

# 辽宁省不同来源沙门氏菌耐药性分析

张铭琰, 耿英芝, 于 淼, 张眉眉\*

(辽宁省疾病预防控制中心, 沈阳 110005)

**摘要: 目的** 比较辽宁地区食品来源与临床样本来源沙门氏菌的耐药性, 了解不同来源沙门氏菌对 14 种抗生素的耐药情况, 分析产生差异的原因。**方法** 用 96 孔药敏板, 对 54 份食品来源和 55 份临床样本来源的沙门氏菌进行 14 种抗生素的耐药性检测, 通过 SPSS 统计学软件计算, 同时通过 PCR 方法对携带耐药基因的整合子目的片段进行扩增, 检测 2 种来源沙门氏菌 I 类整合子携带情况, 分析其对多重耐药产生的意义。**结果** 2 种来源沙门氏菌对喹诺酮类抗生素—环丙沙星的耐药率有显著差异(食品耐药率高于临床样本:  $\chi^2=13.615$ ,  $P=0.001<0.05$ ); 2 种来源沙门氏菌对  $\beta$ -内酰胺类抗生素-头孢噻肟和氨苄西林耐药率有显著差异(临床样本耐药率高于食品样本: 头孢噻肟  $\chi^2=4.813$ ,  $P=0.028<0.05$ ; 氨苄西林  $\chi^2=9.653$ ,  $P=0.002<0.05$ ); 二者多重耐药率有显著差异(临床样本多重耐药率高于食品样本:  $\chi^2=4.012$ ,  $P=0.045<0.05$ )。二者整合子携带率分别为食品样本 22.22%、临床样本 29.09%。**结论** 耐药性的产生与不同环境压力诱导、自身滥用抗生素的习惯有关, 也与 I 类整合子的介导密切相关, 研究结果对环境以及临床抗生素的应用具有指导意义, 以期为进一步探索整合子所携带的耐药基因以及它传递的影响因素提供实验依据。

**关键词:** 沙门氏菌; 耐药性; I 类整合子; 临床样本

## Drug resistance analysis of *Salmonella* isolated from different sources in Liaoning province

ZHANG Ming-Yan, GENG Ying-Zhi, YU Miao, ZHANG Mei-Mei\*

(Liaoning Provincial Center for Disease Control and Prevention, Shenyang 110005, China)

**ABSTRACT: Objective** To compare the drug resistance of *Salmonella* from food sources and clinical samples in Liaoning province, understand the drug resistance of *Salmonella* from different sources to 14 kinds of antibiotics, and analyze the causes of drug resistance. **Methods** The 96-hole drug sensitive plate was used to detect the resistance of *Salmonella* from 54 food sources and 55 clinical samples for 14 kinds of antibiotic, SPSS statistical software was used to calculate, and at the same time, PCR method was used to amplify the integron fragment carrying drug resistance gene, detect the Class I integron carrying status of *Salmonella* from 2 sources and analyze the significance of Class I integron on multi-drug resistance. **Results** There were significant differences in the resistance of *Salmonella* from 2 sources to quinolones-ciprofloxacin (drug resistance rate of food samples was higher than clinical sample:  $\chi^2=13.615$ ,  $P=0.001<0.05$ ). Drug resistance of *Salmonella* isolated from different sources to  $\beta$ -lactam antibiotics-cefotaxime and

基金项目: 辽宁省自然科学基金项目(20180510044)、大连理工大学国家重点实验室开放课题(KF1906)

Fund: Supported by the Natural Science Foundation of Liaoning Province (20180510044), and the Opening Topic of the National Key Laboratory of Dalian University of Technology (KF1906)

\*通讯作者: 张眉眉, 主任技师, 主要研究方向为食源性致病微生物。E-mail: zangmeimei@163.com

\*Corresponding author: ZHANG Mei-Mei, Chief Technician, Liaoning Provincial Center for Disease Control and Prevention, Shenyang 110005, China. E-mail: zangmeimei@163.com

ampicillin was significantly different (drug resistances rate of clinical samples was higher than food sample: cefotaxime  $\chi^2=4.813$ ,  $P=0.028<0.05$ , ampicilin  $\chi^2=9.653$ ,  $P=0.002<0.05$ ). There was significant difference in multidrug resistance rate between them (multi-drug resistance in clinical samples was higher than that in food samples:  $\chi^2=4.012$ ,  $P=0.045<0.05$ ). The carrying rate of integron was 22.22% in food samples and 29.09% in clinical samples. **Conclusion** Drug resistance is related to different external induction, abusing of antibiotics and Class I *Integron*. The results are significance to application of antibiotics. The results provide experimental basis for further exploration of the drug resistance genes carried by the integrons and the factors affecting their transmission.

**KEY WORDS:** *Salmonella*; drug resistance; Class I *Integron*; clinical sample

## 1 引言

沙门氏菌是一种在自然界广泛存在的革兰氏阴性杆菌,能够引起人和动物多种疾病。每年约 3 亿人感染,是国家重点监测食源性致病菌,由其引起的食物中毒占食源性总病数 70%以上<sup>[1]</sup>,给国家带来巨大的经济损失。研究发现,无论从食品或是从腹泻病人粪便样本中分离的沙门氏菌其耐药情况都非常严重,并且其耐药率具有逐年升高的趋势<sup>[2]</sup>,同时,往往从病人粪便样本中分离的沙门氏菌的多重耐药率高于食品样本<sup>[3]</sup>。产生高耐药率的原因除抗生素滥用外,还可能与整合子有关。1989年,Stokes等提出并证实耐药基因水平传播机制-整合子理论,证明耐药基因除垂直传播外还存在水平传播方式,这也是耐药率上升的重要因素之一。整合子是一种可移动基因元件,具有能够捕获外源性基因盒的特点,其本身含有启动子,可以使整合子捕获的外源性基因盒顺利表达<sup>[4]</sup>。整合子根据其氨基酸序列大致分为 6 类,其中与细菌耐药基因水平传播密切相关的 I 类整合子可携带数十种耐药基因, I 类整合子在沙门氏菌中最为常见<sup>[5,6]</sup>。本研究对辽宁省不同来源分离出的沙门氏菌的耐药性进行比对,分析不同来源沙门氏菌耐药性差异及其原因,了解辽宁地区沙门氏菌耐药情况,为沙门氏菌的耐药性趋势控制、用药及防治指导提供依据。

## 2 材料与方法

### 2.1 仪器与试剂

碱性蛋白胨水(buffer peptone water, BPW)、四硫磺酸钠绿(tetrathionate brilliant green broth, TTB)、亚硒酸盐胱氨酸(selenite cystine, SC)(北京陆桥技术股份有限公司);沙门氏菌显色培养基、SBG 增菌液(北京陆桥技术股份有限公司);阳离子调节肉汤(caton-adjusted mueller-hinton broth, CAMHB)、96 孔药敏板(美国 Thermo 公司);S1000™ Thermal Cycler PCR 仪、Gel Doc XR+全自动凝胶成像仪、Powerpal 电泳仪(美国 Bio-RAD 公司)。

酸(selenite cystine, SC)(北京陆桥技术股份有限公司);沙门氏菌显色培养基、SBG 增菌液(北京陆桥技术股份有限公司);阳离子调节肉汤(caton-adjusted mueller-hinton broth, CAMHB)、96 孔药敏板(美国 Thermo 公司);S1000™ Thermal Cycler PCR 仪、Gel Doc XR+全自动凝胶成像仪、Powerpal 电泳仪(美国 Bio-RAD 公司)。

### 2.2 实验方法

#### 2.2.1 分离与鉴定

采集辽宁地区各类食品样本,其中包括肉及肉制品 690 份、米面制品 523 份、水产品 573 份。按照沙门氏菌检测方法<sup>[7]</sup>,称取样品 25 g 于 225 mL BPW 中混匀,36 °C 培养 18 h;分别取 1 mL 接种于 10 mL TTB 和 SC 中,TTB 在 42 °C 培养 18 h,SC 在 36 °C 培养 18 h;在沙门显色培养基划线培养,挑去可疑菌落进行生化鉴定。从食物中毒腹泻患者粪便样本中挑取少量样本于 SBG 中 36 °C 增菌,沙门显色培养基划线培养,挑取可疑菌落进行生化鉴定。

#### 2.2.2 药敏实验

将分离出的沙门氏菌调制成 0.5 麦氏浊度,取 100  $\mu$ L 于 10 mL CAMHB 中,混匀。每孔 50  $\mu$ L 加入到 96 孔药敏板,36 °C 培养 18 h 后,观察结果;大肠埃希氏菌 ATCC 25922 和 ATCC 35218 作为药敏实验质控菌株。

#### 2.2.3 I 类整合子基因检测

根据参考文献,设计 I 类整合子中编码整合酶基因 *int1* 引物及整合子中 3' 末端保守序列中 *sul1* 磺胺抗性基因引物<sup>[8]</sup>,引物序列详见表 1。提取沙门氏菌核酸进行 PCR 扩增,扩增条件为:94 °C 预变性 5 min,94 °C 变性 30 s,58 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 30 s,30 个循环,终延伸 72 °C 10 min。

表 1 I 类整合子引物信息

Table 1 Prime information for Class I *Integron*

目的基因	引物序列(5'→3')	扩增片段长度/bp
<i>int1</i>	上游: CGATGCGTGGAGACCGAAACCTT	303
	下游: GTAACGCGCTTGCTGCTTGGATGC	
<i>sul1</i>	上游: GCGCGCGTGGGCTACC	416
	下游: CCGCAAGGCTCGCTGGAC	

注: *int1* 是 I 类整合子中整合酶基因; *sul1* 是 I 类整合子 3' 末端保守基因。

### 2.2.4 统计方法

采用 SPSS 18.0 软件。两组之间比较采用  $\chi^2$  检验。检验水准  $\alpha=0.05$

## 3 结果与分析

### 3.1 不同来源菌株耐药情况

在辽宁地区采集水产品、米面制品、肉制品等食品样本 1786 份, 从上述样本中共分离出沙门氏菌 54 株, 其中 8 株来自肉制品, 其余 46 株均来自水产品。从 600 份腹泻患者粪便样本中分离沙门氏菌 55 株, 合计 109 株, 其耐药结果如表 2 所示。

#### 3.1.1 不同来源沙门氏菌对环丙沙星的耐药率

此次选择的常用 14 种抗生素代表药物中包括喹诺酮类抗生素(一代、三代)、 $\beta$ -内酰胺类抗生素(一到四代)、氨基糖苷类抗生素、大环内酯类抗生素、氯霉素、四环素等, 喹诺酮类抗生素有 2 种, 分别为一代萘啶酸以及三代环丙

沙星(二代应用较少)。从表 2 可以看出, 食品来源沙门氏菌对环丙沙星耐药率为 33.33%, 高于临床样本 5.45%, 2 种来源沙门氏菌对环丙沙星的耐药率有显著性差异( $\chi^2=13.615$ ,  $P=0.001<0.05$ )。造成这种差异的原因可能由于: 第一, 此次采集的食品样本并不能完全代表食物中毒患者的食品来源, 在人们储存食品的条件、时间或烹饪习惯不佳的情况下, 都可能使原本未携带沙门氏菌的食品染菌; 第二、环丙沙星在养殖过程中滥用情况严重, 养殖环节中长期使用此类抗生素可能是造成差异的重要原因<sup>[9]</sup>; 第三、由于此次食品中分离的沙门氏菌均是从水产品及肉制品中分离出的, 环丙沙星作为喹诺酮类抗生素, 在动物体内代谢率低, 大多数会以母体形式排出体外, 对水质土壤等养殖环境造成二次污染<sup>[10]</sup>。在这种长期环境选择诱导下, 抗环丙沙星的耐药基因得以稳定遗传且不易丢失, 养殖业中动物在这种环境中长期生存, 进而使得食品来源沙门氏菌对喹诺酮类抗生素敏感率逐渐降低。

表 2 109 株不同来源沙门氏菌耐药情况(%)  
Table 2 Drug resistance of 109 *Salmonella* strains from different sources (%)

类别	抗生素	食品来源(n=54)			临床样本来源(n=55)			显著性差异 P<0.05
		耐药率	中介率	敏感率	耐药率	中介率	敏感率	
喹诺酮类	环丙沙星	33.33	55.56	11.11	5.45	58.18	36.36	0.001<0.05
	萘啶酸	27.78	5.56	66.67	47.27	0.00	52.73	0.248
	头孢噻肟	5.56	5.56	88.89	16.36	0.00	83.64	0.028<0.05
	头孢西丁	0.00	11.11	88.89	0.00	5.45	94.55	—
$\beta$ -内酰胺类	氨苄西林	22.22	16.67	61.11	50.91	1.82	47.27	0.002<0.05
	氨苄西林/舒巴坦	5.56	22.22	72.22	30.91	21.82	47.27	0.001<0.05
	头孢他啶	5.56	5.56	88.89	1.82	1.82	96.36	0.299
	头孢唑啉	16.67	16.67	66.67	29.09	16.36	54.55	0.123
四环素类	四环素	33.33	5.56	61.11	45.45	1.82	52.73	0.190
氨基糖苷类	庆大霉素	11.11	5.56	83.33	14.55	1.82	83.64	0.590
碳青霉烯类	亚胺培南	0.00	5.56	94.44	0.00	10.91	89.09	—
大环内酯类	阿奇霉素	0.00	5.56	94.44	1.82	0.00	98.18	—
磺胺类	甲氧苄啶/磺胺甲恶唑	16.67	5.56	77.78	20.00	3.64	76.36	0.653
酰胺醇类	氯霉素	11.11	5.56	83.33	20.00	1.82	78.18	0.201

注: —表示不适用, 由于食品来源菌株耐药性均为 0, 所以无法比较。

### 3.1.2 不同来源沙门氏菌对部分 $\beta$ -内酰胺类抗生素的耐药率

$\beta$ -内酰胺类抗生素是人类最早发现的抗生素, 它的应用时间最长, 应用范围广。大部分三代四代  $\beta$ -内酰胺类抗生素都具有广谱抗菌作用, 对临床用药具有重要意义。从表 2 可以看出不同来源沙门氏菌对  $\beta$ -内酰胺类抗生素-氨苄西林的耐药率有显著性差异( $\chi^2=9.653$ ,  $P=0.002<0.05$ )、氨苄西林-舒巴坦联合用药耐药率有显著差异( $\chi^2=11.691$ ,  $P=0.001<0.05$ )、头孢噻肟耐药率具有显著差异( $\chi^2=4.813$ ,  $P=0.028<0.05$ ), 临床样本耐药率均显著高于食品样本。从表 2 还可以看出, 除头孢他啶外, 其余  $\beta$ -内酰胺类抗生素临床样本耐药率均大于或等于食品样本, 虽然其他 3 种并未呈现显著性差异, 但 2 种来源沙门氏菌对  $\beta$ -内酰胺类抗生素的耐药差异应该引起人们的重视。造成这种差异的原因可能有, 第一:  $\beta$ -内酰胺类抗生素因为具有毒副作用小, 可选择种类多等优点已成为临床一线抗菌药物。除临床应用广泛以外,  $\beta$ -内酰胺类抗生素也几乎是普通市民自选治疗炎症的首选药物, 如此过量滥用抗生素最终导致临床来源的样本中含有大量的耐药菌; 第二: 有研究显示, 当个体服用或注射抗生素后可能使机体获得抗此类药物的耐药菌, 存在于体内肠道适宜环境中的耐药菌可能将获得的耐药基因传递给其他微生物<sup>[11,12]</sup>, 2 种因素共同作用, 可能是最终导致临床样本对此类抗生素耐药比率明显高于食品样本的原因。

### 3.2 多重耐药与携带整合子情况

经 PCR 扩增, *int1* 基因阳性率均为 25.69%(28/109), 且携带 *int1* 基因的阳性菌株, *sul1* 基因均为阳性。说明 109 株沙门氏菌 I 类整合子携带率为 25.69%。109 株多重耐药率为 31.19%(34/109)。具体情况见表 3。

#### 3.2.1 临床样本多重耐药率明显高于食品样本

从表 2 可以看出, 除环丙沙星和头孢他啶外, 其余 12 种常用抗生素的临床样本耐药率均大于或等于食品样本。耐 3 种及以上抗生素(家族)的菌株为耐药菌株, 从表 3 可以看出, 二者的多重耐药率亦有显著差异。食品样本共 54 株, 其中 12 株为多重耐药菌, 多重耐药率为 22.22%; 临床样本共 55 株, 其中 22 株为多重耐药菌, 多重耐药率为 40%, 二者差异具有统计学意义( $\chi^2=4.012$ ,  $P=0.045<0.05$ )。临床样本耐药率高于食品样本的现象与国内外多地区检出结果一致<sup>[12-15]</sup>。

#### 3.2.2 整合子介导细菌多重耐药

除多重耐药率临床样本高于食品样本外, 从表 3 可以

看出, I 类整合子临床样本携带率 29.09%(16/55)也高于食品样本 22.22%(12/54),  $P=0.412>0.05$ 。I 类整合子的出现早于耐药基因, 作为天然存在的基因片段广泛存在于沙门氏菌、志贺氏菌、耶尔森菌等革兰氏阴性杆菌中<sup>[16]</sup>。I 类整合子的出现早于抗生素的使用, 它能够随机捕获外源性基因插入整合子中并借助 I 类整合子的启动子顺利表达<sup>[17]</sup>, 当周围微生物存在耐药基因的情况下, 可以跨种属随机捕获耐药基因, 能使耐药基因在细菌种内和种间快速传播。这种随机捕获整合的概率虽低, 但效率高, 其一次捕获的外源性耐药基因可以使原本不耐药的菌株直接变成多重耐药菌株, 在抗生素滥用日益严重的外部环境压力下, 这种随机概率可以随着时间积累, 使整合子携带率缓慢上升。本研究对 109 株沙门氏菌进行整合子基因 PCR 扩增, 发现携带整合子基因的菌株 100% 为多重耐药菌株, 说明整合子与多重耐药密切相关。虽然此次实验结果临床样本来源菌株 I 类整合子携带率高于食品来源, 但是两者并未显示出明显差异, 整合子携带率与多重耐药关系有待进一步确证。

## 4 结论与讨论

本研究对辽宁省不同来源分离出的沙门氏菌的耐药性进行比对, 对不同来源沙门氏菌耐药性差异及其原因进行分析。目前看来, 辽宁地区沙门氏菌耐药情况严峻, 多重耐药率高达 31.19%(34/109)。通过不同来源的沙门氏菌的耐药性比对, 以及他们携带整合子情况分析, 可以看出, 环丙沙星耐药率, 食品样本显著高于临床样本。大多数临床样本对  $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药率高于食品样本。其中氨苄西林与头孢噻肟呈现显著差异。从多重耐药情况分析, 多重耐药的产生与 I 类整合子的介导密切相关, 对于 I 类整合子是否是影响临床样本多重耐药率高于食品样本的原因, 有待进一步确证。首先应扩大样本量, 筛选出更多多重耐药菌株, 检测其 I 类整合子携带率; 其次对其整合子携带的耐药基因进行全基因组测序, 检测携带的耐药基因与细菌多重耐药结果是否对应, 最终确定整合子是否是 2 种来源沙门氏菌多重耐药差异的重要原因。总之, 针对辽宁地区沙门氏菌耐药的情况, 应该尽快建立高效的管控机制, 从源头阻断抗生素滥用问题, 建立健全法律法规, 从法律层面进行严控。普及知识, 改变人们出现炎症即服用抗生素的习惯。对于治疗临床已经产生多重耐药的沙门氏菌感染的腹泻病人, 应进行药敏测试, 优化治疗方案, 避免抗生素滥用。

表 3 不同来源沙门氏菌携带整合子及耐药情况  
Table 3 Integron and drug resistance in *Salmonella* from different sources

组别	多重耐药率	携带 I 类整合子的多重耐药率	未携带 I 类整合子的多重耐药率
食品来源	22.22% (12/54)	100% (12/12)	0 (0/42)
临床样本来源	40.00% (22/55)	100% (16/16)	15.38 (6/39)
合计	31.19% (34/109)	100% (28/28)	7.41 (6/81)

## 参考文献

- [1] 毛雪丹, 胡俊峰, 刘秀梅. 2003-2007 年中国 1060 起细菌性食源性疾病流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2010, 22(3): 224-228.  
Mao XD, Hu JF, Liu XM. Epidemiological characteristics of bacterial foodborne disease during the year 2003-2007 in China [J]. Chin J Food Hyg, 2010, 22(3): 224-228.
- [2] 李兰波, 张秀峰, 李艳, 等. 沙门氏菌耐药性及耐药性消除研究进展[J]. 山东畜牧兽医, 2013, (34): 72-73.  
Li LB, Zhang XF, Li Y, et al. Research progress on drug resistance and drug resistance elimination of *Salmonella* [J]. Shangdong J Anim Sci Veter Med, 2013, (34): 72-73.
- [3] 申永秀, 周丽萍, 王艳, 等. 不同来源沙门氏菌耐药性及相关性研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2018, 9(7): 1513-1517.  
Shen YX, Zhou LP, Wang Y, et al. Antimicrobial resistance and correlation of *Salmonella* from different sources [J]. J Food Saf Qual, 2018, (7): 1513-1517.
- [4] 练维, 冒群, 熊海平, 等. 南通地区食源性沙门菌多重耐药性与整合子相关性研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2015, 25(6): 892-898.  
Lian W, Mao Q, Xiong HP, et al. Correlations research of food-borne *Salmonella* multi-drug resistance and integrons in Nantong area [J]. Chin J Health Lab Technol, 2015, 25(6): 892-898.
- [5] Cury J, Jove T, Touchon M, et al. Identification and analysis of integrons and cassette arrays in bacterial genomes [J]. Nucleic Acid Res, 2016, 44(10): 4539-4550.
- [6] 李鲁明, 袁晓燕, 王明义, 等. 整合子-基因盒系统与细菌耐药机制的研究进展[J]. 中国微生物生态学杂志, 2014, 26(2): 246-248.  
Li LM, Yuan XY, Wang MY, et al. The integron-gene cassette system and the mechanism of bacterial drug resistance: research progress [J]. Chin J Microecol, 2014, 26(2): 246-248.
- [7] GB 4789.4-2016 食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验[S].  
GB 4789.4-2016 National food safety standard-Microbiological examination of food-Examination of *Salmonella* [S].
- [8] Krauland MG, Marsh JW, Paterson DL, et al. Integron mediated multidrug resistance in a global collection of nontyphoidal *Salmonella enterica* isolates [J]. Emerg Infect Dis, 2009, 15(3): 388-396.
- [9] 刘畅, 李瑜. 环丙沙星在土壤中的吸附及降解研究进展[J]. 农业研究, 2016, (2): 195-199.  
Liu C, Li Y. Research progress on adsorption and degradation of ciprofloxacin in soil [J]. Agric Res, 2016, (2): 195-199.
- [10] 师志海, 李万利, 兰亚莉, 等. 动物专用抗生素的研究进展[J]. 中国兽医杂志, 2012, 48(8): 48-51.  
Shi ZH, Li WL, Lan YL, et al. Research progress of animal-specific antibiotics [J]. Chin J Vet Med, 2012, 48(8): 48-51.
- [11] Theethakaew C, Feil EJ, Castillo RS, et al. Genetic relationships of *Vibrio parahaemolyticus* isolates from clinical human carrier and environmental sources in Thailand determined by multilocus sequence analysis [J]. Appl Environ Microbiol, 2013, 79(7): 2358-2370.
- [12] 王晓泉, 焦新安, 刘晓文, 等. 江苏部分地区食源性和人源沙门氏菌的多重耐药性研究[J]. 微生物学报, 2007, 47(2): 221-227.  
Wang XQ, Jiao XA, Liu XW, et al. Multidrug resistance of foodborne and human *Salmonella* in some areas of Jiangsu province [J]. Acta Microbiol Sin, 2007, 47(2): 221-227.
- [13] 李欢, 张昭寰, 汤荣. 食品与临床分离的致病性副溶血性弧菌耐药性比较[J]. 中国人兽共患病学报, 2016, 32(11): 1006-1012.  
Li H, Zhang ZH, Tang R. Comparison of antimicrobial resistance of pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in seafood and clinical samples [J]. Chin J Zoonoses, 2016, 32(11): 1006-1012.
- [14] 陈盛杰, 曾莹春, 霍细乡. 湖北省不同来源沙门菌耐药性及耐药谱研究[J]. 现代预防医学, 2017, 44(6): 1011-1022.  
Chen SJ, Zeng YC, Huo XX. Resistance and drug-resistant spectrum different sources in Hubei [J]. Mod Prev Med, 2017, 44(6): 1011-1022.
- [15] Bhuiya M, Sarkar MKI, Sohag MH, et al. Enumerating antibiotic susceptibility patterns of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from different sources in Dhaka city [J]. Open Microbiol J, 2018, (12): 172-180.
- [16] 潘劲草, 刘克洲. 整合子在革兰阴性菌获得性耐药形成机制中的作用[J]. 国外医学流行病学传染病学分册, 2004, 31(5): 289-294.  
Pan JC, Liu KJ. Role of integron in the acquired antibiotic resistance of gram-negative bacteria [J]. Foreign Med Sci Epidemiol Lemol, 2004, 31(5): 289-294.
- [17] Stokes HW, Hall RM. A novel family of potentially mobile DNA elements encoding site-specific gene-integration functions: Integrons [J]. Mol Microbiol, 1989, 3(12): 1669-1683.

(责任编辑: 李磅礴)

## 作者简介

张铭琰, 主管技师, 主要研究方向为食源性致病微生物。  
E-mail: flyingbean@126.com

张眉眉, 主任技师, 主要研究方向为食源性致病微生物。  
E-mail: zangmeimei@163.com