

新疆食源性单增李斯特菌 MLST 分型及 耐药性分析

康立超^{1,2}, 钱晶¹, 杜冬冬¹, 王国红¹, 刘玉霞³, 殷月兰⁴,
黄新², 张星星², 罗瑞峰^{1*}

- (1. 新疆农垦科学院分析测试中心, 石河子 832000; 2. 新疆农垦科学院省部共建绵羊遗传改良与健康养殖国家重点实验室, 石河子 832000; 3. 新疆生产建设兵团疾病预防控制中心, 乌鲁木齐 830000;
4. 江苏省人兽共患病学重点实验室, 扬州 225000)

摘要: **目的** 研究新疆食源性单增李斯特菌分型和耐药情况。**方法** 将 62 株食源性和 1 株羔羊脑炎分离株进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)及耐药性实验。**结果** 63 株单增李斯特菌分为 20 个 ST 型, 16 个克隆群(clonal complex groups, CC), 其中 68.25% (43/63)属于谱系 II, 其余属于谱系 I。优势 ST 型是 ST8、ST9、ST121、ST87 和 ST378, 优势 CC 群是 CC8、CC9、CC1 和 CC121。对苯青霉素(penicillin, P)、氨苄西林(ampicillin, AM)、苯唑西林(oxacillin, OX1) 3 种抗生素耐药率达 100%; 对庆大霉素(gentamicin, GM)、莫西沙星(moxifloxacin, MXF)、红霉素(erythromycin, E)、奎奴普丁/达福普丁(quinupristin, QDA)、利奈唑胺(linezolid, LNZ)、万古霉素(vancomycin, VA)、替加环素(tigecycline, TGC)、利福平(rifampin, RA)和诱导性克林霉素耐药性(induced clindamycin resistance, ICR) 9 种抗生素敏感率达 100%; 对呋喃妥因(furadantin, FT)耐药率 61.90% (39/63), 其中 ST7、ST8、ST101、ST155 和 ST515 对此次的 3~4 类药物表现出多重耐药性。**结论** 新疆单增李斯特菌分子型别呈多样性, 耐药谱变宽, 存在较大的食品安全风险。

关键词: 新疆; 单增李斯特菌; 多位点序列分型; 耐药性

Multilocus sequence typing and antibiotic resistance of food-borne *Listeria monocytogenes* in Xinjiang

KANG Li-Chao^{1,2}, QIAN Jing¹, DU Dong-Dong¹, WANG Guo-Hong¹, LIU Yu-Xia³, YIN Yue-Lan⁴,
HUANG Xin², ZHANG Xing-Xing², LUO Rui-Feng^{1*}

- (1. Xinjiang Academy of Agricultural Reclamation Sciences, Analysis and Test Center, Shihezi 832000, China; 2. Xinjiang Academy of Agricultural Reclamation Sciences, State Key Laboratory of Sheep Genetic Improvement and Healthy Production, Shihezi 832000, China; 3. Disease Prevention and Control Center of Xinjiang Production and Construction Corps, Urumqi 830000, China; 4. Jiangsu Key Laboratory of Zoonosis, Yangzhou 225000, China)

ABSTRACT: Objective To study the typing and antibiotic resistance of food-borne monotonic *Listeria*

基金项目: 江苏省人兽共患病学重点实验室资助项目(R1901)、兵团重点领域科技攻关计划项目(2019AB029)、兵团国际科技合作计划项目(2019BC004)

Fund: Supported by the Open Project Program of Jiangsu Key Laboratory of Zoonosis (R1901), the Key Field Science and Technology Research Project of XPCC (2019AB029), and the International Science and Technology Cooperation Program of XPCC (2019BC004)

***通信作者:** 罗瑞峰, 硕士, 高级实验师, 主要研究方向为食品安全检测及风险监测。E-mail: luorf2011@qq.com

***Corresponding author:** LUO Rui-Feng, Master, Senior Experimentalist, Xinjiang Academy of Agricultural Reclamation Sciences, No.221, Wuyi Road, Shihezi 832000, China. E-mail: luorf2011@qq.com

monocytogenes in Xinjiang. **Methods** A total of 63 *Listeria monocytogenes* strain were tested for multilocus sequence typing (MLST) and antibiotic resistance. **Results** Sixty-three strains were divided into 20 ST types, ST8, ST9, ST121, ST87 and ST378 were being the dominant types. And 16 clonal complex groups (CC), the dominant CC groups were CC8, CC9, CC1 and CC121. The 68.25% (43/63) belonged to lineages II, and the rest belonged to lineages I. The antibiotic resistance rate of *Listeria monocytogenes* to penicillin, ampicillin and oxacillin was 100%, to gentamicin, moxifloxacin, erythromycin, quinupristin, linezolid, vancomycin, tigecycline, rifampin and induced clindamycin resistance was 100%, to furadantin was 61.90% (39/63). ST7, ST8, ST101, ST155 and ST515 showed multiple resistance to the 3-4 drugs. **Conclusion** The molecular type of *Listeria monocytogenes* is polymorphic in Xinjiang, the antibiotic resistance spectrum is widening, and there is a big food safety risk.

KEY WORDS: Xinjiang; *Listeria monocytogenes*; multilocus sequence typing; antibiotic resistance

0 引言

单增李斯特菌(*Listeria monocytogenes*, Lm)是一种广泛分布在自然界中的人畜共患的食源性病原菌,易通过污染的食品感染新生儿、老人、孕妇和免疫力低下的人群,致死率可达 20%~30%^[1]。Lm 可分为 4 个谱系(Lineage I、II、III 和 IV)。根据菌体(O)抗原和鞭毛(H)抗原的血清学反应,Lm 被分为 13 种血清型: 1/2a、1/2b、1/2c、3a、3b、3c、4a、4ab、4b、4c、4d、4e 和 7 型。谱系 I 包括血清型 1/2b、3b、4b、4d、4e, 主要由污染食品和患病人畜中分离; 谱系 II 包括血清型 1/2a、3a、1/2c、3c, 主要由污染食品和环境分离得到; 谱系 III 主要从动物中分离; 谱系 IV 是近年来新报道谱系, 谱系 III 和 IV 很少引起人和动物的发病^[2-3]。

为了解新疆食源性 Lm 分子特征和药物敏感性, 本研究对 2013—2019 年在新疆的 62 株食品样品分离株和 1 株羔羊脑炎分离株 Lm 进行了多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)和耐药性实验, 探讨新疆 Lm MLST 型别分布和药物敏感性, 以期为预防和控制李斯特菌病的爆发提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株

从 2013—2019 年新疆的 9 个师(第 5 师至第 13 师)的生禽肉(SQ)、生畜肉(SX)、调理肉制品(TL)、熟肉制品(SR)、动物性水产品(DS)、冷冻鱼糜制品(YM)、速冻面米制品(MM)、寿司(SS)、外卖配送(WM)等食品样品中, 检出 59 份阳性样品, 分离到 63 株单增李斯特菌^[4], 其中 2015 年的 1 株 1/2a 型菌株失活。1 株羔羊脑炎(NY)分离株由石河子大学动物科技学院马勋教授馈赠, 共 63 株 Lm。

1.1.2 仪器与试剂

HPX-25085H-III 精密恒温恒湿培养箱(上海新苗公司); VITEK-2 Compact System 全自动微生物鉴定及药敏分析系统、AST-GP67 药敏卡(美国 bioMerieux 公司)。

脑心浸液(brain heart infusion, BHI)培养基(北京陆桥技术有限责任公司); 细菌 DNA 提取试剂盒(MagPure Bacterial DNA KF Kit, 美国 Magen 公司)。

1.2 实验方法

1.2.1 MLST 分型

挑取单菌落接种于 BHI 培养基中, 36 °C 过夜培养。取 10 mL 菌液, 离心弃上清液, 沉淀用生理盐水洗涤, 再用 MagPure Bacterial DNA KF kit 提取其基因组 DNA, 干冰保存送生工(上海)有限公司测序, 用 Qubit™ dsDNA HS Assay Kit 定量基因组浓度, 用 NEB Next® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® (NEB E7370) 构建文库 Illumina NovaSeq 测序。将测序的全基因组序列加载到基因组流行病学中心(Center for Genomic Epidemiology)多位点序列分型网站(<https://cge.cbs.dtu.dk/services/MLST/>)得到 ST 型。同时保存 7 个管家基因的等位基因序列。按照 abcZ-bglA-cat-dapE-dat-ldh-lhkA 顺序拼接序列后, 利用 MEGA6 软件, 按非加权组平均法(unweighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA)法进行聚类, 构建进化树。

1.2.2 药敏实验

用 VITEK-2 Compact 和 AST-GP67 药敏卡进行测试, 观察对 β -内酰胺类: 苄青霉素(penicillin, P)、氨苄西林(ampicillin, AM)、苯唑西林(oxacillin, OX1); 呋喃类: 呋喃妥因(furadantin, FT); 四环素类: 四环素(tetracyclines, TE)、替加环素(tigecycline, TGC); 甲氧苄二氨磺胺类: 复方新诺明(paediatric compound sulfamethoxazole tablets, SXT); 大环内酯类: 氯林霉素(clindamycin hydrochloride, CM)、红霉素(erythromycin, E)、奎奴普汀/达福普汀(quinupristin, QDA)、诱导性克林霉素耐药性(induced clindamycin resistance, ICR); 喹诺酮类: 左氧氟沙星(levofloxacin, LEV)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、莫西沙星(moxifloxacin, MXF); 恶唑烷酮类: 利奈唑胺(linezolid, LNZ); 糖肽类: 万古霉素(vancomycin, VA); 利福霉素类: 利福平(rifampin, RA); 氨基糖苷类: 庆大霉素(gentamicin,

GM) 18 种药物的耐药性, 在系统中选择金黄色葡萄球菌为参考菌, 配套软件判读结果。

2 结果与分析

2.1 ST 型分布情况

根据 MLST 分型结果, 63 株 Lm 得到 20 个 ST 型[其中一株(Lm49) *dat* 基因一个碱基由 A 突变为 T, 但仍然判定为 ST7 型], ST 型分布较分散。ST8 型的菌占 15.87% (10/63), 血清型均为 1/2a。其余依次为 ST9 (8/63, 12.70%), 血清型均为 1/2c; ST121 (6/63, 15.1%), 血清型均为 1/2a; ST87 和 ST378 各 5 株(5/63, 15.1%), ST5、ST155 和 ST515 各 4 株, ST101 有 3 株、ST3、ST7 和 ST308 各 2 株, 其余 ST1、ST91、ST120、ST196、ST199、ST204、ST346 和

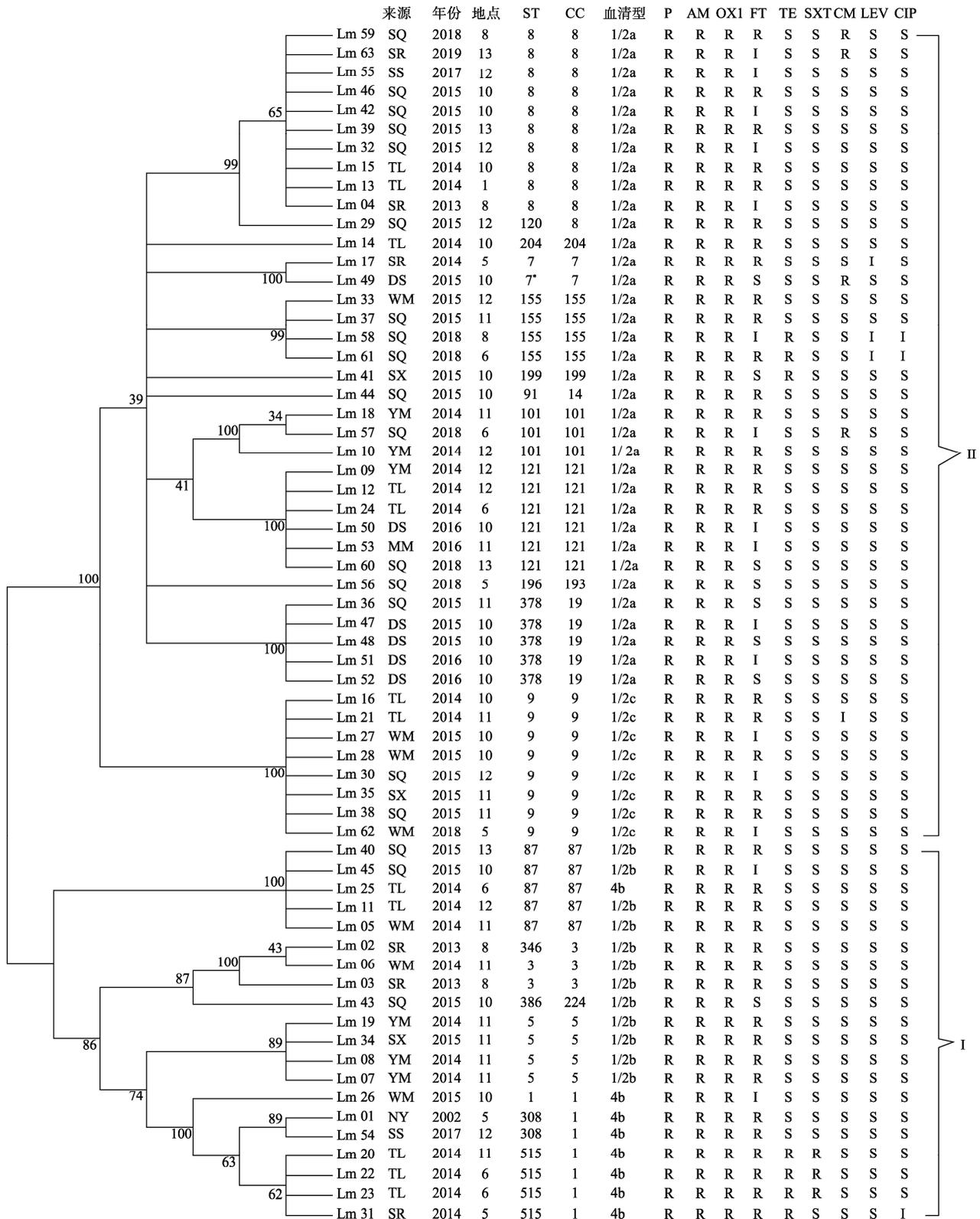
ST386 各 1 株(表 1)。其中 ST120、ST196、ST346 和 ST386 在研究期间未搜索到国内外相关 ST 型的文献报道。除 ST87 对应的血清型有 1/2b 和 4b 外, 其他每 1 个 ST 型对应 1 个血清型。

ST8 和 ST121 分布较广, 在 4 类食品类别中都有分离到, 其次 ST9 和 ST87 在 3 种食品类别中分离到(表 1)。从生禽肉中分离到的 Lm 最多, ST 型也最多, 包括 ST8、ST9、ST87、ST101 等 11 种 ST 型, 其中 ST91、ST120、ST196 和 ST386 只在生禽肉制品中分离得到, 其次是调理肉制品中分离到 ST515、ST8、ST9 等 6 种 ST 型, 熟肉制品和地方食品各分离到 5 种 ST 型(图 1)。不同年代和不同地点, 分离菌株数量越多 ST 型和血清型种类越多, 说明新疆食源性 Lm 亚型分布较散。

表 1 63 株单增李斯特菌的 ST 型和 CC 群分布
Table 1 STs and CCs of 63 *Listeria monocytogenes* isolates

ST 型	菌株数	克隆系	谱系	血清型	来源	耐药性 ^a
1	1	1	I	4b	WM	FT(1)
3	2	3	I	1/2b	SR、WM	<u>FT(2)</u>
5	4	5	I	1/2b	YM、SX	<u>FT(4)</u>
7	2	7	II	1/2a	SR、DS	<u>FT(1)</u> 、 <u>CM(1)</u> 、LEV(1)
8	10	8	II	1/2a	TL、SQ、SS、SR	<u>FT(5)(5)</u> 、 <u>CM(2)</u>
9	8	9	II	1/2c	TL、WM、SQ、	<u>FT(5)(3)</u> 、CM(1)
87	5	87	I	1/2b(4)、4b(1)	WM、TL、SQ	<u>FT(4)(1)</u>
91	1	14	II	1/2a	SQ	<u>FT(1)</u>
101	3	101	II	1/2a	YM、SQ	<u>FT(2)(1)</u> 、 <u>CM(1)</u>
120	1	8	II	1/2a	SQ	<u>FT(1)</u>
121	6	121	II	1/2a	YM、DS、MM、SQ	<u>FT(3)(2)</u>
155	4	155	II	1/2a	WM、SQ	<u>FT(3)(1)</u> 、 <u>TE(2)</u> 、LEV(2)、CIP(2)
196	1	193	II	1/2a	SQ	
199	1	199	II	1/2a	SX	<u>TE(1)</u>
204	1	204	II	1/2a	TL	<u>FT(1)</u>
308	2	1	I	4b	NY、SS	<u>FT(2)</u>
346	1	3	I	1/2b	SR	<u>FT(1)</u>
378	5	19	II	1/2a	SQ、DS	FT(2)
386	1	224	I	1/2b	SQ	
515	4	1	I	4b	TL、SR	<u>FT(4)</u> 、 <u>TE(4)</u> 、 <u>SXT(3)</u> 、CIP(1)

注: (1)SQ: 生禽肉; SX: 生畜肉; TL: 调理肉制品; SR: 熟肉制品; DS: 动物性水产品; YM: 冷冻鱼糜制品; MM: 速冻面食制品; SS: 寿司; WM: 外卖配送; NY: 羔羊脑炎, 下同; (2)FT: 呋喃妥因; TE: 四环素; SXT: 复方新诺明; CM: 氯林霉素; LEV: 左氧氟沙星; CIP: 环丙沙星; (3)a: 括号中数字为菌株数量。加下划线为对该种抗生素耐药; 不加下划线为对该种抗生素中介。所有菌株对苄青霉素(P)、氨苄西林(AM)、苯唑西林(OX1) 3 种抗生素 100%耐药; 对庆大霉素(GM)、莫西沙星(MXF)、红霉素(E)、奎奴普丁/达福普丁(QDA)、利奈唑胺(LNZ)、万古霉素(VA)、替加环素(TGC)、利福平(RA)和诱导性克林霉素(ICR) 9 种抗生素 100%敏感, 并未在表中列出。



注: (1)来源: 5~13 个师。(2)P: 苜青霉素; AM: 氨苄西林; OX1: 苯唑西林; FT: 呋喃妥因; TE: 四环素; SXT: 复方新诺明; CM: 氯林霉素; LEV: 左氧氟沙星; CIP: 环丙沙星。(3)R: 耐药; S: 敏感; I: 中介。

图 1 63 株单增李斯特菌 MLST 聚类分析

Fig.1 MLST cluster analysis of 63 strains of *Listeria monocytogenes*

7 个管家基因中, 有不超过 1 个等位基因编号不同的两株 Lm 被认为属于同一个克隆系 (clonal complexes, CC)^[2]。根据 MLST 分型结果, 63 株单增李斯特菌分属 16 个 CC 群, 其中 CC8 ($n=11$) 分布最为广泛, 其次 CC9 ($n=8$)、CC1 ($n=7$) 和 CC121 ($n=6$) 等。有 3 个 CC 群包含两种以上 ST 型, 其中 CC8 包括 10 株 ST8 型和 1 株 ST120 型菌株; CC1 ($n=7$) 包括 1 株 ST1 型、2 株 ST308 型和 4 株 ST515 型菌株; CC3 ($n=4$) 包括 2 株 ST3 型和 1 株 ST346 型菌株 (表 1)。63 株单增李斯特菌中属于谱系 I 占 31.75% ($n=20$) 和谱系 II 占 68.25% ($n=43$), 未发现谱系 III 和 IV 菌株 (图 1)。

2.2 药敏实验结果

63 株 Lm 对 β -内酰胺类 (P、AM 和 OX1) 3 种抗生素耐药率达 100%; 对 GM、MXF、E、QDA、LNZ、VA、TGC、RA 和 ICR 9 种抗生素敏感率达 100%; 对 FT 耐药率 61.90% (39/63), 中介率 17.20% (16/63); TE 耐药率 11.11% (7/63); CM 耐药率 6.35% (4/63), 中介率 1.59% (1/63); LEV 和 CIP 中介率 4.76% (3/63) (详见表 1 和图 1)。

除各只有 1 株的 ST386、ST196 和 ST199 型对 FT 敏感外, 其余 ST 型均对 FT 表现出不同程度的耐药和中介。ST7、ST8、ST9、ST101、ST199、ST155 和 ST515 还对 TE、SXT 和 CIP 表现出耐药和中介, 其中 ST7、ST8 和 ST101 对 β -内酰胺类、呋喃类和大环内酯类表现三重耐药, ST155 对 β -内酰胺类、四环素和大环内酯类表现三重耐药, ST515 对 β -内酰胺类、四环素、大环内酯类和甲氧苄二氨磺胺类表现出四重耐药 (表 1)。

3 结论与讨论

3.1 讨论

Lm 被世界卫生组织列为四大食源性病原菌之一^[5]。本研究的 63 株单增李斯特菌通过多重 PCR 血清分型和免疫血清分型, 其中 35 株 1/2a 型 (55.56%)、12 株 1/2b 型 (19.05%); 8 株 1/2c 型 (12.70%)、8 株 4b 型 (12.70%) (表 1)。此次分析新疆食源性单核细胞增生李斯特菌优势血清型为 1/2a 型^[4]。

本研究通过细菌全基因组测序, 分析了 2013—2019 年在新疆地区分离的 63 株 Lm 的 MLST 分型, 得到 20 个 ST 型 (属于 16 个 CC 群)。CHENAL-FRANCISQUE 等^[6]分析了全球范围内 5 个洲共 42 个国家的 300 株 Lm, 结果显示分布最多的为 CC2、CC1、CC3、CC9 和 CC121, 其中东亚地区优势株为 CC2、CC1、CC121 和 CC155。成梦雅等^[2]分析了上海食源性 86 株 Lm, 结果 CC8、CC87、CC121 和 CC155 分布最广泛, 对应的是 ST8、ST87、ST121 和 ST155 为主。李薇薇等^[7]分析了全国 27 个省的即食食品中 239 株 Lm, CC8、CC101 和 CC87 为优势型。WANG 等^[8]

分析了中国 12 个省市共 212 株食源性 Lm, 其中最多的为 ST9、ST8 和 ST87。刘萍萍等^[9]分析了上海市动物源性 33 株食品中 Lm, 优势型是 ST121、ST155 和 ST11; 霍哲等^[10]分析北京 50 株食源性 Lm 以 ST9 和 ST121 为主。章乐怡等^[11]分析温州市 97 株 Lm, 其中 ST87 型是优势型别, 其次为 ST121 和 ST9, ST1 和 ST779。李华等^[12]调查了农贸市场中蜚蠊携 Lm 优势的序列型为 ST87, 其他还有 ST9、ST121、ST155 和 ST35。孙晓文等^[13]在生鸡屠宰场屠宰环节分离到 40 株 Lm, 优势 ST 型为 ST9、ST87 和 ST8。此次新疆的 63 株 Lm 分型结果 ST8、ST9、ST121、ST87 和 ST378 为主, 优势群为 CC8、CC9、CC1 和 CC121。这和全国范围及东亚地区的流行情况基本相符, 但也有特有型别的差异, 不同地点有其特异性群分布。主要还是以 CC8、CC87 和 CC121 占优势, 未发现 CC2 菌株。

值得警惕的是, ST8 型 Lm 属于 CC8, 是加拿大^[14]和瑞士^[15]感染人群分离株的主要克隆群。王红等^[16]也从临床病例中分离到 ST8 型。另外, 在西班牙人类病例中也分离到 ST87 型菌株^[17], 李东迅等^[18]、WANG 等^[19]和 ZHANG 等^[20]也在临床中分离到 ST87 型菌株。本研究也分离到 5 株 ST87 型菌株, 其中还有 1 株血清型为 4b 型, 还从临床发病羔羊脑炎病料和即食食品寿司中均分离 ST308 且 4b 型菌株, 因此我国 Lm 有潜在的暴发流行性风险, 要加强监管和防控。

Lm 食品和临床分离株的耐药率和耐药种类在地区上存在差异^[21-23]。李庆辉等^[24]分别用 K-B 法和肉汤稀释法检测了 56 株 Lm 的药物敏感性, 结果存在差异。而此次实验用 VITEK-2 分析了 63 株 Lm 对 18 种药物的耐药性, 结果对 50% 药物表现耐药或中介, 其中对苄青霉素、氨苄西林和苯唑西林 100% 耐药。然而本次药敏实验与李红欢等^[25]、李庆辉等^[24]的菌株有重复, 结果却在部分药物上差异显著, 具体原因有待进一步分析, 但也说明不同实验方法对耐药性判定有差异。李东迅等^[18]也分离到对青霉素 G、苯唑西林、氨苄西林、头孢克洛、头孢噻肟和克拉霉素 6 种抗生素耐药的菌株。此次 63 株 Lm 还对呋喃妥因 61.90% 耐药和 17.20% 中介, 3~7 株菌对四环素、复方新诺明和氯林霉素表现出耐药; 各有 3 株菌对左氧氟沙星和环丙沙星表现中介。这也印证了近年来国内外食品及临床分离的 Lm 耐药谱逐渐变宽, 中国、丹麦、巴西、罗马尼亚等国均出现对氨苄西林、青霉素等临床一线药物耐受甚至多重耐药菌株的报道^[21]。此次 ST155 出现多重耐药与霍哲等^[10]报道的 ST155 型多重耐药相符。而 ST515 不仅出现多重耐药, 且血清型均为 4b 型。1/2a 和 1/2b 型常引起散发, 4b 型常引起暴发^[26]。因此这要引起我们的高度重视, 多重耐药株和新耐药菌株的出现无疑会导致临床经验性治疗难以奏效, 给重症感染患者的

治疗带来巨大困难。

3.2 结论

本研究分析了新疆 63 株单增李斯特菌的 MLST 和药敏情况,分为 20 个 ST 型,16 个克隆群(CC)呈多样性,并且耐药谱变广,尤其 ST515 型血清型为 4b 型,加大了李斯特菌病的爆发风险,因此卫生监督部门尤其要加强新疆肉制品和即食食品的卫生监管力度。

参考文献

- [1] PAGLIANOP, ARSLAN F, ASCIONE T. Epidemology and treatment of the commonest form of listeriosis: Meningitis and bacteraemia [J]. *Infez Med*, 2017, 25(3): 210–216.
- [2] 成梦雅, 王文凯, 史贤明, 等. 上海市食源性单核细胞增生李斯特菌 MLST 分析及毒力基因分布[J]. *中国食品学报*, 2019, 19(2): 223–229. CHENG MY, WANG WK, SHI XM, *et al.* MLST analysis and virulence gene distribution of food borne *Listeria monocytogenes* in Shanghai [J]. *J Chin Inst Food Sci Technol*, 2019, 19(2): 223–229.
- [3] ORSIR H, DEN BAKKER HC, WIEDMANN M. *Listeria monocytogenes* lineages: Genomics, evolution, ecology, and phenotypic characteristics [J]. *Int J Med Microbiol*, 2011, 301(2): 79–96.
- [4] 钱晶, 杜冬冬, 刘玉霞. 新疆食源性单增李斯特菌监测及血清型分析[J]. *食品安全质量检测学报*, 2020, 11(20): 7391–7396. QIAN J, DU DD, LIU YX. Monitoring and serotype analysis of *Listeria monocytogenes* of food origin in Xinjiang [J]. *J Food Saf Qual*, 2020, 11(20): 7391–7396.
- [5] NAKAMA A, MATSUDA M, ITOH T, *et al.* Molecular typing of *Listeria monocytogenes* isolated in Japan by pulsed-field gel electrophoresis [J]. *J Vet Med Sci*, 1998, 60(6): 749–752.
- [6] CHENAL-FRANCISQUE V, LOPEZ J, CANTINEL-LI T, *et al.* Worldwide distribution of major clones of *Listeria monocytogenes* [J]. *Emerg Infect Dis*, 2011, 17(6): 1110–1112.
- [7] 李薇薇, 郭云昌, 占利, 等. 2017 年中国即食食品中单核细胞增生李斯特菌的分子流行病学特征[J]. *中华预防医学杂志*, 2020, 54(2): 175–180. LI WW, GUO YC, ZHAN L, *et al.* Molecular epidemiology of *Listeria monocytogenes* isolated from ready-to-eat food in 2017 in China [J]. *Chin J Prev Med*, 2020, 54(2): 175–180.
- [8] WANG Y, ZHAO AL, ZHU RF, *et al.* Genetic diversity and molecular typing of *Listeria monocytogenes* in China [J]. *BMC Microbiol*, 2012, 12(1): 119.
- [9] 刘萍萍, 王少辉, 赵秋华, 等. 上海市动物源性食品中单增李斯特菌的 MLST 分析[J]. *中国动物传染病学报*, 2013, 21(4): 18–22. LIU PP, WANG SH, ZHAO QH, *et al.* Multilocus sequence typing of *Listeria monocytogenes* from animal foods in Shanghai [J]. *Chin J Anim Infect Dis*, 2013, 21(4): 18–22.
- [10] 霍哲, 王晨, 徐俊, 等. 2012—2015 年北京市西城区单核细胞增生李斯特菌多位点序列分型及耐药研究[J]. *中国食品卫生杂志*, 2017, 29(3): 289–293. HUO Z, WANG C, XU J, *et al.* Study on the homologous and antibiotic susceptibility of foodborne *Listeria monocytogenes* in a district of Beijing [J]. *Chin J Food Hyg*, 2017, 29(3): 289–293.
- [11] 章乐怡, 林梅芬, 李毅, 等. 温州市单核细胞增生李斯特菌的毒力基因及血清学分型和分子分型研究[J]. *中国食品卫生杂志*, 2018, 30(5): 468–472. ZHANG LY, LIN MF, LI Y, *et al.* Study of serotyping, virulence genes and molecular typing of *Listeria monocytogenes* isolates in Wenzhou, China [J]. *Chin J Food Hyg*, 2018, 30(5): 468–472.
- [12] 李华, 王艳, 王毅, 等. 农贸市场中蜚蠊携带单增李斯特菌的调查及菌株特征分析[J]. *疾病监测*, 2017, 32(4): 318–322. LI H, WANG Y, WANG Y, *et al.* Phenotypic and genotypic characteristics of *L. monocytogenes* isolates from cockroaches in farm produce market [J]. *Disea Surv*, 2017, 32(4): 318–322.
- [13] 孙晓文, 陈思思, 王小丁, 等. 生鸡屠宰场屠宰环节单核细胞增生李斯特菌的分子分型研究[J]. *中国预防兽医学报*, 2020, 42(7): 720–723. SUN XW, CHEN SS, WANG XD, *et al.* Molecular typing of *Listeria monocytogenes* isolates from chicken slaughterhouse [J]. *Chin J Prev Vet Med*, 2020, 42(7): 720–723.
- [14] KNABEL SJ, REIMER A, VERGHESE B, *et al.* Sequence typing confirms that a predominant *Listeria monocytogenes* clone caused human listeriosis cases and outbreaks in Canada from 1988 to 2010 [J]. *J Clin Microbiol*, 2012, 50(5): 1748–1751.
- [15] ALTHAUS D, LEHNER A, BRISSE A. Characterization of *Listeria monocytogenes* strains isolated during 2011–2013 from human infections in Switzerland [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2014, 11(10): 753–758.
- [16] 王红, 王艳, 张正东, 等. 3 例单增李斯特菌感染的病原学、临床及流行病学特征分析[J]. *中国人兽共患病学报*, 2015, 31(7): 687–680. WANG H, WANG Y, ZHANG ZD, *et al.* Clinical and epidemiological characteristics of three cases of *Listeria monocytogenes* infection [J]. *Chin J Zoon*, 2015, 31(7): 687–680.
- [17] PEREZ-TRALLERO E, ZIGORRAGA C, ARTIEDA J, *et al.* Two outbreaks of *Listeria monocytogenes* infections, northern Spain [J]. *Emerg Infect Dis*, 2014, 20(12): 2155–2157.
- [18] 李东迅, 舒高林, 王维钧, 等. 1 株分离于肿物积液的单增李斯特菌的病原学特点及分子特征[J]. *江苏预防医学*, 2018, 29(2): 128–130. LI DX, SHU GL, WANG WJ, *et al.* Etiological characteristics and molecular typing of *Listeria monocytogenes* isolated from tumor effusion [J]. *Jiangsu J Prev Med*, 2018, 29(2): 128–130.
- [19] WANG Y, JIAO Y, LAN RT, *et al.* Characterization of *Listeria monocytogenes* isolated from human listeriosis cases in China [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2019, 4(8): 1–3.
- [20] ZHANG X, NIU Y, LIU Y, *et al.* Isolation and characterization of clinical *Listeria monocytogenes* in Beijing, China, 2014–2016 [J]. *Front Microbiol*, 2019, 8(10): 981.
- [21] 冯有为, 潘佳栋, 陈思思, 等. 单核细胞增生李斯特菌的耐药特征及机制[J]. *中国人兽共患病学报*, 2019, 35(2): 158–163. FENG YW, PAN JD, CHEN SS, *et al.* Antibiotic resistance characteristics and mechanism of *Listeria monocytogenes* [J]. *Chin J Zoon*, 2019, 35(2): 158–163.
- [22] 赵悦, 付萍, 裴晓燕, 等. 中国食源性单核细胞增生李斯特菌耐药特征分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2012, 24(1): 5–8. ZHAO Y, FU P, PEI XY, *et al.* Characteristic analysis of antimicrobial resistance of *Listeria monocytogenes* in foods [J]. *Chin J Food Hyg*, 2012, 24(1): 5–8.
- [23] 吴雅茜, 张雪梅, 房志家, 等. 湛江地区水产品中单增李斯特菌的分离

及耐药性分析[J]. 中国渔业质量与标准, 2017, 7(1): 29-34.

WU YQ, ZHANG XM, FANG ZJ, *et al.* Isolation and antibiotic resistance analysis of *Listeria monocytogenes* from aquatic food in Zhanjiang area [J]. Chin Fish Qual Stand, 2017, 7(1): 29-34.

- [24] 李庆辉, 康立超, 杜冬冬, 等. 56 株食源性单增李斯特菌耐药性测定及耐药基因的检测[J]. 中国兽医科学, 2019, 49(6): 766-772.

LI QH, KANG LC, DU DD, *et al.* Antibacterial drugs resistance and related genes detection of 56 food-borne *Listeria monocytogenes* [J]. Chin Vet Sci, 2019, 49(6): 766-772.

- [25] 李红欢, 陈朔, 康立超, 等. 食源性单增李斯特菌的分离鉴定及药物敏感实验[J]. 中国兽医杂志, 2018, 54(12): 89-92.

LI HH, CHEN S, KANG LC, *et al.* Isolation, identification and drug sensitivity of foodborne *Listeria monocytogenes* [J]. Chin J Vet Med, 2018, 54(12): 89-92.

- [26] 杨洋. 中国食源性单核细胞增生李斯特菌分型及毒力基因研究[D]. 北京: 中国疾病预防控制中心, 2008.

YANG Y. Study on virulence genes distribution and typing of food-borne

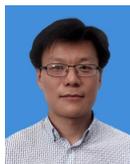
listeria monocytogenes isolates in China [D]. Beijing: China Center for Disease Control and Prevention, 2008.

(责任编辑: 于梦娇 张晓寒)

作者简介



康立超, 硕士, 副研究员, 主要研究方向为食源性病原菌监测及溯源分析。
E-mail: klc003@163.com



罗瑞峰, 硕士, 高级实验师, 主要研究方向为食品安全检测及风险监测。
E-mail: luorf2011@qq.com