): 1128-1132.

[8] 侯小刚，刘书亮，韩新锋，等. 四川部分地区猪肉产业链中沙门菌的分离及其鉴定[J]. 食品科学，2013，34(11)：250-253.
HOU X G, LIU S L, HAN X F, et al. Isolation and identification of *Salmonella* from pork industry chains in partial areas of Sichuan province[J]. Food Science, 2013, 34(11): 250-253.

[9] XU Z H, WANG M, ZHOU C Y, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of retail-meat-borne *Salmonella* in Southern China during the years 2009-2016: The diversity of contamination and the resistance evolution of multidrug-resistant isolates[J]. International Journal of Food Microbiology, 2020, 333: 108790.

[10] RIBOT E M, FAIR M A, GAUTOM 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 Pathogens and Disease, 2006, 3(1): 59-67.

[11] 赵江，邹颜秋硕，闵向东，等. 云南省食源性沙门菌血清分型及脉冲场凝胶电泳的指纹图谱[J]. 昆明医科大学学报，2018，39(2)：30-33.
ZHAO J, ZOU Y Q S, MIN X D, et al. Serotyping and PFGE type of *Salmonella* isolates in Yunnan province[J]. Journal of Kunming Medical University, 2018, 39(2): 30-33.

[12] 肖琨，田芬，胡鹏飞，等. 2019年贵州六盘水地区林下养殖鸡群主要疫病调查与分析[J]. 黑龙江畜牧兽医，2022(4)：69-72，136.
XIAO K, TIAN F, HU P F, et al. Investigation and analysis of main diseases of under-forest raised chicken flocks in Liupanshui, Guizhou province in 2019[J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 2022(4): 69-72, 136.

[13] 肖桃，雷高鹏，黄伟峰，等. 2008—2018年四川省肠炎沙门菌暴发的分子分型比较[J]. 疾病监测，2021，36(11)：1172-1178.
XIAO T, LEI G P, HUANG W F, et al. Comparison of subtyping methods for *Salmonella enterica* serotype Enteritidis strains isolated from outbreaks in Sichuan, 2008—2018 [J]. Disease Surveillance, 2021, 36(11): 1172-1178.

[14] 李明强，徐云龙，宋士利，等. 某福利院一起肠炎沙门菌食源性疾病的调查分析[J]. 中国食品卫生杂志，2021，33(5)：583-586.
LI M Q, XU Y L, SONG S L, et al. Analysis of foodborne disease caused by *Salmonella enteritidis* in a welfare home[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 583-586.

[15] SCHIELKE A, RABSCH W, PRAGER R, et al. Two consecutive large outbreaks of *Salmonella* Muenchen linked to pig farming in Germany, 2013 to 2014: Is something missing in our regulatory framework?[J]. Eurosurveillance, 2017, 22(18): 30528.

[16] 沈赟，秦思，侯海燕. 江苏省沙门菌全基因组序列中外排泵耐药基因分布及其特征研究[J]. 食品安全质量检测学报，2020，11(24)：9361-9365.
SHEN Y, QIN S, HOU H Y. Distribution and characteristics of efflux pumps drug-resistant genes in *Salmonella* spp. whole genome isolated from Jiangsu Province [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(24): 9361-9365.

[17] 雷高鹏，黄玉兰，吕虹，等. 四川省鸭和猪源鼠伤寒沙门菌脉冲场凝胶电泳分型与耐药比较分析[J]. 中国食品卫生杂志，2019，31(5)：441-444.
LEI G P, HUANG Y L, LU H, et al. Comparative analysis of antimicrobial resistance and pulsed-field gel electrophoresis typing of *Salmonella typhimurium* isolated from duck and swine in Sichuan Province[J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2019, 31(5): 441-444.