

## 研究报告

## 江西省市售水产品中副溶血性弧菌的污染状况及耐药性和遗传特征分析

童微,刘洋,周厚德,夏芝璐,彭思露,芦军,刘道峰,曾立爱

(江西省疾病预防控制中心,重大疫情防控江西省重点实验室,江西省卫生健康委营养膳食与健康重点实验室,江西南昌 330029)

**摘要:**目的 了解2023年江西省市售水产品中副溶血性弧菌的污染水平、耐药性及遗传特征情况。方法 2023年采集江西省市售的212份水产品,分析不同季度和不同种类副溶血性弧菌检出情况,并进行ST型、毒力基因、耐药基因和抗生素敏感性检测。结果 212份样品共分离出45株副溶血性弧菌,总检出率为21.23%。海水产品和淡水产品检出率分别为26.67%和15.89%,检出率差异无统计学意义( $\chi^2=3.682, P>0.05$ )。第三季度检出率最高为22.62%;甲壳类和贝类检出率最高,均为25.00%。45株分离菌株对头孢唑啉(100.00%)和多黏菌素E(51.11%)具有高耐药性,共发现5株多重耐药菌株,其中3株分离自海水鱼类。45株分离菌株共发现40个STs,其中17个为新发现STs,无优势STs。cgMLST系统发育分析表明45株分离菌株亲缘关系较远。45株分离菌株均携带 $tlh$ 和T3SS1基因,仅2株分离菌株携带了 $trh$ 基因,未检测到 $tdh$ 和T3SS2基因。5株多重耐药菌株均携带 $tlh$ 和T3SS1基因,未检测到 $tdh$ 、 $trh$ 和T3SS2基因。共检测到13种耐药基因,分别为 $CARB-20$ 、 $tet(35)$ 、 $sul1$ 、 $sul2$ 、 $dfrA6$ 、 $CRP$ 、 $QnrS2$ 、 $ANT(2'')-Ia$ 、 $ACC(6')-Ia$ 和 $tet(E)$ ,耐药基因的携带与耐药表型不完全一致。结论 江西省市售水产品中存在一定程度的副溶血性弧菌污染,副溶血性弧菌间遗传多样性丰富,亲缘关系较远,毒力基因携带率低,存在多重耐药菌株,耐药机制复杂,还有待进一步的研究。

**关键词:**水产品;副溶血性弧菌;污染;毒力基因;耐药基因;耐药性

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)10-1117-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.10.003

**Analysis of contamination, antimicrobial resistance and genetic characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from aquatic products in Jiangxi Province**TONG Wei, LIU Yang, ZHOU Houde, XIA Zhilu, PENG Silu, LU Jun, LIU Daofeng, ZENG Liai  
(Jiangxi Provincial Center for Disease Control and Prevention, Jiangxi Provincial Key Laboratory of Major Epidemic Prevention and Control, Key Laboratory of Nutrition Diet and Health of Jiangxi Provincial Health Commission, Jiangxi Nanchang 330029, China)

**Abstract: Objective** To analyze the contamination, drug resistance and genetic characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from aquatic products in Jiangxi Province in 2023. **Methods** A total of 212 aquatic products sold in Jiangxi Province in 2023 were collected, and the contamination of *Vibrio parahaemolyticus* in different seasons and different kinds was analyzed. The STs, virulence gene, resistance gene and antibiotic sensitivity of *Vibrio parahaemolyticus* were also detected. **Results** A total of 45 strains of *Vibrio parahaemolyticus* were detected from 212 samples with a detection rate of 21.23%. The detection rate of *Vibrio parahaemolyticus* in marine products and freshwater products were 26.67% and 15.89%, respectively, while there was no significant difference in detection rate ( $\chi^2=3.682, P>0.05$ ). The detection rate in the third quarter was highest (22.62%). The detection rate in crustacea and shellfish were highest, both of which were 25.00%. The 45 isolates presented highly resistant to cefazolin (100.00%) and polymyxin E (51.11%). A total of 5 multiple drug-resistant strains were found, and 3 of which were isolated from marine fish. A total of 40 STs were found in 45 isolates, of which 17 were newly discovered STs, and no dominant STs were found. The phylogenetic analysis of

收稿日期:2024-07-01

基金项目:江西省卫生健康委科技计划(202211301、202510083);江西省重点研发计划(20243BBH81007)

作者简介:童微 女 主管技师 研究方向为食品安全风险监测 E-mail:m18679169686@163.com

通信作者:曾立爱 女 主管医师 研究方向为食品安全风险监测 E-mail:yingyangshi\_821217@yeah.net

cgMLST showed that the 45 isolates were distantly related. All 45 isolates carried *tlh* and T3SS1 genes, only 2 isolates carried *trh* gene, and *tdh* and T3SS2 genes were not detected. All 5 multiple drug-resistant strains carried *tlh* and T3SS1 genes, and *tdh*, *trh* and T3SS2 genes were not detected. A total of 13 drug resistance genes were detected, including *CARB-20*, *tet(35)*, *sul1*, *sul2*, *dfrA6*, *CRP*, *QnrS2*, *ANT(2'')-Ia*, *ACC(6')-Ia* and *tet(E)*. The carrying of resistance genes is not completely consistent with the resistance phenotype. **Conclusion** The aquatic products sold in Jiangxi province were polluted by *Vibrio parahaemolyticus* at a certain degree. The *Vibrio parahaemolyticus* strains has rich genetic diversity and presented a distantly related. The carrying rate of virulence gene was low. The multiple drug-resistant strains were found, and the drug resistance mechanism needed to further studied because of its complexity.

**Key words:** Aquatic products; *Vibrio parahaemolyticus*; contamination; virulence genes; resistance genes; antimicrobial resistance

副溶血性弧菌是一种嗜盐革兰氏阴性菌,广泛存在于世界各地的海洋和河口环境,在人群中能够引起急性胃肠炎等疾病,严重者可引发伤口感染和败血症等<sup>[1]</sup>。近些年来研究发现,副溶血性弧菌成为我国食源性疾病暴发的主要致病因子之一<sup>[2-3]</sup>。

由于水产养殖及临床病原菌治疗过程中抗生素的滥用,副溶血性弧菌逐渐表现出了抗生素耐药性。若耐药病原菌进入人体或抗性耐药基因转移到肠道细菌,将对人类健康构成威胁<sup>[4]</sup>。目前研究发现,副溶血性弧菌对氨苄西林、头孢唑啉、头孢噻吩、链霉素、阿米卡星、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑、卡那霉素、四环素、氯霉素、庆大霉素和多黏菌素等表现出耐药性<sup>[5-6]</sup>。副溶血性弧菌耐多药(Multi-drug resistance, MDR)的不断发生影响着食源性疾病的管理和控制,成为了当前重要的公共卫生问题之一<sup>[7]</sup>。

在过去的几十年里,血清分型常被用于副溶血性弧菌的流行病学研究<sup>[8]</sup>。然而,不断增加的遗传多样性和有限的分辨率对其分类提出了挑战。全基因组测序(Whole genome sequencing, WGS)作为新一代测序技术,通过获得病原菌的序列信息进行鉴定和分析,对阐明病原菌的遗传特性、致病性和传播具有重要意义,已成为食品安全领域的重要研究手段。

本研究通过对2023年江西省内采集的212份市售水产品中的副溶血性弧菌菌株进行WGS和耐药性表型的分析,以了解江西省副溶血性弧菌的污染分布、耐药性及其遗传特征,为全面评估江西省水产品食源性疾病风险和制定科学防治方案提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 菌株来源

2023年在江西省内采集了212份水产品,依照GB 4789.7—2013《食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验》操作进行分离鉴定,共获得45株副溶血性弧菌,见表1。

表1 2023年江西省212份水产品中副溶血性弧菌检出情况  
Table 1 Detection rate of *Vibrio parahaemolyticus* in 212 aquatic products in Jiangxi Province in 2023

样品种类	样品数量/份	阳性数量/份	检出率/%	$\chi^2$ 值	P值
淡水产品	107	17	15.89		
海水产品	105	28	26.67	3.682	>0.05
合计	212	45	21.23		

### 1.2 主要试剂及仪器

弧菌显色培养基(法国科玛嘉);Vitek2全自动细菌生化仪和革兰阴性细菌鉴定卡(法国梅里埃);MALDI-TOF质谱仪(德国布鲁克);Illumina PE150测序平台(美国Illumina);全基因组DNA提取试剂盒(德国Qiagen);全自动药敏加样判读系统和革兰阴性需氧菌药敏检测试剂板(美国赛默飞);药敏试验质控菌株大肠埃希菌(ATCC 25922)购自上海保藏生物技术中心。

### 1.3 全基因组测序

使用Qiagen微生物基因组提取试剂盒进行副溶血性弧菌DNA的提取。通过构建双末端文库(2×150 bp),利用Illumina PE150测序平台进行全基因组测序。利用fastp软件(version 0.19.7)去除带有接头序列、N的碱基比例大于10%以及低质量(Q≤5的碱基数占任一read 50%以上)的reads后,将合格的数据导入BioNumerics 7.6软件进行序列拼接。

### 1.4 抗生素敏感性试验

采用CLSI推荐的微量肉汤稀释法进行抗生素敏感性试验。抗菌药物包括9类15种,分别为β-内酰胺类:氨苄西林-舒巴坦(Ampicillin/sulbactam, AMS)、氨苄西林(Ampicillin, AMP)、头孢唑啉(Cefazolin, CFZ)、头孢噻肟(Cefotaxime, CTX)、头孢西丁(Cefoxitin, FOX)和头孢他啶(Ceftazidime, CAZ);碳青霉烯类:亚胺培南(Imipenem, IPM);氨基糖苷类:庆大霉素(Gentamicin, GEN);喹诺酮类:环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)和萘啶酸(Nalidixic Acid, NAL);四环素类:四环素(Tetracycline, TET);氯霉素类:氯霉素(Chloramphenicol, CHL);大环内酯类:

阿奇霉素 (Azithromycin, AZM); 磺胺类: 甲氧苄啶-磺胺甲噁唑 (Trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT); 多肽类: 多黏菌素 E (Colistin, CT)。质控菌株为大肠埃希菌 ATCC 25922。药敏试验结果判定分别为耐药 (R)、中介 (I) 以及敏感 (S)。

### 1.5 MLST 和 cgMLST 分析

通过比对 PubMLST 数据库 (<http://pubmlst.org/cronobacter/>) 中副溶血性弧菌的 7 个管家基因序列进行 MLST 分析, 得到分离株的序列类型 (STs)。利用 BioNumerics 7.6 软件对 45 株副溶血性弧菌进行基于 cgMLST 的聚类分析。

### 1.6 毒力基因和耐药基因分析

使用 abricate 0.8.10 软件 (数据库更新日期为 2018.10.20) 比对病原菌毒力因子数据库 VFDB (<http://www.mgc.ac.cn>) 和抗性基因数据库 CARD (<https://card.mcmaster.ca/>) 获得毒力基因和耐药基因。

### 1.7 统计学分析

采用 SPSS 22.0 软件进行数据统计分析, 使用  $\chi^2$  检验比较各组差异, 以  $P < 0.05$  判断差异有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 水产品中副溶血性弧菌检出情况

2023 年共采集市售动物性水产品 212 份, 海水产品 105 份, 淡水产品 107 份, 有 45 份样品检出副溶血性弧菌, 检出率为 21.23% (45/212), 其中海水产品检出率为 26.67% (28/105), 淡水产品检出率为 15.89% (17/107), 海水产品的检出率高于淡水产品, 但差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 3.682, P > 0.05$ )。见表 1。

### 2.2 不同季度水产品中副溶血性弧菌检出情况

如表 2 所示, 由于第一季度样品采集量较低, 故不对其检出率进行分析。第三季度检出率最高 (22.62%, 19/84), 其次为第四季度 (21.18%, 18/85), 第二季度检出率最低 (10.71%, 3/28)。 $\chi^2$  检验分析发现, 不同季度水产品中检出率差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 1.909, P > 0.05$ )。

表 2 2023 年江西省海水产品和淡水产品不同季度副溶血性弧菌检出情况

不同季度	样品份数	阳性份数	检出率/%
第二季度	28	3	10.71
第三季度	84	19	22.62
第四季度	85	18	21.18

### 2.3 不同种类水产品中副溶血性弧菌检出情况

212 份市售水产品中, 共分为 6 类, 见表 3。甲壳类 (主要为虾、蟹) 和贝类检出率最高, 均为 25.00% (6/24, 8/32), 其次为鱼类, 检出率为 22.13% (27/122)。不同类别副溶血性弧菌检出情况比较差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 2.732, P > 0.05$ )。淡水鱼类和海水鱼类在副溶血性弧菌检出率上差异具有统计学意义 ( $\chi^2 = 5.712, P < 0.05$ )。

表 3 2023 年江西省 212 份不同种类样品中副溶血性弧菌检出情况

种类	淡水产品			海水产品			合计		
	样品份数	阳性份数	检出率/%	样品份数	阳性份数	检出率/%	样品份数	阳性份数	检出率/%
鱼类	78	12	15.38	44	15	34.09	122	27	22.13
甲壳类	10	3	30.00	14	3	21.43	24	6	25.00
贝类	3	0	0.00	29	8	27.59	32	8	25.00
腹足类	14	2	14.29	6	1	16.67	20	3	15.00
头足类	0	0	0.00	12	1	8.33	12	1	8.33
其他	2	0	0.00	0	0	0.00	2	0	0.00
合计	107	17	15.89	105	28	26.67	212	45	21.23

### 2.4 抗生素敏感性结果

45 株副溶血性弧菌对庆大霉素、环丙沙星、茶啉酸、四环素、氯霉素、阿奇霉素和甲氧苄啶-磺胺甲噁唑 7 种抗生素 100% 敏感, 对头孢唑啉 100% 耐药, 对于其他 7 种抗生素则表现出不同程度的耐药, 其中多黏菌素 E 耐药性最强 (51.11%, 23/45); 其次为氨苄西林 (13.33%, 6/45) (表 4 和图 1)。此外, 本研究中存在多重耐药现象, 共有 7 种耐药谱, 最多耐 5 种药物, 对 3 种及以上药物耐药的菌株共有 5 株 (11.11%, 5/45), 其中 1 株分离自淡水鱼类, 3 株分离自海水鱼类, 1 株分离自海水贝类 (表 5 和图 1)。

### 2.5 MLST 和 cgMLST 系统发育分析

MLST 和 cgMLST 系统发育分析结果见图 1。45 株副溶血性弧菌共检测到 40 个 STs, 其中 17 个为新发现 STs。在已知 STs 中, ST724、ST558、ST2815 和 ST864 均为 2 株, 其余 STs 均为 1 株; 在新发现的 STs 中, 有一个 STs 为 2 株, 其余均为 1 株, 无优势 STs。

cgMLST 系统发育分析结果显示, 45 株副溶血性弧菌基因呈现高度多样性, 相同 ST 型菌株聚类在同一进化分支上, 不同 ST 型的菌株各自聚类于不同的分支。此外, 研究还发现, 分离自同一地区不同种类的菌株间具有高度亲缘关系, 如 VP-jx24 和 VP-jx21、VP-jx16 和 VP-jx1。

### 2.5 毒力基因和耐药基因分析

45 株副溶血性弧菌毒力基因携带情况见表 6 和图 1。结果表明, 45 株分离菌均携带了 *tlh*、*mam7*

表4 2023年江西省212份海水产品和淡水产品中副溶血性弧菌对15种抗菌药物敏感性试验结果

Table 4 The susceptibility test results of *Vibrio parahaemolyticus* from 212 marine and freshwater products to 15 antibacterial drugs in Jiangxi Province in 2023

抗菌药物类别	药物名称	药物缩写	水产品分离菌株(n=45)			耐药率/%
			S	I	R	
β-内酰胺类	氨苄西林-舒巴坦	AMS	43	2	0	0.00
	氨苄西林	AMP	17	22	6	13.33
	头孢唑啉	CFZ	0	0	45	100.00
	头孢噻肟	CTX	41	0	4	8.89
	头孢西丁	CFX	44	0	1	2.22
	头孢他啶	CAZ	43	1	1	2.22
碳青霉烯类	亚胺培南	IMP	43	2	0	0.00
氨基糖苷类	庆大霉素	GEN	45	0	0	0.00
喹诺酮类	环丙沙星	CIP	45	0	0	0.00
	萘啶酸	NAL	45	0	0	0.00
四环素类	四环素	TET	45	0	0	0.00
氯霉素类	氯霉素	CHL	45	0	0	0.00
大环内酯类	阿奇霉素	AZM	45	0	0	0.00
磺胺类	甲氧苄啶-磺胺甲噁唑	SXT	45	0	0	0.00
多肽类	多黏菌素E	CT	0	22	23	51.11

和 T3SS1 基因 (100.00%, 45/45), 39 株菌携带了 *vpad F* 基因 (86.67%, 39/45), 仅有 2 株菌分别携带了 *trh*、*hlyC*、*hlyB* 基因 (4.44%, 2/45), 未检测到 *tdh* 和 T3SS2 基因。5 株多重耐药菌株均携带了 *tlh*、*mam7* 和 T3SS1 基因 (100.00%, 5/5), 4 株携带了 *vpad F* 基因 (80.00%, 4/5), 未检测到 *trh*、*tdh* 和 T3SS2 基因。

副溶血性弧菌共检测了 13 个耐药基因, 抗 6 大类抗生素, 具体见表 7 和图 1。结果表明, 45 株副溶血性弧菌均携带 *CARB-20* 和 *tet (35)* 基因 (100.00%, 45/45), 其次为 *CRP* (11.11%, 5/45)、*sul2* (8.89%, 4/45)、*dfrA6* (4.44%, 2/45) 和 *CMY-59* (4.44%, 2/45), *sul1*、*QnrS2*、*ANT(2'')-Ia*、*ACC(6')*-*Ia* 和 *VEB-1* 仅在 VP-jx3 中发现, *CTX-M-14* 和 *tet (E)* 仅在 VP-jx40 中发现。

### 3 讨论

江西省细菌性食源性疾病暴发事件分析中发现, 副溶血性弧菌导致的发病人数最多<sup>[9]</sup>, 副溶血性弧菌引发的食品安全问题不容忽视。本次研究采

集的 212 份样品中共检出 45 株副溶血性弧菌, 总检出率为 21.23%, 检出率低于辽宁<sup>[10]</sup>、福建<sup>[11]</sup>等沿海地区, 表明江西省水产品中副溶血性弧菌存在一定程度的污染。淡水产品与海水产品中副溶血性弧菌检出率相比, 差异无统计学意义, 这可能与流通环节交叉污染、淡水养殖环境水体富营养化、嗜盐性弧菌的适应性生长等因素相关<sup>[12-13]</sup>。

副溶血性弧菌检出受时间和环境温度影响较大, 具有明显的季度差异<sup>[14]</sup>。从季度上分析, 本研究中第三季度水产品中副溶血性弧菌检出率高于第二、四季度, 与辽宁省<sup>[10]</sup>结果相同, 且与江西省细菌性食源性疾病暴发集中在 7~9 月<sup>[9]</sup>结果一致, 表明高温更有利于副溶血性弧菌的生长, 建议水产品销售时进行低温冷藏。

不同种类水产品中, 甲壳类和贝类副溶血性弧菌检出率最高, 这可能与甲壳类的生长环境<sup>[10]</sup>和贝类的生活习性<sup>[11]</sup>有关, 建议食用这两类食品应彻底煮熟, 防止相关食源性疾病的发生。本研究中鱼类的副溶血性弧菌检出率也相对较高, 海水鱼类较淡水鱼类更易污染副溶血性弧菌。作为内陆地区, 江西省对于鱼类水产品的消费高于其他类别, 提示江西省在监测过程中要加强对海水鱼类的关注。

MLST 分型结果显示, 45 株菌共发现 40 个 STs, 其中 17 个为新发现 STs, 新 ST 型高达 42.5%, 表明江西省副溶血性弧菌具有丰富的遗传多样性。过往研究表明, ST3 型在临床菌株中大量存在, 是导致人外来感染的主要原因<sup>[15-16]</sup>。而本研究中, 未发现 ST3 型菌株, 提示江西省水产品来源的副溶血性弧菌可能具有较低的致病风险。为进一步了解菌株间的亲缘关系, 构建了基于 cgMLST 的系统发育分析。结果发现, 系统发育树中有许多深分支, 表明江西省水产品中副溶血性弧菌基因组高度分化, 亲缘关系较远。据报道, 副溶血弧菌中广泛的遗传变异主要是由重组事件而不是突变导致的<sup>[17]</sup>。进一步分析发现, VP-jx24 (南昌, 淡水鱼类) 和 VP-jx21 (南昌, 淡水甲壳类) 菌株、VP-jx16 (抚州, 淡水腹足类) 和 VP-jx1 (抚州, 海水鱼类) 菌株间均具有高度

表5 2023年江西省212份水产品中副溶血性弧菌耐药谱

Table 5 Resistance profile of *Vibrio parahaemolyticus* from 212 aquatic products in Jiangxi Province in 2023

耐药谱	淡水产品		海水产品		合计	
	耐药菌株数	占比/%	耐药菌株数	占比/%	耐药菌株数	占比/%
CFZ	8	47.06	12	42.86	20	44.44
CFZ-CT	7	41.18	11	39.29	18	40.00
CFZ-AMP	0	0.00	1	3.57	1	2.22
CFZ-CTX	1	5.88	0	0.00	1	2.22
CFZ-AMP-CT	0	0.00	1	3.57	1	2.22
CFZ-AMP-CT-CTX	0	0.00	2	7.14	2	4.44
CFZ-AMP-CT-CFX	0	0.00	1	3.57	1	2.22
CFZ-AMP-CT-CTX-CAZ	1	5.88	0	0.00	1	2.22

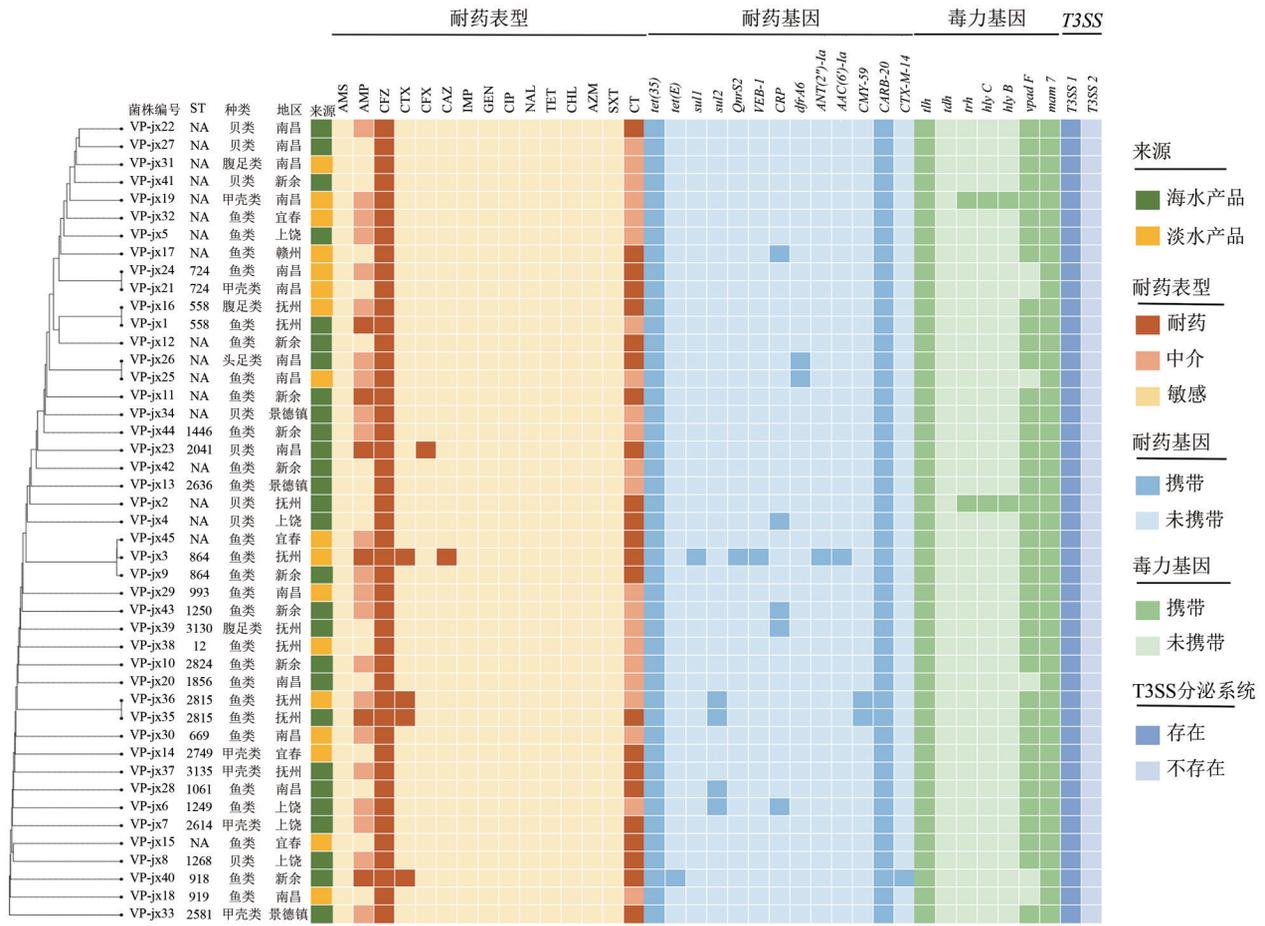


图1 2023年江西省212份海水产品和淡水产品中45株副溶血性弧菌毒力和耐药基因分布热图

Figure 1 Heat-map of presence of genes related to virulence and antibiotic resistance in 45 strains of *Vibrio parahaemolyticus* from 212 marine and freshwater products in Jiangxi Province in 2023

表6 2023年江西省212份水产品中45株副溶血性弧菌的毒力基因鉴定结果

Table 6 Identification results of virulence genes of 45 strains of *Vibrio parahaemolyticus* from 212 aquatic products in Jiangxi Province in 2023

毒力因子分类	毒力因子	相关基因
黏附	表面黏附素	<i>vpadF</i>
	多价黏附因子	<i>mam7</i>
分泌系统	T3SS1	<i>vopD, vopB, vcrH, vcrV, vcrG, vcrR, vcrD, vscY, vscX, syncN, tyeA, vopN, vscN, vscO, vscP, vscQ, vscR, vscS, vscT, vscU, vscL, vscK, vscH, vscI, vscH, vscG, vscF, vscD, vscC, vscB, virG, vxsC, exsA, exsD</i>
	T3SS1分泌效应器	<i>vopS, vopR, vopQ, VPA0450</i>
	TLH	<i>tlh</i>
毒素	TRH	<i>trh</i>
	溶血素 C	<i>hlyC</i>
	溶血素 B	<i>hlyB</i>

亲缘关系,表明不同来源样本间存在交叉污染,提示江西省需加强在运输和零售环节方面的监管,防止副溶血弧菌遗传变异的不断加剧。

研究表明,副溶血性弧菌是否携带 *tdh* 和 *trh* 毒力基因与人类食源性疾病的暴发密切相关<sup>[18]</sup>。本研究中,45株分离株均携带了 *tlh* 基因,仅2株菌携带了 *trh* 基因,均未携带 *tdh* 基因,与研究结果相似,环境分离菌株很少携带 *tdh* 和 *trh* 基因<sup>[19]</sup>,表明江西省水产品中副溶血性弧菌 *tdh* 和 *trh* 毒力基因携带率极低,但仍具有一定的潜在致病性。此外,Ⅲ型

分泌系统(T3SS)也被证明与副溶血性弧菌的致病性有关<sup>[20]</sup>。T3SS1普遍存在于副溶血性弧菌中,主要引起细胞毒性,有利于副溶血弧菌在环境中的生存;T3SS2则主要从临床病患中分离得到,具有肠毒性<sup>[21]</sup>。本研究中,45株分离株均携带了T3SS1基因,未发现T3SS2基因的存在,表明江西省水产品中副溶血性弧菌不具有或具有有限的肠毒性,且T3SS1基因的存在有利于其在自然环境中的生存。

细菌耐药性问题日趋严重,而副溶血性弧菌耐药多药的现象已成为了当前最重要的公共卫生问题

表7 副溶血性弧菌的耐药基因鉴定结果

Table 7 Identification results of antibiotic resistance genes of *Vibrio parahaemolyticus*

耐药基因	蛋白	抗生素
<i>CARB-20</i>	$\beta$ -内酰胺酶前体	$\beta$ -内酰胺类
<i>CRP</i>	CAMP激活的全局性转录调节因子CRP	大环内酯类、氟喹诺酮类、 $\beta$ -内酰胺类
<i>sul1</i>	耐磺胺类二氢蝶酸合酶Sul1	磺胺类
<i>sul2</i>	耐磺胺类二氢蝶酸合酶Sul2	磺胺类
<i>QnrS2</i>	喹诺酮类耐药五肽重复蛋白QnrS2	氟喹诺酮类
<i>ANT(2'')-Ia</i>	氨基糖苷类转核甙酸酶ANT(2'')-Ia	氨基糖苷类
<i>ACC(6')-Ia</i>	氨基糖苷类6'-N-乙酰转移酶AAC(6')-Ia	氨基糖苷类
<i>VEB-1</i>	超广谱A类 $\beta$ -内酰胺酶VEB-1	头孢菌素
<i>tet(35)</i>	苹果酸-2H(+)/Na(+)-乳酸反向转运体	四环素类
<i>dfrA6</i>	二氢叶酸还原酶DfrA6	甲氧苄氨嘧啶
<i>CMY-59</i>	C类 $\beta$ -内酰胺酶CMY-59	头霉素类
<i>CTX-M-14</i>	超广谱A类 $\beta$ -内酰胺酶CTX-M-14	头孢菌素类
<i>tet(E)</i>	四环素外排MFS转运体Tet(E)	四环素

之一<sup>[6]</sup>。细菌耐药表型与耐药基因关系研究发现,所有菌株均携带 $\beta$ -内酰胺类抗性基因*CARB-20*,而所有菌株对 $\beta$ -内酰胺类抗生素头孢唑啉100%耐药,陈吉铭等<sup>[22]</sup>研究也发现副溶血性弧菌对头孢唑啉耐药率100%,表明副溶血性弧菌头孢唑啉的耐药基因和耐药表型具有一致性。磺胺类(*sul1*、*sul2*、*dfrA6*)、大环内酯类(*CRP*)、氟喹诺酮类(*CRP*、*QnrS2*)、氨基糖苷类(*ANT(2'')-Ia*、*ACC(6')-Ia*)和四环素类(*tet(35)*、*tet(E)*)抗性基因均有发现,但所有菌株在这些抗生素表型上均未表现出耐药性,这可能与菌株生理条件和抗性基因未有效表达有关<sup>[23]</sup>。值得注意的是,本研究中多黏菌素E的耐药率高达51.11%,但未检测到相对应的抗性基因,这与其他报道的结果类似<sup>[24]</sup>,可能是由于其他耐药机制的存在,还有待进一步的研究。

本研究中45株副溶血性弧菌多重耐药率为11.11%,且主要来源于海水产品,其中海水鱼类占比达75%,表明江西省副溶血性弧菌多重耐药情况不容乐观,海水产品分离株具有更丰富的抗生素耐药多样性。在其他细菌(如沙门菌和大肠杆菌)中发现,*qnr*的存在并不总是有助于对喹诺酮类药物的耐药,而是促进其他耐药基因的共表达,从而可能导致细菌的耐多药性<sup>[25]</sup>。本研究中仅VP-jx3菌株检测到*QnrS2*基因,且该菌株耐5种药物,这可能与*QnrS2*基因促进的共表达有关,但另外4株多重耐药菌株未检测到该基因,表明副溶血性弧菌多重耐药机制更具复杂性,还需不断地深入研究。

本研究综合分析江西省水产品中副溶血性弧菌的污染、耐药性及遗传特征,为科学防治江西省水产品中的副溶血性弧菌的污染及揭示其耐药机制提供了一定的理论依据。考虑到江西省副溶血弧菌导致的食源性疾病发生,下一步研究应对食品分离株和临床分离株的同源性和致病性进行分析,并重点关注副溶血弧菌耐药性的产生及其传播规

律,以期提高江西省食源性疾病的防控效果。

### 参考文献

- [1] SU Y C, LIU C. *Vibrio parahaemolyticus*: a concern of seafood safety[J]. Food Microbiology, 2007, 24(6): 549-558.
- [2] 韩海红, 寇柏洋, 马洁, 等. 2018年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(4): 822-829. HAN H H, KOU B Y, MA J, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese Mainland in 2018 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 822-829.
- [3] 李红秋, 贾华云, 赵帅, 等. 2021年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(4): 816-821. LI H Q, JIA H Y, ZHAO S, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese Mainland in 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 816-821.
- [4] York A. Bacterial evolution: Historical influences on antibiotic resistance [J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10): 576-577.
- [5] YANG F, JIANG Y, YANG L, et al. Molecular and Conventional Analysis of Acute Diarrheal Isolates Identifies Epidemiological Trends, Antibiotic Resistance and Virulence Profiles of Common Enteropathogens in Shanghai [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9:164.
- [6] JIANG Y, CHU Y, XIE G, et al. Antimicrobial resistance, virulence and genetic relationship of *Vibrio parahaemolyticus* in seafood from coasts of Bohai Sea and Yellow Sea, China [J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 290:116-124.
- [7] JEONG H W, KIM J A, JEON S J, et al. Prevalence, antibiotic-resistance, and virulence characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* in restaurant fish tanks in Seoul, South Korea [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2020, 17(3): 209-214.
- [8] CHEN X, LI Y, YAO W, et al. A new emerging serotype of *Vibrio parahaemolyticus* in China is rapidly becoming the main epidemic strain [J]. Clinical Microbiology and Infection, 2020, 26(5): 644.e1-644.e7.
- [9] 曾立爱, 刘成伟, 游兴勇, 等. 2015—2019年江西省细菌性食源性疾病暴发事件分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35(4): 619-623. ZENG L A, LIU C W, YOU X Y, et al. Analysis of bacterial foodborne disease outbreaks in Jiangxi Province from 2015 to

- 2019 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023, 35 (4) : 619-623.
- [10] 董慧明, 种婷, 刘霓, 等. 辽宁省市售水产品中副溶血性弧菌的污染状况及耐药性分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2021, 12(12): 5066-5071.
- DONG H M, CHONG T, LIU N, et al. Analysis of contamination and drug resistance of *Vibrio parahaemolyticus* in aquatic products sold in Liaoning province [J]. Journal of Food Safety and Quality, 2021, 12(12): 5066-5071.
- [11] 吴小凤, 庄春红, 陈韵妍, 等. 2017—2021年泉州市食品污染风险监测中副溶血性弧菌耐药性及分子分型研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35(9): 1328-1332.
- WU X F, ZHUANG C H, CHEN Y Y, et al. Drug resistance characteristics and molecular typing of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from food contamination risk monitoring in Quanzhou City from 2017 to 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023, 35(9): 1328-1332.
- [12] 李海麟, 刘于飞, 梁伯衡, 等. 2006—2018年广州市市售水产品副溶血性弧菌监测结果分析[J]. 现代预防医学, 2020, 47(2): 322-325, 329.
- LI H L, LIU Y F, LIANG B H, et al. Surveillance on the aquatic products for *Vibrio parahaemolyticus* in Guangzhou from 2006 to 2018 [J]. Modern Preventive Medicine, 2020, 47(2): 322-325, 329.
- [13] 袁瑞, 付云, 宋臻鹏, 等. 湖州市水产品和环境样品中副溶血性弧菌污染及其影响因素分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30(5): 526-531.
- YUAN R, FU Y, SONG Z P, et al. A study on the distribution characteristics and influencing factors analysis of *Vibrio parahaemolyticus* contamination in aquatic products and its environment samples in Huzhou [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2018, 30(5): 526-531.
- [14] DI DYW, LEE A, JANG J, et al. Season-Specific Occurrence of Potentially Pathogenic *Vibrio spp.* on the Southern Coast of South Korea [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2017, 83 (3): e02680-16.
- [15] LI P, XIN W, KANG L, et al. Genetic and population analyses of *Vibrio parahaemolyticus* isolates from three major coastal regions in China [J]. Future Microbiology, 2018, 13: 1261-1269.
- [16] BAKER-AUSTIN C, JENKINS C, DADZIE J, et al. Genomic epidemiology of domestic and travel-associated *Vibrio parahaemolyticus* infections in the UK, 2008—2018 [J]. Food Control, 2020, 115: 107244.
- [17] GONZÁLEZ-ESCALONA N, MARTINEZ-URTAZA J, ROMERO J, et al. Determination of molecular phylogenetics of *Vibrio parahaemolyticus* strains by multilocus sequence typing [J]. Journal of Bacteriology, 2008, 190(8): 2831-2840.
- [18] GUTIERREZ WEST CK, KLEIN SL, LOVELL CR. High frequency of virulence factor genes *tdh*, *trh*, and *tlh* in *Vibrio parahaemolyticus* strains isolated from a pristine estuary [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(7): 2247-2252.
- [19] BANERJEE SK, KEARNEY AK, NADON CA, et al. Phenotypic and genotypic characterization of Canadian clinical isolates of *Vibrio parahaemolyticus* collected from 2000 to 2009 [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2014, 52(4): 1081-1088.
- [20] LETCHUMANAN V, CHAN KG, LEE LH. *Vibrio parahaemolyticus*: a review on the pathogenesis, prevalence, and advance molecular identification techniques [J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: 705.
- [21] 张婷, 杨梦华. 副溶血弧菌的毒力基因表达调控的分子机制 [J]. 微生物学报, 2020, 60(7): 1345-1357.
- ZHANG T, YANG M H. Molecular mechanisms of virulence genes expression in *Vibrio parahaemolyticus* [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(7): 1345-1357.
- [22] 陈吉铭, 何琴芬, 张琴超, 等. 绍兴市生食鱼中副溶血性弧菌毒力基因及耐药性与分子分型研究 [J]. 食品安全质量检测学报, 2021, 12(16): 6680-6684.
- CHEN J M, HE Q F, ZHANG Q C, et al. Study on virulence gene, drug resistance, molecular typing of *Vibrio parahaemolyticus* in raw fish in Shaoxing [J]. Journal of Food Safety and Quality, 2021, 12(16): 6680-6684.
- [23] ZHANG F F, ZHANG J, LIN W, et al. Antibiotic Resistance and Genetic Profiles of *Vibrio parahaemolyticus* Isolated from Farmed Pacific White Shrimp (*Litopenaeus vannamei*) in Ningde Regions [J]. Microorganisms, 2024, 12(1): 152.
- [24] JIANG Y, YAO L, LI F, et al. Characterization of antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* from cultured sea cucumbers (*Apostichopus japonicus*) [J]. Letters of Applied Microbiology, 2014, 59(2): 147-154.
- [25] JEAMSRIPOONG S, KHANT W, CHUANCHUEN R. Distribution of phenotypic and genotypic antimicrobial resistance and virulence genes in *Vibrio parahaemolyticus* isolated from cultivated oysters and estuarine water [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2020, 96 (8): fiae081.