

## 《疾病监测》审稿意见与作者答复

题目：1995—2016年新疆维吾尔自治区伤寒沙门菌脉冲场凝胶电泳

作者：李方, 夏依旦·吾福尔, 周海健, 刁保卫, 木塔力甫·托呼提, 张建, 马合木提

---

### 审稿专家意见与作者答复

#### 初审专家意见及作者修改说明：

本研究对 1995—2016 年在新疆（主要是喀什）分离的 527 株伤寒沙门菌进行分子分型和流行特征研究，结果在 527 株伤寒沙门菌分为 145 个 PFGE 带型，共发现 32 组分子分型成簇性病例。本文研究的标本采集时间跨度长，资料比较宝贵，对了解新疆（尤其是喀什）地区伤寒沙门菌的流行本底，具有一定的实际意义。修改意见如下：

1.“1.2 主要试剂”和“1.3 主要仪器”不用单独列出，可放在具体方法的描述中，对重要的和 1.2 中单独键的试剂和仪器进行介绍。比如论文中对 XbaI 内切酶的介绍，就放在了 1.4 中，而不用在介绍。

答：已将原 1.2 和 1.3 仪器和试剂的说明已删除，将内容添加到现 1.2 的 PFGE 分型方法内。

2. PFGE 方法中，哪一菌株作为阳性对照？即哪一菌株使用 XbaI 酶切后的片段作为分子量参考标准？

答：PFGE 的分子量标准菌株为沙门菌 H9812。内容在 1.2 的 PFGE 分型方法内。

3. 因为标本的采集地区主要是在喀什，所以结果肯定有样本的选择性偏倚，这点在结果 2.1“带型的时间和地区分布”中要说明，并在讨论中明确；

答：新疆的伤寒病例主要发生在喀什地区。整个新疆的伤寒监测是相同的方法开展的，喀什地区的伤寒病人最多，所以分离的菌株也最多。

4. 本文的分析结果是将所得条带上传国家致病菌识别网并进行比对分析的吗？答：不是，分析的方法用的是 PFGE 图像录入 BioNumerics（Version 7.1）软件包进行处理

5. 图 1 和表 2 表达的是同一个内容，建议将表 2 删除。

答：已经将内容重复的表 2 删除。

#### 复审专家意见及作者修改说明：

作者按照审稿人的审稿意见进行了修改，论文质量有了较大提高，审稿人认为该修改稿已经达到了期刊的要求。

---

### 定稿会意见与作者答复

#### 定稿会意见：

本文经这次修改后，基本达到要求，可以发表，谢谢！