

## 研究报告

## 我国食源性金黄色葡萄球菌耐药及遗传特征情况研究

李辉<sup>1</sup>, 闫琳<sup>1</sup>, 陈伟伟<sup>2</sup>, 薛成玉<sup>3</sup>, 杨祖顺<sup>4</sup>, 杨大进<sup>1</sup>, 白莉<sup>1</sup>

- (1. 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, 北京 100021;  
2. 福建省疾病预防控制中心, 福建福州 350001; 3. 黑龙江省疾病预防控制中心, 黑龙江哈尔滨 150030;  
4. 云南省疾病预防控制中心, 云南昆明 650022)

**摘要:**目的 探究我国2020年食源性金黄色葡萄球菌的耐药性、毒力因子及分子分型特征。方法 采用微量肉汤稀释法对菌株进行药物敏感性试验, 基于全基因组序列分析多位点序列分型及重要耐药基因(*mecA*)和毒力基因。结果 224株食源性金黄色葡萄球菌对12类抗菌药物的整体耐药率为87.9%(197/224), 对青霉素的耐药率最高为82.6%(185/224)。多重耐药率为23.2%(52/224), 多重耐药菌中ST398占比最高为26.9%(14/52), 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌检出率为8.0%(18/224)。葡萄球菌肠毒素基因整体携带率为52.2%(117/224), 其中*sea*的携带率最高为24.6%(55/224), 携带肠毒素基因种类最多的ST型为ST1。共检测到31种ST型, 其中ST7最多(12.9%, 29/224), ST398次之(10.7%, 24/224)。中毒性休克综合征毒素编码基因(*tsst-1*)和杀白细胞素编码基因(*lukF-PV*和*lukS-PV*)的携带率分别为6.3%(14/224)和4.5%(10/224)。结论 我国食源性金黄色葡萄球菌耐药性和肠毒素携带率均较高, 且检出了临床感染中重要的毒力基因, 提示食品中金黄色葡萄球菌的潜在危害不容忽视。ST型与食品类别、耐药性和致病性存在一定相关性, 可为了解我国食源性金黄色葡萄球菌的流行特征和风险控制提供数据支撑。

**关键词:**食源性; 金黄色葡萄球菌; 耐药性; 毒力因子

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2023)06-0801-06

DOI: 10.13590/j.cjfh.2023.06.001

**Resistance and genotype characterization of foodborne *Staphylococcus aureus* in China**LI Hui<sup>1</sup>, YAN Lin<sup>1</sup>, CHEN Weiwei<sup>2</sup>, XUE Chengyu<sup>3</sup>, YANG Zushun<sup>4</sup>, YANG Dajin<sup>1</sup>, BAI Li<sup>1</sup>

- (1. National Health Commission Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment of Health, China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100021, China; 2. Fujian Provincial Center for Disease Control and Prevention, Fujian Fuzhou 350001, China; 3. Heilongjiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Heilongjiang Harbin 150030, China; 4. Yunnan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Yunnan Kunming 650022, China)

**Abstract: Objective** To explore the characteristics of resistance, virulence factor and sequence typing of foodborne *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) in China in 2020. **Methods** Antimicrobial susceptibility test for *S. aureus* was performed using the broth microdilution method. Multilocus sequence typing (MLST), the important antibiotic resistance gene *mecA*, and virulence genes were analyzed using whole genome sequencing. **Results** The overall resistance rate of the 224 foodborne *S. aureus* isolates to 12 classes of antimicrobials was 87.9% (197/224), with the highest resistance rate of 82.6% (185/224) to penicillin. The multi-drug resistance rate was 23.2% (52/224), with ST398 accounting for the highest percentage (26.9%, 14/52) of multi-drug resistant bacteria. The methicillin-resistant *S. aureus* detection rate was 8.0% (18/224). The overall carriage rate of staphylococcal enterotoxin genes was 52.2% (117/224), with *sea* having the highest carriage rate of 24.6% (55/224). The ST type of *S. aureus* carrying the most types of enterotoxin genes was ST1. A total of 31 ST types were detected in this study, among which ST7 (12.9%, 29/224) was the predominant ST of isolates, followed by ST398 (10.7%, 24/224). In addition, the carriage rates of toxic shock syndrome toxin coding gene

收稿日期: 2023-05-04

基金项目: 国家重点研发计划(2022YFF1103103); 国家食品安全风险评估中心高层次人才队伍建设项目(高层次20230308)

作者简介: 李辉 女 助理研究员 研究方向为食品微生物学 E-mail: lihui@cfsa.net.cn

通信作者: 白莉 女 研究员 研究方向为食品微生物学 E-mail: baili@cfsa.net.cn

(*tsst-I*) and leukocytocin encoding genes (*lukF-PV* and *lukS-PV*) were 6.3% (14/224) and 4.5% (10/224), respectively. **Conclusion** The high rate of antimicrobial resistance and enterotoxin genes carriage of foodborne *S. aureus* in China and the detection of virulence genes that play an important role in clinical infection suggest that the potential hazards of *S. aureus* in food should not be ignored. There is a high correlation between ST type and food type, antimicrobial susceptibility, and pathogenicity, which provides scientific data for further analysis of the epidemiological characteristics and risk prevention and control of foodborne *S. aureus* in China.

**Key words:** Foodborne; *Staphylococcus aureus*; antimicrobial resistance; virulence factor

金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*, *S. aureus*)产生的肠毒素(Staphylococcal enterotoxins, SEs)会导致食源性疾病,引发呕吐、腹泻、腹痛、头痛、肌肉痉挛等急性胃肠炎症状,潜伏期较短,约4.4 h,被世界卫生组织(World Health Organization, WHO)列为四大食源性致病菌之一。在美国,每年由金黄色葡萄球菌引起食源性疾病预计为24万例<sup>[1]</sup>;在我国,金黄色葡萄球菌是引发食源性疾病的第三大病原菌,2021年我国金黄色葡萄球菌及其毒素引发的食源性疾病占细菌性食物中毒事件的10.6%<sup>[2]</sup>,造成严重的疾病负担。金黄色葡萄球菌分泌的葡萄球菌肠毒素是导致食源性疾病的主要外毒素,目前已发现25种SEs及葡萄球菌肠毒素样毒素,均属于热原性毒素超抗原家族<sup>[3]</sup>,其中经典葡萄球菌肠毒素是导致食物中毒发生的常见类型。

此外,金黄色葡萄球菌是一种常见的条件致病菌,可在人体皮肤和呼吸道定植,大约30%的健康人群是金黄色葡萄球菌的携带者,金黄色葡萄球菌也是导致人类皮肤及软组织感染、心内膜炎、植入医疗设备相关感染甚至菌血症、脓毒症等全身感染的重要致病菌<sup>[4]</sup>。金黄色葡萄球菌能产生多种毒力因子如中毒性休克综合征毒素(Toxic shock syndrome toxin-1, TSST-1)、杀白细胞素(Panton-valentine leukocidin, PVL)等,对金黄色葡萄球菌的侵袭性感染有重要作用<sup>[5]</sup>。随着抗生素在临床治疗及养殖产业中的广泛使用,金黄色葡萄球菌在环境压力的选择下,耐药问题日益严重,特别在治疗由多重耐药(Multi-drug resistance, MDR)菌以及耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, MRSA)导致的临床感染中,抗生素的可选范围受到了极大限制,这将导致更加严重的感染后果以及死亡率的上升,目前MRSA经食物链的传播风险已成为备受关注的世界性公共卫生问题<sup>[6]</sup>。

本研究对食品中分离的224株金黄色葡萄球菌进行耐药及遗传特征分析,探讨了我国食源性金黄色葡萄球菌的流行特征,这将为合理评估金黄色葡萄球菌导致的食物安全风险提供数据支撑。

## 1 材料和方法

### 1.1 菌株

实验用224株金黄色葡萄球菌均来自2020年国家食品污染物监测网,分离自全国24省(自治区、直辖市)的食品样品。样品种类包括生肉、熟肉制品、餐饮食品、现制饮品、糕点、乳与乳制品、藻类和调味品。药物敏感性试验中使用的质控菌株为金黄色葡萄球菌标准菌株ATCC29213。

### 1.2 主要仪器与试剂

Pall-Cascade 纯水仪(美国颇尔公司);HVA-85 高压蒸汽灭菌锅(日本平山制作所);Esco class II BSC 二级生物安全柜(新加坡艺思高科技有限公司);IKA MS3 涡旋仪(德国IKA集团);Incucell 隔水式恒温培养箱(德国MMM集团);MK-10 干式加热型恒温器(杭州奥盛仪器有限公司);Sigma1-14 小型离心机(德国Sigma公司);NanoDrop-2000 微量分光光度计(美国赛默飞世尔科技公司)。

脑心浸液琼脂培养基(Brain heart infusion agar, BHIA)、脑心浸液肉汤培养基(Brain heart infusion broth, BHI)(北京陆桥技术股份有限公司);金黄色葡萄球菌药敏测试板(上海星佰生物技术有限公司);细菌DNA提取试剂盒(美国Omega公司)。

### 1.3 实验方法

#### 1.3.1 菌株活化

根据国标GB 4789.10—2016对224株菌进行复核鉴定,鉴定无误菌株使用20%甘油管-80℃冻存。菌株活化时,取出冻存保菌管,待融化后接种环蘸取菌液接种于BHIA上,(36±1)℃培养18~24 h进行复苏,挑取单菌落再次接种BHIA,相同条件下进行二次活化,活化菌株用于后续实验。

#### 1.3.2 药物敏感性试验

参照美国临床和实验标准委员会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)推荐的微量肉汤稀释法对菌株进行药物敏感性试验,共检测菌株对12类(13种)抗菌药物的耐药性。抗菌药物包括:头孢西丁(Cefoxitin, CFX)、苯唑西林(Oxacillin, OXA)、青霉素(Penicillin, PEN)、四环素(Tetracycline, TET)、红霉素(Erythromycin, ERY)、克林霉素(Clindamycin,

CLI)、氯霉素(Chloramphenicol, CHL)、环丙沙星(Ciprofloxacin, CIP)、庆大霉素(Gentamicin, GEN)、复方新诺明(Trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、利奈唑胺(Linezolid, LZD)、达托霉素(Daptomycin, DAP)和万古霉素(Vancomycin, VAN)。药敏试验的结果判读参照 CLSI M100 ED29—2019。

### 1.3.3 核酸提取与全基因组测序

挑取单菌落接种于 BHI 肉汤培养基, (36±1) °C 培养 18~24 h, 涡旋混匀并吸取菌悬液 1 mL 于 1.5 mL 离心管中, 4 000×g 离心 10 min 弃上清并保留沉淀并加入 1 mL 无菌生理盐水重悬菌体, 4 000×g 离心 10 min, 弃上清保留管底菌体, 参照细菌 DNA 提取试剂盒说明书完成后续操作。使用 Nanodrop 微量分光光度计对提取 DNA 的浓度及质量进行质控检测。检测合格后送样至上海美吉生物医药科技有限公司进行细菌全基因组测序(Whole genome sequencing, WGS), 测序平台为 Illumina NovaSeq6000, 测序深度大于 100×, 使用 Trimmomatic v0.39 去除下机数据接头及低质量碱基序列; 使用 fastp version 0.20.0 对原始数据进行质量剪切, 去除低质量 reads, 使用软件 SOAPdenovo2 进行序列拼接得到最优结果, 并使用 QUAST v4.5 进行评估。基因组的完整性和是否存在污染通过 checkM v1.1.6 进行评估, 选择完整性>98%, 无污染的数据并使用 Prokka v1.14.5 对基因组进行注释。

### 1.3.4 多位点序列分型

多位点序列分型(Multilocus sequence typing, MLST)是将获得的基因序列上传至金黄色葡萄球菌多位点序列分析平台 pubMLST(<https://pubmlst.org/organisms/staphylococcus-aureus>)分析, 根据 7 个管家基因(*arcC*、*aroE*、*glpF*、*gmk*、*pta*、*tpi*、*yqiL*)编号获得对应 ST 型别。

### 1.3.5 MRSA 菌株检测

金黄色葡萄球菌的甲氧西林耐药性主要由 *mecA* 基因(编码 PBP2a)或 *mecC* 基因(编码 PBP2c)介导, 将基因序列与数据库 ResFinder v2.1 进行比对, 检测上述基因。此外, 可根据 CLSI 中推荐的通过检测菌株对 β 内酰胺类抗生素头孢西丁和苯唑西林的耐药情况对 MRSA 菌株进行判断。

### 1.3.6 毒力基因检测

将基因序列与毒力因子数据库(Virulence factor database, VFDB)中毒力基因比对, 检测菌株 DNA 中的毒力基因, 基因的覆盖率和相似度均设为 80% 以上。

## 2 结果

### 2.1 耐药特征

224 株食源性金黄色葡萄球菌对 13 种抗菌药物的药物敏感性试验结果显示, 有 197 株至少对 1 种抗菌药物耐药, 只有 27 株对所有抗菌药物均表现为敏感, 总耐药率为 87.9%(197/224)。其中, 菌株对青霉素的耐药率最高为 82.6%(185/224), 对红霉素、四环素、克林霉素及环丙沙星的耐药率依次为 38.8%(87/224)、17.0%(38/224)、15.2%(34/224)及 11.6%(26/224)。对苯唑西林、头孢西丁、庆大霉素、氯霉素、复方新诺明的耐药率均在 10.0% 以内, 没有检测到对利奈唑胺、达托霉素、万古霉素耐药的菌株。此外, 23.2%(52/224)的菌株存在红霉素诱导的克林霉素耐药, 详见图 1。

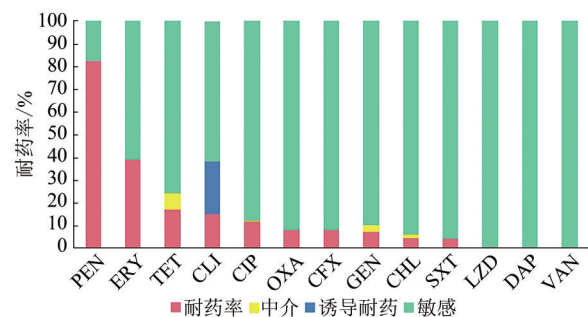


图 1 224 株金黄色葡萄球菌对 13 种抗菌药物的耐药率  
Figure 1 Resistance rate of 224 *S. aureus* isolates to 13 kinds of antimicrobials

在 197 株耐药菌株中, 共检测到 29 种耐药谱, 其中仅耐受 1 类抗菌药物的菌株最多占 44.2%(99/224), 耐受 2 类、3 类、4 类及 5 类及以上药物的菌株分别占 20.5%(46/224)、8.9%(20/224)、6.7%(15/224)及 7.6%(17/224)。耐受 3 类或以上抗菌药物的 MDR 菌株占总数的 23.2%(52/224), 且 MDR 在生肉中的检出率较高为 31.6%, 其中检出率最高的食品类别主要有生牛肉、肉酱、生猪肉及内脏和生鸭肉, 且来自于生肉的菌株耐受 5 类及以上抗菌药物的比例更高, 为 19.7%(15/76)。有 3 株菌最高能耐受 8 类抗菌药物, 耐药谱分别为 PEN-ERY-CLI-CIP-SXT-TET-CHL-GEN (2 株) 和 PEN-OXA-ERY-CLI-CIP-SXT-TET-GEN-CFX (1 株), 样品类别依次为生鸭肉、草莓西米露和生鸡肉。

### 2.2 MLST 分子分型特征

对 224 株菌进行 MLST 分子分型, 结果显示共有 31 个 ST 型, 其中 ST7 最多(12.9%, 29/224), 其次为 ST398(10.7%, 24/224), ST1、ST188、ST5、ST6 均占 7.1%(16/224), 之后依次为 ST15、ST2990、

ST88、ST22、ST25、ST965、ST1281、ST2114、ST464、ST59、ST45、ST522、ST12、ST573、ST72、ST9、ST97、ST121、ST243、ST4562、ST508、ST630、ST758、ST944和ST950。生肉中金黄色葡萄球菌的主要ST型为ST398(23.7%, 18/76)和ST7(17.1%, 13/76),而即食食品中金黄色葡萄球菌的主要ST型则为ST188和ST7(10.8%, 16/148)。52株MDR中ST398型占比最高为26.9%(14/52),耐受5类及以上抗菌药物菌株中ST398型占76.5%(13/17),之后是ST9(11.8%, 2/17)、ST5和ST25(5.9%, 1/17)。

2.3 MRSA污染情况

根据耐药表型和全基因组序列分析 *mecA* 基因携带情况综合判定,两种方法判定结果一致,即共有18株为MRSA菌株,检出率为8.0%(18/224)。从食品类别来看,MRSA菌株主要来自即食食品/饮品,检出率为11.5%(17/148),检出率较高的食品类别依次为藻类(30.0%, 3/10)、糕点(19.0%, 4/21)、现制饮品(12.5%, 6/48)等。其中,MRSA菌株的主要ST型为ST1(22.2%, 4/18)、ST59(16.7%, 3/18)和ST398(11.1%, 2/18)。有2株MRSA能耐受7类及以上类的抗菌药物,分别为ST9和ST398型,分离自鸡肉和现制饮品。

2.4 毒力基因携带特征

根据VFDB毒力因子数据库的基因注释结果,共检测到8种肠毒素基因,分别为 *sea*、*seb*、*sec*、*sed*、*seh*、*selk*、*sell* 和 *selq*。携带至少1种肠毒素基因菌株占比为52.2%(117/224),其中 *sea* 的携带率最高为24.6%(55/224),其余依次为 *sec* 和 *sell*

(16.1%, 36/224)、*selk* 和 *selq*(9.4%, 21/224)、*seb*(8.5%, 19/224)、*seh*(7.6%, 17/224)、*sed*(4.0%, 9/224)。共检测到肠毒素基因谱18种(表1),其中只携带 *sea* 肠毒素基因的菌株最多,占19.6%(44/224),其次为携带 *sec-sell* 肠毒素基因的菌株占9.8%(22/224)及只携带 *seb* 肠毒素基因的菌株占5.4%(12/224);所有 *sec* 均和 *sell* 同时出现,所有 *selk* 均和 *selq* 同时出现;可最多携带6种肠毒素基因的菌株有4株(1.8%),肠毒素基因谱为 *sea-sec-seh-selk-sell-selq*。

MRSA菌株中肠毒素基因的携带率为61.1%(11/18),MDR菌株中肠毒素基因携带率为53.8%(28/52)均与整体携带率52.2%接近。携带肠毒素基因的菌株中以ST7(19.7%, 23/117)、ST1(13.7%, 16/117)、ST5(10.3%, 12/117)、ST6(9.4%, 11/117)较多,其中16株ST1型金黄色葡萄球菌均携带肠毒素基因,且携带肠毒素种类最多,同时携带5种及以上肠毒素基因的菌株均属于ST1型,肠毒素基因谱与ST型关系详见表1。

此外,中毒性休克综合征毒素TSST-1的编码基因 *tsst-1* 的携带率为6.3%(14/224);杀白细胞素PVL由两个亚单位组成,编码基因分别为 *lukF-PV* 和 *lukS-PV*,同时携带上述两个基因的菌株占4.5%(10/224)。携带 *tsst-1* 基因的菌株以ST7(28.6%, 4/14)、ST1和ST522(均21.4%, 3/14)为主,其中有的3株ST1型菌株既是MRSA又是MDR,携带 *tsst-1* 和5种肠毒素基因(*sec-seh-selk-sell-selq*)。同时携带 *lukF-PV* 和 *lukS-PV* 基因的菌株则主要为ST22型

表1 18种金黄色葡萄球菌肠毒素基因谱

Table 1 18 staphylococcal enterotoxin gene profiles of *S. aureus* isolates

序号	携带肠毒素基因数	肠毒素基因谱	ST型	菌株数	占比/%
1	6	<i>sea-sec-seh-selk-sell-selq</i>	ST1	4	1.8
2	5	<i>sea-seb-seh-selk-selq</i>	ST1	1	0.4
3	5	<i>sec-seh-selk-sell-selq</i>	ST1	3	1.3
4	4	<i>sea-seb-selk-selq</i>	ST59	1	0.4
5	4	<i>sec-selk-sell-selq</i>	ST508	1	0.4
6	3	<i>sea-sec-sell</i>	ST7	4	1.8
7	3	<i>seb-selk-selq</i>	ST59	3	1.3
8	3	<i>sec-sed-sell</i>	ST5	1	0.4
9	3	<i>sec-seh-sell</i>	ST1	1	0.4
10	3	<i>seh-selk-selq</i>	ST1	4	1.8
11	2	<i>sea-sed</i>	N/A	1	0.4
12	2	<i>seb-seh</i>	ST1	2	0.9
13	2	<i>sec-sell</i>	ST2990、ST522、ST12、ST188、ST45、ST573、ST5、ST72	22	9.8
14	2	<i>selk-selq</i>	ST464	4	1.8
15	1	<i>sea</i>	ST7、ST6、ST88、ST5、N/A	44	19.6
16	1	<i>seb</i>	ST25、ST15、ST188、N/A	12	5.4
17	1	<i>sed</i>	ST5	7	3.1
18	1	<i>seh</i>	ST1	2	0.9
19	0	—	ST398、ST188、ST15、ST22、ST7、ST965、ST1281、ST6、ST2114、ST5、ST25、ST9、ST97、ST121、ST243、ST45、ST4562、ST630、ST72、ST758、ST88、ST950、N/A	107	47.8

(40.0%,4/10)。

### 3 讨论

2017年WHO将金黄色葡萄球菌列入对人类健康构成重大威胁细菌,属于最优先关注等级的ESKAPE(屎肠球菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌和肠杆菌属细菌)之一,这是一类与严重感染相关且耐药情况严重的细菌<sup>[7-8]</sup>。食品可能是导致金黄色葡萄球菌在医院、社区与动物中传播的潜在重要载体,因此食源性金黄色葡萄球菌的耐药性需要受到高度关注。本研究中,我国24个省份的生肉及多种即食食品中分离的金黄色葡萄球菌的耐药整体耐药率为87.9%,低于2017年报道的我国食源性金黄色葡萄球菌耐药率96.5%<sup>[9]</sup>,这可能与采集样品的种类差异有关。在本研究中未包含2017年分离株耐药率较高的食品类别如米面制品、中式凉拌菜等,而采集的寿司等样品中分离株的耐药率则较低为75.0%,使整体耐药率低于以往报道。对青霉素的耐药率最高为82.6%,与国内外文献报道基本一致<sup>[10-11]</sup>,食品来源菌株青霉素耐药率低于临床分离株(>92%)<sup>[12-13]</sup>。本研究中MDR的检出率为23.2%,略低于2017年食品中MDR检出率30.2%<sup>[9]</sup>,远低于肉及肉制品中的检出率94.6%<sup>[14]</sup>,与研究中发现自生肉类食品中MDR的检出率更高的结果一致,这可能与养殖业中抗菌药物的大量使用有关,有报道称猪场禁用促生长抗菌药物后,菌群多重耐药率显著下降<sup>[15]</sup>。耐受5类及以上抗菌药物菌株中ST398型占绝对优势(76.5%),其次是ST9、ST5和ST25。ST398最初在2003年发现于荷兰的格罗宁根<sup>[16]</sup>,短短十几年已成为全球最主要的家畜养殖相关ST型之一,并不断在社区和医院中传播,有报道称ST398菌株正朝着增强毒力和抗菌药物耐药性的方向发展<sup>[17]</sup>。文献报道猪源金黄色葡萄球菌ST型中ST398在欧洲和北美占主导,ST9则是亚洲地区主要序列型<sup>[18]</sup>,但是本研究中猪肉及内脏中分离的金黄色葡萄球菌以ST398为主,而我国猪肉进口来源以欧盟、美国、巴西等地区为主,二者是否存在一定关系仍需进一步研究和持续关注。

目前已发现20余种肠毒素及肠毒素样毒素,其中经典肠毒素仍是导致葡萄球菌食物中毒的主要类型<sup>[19]</sup>,而葡萄球菌肠毒素蛋白SEA(编码基因*sea*)被认为是全球葡萄球菌食物中毒中最常见的肠毒素<sup>[20]</sup>。本研究中,肠毒素基因的携带率为52.2%,其中*sea*的携带率最高(24.6%),与相关报道接近<sup>[21-22]</sup>。携带肠毒素基因的菌株中ST7、ST1、

ST5、ST6较多,其中ST7和ST6是携带*sea*的主要ST型,据报道ST7和ST6型金黄色葡萄球菌曾引发多起食物中毒<sup>[23-24]</sup>。杀白细胞素PVL是金黄色葡萄球菌产生的一种成孔蛋白,通过诱导细胞凋亡对人体组织造成广泛性损伤,使金黄色葡萄球菌具有更强的侵袭性和毒力<sup>[25]</sup>。PVL由*lukF-PV*和*lukS-PV*两个基因共同编码,本研究中*lukF-lukS*阳性菌株主要为ST22型(40.0%),而ST22是医院皮肤软组织感染分离株的最常见序列型<sup>[26]</sup>。中毒性休克综合征(Toxic Shock Syndrome, TSS)是一种由金黄色葡萄球菌等细菌感染引起的潜在致命疾病,TSST-1是该疾病的主要致病因子,由基因*tsst-I*编码<sup>[27]</sup>。本研究中携带*tsst-I*基因的14株金黄色葡萄球菌中,有3株为MRSA,一旦发生感染,临床用药将受到极大限制。

综上,通过对我国24省(直辖市/自治区)食源性金黄色葡萄球菌的耐药性、毒力因子以及分子分型的检测分析,为更好地了解我国食品中金黄色葡萄球菌流行特征并制定相应的监测和防控策略提供科学的数据支撑。

### 参考文献

- [1] SCALLAN E, HOEKSTRA R M, ANGULO F J, et al. Foodborne illness acquired in the United States—Major pathogens [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2011, 17(1): 7-15.
- [2] 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.
- [3] ETTER D, SCHELIN J, SCHUPPLER M, et al. Staphylococcal enterotoxin C—An update on SEC variants, their structure and properties, and their role in foodborne intoxications [J]. *Toxins*, 2020, 12(9): 584.
- [4] CHEUNG G Y C, BAE J S, OTTO M. Pathogenicity and virulence of *Staphylococcus aureus* [J]. *Virulence*, 2021, 12(1): 547-569.
- [5] AHMAD-MANSOUR N, LOUBET P, POUGET C, et al. *Staphylococcus aureus* toxins: An update on their pathogenic properties and potential treatments [J]. *Toxins*, 2021, 13(10): 677.
- [6] VESTERGAARD M, FREES D, INGMER H. Antibiotic resistance and the MRSA problem [J]. *Microbiology Spectrum*, 2019, 7(2): 7.2.18.
- [7] MANCUSO G, MIDIRI A, GERACE E, et al. Bacterial antibiotic resistance: The most critical pathogens [J]. *Pathogens*, 2021, 10(10): 1310.
- [8] HU Y J, ANES J, DEVINEAU S, et al. *Klebsiella pneumoniae*: Prevalence, reservoirs, antimicrobial resistance, pathogenicity, and infection: A hitherto unrecognized zoonotic bacterium [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2021, 18(2): 63-84.

- [9] 李孟寒, 李莹, 闫琳, 等. 中国食源性金黄色葡萄球菌耐药及肠毒素特征[J]. 中国公共卫生, 2019, 35(5): 574-578.  
LI M H, LI Y, YAN L, et al. Antimicrobial resistance and enterotoxigenicity characteristics of foodborne *Staphylococcus aureus* isolates in China [J]. Chinese Journal of Public Health, 2019, 35(5): 574-578.
- [10] 周勇, 吴新伟, 胡玉山, 等. 2009—2018年广州市即食食品中金黄色葡萄球菌污染情况和菌型特征[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(4): 444-450.  
ZHOU Y, WU X W, HU Y S, et al. Contamination status and characteristics of *Staphylococcus aureus* in ready-to-eat foods in Guangzhou from 2009 to 2018 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(4): 444-450.
- [11] MEKHLLOUFI O A, CHIEFFI D, HAMMOUDI A, et al. Prevalence, enterotoxigenic potential and antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from Algerian ready to eat foods [J]. Toxins, 2021, 13(12): 835.
- [12] 孙珊珊, 常艳军, 李婷. 金黄色葡萄球菌 1 326 株的检出分布及耐药性分析[J]. 基层医学论坛, 2022, 26(35): 55-57.  
SUN S S, CHANG Y J, LI T. Distribution and drug resistance analysis of 1 326 strains of *Staphylococcus aureus* [J]. The Medical Forum, 2022, 26(35): 55-57.
- [13] MONCAYO J I, LULIGO ESPINAL J S, SANTACRUZ IBARRA J J, et al. Relationship between super antigenicity, antimicrobial resistance and origin of *Staphylococcus aureus* isolated [J]. Colombiana Medica, 2016, 47(1): 15-20.
- [14] WU S, HUANG J H, WU Q P, et al. *Staphylococcus aureus* isolated from retail meat and meat products in China: Incidence, antibiotic resistance and genetic diversity [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2767.
- [15] 侯金江, 孙兴滨, 高浩泽, 等. 促生长抗生素禁用后养猪场多重耐药菌群及耐药特征变化[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(3): 682-691.  
HOU J J, SUN X B, GAO H Z, et al. Changes in a multidrug-resistant bacterial community and its antibiotic resistance characteristics in pig farms after the ban on antibiotic growth promoters [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2023, 42(3): 682-691.
- [16] HUIJSDENS X W, VAN DIJKE B J, SPALBURG E, et al. Community-acquired MRSA and pig-farming [J]. Annals of Clinical Microbiology & Antimicrobials, 2006, 5(1): 1-4.
- [17] LAUMAY F, BENCHETRIT H, CORVAGLIA A R, et al. The *Staphylococcus aureus* CC398 lineage: An evolution driven by the acquisition of prophages and other mobile genetic elements [J]. Genes, 2021, 12(11): 1752.
- [18] ASAI T, HIKI M, BABA K, et al. Presence of *Staphylococcus aureus* ST398 and ST9 in swine in Japan [J]. Japanese Journal of Infectious Diseases, 2012, 65(6): 551-552.
- [19] CHEN D, SONG Q F, XU Z J, et al. Characterization of enterotoxin A-producing *Staphylococcus aureus* [J]. Infection and Drug Resistance, 2018, 11: 531-538.
- [20] 李光辉, 郭卫芸, 高雪丽, 等. 2003年~2015年金黄色葡萄球菌食物中毒事件特征分析[J]. 食品研究与开发, 2018, 39(6): 200-203.  
LI G H, GUO W Y, GAO X L, et al. Epidemiological analysis of *Staphylococcus aureus* food poisoning events in China during 2003-2015 [J]. Food Research and Development, 2018, 39(6): 200-203.
- [21] 李辉, 包轶伦, 田蕙珺, 等. 现制饮品中金黄色葡萄球菌耐药及遗传特征研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(12): 3916-3922.  
LI H, BAO Y L, TIAN H J, et al. Study on antimicrobial resistance phenotype and genotype characterization of *Staphylococcus aureus* from freshly prepared beverages [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2022, 13(12): 3916-3922.
- [22] 王琦, 郝民, 王恒伟, 等. 2009—2020年北京市朝阳区 113 株食源性金黄色葡萄球菌耐甲氧西林和肠毒素/类肠毒素基因携带与分子分型分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(5): 1670-1677.  
WANG Q, HAO M, WANG H W, et al. Diversity of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and enterotoxins/enterotoxin-like and molecular typing of 113 strains *Staphylococcus aureus* from foodborne in Chaoyang district of Beijing from 2009 to 2020 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2022, 13(5): 1670-1677.
- [23] 周勇, 何颖意, 王丰伟, 等. 食物中毒来源金黄色葡萄球菌 ST6 和 ST7 菌株分子特征研究 [J]. 中华预防医学杂志, 2022, 56(2): 178-184.  
ZHOU Y, HE Y Y, WANG F W, et al. Molecular characterization of *Staphylococcus aureus* ST6 and ST7 isolates from food-borne illness outbreaks [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2022, 56(2): 178-184.
- [24] CHEN Q, XIE S M. Genotypes, enterotoxin gene profiles, and antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus* associated with foodborne outbreaks in Hangzhou, China [J]. Toxins, 2019, 11(6): 307.
- [25] BALAKIRSKI G, HISCHEBETH G, ALTENGARTEN J, et al. Recurrent mucocutaneous infections caused by PVL-positive *Staphylococcus aureus* strains: A challenge in clinical practice [J]. JDDG: Journal Der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft, 2020, 18(4): 315-322.
- [26] XIAO N, YANG J H, DUAN N, et al. Community-associated *Staphylococcus aureus* PVL<sup>+</sup> ST22 predominates in skin and soft tissue infections in Beijing, China [J]. Infection and Drug Resistance, 2019, 12: 2495-2503.
- [27] 董秀慧, 范玉, 张树元, 等. 皮肤软组织感染分离的甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌 T SS T-1 基因及耐药性 [J]. 中华医院感染学杂志, 2020, 30(16): 2498-2501.  
DONG X H, FAN Y, ZHANG S Y, et al. TSST-1 gene in methicillin-sensitive *Staphylococcus aureus* isolated from patients with skin and soft tissue infection and drug resistance [J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2020, 30(16): 2498-2501.