

不同来源副溶血性弧菌耐药情况比较

牛丽¹, 巴永兵¹, 白凤佳¹, 刘海泉^{1,2,3,4}, 潘迎捷^{1,2,3}, 赵勇^{*1,2,3}

(1. 上海海洋大学 食品学院, 上海 201306; 2. 上海水产品加工及贮藏工程技术研究中心, 上海 201306; 3. 农业部水产品贮藏保鲜质量安全风险评估实验室(上海), 上海 201306; 4. 上海海洋大学 食品热加工工程技术研究中心, 上海 201306)

摘要: 为了比较不同来源以及不同致病性副溶血性弧菌耐药性差异, 通过改良 K-B 纸片法对 44 株副溶血性弧菌进行抗生素耐药性检测, 应用 PCR 技术对其耐药基因 (Antibiotic resistance genes, ARGs) 进行检测。结果表明: 从海水虾和淡水虾分离的副溶血性弧菌菌株的耐药表型无明显差异, 其耐药率分别为 100% 和 95.5%; 但是致病性菌株多重耐药性高达 73.7%, 显著高于非致病性菌株 (其为 16%); 不同来源以及不同致病性菌株所含耐药基因种类和数量并无显著差异。本研究为副溶血性弧菌耐药多样性普查提供基础数据, 并对进一步研究耐药菌风险评估提供相关的帮助。

关键词: 副溶血性弧菌; 耐药性; 致病性; 菌株来源

中图分类号: TS 20 文章编号: 1673-1689(2019)12-0009-08 DOI: 10.3969/j.issn. 1673-1689.2019.12.002

Comparison of Antimicrobial Resistance of *Vibrio Parahaemolyticus* Isolated from Different Sources

NIU Li¹, BA Yongbing¹, BAI Fengjia¹, LIU Haiquan^{1,2,3,4}, PAN Yingjie^{1,2,3}, ZHAO Yong^{*1,2,3}

(1. College of Food Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Shanghai Engineering Research Center of Aquatic-Product Processing & Preservation, Shanghai 201306, China; 3. Laboratory of Quality & Safety Risk Assessment for Aquatic Product on Storage and Preservation (Shanghai), Ministry of Agriculture, Shanghai 201306, China; 4. Engineering Research Center of Food Thermal-Processing Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: In order to compare the differences in antimicrobial resistance between different sources and different pathogenic *Vibrio parahaemolyticus*, the antibiotic resistance of 44 *V. parahaemolyticus* strains was detected by modified K-B disk method, and antimicrobial resistance genes (ARGs) were detected by PCR. The results showed that there were no significant differences in antimicrobial resistance phenotype between seawater and freshwater shrimp isolates, and the antimicrobial resistant rates were 100% and 95.5% respectively; However, the multidrug resistance of pathogenic strains reached 73.7%, significantly higher than that of non-pathogenic strains (16%). The type and number

收稿日期: 2017-06-13

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(31671779); 国家重点研发计划项目(2018YFC1602205); 上海市科技兴农项目(沪农科推字 2017 第 4-4 号); 上海市教育委员会科研创新计划项目(2017-01-07-00-10-E00056)。

* 通信作者: 赵勇(1975—), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事食品安全与生物技术研究。E-mail: yzhao@shou.edu.cn

引用本文: 牛丽, 巴永兵, 白凤佳, 等. 不同来源副溶血性弧菌耐药情况比较研究[J]. 食品与生物技术学报, 2019, 38(12): 9-16.

of ARGs between different sources and different pathogenic strains also has no significant differences. This study provides the basic data for the drug resistance diversity of *V. parahaemolyticus*, and provides relevant help for further study of antimicrobial resistant bacteria risk assessment.

Keywords: *V. parahaemolyticus*, antimicrobial resistance, pathogenicity, source of strain

副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)是存在于鱼、虾、蟹和海藻中的嗜盐菌,也是重要的食源性致病细菌^[1-3],食用被该菌污染的水产品轻则呕吐、腹泻,重则引起急性胃肠炎和原发性败血症等疾病^[4]。我国食源性疾病预防网的数据显示,由微生物污染导致的食源性疾病预防事件中,副溶血性弧菌起主要原因,也是我国细菌中毒的重要原因^[5-7]。

抗生素的滥用导致微生物产生耐药性,微生物的耐药性已经成为全球范围内极其严重的公共卫生安全问题^[8]。由于抗生素廉价、可以快速治疗由食源性致病细菌引起的疾病,使得我国抗生素使用情况较为严重^[2]。研究表明,由于抗生素的使用不当,细菌对其耐药程度逐年增加^[9]。细菌耐药性指细菌对于抗生素药物作用的耐受程度,分为2种方式表达。一种是抗生素抗性表型:指抗菌药物本身的化学污染使细菌机体内对其产生耐药性;另一种是抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)型:指抗生素的滥用会对细菌产生选择性的压力,可能会导致机体体内出现 ARGs。ARGs 首次被 Pruden 等^[10]于 2006 年提出作为环境中的新型污染物。2011 年 4 月 7 日世界健康日,世界卫生组织强调微生物对抗生素产生耐药的重要性,呼吁积极采取措施应对微生物耐药性^[11]。

目前很少有人比较不同来源以及不同致病性的食源性细菌对药物的耐药情况,过去国内外有关于副溶血性弧菌(VP)以及其他食源性致病细菌耐药性研究,然而只聚焦在细菌耐药性普查,而对于菌株本身的属性(基因型、菌株来源)研究较少^[13-15]。本研究系统的通过 6 大类抗生素抗性表型和基因型普查来比较不同来源以及不同基因型副溶血性弧菌耐药性差异,为副溶血性弧菌耐药多样性研究提供基础数据,并对进一步研究耐药菌风险评估提供相关的帮助。

1 材料与方法

1.1 菌株的获得

菌株信息如表 1 所示,从上海市某水产品市场分离得到 44 株副溶血性弧菌,其中 22 株副溶血性弧菌由海水虾分离(南美白对虾分离(12 株),斑节虾分离(4 株),罗氏沼虾分离(4 株),白米虾分离(1 株),基围虾分离(1 株)得到,另外 22 株副溶血性弧菌分离自淡水虾(罗氏沼虾分离(12 株),日本沼虾(9 株),南美白对虾(1 株))。通过使用 PCR 检测其非致病基因 *tlh*、致病基因 *tdh* 和 *trh* (方法参照 Kaysner and DePaola(2001))^[15],有 19 株致病性副溶血性弧菌(含 *tlh*+*tdh*+*trh*-基因的 9 株,含 *tlh*+*tdh*-*trh*+10 株),25 株非致病性菌株(*tlh*+*tdh*-*trh*-)。

1.2 菌株耐药性检测方法

菌株抗生素抗性表型检测:使用改良后的 K-B 纸片扩散法^[6],从-80℃保存的体积分数 25%甘油管中吸取少量菌液划线至选择性培养基 TCBS (北京陆桥技术有限责任公司),37℃培养 16~18 h,挑单菌落接种至 10 mL 胰蛋白胨大豆肉汤 (3 g/dL NaCl, pH 8.0, 北京陆桥技术有限责任公司)进行活化,37℃、200 r/min 的摇床中培养 18 h。抗生素抗性表型检测质控菌为 *Escherichia coli* ATCC25922。参考之前本实验室已有的方法^[17],用棉拭子蘸取一定浓度的菌液均匀涂布到 MHA 平板上,等 MHA 平板晾干后,将一定浓度的药敏纸片(表 2)贴在上面,3 个平行,于 37℃培养箱中培养 16~18 h 后,根据美国临床实验室标准化协会(CLSI)规定^[16],测量菌株抑菌圈的直径(mm),判断菌株为耐药(resistant)、中介(intermediate)以及敏感(sensitive)3 种类型。

菌株耐药基因型监测:采用细菌基因组 DNA 提取试剂盒(天根生物(北京)有限公司产品)进行样品 DNA 的提取,用酶标仪(BioTek, Synergy 2) A_{260}/A_{280} 值检测 DNA 提取的纯度与浓度,结果 A_{260}/A_{280} 值在 1.8~2.0 之间,说明 DNA 纯度较高,可以用

表 1 副溶血性弧菌菌株信息

Table 1 Information of *Vibrio parahaemolyticus* strains

菌株编号	菌株来源	基因型			菌株编号	菌株来源	基因型		
		<i>tlh</i>	<i>tdh</i>	<i>trh</i>			<i>tlh</i>	<i>tdh</i>	<i>trh</i>
1	斑节对虾(海水)	+	-	-	25	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
2	日本沼虾(淡水)	+	+	-	26	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
3	基尾虾(海水)	+	-	-	27	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
4	日本沼虾(淡水)	+	-	-	28	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
5	日本沼虾(淡水)	+	-	-	29	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
6	日本沼虾(淡水)	+	-	-	30	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
7	罗氏沼虾(淡水)	+	-	-	31	南美白对虾(海水)	+	-	-
8	斑节对虾(海水)	+	-	-	32	罗氏沼虾(海水)	+	-	-
9	罗氏沼虾(淡水)	+	-	-	33	罗氏沼虾(淡水)	+	-	-
10	斑节对虾(海水)	+	-	-	34	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+
11	日本沼虾(淡水)	+	-	-	35	南美白对虾(淡水)	+	-	+
12	罗氏沼虾(海水)	+	-	-	36	南美白对虾(海水)	+	-	-
14	罗氏沼虾(海水)	+	-	-	37	南美白对虾(海水)	+	-	-
15	日本沼虾(淡水)	+	-	-	38	南美白对虾(海水)	+	-	-
16	罗氏沼虾(海水)	+	-	-	39	南美白对虾(海水)	+	-	-
17	日本沼虾(淡水)	+	-	-	40	南美白对虾(海水)	+	+	-
19	日本沼虾(淡水)	+	+	-	41	南美白对虾(海水)	+	+	-
20	日本沼虾(淡水)	+	-	-	42	南美白对虾(海水)	+	+	-
21	斑节对虾(海水)	+	-	+	43	南美白对虾(海水)	+	+	-
22	罗氏沼虾(淡水)	+	-	-	44	南美白对虾(海水)	+	+	-
23	白米虾(海水)	+	-	-	45	南美白对虾(海水)	+	+	-
24	罗氏沼虾(淡水)	+	-	+	46	南美白对虾(海水)	+	+	-

表 2 抗生素与抗性基因种类

Table 2 Antibiotics and resistance genes

抗生素抗性表型		抗生素抗性基因	
β-内酰胺类	氨苄西林(AMP)10 μg	β-内酰胺类	CARB
	美罗培南(MEM)10 μg		<i>mecA</i>
	头孢噻肟(CTX)30 μg		SHV
	头孢唑林(KZ)30 μg		<i>ampC</i>
	头孢西丁(FOX)30 μg		SHV-5
	亚胺培南(IPM)10 μg		
	阿莫西林-克拉维酸(AMC)30 μg		
	头孢他啶(CAZ)30 μg		
	哌拉西林(PRL)100 μg		
	环丙沙星(CIP)5 μg		
喹诺酮类	左氧氟沙星(LEV)5 μg	喹诺酮类	<i>qnrS</i> 、 <i>aac</i> (6'-Ib)- <i>cr</i> 、 <i>qnrA</i> 、 <i>gryA</i> 、 <i>qnrC</i> 、 <i>qnrD</i> 、 <i>parC</i> 、 <i>qnrB</i>
四环素类	四环素(TET)30 μg	四环素类	<i>tetA</i> 、 <i>tetK</i> 、 <i>tetQ</i> 、 <i>tetS</i> 、 <i>tetW</i> 、 <i>tetM</i> 、 <i>tetO</i> 、 <i>tetK</i> 、 <i>tetB</i>
氯霉素类 氨基糖苷类	氯霉素(CMP)30 μg	氯霉素类 氨基糖苷类	<i>catI</i> 、 <i>catIII</i> 、 <i>floR</i> 、 <i>catII</i> 、 <i>catIV</i>
	链霉素(S)10 μg		<i>strA</i> 、 <i>rmtB</i> 、 <i>strB</i> 、 <i>aph</i> (2'')-Ib、 <i>aadA</i> 、 <i>armA</i> 、 <i>aadE</i> 、 <i>aac</i> (6')-Ib、 <i>rmtB</i>
	庆大霉素(CN)10 μg		
	阿米卡星(AK)30 μg		
磺胺类	卡那霉素(K)30 μg	磺胺类	<i>sulI</i> 、 <i>sulIII</i> 、 <i>sulII</i> 、 <i>sulA</i>
	复方新诺明(SXT)25 μg		

于实验。抗生素抗性基因如表 2 所示,对这些目的基因进行扩增,其引物序列、反应体系、退火温度参考本实验室方法^[17],产物用普通凝胶电泳初步检测,并将样品送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序,经过 NCBI 官网 blast (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) 比对,同源性 97% 以上确认为目的片段。

1.3 多重耐药指数

多重耐药菌 (Multidrug antimicrobial resistant bacteria, MDR) 指菌株对 3 类或 3 类以上的抗菌药物同时呈现耐药性^[18-20]。多重耐药指标 (Multiple antimicrobial resistance index, MAR index) 于 1983 年被 Krumperman 首次提出,反映了抗生素污染程度及评估对人类健康存在的潜在威胁,当 MAR index 超过 0.2,表明可能所分离的菌株已经受到高风险的源头污染,从而导致对人体健康产生潜在的风险^[18]。

$$Y = \frac{A}{B} \quad (1)$$

式(1)中:Y 为多重耐药指数(MAR index);A 为菌株对其具有抗性的抗生素的数量;B 为菌株暴露抗生素的数量。

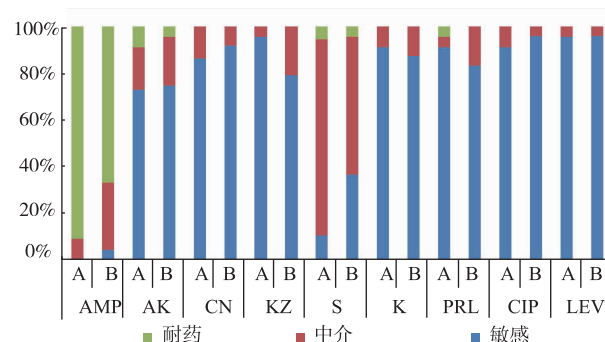
2 结果与分析

2.1 淡水虾来源 VP 与海水虾来源 VP 耐药情况比较

2.1.1 淡水虾与海水虾来源 VP 耐药表型多样性比较 44 株副溶血性弧菌耐药表型如图 1 所示:菌株对 9 种抗生素抗性表现为耐药,占所检测抗生素的一半。其中,对氨苄西林有极高的耐药性,耐药率在 97.8%,对氨基糖苷类抗生素中链霉素表现耐药(11.36%),中介(70.45%),相比较卡那霉素、阿米卡星、庆大霉素抗生素检出率较高,和新的一线抗菌药物如喹诺酮类和广谱头孢菌素类抗菌药物比较,少数副溶血弧菌菌株对这些抗生素已经表现出耐药^[21-22],在此次研究中只有少量分离菌株对左氧氟沙星、环丙沙星表现中介,而对于头孢他啶、头孢噻肟没有抗性,与 Y.Jiang^[22]研究一致。

海水虾分离的菌株至少对一种抗生素(氨苄西林)表现为抗性,而 22 株淡水虾分离的菌株对抗生素检出率为 95.5%,其中 VP25 对氨苄西林抗生素抗性表现为敏感。13.6%的海水分离菌株对庆大霉素耐药,相比较 8.3%的淡水来源的菌株对庆大霉素

耐药比例较高;海水虾分离株对阿米卡星、环丙沙星、左氧氟沙星耐药性高于淡水虾分离株;但是,对于链霉素、头孢唑林耐药率较高为淡水分离菌株,耐药率分别为 41.7%、20.8%,同时对哌拉西林、卡那霉素耐药率,淡水分离菌株多于海水分离菌株。经 spss19.0 分析,淡水和海水虾中分离的菌株对耐药表型差异不显著($p>0.05$)。



A: 海水虾分离菌株; B: 淡水虾分离菌株

图 1 淡水与海水虾来源 VP 耐药表型结果

Fig. 1 Results of antimicrobial resistance phenotype of *Vibrio parahaemolyticus* isolates from freshwater and seawater shrimp

2.1.2 淡水虾与海水虾来源 VP 耐药基因型比较

本研究使用 PCR 方法检测 22 株淡水虾和 22 株海水虾分离副溶血性弧菌 ARGs 检出率。结果图 2 所示,38 种 ARGs 其中 8 种 (*strA*, *floR*, *strB*, *suII*, *tetB*, *suI*, *gryA*, *aadA*) 被检出,其中无 β -内酰胺类 ARGs 检出,本结果与姜阳^[7]、Yutaka Y^[24]、Letchumanan V^[25]研究一致,其在探究副溶血性弧菌 ARGs 存在时, β -内酰胺类 ARGs 未被检出。与之相反,香港水产品分离的副溶血性弧菌中,93%的菌株检测含有超光谱 β -内酰胺酶, Yutaka Y. 发现虾池中分离的霍乱检测出 CARB,可能与地区差异有关^[21,24]。淡水虾和海水虾分离的菌株均检出氨基糖苷类(*strB*, *aadA*)、喹诺酮类(*gryA*)、四环素类(*tetB*)、磺胺类(*suI*, *suIII*)、氯霉素类(*floR*)ARGs,其中 *suI*, *gryA*, *aadA* 阳性率 100%。淡水虾分离的菌株中,*strA* 抗性基因仅在淡水来源分离的 VP5、VP7 中检出,其中 VP5 携带 8 种抗性基因,是携带 ARGs 最多的菌株,海水虾分离的菌株携带的 ARGs 最多为 7 种。由此可见,淡水虾分离出的菌 ARGs 数量和检出率较高,整体上不同来源虾分离的副溶血性弧菌 ARGs 种类和数量没有显著差异($p>0.05$),与上述抗生素抗性

表型结果一致。

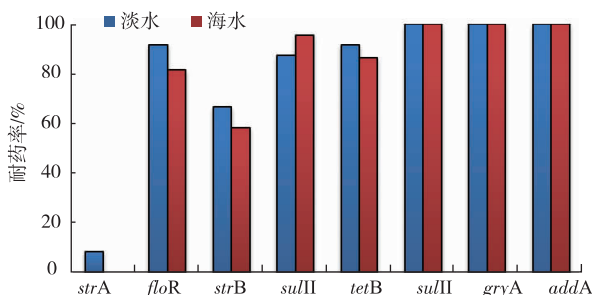


图2 淡水和海水虾分离的VP耐药基因型

Fig. 2 Results of antimicrobial resistance genes of *Vibrio parahaemolyticus* isolates from freshwater and seawater

2.2 非致病VP与致病性VP耐药情况比较

2.2.1 非致病VP与致病性VP耐药表型多样性比较

19株致病性副溶血性弧菌(含 $tlh+/tdh+/trh-$ 基因的9株,含 $tlh+/tdh-/trh+$ 10株),25株非致病性($tlh+/tdh-/trh-$)菌株。图3(a)可以看出致病性细菌部分对4种抗生素(氨苄西林、链霉素、阿米卡星、哌拉西林)耐药,而非致病性菌株部分对氨苄西林、链霉素、阿米卡星耐药,图3(a)和表3发现多重耐药菌中致病性菌株占70.4%,32%非致病性菌株为多重耐药菌株,由此可见携带TDH和TRH菌株多重耐药现象严重。图3(b)中用改良K-B纸片法^[6]对18种抗生素进行检测,其中对9种抗生素表现为耐药,携带 $tlh+/tdh-/trh-$ 菌株对所检出抗生素种类多,耐药率总体上相比较略低;携带 $tlh+/tdh+/trh-$ 基因的菌株对氨苄西林(100%)、阿米卡星(44%)、庆大霉素(22.2%)、哌拉西林(22.2%)耐药率较高;携带 $tlh+/tdh-/trh+$ 的菌株在链霉素体现出优势菌株,耐药率达到90%。总之,对于抗生素的耐药性,携带 $tlh+/tdh+/trh-$ 基因的菌株耐药率略高。

2.2.2 非致病VP与致病性VP耐药基因型多样性比较

所检测的44株副溶血性弧菌均有检出氨基糖苷类($strB$ 、 $aadA$)、四环素类($tetB$)、喹诺酮类($gryA$)、氯霉素类($floR$)、磺胺类($sulI$ 、 $sulII$)抗生素抗性基因,与不同来源菌株结果相一致, $strA$ 抗生素抗性基因仅在非致病性副溶血性弧菌检出,致病性副溶血性弧菌 $strB$ 抗生素抗性基因耐药率明显高于非致病菌株,但是通过spss19.0分析,不同基因型副溶血性弧菌ARGs检出没有显著差异($p>0.05$)。

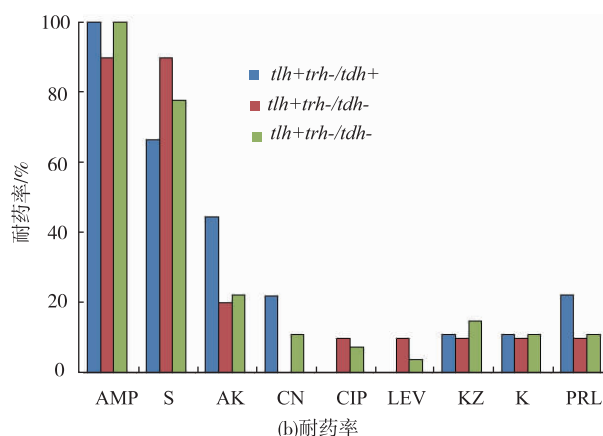
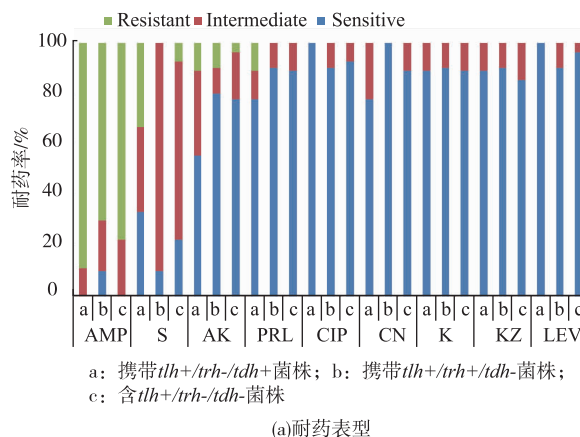


图3 不同基因型副溶血性弧菌耐药表型分析

Fig. 3 Analysis of antibiotic resistant phenotypes of different genotype of *Vibrio parahaemolyticus*

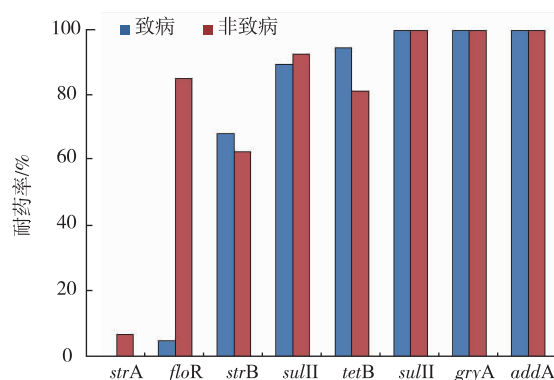


图4 不同致病性副溶血性弧菌抗生素抗性基因分析

Fig. 4 Results of antimicrobial resistance genes of different genotype of *Vibrio parahaemolyticus*

2.3 多重耐药性分析

多重耐药菌(Multidrug antimicrobial resistant bacteria, MDRO)指菌株对3类或3类以上的抗菌药物同时呈现耐药的细菌^[18-20]。淡水分离株最多对7

种抗菌药物耐药,而海水分离株最多对 6 种抗菌药物表现为耐药,可以得出不同虾类分离的副溶血性弧菌其耐药性没有显著差异,但是致病性菌株多重耐药性高达 73.7%显著高于非致病性菌株 16%(表 3)。超过 (39.1%) 副溶血性弧菌为多重耐药菌株, Jiang Y^[23]在海参中分离的弧菌中 56.2%为多重耐药菌株, Jun JW^[26]在韩国不同水产品中分离的副溶血

性弧菌均表现多重耐药情况,说明本研究从虾中分离的菌株对抗生素的耐药程度不是很严重,但是还应合理使用抗生素。副溶血性弧菌多重耐药菌株的出现对治疗其引起的疾病带来严重的临床问题,并对公共健康和海洋生物生态多样性产生严重的威胁。根据以上结果,副溶血性弧菌多重耐药情况应该引起重视。

表 3 副溶血性弧菌耐药表型、多重耐药 (Multiple antimicrobial resistance, MAR) MAR index、耐药基因型比较研究
Table 3 Compare phenotype, multiple antimicrobial resistance (MAR) index and genotype of *Vibrio parahaemolyticus* isolates

耐药表型	出现次数	多重耐药指数	耐药基因型
AK,CIP,S,K,PRL,KZ, AMP	1	0.39	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
AK,S,CN,K,PRL,KZ,AMP	2	0.39	<i>strB, tetB(2), aadA(2), gryA(2), floR(2), sulI(2), sulII(2), strA</i>
AK,S,K,PRL,KZ,AMP	1	0.33	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
AK,S,CN,K,AMP	2	0.27	<i>strB, tetB(2), aadA(2), gryA(2), floR(2), sulI(2), sulII(2)</i>
AK,S,KZ,AMP	1	0.22	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
CIP,LEV,S,AMP	2	0.22	<i>strB, tetB(2), aadA(2), gryA(2), floR(2), sulI(2), sulII</i>
AK,S,K,AMP	1	0.22	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
S,CN,K,AMP	1	0.22	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
S,K,PRL,AMP	1	0.22	<i>strB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
PRL,KZ,AMP	1	0.17	<i>tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
AK,S,AMP	4	0.17	<i>strB(3), tetB(4), aadA(4), gryA(4), floR(3), sulI(4), sulII(4), qnrA(2)</i>
S,K,AMP	1	0.17	<i>strB, tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>
S,AMP	19	0.11	<i>strB(12), tetB(17), aadA(19), gryA(19), floR(17), sulI(19), sulII(18)</i>
AMP	8	0.055	<i>strB(5), tetB(6), aadA(8), gryA(8), floR(6), sulI(8), sulII(6)</i>
--	1	0	<i>tetB, aadA, gryA, floR, sulI, sulII</i>

3 结 语

目前,由于抗生素的滥用、乱用引起了细菌耐药性的问题,细菌的耐药性已经成为全球范围内极其严重的公共卫生安全问题。本研究通过使用改良 K-B 纸片法和 PCR 的方法分别对不同来源和不同基因型副溶血性弧菌抗生素表型和基因型进行检测,结果表明:不同来源虾类分离的副溶血性弧菌其耐药性没有显著差异,但是致病性菌株多重耐药性高达 73.7%显著高于非致病性菌株 16%;6 大类耐药基因中 *floR*、*strB*、*sulII*、*tetB*、*sulI*、*gryA*、*aadA*、*strA* 被检出,其中 *strA* 仅在淡水虾分离的菌株和非致病性菌株中检出。

比较抗生素抗性表型与耐药基因,淡水虾分离菌株与海水虾分离菌株其耐药表型及耐药基因型

没有明显差别;致病和非致病性菌株耐药基因型也没有明显区别,但是携带致病基因的菌株抗生素抗性表型多重耐药明显大于非致病性菌株,可能对人类健康存在潜在威胁,危害性强,本次结果为致病性副溶血性弧菌耐药性风险评估提供基础数据,应该引起人们重视,后续对于携带致病基因菌株多重耐药性大于非致病菌株需要深入研究。所检测的 6 大类 18 种抗生素和 38 种耐药基因,发现一个现象,抗生素抗性表型和抗生素耐药基因型不存在一一对应的关系。其中菌株对磺胺类抗生素(SXT)、四环素抗生素(TET)抗性表型均为敏感,但是对其所对应的耐药基因型均有检出。后续对这些抗性表型与耐药基因不一致的副溶血性弧菌进行深入研究,以探究表型与基因型不一致的机理。

参考文献:

- [1] ZHANG Z, LIU H, LOU Y, et al. Quantifying viable *Vibrio parahaemolyticus*, and *Listeria monocytogenes*, simultaneously in raw shrimp[J]. **Applied Microbiology & Biotechnology**, 2015, 99(15): 1-12.
- [2] GUO Danfeng, ZHANG Zhaohuan, XIAO Lili, et al. Comparison of growth characteristic of different antibiotic resistant pathogenic *Vibrio parahaemolyticus*[J]. **Science & Technology of Food Industry**, 2014, 35(19): 137-141. (in Chinese)
- [3] GAO Wei, PAN Yingjie, ZHAO Yong, et al. Isolation, identification, serotype and virulence of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from the aquatic products in Shanghai markets [J]. **Journal of Food Science and Biotechnology**, 2011, 2 (32): 279-282. (in Chinese)
- [4] XU X K, WU Q P, ZHANG J M, et al. Prevalence, pathogenicity, and serotypes of *Vibrio parahaemolyticus*, in shrimp from Chinese retail markets[J]. **Food Control**, 2014, 46(46): 81-85.
- [5] LIU Xiumei. Studies on the techniques for the monitoring and controlling foodborne illness[J]. **Chinese Journal of Food Hygiene**, 2004, 16(1): 3-9. (in Chinese)
- [6] ZHANG haohuan, GUO Danfeng, WANG Jinjin. An improved kirby-bauer disk diffusion method to determine drug resistance against *Vibrio parahaemolyticus*[J]. **Journal of Microbiology**, 2014, 34(1): 78-83. (in Chinese)
- [7] WU Y N, WEN J, MA Y, et al. Epidemiology of foodborne disease outbreaks caused by *Vibrio parahaemolyticus*, China, 2003-2008[J]. **Food Control**, 2014, 46(46): 197-202.
- [8] NEU H C. The crisis in antibiotic resistance[J]. **Science**, 1992, 257(5073): 1064-1073.
- [9] DEIV R, SURENDRAN P K, CHAKRABORTY K. Antibiotic resistance and plasmid profiling of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from shrimp farms along the southwest coast of India [J]. **World Journal of Microbiology & Biotechnology**, 2009, 25(11): 2005-2012.
- [10] PRUDEN A, PEI R, STOREBOOM H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants; studies in northern Colorado [J]. **Environmental Science & Technology**, 2006, 40(23): 7445.
- [11] Organization W H. ZH mediacentre PR 2015; World Health Day 2015 Food safety[J]. 2015, 1: 1-256.
- [12] LIU Fangpin, ZHAO Yulin, LI Changwen, et al. Drug resistance gene detection and the resistance correlation analysis in *Salmonella* isolated from chickens[J]. **Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine**, 2013, 35(8): 627-630. (in Chinese)
- [13] XU Chenggang, GUO Lili, ZHANG Jiangmin, et al. Resistance to antibiotics and distribution of tetracycline resistance determinants in haemophilus parasuis from pigs in south china[J]. **Scientia Agricultura Sinica**, 2011, 44(22): 4721-4727. (in Chinese)
- [14] AKERS K S, CHANEY C, BARSOUMIAN A, et al. Aminoglycoside resistance and susceptibility testing errors in acinetobacter baumannii-calcoaceticus complex[J]. **Journal of Clinical Microbiology**, 2010, 48(4): 1132-1138.
- [15] KAYSNER C A, DE P A. Compendium of methods for the microbiological examination of food[J]. **Washington, D.C: American Public Health Association**, 2001.
- [16] WAYNE P A. Clinical and Laboratory Standards Institute. M100-S20 Performance standards for antimicrobial susceptibility testing nineteenth informational supplement[J]. 2011.
- [17] LOU Y, ZHANG Z, LIU H, et al. Mismatch between antimicrobial resistance phenotype and genotype of pathogenic *Vibrio parahaemolyticus*, isolated from seafood[J]. **Food Control**, 2016, 59: 207-211.
- [18] KRUMPERMAN P H. Multiple antibiotic resistance indexing of *Escherichia coli* to identify high-risk sources of fecal contamination of foods[J]. **Appl Environ Microbiol**, 1983, 46(1): 165-170.
- [19] OSUNDIYA O O, OLADELE R O, ODUYEBO O O. Multiple antibiotic resistance (MAR) indices of *Pseudomonas* and *Klebsiella* species isolates in Lagos university teaching hospital [J]. **African Journal of Clinical & Experimental Microbiology**, 2013, 14(3): 164-168.
- [20] HUANG Xun, DENG Zide, NI Yuxing, et al. Chinese experts' consensus on prevention and control of multidrug resistance organism healthcare-associated infection[J]. **Chinese Journal of Infection Control**, 2015, 14(1): 1-8. (in Chinese)
- [21] WONG M, LIU M, WAN H Y. Characterization of extended-spectrum- β -lactamase-producing *Vibrio parahaemolyticus* [J]. **Antimicrobial Agents & Chemotherapy**, 2012, 56(7): 4026-4028.
- [22] JUN J W, KIM J H, CHORESCA C H, et al. Isolation, molecular characterization, and antibiotic susceptibility of *Vibrio*

- parahaemolyticus* in Korean seafood[J]. **Foodborne Pathogens & Disease**, 2012, 9(3):224-231.
- [23] JIANG Y, YAO L, LI F, et al. Characterization of antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* from cultured sea cucumbers (*Apostichopus japonicus*) [J]. **Letters in Applied Microbiology**, 2014, 59(2):147-154.
- [24] YUTAKE Y, KAO H, MASATAKE S, ISAO T. Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Vibrio*, species related to food safety isolated from shrimp cultured at inland ponds in Thailand [J]. **Food Control**, 2014, 38(4):30-36.
- [25] LETCHUMANAN V, YIN W F, LEE L H. Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from retail shrimps in Malaysia [J]. **Frontiers in Microbiology**, 2015, 6(33):33.
- [26] JUN J W, KIM J H, HAN J E, et al. Isolation, molecular characterization, and antibiotic susceptibility of *Vibrio parahaemolyticus* in Korean seafood [J]. **Foodborne Pathogens & Disease**, 2012, 9(3):224-229.

会 议 消 息

会议名称: 第六届国际食品与环境科学会议(ICFES 2020)

会议时间: 2020-02-23 至 2020-02-25

会议地点: 越南河内

主办单位: ICFES 2020

会议网站: <http://www.icfes.org/>

会议简介:

第六届国际食品与环境科学会议(ICFES 2020)将于 2020 年 2 月 23 日至 25 日在越南河内举行。

会议闪光点:

1. 会议所有论文都会进行出版, 环境主题的文章将出版到国际会议论文集, 并被 EI Compendex, Scopus, Thomson Reuters (WoS), Inspec, et al. 检索. 食品主题的文章将收录在工程与技术数字图书馆, 并被 WorldCat, Google Scholar, Cross ref, ProQuest, CABI. 检索。
2. 2019 年 ICFES 在越南胡志明市成功举办,
3. 将会有三个顶级教授受邀参加会议并将为会议呈现学术前沿的大会报告和研究成果, 他们是来自台湾国立交通大学的 Tseung-Yuen Tseng 教授, 越南胡志明市生物技术与食品技术研究所的副教授 DAM SAO MAI, 以及胡志明市工业大学的著名副教授 LE VAN TAN。

投稿方法: <http://confsys.iconf.org/submission/icfes2020>

电子邮件: icfes@cbees.net

联系电话: +852-35100137(香港)/+1-206-456-6022(美国)/+86-28-86528465(中国)

会议专员: Hedy

联系人: Hedy

电 话: +86-28-86528465

Email: icfes@cbees.net