

风险监测

2014—2019年成都市新都区鼠伤寒沙门菌耐药特性和分子分型研究

王尔群¹,舒玉聪¹,宋志琴¹,秦超¹,黄伟峰²

(1. 成都市新都区疾病预防控制中心,四川 成都 610500;

2. 四川省疾病预防控制中心,四川 成都 610041)

摘要:目的 了解新都区2014—2019年分离的54株鼠伤寒沙门菌耐药情况和分子分型特征。方法 对从病例监测、食物中毒和食品监测分离的54株鼠伤寒沙门菌用微量肉汤稀释法进行药敏试验,用脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)进行分子分型。结果 54株鼠伤寒沙门菌耐药率为98.15%(53/54),三重及以上耐药率为46.30%(25/54)。病例监测和食品监测菌株的多重耐药率分别为56.00%(14/25)和91.67%(11/12),远高于食物中毒菌株0.00%(0/17)。PFGE结果分为31种带型,相似度为64.9%~100%,其中优势带型为XD005,包含7株菌,均来自于病例监测和食品监测。食物中毒来源菌株与病例监测、食品监测来源菌株的耐药情况和分子分型结果差异均有统计学意义($P<0.05$)。结论 新都区病例监测和食品监测来源的鼠伤寒沙门菌耐药情况较为严重。PFGE能在散发病例中识别潜在的暴发事件,应及时对分离菌株进行分子溯源。

关键词:鼠伤寒沙门菌;多重耐药;脉冲场凝胶电泳

中图分类号:R378 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2021)01-0069-06

DOI:10.13590/j.cjfh.2021.01.014

Drug resistance characteristics and molecular typing of *Salmonella* Typhimurium in Xindu District, Chengdu, 2014-2019

WANG Erqun¹, SHU Yucong¹, SONG Zhiqin¹, QIN Chao¹, HUANG Weifeng²

(1. Chengdu Xindu District Center for Disease Control and Prevention, Sichuan Chengdu 610500, China; 2. Sichuan Province Center for Disease Control and Prevention, Sichuan Chengdu 610041, China)

Abstract: Objective To understand the drug resistance and molecular typing characteristics of 54 strains of *Salmonella* Typhimurium in Xindu District from 2014 to 2019. **Methods** The 54 strains of *Salmonella* Typhimurium isolated from case monitoring, food poisoning and food surveillance were tested for drug susceptibility using micro-broth dilution method, and pulsed field gel electrophoresis (PFGE) was used for molecular typing. **Results** The drug resistance rate of 54 strains of *Salmonella* Typhimurium was 98.15% (53/54), and that of multi-drug resistance (triple and above) was 46.30% (25/54). The multi-drug resistance rates of the case monitoring and food surveillance strains were 56.00% (14/25) and 91.67% (11/12), respectively, which were much higher than the food poisoning strains 0.00% (0/17). The PFGE results could be divided into 31 pattern, with a similarity of 64.9%-100%. Among them, the dominant pattern was XD005, which contains 7 strains isolated from case monitoring and food surveillance. The results of drug resistance and molecular typing of strains from food poisoning were significantly different from those from case monitoring and food surveillance ($P<0.05$). **Conclusion** The drug resistance of *Salmonella* Typhimurium isolated from case monitoring and food surveillance was serious in Xindu District. PFGE can identify potential outbreak events in sporadic cases, so it is necessary to trace the molecular origin of the isolated strains on time.

Key words: *Salmonella* Typhimurium; multi-drug resistance; pulsed field gel electrophoresis

沙门菌血清型种类繁多,其中鼠伤寒沙门菌属

于常见的血清型之一^[1],其广泛存在于自然环境及人类食物饮用水中,也可存在于人类及动物肠道中。在全世界范围内,每年有数千万起食源性疾病暴发是由于沙门菌感染^[2]。根据新都区近几年的调查分析(内部报告),鼠伤寒沙门菌也是引起新都区食源性疾病暴发的优势血清型。本研究通过对

收稿日期:2020-10-14

作者简介:王尔群 女 副主任技师 研究方向为微生物检验

E-mail:76705725@qq.com

通信作者:黄伟峰 男 主管技师 研究方向为微生物检验

E-mail:hyc0608@163.com

新都区从病例监测、食物中毒和食品监测中分离到的54株鼠伤寒沙门菌进行药敏试验和脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)分析,了解当地鼠伤寒沙门菌的耐药情况及其相关性,为临床指导合理用药和防控鼠伤寒沙门菌引起的食源性性疾病提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株来源

54株鼠伤寒沙门菌分离自新都区2014—2019年的病例监测、食物中毒和食品监测。病例监测菌株来源于哨点医院散发腹泻病例,引起腹泻的可疑食物种类较多,如肉包子、猪肉和卤鸡爪等;食物中毒菌株来源于2人以上暴发病例(可疑食品中未检出),可疑食物主要为皮蛋;食品监测菌株均来源于肉与肉制品监测项目中的生肉制品,主要为生猪肉和牛肉。大肠埃希菌(ATCC 25922)由本实验室保存,PFGE标准菌株H9812(四川省疾病预防控制中心)。

1.1.2 主要仪器与试剂

VITEK 2 Compact全自动细菌生化鉴定系统(法国生物梅里埃),脉冲场凝胶电泳仪CHEF MAPPER、凝胶成像仪均购自美国Bio-Rad,全自动菌液接种仪(美国Thermo Fisher Scientific)。

磺胺(SBG)增菌液、缓冲蛋白胨水(BPW)、四硫磺酸盐煌绿(TTB)增菌液、亚硒酸盐胱氨酸(SC)增菌液、木糖赖氨酸脱氧胆盐(XLD)琼脂、三糖铁琼脂均购自北京陆桥,沙门菌显色培养基(科玛嘉),全自动生化鉴定GN卡(法国生物梅里埃),沙门菌诊断血清(宁波天润),血琼脂平板(郑州安图),SeakenGold琼脂糖(瑞士LONZA),Xba I限制性内切酶(美国NEB),蛋白酶K(美国Millipore),GelRed染料(美国Biotium)等,试剂均在有效期内使用。14种抗生素药敏检测板分别为庆大霉素(GEN)、头孢噻肟(CTX)、环丙沙星(CIP)、氨苄西林(AMP)、头孢唑啉(CFZ)、氨苄西林/舒巴坦(AMS)、头孢西丁(CFX)、头孢他啶(CAZ)、氯霉素(CHL)、甲氧苄啉/磺胺甲噁唑(SXT)、四环素(TET)、亚胺培南(IPM)、萘啶酸(NAL)、阿奇霉素(AZI),均购自上海星佰。

1.2 方法

1.2.1 病原菌分离鉴定

根据沙门菌检测方法(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》^[3]和国家食源性疾病预防工作手册^[4]),病例监

测和食物中毒患者粪便、肛拭标本用SBG肉汤36℃增菌18~24h;食品样品取25g置于225mL BPW增菌液,36℃增菌8~18h后,取1mL于10mL TTB增菌液42℃增菌18~24h,同时转1mL至SC增菌液36℃增菌18~24h。取增菌液分别划线至XLD琼脂平板和沙门菌显色平板,36℃培养18~24h,挑取XLD上中心黑色,边缘无色透明或半透明,沙门菌显色平板上淡紫色或紫红色菌落转种于三糖铁斜面,36℃培养18~24h,生化符合的进行全自动细菌生化系统鉴定,鉴定卡为GN卡。经生化鉴定为沙门菌的进行血清分型鉴定。典型鼠伤寒沙门菌血清型为(1),4,5,12:i:1,2^[5-6]。

1.2.2 药敏试验

挑取对数生长期的纯菌落加入生理盐水稀释管中混匀,调整菌悬液浓度至0.5 McF,取60 μL菌悬液至肉汤接种管中,使用全自动菌液接种仪加入96孔药敏板中每孔100 μL,阴性对照孔加无菌营养肉汤培养液100 μL。将药敏板放入恒温培养箱中37℃培养18~20h后判读结果。以大肠埃希菌(ATCC 25922)作为质控菌株。

1.2.3 PFGE试验

鼠伤寒沙门菌PFGE程序按照PulseNet沙门菌PFGE的标准方法^[7]进行。Marker为H9812,小胶块用限制性内切酶Xba I酶切后,经PFGE后,染色,用凝胶成像系统获得图谱。运用BioNumerisc 7.6软件进行处理和聚类分析,相似度系数设置为Dice,容许度设置1.5%,采用非加权平均(UPGMA)法进行聚类分析并且绘制聚类图。

1.3 统计学分析

所有数据通过Excel软件和SPSS 17.0统计软件进行分析。不同组别构成比的差异采用Pearson χ^2 检验,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义,检验水准 α 取值为0.05。

2 结果

2.1 鼠伤寒沙门菌来源

54株鼠伤寒沙门菌来自病例监测25株,食物中毒17株,食品监测12株,具体来源见表1。

表1 54株鼠伤寒沙门菌来源分布[% (株)]

年份	病例监测	食物中毒	食品监测	合计
2014	0.00 (0)	11.11 (6)	0.00 (0)	11.11 (6)
2015	5.56 (3)	0.00 (0)	0.00 (0)	5.56 (3)
2016	9.26 (5)	0.00 (0)	0.00 (0)	9.26 (5)
2017	1.85 (1)	11.11 (6)	3.70 (2)	16.67 (9)
2018	16.67 (9)	9.26 (5)	5.56 (3)	31.48 (17)
2019	12.96 (7)	0.00 (0)	12.96 (7)	25.93 (14)
合计	46.30 (25)	31.48 (17)	22.22 (12)	100.00 (54)

2.2 药敏结果

54株鼠伤寒沙门菌对14种抗生素的耐药结果见表2。对头孢菌素三代CAZ、碳青霉烯类IPM均不耐药;对头孢菌素三代CTX、头孢菌素二代CFX、氨基糖苷类GEN、大环内酯类AZI、喹诺酮类CIP的耐药率均<10%;对TET和β-内酰胺类抗生素AMP的耐药率最高,达到66.67%(36/54),其次为NAL耐药率42.59%(23/54)。另外,对CIP虽然耐药率为3.70%(2/54),但其中介率达70.37%(40/54)。由图1可见,不同来源鼠伤寒沙门菌的耐药情况不一样:食品监测和病例监测来源菌株的耐药率高于食物中毒来源菌株,差异有统计学意义($\chi^2 = 50.684, P < 0.05$)。食物中毒来源菌株仅对NAL和AMP耐药,且对NAL的耐药率达到94.12%(16/17),远高于食品监测的16.67%(2/12)和病例监测的20.00%(5/25)。

表2 54株鼠伤寒沙门菌抗生素耐药性结果

Table 2 Antibiotic resistance results of 54 strains of

<i>Salmonella</i> Typhimurium						
抗生素	耐药株数	耐药率/%	中介株数	中介率/%	敏感株数	敏感率/%
AMP	36	66.67	0	0.00	18	33.33
CAZ	0	0.00	2	3.70	52	96.30
AMS	12	22.22	21	38.89	21	38.89
IPM	0	0.00	0	0.00	54	100.00
TET	36	66.67	2	3.70	16	29.63
NAL	23	42.59	0	0.00	31	57.41
CFX	1	1.85	0	0.00	53	98.15
CHL	20	37.04	1	1.85	33	61.11
CTX	5	9.26	0	0.00	49	90.74
CFZ	8	14.81	25	46.30	21	38.89
GEN	4	7.41	1	1.85	49	90.74
AZM	1	1.85	0	0.00	53	98.15
CIP	2	3.70	38	70.37	14	25.93
SXT	19	35.19	0	0.00	35	64.81

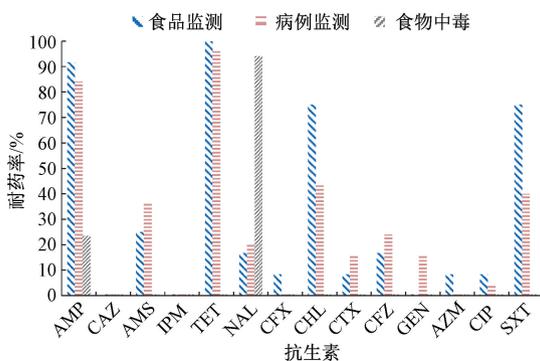


图1 不同来源鼠伤寒沙门菌抗生素耐药性比较

Figure 1 Comparison of antibiotic resistance of *Salmonella* Typhimurium from different sources

2.3 多重耐药结果

54株鼠伤寒沙门菌中耐三种及以上抗生素的耐药率为46.30%(25/54),其中病例监测菌株多重耐药率为56.00%(14/25),食品监测菌株为91.67%

(11/12),食物中毒菌株为0.00%(0/17)。有14个多重耐药谱,其中10株菌均是同一个耐药谱AMP-TET-CHL-SXT,见表3。不同来源的菌株,多重耐药谱不同,只有耐药谱AMP-TET-CHL-SXT和AMP-AMS-TET-CHL-CFZ-SXT同时包含病例监测和食品监测来源菌株,食物中毒中未发现多重耐药菌株。

表3 25株鼠伤寒沙门菌多重耐药谱

Table 3 Multidrug resistance spectrum of 25 strains of

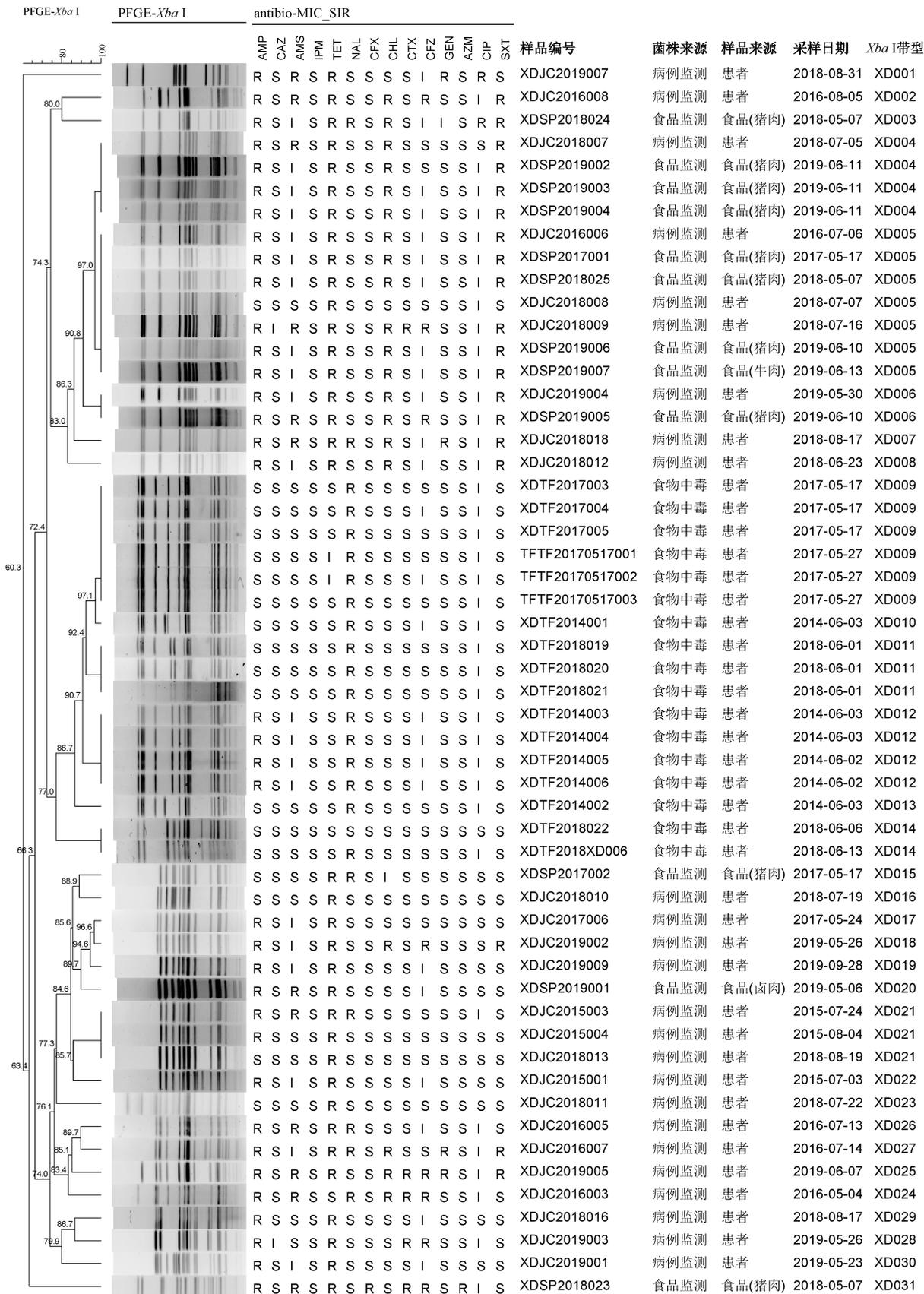
<i>Salmonella</i> Typhimurium		
耐药谱	耐药株数	菌株来源
AMP-AMS-TET-NAL	2	病例监测
AMP-TET-CHL-SXT	2	病例监测
	8	食品监测
AMP-TET-CTX-CFZ	1	病例监测
AMP-AMS-TET-CHL-SXT	1	病例监测
AMP-AMS-TET-GEN-CIP	1	病例监测
AMP-TET-CHL-CFZ-SXT	1	病例监测
AMP-AMS-TET-CHL-CFZ-SXT	1	病例监测
	1	食品监测
AMP-AMS-NAL-CHL-CTX-CFZ	1	病例监测
AMP-TET-NAL-CHL-GEN-SXT	1	病例监测
AMP-TET-NAL-CHL-CIP-SXT	1	食品监测
AMP-AMS-TET-CHL-CTX-CFZ-SXT	1	病例监测
AMP-AMS-TET-NAL-CHL-GEN-SXT	1	病例监测
AMP-AMS-TET-CFX-CTX-CFZ-AZM	1	食品监测
AMP-AMS-TET-CHL-CTX-CFZ-GEN-SXT	1	病例监测

2.4 PFGE 分型结果

54株鼠伤寒沙门菌经限制性内切酶Xba I酶切后分为31种带型,命名为XD001~XD031,相似度区间为64.9%~100%,可聚为3簇:第一簇为带型XD001~XD008,共18株菌,包含病例监测和食品监测来源,88.89%(16/18)对AMP、TET、CHL、SXT均耐药;第二簇为带型XD009~XD014,共17株菌,仅包含食物中毒来源,94.12%(16/17)对NAL耐药;第三簇为带型XD015~XD031,共19株菌,包含病例监测和食品监测来源,73.68%(14/19)均对AMP、TET耐药,见图2。其中8种PFGE带型有2株以上相似度为100%的菌株。XD005为最主要带型,有7株菌,包含2016—2019年食品监测和病例监测的菌株,食品监测菌株主要来源于生猪肉、牛肉,病例监测菌株主要来源于食用了烂肉稀饭、肉包子、猪肉和卤鸡爪的患者。带型XD009、XD012、XD014,分别包含了2017年5月、2014年6月、2018年6月,短时间内发生的2起不同食物中毒事件中患者来源菌株,且据流行病学调查结果,其皆有食用皮蛋的餐饮史。带型XD004、XD005、XD006,均包含了食品监测来源和病例监测患者来源菌株,其中带型XD006两种来源菌株分离日期相近,仅相隔11d。

3 讨论

近年来,由于临床上抗生素的不规范使用,沙



注:R 为耐药;I 为中介;S 为敏感

图 2 54 株鼠伤寒沙门菌聚类分析图

Figure 2 Cluster analysis of 54 strains of *Salmonella* Typhimurium

门菌的耐药率在全球范围内逐年升高,其中鼠伤寒沙门菌耐药尤为严重,目前已出现耐抗生素“最后

一道防线”的多黏菌素耐药鼠伤寒沙门菌^[8],已成为严峻的公共卫生问题^[9]。此次 54 株鼠伤寒沙门

菌仅有1株不耐药,耐药率达98.15%(53/54),其中对11类14种抗生素中CAZ、IPM、CFX、CTX、GEN、AZI、CIP的耐药率<10%。而对AMP、AMS、TET、NAL、CHL、CFZ、SXT的耐药率较高,提示感染鼠伤寒沙门菌的患者使用上述药物需注意用药剂量。食物中毒来源菌株的耐药率低于食品监测和病例监测来源菌株,但对NAL的耐药率远高于食品监测和病例监测,这可能由于食物中毒菌株绝大部分来源于皮蛋,而养鸭场长期大量使用NAL作为预防性药物,导致皮蛋原材料鸭蛋中沙门菌对NAL的耐药率升高^[10]。各地鼠伤寒沙门菌多重耐药的研究结果差别较大:李永瑞等^[11]研究的河南临床分离株多重耐药率为91.15%,程招敏等^[12]研究的广东临床分离株多重耐药率为61.40%,陈静等^[13]研究的武汉地区临床分离株多重耐药率为85.20%,田云屏等^[14]研究的云南食品和临床分离株的多重耐药率为23.53%。本研究中发现25株多重耐药菌株,主要耐药谱为AMP-TET-CHL-SXT,食品监测和病例监测分离菌株的多重耐药情况较严重,食物中毒分离菌株未出现多重耐药情况。因此,在治疗鼠伤寒沙门菌感染引起的腹泻时,要结合药敏试验结果,合理用药,以免延误病情,以及及时起到更好的治疗效果,且能减少耐药菌株的出现和蔓延。

PFGE分子分型技术是目前细菌分子分型的“金标准”^[15]。本研究PFGE型别与其耐药性具有较强的关联,每簇都有独特的耐药谱,并与菌株来源密切相关。PFGE能快速有效地解决病原微生物监测、跟踪和预警等问题。本研究PFGE分型结果显示,带型XD009、XD012、XD014,分别包含发生在同月的2起不同食物中毒患者来源菌株,且都有食用皮蛋的餐饮史,皮蛋是四川地区引起鼠伤寒沙门菌感染的主要食物^[16],提示这3起食物中毒可能是食用了被相同鼠伤寒沙门菌污染的皮蛋所致。带型XD005、XD021,分别包含了当年相隔只有10d的不同散发病例分离菌株,这提示当时此带型的鼠伤寒沙门菌可能引起了一个小范围的潜在暴发。带型XD005包含了2016—2019年从食品监测和病例监测菌株,这提示此带型鼠伤寒沙门菌可能在2016—2019年一直在一定范围内流行,这与四川省内江市王梓旋等^[17]研究结果一致。

近些年鼠伤寒沙门菌引起的感染很多是以散发形式报告的,但通过分子分型发现,许多散发病例都有一定的聚集倾向,但因缺乏当时的流行病学调查信息,不能准确判定并溯源。因此及时做好食

物中毒患者、医院腹泻患者和食品监测中病原菌的分离鉴定工作,并及时开展PFGE分型工作是非常必要的,这有利于及时监测发现并控制潜在暴发食物中毒的可能。及时发现食品污染情况,追踪溯源,查明其传播途径,提示预警,并指导有效防控措施,以防范食物中毒事件发生。

参考文献

- [1] 赵嘉咏,黄丽莉,穆玉姣,等. 2011—2013年河南省鼠伤寒沙门菌耐药与分子分型研究[J]. 中国人兽共患病学报, 2016,32(1):62-66.
- [2] 黄应希,周飞全. 31例散发婴幼儿鼠伤寒沙门菌肠炎临床分析及耐药监测[J]. 赣南医学院学报, 2014, 34(2): 271-272.
- [3] 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.
- [4] 国家食品安全风险评估中心. 2017年国家食源性疾病监测工作手册[Z]. 2017.
- [5] 杨毅,官蕾,牟文婷,等. 2014—2016年乌鲁木齐市鼠伤寒沙门菌耐药与分子分型[J]. 世界最新医学信息文摘, 2019, 19(78):267-268.
- [6] BUGAREL M, VIGNAUD M L, MOURY F, et al. Molecular identification in monophasic and nonmotile variants of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium [J]. Microbiology Open, 2012, 1(4):481-489.
- [7] 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.
- [8] LU X, HU Y F, LUO M, et al. MCR-1.6, a new MCR variant carried by an Incp plasmid in a colistin-resistant *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolate from a healthy individual [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2017, 61(5): e02632-16.
- [9] 张新,曲梅,黄瑛,等. 北京市21株鼠伤寒沙门菌多重耐药和分子分型研究[J]. 中华临床医师杂志:电子版, 2012, 6(15):323-325.
- [10] 雷高鹏,罗水斌,陈丽,等. 2011—2012年四川省部分地区鸭源沙门菌分型及耐药性研究[J]. 现代预防医学, 2014, 41(17):3184-3187.
- [11] 李永瑞,李艳. 河南省临床鼠伤寒沙门菌的耐药性分析[J]. 河南科技大学学报:医学版, 2018, 36(3):218-221.
- [12] 程招敏,蓝锴,柏彩英,等. 鼠伤寒沙门菌分子分型及耐药性特点[J]. 国际检验医学杂志, 2016, 37(12):1601-1603.
- [13] 陈静,孙自镛,李丽,等. 武汉地区61株鼠伤寒沙门菌的耐药性分析[J]. 中国感染与化疗杂志, 2008, 8(1):47-49.
- [14] 田云屏,邹颜秋硕,金莉,等. 云南省鼠伤寒沙门菌PFGE分子分型及耐药情况[J]. 昆明医科大学学报, 2018, 39(8): 29-33.
- [15] 叶蕊,石丽媛,王鹏,等. 脉冲场凝胶电泳技术简介及其在细菌分子分型中的应用[J]. 中国媒介生物学及控制杂志,

2013,24(2):182-185.

[16] 杨小蓉,李莉,颜雯雯,等.沙门菌在皮蛋中的定量生长状况分析[J].预防医学情报杂志,2015,31(8):24-26.

[17] 王梓璇,王小龙,蔡媛媛,等.2017年四川省内江市鼠伤寒沙门氏菌监测与分子分型研究[J].疾病监测,2018,33(5):397-401.

风险监测

2019年浙江省湖州市副溶血性弧菌病原学特征分析

严伟,沈月华,徐德顺

(湖州市疾病预防控制中心,浙江湖州 313000)

摘要:目的 了解2019年浙江省湖州市副溶血性弧菌检出株的血清型别、毒力基因携带情况、抗生素敏感性以及分子分型特征。方法 收集湖州市2019年分离到的92株副溶血性弧菌阳性菌株,并对其开展血清学试验、毒力基因检测、抗生素敏感性试验和脉冲场凝胶电泳分子分型。结果 病例源菌株主要血清型为O3:K6,毒力基因型为 $tlh^+tdh^+trh^-$,食品源主要血清型为O2:Kut,毒力基因型为 $tlh^+tdh^-trh^-$ 。分离株对氯苄西林有很高的耐药性,耐药率达到90.22%(83/92);其次为庆大霉素和四环素。分子分型显示,经Not I酶酶切后,91株副溶血性弧菌产生81个PFGE带型,相似度达到85.00%以上的克隆系有16个。结论 2019年湖州市副溶血性弧菌菌型多样性可能是疾病高发的原因之一。淡水产品和海水产品可能存在交叉污染,需加强相应监管。

关键词:副溶血性弧菌;病原学特征;分子分型

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2021)01-0074-05

DOI:10.13590/j.cjfh.2021.01.015

Etiologic characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* stains in Huzhou of Zhejiang in 2019

YAN Wei, SHEN Yuehua, XU Deshun

(Huzhou Prefectural Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Huzhou 313000, China)

Abstract: Objective To investigate the serotypes, virulence genes, antimicrobial resistance and molecular characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* in Huzhou of Zhejiang Province. **Methods** Isolates of 92 *V. parahaemolyticus* in Huzhou were analyzed by serological typing, virulence gene detection, antibiotic resistance testing, and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) for molecular typing. **Results** O3:K6 was the main serotype and $tlh^+tdh^+trh^-$ was the most frequently detected virulence genotype in clinical strains. O2:Kut was the main serotype and $tlh^+tdh^-trh^-$ was the most frequently detected virulence genotype in environmental strains. Antibiotic resistance testing indicated that the isolates were highly resistant to ampicillin (90.22%, 83/92), followed by gentamicin and tetracycline. Following the restriction enzyme Not I digestion, the 91 strains yielded 81 PFGE patterns, and 16 clones had similarity values of >85.00%. **Conclusion** The etiologic characteristics of *V. parahaemolyticus* varied, which might be one of the reasons for high incidence of foodborne disease in Huzhou. There may be cross-contamination between freshwater and seawater products, so it is necessary to strengthen supervision of food processing.

Key words: *Vibrio parahaemolyticus*; etiologic characteristic; molecular typing

副溶血性弧菌 (*Vibrio parahaemolyticus*, Vp) 是

一种革兰阴性嗜盐杆菌,广泛存在于近海岸的海水、海底沉淀物和鱼、虾、贝类等水产品中,是沿海地区引起感染性腹泻的主要病原菌之一^[1-2],可引起急性胃肠炎和原发性败血症。1950年,Vp首次在日本一起食物中毒事件中检出,该事件由于摄入了半干的小沙丁鱼造成了至少272人患病,20人死亡^[3]。近年来,随着海产品越来越多的运往内陆地区供人们消费,内陆地区Vp感染病例逐年升高^[4]。湖州虽然地处内陆地区,但当地居民有喜食海鲜的习惯,Vp已经成为引起湖州地区感染性腹泻最主要

收稿日期:2020-11-05

基金项目:浙江省医药卫生科技计划项目(2019KY683);浙江省传染病疫苗与预防控制研究重点实验室开放基金(浙疾办[2019]46号)

作者简介:严伟 男 主管技师 研究方向为微生物检验 E-mail: 330367825@qq.com

通信作者:徐德顺 男 主任技师 研究方向为微生物检验 E-mail: 574831399@qq.com