

论著

2016年中国26个省市食源性沙门菌耐药性特征分析

胡豫杰¹,刘畅²,王美美¹,甘辛¹,徐进¹,李凤琴¹,杨大进¹,裴晓燕¹

(1. 国家食品安全风险评估中心 卫生部食品安全风险评估重点实验室,北京 100021;

2. 北京农学院食品科学与工程学院,北京 102206)

摘要:目的 了解2016年中国26个省、直辖市和自治区食源性沙门菌的耐药状况。方法 采用微量肉汤稀释法测定755株食源性沙门菌对10类16种抗生素的药物敏感性,采用实时荧光定量聚合酶链式反应方法检测 *mcr-1* 基因的存在情况。结果 72.7% (549/755) 的沙门菌对受试的16种抗生素呈现不同程度的耐药性,其中萘啶酸 (NAL)、四环素 (TET)、氨苄西林 (AMP)、氨苄西林/舒巴坦 (SAM) 4种抗生素的耐药率较高,均在34%以上,未见碳青霉烯类[亚胺培南 (IPM)、美罗培南 (MEM)] 耐药菌株,44.4% (335/755) 的沙门菌同时耐受3类或3类以上抗生素,表现为多重耐药,同时耐受抗生素种类最高为8类。共存在134种耐药谱,优势耐药谱型为 NAL、TET 和 AMP-SAM-NAL。全部菌株中检出2株携带 *mcr-1* 基因的菌株,分别为八重耐药的德尔卑沙门菌 (*Salmonella* Derby) 和七重耐药的鼠伤寒沙门菌 (*Salmonella* Typhimurium)。部分省份沙门菌耐药率较高。结论 2016年中国26个省、直辖市和自治区食源性沙门菌整体耐药水平较高,多重耐药情况严重,我国食源性沙门菌中存在携带 *mcr-1* 基因的多重耐药菌株,应引起关注。

关键词:沙门菌; 耐药性; 多重耐药; 多粘菌素 E; *mcr-1*; 食源性致病菌

中图分类号: R155 文献标志码: A 文章编号: 1004-8456(2018)05-0456-06

DOI: 10.13590/j.cjfh.2018.05.002

Resistance characteristic analysis for foodborne *Salmonella* isolates from China, 2016HU Yujie¹, LIU Chang², WANG Meimei¹, GAN Xin¹, XU Jin¹, LI Fengqin¹,
YANG Dajin¹, PEI Xiaoyan¹

(1. Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment of Ministry of Health, China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100021, China; 2. Food Science and Engineering College, Beijing University of Agriculture, Beijing 102206, China)

Abstract: Objective To understand the antimicrobial resistance of foodborne *Salmonella* isolates in China in 2016. **Methods** Broth microdilution method were used for the antimicrobial susceptibility of 775 *Salmonella* isolates against 16 antimicrobial compounds which belongs to 10 categories, and real-time fluorescence quantitative polymerase chain reaction method was used to detect the existence of *mcr-1* gene. **Results** About 72.7% (549/775) isolates showed different antimicrobial resistant levels to 16 antimicrobials tested, and the resistance rates to nalidixic acid (NAL), tetracycline (TET), ampicillin (AMP) and ampicillin-sulbactam (SAM) were as high as above 34% while all strains were susceptible to imipenem (IPM) and meropenem (MEM). About 44.4% (335/775) were identified as multi-drug resistant (MDR) strains, among which resistance to as much as eight classes of antimicrobials was unfolded. There were 134 antimicrobial resistance spectrums with NAL, TET and AMP-SAM-NAL as the top three spectrums. Two isolates were identified carrying *mcr-1* gene, one was *Salmonella* Derby serotype with resistance to 8 classes of drugs at the same time, while another one was *Salmonella* Typhimurium serotype with co-resistance to 7 kinds of drugs. Serious multi-drug resistance was found in some provinces. **Conclusion** An overall high level antimicrobial resistance was found among foodborne *Salmonella* isolates in 2016, so was the MDR condition, especially for strains recovered from some provinces. *Mcr-1* gene could be carried in foodborne *Salmonella* isolates, therefore, close attention should be paid to its surveillance and further research on the antimicrobial resistance and transportation.

Key words: *Salmonella*; antimicrobial resistance; multi-drug resistant; colistin; *mcr-1*; foodborne pathogens

收稿日期: 2018-07-27

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0401102); 国家食品安全风险评估中心青年科研基金(2017005); 国家食品安全风险评估中心高层次人才队伍建设 523 项目-食品分类人才培养项目(2017 人才-3-11)

作者简介: 胡豫杰 男 助理研究员 研究方向为食源性沙门菌 E-mail: huyujie@cfsa.net.cn

通信作者: 裴晓燕 女 研究员 研究方向为食品风险监测 E-mail: peixiaoyan@cfsa.net.cn

沙门菌引起的食源性疾病已成为当今世界最常见的胃肠道疾病,动物性食品尤其是生禽畜类制品是重要的原因食品^[1]。动物养殖过程中抗生素的使用一定程度上加剧了沙门菌耐药化趋势,而养殖、屠宰加工、储藏、运输、销售等环节存在的交叉污染也为耐药沙门菌在食物链中传播耐药性提供了重要渠道,因此对我国食源性沙门菌进行耐药性监测十分必要^[2]。2015年我国监测数据^[3]表明,我国食源性沙门菌整体耐药水平较高,多重耐药严重,且已存在携带质粒介导粘菌素耐药 *mcr-1* 基因^[4]的菌株,其在肠杆菌科中传递和转移的潜在风险不可忽视。本研究针对2016年中国食品中分离的755株沙门菌分离株进行抗生素药物敏感性测定,并同时检测 *mcr-1* 基因,分析2016年中国食品食源性沙门菌的耐药性特征,为控制和减少食源性沙门菌耐药性的传播提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株来源

本研究所用755株沙门菌分离自2016年国家食品污染物和有害因素风险监测网采集的食品样品。全部菌株来自全国26个省、直辖市和自治区,所有菌株均已生化鉴定复核确认为沙门菌后入库-80℃冰箱保藏。药敏质控菌株和超广谱β-内酰胺酶(ESBLs)确证质控菌株分别为大肠埃希菌(ATCC 25922)和肺炎克雷伯菌(ATCC 700603),均为本实验室保存。

1.1.2 主要仪器与试剂

实时荧光定量聚合酶链式反应(PCR)仪(美国Bio-Rad),DensiCHEK Plus比浊仪、Vitek2 Compact生化鉴定仪均购自法国Biomérieux,Luminex 200液相悬浮芯片系统(美国Luminex),生物安全柜,恒温培养箱,台式离心机。

脑心浸液琼脂(BHA,北京陆桥技术股份有限公司),脑心浸液肉汤(BHI,英国OXOID),PCR MasterMix、100 bp DNA Ladder均购自天根生化科技(北京)有限公司,沙门菌SSA血清分型试剂盒(美国Luminex)。抗生素药敏板及药敏肉汤均购自上海复星佰璐生物技术有限公司,包括针对所有菌株的萘啶酸(NAL)、环丙沙星(CIP)、氨基苄西林(AMP)、氨基苄西林/舒巴坦(SAM)、四环素(TET)、氯霉素(CHL)、氟苯尼考(FFC)、复方新诺明(SXT)、头孢噻肟(CTX)、头孢他啶(CAZ)、头孢吡肟(FEP)、头孢噻吩(KF)、庆大霉素(GEN)、亚胺培南(IPM)、美罗培南(MEM)、多粘菌素E(CT),以及

针对 *mcr-1* 基因阳性菌株补充的阿米卡星(AK)、厄他培南(ETP)、头孢西丁(FOX)、甲氧苄啶(TMP)、呋喃妥因(NIT)、氨曲南(ATM)、头孢曲松(CRO)、多粘菌素B(PB)、CAZ-克拉维酸(CLA)和CTX-CLA。*mcr-1* 基因实时荧光定量PCR检测引物及探针由英潍捷基(上海)贸易有限公司合成。

1.2 方法

1.2.1 抗生素敏感性测试

使用一次性无菌接种环,将待测菌株从冻存管划线接种至BHA平板37℃过夜培养复苏,挑取单颗菌落再次转接BHA平板37℃培养过夜后,使用生理盐水调节浊度至0.5麦氏单位,取菌悬液60 μl至12 ml改良肉汤中,充分混匀后按照100 μl/孔加至药敏板,置于恒温恒湿培养箱内37℃孵育18~24 h,肉眼读取最低抑菌浓度(MIC),大肠埃希菌(ATCC 25922)为质控菌株,依据美国临床和实验室标准化协会(CLSI)M100-S28^[5]进行质控和药敏结果判读。FFC和CT的质控和耐药判定分别参照CLSI动物源性细菌药敏试验操作标准^[6]和欧洲抗菌药物敏感试验委员会(EUCAST)相关标准^[7]。

1.2.2 *mcr-1* 基因检测

水煮法提取所有菌株的细菌基因组DNA,采用实时荧光定量PCR仪检测 *mcr-1* 基因,扩增方法和条件参照文献^[8]。阳性对照样品为本实验室保存的2015年沙门菌食品分离株2015S1096^[3],已经全基因组测序确认携带 *mcr-1* 基因。

1.2.3 *mcr-1* 基因阳性菌株药敏补充试验、ESBLs检测和血清学鉴定

针对 *mcr-1* 基因阳性菌株,使用药敏板补充药敏试验,使检测范围覆盖CLSI针对肠杆菌科所设计的全部抗生素类别,并按照ESBLs确证标准^[5]判定ESBLs阴阳性。通过基于Luminex 200平台的液相悬浮芯片系统,使用沙门菌血清分型试剂盒检测沙门菌血清抗原信息,并按照GB 4789.4—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》^[9]中规定的沙门菌血清学鉴定程序进行O抗原和H抗原的复核,对照国际通用沙门菌抗原决定式表(WKLM表)^[10],判断菌株血清型别。

1.3 统计学分析

使用SPSS 19.0对耐药率进行Pearson卡方检验,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 沙门菌分离株对16种抗生素的耐药结果

755株沙门菌中有549株(72.7%)为耐药菌株,对受试的16种抗生素呈现不同程度的耐药,其

中对 NAL、TET、AMP、SAM 的耐药率较高,均在 34% 以上,分别为 52.5% (396/755)、47.4% (358/755)、38.5% (291/755) 和 34.8% (263/755),其次为 CHL、SXT、FFC、CIP、KF、CTX 和 GEN,耐药率在 11.0% ~ 24.8% 之间,CT、CAZ 和 FEP 耐药率均在 10% 以下。

CIP、CHL、FFC 和 KF 的中介率超过 6%,分别为 38.3% (289/755)、11.5% (87/755)、8.6% (65/755) 和 6.2% (47/755)。2 种碳青霉烯类抗生素 IPM 和 MEM 均未检测到耐药株和中介株。耐药结果见表 1。

表 1 755 株沙门菌对 16 种抗生素敏感性测试结果

Table 1 Antimicrobial susceptibility testing results for 755 *Salmonella* strains against 16 antimicrobials

抗生素类别	抗生素名称	耐药菌株数 (%)	中介菌株数 (%)	敏感菌株数 (%)
喹诺酮类	NAL	396 (52.5)	—	359 (47.5)
	CIP	161 (21.3)	289 (38.3)	305 (40.4)
四环素类	TET	358 (47.4)	11 (1.5)	386 (51.1)
青霉素类	AMP	291 (38.5)	3 (0.4)	461 (61.1)
内酰胺/内酰胺酶抑制剂类	SAM	263 (34.8)	32 (4.2)	460 (60.9)
	CHL	187 (24.8)	87 (11.5)	481 (63.7)
苯丙醇类	FFC	170 (22.5)	65 (8.6)	520 (68.9)
	SXT	179 (23.7)	—	576 (76.3)
磺胺类	KF	103 (13.6)	47 (6.2)	605 (80.1)
	CTX	89 (11.8)	4 (0.5)	662 (87.7)
	CAZ	45 (6.0)	11 (1.5)	699 (92.6)
头孢类	FEP	40 (5.3)	7 (0.9)	708 (93.8)
	GEN	83 (11.0)	0 (0.0)	672 (89.0)
氨基糖苷类	CT	61 (8.1)	—	694 (91.9)
	IPM	0 (0.0)	0 (0.0)	755 (100.0)
多粘菌素类	MEM	0 (0.0)	0 (0.0)	755 (100.0)
	碳青霉烯类			

注:—表示 CLSI 或 EUCAST 标准中没有该抗生素的判定标准

2.2 耐药谱分布情况

多重耐药 (MDR) 菌株共有 335 株, 占所有菌株的 44.4% (335/755)。耐受 1 类抗生素即单重耐药的菌株数量最多 (17.0%, 128/755), 其次为同时耐受 3 类抗生素的菌株 (11.9%, 90/755) 和同时耐受 2 类抗生素的菌株 (11.4%, 86/755), 同时耐受抗生素种类最高为 8 类。549 株耐药沙门菌共有 134 种耐药谱, 单重耐药沙门菌中优势耐药谱为 NAL (71 株) 和 TET (40 株), 多重耐药沙门菌中优势耐药谱为 AMP-SAM-NAL (32 株)。检出 26 株八重耐药沙门菌和 52 株七重耐药沙门菌, 其中前者最多耐受 13 种抗生素 (3 株), 耐药谱均为 GEN-AMP-SAM-FEP-SXT-NAL-CHL-TET-CTX-FFC-CAZ-KF-CIP (来自内蒙古自治区、山东省和辽宁省); 后者最多同时耐受 12 种抗生素 (3 株), 耐药谱为 AMP-SAM-FEP-SXT-NAL-CHL-TET-CTX-FFC-CAZ-KF-CIP (来自安徽省和云南省) 和 GEN-AMP-SAM-FEP-NAL-CHL-TET-CTX-FFC-CAZ-KF-CIP (来自广东省)。受试的沙门菌耐受抗生素种类和主要耐药谱情况分别见表 2 和 3。

2.3 不同地区来源沙门菌分离株耐药结果

本研究中沙门菌分离株所涉及的 26 个省、直辖市和自治区中, 共有 19 个地区的菌株耐药率不低于 50%, 其中 9 个地区的耐药率均超过 80%, 最高为浙江省 88.6% (31/35), 其次为江苏省 87.8% (36/41)。

表 2 沙门菌耐受抗生素种类及所占比例 (n = 755)

Table 2 Different categories of antimicrobial resistance that *Salmonella* isolates demonstrated

耐药种类	菌株数	占比/%
0	206	27.3
1	128	17.0
2	86	11.4
3	90	11.9
4	79	10.5
5	39	5.2
6	49	6.5
7	52	6.9
8	26	3.4

注:“耐药种类”(0~8)表示沙门菌分离株同时耐受所测试 10 类抗生素中的种类数

10 个地区的多重耐药率不低于 50%, 其中内蒙古自治区、江苏省、安徽省和辽宁省四个地区多重耐药率超过 60%。湖北省和陕西省的七重及八重耐药菌株比例超过 25%, 见表 4。

2.4 *mcr-1* 基因检测结果

实时荧光定量 PCR 检测结果表明, 755 株沙门菌分离株中有 2 株携带 *mcr-1* 基因, 分别来自湖北省和广东省的食品样品, 检出率为 0.3%。

2.5 *mcr-1* 基因阳性菌株药敏补充试验、ESBLs 检测和血清学鉴定结果

针对检出的 2 株携带 *mcr-1* 基因的菌株, 补充了 CLSI 中针对肠杆菌科其他类别抗生素的补充药敏试验, 药敏结果见表 5。经对 CTX 和 CAZ

表3 沙门菌主要耐药谱分布情况

Table 3 Dominant antimicrobial resistance spectrums of *Salmonella* isolates

同时耐药种类	耐药谱	菌株数	占比/%
1	NAL	71	9.4
	TET	40	5.3
2	NAL-TET-CIP	24	3.2
	NAL-TET	19	2.5
	NAL-CT	9	1.2
3	AMP-SAM-NAL	32	4.2
	AMP-SAM-TET	14	1.9
	NAL-CHL-TET-FFC	10	1.3
	SXT-CHL-TET-FFC	9	1.2
4	AMP-SAM-NAL-CT	23	3.0
	AMP-SAM-NAL-TET	17	2.3
6	SXT-NAL-CHL-TET-FFC-CIP	8	1.1
	GEN-AMP-SAM-FEP-NAL-TET-CTX-KF-CIP	14	1.9
7	GEN-AMP-SAM-SXT-NAL-CHL-TET-FFC-CIP	13	1.7
	AMP-SAM-SXT-NAL-CHL-TET-CTX-FFC-CAZ-KF-CIP	12	1.6

注:表中只列出占比1.0%以上的15种耐药谱(共315株),剩余119种耐药谱(含234株)未列出

表4 不同地区来源沙门菌分离株耐药状况

Table 4 Antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates recovered from different provinces

来源	菌株数	耐药菌株数(%)	多重耐药菌株数(%)	七重和八重耐药菌株数(%)
广东省	76	55(72.4)	24(31.6)	3(3.9)
湖南省	66	54(81.8)	36(54.5)	16(24.2)
河南省	65	52(80.0)	20(30.8)	6(9.2)
山东省	53	27(50.9)	20(37.7)	6(11.3)
广西壮族自治区	47	25(53.2)	16(34.0)	0(0.0)
四川省	42	35(83.3)	17(40.5)	2(4.8)
江苏省	41	36(87.8)	28(68.3)	2(4.9)
云南省	40	27(67.5)	20(50.0)	4(10.0)
黑龙江省	39	30(76.9)	22(56.4)	0(0.0)
浙江省	35	31(88.6)	18(51.4)	4(11.4)
江西省	28	14(50.0)	6(21.4)	4(14.3)
福建省	27	20(74.1)	13(48.1)	4(14.8)
陕西省	27	23(85.2)	15(55.6)	7(25.9)
湖北省	25	19(76.0)	14(56.0)	7(28.0)
河北省	23	17(73.9)	11(47.8)	0(0.0)
辽宁省	21	18(85.7)	13(61.9)	2(9.5)
安徽省	20	17(85.0)	13(65.0)	3(15.0)
内蒙古自治区	18	15(83.3)	13(72.2)	3(16.7)
吉林省	16	8(50.0)	2(12.5)	1(6.3)
山西省	15	11(13.3)	5(33.3)	2(13.3)
贵州省	13	5(38.5)	3(23.1)	0(0.0)
其他	18	—	—	—
合计	755	549(72.7)	335(44.4)	78(10.3)

注:—表示无此数据,因部分地区分离菌株数少于10株,不参与耐药率评价,结果统计在“其他”中,耐药、多重耐药和七重及八重耐药的菌株数分别为10、6和2株

添加CLA(4 μg/ml)进行ESBLs确证试验,并通过Luminex进行血清学试验,结果表明,湖北省分离株(2016S231)为ESBLs阴性,血清型为德尔卑沙门菌(*Salmonella* Derby),抗原式为4,12:f,g,-;广东省分离株(2016S29)为ESBLs阳性,血清型为鼠伤寒沙门菌(*Salmonella* Typhimurium),抗原式为4,12:i:1,2。

表5 *mcr-1*基因阳性沙门菌分离株的药敏结果Table 5 Antimicrobial susceptibility testing results for *mcr-1* gene positive *Salmonella* isolates

抗生素类别	抗生素名称	菌株编号	
		2016S231	2016S629
四环素类	TET	耐药	耐药
甘氨酸环素类	TGC	敏感	敏感
硝基咪唑类	NIT	敏感	敏感
单环内酰胺类	ATM	敏感	敏感
青霉素类	AMP	耐药	耐药
内酰胺/内酰胺酶抑制剂类	SAM	耐药	耐药
氨基糖苷类	GEN	耐药	中介
	AK	敏感	敏感
	IMP	敏感	敏感
碳青霉烯类	MEM	敏感	敏感
	ETP	敏感	敏感
磺胺类	SXT	耐药	敏感
	TMP	耐药	敏感
喹诺酮类	NAL	耐药	耐药
	CIP	耐药	中介
苯丙醇类	CHL	耐药	敏感
	FFC	耐药	中介
多粘菌素类	CT	敏感	耐药
	PB	中介	中介
	CTX	敏感	耐药
头孢类	CAZ	敏感	敏感
	KF	敏感	耐药
	FEP	敏感	耐药
	FOX	敏感	敏感
	CRO	敏感	耐药

3 讨论

本研究结果显示,2016年我国食品中分离的沙门菌,耐药率、多重耐药率、七重及以上耐药率分别为72.7%、44.4%和10.3%,对NAL、TET、AMP、SAM这4种抗生素的耐受性较强,耐药情况与2015年保持一致^[3],一方面由于这两年沙门菌检测所采集的食品类型及来源差别较小,另一方面提示这4种

抗生素可能在我国食品生产加工环节长期使用。4种头孢类抗生素耐药率呈现一定差别,其中一代头孢类KF的耐药率最高达13.6%且具有6.2%的中介菌株,四代头孢类FEP耐药率最低为5.3%,一方面随着研发代数增加,头孢类抗生素对革兰阴性菌的抗菌活性增加,另一方面该类抗生素耐药率与研发和使用时间存在一定关系。所有菌株均对IPM和MEM敏感,表明碳青霉烯类抗生素作为终极药物依然对临床沙门菌感染有较好疗效,但需要注意的是,山东省零售鸡肉样品中已分离出携带 bla_{NDM-1} 等多种耐药基因和IS26等可移动质粒的沙门菌^[11-12],该菌株对碳青霉烯类在内的多种抗生素耐受并具有较高的接合转移率,表现出不可忽视的泛耐药性和潜在传播性,因此需要加强对我国食源性耐药沙门菌的持续关注,特别是多重耐药菌株的重点监测。相较2015年NAL和CIP的耐药率(52.6%和16.2%)^[3],本研究中NAL耐药率(52.5%)基本持平且维持较高水平,二者差异无统计学意义($P > 0.05$),CIP耐药率(21.3%)有所上升,差异有统计学意义($P < 0.05$),针对CIP耐药监测及耐药机理和传播机制的研究还需要进一步加强。

分析结果提示,当前耐药性呈现多重耐药、多态性和地域性。受试菌株中存在可同时耐受8类抗生素的沙门菌(对除CT、IPM和MEM外的其他13种测试抗生素均耐药),表现出严重耐药性。同时所有菌株耐药谱种类达134种,呈现较高多态性。另外,本研究结果显示2016年我国大陆食源性沙门菌分离株的耐药性存在一定程度地域性差异,部分省份菌株耐药率或多重耐药率相对于其他省份均处于较高水平,耐药程度较为严重。

国际上作为兽用抗生素的FFC和CT,本研究中也呈现出一定的耐药水平,耐药率分别为22.5%和8.1%,前者还存在8.6%的中介菌株,相较2015年^[3]我国食源性沙门菌对这2种抗生素的耐药率(22.2%和18.3%),FFC耐药性无明显变化,差异无统计学意义($P > 0.05$),CT的耐药性有一定程度降低,差异有统计学意义($P < 0.01$)。CT被称为治疗革兰阴性菌的最后一道防线,我国农业部门已于2016年7月发布第2428号公告^[13],正式停止在动物中使用多粘菌素作为生长促进剂(饲料添加剂),并于2018年4月20日发布《兽用抗菌药使用减量化行动试点工作方案》^[14],旨在3年内实现兽用抗生素用量“零增长”,表明我国政府对动物细菌耐药问题的高度重视。

我国食源性致病菌耐药监测系统相比于美

国^[15]和欧盟^[16],食品样品来源种类更为多样,且每年针对部分食品设置专项监测,具有更广泛代表性;虽然每年监测计划的变动一定程度影响部分食品种类中致病菌的连续监测,但主要食品种类基本保持稳定;沙门菌耐药监测抗生素种类与国际存在出入,但同样包含多种常用临床或兽用抗生素,具有较广筛查范围;沙门菌对部分抗生素(NAL、TET、AMP、SAM)耐药率及总体多重耐药情况历年来一直维持较高水平,与国际其他监测系统存在较为明显差别。需要注意的是,美国和欧盟耐药监测都结合了沙门菌主要血清型进行相关分析,甚至包括鼠伤寒沙门菌单相缺失变种,并对部分重要耐药机制进行了检测,美国国家抗生素耐药性监测系统(NARMS)还给出了动物生产中相关抗生素销售及使用情况、沙门菌基因组和耐药组等数据,表明其耐药监测已从表型监测向基因型监测深入。

本研究中发现的2株携带 $mcr-1$ 基因的沙门菌,其血清型分别为德尔卑沙门菌和鼠伤寒沙门菌,与2015年^[3]发现的携带 $mcr-1$ 基因的伦敦血清型沙门菌不同,另外本实验室还在印第安纳沙门菌(*Salmonella Indiana*)和病牛沙门菌(*Salmonella Bovismorbificans*)中检出携带 $mcr-1$ 基因(数据未发表),一方面表明该耐药机制已确定存在于沙门菌属多种血清型,另一方面也提示该耐药机制具有在沙门菌不同血清型间传播的可能性。研究^[17]表明 $mcr-1$ 基因已通过IncI2、IncX4和IncHI2等流行性质粒以及可移动元件,在全球35个不同国家和地区的人、动物和环境等多种来源肠杆菌中广泛传播。虽然从本研究结果看,携带 $mcr-1$ 基因的2株沙门菌可被碳青霉烯类(IMP、MEM、ETP)、甘氨酸环素类(TGC)、硝基咪唑类(NIT)和单环内酰胺类(ATM)等抗生素抑制,但该耐药机制传递的潜在风险不可忽视,尤其在肠杆菌科中不同细菌、不同来源菌株中的转移传播,极大增加了临床使用多粘菌素类抗生素治疗肠杆菌科感染的失效风险,因此,在国家对畜牧生产加工中多粘菌素使用监管加强的同时,针对我国食品中沙门菌对CT耐药状况的监测也需要持续进行,为掌握和评估多粘菌素在食品生产加工过程中使用情况和该类耐药机制的传播研究提供依据。

总之,2016年我国食源性沙门菌的整体耐药水平较高,且存在携带 $mcr-1$ 基因的耐药菌株,非常有必要针对食源性沙门菌开展持续监测以及针对重要耐药和传播机制开展深入研究,以切实保障我国食品安全。

参考文献

- [1] 胡豫杰,王晔茹,李凤琴. 北京部分市售整鸡中沙门菌和弯曲菌协同定量污染研究[J]. 卫生研究,2015,29(6):68-72.
- [2] 胡豫杰,赫英英,王晔茹,等. 中国六省份零售整鸡中沙门菌血清型分布和耐药性特征研究[J]. 中华预防医学杂志,2017,52(4):647-652.
- [3] 胡豫杰,王伟,闫韶飞,等. 2015年分离自中国大陆食品的1070株沙门菌耐药性分析[J]. 中国食品卫生杂志,2017,17(2):100-103.
- [4] LIU Y Y, WANG Y, WALSH T R, et al. Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism *MCR-1* in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study[J]. Lancet Infect Dis, 2016, 6(2): 161-168.
- [5] Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). M100-S28 performance standards for antimicrobial susceptibility testing twenty-eighth informational supplement [M]. Wayne: CLSI,2018.
- [6] Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). M31-A3 performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals [M]. Wayne:CLSI,2008.
- [7] The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST). Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters. Version 8.0, 2018 [EB/OL]. (2018-01-01) [2018-06-12]. http://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/Breakpoint_tables/v_8.0_Breakpoint_Tables.pdf.
- [8] CHEN X, ZHAO X F, CHE J, et al. Detection and dissemination of the colistin resistance gene, *mcr-1*, from isolates and faecal samples in China[J]. J Med Microbiol, 2017, 66(2): 119-125.
- [9] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会,国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验: GB 4789.4—2016 [S]. 北京: 中国标准出版社,2016.
- [10] PATRICK A D G, FRANCOIS- XAVIER W. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars [M]. 9th edition. Paris: WHO collaborating centre for reference and research on *Salmonella*, Institut Pasteur,2007.
- [11] WANG W, PENG Z X, BALOCH Z, et al. Genomic characterization of an extensively-drug resistance *Salmonella enterica* serotype Indiana strain harboring *bla*_{NDM-1} gene isolated from a chicken carcass in China [J]. Microbiological Research, 2017, 204(7):48-54.
- [12] WANG W, BALOCH Z, PENG Z X, et al. Genomic characterization of a large plasmid containing a *bla*_{NDM-1} gene carried on *Salmonella enterica* serovar Indiana C629 isolate from China [J]. BMC Infectious Diseases, 2017, 17(1):479.
- [13] 中华人民共和国农业部. 中华人民共和国农业部公告:第2428号[A]. 2016-07-26.
- [14] 中华人民共和国农业农村部办公厅. 农业农村部办公厅关于开展兽用抗菌药使用减量化行动试点工作的通知:农办医[2018]13号[A]. 2018-04-20.
- [15] The National Antimicrobial Resistance Monitoring System. NARMS integrated report, 2015 [R]. U. S. Department of Health and Human Services, FDA, 2017.
- [16] European Food Safety Authority (EFSA), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2016[J]. EFSA Journal, 2018,16(2):5182.
- [17] 易灵娴,刘艺云,吴仁杰,等. 质粒介导的黏菌素耐药基因 *mcr-1* 研究进展[J]. 遗传,2017,39(2):110-126.

· 资讯 ·

欧盟拟放宽噻草酮在草莓中的最大残留限量

2018年8月31日,欧盟食品安全局(EFSA)发布消息称,拟修订噻草酮(cycloxydim)在草莓中现有的最大残留限量。

根据法规(EC)No 396/2005第6条,Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg向德国国家主管部门提交了一份申请,要求修订噻草酮在草莓中现有的最大残留限量。噻草酮在草莓中现有的最大残留限量为3 mg/kg,拟议的最大残留限量为4 mg/kg。经过评估,EFSA得出结论认为,拟议的噻草酮在草莓中最大残留限量不太可能对消费者的健康构成风险。

(来源食品伙伴网,相关链接:<http://news.foodmate.net/2018/09/483172.html>)

关键词:欧盟;噻草酮;草莓;最大残留限量