

# 加工环境中单核细胞增生性李斯特菌 耐药特征分析

吴立婷<sup>1</sup>, 吴新宇<sup>2</sup>, 庞茂达<sup>1</sup>, 何涛<sup>1</sup>, 包红朵<sup>1</sup>, 周艳<sup>1</sup>,  
孙利厂<sup>1</sup>, 王冉<sup>1\*</sup>, 张辉<sup>1\*</sup>

(1. 江苏省食品质量安全重点实验室-省部共建国家重点实验室培育基地, 江苏省农业科学院, 南京 210014;  
2. 扬州大学生物科学与技术学院, 扬州 225009)

**摘要: 目的** 分析在流通过程中加工环境来源的食源性李斯特菌耐药性及耐药基因携带情况, 探讨加工环境对该菌的影响。**方法** 收集 2016~2017 年分离自加工环境中的 71 株单核细胞增生性李斯特菌, 利用微量肉汤稀释法对 8 种抗菌药物进行药物敏感性分析, 并采用 PCR 鉴定 11 种耐药基因(*tetA*、*tetM*、*tetS*、*ermA*、*ermB*、*ermC*、*mecA*、*aac(6)-Ib*、*van A*、*van B*、*cfp*)。**结果** 71 株 *Lm* 对庆大霉素(11.27%)、氨基西林(4.22%)、头孢他啶(98.59%)、环丙沙星(97.18%)、四环素(21.12%)、红霉素(15.49%)、林可霉素(92.96%)均具有不同程度的耐药性, 对万古霉素敏感。其中以耐受 3~6 种抗菌药为主, 耐药情况较为严重。耐药基因检测表明四环素类 *tetA*、*tetM* 为主要耐药基因, 检出率高达 50% 以上, 其次为红霉素类 *ermA*、*ermB*、*ermC*, 检出率约 11%, 氨基糖苷类 *aac(6)-Ib* 的检出率为 5.63%。**结论** 加工环境单核细胞增生性李斯特菌的耐药性呈上升趋势, 其耐药表型与耐药基因型并不完全一致, 从而表明加工环境中存在影响单核细胞增生性李斯特菌耐药性因素, 同时为食源性李斯特菌病的防治及预警提供参考依据。

**关键词:** 单核细胞增生性李斯特菌; 耐药性; 耐药基因

## Antimicrobial resistance of *Listeria monocytogenes* isolated from processing environment

WU Li-Ting<sup>1</sup>, WU Xin-Yu<sup>2</sup>, PANG Mao-Da<sup>1</sup>, HE Tao<sup>1</sup>, BAO Hong-Duo<sup>1</sup>, ZHOU Yan<sup>1</sup>,  
SUN Li-Chang<sup>1</sup>, WANG Ran<sup>1\*</sup>, ZHANG Hui<sup>1\*</sup>

(1. Laboratory for Food Quality and Safety-State Key Laboratory Cultivation Base of Ministry of Science and Technology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. College of Biological Sciences and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

**ABSTRACT: Objective** To analyze the antibiotic resistance and resistant gene carrying of *Listeria monocytogenes*

**基金项目:** 国家自然科学基金项目(31671955)、江苏省农业科技自主创新资金项目(cx(16)1028)

**Fund:** Supported by the National Natural Science Foundation of China (31671955) and the Jiangsu Agricultural Science and Technology Foundation (cx(16)1028)

\***通讯作者:** 张辉, 博士, 研究员, 主要从事食源性病原菌监测及生物防控研究。E-mail: Huiz@jaas.ac.cn

王冉, 博士, 研究员, 主要从事食品污染物监测及防控研究。E-mail: wangran2001@126.com

\***Corresponding author:** ZHANG Hui, Ph.D, Professor, Laboratory for Food Quality and Safety-State Key Laboratory Cultivation Base of Ministry of Science and Technology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China. E-mail: Huiz@jaas.ac.cn

WANG Ran, Ph.D, Professor, Laboratory for Food Quality and Safety-State Key Laboratory Cultivation Base of Ministry of Science and Technology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China. E-mail: wangran2001@126.com

in food processing plant, and discuss the effect of processing environment on the bacteria. **Methods** Antibiotic susceptibility testing was performed by broth microdilution with 8 antibiotics. Totally 11 kinds of resistance genes (*tetA*, *tetM*, *tetS*, *ermA*, *ermB*, *ermC*, *mecA*, *aac(6′)-Ib*, *vanA*, *vanB*, and *cfr*) were identified by PCR in 71 strains of *Listeria monocytogenes*, which were isolated in processing environment from 2016 to 2017. **Results** The 71 isolates presented different degrees of tolerance against 7 antibiotics: gentamicin (11.27%), ampicillin (4.22%), ceftazidime (98.59%), ciprofloxacin (97.18%), tetracycline (21.12%), erythromycin (15.49%), and lincomycin (92.96%), respectively, and were sensitive to vancomycin. Over 50% isolates were resistant to 3~6 antibiotics, which showed that antibiotic resistance in processing environment was severe. From the results of resistance genes, over 50% isolates carried *tetA* and *tetM*. The frequency of the genes *ermA*, *ermB*, *ermC* and *aac(6′)-Ib* was 11% and 5.63%, respectively. **Conclusion** Antibiotic resistance of *Listeria monocytogenes* isolated from processing environment is on the rise. The resistance phenotype and genotypes is not exactly the same. Therefore, resistance of *Listeria monocytogenes* isolates relates to processing environment. It also provides useful information for prophylaxis and warning of foodborne *Listeriosis*.

**KEY WORDS:** *Listeria monocytogenes*; drug-resistance; drug-resistant gene

## 1 引言

李斯特菌(*Listeria*)是一类能够引起动物和人李斯特菌病的革兰氏阳性菌,其中单核细胞增生性李斯特菌(*Listeria monocytogenes*, *Lm*)是最重要人兽共患病原菌。2000年在WHO食品安全工作计划已将*Lm*列为必检的食源性致病菌之一。*Lm*广泛分布于土壤、加工污水、人和动物粪便及食品中,肉、蛋、海产品、乳制品及蔬菜等都被证实是*Lm*的感染源<sup>[1]</sup>。误食*Lm*污染的食物引发李斯特菌病,主要表现为脑膜炎、败血症及流产等,死亡率高达30%<sup>[2]</sup>。近期研究表明,*Lm*在即食性(ready-to-eat, RTE)食品中污染尤为严重<sup>[3,4]</sup>,因此加工环境中*Lm*污染控制尤为重要。面对目前日益增强的耐药等特征,有效的控制和防治措施有待进一步加强。本研究2016~2017年从屠宰场加工环境中分离获得71株*Lm*,并针对源于肉品加工区域的71株*Lm*分离株,进行8种抗生素的药物敏感性试验以及采用PCR方法对11种耐药基因检测,并探索耐药表型与耐药基因型的相关性,以期对*Lm*的耐药性研究及防治提供一些参考依据。

## 2 材料与方法

### 2.1 实验材料

#### 2.1.1 菌株

2016~2017年从屠宰场加工环境中分离获得的71株*Lm*,药敏质控菌株金黄色葡萄球菌(ATCC 25923,美国菌种保藏中心),所有菌株于-80℃保存。

#### 2.1.2 仪器与试剂

微量细菌定量药敏(MIC)试剂盒(南京希宝生物公司);

MH肉汤、脑心浸液(BHI)、细菌琼脂粉(北京陆桥技术有限责任公司);Goldview、DNA染料、DNAMarker(中国Takara公司);GelDoc 2000凝胶图像分析系统(美国BIO-RAD公司);Labcyler PCR仪(德国圣欧国际有限公司);DYY-6C型电泳槽(北京六一生物科技有限公司)。

### 2.2 实验方法

#### 2.2.1 药物敏感性试验

采用CLSI推荐的微量肉汤稀释法对*Lm*分离株进行药物敏感性试验,选用针对性较强的庆大霉素、氨苄西林、头孢他啶、环丙沙星、四环素、红霉素、林可霉素、万古霉素8株抗生素为测试药物。

#### 2.2.2 菌液制备

挑取单个*Lm*菌落,接种到BHI中,37℃振荡培养6~8h。用无菌蒸馏水将新鲜菌液浓度调至 $1.0 \times 10^8$  CFU/mL,然后用BHI稀释1000倍至 $10^5$  CFU/mL,15 min中内进行加样。

#### 2.2.3 耐药测定

将制备的药物和菌液按培养基、药物、菌液的步骤依次加入96孔板中,分别设置试验组,细菌对照组,空白对照组,质控菌为金黄色葡萄球菌。每株菌设3个平行试验,重复3次,37℃,16~20 h过夜培养。

#### 2.2.4 结果判定

参考CLSI标准,以肉眼观察孔内完全抑制*Lm*生长的最低药物浓度为MIC值,阳性对照孔内细菌应有明显生长,空白对照孔内无细菌生长,此时,测定视为有效。药敏试验结果的临界值判定值和质控范围见表1。

#### 2.2.5 耐药基因检测

挑取单个菌落置入100 μL生理盐水中,15000 r/min离心5 min,混匀后煮沸10 min,冰浴5 min,12000 r/min离心

1 min, 取上清作为 DNA 模板。针对 11 种耐药基因 *tetA*、*tetM*、*tetS*、*ermA*、*ermB*、*ermC*、*aac(6')-Ib*、*mecA*、*van A*、*van B*、*cfr* 进行 PCR 检测, 参考文献设计并合成引物(见表 2)<sup>[5,6]</sup>, PCR 检测后电泳分析扩增产物。

表 1 药敏试验判断标准  
Table 1 Judgement standard of drug sensitivity test

药物名称	质控范围 (µg/mL)	判断标准(µg/mL)		
		敏感 (sensitive)	中介 (intermediate)	耐药 (resistance)
庆大霉素	0.064~4	≤4	8	≥16
氨基苄西林	0.125~4	≤8	16	≥32
四环素	0.125~1	≤4	8	≥16
头孢他啶	0.03~0.12	≤8	16	≥32
环丙沙星	0.008~0.03	≤1	2	≥4
万古霉素	0.125~8	≤4	8~16	≥32
红霉素	0.032~2	≤0.5	1~4	≥8
林可霉素	0.008~0.06	—	1~2	≥4

表 2 耐药基因的引物序列  
Table 2 Primer sequences of resistance genes

药物名称	耐药基因	引物序列	扩增长度 (bp)
	<i>tetA</i>	F:GCTACATCCTGCTTGCCTTC	220
		R:CATAGATC GCCGTGAAGAGG	
四环素类	<i>tetM</i>	F:GTGGACAAAGGTACAACGAG	974
		R:CGGTAAGTTTCGTACACAC	
	<i>tetS</i>	F:CATAGACAAGCCGTTGACC	1050
		R:ATGTTTTTGGAACGCCAGAG	
氨基糖苷类	<i>aac(6')-Ib</i>	F:TTG CGA TGC TCT ATG AGT GGC TA	544
		R:CTC GAA TGC CTG GCG TGT TT	
	<i>ermA</i>	F:AAGCGGTAAAACCCCTCGAG	651
		R:TCA AAGCCTGTCGGATTGG	
大环内酯类	<i>ermB</i>	F:GAAAAGTACTCAACCAAATA	639
		R:CATTTGTAAATTCATGGCAATGA	
	<i>ermC</i>	F:TCAAAACATAATATAGATAAA	641
		R:GCTAATATTGTTTAAATCGTCAAT	
β-内酰胺类	<i>mecA</i>	F:TAG AAA TGA CTG AAC GTC CG	154
		R:TTG CGA TCA ATG TTA CCG TAG	
万古霉素耐药	<i>van A</i>	F:GGG AAA ACG ACA ATT GC	732
		R:GTA CAA TGC GGC CGT TA	
	<i>van B</i>	F:TTG ATG TGG CTT TCC CGG TT	544
		R:ACC CGA TTT CGT TCC TCG AC	
多重耐药	<i>cfr</i>	F:CGATTTGAGGATATGAAGTTCT	416
		R:AAATTAGGATCCGTAAACGAAT	

### 3 结果与分析

#### 3.1 耐药特性分析

对 71 株 *Lm* 分离株进行药物敏感性分析, 耐受特性有所差异, 其中对头孢他啶(98.59%)、环丙沙星(97.18%)、林可霉素(98.50%)表现高度耐受, 耐药率均在 90%以上; 对四环素中度耐受(21.12%); 对氨基苄西林(4.22%)、庆大霉素(11.27%)、红霉素(15.49%)耐药率在 20%以下, 均对万古霉素敏感(表 3)。对 71 株 *Lm* 进行多重耐药性分析表明, 69 株菌至少对 2 种抗菌药同时产生耐药性, 同时耐受 3 种抗菌药的菌株比率最高达 61.97%, 耐受 3~6 种抗菌药的菌株达到 92.97%, 有 1 株菌能够同时对 7 种抗菌药物产生耐药性, 耐药情况较为严重(见图 1)。

表 3 药物敏感性分析  
Table 3 Drug susceptibility test of *L. monocytogenes*

抗菌药	敏感 (sensitive)		中介 (intermediate)		耐药 (resistance)	
	<i>n</i>	(%)	<i>n</i>	(%)	<i>n</i>	(%)
庆大霉素	62	87.32	1	1.40	8	11.27
头孢他啶	1	1.41	0	0.00	70	98.59
氨基苄西林	67	94.37	1	1.40	3	4.22
环丙沙星	1	1.41	1	1.40	69	97.18
四环素	56	78.87	0	0.00	15	21.12
红霉素	24	33.80	36	50.70	11	15.49
林可霉素	0	0.00	5	7.04	66	92.96
万古霉素	71	100	0	0.00	0	0.00

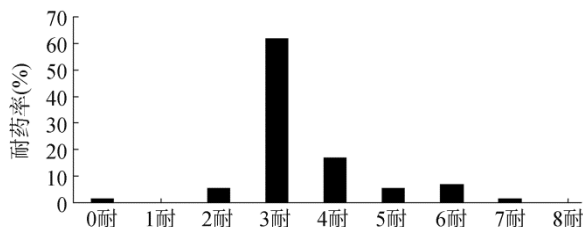


图 1 *Lm* 多重耐药特性

Fig. 1 Multiple drug resistance of *L. monocytogenes*

#### 3.2 耐药基因检测结果

71 株 *Lm* 中, 四环素类耐药基因 *tetA* 检出率 64.78%, *tetM* 检出率 47.88%, 未检出 *tetS* 基因; 氨基糖苷类耐药基因 *aac(6')-Ib* 检出率在 5.63%, 大环内酯类耐药基因 *ermA*、*ermB*、*ermC* 检出率分别为 14.08%, 11.27%, 12.68%; 所有菌株中均未检出 β-内酰胺类耐药基因 *mecA*, 万古霉素耐药基因 *van A*、*van B* 及多重耐药基因 *cfr*; 具体结果见表 4。

#### 3.3 *Lm* 耐药基因型和耐药表型的分析

根据耐药基因的检测和药敏试验结果分析, 耐受四

环素类菌株数达到 15 株, 而耐药基因 *tetA* 检出 46 株, *tetM* 检出 34 株, 符合率分别为 32.61% 和 44.12%; 环丙沙星的耐药菌株数为 69, 耐药基因检出 4 株, 符合率为 5.80%; 红霉素的耐药菌株数为 11, 耐药基因 *ermA* 检出 10 株, *ermB* 检出 8 株, *ermC* 检出 9 株, 其符合率分别为 90.91%, 72.73%, 81.82%; 所有菌株对万古霉素敏感, 同时也未检测到耐药基因(见表 5)。

表 4 耐药基因携带特性  
Table 4 Characteristic of the resistance genes in *L. monocytogenes*

药物	耐药基因	阳性菌株数	检出率(%)
四环素类	<i>tetA</i>	46	64.78
	<i>tetM</i>	34	47.88
	<i>tetS</i>	0	0
氨基糖苷类	<i>aac(6')-Ib</i>	4	5.63
大环内酯类	<i>ermA</i>	10	14.08
	<i>ermB</i>	8	11.27
	<i>ermC</i>	9	12.68
$\beta$ -内酰胺类	<i>mecA</i>	0	0
万古霉素耐药	<i>van A</i>	0	0
	<i>van B</i>	0	0
多重耐药	<i>cfr</i>	0	0

表 5 耐药基因型与耐药表型符合率  
Table 5 Correlation rate of phenotype and genotype of resistance gene

药物	耐药菌株数	耐药基因	耐药基因检出株数
四环素	15	<i>tetA</i>	46
		<i>tetM</i>	34
		<i>tetS</i>	0
环丙沙星	69	<i>aac(6')-Ib</i>	4
		<i>ermA</i>	10
红霉素	11	<i>ermB</i>	8
		<i>ermC</i>	9
		<i>mecA</i>	0
头孢他啶	70	<i>van A</i>	0
万古霉素	0	<i>van B</i>	0

#### 4 结论与讨论

目前, 针对食源性 *Lm* 污染的控制方法较多, 然而由于 *Lm* 对外界环境的高度适应性, 使其较难清除, 从而给食品生产加工行业带来潜在隐患。先前的监测研究表明, 我国在生畜禽肉、肉制品、蔬菜、冷饮、乳制品等多种食品中分离到了 *Lm*, 水产品中也有检出报道<sup>[7,8]</sup>。由此可见, *Lm* 在食品中仍然广泛存在, 其对环境及药物的抵制力都会因环境的变化而发生变化, 从而产生高度的适应性而无法彻底清除<sup>[9]</sup>。因此, 本研究针对来自于同一区域的不同

季节分离株进行了 *Lm* 的耐药性及耐药基因的分析, 为 *Lm* 的控制措施及临床治疗提供依据。

*Lm* 因来源不同而引发耐药性差异, 中国疾病与预防控制中心对 2007~2009 年间的 1069 株 *Lm* 进行耐药分析, 其主要对四环素、强力霉素、红霉素、环丙沙星产生耐药性, 并且出现多重耐药特性<sup>[10]</sup>。2005~2011 年从我国 7 个省市/地区食品分离的 203 株 *Lm* 对头孢唑肟、氯林可霉素、四环素、环丙沙星、诺氟沙星的耐药率分别为 50.25%, 12.81%, 2.46%, 0.99%, 0.99%<sup>[11]</sup>。在欧洲, 来源于奶酪和猪肉生产加工中的 *Lm* 对先锋霉素类抗生素的耐药率接近 100%<sup>[12]</sup>。大多数的 *Lm* 已对临床常用的 14 类抗生素产生不同程度的耐药性, 如  $\beta$ -内酰胺类的青霉素、头孢类抗生素尤其是第三代和第四代的头孢、氨基糖苷类的庆大霉素等, 其中对四环素的耐药性表现最为严重<sup>[13]</sup>。与本研究相比较, 来源于加工区域的 *Lm* 对头孢他啶、林可霉素耐药严重这与前期发现的头孢类及林可酰胺类耐药率高的情况吻合, 而环丙沙星呈现高耐药现象与前期相比有明显差异性, 说明 *Lm* 对氟喹诺酮类的耐药存在相对增长的趋势。同时 *Lm* 对四环素、庆大霉素, 红霉素, 氨基西林亦出现了不同程度的耐药现象, 相较前期研究耐药程度均有明显加剧, 其中有 50% 的 *Lm* 对红霉素中介, 从而表明 *Lm* 存在低水平耐受特性, 可能与环境适应性增强具有相关性。由此可见, 食品生产过程尤其是初级加工过程中的 *Lm* 耐药日益严重。

目前针对 *Lm* 四环素及红霉素耐药基因的研究较多, 由于四环素类药物长期不合理应用而导致了耐药性的产生, 随之而来的便是耐药基因在 人源、动物源和环境中的广泛传播和流行, 溯源发现均来自于同一株 *Lm*<sup>[14]</sup>, 因此对环境 *Lm* 的耐药基因的鉴定能够显示其来源所在。本研究针对耐药特性选取了外排机制中具有代表性的 *tet* 抗性基因 *tetA*, 以及核糖体保护基因中常见的 *tetM*, *tetS* 基因。同时针对红霉素的耐药机制选取了 *ermA*、*ermB*、*ermC*, 以及不同的抗生素类型包含的耐药基因, 如  $\beta$ -内酰胺类耐药基因 *mecA*, 氨基糖苷类耐药基因 *aac(6')-Ib*, 万古霉素耐药基因 *van A* 及 *van B*, 阳性菌多重耐药基因 *cfr*。检测结果表明, *tetA*, *tetM* 的检出率最高, 和先前报道相较有明显增强趋势, 从而表明 *tetA*, *tetM* 可能是导致 *Lm* 对四环素耐药的主要原因之一。*ermA*、*ermB*、*ermC* 检出率约 10%, 远低于先前研究报道中美国食物 *ermB*(23.9%) 和 *ermC*(8.1%) 的检出率<sup>[15]</sup>, 从而表明加工环境中所携带的红霉素类耐药基因较食品中低, 这与初级产品的用药和加工方式均具有相关性。针对氨基糖苷类耐药基因 *aac(6')-Ib* 检出率为 5%, 其基本与耐药表型相符。71 株 *Lm* 中均未检测到 *cfr* 基因, 然而 *cfr* 基因在动物和人源的多种细菌中广泛存在, 如在广东大型猪场分离到粪肠球菌携带 *cfr* 基因<sup>[16,17]</sup>, 然而目前 *cfr* 基因在 *Lm* 中的携带报道鲜少, 因此本研究结果基本

与报道相符。对 *Lm* 耐药表型及耐药基因型分析表明因药物的不同,符合率存在差异,这可能与该类药物存在多种耐药机制有关,不同的耐药基因表现出相同的耐药表型,也可能与不同来源的 *Lm* 有关。加工环境中的 *Lm* 耐药基因比较复杂,这些细菌可能具有潜在的耐药性,也可能成为耐药基因的主动传播者或存在耐药移动元件,这有助于了解细菌耐药性演变<sup>[18]</sup>。

综上所述,本研究对加工环境中的 *Lm* 耐药性及耐药基因携带情况进行了鉴定,其耐药性有增强趋势,这为 *Lm* 毒力增强、持续污染及李斯特菌病的治疗提供了参考依据,也为 *Lm* 的溯源预警奠定基础。针对污染现状,应进一步加强对抗生素类药物使用管制,同时要加强对加工环境中卫生质量的监管,从而为食品中 *Lm* 污染控制提供全方位的保障措施。

### 参考文献

- [1] Gandhi M, Chikindas ML. *Listeria*: A foodborne pathogen that knows how to survive [J]. Int J Food Microbiol, 2006, 113(1): 1–15.
- [2] Gilmour MW, Graham M, Domselaar GV, et al. High-throughput genome sequencing of two *Listeria monocytogenes* clinical isolates during a large foodborne outbreak [J]. BMC Genomics, 2010, 11(1): 120–135.
- [3] Todd ECD, Notermans S. Surveillance of listeriosis and its causative pathogen, *Listeria monocytogenes* [J]. Food Control, 2011, 22(9): 1484–1490.
- [4] Varma JK, Samuel MC, Marcus R, et al. *Listeria monocytogenes* infection from foods prepared in a commercial establishment: a case-control study of potential sources of sporadic illness in the United States [J]. Clin Infect Dis, 2007, 44(4): 521–528.
- [5] 孟赫诚. 广州市熟肉制品微生物污染状况及其耐药性传播研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2012.
- [6] Meng HH. Prevalence of antimicrobial resistance bacteria and propagation mechanism of drug resistance in cooked meat products, Guangzhou [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2012.
- [7] 王天姝, 王艳, 贺春月, 等. 中国部分食品分离单增李斯特菌的抗菌药物敏感性及其耐药基因检测[J]. 疾病监测, 2013, 28(3): 224–228
- [8] Wang TS, Wang Y, He CY, et al. Detection of drug susceptibility and resistant genes in selected food borne *Listeria monocytogenes* in China [J]. Dis Surv, 2013, 28(3): 224–228
- [9] 贾静, 毕振旺, 陈玉贞, 等. 2009–2010 年山东省食品中单核细胞增生李斯特菌的耐药性和分子分型研究[J]. 中华预防医学杂志, 2011, 45(12): 1065–1067.
- [10] Jia J, Bi ZW w, Chen YZ, et al. Antibiotic resistance and molecular subtyping on *Listeria monocytogenes* from foods in Shandong province from 2009 to 2010 [J]. Chin J Prev Med, 2011, 45(12): 1065–1067
- [11] 遇晓杰, 苏华, 张剑峰, 等. 黑龙江省食品中单核细胞增生李斯特氏菌污染监测[J]. 中国公共卫生管理, 2010, 44(12): 652–654.
- [12] Yu XJ, Su H, Zhang JF, et al. Monitoring of *Listeria monocytogenes* contamination in food in Heilongjiang province [J]. Chin J Public Health Manag, 2010, 44(12): 652–654.
- [13] Pierceya MJ, Ellsb TC, Macintosh AJ, et al. Variations in biofilm formation, desiccation resistance and Benzalkonium chloride susceptibility among *Listeria monocytogenes* strains isolated in Canada [J]. Int J Food

Microbiol, 2017, 257: 254–261.

- [10] Kohler R, Krause G, Beutin L, et al. Shedding of food-borne pathogens and microbiological carcass contamination in rabbits at slaughter [J]. Vet Microbiol, 2008, 132(1–2): 149.
- [11] Kovačević J, Mesak LR, Allen KJ. Occurrence and characterization of *Listeria* spp. in ready-to-eat retail foods from Vancouver, British Columbia [J]. Food Microbiol, 2012, 30(2): 372–378.
- [12] 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.
- [13] Zhao Y, Fu P, Pei XY, et al. Characteristic analysis of antimicrobial resistance of *Listeria monocytogenes* in foods [J]. Chin J Jood Hyg, 2012, 24(1): 5–8
- [14] Wang HH, Manuzon M, Lehman M, et al. Food commensal microbes as a potentially important avenue in transmitting antibiotic resistance genes [J]. FEMS Microbiol Lett, 2006, 254(2): 226–231.
- [15] Velusamy V, Arshak K, Korostynska O, et al. An overview of foodborne pathogen detection: In the perspective of biosensors [J]. Biotechnol Adv, 2010, 28(2): 232.
- [16] Uyttendaele M, Busschaert P, Valero A, et al. Prevalence and challenge tests of *Listeria monocytogenes* in Belgian produced and retailed mayonnaise-based deli-salads, cooked meat products and smoked fish between 2005 and 2007 [J]. Int J Food Microbiol, 2009, 133(1–2): 94–104
- [17] Shantha SM. Incidence of *Listeria* species in food and food processing environment: A review [J]. J Microbiol Biotechnol, 2014.
- [18] Martins EA, Germano PML. *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat, sliced, cooked ham and salami products, marketed in the city of São Paulo, Brazil: Occurrence, quantification, and serotyping [J]. Food Control, 2011, 22(2): 297–302
- [19] 于学辉, 黄兰, 杨晓农, 等. 98 株鸭源致病性大肠杆菌氨基糖苷类耐药基因型与耐药表型的比较[J]. 畜牧兽医学报, 2010, 41(12): 1568–1575
- [20] Yu XH, Huang L, Yang XN, et al. Correlation between phenotype and genotype of resistance to aminoglycoside in 98 strains of pathogenic *E. coli* from ducks [J]. Acta Vet Zootech Sin, 2010, 41(12): 1568–1575.

(责任编辑: 姜 珊)

### 作者简介



吴立婷, 硕士, 主要从事食源性病原菌的耐药性研究。

Email: 1206186910@qq.com

王 冉, 博士, 研究员, 主要从事食品污染物监测及防控研究。

E-mail: wangran2001@126.com

张 辉, 博士, 研究员, 主要从事食源性病原菌监测及生物防控研究。

Email: Huiz@jaas.ac.cn