

- [19] 崔生辉,徐潇,张凤兰. 中国“超级耐药细菌”流行原因与控制措施探讨[J]. 中华预防医学杂志,2013,47(5):400-402.
- [20] XU X, CUI S H, ZHANG F L, et al. Prevalence and characterization of cefotaxime and ciprofloxacin co-resistant *Escherichia coli* isolates in retail chicken carcasses and ground pork, China[J]. Microbial Drug Resistance, 2014, 20(1):73-81.
- [21] Mora A, Blanco J E, Blanco M, et al. Antimicrobial resistance of Shiga toxin (verotoxin)-producing *Escherichia coli* O157: H7 and non-O157 strains isolated from humans, cattle, sheep and food in Spain[J]. Research in Microbiology, 2005, 156(7):793-806.
- [22] Ziebell K, Steele M, ZHANG Y, et al. Genotypic characterization and prevalence of virulence factors among Canadian *Escherichia coli* O157: H7 strains[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74(14):4314-4323.
- [23] Roest H I, Liebana E, Wannet W, et al. Antibiotic resistance in *Escherichia coli* O157 isolated between 1998 and 2003 in The Netherlands [J]. Tijdschrift voor Diergeneeskunde, 2007, 132(24):954-958.
- [24] CHEN Q J, CAO C Y, WANG B F, et al. Study on the surveillance of *Escherichia Coli* O157 in Longyan City, Fujian, China from 1999 to 2005 [J]. Preventive Medicine Tribune, 2006, 12(6):646-648.
- [25] Torpdahl M, Nielsen E M, Scheutz F, et al. Detection of a Shiga toxin-and extended-spectrum- $\beta$ -lactamase-producing *Escherichia coli* O157: H7 human clinical isolate[J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2013, 68(5):203-2104.
- [26] FENG P C, Monday S R, Lacher D W, et al. Genetic diversity among clonal lineages within *Escherichia coli* O157: H7 stepwise evolutionary model [J]. Emerging Infectious Diseases 2007, 13(11):1701-1706.
- [27] Vidovic S, Tsoi S, Medihala P, et al. Molecular and antimicrobial susceptibility analyses distinguish clinical from bovine *Escherichia coli* O157 strains[J]. Journal of Clinical Microbiology, 2013, 51(7):2082-2088.

## 论著

# 北京市食源性金黄色葡萄球菌耐药及分子分型研究

王迪, 张晓媛, 陈倩, 陆峥, 王丽丽

(北京市疾病预防控制中心营养与食品卫生所 食物中毒诊断溯源技术北京市重点实验室, 北京 100013)

**摘要:**目的 分析北京市食源性金黄色葡萄球菌对常用抗生素的耐药情况及其分子分型特征, 预防和控制由该菌引起的食源性疾病, 为临床合理用药提供依据。方法 收集2010—2012年北京地区食源性致病菌监测网分离到的金黄色葡萄球菌187株, 采用微量肉汤稀释法检测金黄色葡萄球菌对8种常用抗生素的敏感性。采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)进行分子分型。结果 116株金黄色葡萄球菌表现出对抗生素耐药, 耐药率为62.03%, 对抗生素的耐药率为红霉素(ERY)45.45%、苯唑西林(OXA)27.81%、克林霉素(CLI)20.86%、四环素(TET)13.90%、氯霉素(CHL)11.76%、环丙沙星(CIP)6.42%、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(TPM/SMZ)5.88%。其中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)52株、对甲氧西林敏感的金黄色葡萄球菌(MSSA)135株。分离到的MRSA中34株菌表现出多重耐药。全部菌株共分为129种PFGE带型, 优势带型不明显。结论 食源性金黄色葡萄球菌的耐药和多重耐药普遍存在, PFGE带型分布分散与耐药谱的关联性较差。

**关键词:**金黄色葡萄球菌; 耐药; 微量肉汤稀释法; 脉冲场凝胶电泳; 食源性致病菌; 分子分型

中图分类号: R155; R378.1<sup>+</sup>1 文献标志码: A 文章编号: 1004-8456(2014)05-0428-07

DOI: 10.13590/j.cjfh.2014.05.005

## Study of antimicrobial resistance and molecular characteristics in foodborne *Staphylococcus aureus* in Beijing

WANG Di, ZHANG Xiao-ai, CHEN Qian, LU Zheng, WANG Li-li

(Institute for Nutrition and Food Hygiene, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing Key Laboratory of Diagnostic and Traceability Technologies for Food Poisoning, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China)

**Abstract: Objective** To analyze the antimicrobial resistance and molecular characteristics in foodborne *Staphylococcus*

收稿日期: 2014-05-21

作者简介: 王迪 男 主管技师 研究方向为食源性致病菌相关研究 E-mail: wangdi124@126.com

通讯作者: 陈倩 女 主任技师 研究方向为食源性致病菌相关研究 E-mail: cchenqian@263.com

*aureus* in Beijing so as to prevent foodborne disease caused by *Staphylococcus aureus* and provide evidence for the reasonable clinical use of antibiotics. **Methods** *Staphylococcus aureus* strains isolated from foodborne pathogenic bacteria monitoring network in Beijing from 2010 to 2012 were tested against 8 commonly used antibiotics using broth micro-dilution method. The isolates were further subtyped by PFGE. **Results** 116 strains were antibiotic resistant, the resistant rate was 62.03%. The resistant rates for 8 commonly used antibiotics were erythromycin (45.45%), oxacillin (27.81%), clindamycin (20.86%), tetracycline (13.90%), chloramphenicol (11.76%), ciprofloxacin (6.42%), trimethoprim/sulfamethoxazole (5.88%). 52 strains were Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), and 135 strains were methicillin-sensitive *Staphylococcus aureus* (MSSA). 34 MRSA were multidrug resistant. Totally, 129 PFGE patterns were identified. No dominant PFGE patterns were obviously identified. **Conclusion** Multidrug resistant were popular among the *Staphylococcus aureus* strains isolated from food. PFGE patterns showed diversified characteristics. The antibiotic resistance spectrum and PFGE patterns showed no correlation.

**Key words:** *Staphylococcus aureus*; antimicrobial resistance; broth-microdilution; pulsed-field gel electrophoresis; food borne pathogens; molecular typing

金黄色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*) 广泛分布于空气、土壤、水中,人和动物的带菌率较高,因此食品受其污染的机会较多<sup>[1]</sup>,金黄色葡萄球菌及其毒素是引发细菌性食物中毒的主要病原之一,金葡菌污染食物所引发的食源性疾病为世界性食品安全问题,该菌也是北京市细菌性食物中毒的主要病原菌之一。2010—2012年北京市共报告细菌性食物中毒27起,其中金黄色葡萄球菌食物中毒占22%。多重耐药的金黄色葡萄球菌菌株的出现已危及到对该菌引发食源性疾病的控制。有研究表明<sup>[2]</sup>,耐药菌可直接或通过食物链间接感染人,并具有将相同的抗药特性通过食物链转移给人体病原菌的潜在危险。目前,脉冲场凝胶电泳 (pulsed-field gel electrophoresis, PFGE) 被认为是食源性病原菌分型的金标准,PFGE具有重复性好、分辨率高的特点<sup>[3]</sup>。为了解北京市食源性金黄色葡萄球菌的耐药谱和PFGE型别分布以及两者之间的联系,建立北京市食源性金黄色葡萄球菌耐药图谱库和分子溯源库,提高北京市金葡菌食物中毒监测预警能力。本研究通过采用美国临床实验标准委员会 (NCCLS) 推荐的微量肉汤稀释法和PFGE方法,对2010—2012年通过北京市食源性致病菌监测网络分离到的187株金黄色葡萄球菌进行药敏试验及PFGE分型。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

#### 1.1.1 菌株来源

本次试验菌株来自2010—2012年通过北京市食源性致病菌监测网络分离到的金黄色葡萄球菌共187株。其中110株来自餐饮食品、77株来自未经过加工的食品原料。质控菌株为金黄色葡萄球菌 (ATCC 29213)。

#### 1.1.2 主要仪器与试剂

VITEK 浊度仪 (法国 bioMérieux)、实验用去离子水系统 (美国 Millipore)、水浴摇床 (德国 Julabo)、脉冲场凝胶电泳仪及配套设备和凝胶成像系统 (美国 Bio-Rad)。

脑心浸液培养基、细菌琼脂粉 (北京陆桥技术有限责任公司)、革兰氏阳性菌冻干型细菌定量药敏测试盒、M-H 肉汤、细菌稀释液 (天津金章科技发展有限公司)、琼脂糖 (美国 CambrexBio Science Rockland)、蛋白酶 K (德国 Merck)、限制性内切酶 *Xba* I、限制性内切酶 *Sma* I 均购自大连宝生物,葡萄球菌溶菌素 (美国 Sigma Aldrich)。

### 1.2 方 法

#### 1.2.1 测定方法

采用冻干型细菌定量药敏测试盒定量测定金黄色葡萄球菌的最小抑菌浓度 (minimal inhibitory concentration, MIC),将待测定的金黄色葡萄球菌和质控菌株 (ATCC 29213) 接种到脑心浸液肉汤 (BHI) 管中,过夜培养。从过夜培养的 BHI 肉汤管中挑取菌液划线接种脑心浸液琼脂 (BHA) 平板,过夜培养。从过夜培养的 BHA 平板上挑取单个菌落,再次划线接种 BHA 平板,过夜培养。从 24 h 培养的平板上挑取 3~5 个纯新鲜菌落,均匀悬浮于 1.5 ml 细菌稀释管中,将该菌液用 VITEK 浊度计调整至 0.5 麦氏浊度。用微量移液器吸取已比浊好浓度的菌液 100  $\mu$ l 加入到 10 ml M-H 肉汤管中,混匀,缓慢倒入 V 型无菌槽内,使用微量移液器一次加入到 96 孔药敏板中 (每孔 50  $\mu$ l)。自动设置 A12~H12 不加任何抗生素的孔里 4 个 (A12~D12) 加菌,作为生长对照;4 个 (E12~H12) 不加菌,作为空白对照。将接种好的 96 孔药敏板加盖,置于培养箱中 (36 $\pm$ 1)  $^{\circ}$ C 培养 24 h,培养箱中放置水槽以保持湿度。同时满足相同的操作测定标准质控菌株。检

测的抗生素种类:红霉素(ERY)、苯唑西林(OXA)、克林霉素(CLI)、四环素(TET)、氯霉素(CHL)、环丙沙星(CIP)、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑(TPM/SMZ)、万古霉素(VAN)。根据药敏测试盒提供的MIC值判读标准进行判定,其中ERY的MIC值 $\leq 0.5$  mg/L为敏感、1~4 mg/L为中介、 $\geq 8$  mg/L为耐药,OXA的MIC值 $\leq 2$  mg/L为敏感、 $\geq 4$  mg/L为耐药,CLI的MIC值 $\leq 0.5$  mg/L为敏感、1~2 mg/L为中介、 $\geq 4$  mg/L为耐药,TET的MIC值 $\leq 4$  mg/L为敏感、8 mg/L为中介、 $\geq 16$  mg/L为耐药,CHL的MIC值 $\leq 8$  mg/L为敏感、16 mg/L为中介、 $\geq 32$  mg/L为耐药,CIP的MIC值 $\leq 1$  mg/L为敏感、2 mg/L为中介、 $\geq 4$  mg/L为耐药,TPM/SMZ的MIC值 $\leq 2/38$  mg/L为敏感、 $\geq 4/76$  mg/L为耐药,VAN的MIC值 $\leq 2$  mg/L为敏感、4~8 mg/L为中介、 $\geq 16$  mg/L为耐药。

### 1.2.2 结果判读

当同时满足以下条件①生长对照孔中的细菌有明显生长,空白对照孔无细菌生长②每次实验均需用标准质控菌株(ATCC 29213)同步操作,进行质量控制;质控菌株的MIC值在规定的范围内时目测结果可接受。

### 1.2.3 PFGE分型

参照金黄色葡萄球菌PFGE分型的标准操作方式进行,主要实验参数如下:细菌悬液浓度用bioMérieux麦氏比浊仪调至6.0;使用Sma I限制性内切酶(20 U),30℃酶切3 h;电泳参数为4.0~40.0 S,19 h;胶块电泳后使用GelRed染色,纯水脱色,读取电泳图谱;沙门菌标准株(H9812)作为分子量标准。

### 1.2.4 数据分析

PFGE图像录入Bionumerics v6.6软件包进行处理,识别图像条带,经同一的分子量标准进行校准,标定条带位置,必要时进行手工校正,在PFGE图像中 $< 20.5$  kbp的条带忽略不计。PFGE电泳图谱中,每条泳道代表1株菌,在限制性内切酶的切割下,不同的菌株会呈现不同的条带数和片段大小。将条带数和位置相同的菌株归为同一PFGE型别。

## 2 结果

### 2.1 187株金黄色葡萄球菌对8种抗生素的耐药情况

187株金黄色葡萄球菌共检出116株耐药菌,耐药率为62.03%。对一种抗生素表现为耐药的菌株共44株,耐药率为23.53%。对两种及以上抗生素耐药的菌株(多重耐药)共72株,耐药率为38.50%。耐药率由高到低依次为ERY 45.45%、OXA 27.81%、CLI 20.86%、TET 13.90%、CHL 11.76%、CIP 6.42%、TPM/

SMZ 5.88%、VAN 0.00%。金黄色葡萄球菌对8种抗生素耐药情况见表1。

表1 金黄色葡萄球菌对8种抗生素的耐药率

Table 1 Resistance rates of 8 kinds of antibiotics

抗生素	耐药菌株数	耐药率/%	中介菌株数	中介率/%	敏感菌株数	敏感率/%
ERY	85	45.45	19	10.16	83	44.39
OXA	52	27.81	0	0.00	135	72.19
CLI	39	20.86	4	2.14	144	77.00
TET	26	13.90	14	7.49	147	78.61
CHL	22	11.76	4	2.14	161	86.10
CIP	12	6.42	5	2.67	170	90.91
TPM/SMZ	11	5.88	0	0.00	176	94.12
VAN	0	0.00	2	1.07	185	98.93

### 2.2 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)耐药情况

187株金黄色葡萄球菌中共检出MRSA 52株,占比为27.81%。52株MRSA共表现出16种耐药谱,其中34株菌表现为多重耐药,占MRSA菌株65.38%;18株菌仅表现出对OXA单一耐药,占MRSA菌株34.62%;双重耐药菌株共17株,占MRSA菌株32.69%;3重耐药的菌株共7株,占MRSA菌株13.46%;4重耐药的菌株共7株,占MRSA菌株13.46%;5重耐药的菌株2株,占MRSA菌株3.85%。MRSA耐药谱见表2。52株MRSA中有28株菌表现出对ERY耐药,耐药率53.85%;12株表现出对TET耐药,耐药率23.08%;12株表现出对CLI耐药,耐药率23.08%;5株表现出对CHL耐药,耐药率9.62%;5株表现出对TPM/SMZ耐药,耐药率9.62%;1株表现出对CIP耐药,耐药率1.92%。

表2 MRSA耐药谱

Table 2 Antibiotic resistance spectrum of MRSA

耐药谱	耐药菌数/株
OXA	18
OXA + ERY	12
OXA + TET	4
OXA + CLI	1
OXA + ERY + CLI	4
OXA + ERY + CHL	1
OXA + TET + ERY	1
OXA + TPM/SMZ	1
OXA + TET + ERY + CHL	2
OXA + TET + ERY + CLI	1
OXA + ERY + CHL + CLI	1
OXA + TET + ERY + TPM/SMZ	1
OXA + ERY + CLI + TPM/SMZ	2
OXA + TET + ERY + CLI + CIP	1
OXA + TET + ERY + CHL + CLI	1
OXA + TET + ERY + CLI + TPM/SMZ	1

### 2.3 甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA)耐药情况

187株金黄色葡萄球菌中共检出MSSA 135株。

其中 71 株菌对所选抗生素敏感,其余 64 株菌表现出 17 种耐药谱。对单一抗生素耐药菌株 28 株,占 MSSA 菌株 20.74%;多重耐药菌株 36 株,占 MSSA 菌株 26.67%。多重耐药菌中双重耐药菌 17 株,占 MSSA 菌株 12.59%;3 重耐药菌 5 株,占 MSSA 菌株 3.70%;4 重耐药菌 11 株,占 MSSA 菌株 8.15%;5 重耐药 3 株,占 MSSA 菌株 2.22%。耐药谱见表 3。135 株 MSSA 中 14 株菌对 TET 耐药,耐药率 10.37%;57 株菌对 ERY 耐药,耐药率 42.22%;17 株菌对 CHL 耐药,耐药率 12.59%;27 株菌对 CLI 耐药,耐药率 20.00%;11 株菌对 CIP 耐药,耐药率 8.15%;6 株菌对 TPM/SMZ 耐药,耐药率 4.44%;全部 MSSA 均表现出对 VAN 敏感。

表 3 MSSA 耐药谱

Table 3 Antibiotic resistance spectrum of MSSA

耐药谱	耐药菌数/株
TET	2
ERY	21
CHL	2
CIP	1
TPM/SMZ	2
TET + ERY	5
ERY + CHL	3
ERY + CLI	9
TET + ERY + CLI	1
TET + ERY + CIP	1
ERY + CHL + CLI	3
TET + ERY + CLI + CIP	1
TET + ERY + CHL + CLI	1
ERY + CLI + TPM/SMZ	3
ERY + CHL + CLI + CIP	6
TET + ERY + CHL + CLI + CIP	2
TET + ERY + CLI + TPM/SMZ	1

## 2.4 金黄色葡萄球菌的 PFGE 分型

187 株金黄色葡萄球菌基因组 DNA 经 *Sma*I 酶切后,将 PFGE 图谱进行聚类分析,见图 1。其中 5 株菌未形成任何条带,经复测仍无条带形成,未纳入软件分析。用于聚类分析的 182 株菌中,14 株菌发生降解,经复测加入硫脲仍出现降解无法聚类,其余 168 株菌共分为 129 种带型,其中 89 株菌分离自餐饮环节、79 株菌分离自食品原料,带型分布分散。未体现出优势带型。

从图 1 中可以看到 PFGE 图谱的聚集性并不明显,在 PFGE 带型完全相同的菌株中,样品种类及来源呈多样性,未表现出菌株间的相关性。其中耐药菌的 PFGE 带型与耐药谱之间未体现出关联性。

## 3 讨论

食源性金黄色葡萄球菌产生耐药的主要原因是由于动物在饲养过程中使用亚治疗量的抗生素导致食源

性病原菌耐药株的产生、扩散,且在食品中的药物残留可能干扰人肠道内的正常菌丛和诱导临床耐药病原菌株,动物排泄物中的抗生素和耐药菌排入环境并长期保持耐药性质<sup>[4]</sup>。本研究的监测结果可以看出,ERY 的耐药率最高达到 45.45%,MRSA 中耐药率达到 53.85%,MSSA 中耐药率达到 42.22%,ERY 在 MRSA 和 MSSA 中耐药率都位居第一位。除 ERY 外,MRSA 和 MSSA 都表现出对 TET、CLI 相对较高的耐药率。CHL 在 MRSA 和 MSSA 中的耐药率近似。MRSA 和 MSSA 对 VAN、CIP、TPM/SMZ 相对敏感,可作为优先选择的抗生素用于治疗金黄色葡萄球菌引起的食源性疾病。长期以来万古霉素是治疗 MRSA 感染的基石和金标准<sup>[5]</sup>,耐万古霉素的 MRSA 被列为未来 10 年的超级耐药细菌<sup>[6]</sup>,除 2 株菌的 MIC 值表现为 4 mg/L 的中介值外,菌株均表现为对 VAN 敏感。掌握食源性金黄色葡萄球菌耐药谱对于在治疗由该菌引起的食源性疾病时的抗生素选择有一定的指导意义。

临床研究显示 2010—2011 年全国 10 个城市 12 所教学综合医院的 MRSA 的流行率为 52.9%<sup>[7]</sup>。本研究结果显示的北京市食源性 MRSA 分离率达到 27.81%,低于临床的流行水平。多重耐药菌更多的存在于 MRSA 中达到 65.38%,高于 MSSA 中的 26.67%。表现出 16 种耐药谱,仅对 OXA 表现出单一耐药与选取的抗生素种类相对较少有关。与以往的研究比较,发现不同地区不同食品来源 MRSA 的分离率可能不同,如四川省动物性食品源金黄色葡萄球菌的耐药性分析中报道未检出 MRSA<sup>[8]</sup>,食品中金黄色葡萄球菌的污染状况及耐药性分析中报道的北京市通州区污染食品的金黄色葡萄球菌 100% 为 MRSA<sup>[9]</sup>。本研究中 MRSA 的样品来源分布广泛,来源于 11 类食品,其中包括中式凉拌菜 14 株、生禽畜肉 8 株、熟肉制品 8 株、米面制品 8 株、焙烤及油炸类食品 1 株、冰淇淋 2 株、豆制品 1 株、果蔬汁 3 株、沙拉 4 株、烧烤食品 2 株、水产品 1 株。提示北京市餐饮业即食食品是 MRSA 污染的高风险食品。

本研究结果显示北京市食源性金黄色葡萄球菌的 PFGE 带型分散,来自于不同区域不同样品的菌株带型可以完全一致,流行的优势菌株不明显。耐药的金黄色葡萄球菌的 PFGE 图谱与耐药谱之间关联性较差。同一耐药谱可呈现多种带型,不同耐药谱可呈现完全一致的带型。来自相同区相同食品来源的菌株同源性较高,来自崇文区的分离自米面制品的 2 株菌表现出完全一致的带型,来自通州区的分离自米面制品的 3 株菌表现出完全一致的带型。

本研究揭示了北京地区食源性金黄色葡萄球

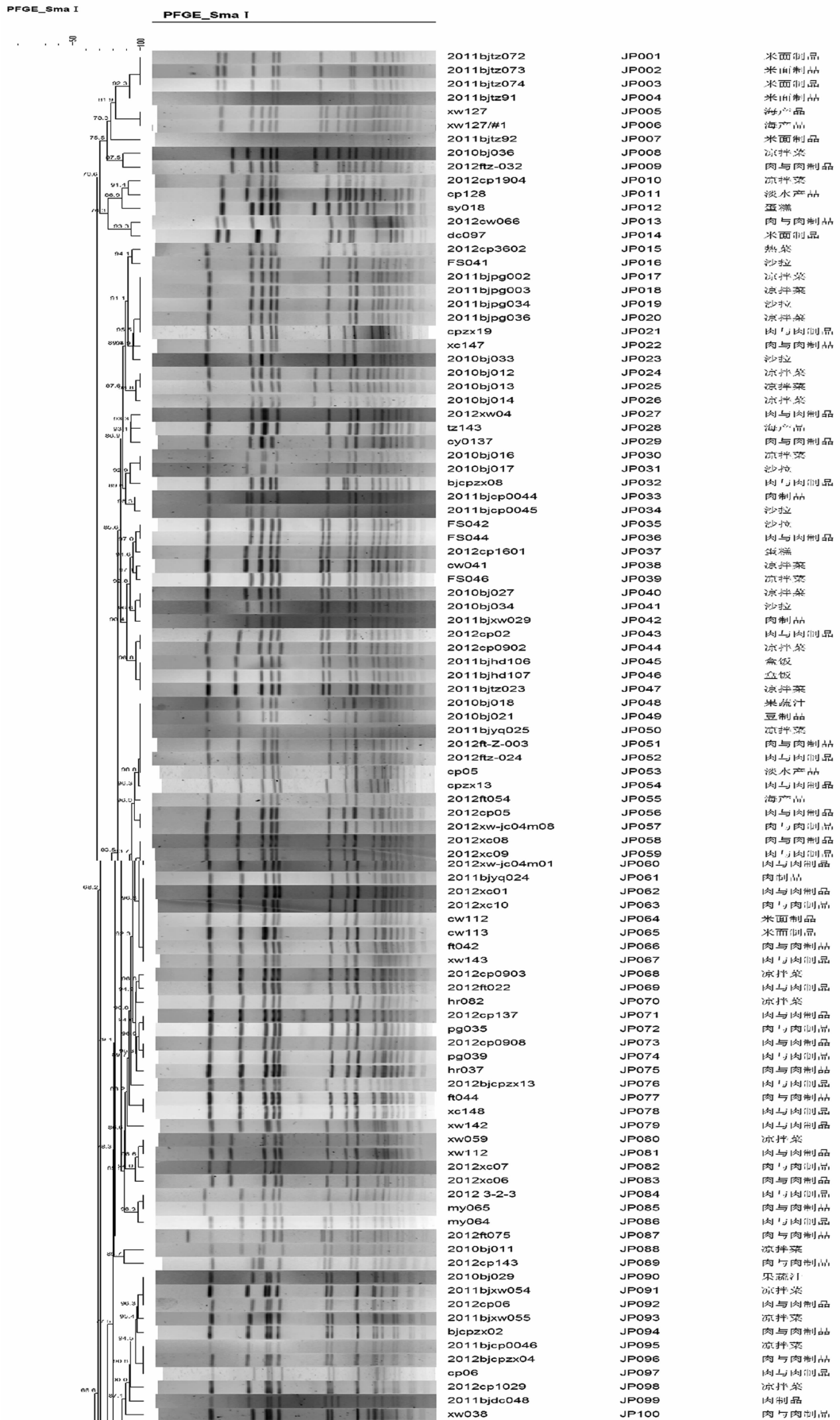
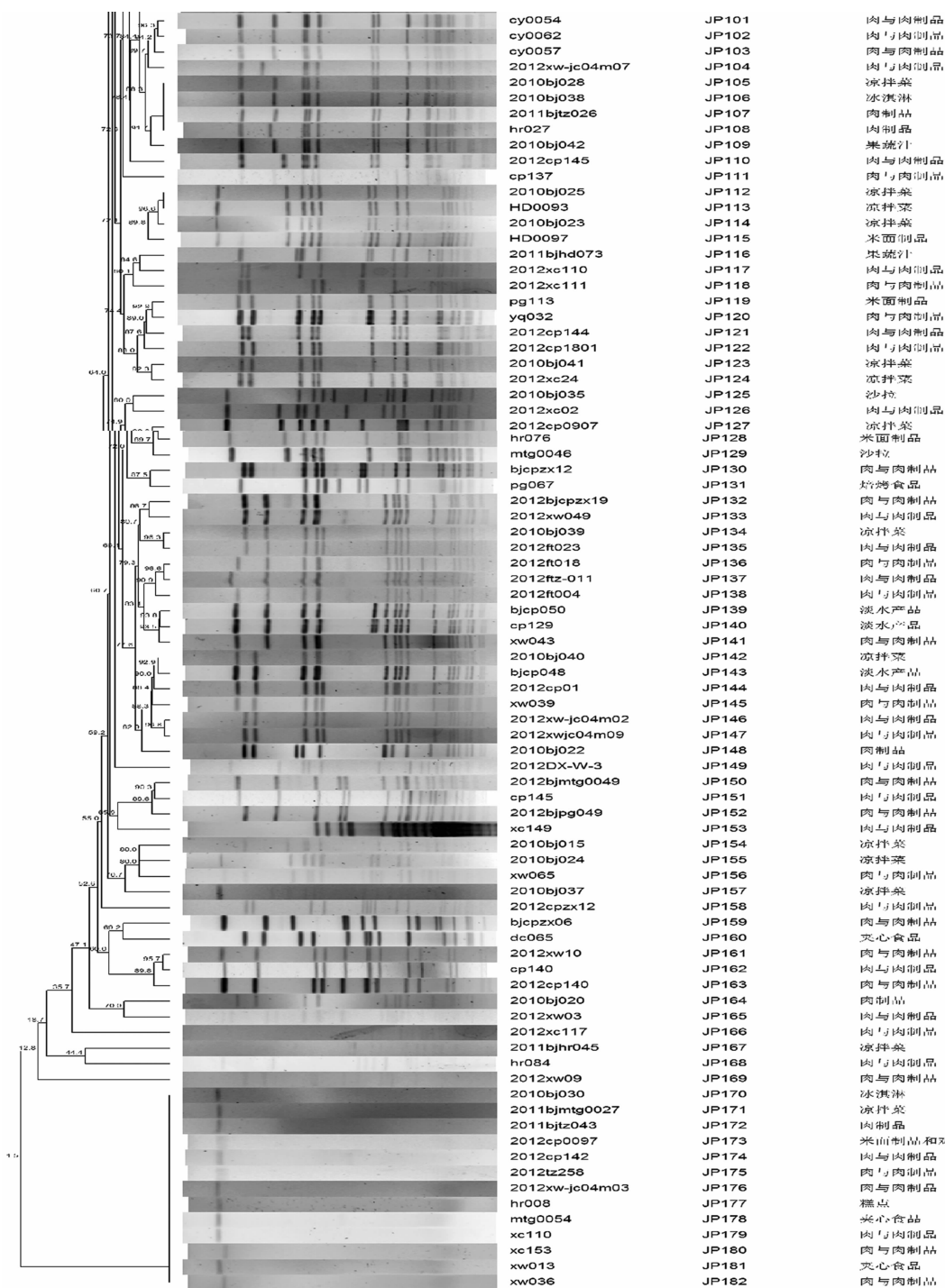


图1 182株金黄色葡萄球菌的PFGE聚类图

Figure 1 PFGE patterns of 182 strains



续图 1

菌的耐药谱和 PFGE 型别分布特征,建立了包含耐药信息的食源性金黄色葡萄球菌分子分型数据库,为今后处置由金黄色葡萄球菌引起的食物中毒事件中的溯源诊断及抗生素治疗提供了技术支撑,指导动物饲养阶段合理的选择抗生素,从源头上控制和减少多重耐药金黄色葡萄球菌的产生。

## 参考文献

- [ 1 ] 吕素玲, 诸葛石养, 韦程媛, 等. 广西食品中金黄色葡萄球菌污染状况及耐药情况分析[J]. 应用预防医学, 2012, 18(2): 111-112.
- [ 2 ] Normanno G, Salandra G, La Dambrosio A, et al. Occurrence, characterization and antimicrobial resistance of enterotoxigenic *Staphylococcus aureus* isolated from meat and dairy products [J]. International Journal of Food Microbiology, 2007, 115(3): 290-296.
- [ 3 ] Marshall S, Clark C G, Wang G, et al. Comparison of molecular methods for typing *Vibrio parahaemolyticus* [J]. J Clin Microbiol, 1999, 37(8): 2473-2478.
- [ 4 ] 徐勤, 秦国祥. 生牛奶中金黄色葡萄球菌污染状况及耐药性研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2005, 15(8): 972-973.
- [ 5 ] 崔巧珍, 张燕军, 郭慧芳. 金黄色葡萄球菌的耐药变迁[J]. 中国药物与临床, 2013, 13(10): 1374-1376.
- [ 6 ] Jones T F, Kellum M E, Porter S S, et al. An outbreak of community-acquired foodborne illness caused by methicillin resistant *Staphylo-*

*coccus aureus*[J]. *Emerging Infectious Disease*, 2002, 8(1): 82-84.

[ 7 ] 贺文强, 陈宏斌, 赵春江, 等. 2010—2011 年中国 10 个主要城市金黄色葡萄球菌分子流行病学研究[J]. *中华微生物学和免疫学杂志*, 2013, 33(4): 247-251.

[ 8 ] 刘东香, 刘书亮, 张晓利, 等. 四川省动物性食品源金黄色葡萄球菌的耐药性分析[J]. *中国兽医杂志*, 2009, 45(5): 6-8.

[ 9 ] 张兰荣, 王连秀, 张文利. 食品中金黄色葡萄球菌的污染状况及耐药性分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2004, 16(1): 35-37.

论著

# 上海市闵行区初级农产品中金黄色葡萄球菌污染状况及毒力基因分布特征研究

骆玲飞, 王小光, 刘继倩, 宋驰萍, 乔坤, 欧阳霖, 陈秀华, 刘芸

(上海市闵行区疾病预防控制中心, 上海 201101)

**摘要:**目的 了解上海市闵行区初级农产品中金黄色葡萄球菌的污染状况及毒力基因的携带情况。方法 按国标方法, 采用科玛嘉显色培养基, 对初级农产品中的金黄色葡萄球菌进行分离、生化鉴定, 收集的菌株采用实时荧光 PCR 方法检测血浆凝固酶基因 *coa*, 耐热核酸酶基因 *nuc*, 粘附素基因 *clfA* 和肠毒素基因 *sea*、*seb*、*sec*、*sed*、*see*。结果 206 份食品中检出金黄色葡萄球菌 43 株, 检出率为 20.87%; 43 株金黄色葡萄球菌均含有 *coa*、*nuc* 和 *clfA* 基因, 而 *see* 基因全部缺失, 其余 4 个毒力基因则表现为部分缺失。结论 本地区初级农产品中存在金黄色葡萄球菌的污染, 生肉禽类食品中金黄色葡萄球菌污染比较严重, 应加强监督管理; 金黄色葡萄球菌菌株均包含有 *coa* 毒力基因, 可以作为一项检测其致病力的指标。

**关键词:**金黄色葡萄球菌; 污染; 毒力基因; 食源性致病菌; 初级农产品; 农产品; 食品安全

中图分类号: R155.5; R378.11 文献标志码: A 文章编号: 1004-8456(2014)05-0434-04

DOI: 10.13590/j.cjfh.2014.05.006

## The contamination of *Staphylococcus aureus* and the distribution of virulence genes in the primary farm products of Minhang District, Shanghai

LUO Ling-fei, WANG Xiao-guang, LIU Ji-qian, SONG Chi-ping, QIAO Kun, OU Yang-lin, CHEN Xiu-hua, LIU Yun

(Center for Disease Control and Prevention, Minhang District, Shanghai 201101, China)

**Abstract: Objective** To investigate the contamination and the virulence genes of *Staphylococcus aureus* in the primary farm products of Minhang District, Shanghai. **Methods** CHROMagar color medium and API *S. aureus* were used for separation and biochemical identification of *S. aureus* according to national standard. Virulence genes of *coa*, *nuc*, *clfA*, *sea*, *seb*, *sec*, *sed* and *see* were detected by real-time PCR methods. **Results** 43 isolates were identified from 206 *S. aureus* samples, and the detection rate was 20.87%. All the identified strains had *coa*, *nuc* and *clfA* virulence genes, but no *see* virulence gene was found, and the remaining four virulence genes expressions were partially missing. **Conclusion** The contamination of *S. aureus* in the primary farm products existed in Minhang district of Shanghai. Supervision and management should be strengthened for raw meat and poultry for serious contamination. All *S. aureus* strains contained *coa* virulence gene. It could be used as a target for detecting virulence genes.

**Key words:** *Staphylococcus aureus*; contamination; virulence genes; foodborne pathogenic bacteria; primary farm products; farm products; food safety

金黄色葡萄球菌在自然界中广泛存在, 可以引起

各种化脓性炎症和食物中毒, 是食源性疾病的重要病原菌之一。据报道<sup>[1]</sup>, 2006 年在美国由于金黄色葡萄球菌引起的食物中毒有 29 起, 在细菌性食物中毒中居第三位。我国每年发生的此类食物中毒事件也非常多, 全国各地均有报道<sup>[2-3]</sup>。金黄色葡萄球菌的致病原理与其很多毒力基因有关。其中, 最重要的一种就是肠毒素(SE)基因。常见的肠毒素分为 5 种,

收稿日期: 2014-04-26

基金项目: 上海市闵行区科委自然科学基金项目(2011MHZ55)

作者简介: 骆玲飞 女 主管技师 研究方向为病原微生物

E-mail: anita2007@sina.cn

通讯作者: 王小光 男 主任技师 研究方向为病原微生物

E-mail: wxg2479038@sina.com