

序列保守性较高,不能有效分型,但可应用于细菌的鉴定和系统发育学分析。

理想情况下,所有分型方法的分型能力应该是 100%。高度分辨能力的方法常作为细菌亚型分型的最好方法。理论上,稍微不同的遗传背景的微生物可以产生难以分辨的带型,有些分辨度过高的方法会将其他分型方法和流行病学研究证明为一类的菌株分为不同的种群。因此任何一种分型/指纹图谱分析必须谨慎解释,实践中必须根据其他流行病学资料进行合理的解释^[9]。许多从事分型和指纹图谱研究的专家推荐同时应用多种分型方法研究大多数微生物的特征。

3.3 克洛诺菌属溯源数据库的建立

本研究将不同类型的分析数据和菌株相关信息作为构建数据库的内容和基础信息,采用 BioNumerics 分析和数据库软件,建立了比较完整的克洛诺菌属(生物分型、抗生素敏感性分型、PFGE 分型、自动化核糖体分型和 16S rDNA 序列)溯源分析数据库,为建立我国重要食源性致病菌溯源分析数据库提供了技术储备。但本数据库中的分离株均为食品(如纯牛奶、原料粉、全脂奶粉、婴幼儿配方粉等)分离株,尚缺乏环境和临床分离株,随着对该菌研究的深入和扩展,中心实验室将在国家食源性疾病监测网的网络实验室和临床监测点逐渐加强对该菌的监测,以便得到更加完善的克洛诺菌属污染和食源性疾病溯源的有效信息。

参考文献

[1] IVERSEN C, LEHNER A, MULLANE N, et al. Identification of

'*Cronobacter*' spp. (*Enterobacter sakazakii*) [J]. *J Clin Microbiol*, 2007, 45(11):3814-3816.

[2] IVERSEN C, LEHNER A, MULLANE N, et al. The taxonomy of *Enterobacter sakazakii*: proposal of a new genus *Cronobacter* gen. nov. and descriptions of *Cronobacter sakazakii* comb. nov., *Cronobacter sakazakii* subsp. *sakazakii*, comb. nov., *Cronobacter sakazakii* subsp. *malonaticus* subsp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov. and *Cronobacter genomospecies 1* [J]. *BMC Evol Biol*, 2007, 7:64.

[3] IVERSEN C, MULLANE N, MCCARDELL B, et al. *Cronobacter* gen. nov., a new genus to accommodate the biogroups of *Enterobacter sakazakii*, and proposal of *Cronobacter sakazakii* gen. nov., comb. nov., *Cronobacter malonaticus* sp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov., *Cronobacter genomospecies 1*, and of three subspecies, *Cronobacter dublinensis* subsp. *dublinensis* subsp. nov., *Cronobacter dublinensis* subsp. *lausannensis* subsp. nov. and *Cronobacter dublinensis* subsp. *lactaridi* subsp. nov. [J]. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2008, 58(6):1442-1447.

[4] Joint FAO/WHO Workshop. *Enterobacter sakazakii* and *Salmonella* in powdered infant formula [M]. Rome: FAO, 2006.

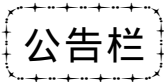
[5] 裴晓燕, 郭云昌, 刘秀梅. 阪崎肠杆菌脉冲场凝胶电泳分型方法的研究 [J]. *卫生研究*, 2008, 37(2):179-182.

[6] 裴晓燕, 刘秀梅. 阪崎肠杆菌分离株 16S rDNA 序列分析 [J]. *卫生研究*, 2010, 39(1):36-39.

[7] Bionumerics manual [DB/OL]. [2009-06-06]. http://www.applied-maths.com/download/brochures/brochure_bn.pdf.

[8] TANG Y W, ELLIS N M, HOPKINS M K, et al. Comparison of phenotypic and genotypic techniques for identification of unusual aerobic pathogenic gram-negative bacilli [J]. *J Clin Microbiol*, 1998, 36(12):3674-3679.

[9] 杨瑞馥, 宋亚军. 微生物法医学:理论与技术 [M]. 北京:化学工业出版社, 2005.



中华人民共和国卫生部公告

2009 年 第 19 号

根据《中华人民共和国食品安全法》规定,经全国食品添加剂标准化技术委员会审核,现批准琥珀酸单甘油酯等 16 种食品添加剂和低聚果糖等 4 种营养强化剂扩大使用范围及使用量。

我部 2006 年第 5 号公告中所列香料品种允许继续使用。

特此公告。

附件: 扩大使用范围及使用量的食品添加剂、营养强化剂品种(略)

二〇〇九年十二月二十九日