

研究报告

养猪场源致泻大肠埃希菌毒力基因和致病型研究

马金晶^{1,2},李凤琴²,白瑶²,黄敏毅^{1,3},彭子欣²

(1. 安庆师范大学生命科学学院,安徽 安庆 246133; 2. 国家食品安全风险评估中心 国家卫生健康委员会食品安全风险评估重点实验室 中国医学科学院创新单元 2019RU014,北京 100021; 3. 湖南人文科技学院农业与生物技术学院,湖南 娄底 417000)

摘要:目的 了解养猪场源致泻大肠埃希菌(DEC)毒力基因及致病型分布情况,为从猪肉生产源头防控该菌引发的食源性疾病提供参考数据。方法 采用多重荧光实时定量聚合酶链式反应(PCR)检测分离自12个养猪场的生猪、养殖环境和养殖工人的大肠埃希菌毒力基因,鉴定DEC的致病型。结果 985株分离自养猪场的大肠埃希菌中,DEC占比28.83%(284/985),其中肠道聚集性大肠埃希菌(EAEC)225株(22.84%,225/985)、产肠毒素大肠埃希菌(ETEC)14株(1.42%,14/985)、肠道致病性大肠埃希菌(EPEC)12株(1.22%,12/985)、肠道出血性大肠埃希菌(EHEC)10株(1.02%,10/985)、肠道侵袭性大肠埃希菌(EIEC)9株(0.91%,9/985)、EHEC-ETEC杂交型菌13株(1.32%,13/985)以及EPEC-ETEC杂交型菌1株(0.10%,1/985)。1株分离自养殖工人鼻拭子的大肠埃希菌为EHEC-ETEC杂交型菌株,同时在该养猪场的生猪鼻拭子和粪便中也检测到同样毒力基因型的菌株。猪育肥前期DEC污染率高于猪育肥后期,差异有统计学意义($\chi^2=1.10, P<0.05$)。结论 养猪场DEC污染率较高,提示应加强养猪场致病菌检测,从养殖源头防控DEC污染猪肉生产链,减少食源性疾病及人畜共患病的发生。

关键词:养猪场;致泻大肠埃希菌;毒力基因;致病型

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2021)02-0127-05

DOI:10.13590/j.cjfh.2021.02.001

Pathotype and virulence genes of diarrheogenic *Escherichia coli* isolated from pig farmsMA Jinjing^{1,2}, LI Fengqin², BAI Yao², HUANG Minyi^{1,3}, PENG Zixin²

(1. College of Life Science, Anqing Normal University, Anhui Anqing 246133, China; 2. National Health Commission Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment, Chinese Academy of Medical Science Research Unit (2019RU014), China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100021, China; 3. College of Agriculture and Biotechnology, Hunan University of Humanities, Science and Technology, Hunan Loudi 417000, China)

Abstract: Objective To investigate the distribution of virulence genes and pathotypes of diarrheogenic *Escherichia coli* (DEC) from pig farms, providing reference data for prevention and control of foodborne diseases caused by the bacteria from the pork production industry. **Methods** The virulence genes of *Escherichia coli* (*E. coli*), isolated from 12 pig farms, were detected by multiplex real-time quantitative polymerase chain reaction (PCR). **Results** Among 985 *E. coli* isolated from pig farms, DEC accounted for 28.83% (284/985), including 225 enteroaggregative *E. coli* (EAEC, 22.84%, 225/985), 14 enterotoxigenic *E. coli* (ETEC, 1.42%, 14/985), 12 enteropathogenic *E. coli* (EPEC, 1.22%, 12/985), 10 enterohemorrhagic *E. coli* (EHEC, 1.02%, 10/985), 9 enteroinvasive *E. coli* (EIEC, 0.91%, 9/985), 13 hybrid EHEC-ETEC (1.32%, 13/985), and 1 hybrid EPEC-ETEC (0.10%, 1/985). Among all those strains, one from the nose swab of a breeder had the same EHEC-ETEC virulence genotype as those positive samples detected in pig nose swab and feces. It was also found that the contamination rate of DEC in early fattening stage was significantly higher than that in late fattening stage ($\chi^2=1.10, P<0.05$). **Conclusion** The contamination rate of DEC in pig farms was high. It is suggested that we should strengthen the detection of pathogenic bacteria in pig farms, prevent and control the DEC contamination from the source of breeding in pigs, and reduce the occurrence of foodborne diseases and zoonoses.

Key words: Pig farm; diarrheogenic *Escherichia coli*; virulence gene; pathotype

收稿日期:2021-01-08

基金项目:科技部国家重点研发计划“政府间国际科技创新合作/港澳台科技创新合作”重点专项(2018YFE0101500);中国医学科学院医学与健康创新工程项目(2019-12M-5-204)

作者简介:马金晶 女 硕士生 研究方向为微生物生态学 E-mail:289499889@qq.com

通信作者:彭子欣 女 研究员 研究方向为食品微生物 E-mail:pengzixin@cfsa.net.cn

大肠埃希菌是人与动物的肠道共栖菌,绝大多数大肠埃希菌是无害的,但致泻大肠埃希菌(diarrheogenic *Escherichia coli*, DEC)可引起人类食源性疾病,是重要的细菌性食源性致病菌^[1-4]。DEC的致病性是其毒力因子作用的结果,这些毒力因子可破坏宿主的防御系统,引起腹泻等严重的消化道疾病^[5]。根据 DEC 携带的毒力基因、发病机制及临床症状不同,可将 DEC 分为 5 类:产肠毒素大肠埃希菌(enterotoxigenic *Escherichia coli*, ETEC)、肠道侵袭性大肠埃希菌(enteroinvasive *Escherichia coli*, EIEC)、肠道致病性大肠埃希菌(enteropathogenic *Escherichia coli*, EPEC)、肠道集聚性大肠埃希菌(enteroaggregative *Escherichia coli*, EAEC)、产志贺毒素大肠埃希菌(shiga toxin-producing *Escherichia coli*, STEC),其中 STEC 还包括肠道出血性大肠埃希菌(enterohemorrhagic *Escherichia coli*, EHEC)^[6]。DEC 通常会引起地方性和流行性食源性疾病,如严重的腹泻、食物中毒等,甚至世界范围性的腹泻暴发^[7]。

猪肉在我国居民饮食结构中一直占据重要地位,在我国居民肉类产品消费中的比重高达 60% 以上。猪肉是 DEC 污染的高危畜产品,在猪肉生产中,特别是在养殖阶段,对该菌进行污染监控,对于控制其沿猪肉生产链传播、降低食品安全隐患具有重要意义^[8-9]。为了解养猪场中 DEC 的污染情况,本研究对分布在全国不同省市的 12 个养猪场的 DEC 进行了毒力基因检测和致病型鉴定,为从猪肉生产源头防控 DEC 污染提供了参考数据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株

分离自 12 个省市养殖场猪育肥前期(60~90 日龄)和育肥后期(100~140 日龄)的生猪、养殖环境以及养殖工人样品/标本共 985 株大肠埃希菌,菌株来源见表 1。同一猪场育肥前期和育肥后期样品/标本采集自同一猪舍的同批生猪。所有菌株均由国家食品安全风险评估中心微生物实验室保存。

1.1.2 主要仪器与试剂

Mycycler 聚合酶链式反应(PCR)仪(美国 Bio-Rad),恒温培养箱、ultrafleXtreme 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)仪、高速离心机均购自德国 Bruker,超纯水处理器(法国 Merck Millipore),比浊仪(法国 BIOMERIEUX)。

脑心浸液琼脂培养基(BHA,北京陆桥生物技术公司),大肠埃希菌毒力基因荧光定量检测试剂

表 1 大肠埃希菌分离样品/标本信息及数量(株)

分类	来源	猪育肥前期	猪育肥后期	合计
生猪生物标本	粪便	173	185	358
	鼻拭子	140	153	293
养殖工人生物标本	粪便	1	5	6
	鼻拭子	4	4	8
猪养殖环境样品	猪舍地面	73	75	148
	猪舍墙壁	41	45	86
	猪场土壤	16	16	32
	猪舍排放污水	19	25	44
	饲料	3	7	10
合计		470	515	985

盒(北京美正生物科技有限公司),均在有效期内使用。

1.2 方法

多重荧光实时定量 PCR 反应及结果判定:将菌株从冻存甘油管中划线接菌于 BHA 平板,放置于 36 °C 恒温培养箱中培育 18~24 h。采用 MALDI-TOF MS 直接涂片法对菌株进行复核鉴定^[10]。采用煮沸法提取 985 株待检大肠埃希菌的基因组 DNA 作为荧光定量 PCR 扩增模板。根据试剂盒说明书,设定荧光定量 PCR 扩增条件,判读毒力基因和 DEC 的致病型。

1.3 统计学分析

用 Minitab 进行数据处理,采用 χ^2 检验比较猪育肥前期和育肥后期阶段 DEC 的污染率,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 猪育肥前期 DEC 致病型分析

如表 2 和表 3 所示,猪育肥前期分离的 470 株大肠埃希菌中,DEC 占比 36.60%(172/470),其中 EAEC 检出 127 株,占比 27.02%(127/470),分别分离自猪粪便 43 株、猪鼻拭子 33 株、猪舍地面 23 株、猪舍墙壁 17 株、猪舍排放污水 7 株、饲料 3 株、养猪场土壤 1 株,毒力基因型全部为 *astA*;EPEC 鉴定出 11 株,占比 2.34%(11/470),其中 10 株的毒力基因型为 *eae-escV*,1 株为 *eae-escV-astA*,分别分离自猪粪便 7 株、猪舍墙壁 2 株、猪鼻拭子 1 株、猪舍排放污水 1 株;EIEC 检出 9 株,占比 1.91%(9/470),毒力基因型全部为 *ipaH*,分别分离自猪鼻拭子 1 株、猪粪便 8 株;EHEC 鉴定出 7 株,占比 1.49%(7/470),毒力基因型全部为 *stx2*,分别分离自猪粪便 6 株、猪鼻拭子 1 株;ETEC 鉴定出 6 株,占比 1.28%(6/470),毒力基因型分别为 *stp*(3 株)、*lt*(1 株)、*lt-stp*(1 株)和 *lt-stp-astA*(1 株),其中猪粪便检出

4株、猪鼻拭子检出2株;另有EHEC-ETEC杂交型菌11株,占比2.34%(11/470),毒力基因型有3种,分别为 $lt-stp-stx2$ (6株)、 $lt-stx2$ (3株)、 $stx2-stp$ (2株),其中分离自猪鼻拭子6株,猪粪便、养殖工人鼻拭子、猪舍排放污水、猪舍墙壁、猪舍地面各1株;

EPEC-ETEC杂交型菌1株,毒力基因型为 $escV-eae-stp$,分离自猪粪便标本。值得注意的是,分离自养殖工人鼻拭子EHEC-ETEC杂交型DEC的毒力基因型为 $lt-stp-stx2$,同时在该养猪场的猪鼻拭子和猪粪便中也检测到同样毒力基因型的菌株。

表2 养猪场源DEC毒力基因检出及致病型分布(%)

Table 2 Detection of virulence genes and distribution of pathogenic types of DEC from pig farms

菌株	毒力基因型	猪育肥前期	猪育肥后期	合计
EAEC	$astA$	27.02 (127/470)	19.03 (98/515)	22.84 (225/985)
EIEC	$ipaH$	1.91 (9/470)	0.00 (0/515)	0.91 (9/985)
EPEC	$eae-escV$	2.13 (10/470)	0.00 (0/515)	1.02 (10/985)
	$eae-escV-astA$	0.21 (1/470)	0.19 (1/515)	0.20 (2/985)
EHEC	$stx2$	1.49 (7/470)	0.39 (2/515)	0.91 (9/985)
	$stx2-astA$	0.00 (0/470)	0.19 (1/515)	0.10 (1/985)
ETEC	stp	0.64 (3/470)	1.17 (6/515)	0.91 (9/985)
	lt	0.21 (1/470)	0.00 (0/515)	0.10 (1/985)
	$lt-stp$	0.21 (1/470)	0.19 (1/515)	0.20 (2/985)
	$lt-stp-astA$	0.21 (1/470)	0.19 (1/515)	0.20 (2/985)
EHEC-ETEC	$lt-stp-stx2$	1.28 (6/470)	0.00 (0/515)	0.61 (6/985)
	$lt-stx2$	0.64 (3/470)	0.00 (0/515)	0.30 (3/985)
EPEC-ETEC	$stx2-stp$	0.43 (2/470)	0.39 (2/515)	0.41 (4/985)
	$escV-eae-stp$	0.21 (1/470)	0.00 (0/515)	0.10 (1/985)
合计		36.60 (172/470)	21.75 (112/515)	28.83 (284/985)

表3 猪育肥前后养猪场源DEC致病型来源分布(株)

Table 3 Origin and distribution of DEC in early and late fattaning stage in pig farm

菌株	猪舍地面	猪舍墙壁	养猪场土壤	猪舍排放污水	猪粪便	猪鼻拭子	养殖工人粪便	养殖工人鼻拭子	饲料
EAEC	38	24	2	12	82	63	0	0	4
EIEC	0	0	0	0	8	1	0	0	0
EPEC	0	2	0	1	8	1	0	0	0
EHEC	0	0	0	2	6	2	0	0	0
ETEC	0	0	0	0	12	2	0	0	0
EPEC-ETEC	0	0	0	0	1	0	0	0	0
EHEC-ETEC	1	1	0	1	2	7	0	1	0
合计	39	27	2	16	118	76	0	1	4

2.2 猪育肥后期DEC致病型分析

猪育肥后期分离的515株大肠埃希菌中(表2和表3),DEC占比21.75%(112/515),其中EAEC检出98株,占比19.03%(98/515),毒力基因型全部为 $astA$,分别分离自猪粪便39株、猪鼻拭子30株、猪舍地面15株、猪舍墙壁7株、猪舍排放污水5株、饲料1株、养猪场土壤1株;ETEC鉴定出8株,占比1.55%(8/515),其中6株毒力基因型为 stp ,1株为 $lt-stp$,1株为 $lt-stp-astA$,全部分离自猪粪便;EHEC鉴定出3株,占比0.58%(3/515),其中2株毒力基因型为 $stx2$,1株毒力基因型为 $stx2-astA$,分别分离自猪舍排放污水2株,猪鼻拭子1株;EPEC检出1株,占比0.19%(1/515),分离自猪粪便,毒力基因型为 $eae-escV-astA$;另有EHEC-ETEC杂交型DEC菌2株,占比0.39%(2/515),毒力基因型均为 $stx2-stp$,分离自猪鼻拭子、猪粪便各1株。

2.3 养猪场源DEC致病型分析

猪育肥前、后期共分离985株大肠埃希菌(表2和表3),其中DEC占比28.83%(284/985),EAEC检出225株,占比22.84%(225/985),毒力基因型全部是 $astA$;ETEC鉴定出14株,占比1.42%(14/985),毒力基因型分别为 stp (9株)、 $lt-stp-astA$ (2株)、 $lt-stp$ (2株)、 lt (1株),其中分离自猪粪便12株、猪鼻拭子2株;EPEC鉴定出12株,占比1.22%(12/985),10株毒力基因型为 $eae-escV$,2株为 $eae-escV-astA$;EHEC鉴定出10株,占比1.02%(10/985),其中9株毒力基因型为 $stx2$,1株为 $stx2-astA$;EIEC鉴定出9株,占比0.91%(9/985),毒力基因型全部为 $ipaH$,其中分离自猪鼻拭子1株、猪粪便8株;另有EHEC-ETEC杂交型13株,占比1.32%(13/985),毒力基因型有3种,其中6株为 $lt-stp-stx2$,4株为 $stx2-stp$,3株为 $lt-stx2$;EPEC-ETEC杂交型1株,毒力基因型为 $escV-eae-stp$ 。统计分析

发现猪育肥前期 DEC 污染率高于猪育肥后期,差异有统计学意义($\chi^2 = 1.10, P < 0.05$)。

3 讨论

养猪场是引起人畜共患病微生物的生存与繁殖场所,食品是食源性致病菌由动物传给人类的重要媒介。在世界各地 DEC 都是常见的引起食源性疾病暴发的元凶。1999 年江苏省徐州市曾暴发过由 EHEC 血清型 O157:H7 引起的食物中毒事件,这是我国历史上发生的最大规模食物中毒事件之一^[11]。近年来国际上由 DEC 引起的食物中毒暴发事件也时有发生,如 2011 年德国暴发的由 EHEC 血清型 O104:H4 引起的“毒黄瓜”事件(最终证实是因芽菜污染),在欧洲造成约 2 200 人发病,数十人死亡^[12];2015 年美国暴发的由 STEC O26 引起的“墨西哥卷”事件,造成约 55 人发病,21 人住院^[13]。分析近年来由 DEC 引起食物中毒案例的主要原因:一是因生食被 DEC 污染的果蔬;二是食用未煮熟煮透、被 DEC 污染的畜肉及其制品;三是因食品加工设备和生产环境卫生消毒措施不到位。本研究通过对分离自我国 12 个省市养猪场污染的 DEC 型别和毒力基因进行监测和分析,可为从猪肉生产源头防控 DEC 污染提供科学数据^[14]。

本研究中养猪场 DEC 的阳性检出率为 28.83%,较高于上海市和海南省规模养猪场 DEC 的阳性检出率(24.2%和 21.28%)^[15-16]。养猪场 DEC 污染率较高可能与养猪场卫生控制措施执行不严,未针对猪源致病性微生物进行监测有关。针对养猪场 DEC 污染率较高这一现状,应做好致病菌防控知识的宣传培训和技术指导工作,搞好养猪场养殖卫生,及时清理废弃物,加强养猪场消毒工作,提高致病菌的杀灭效果等,从生产源头保障猪肉的安全卫生。本研究发现,猪育肥前期 DEC 污染率高于育肥后期,这与 PENG 等^[17]研究报道的猪育肥前期粪便宏基因组中与人类疾病相关基因的丰度高于育肥后期的结论相一致,这可能与幼龄猪免疫力较低,更易感染致病菌有关,提示应更为关注育肥前期养殖中的 DEC 感染,加强育肥前期猪舍粪污等废弃物的无害化处理,保护环境安全和食品安全。

本研究还发现毒力基因型为 *astA* 的 EAEC 污染率在 DEC 中占比最高,尽管 *astA* 基因编码的热稳定性肠毒素被认为可能是引起多次食源性疾病暴发的原因,但其致病机制还未被完全认识^[18]。本研究在猪育肥前期养殖工人鼻拭子中分离到 1 株 EHEC-ETEC 杂交型菌株,同时在该养猪场的生猪中也分离到同样毒力基因型的菌株,提示应加强对养

猪场从业人员生物安全防护,防止人畜共患病的发生。

猪肉作为我国居民饮食构成中的重要组成部分,建议养殖业相关主管部门加强商业养猪场微生物安全监控工作,积极防范 DEC 对猪肉生产链的污染。从生产源头监测和防控生猪感染食源性致病菌,对于保障我国食品安全和预防食源性疾病暴发具有重要意义。

参考文献

- [1] 赵燕,金俊杰,任敏敏,等. 2 种养殖模式下蛋鸭大肠埃希菌毒力基因和耐药特征分析[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),2020,46(2):254-262.
- [2] 张济培,韦庆兰,谭华龙,等. 广东省水禽源大肠杆菌 I 型整合子的检测分析[J]. 中国兽医学报,2016,36(7):1119-1122,1139.
- [3] 肖根辉,孙浩,何后军,等. 鹅致病性大肠杆菌耐药性与整合子研究[J]. 中国预防兽医学报,2012,34(10):790-792.
- [4] 郭磊,李开锋,王述柏,等. 山东地区鸭源大肠杆菌耐药性分析[J]. 中国兽医杂志,2018,54(2):87-89.
- [5] 林杰,陈爱平,杨劲松,等. 检测致泻大肠杆菌的多重 PCR 方法的建立与应用[J]. 预防医学论坛,2012,18(12):881-884.
- [6] MULLER D, GREUNE L, HEUSIPP G, et al. Identification of unconventional intestinal pathogenic *Escherichia coli* isolates expressing intermediate virulence factor profiles by using a novel single-step multiplex PCR [J]. Applied and Environmental Microbiology,2007,73(10):3380-3390.
- [7] YANG J R, WU F T, TSAI J L, et al. Comparison between O serotyping method and multiplex real-time PCR to identify diarrheagenic *Escherichia coli* in Taiwan[J]. Journal of Clinical Microbiology,2007,45(11):3620-3625.
- [8] 施春雷. 食源性致病微生物研究的新动态[J]. 食品安全质量检测学报,2019,10(18):5981-5982.
- [9] 陆承平. 兽医微生物学[M]. 5 版. 北京:中国农业出版社,2012.
- [10] 孙谦,屈青云,胡燕燕,等. 比较 MALDI-TOF MS 直接涂片法与蛋白提取法鉴定洋葱伯克霍尔德菌群的应用研究[J]. 实用预防医学,2015,22(11):1387-1389.
- [11] 陈茂杰,王惠新,吴岭. 江苏省徐州市 1999 年大肠杆菌 O157:H7 感染性腹泻并急性肾衰的临床研究[J]. 临床医学,2004,24(8):27-28.
- [12] 德国“毒黄瓜”确认为新病毒[J]. 科学大观园,2011(13):7-8.
- [13] 谷悦. 关于产志贺毒素大肠杆菌 O26 的解读[J]. 中国食品,2016,693(5):136-137.
- [14] 刘畅颖. 食物中毒的类型及预防措施分析[J]. 食品安全导刊,2018(15):52.
- [15] 孙泉云,张维夏,夏炉明,等. 上海地区规模猪场环境中主要致病菌的检测[J]. 畜禽业,2016(10):54-55.
- [16] 严克霞,刘建杰,索绪峰,等. 海南规模化猪场主要致病菌的分离鉴定及药敏试验[J]. 畜牧与兽医,2013,45(8):117-118.
- [17] PENG Z X, ZHANG J L, FANNING S, et al. Effects of metal

and metalloids pollutants on the microbiota composition of feces obtained from twelve commercial pig farms across China [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 647:577-586.

[18] WANG L, NAKAMURA H, KAGE-NAKADAI E, et al.

Prevalence, antimicrobial resistance and multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis profiles of diarrheagenic *Escherichia coli* isolated from different retail foods [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2017, 249:44-52.

研究报告

食品及销售环境中枸橼酸杆菌污染状况及耐药谱分析

秦丽云¹, 蒋瑞萍¹, 高伟利¹, 吕国平², 吕新朝¹, 宿歆¹

(1. 石家庄市疾病预防控制中心 河北省疑难细菌研究重点实验室, 河北 石家庄 050011;
2. 河北省中医学院, 河北 石家庄 050000)

摘要:目的 了解石家庄市食品以及销售环境中枸橼酸杆菌的污染状况和菌株耐药情况,为预防由该菌引起的食源性疾病及临床治疗用药提供科学依据。方法 采集石家庄市内4区以及周边4县(区)的超市及农贸市场的生畜肉、生禽肉、动物性水产品、熟食,对4类食品以及销售环境样品进行枸橼酸杆菌分离检测,并对分离株进行耐药检测。菌株鉴定应用飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)系统和全自动细菌鉴定药敏分析系统(VITEK 2 Compact)进行鉴定,药敏试验采用微量肉汤稀释(MIC)法。结果 320份不同来源的样品中,有62份检出枸橼酸杆菌,共分离菌株72株,总检出率为19.4%(62/320),4类食品以及销售环境样品均有检出,其中生畜肉检出率为28.2%(33/117),生禽肉为21.3%(10/47),水产品为18.2%(8/44),熟食为15.7%(8/51),环境样品为4.9%(3/61),食品与环境样品间检出率差异有统计学意义($\chi^2=10.08, P<0.01$),4类食品样品检出率差异无统计学意义($\chi^2=4.01, P>0.05$)。菌株的耐药情况比较严重,对所检测的26种抗生素均有不同程度的耐药,对头孢唑林(93.1%,67/72)、头孢西丁(81.9%,59/72)耐药率较高,所有菌株均对美罗培南敏感;分离的枸橼酸杆菌中,产生超广谱 β -内酰胺酶(ESBLs)7株,占9.7%(7/72);耐药谱中66株显示多重耐药(MDR),多重耐药株占比高达91.7%(66/72)。结论 枸橼酸杆菌在食品中污染较为严重,分离株呈高耐药和多重耐药趋势,并有可能成为引起食源性疾病发生的潜在因素,应引起重视。

关键词:枸橼酸杆菌;食品;销售环境;污染状况;菌株耐药;食源性疾病

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2021)02-0131-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2021.02.002

Contamination of *Citrobacter* spp. in food and sales environment samples and the antibiotics resistance profile of the isolates

QIN Liyun¹, JIANG Ruiping¹, GAO Weili¹, LYU Guoping², LYU Xinchao¹, SU Xin¹

(1. Key Laboratory for Unidentifiable Bacteria Research of Hebei Province, Shijiazhuang Center for Disease Control and Prevention, Hebei Shijiazhuang 050011, China;
2. Hebei University of Chinese Medicine, Hebei Shijiazhuang 050000, China)

Abstract: Objective To investigate the contamination of *Citrobacter* spp. in food and sales environment samples in Shijiazhuang City, discover the antibiotics resistance profile of the *Citrobacter* spp. isolates, and provide scientific basis for the prevention of foodborne diseases caused by the bacterium and clinical treatment. **Methods** Four kinds of food samples including animal meat, poultry meat, aquatic products and cooked food and sales environment samples were collected from four urban counties and four suburban counties in Shijiazhuang. *Citrobacter* spp. were isolated and then the antibiotics resistance analysis of the isolates were performed. All the strains were identified by matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) system and VITEK 2 Compact system. Antibiotics susceptibility was performed by broth microdilution method. **Results** Among the 320 samples, 62 samples were *Citrobacter* spp. positive (19.4%, 62/320), and 72 *Citrobacter* spp. strains were isolated. The contamination rate of *Citrobacter*