

國內沙門氏菌感染症監測與流行現況

邱乾順*、廖盈淑、廖春杏、曹其森、郭榮哲

摘要

非傷寒沙門氏菌是國內主要食媒病原之一。2004年衛生署疾病管制局（現為衛生福利部疾病管制署）建立沙門氏菌參考實驗室，系統性收集醫院分離株，進行血清分型、PFGE 基因分型與藥敏試驗，以調查沙門氏菌感染之流行趨勢，並建立沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫，做為疾病監測之資料平臺。2004-2013年完成20,370株醫院分離株分析，菌株分屬100個血清型，前5個最盛行血清型為Enteritidis（占28.1%）、Typhimurium（23.8%）、Stanley（7.8%）、Newport（6.8%）與Albany（3.7%）；血清型分布顯示，臺灣沙門氏菌感染來源應相當複雜多元。20,370株菌株分屬3,087個PFGE圖譜，此DNA指紋圖譜資料庫可應用於推定沙門氏菌血清型別，調查病原與多重抗藥菌株之主要宿主來源，進行國內疾病監測與國際合作調查食媒疾病之資料平臺。源頭管理是防治食媒疾病的最佳策略，在沙門氏菌症的防治上，有賴下游端的疾病監測機關與上游端的食品與農畜生產管理機關的共同合作。

關鍵字：沙門氏菌；疾病監測；血清分型；基因分型；脈衝電泳

前言

沙門氏菌(*Salmonella* spp.)為革蘭氏陰性桿菌，多具鞭毛，廣泛存在溫血動物、冷血動物和環境中，為人畜共通病原菌，主要經污染的食物與飲用水等引發感染。沙門氏菌屬有兩個種(*S. enterica*與*S. bongori*)，依體抗原(somatic antigens, O)、鞭毛抗原(flagella antigens, H1 & H2)與莢膜抗原(capsule antigen, Vi)組合成不同血清型別，現今已發現超過2,600種血清型[1]。沙門氏菌血清型別是國際溝通沙門氏菌的

衛生福利部疾病管制署研究檢驗及疫苗研製中心

通訊作者：邱乾順*

E-mail: nipmcsc@cdc.gov.tw

投稿日期：2014年08月14日

接受日期：2014年08月25日

DOI: 10.6524/EB.20150526.31(10).001

共同語言，加上不同血清型別會有特定宿主範圍，因此血清型別鑑定具有流行病學上的重要性。依據血清型別的流行趨勢與分布，可研判該地區沙門氏菌的主要動物宿主來源，做為追蹤調查感染源與訂定防治策略之基礎。然而在疾病監測 (disease surveillance) 與群突發事件調查 (outbreak investigation) 上，血清型分型結果太過粗糙，應用價值低，需要導入高分型效力 (discriminatory power) 的分型 (typing) 技術。

PFGE (pulsed-field gel electrophoresis) 是高分型效力的基因分型 (genotyping) 技術，美國疾病管制與預防中心 (Centers for Disease Control and Prevention, USA) 首先將 PFGE 操作步驟標準化，建立全國性的食媒性疾病分子分型監測網—PulseNet [2]，有效地偵測流行中的食媒疾病，遏止感染的持續發生。因 PulseNet 監測網的成效卓著，進而推廣成立區域性與全球性的 PulseNet 監測組織 [3]，以促進全球食媒疾病的監測能力，並做為國際間交換疫情與流行菌株基因資料的平臺。

沙門氏菌是臺灣盛行之食媒疾病病原，衛生福利部疾病管制署 (簡稱疾管署) 為了調查該病原流行趨勢，進而防治該病原引發之感染，建立了擁有血清分型、基因分型與藥物敏感性試驗能力之沙門氏菌參考實驗室，有系統蒐集與分析醫院分離之菌株，建立沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫。本文介紹目前國內沙門氏菌監測作為與流行現況，做為防治沙門氏菌感染症的參考。

沙門氏菌參考實驗室之運作與功能

疾管署於 2004 年建立沙門氏菌參考實驗室，蒐集國內醫院分離之沙門氏菌，進行血清分型、基因分型、與藥敏試驗 (該項試驗由合作的國家衛生研究院實驗室執行)，實驗分析結果利用 BioNumerics 6.6 (Applied Maths, Belgium) 軟體建立可進行資料分析與圖譜比對之「沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫」。血清分型是沙門氏菌流病監測與研究的最基礎工作，然而傳統血清凝集法甚為繁瑣，耗時、耗力且鑑定錯誤率高，加上血清試劑昂貴且不易購買齊全，因此國內一直未能成立擁有完整血清分型之參考實驗室。參考實驗室初期使用傳統血清學方法進行菌株分型工作，在累積大量菌株 PFGE 圖譜資料後，發現相同血清型菌株擁有比不同血清型別菌株高的圖譜相似度，因此可利用群組分析 (clustering) 演算法比對 PFGE 圖譜相似度，精準地預測菌株的血清型；PFGE 圖譜比對方法，可決定 97% 以上臺灣分離株 (local isolates) 的血清型。剩餘之菌株，利用美國疾病管制與預防中心所研發的 Luminex 技術鑑定，該方法可偵測 7 種沙門氏菌 O 抗原、15 種 H1 抗原與 16 種 H2 抗原 [4-5]，可決定超過 100 種常見血清型別。對極少數無法使用上述兩種方法決定血清型別之菌株，可利用 PCR 方法增幅 H1 與 H2 鞭毛基因 DNA，進行定列，序列經與 GenBank 資料庫既有之 H 基因序列進行比對，決定 H 抗原種類，依據所得 H 抗原種類推測可能的 O 抗原種類，最後用傳統血清學方法確定 H 與 O 抗原。以上三種方法可鑑定幾乎所有沙門氏菌之血清型別。

在基因分型方面，使用美國 PulseNet 標準化之 PFGE 方法[6]，此標準化方法產生之 PFGE 圖譜可跨實驗室間進行比對，因此國際間可透過分享菌株 PFGE 圖譜來進行跨國食媒疾病的流病調查。由於有些血清型如 Enteritidis，具高度遺傳同質性(genetic homogeneity)，PFGE 分型效力不足，需使用分型效力更高的 multilocus variable-number tandem repeat (VNTR) analysis (MLVA) 基因技術進行輔助分析。MLVA 具高度分型效力，但具有太高的物種專一性(organism-specific)，不同沙門氏菌血清型之 VNTR 大多不同，幾乎每一種血清型都需要開發其專屬的 VNTR 組合，目前只有少數幾個重要血清型別的 MLVA 方法被研發應用。過去十年，參考實驗室研發 *S. Typhimurium*, *S. Typhi*, *S. Paratyphi A* 之 MLVA 分型方法，並採用美國疾病管制與預防中心所使用的 *S. Enteritidis* MLVA 方法。全基因體定序(whole genome sequencing, WGS)為細菌之終極分型方法，目前每株菌株 WGS 成本約為 100 美元，未來分析成本會快速下降，估計 5 年內，WGS 即可能取代 PFGE，成為國際食媒疾病監測網之標準分型工具。

藥敏試驗使用客製化 96 孔的 Sensititre MIC 試劑盤(TREK Diagnostic Systems LTD., West Essex, England)，測試 15 種藥物(ampicillin, cefotaxime, ceftazidime, chloramphenicol, ciprofloxacin, colistin, ertapenem, gentamicin, imipenem, nalidixic acid, streptomycin, sulfamethoxazole, tetracycline, trimethoprim/sulfamethoxazole)，其中有 10 種是歐盟建議用於試測動物來源沙門氏菌的藥物[7]。

BioNumerics 是比利時 Applied Maths 公司發展之專業資料庫軟體，可貯存多種型態的資料，除了一般文字資料，主要具有可存放與分析實驗資料之功能，包括可貯存如 PFGE 圖譜的 fingerprint type data、MLVA 與藥敏試驗資料的 character type data、DNA 序列的 sequence type data 等，同時擁有比對圖譜與進行多種演算法的分析程式，供資料分析與建構菌株親緣關係樹。沙門氏菌參考實驗室使用 BioNumeric 軟體整合菌株的多種實驗分析與菌株來源之相關流病資料，成立「沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫」；該資料庫是沙門氏菌疾病監測之資料平臺，可提供研究沙門氏菌長期動態變化，群聚感染監測，也可供比對人、畜、食品、環境來源菌株之基因圖譜資料與藥敏試驗資料，是追溯病原感染來源之有力工具。

沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫

資料庫目前擁有之沙門氏菌株 PFGE 圖譜數量，有 22,886 筆來自國內自人分離的菌株、841 筆來自國外(孟加拉、丹麥、馬來西亞、越南)人分離株、1,348 筆動物與環境(豬、雞、火雞、鴨、鵝、進口寵物鳥、烏龜、水體)分離株。自 2004 年開始，系統性收集國內醫院分離之沙門氏菌株進行分析，以調查國人沙門氏菌感染症之病原菌株血清型別與基因型別的流行趨勢，2004-2013 年累計有 52 家醫院提供菌株。統計 2004-2013 年由醫院提供並完成分析之菌株計有 20,370 株，菌株分屬 100 個血清型(*Typhimurium* 與 monophasic variant 1,4,[5],12:i:-在此歸類為

同一血清型)，前 40 個最盛行血清型占總數 98.7%(表一)，前 10 個最盛行血清型合計 83.7%。前 5 個最盛行血清型為 Enteritidis (占 28.1%)、Typhimurium (23.8%)，Stanley (7.8%)、Newport (6.8%)與 Albany (3.7%)。血清分布與所占比率顯示，臺灣沙門氏菌感染來源應相當複雜多元。

表一、2004-2013 年國內沙門氏菌人分離株之血清型別分布

Serotype	No. isolates	Ratio (%)	No. PFGE	Diversity index†
Enteritidis	5717	28.1	206	27.8
Typhimurium	4852	23.8	805	6.0
Stanley	1595	7.8	117	13.6
Newport	1395	6.8	245	5.7
Albany	760	3.7	184	4.1
Agona	713	3.5	108	6.6
Paratyphi B var. Java	584	2.9	119	4.9
Weltevreden	544	2.7	228	2.4
Derby	500	2.5	111	4.5
Braenderup	398	2.0	54	7.4
Bareilly	390	1.9	36	10.8
Schwarzengrund	350	1.7	119	2.9
Virchow	337	1.7	56	6.0
Choleraesuis	279	1.4	65	4.3
Hadar	278	1.4	52	5.3
Potsdam	159	0.8	44	3.6
Mbandaka	148	0.7	41	3.6
Livingstone var. 14+	135	0.7	17	7.9
Montevideo	128	0.6	26	4.9
Blockley	100	0.5	16	6.3
Infantis	91	0.4	25	3.6
Anatum	88	0.4	28	3.1
Itami	72	0.4	14	5.1
Typhi	59	0.3	36	1.6
Litchfield	50	0.2	18	2.8
London	48	0.2	23	2.1
Cerro	45	0.2	8	5.6
Saintpaul	40	0.2	19	2.1
Kedougou	38	0.2	16	2.4
IIIa 18:z4,z23:-	31	0.2	2	15.5
Singapore	27	0.1	16	1.7
Dublin	23	0.1	4	5.8
Isangi	23	0.1	9	2.6
Senftenberg	20	0.1	18	1.1
Uganda	19	0.1	6	3.2
Brunei	18	0.1	11	1.6
Paratyphi A	17	0.1	5	3.4
Havana	16	0.1	8	2.0
Seremban	16	0.1	5	3.2
Augustenborg	12	0.1	5	2.4
All 61 serotypes	255	1.3	162	1.6
Total	20,370	100.0	3,087	6.6

†Number of isolates divided by number of PFGE patterns

20,370 株菌株總計有 3,087 個 PFGE 圖譜，每一種血清型之遺傳同質程度不同，排名第一的 *S. Enteritidis* 遺傳同質性相當高，其 diversity index = 27.8，即每一個 PFGE 圖譜平均代表 27.8 菌株(表一)；*S. Typhimurium* 相對地有高的遺傳異質性(genetic heterogeneity)，其 diversity index = 6.0；在前 10 大血清型當中，*S. Weltevreden* 有最高的遺傳異質性(diversity index = 2.4)，該血清型主要源於與水相關之食品[8]，魚鮮水產品是臺灣人主要攝食項目，有複雜來源，與 *S. Weltevreden* 的高遺傳異質性結果吻合，然而臺灣 *Weltevreden* 主要來源，仍需要調查資料的佐証。

雞與雞蛋是 *S. Enteritidis* 最主要感染來源[9,10]，在歐洲許多國家 *S. Enteritidis* 感染比率甚至高達 90%以上[11]；相對地，*S. Typhimurium* 擁有廣泛宿主範圍，難以追蹤該病原之宿主源頭，但若收集國內主要食用動物、寵物與市售食品沙門氏菌株，與人分離株進行基因型別比對，仍有機會找出 *S. Typhimurium* 之主要來源，此為沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫重要功能之一。

沙門氏菌 DNA 指紋圖譜資料庫之應用

一、測試沙門氏菌血清型別

目前資料庫 2 萬餘株菌株分屬 100 餘種血清型，3,000 多個 PFGE 圖譜，利用 BioNumerics 軟體之圖譜比對與群組分析(clustering analysis)功能，可利用 PFGE 圖譜準確推測未知菌株之血清型。在 2012 年曾研究 862 株菌株，有 99.4% 菌株可利用此方法決定血清型，利用傳統血清學方法証實正確率達 100%，剩下 5 株未能依 PFGE 圖譜鑑定之菌株，有 3 株之圖譜落在該血清型群組之外，2 株屬新的血清型別。

二、調查沙門氏菌之宿主來源

透過人、畜、食品、環境來源沙門氏菌株基因型別比對，可推測人沙門氏菌症病原之主要來源。Sandt 等人[12]最近發表利用 PFGE 圖譜資料庫調查沙門氏菌宿主源頭的論文，該研究比對美國賓州自人分離之沙門氏菌株與美國東北部牛、雞、豬、火雞分離株之 PFGE 圖譜與藥敏測試資料，發現最盛行的 *S. Enteritidis* PFGE 型別(JEGX01.0004)幾乎完全來自雞，多重抗藥的 *S. Typhimurium* 以 JPXX01.0003 與 JPXX01.0018 型別為主，也出現在 4 種動物的分離株中，這些動物分離株也大多數為多重抗藥株。國內最近也有類似研究結果，Kuo 等人[13]比對人與豬沙門氏菌分離株，發現 110 株豬分離株分屬 12 個常見於人分離株的血清型，有 44% 豬分離株之 PFGE 圖譜也在人分離株中出現，這些具有相同 PFGE 圖譜的人、豬分離株，具有相同或非常相似的多重抗藥圖譜，該研究指出豬是國人多重抗藥沙門氏菌的主要來源之一。

三、沙門氏菌感染之監測與調查

病原細菌 DNA 指紋圖譜資料庫是 PulseNet 食媒疾病分子分型監測網的資料平臺，能應用在國內外食媒疾病流行的監測與調查。今年曾偵測到一起新北市淡水區某麵包店的提拉米蘇污染 *S. Enteritidis* 的事件。歐盟疾病管制中心

(European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC)最近亦報告調查一起發生在 2011-2013 年間出現在 10 個歐盟國家的跨國 *S. Stanley* 感染流行事件 [14]，該事件有 710 個確定感染病例，第一株流行菌株於 2011 年 7 月分離自奧地利；經由比對人、食品、動物與環境分離之 *S. Stanley* 菌株 PFGE 圖譜，指出火雞肉是污染源，並追蹤到可能造成污染的火雞生產鏈。該事件的調查指出，整合人與非人來源沙門氏菌株的 PFGE 圖譜資料庫，對確定調查污染來源的方向有極大貢獻。

四、國際合作

透過交換流行菌株的 PFGE/MLVA 基因分型資料，可共同調查跨國食媒疾病的爆發流行事件。2011 年德國大腸桿菌 O104:H4 的流行事件 [15]，透過 PulseNet International 系統，疾管署很快即取得該流行菌株的 PFGE 圖譜。2014 年 5 月在美、加爆發之奇亞子(chia)粉末污染沙門氏菌 [16] 與 7 月美國加州生產之雞肉污染沙門氏菌事件 [17]，臺灣皆有進口受污染之產品。實驗室即透過美國疾病管制與預防中心取得流行菌株之 PFGE 圖譜，進行資料庫圖的圖譜比對。奇亞子污染 5 種血清型沙門氏菌，共有 13 種 PFGE 圖譜，比對資料庫未發現有相同圖譜之菌株。污染雞肉的 *S. Heidelberg* 共有 7 個 PFGE 圖譜，其中 1 個 PFGE 圖譜與疾管署資料庫擁有的 12 株 *S. Heidelberg* 中的 11 株有相同圖譜(SMX.275)；*S. Heidelberg* 在臺灣屬罕見血清型，11 株 SMX.275 菌株出現於 2008-2014 年期間，2014 年至今只收集到 1 株 SMX.275 菌株，加上 SMX.275 是 *S. Heidelberg* 最主要圖譜(美國 PulseNet 資料庫 41% *S. Heidelberg* 菌株是 SMX.275 型別)，故難以推斷菌株與此次污染事件之流病關聯性。未來可與美國疾病管制與預防中心合作，進行菌株全基因體定序分析，以推斷其流病關係。此兩次國際食品污染事件也突顯 2014 年收集的菌株數量太少，影響偵測靈敏度；國內沙門氏菌感染來源眾多複雜，每年應收集 5,000 株以上菌株進行分型，方能有足夠的偵測敏感度。

國內沙門氏菌之監測與防治

非傷寒沙門氏菌感染目前非屬法定傳染病，其疾病負擔(每年感染病例數、住院數、死亡數、醫療支出等)未有詳細統計與評估資料，基於國人對食品安全意識不斷提升，未來應比照歐美等國將非傷寒沙門氏菌症列入法定傳染病，強化通報與監測，以提升國人食的安全。

2002 年起疾管署為了監測國內食媒疾病，仿照美國疾病管制與預防中心所建立的 PulseNet 監測網，建立使用標準化 PFGE 分析技術的實驗室，與採購所需之軟硬體設備；2004 年建立沙門氏菌參考實驗室，開始系統性分析國內醫院分離之菌株，調查國內沙門氏菌之流行趨勢；2006 年宣布成立臺灣剝絲網(PulseNet Taiwan)，啟動利用 PulseNet 分子分型監測模式，以偵測食媒疾病之群聚感染流行。

PulseNet 監測系統必需整合疾管署內包括疫情中心的疫情監測、實驗室的菌株基因分型、預防醫學辦公室的流行病學調查、資訊室所建立之資料分享與討論平臺、和權責疾病組的行政作為；在疫情中心與實驗室偵測到疑似群聚感染時，能立即啟動流行病學調查，追查污染來源。

在污染源頭的調查上，同時需要食品與農產等管理機關的參與。2014 年起，食品安全下、中、上游權責機關—疾病管制署、食品藥物管理署與農委會動植物防疫檢驗局，獲得科技部經費支持，共同執行「整合與提升我國食媒性疾病及其病原監測防護網」計畫，內容包括執行 PulseNet Taiwan 的食媒疾病即時監測，調查主要食媒病原之背景資料與源頭，建立跨機關之資訊溝通分享平臺，冀能及早偵測到流行中的群聚感染流行事件，追溯污染源頭，以遏止感染的持續發生，而沙門氏菌是該計畫監測之重點。

源頭管理是防治包括沙門氏菌症等食媒疾病的最佳策略[18]，PulseNet 的監測系統只能偵測到經由食品感染案例的冰山一角，只有在上游端的農畜食品與水源做好把關工作，方能夠有效降低食媒疾病的發生。藉由針對下游消費者的感染監測，揭露上游管理的疏漏所在，讓權責機關得以檢視和修改管理方式與法規內容，將能全面性提升沙門氏菌感染等食媒疾病的防治效益。

誌謝

沙門氏菌的監測工作有賴各醫院提供所分離之菌株，我們感謝 2004-2013 年提供菌株的醫院(依筆劃順序)：三軍總醫院松山分院、中山醫學大學附設醫院、中國醫藥大學附設醫院、天主教耕莘醫療財團法人耕莘醫院、天主教聖馬爾定醫院、天主教羅東聖母醫院、臺中榮民總醫院、臺中榮民總醫院埔里分院、臺北市立聯合醫院仁愛院區、臺北醫學大學附設醫院、臺南市立醫院、光田綜合醫院、佛教花蓮慈濟綜合醫院、亞東紀念醫院、奇美醫療財團法人奇美醫院、東元綜合醫院、林新醫療社團法人林新醫院、埔基醫療財團法人埔里基督教醫院、財團法人佛教慈濟綜合醫院臺中分院、財團法人為恭紀念醫院、財團法人羅許基金會羅東博愛醫院、馬偕紀念醫院臺東分院、馬偕紀念醫院淡水分院、高雄市立小港醫院、高雄長庚紀念醫院、國立成功大學醫學院附醫院、國立臺灣大學醫學院附設醫院新竹分院、國軍花蓮總醫院、國軍高雄總醫院、國軍高雄總醫院左營分院、國泰綜合醫院、敏盛綜合醫院、郭綜合醫院、童綜合醫療社團法人童綜合醫院、新光醫療財團法人新光吳火獅紀念醫院、嘉義市陽明醫院、彰化秀傳醫院、彰化基督教醫院、臺灣基督教門諾會醫療財團法人門諾醫院、澄清醫院、衛生福利部臺北醫院、衛生福利部臺南醫院、衛生福利部南投醫院、衛生福利部桃園醫院、衛生福利部基隆醫院、衛生福利部新竹醫院、衛生福利部彰化醫院、衛生福利部豐原醫院、戴德森醫療財團法人嘉義基督教醫院、壠新醫院

參考文獻

1. Guibourdenche M, Roggentin P, Mikoleit M, et al. Supplement 2003-2007 (No. 47) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. *Res microbiol* 2010;161:26-9.
2. Swaminathan B, Barrett TJ, Hunter SB, et al. PulseNet: the molecular subtyping network for foodborne bacterial disease surveillance, United States. *Emerg Infect Dis* 2001;7:382-9.
3. Swaminathan B, Gerner-Smidt P, Ng LK, et al. Building PulseNet International: an interconnected system of laboratory networks to facilitate timely public health recognition and response to foodborne disease outbreaks and emerging foodborne diseases. *Foodborne Pathog Dis* 2006;3:36-50.
4. McQuiston JR, Waters RJ, Dinsmore BA, et al. Molecular determination of h antigens of salmonella by use of a microsphere-based liquid array. *J Clin Microbiol* 2011;49:565-73.
5. Fitzgerald C, Collins M, van Duyne S, et al. Multiplex, bead-based suspension array for molecular determination of common *Salmonella* serogroups. *J Clin Microbiol* 2007;45:3323-34.
6. 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 Pathog Dis* 2006;3:59-67.
7. European Food Safety Authority--Working Group on Developing Harmonised Schemes for Monitoring Antimicrobial Resistance in Zoonotic A. Harmonised monitoring of antimicrobial resistance in *Salmonella* and *Campylobacter* isolates from food animals in the European Union. *Clin Microbiol Infect* 2008;14:522-33.
8. Bangtrakulnonth A, Pornreongwong S, Pulsrikarn C, et al. Salmonella serovars from humans and other sources in Thailand, 1993-2002. *Emerg Infect Dis* 2004;10:131-6.
9. Braden, Braden CR. *Salmonella enterica* serotype Enteritidis and eggs: a national epidemic in the United States. *Clin Infect Dis* 2006;43:512-7.
10. Schroeder CM, Naugle AL, Schlosser WD, et al. Estimate of illnesses from *Salmonella* Enteritidis in eggs, United States, 2000. *Emerg Infect Dis* 2005;11:113-5.
11. Galanis E, Lo Fo Wong DM, Patrick ME, et al. Web-based surveillance and global *Salmonella* distribution, 2000-2002. *Emerg Infect Dis* 2006;12:381-8.
12. Sandt CH, Fedorka-Cray PJ, Tewari D, et al. A comparison of non-typhoidal *Salmonella* from humans and food animals using pulsed-field gel electrophoresis and antimicrobial susceptibility patterns. *Plos One* 2013;8:e77836. doi:10.1371/journal.pone.0077836.
13. Kuo HC, Lauderdale TL, Lo DY, et al. An association of genotypes and antimicrobial resistance patterns among Salmonella Isolates from pigs and humans in Taiwan. *PLoS*

- One 2014;9:e95772.
14. Kinross P, van Alphen L, Martinez Urtaza J, et al. Multidisciplinary investigation of a multicountry outbreak of *Salmonella* Stanley infections associated with turkey meat in the European Union, August 2011 to January 2013. *Euro Surveill* 2014;19.
 15. Frank C, Werber D, Cramer JP, et al. Epidemic Profile of Shiga-Toxin-Producing *Escherichia coli* O104:H4 Outbreak in Germany - Preliminary Report. *N Engl J Med* 2011;365:1771-80.
 16. Centers for Disease Control and Prevention. Multistate Outbreak of Salmonella Infections Linked to Organic Sprouted Chia Powder. 2014
<http://www.cdc.gov/salmonella/newport-05-14/>
 17. Food Safety and Inspection Service of United States Department of Agriculture. California Firm Recalls Chicken Products Due to Possible Salmonella Heidelberg Contamination. 2014
<http://www.fsis.usda.gov/wps/portal/fsis/topics/recalls-and-public-health-alerts/recall-case-archive/archive/2014/recall-044-2014-release>
 18. Hugas M, Beloeil P. Controlling Salmonella along the food chain in the European Union - progress over the last ten years. *Euro Surveill* 2014;19.