

# 2019 年北京市食源性单增李斯特菌的 分子特征和耐药性研究

张晓媛, 刘玉竹, 张鹏航, 王 迪, 马晓晨, 陈 倩\*

(北京市疾病预防控制中心营养与食品卫生所, 北京市预防医学研究中心,  
食物中毒诊断溯源技术北京市重点实验室, 北京 100013)

**摘 要:** **目的** 研究 2019 年北京市食源性单增李斯特菌的分子特征和耐药性。**方法** 采用多重 PCR 进行血清群分型, 分离的 56 株菌株经脉冲场凝胶电泳(pulsed field gel electrophoresis, PFGE)、多位点序列分析(multilocus sequence typing, MLST)鉴定, 使用微量肉汤法检测菌株的耐药性。**结果** 56 株单增李斯特菌中有 28 株分离自冷锅串串和中式凉拌菜, 1/2a,3a 是主要的血清群。56 株菌共分为 29 个 PFGE 带型、14 个 ST 型, ST9、ST5、ST8、ST121 是优势 ST 型。2 株菌对环丙沙星耐药, 1 株菌对四环素耐药。**结论** 冷锅串串和中式凉拌菜是单增李斯特菌污染的高危食品。北京市食品来源单增李斯特菌的 ST 型别与国内其他地方食品来源菌株一致, 与北京市临床分离株一致。

**关键词:** 单增李斯特菌; 脉冲场凝胶电泳; 多位点序列分析; 耐药性

## Molecular characteristics and drug resistance of foodborne *Listeria monocytogenes* in Beijing in 2019

ZHANG Xiao-Ai, LIU Yu-Zhu, ZHANG Peng-Hang, WANG Di, MA Xiao-Chen, CHEN Qian\*

(Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing Center for Disease Preventive Medical Research, Beijing Key Laboratory of Diagnostic and Traceability Technologies for Food Poisoning, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China)

**ABSTRACT: Objective** To study the molecular characteristics and antimicrobial resistance of *Listeria monocytogenes* isolated from food in Beijing in 2019. **Methods** Serogroup were typed by mutiplex PCR, the 56 strains isolated were identified by pulsed field gel electrophoresis (PFGE) and multilocus sequence analysis (MLST), and the drug resistance of the strain was detected by trace broth method. **Results** Among the 56 strains of *Listeria monocytogenes*, 28 strains were isolated from cold pot strings and Chinese salad, and 1/2a and 3a were the main serum groups. The 56 strains were divided into 29 PFGE bands and 14 ST types, ST9, ST5, ST8 and ST121 were the main ST types, 2 isolates were resistant to ciprofloxacin and 1 isolate were resistant to tetracycline. **Conclusion** Cold pot string and Chinese cold dishes are high risk food contaminated by *Listeria monocytogenes*. The ST type of

**基金项目:** 首都卫生发展行科研专项(首发 2020-2-3012、首发 2011-1013-02)、北京市优秀人才培养资助青年骨干个人项目(2015000021469G186)

**Fund:** Supported by Capital's Funds for Health Improvement and Research(2020-2-3012, 2011-1013-02), and Young Talent Project of Beijing Excellent Talents Funding (2015000021469G186)

**\*通讯作者:** 陈倩, 主任技师, 主要研究方向为食品微生物。E-mail: cchenqian@263.net

**\*Corresponding author:** CHEN Qian, Chief Technician, Beijing Center for Disease Prevention and Control, No.16, Heping Li Middle Street, Dongcheng District, Beijing 100013, China. E-mail: cchenqian@263.net

*Listeria monocytogenes* from food sources in Beijing is consistent with that from other food sources in China and clinical isolates in Beijing.

**KEY WORDS:** *Listeria monocytogenes*; pulsed field gel electrophoresis; multilocus sequence typing; antimicrobial susceptibility

## 1 引言

单增李斯特菌是一种重要的食源性致病菌,为革兰氏阳性杆菌,可以导致李斯特菌病,在老年人、孕妇、免疫功能低下人群可引起严重症状如脑膜炎、败血症、流产等<sup>[1]</sup>。李斯特菌病的发病率较低,但病死率高,在法国,李斯特菌病的致死率在 20%~30%之间<sup>[2]</sup>。在中国 2011~2016 年共报道了 19 个省的 253 个李斯特菌病例,病死率为 25.7%<sup>[3]</sup>。1981 年在加拿大发生了一次大的李斯特菌病暴发事件,首次证实了由食品传播导致了李斯特菌病的发生<sup>[4]</sup>。随后,国际上的李斯特菌病的暴发事件不断发生,99%的单增李斯特菌病被认为是食源性的。

单增李斯特菌被分为 I、II、III、IV4 个家系<sup>[5]</sup>;被分为 13 个血清型,其中 1/2a、1/2b、4b 是单增李斯特菌临床分离株的主要血清型<sup>[6]</sup>。通过多重 PCR 可以将单增李斯特菌分为 3 个血清群,被广泛地用于血清分型中<sup>[7]</sup>。脉冲场凝胶电泳(pulsed-field gel electrophoresis, PFGE)一直被广泛用于单增李斯特菌的分子分型中,曾被认为是分子分型的金标准,广泛用于食源性疾病的暴发调查中<sup>[8]</sup>。基于 7 个管家基因的多位点序列分析(multilocus sequence typing, MLST)被用作种群结构的分析<sup>[9]</sup>。本研究对 2019 年北京市食源性致病菌监测中分离到的 56 株单增李斯特菌食品分离株进行了血清群、PFGE、MLST、耐药性分析,寻找人感染单增李斯特菌的高危食品,为食源性疾病监测风险评估提供依据。

## 2 材料与方法

### 2.1 仪器与试剂

VITEK-2 全自动细菌生化鉴定系统、VITEK 浊度仪(法国 bioMérieux 公司); HEF-DR III 脉冲场凝胶电泳仪及配套设备(美国 Bio-Rad 公司); Microflex LT 基质辅助激光解析飞行时间质谱仪(德国 Bruker 公司); Veriti 96 well Thermal cycler 普通 PCR 仪(美国 Life 公司); Cabinet 10 实验用去离子水系统(美国 Millipore 公司); SW22 水浴摇床(德国 Julabo 公司); 5417R 型台式高速离心机(德国 Eppendorf 公司); MIR-254 恒温培养箱(日本 SANYO 公司)。

脑心浸液琼脂(北京陆桥技术股份有限公司); 单增显色培养基(法国 CHROMagar 公司); Seakem Gold 琼脂糖(瑞

士 Lonza 公司); 蛋白酶 K(美国 Merck 公司); 限制性内切酶 *AscI*(10000 units/mL, 美国 New England Biolabs 公司); VITEK GP 鉴定卡(法国 bioMérieux 公司); 溶菌酶(美国 Sigma 公司); 单增李斯特菌药敏板[包括 8 种抗生素: 氨苄西林(ampicillin, AMP)、万古霉素(vancomycin, VAN)、四环素(tetracycline, TET)、红霉素(erythromycin, ERY)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、复方新诺明(trimethoprim-sulfamethoxazole, SXT)、青霉素(penicillin, PEN)和美罗培南(meropenem, MER), 上海星佰公司]; Premix Taq™试剂(北京宝生物生物技术有限公司); 金黄色葡萄球菌 ATCC29213(美国 ATCC 中心); 沙门菌 H9812(中国疾病预防控制中心传染病预防控制所)。

### 2.2 实验方法

#### 2.2.1 实验菌株

实验菌株共 56 株,为 2019 年北京市食源性致病菌监测收集的食品分离株。所有的菌株经系统生化鉴定、质谱鉴定确定为单增李斯特菌。药敏质控菌株为金黄色葡萄球菌(ATCC29213)。PFGE 分子量标准菌株为沙门菌 H9812。

#### 2.2.2 血清群分型

用多重 PCR 方法扩增单增李斯特菌的 *prs*、*lmo0737*、*lmo1118*、*ORF2110* 和 *ORF2819* 基因进行血清学分型<sup>[7]</sup>。多重 PCR 反应体系为: 模板 DNA 提取液 1 μL, Taq mix 12.5 μL, 引物 mix 2.5 μL(每条引物 2 μm), 最后加无菌蒸馏水至总体积 25 μL。多重 PCR 反应条件: 94 °C 3 min, 94 °C 0.4 min 变性; 53 °C 1.15 min 退火; 72 °C 1.15 min 延伸; 35 个循环, 最后 72 °C 7 min。取扩增产物 5 μL 在 2.0%琼脂糖凝胶上电泳, DL2000 作为 Marker, 用凝胶成像仪观察电泳结果。

#### 2.2.3 PFGE 分型

参照国际食源性致病菌病原细菌分子分型监测网络 PulseNet 中单增李斯特菌 PFGE 分型的标准操作方法进行<sup>[10]</sup>, 主要实验参数如下: 使用 *AscI* 限制性内切酶(40 U), 37 °C 酶切 3 h; 电泳参数为 4~40 S, 19 h; 胶块电泳后使用 GelRed 染色, 纯水脱色, 读取电泳图谱转成 TIFF 格式图片; 应用 *XbaI* 酶切的沙门菌标准株 H9812 作为分子量标准。用 BioNumerics 软件对电泳图像进行数据分析, 构建聚类树状图。聚类图类型根据非加权配对算术平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)构建。

### 2.2.4 MLST

56 株单增李斯特菌用 MLST 方法进行分析, 对 7 个管家基因(*abcZ*、*bglA*、*cat*、*dapE*、*dat*、*ldh*、*lhkA*)进行扩增, 扩增后的产物进行测序, 序列与 MLST 数据库中进行比对获得相应的 ST 型。使用 BioNumerics 软件构建聚类图和最小生成树。

### 2.2.5 抗生素耐药检测

采用微量肉汤法进行单增李斯特菌的抗生素耐药性检测。检测的抗生素种类有: AMP、VAN、TET、ERY、CIP、SXT、PEN 和 MER。AMP、PEN、MER 和 SXT 的药敏判定参照了美国临床实验室标准化研究所(Clinical and Laboratory Standard Institute, CLSI)标准<sup>[11]</sup>, ERY 的药敏判定标准参照了欧洲抗菌药物敏感性测试委员会(European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing, EUCAST)标准<sup>[12]</sup>, 其他抗生素的药敏判定参照了金黄色葡萄球菌的判定标准。参考菌株为金黄色葡萄球菌 ATCC29213。

## 3 结果与分析

### 3.1 菌株分布

监测结果表明(见图 1), 从 11 种食品中共分离出 56 株单增李斯特菌, 其中冷锅串串、中式凉拌菜中分离的菌株数最多, 各有 14 株, 占 50%, 其次为生肉制品, 有 8 株, 占 14.3%。

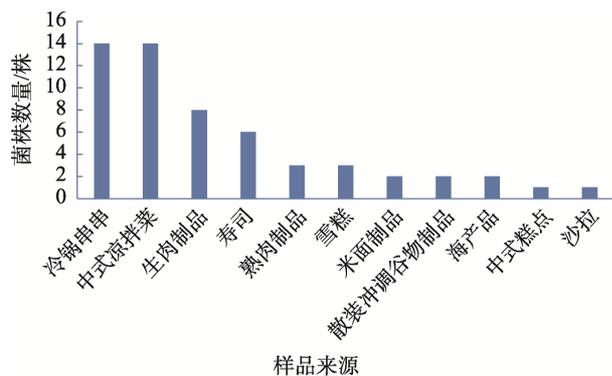


图 1 56 株单增李斯特菌的分离食品来源

Fig.1 Isolated food source of 56 strains of *Listeria monocytogenes*

### 3.2 血清群分型

血清群分型结果表明, 25 株菌(44.6%)属于 1/2a、3a 血清群, 其次是 1/2b、3b、7 血清群( $n=17$ , 30.4%)和 1/2c、3c 血清群( $n=12$ , 21.4%), 另有 2 株菌是 4b、4d、4e 血清群。1/2b、3b、7 血清群和 4b、4d、4e 血清群菌株属于家系 I, 1/2a、3a、1/2c、3c 血清群菌株属于家系 II。

### 3.3 PFGE 分型

56 株单增李斯特菌通过 *AscI* 酶切获得 29 个 PFGE 带型(见图 2)。每个带型包含 1~8 株菌。其中 12 个带型包含的菌株数多于 1 株, 其余 17 个带型只包含 1 株菌, 有 2 个带型含有的菌株数较多(8 株、7 株)。应用 UPGMA 进行聚类分析, 家系 I 和家系 II 的菌株被 PFGE 分成 2 个簇。PFGE 带型将不同血清群的菌株分为 3 个簇, 分别对应 1/2a、3a、1/2c、3c 血清群, 1/2b、3b、7 血清群和 4b、4d、4e 血清群。ST 型别相同的菌株, PFGE 带型也聚为一类。

### 3.4 MLST 分型

图 3 为 56 株单增李斯特菌的最小生成树。56 个单增李斯特菌被分为 14 个 STs, 没有检出新 ST 型。家系 I 包含了 1/2b、3b、7 和 4b、4d、4e 血清群菌株的 5 个 STs; 家系 II 包含了 1/2a、3a 和 1/2c、3c 血清群菌株的 9 个 STs(图 3)。最常见的 ST 型是 ST9(12 株菌, 占 21.4%, 属 1/2c、3c 血清群)、ST5(9 株菌, 占 16.1%, 属 1/2b、3b、7 血清群)、ST8(8 株菌, 占 14.3%, 属 1/2a、3a 血清群)、ST121(8 株菌, 占 14.3%, 属 1/2a、3a 血清群)、ST87(4 株菌, 占 7.1%, 属 1/2b、3b、7 血清群)、ST101(4 株菌, 占 7.1%, 属 1/2a、3a 血清群)、ST3(3 株菌, 占 5.4%, 属 1/2b、3b、7 血清群)、ST2(2 株菌, 占 3.6%, 属 4b、4d、4e 血清群), 其他 6 个 ST 型只包含 1 株菌。在 14 个 STs 中, 13 个 STs 能被划分到序列群, 1 个 ST(ST619)不形成序列群。

### 3.5 抗生素耐药性

表 1 为 56 株菌的抗生素敏感性的实验结果。所有的菌株都对 AMP、ERY、SXT、PEN、MER 敏感。2 株菌(1/2c、3c 血清群, ST9)对 CIP 耐药; 1 株菌(1/2a、3a 血清群, ST155)对 TET 耐药; 1 株菌(1/2c、3c 血清群, ST9)对 VAN 中介。

## 4 结论与讨论

本研究中 75% 的单增李斯特菌菌株分离自冷锅串串、中式凉拌菜、生肉制品和寿司中。既往的研究显示肉与肉制品、水产动物及中式凉拌菜等单核细胞增生李斯特菌检出率较高<sup>[13]</sup>。在 2017 年四川省的监测中也在冷锅串串中分离到了单增李斯特菌<sup>[14]</sup>。冷锅串串、中式凉拌菜、寿司、肉与肉制品是单增李斯特菌污染的高风险食品。

本研究获得的单增李斯特菌菌株的优势血清群是 1/2a、3a, 其次是 1/2b、3b、7 和 1/2c、3c, 只有 2 株菌是 4b、4d、4e 血清群, 与国内的相关报道一致<sup>[15-17]</sup>。北京市单增李斯特菌的临床分离株的优势血清群为 1/2a、3a 和 1/2b、3b、7、4b、4d、4e 血清群菌株少, 没有发现 1/2c、3c 菌株<sup>[18]</sup>。北京市食品来源单增李斯特菌和临床分离株的优势血清型一致。

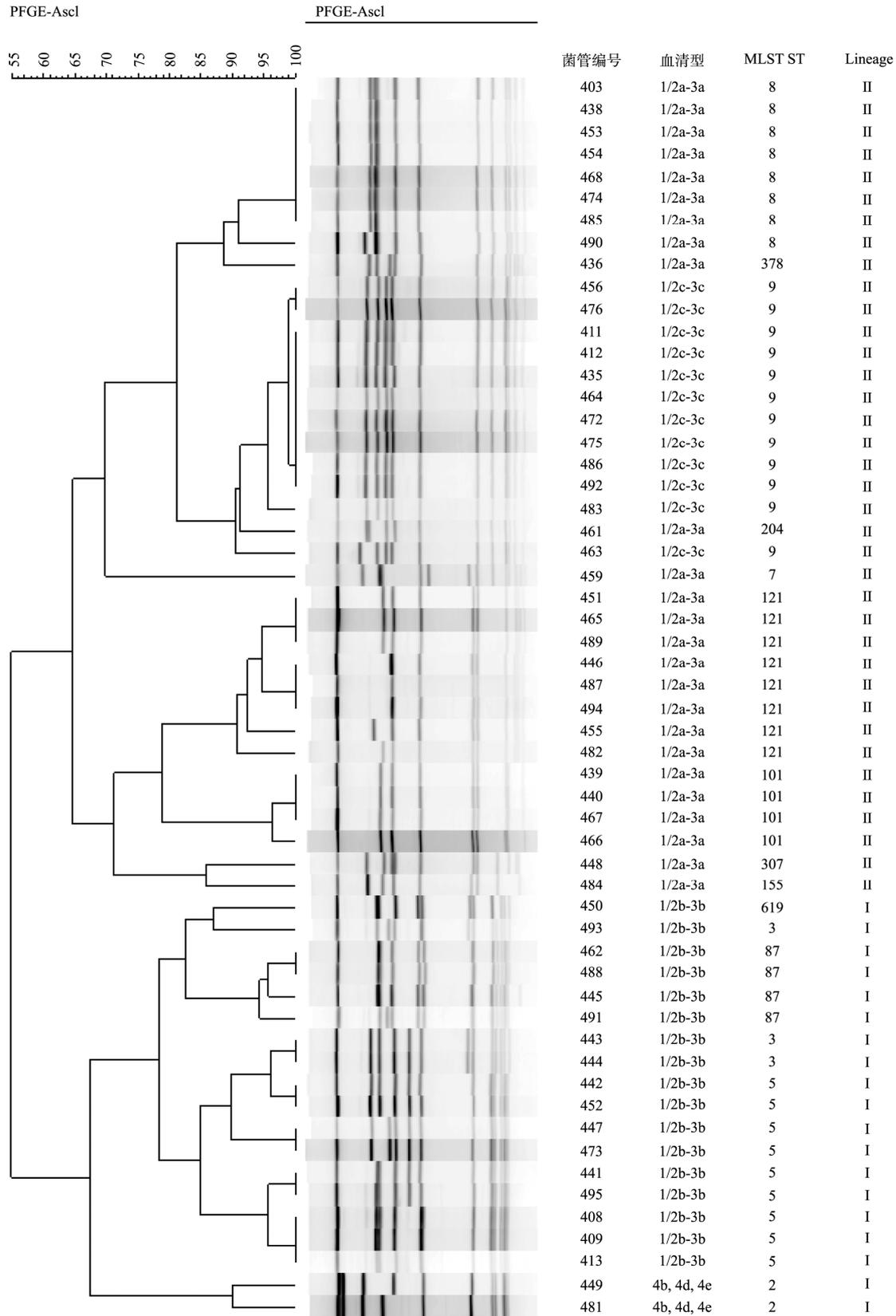
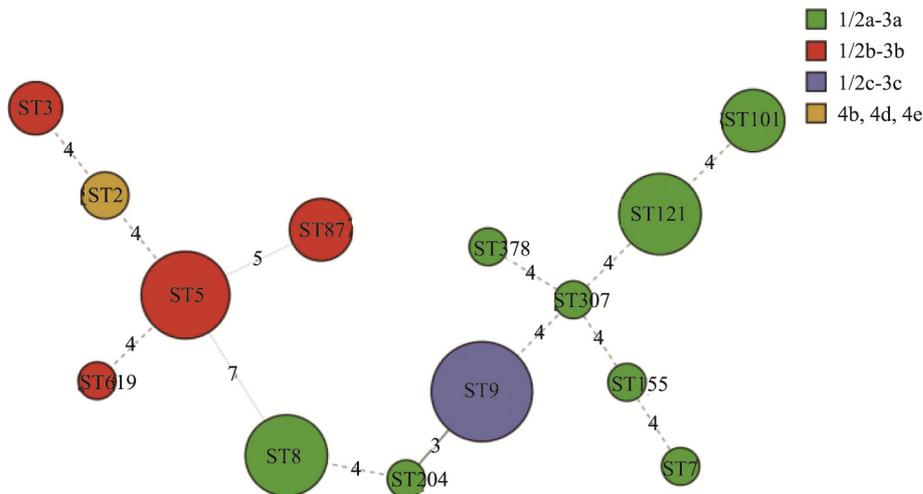


图 2 56 株单增李斯特菌的 PFGE 聚类图  
 Fig.2 PFGE cluster analysis of 56 strains of *L. monocytogenes*



注: 每个圆圈代表 1 种 ST 型, 圆圈的大小表示菌株数量的多少, 颜色代表血清群。线条表示不同 ST 型之间相差的等位基因。

图 3 56 株单增李斯特菌的最小生成树

Fig.3 The minimum spanning tree of STs of 56 *L. monocytogenes* strains

表 1 56 株单增李斯特菌的药敏结果  
Table 1 Drug sensitivity results of 56 strains of *Listeria monocytogenes*

抗生素	菌株数量			耐药率/%
	敏感	耐药	中介	
氨苄西林(AMP)	56	0	/	0
万古霉素(VAN)	55	0	1	0
四环素(TET)	55	1	/	1.8
红霉素(ERY)	56	0	/	0
环丙沙星(CIP)	54	2	/	3.6
复方新诺明(SXT)	56	0	/	0
青霉素(PEN)	56	0	/	0
美罗培南(MER)	56	0	/	0

本研究发现 PFGE 带型有 2 个优势带型, 分别是 1/2a、3a(ST8)和 1/2c、3c(ST8)血清群菌株。与北京市临床分离株的 PFGE 带型比较发现, 有部分 2019 年食源性单增李斯特菌菌株的带型是食品和临床分离株共同具有的 PFGE 带型。通过分子流行病学研究可以发现一些潜在的暴发, 如 Ariza-Miguel 等<sup>[19]</sup>利用 PFGE 和 MLST 技术分析菌株基因水平的相关性, 从而识别了一些流行病学相关菌株。本研究结果提示这些食品可能是临床感染单增李斯特菌的高危食品, 仍需进一步结合流行病学资料和全基因组测序结果共同进行溯源分析。

在本研究中, ST9、ST5、ST8、ST121、ST87 和 ST101 是常见的 MLST 型别, 与国内其他研究的结果一致<sup>[17,18,20,21]</sup>。但食品的种类不同, 优势 ST 型也不相同, 如

在中国生猪肉中分离的单增李斯特菌的最常见 ST 型是 ST9<sup>[22]</sup>, 水产品 and 可食用蘑菇分离菌株最常见的 ST 型是 ST87、ST8<sup>[16,23]</sup>。北京市单增李斯特菌的临床分离株的常见 ST 型为 ST8、ST5、ST87<sup>[18]</sup>, 与本研究结果一致。另外本研究中的 ST 型也有其他国家李斯特菌病暴发存在的型别。ST1、ST2、ST5 菌株导致了意大利、加拿大和美国等多个国家单增李斯特菌病的暴发<sup>[24-26]</sup>。尽管我国目前没有李斯特菌病的暴发报道, 但不同来源菌株分子水平的比较对李斯特菌病的溯源具有重要意义, 可以及时预警, 防止暴发。

单增李斯特菌的耐药情况并不严重, 对四环素耐药是最常见的耐药表型。在本研究中, 有 1 株菌对四环素耐药, 2 株菌对环丙沙星耐药。这 3 种菌都分离自生肉或者熟肉制品中。多项研究报道了一些国家分离的单增李斯特菌对抗生素的敏感性下降, 同时出现了多重耐药菌株<sup>[27,28]</sup>, 需要引起重视。鉴于抗生素耐药基因可以在不同菌株之间转移, 甚至从革兰氏阴性菌转移至革兰氏阳性菌, 因而持续监测单增李斯特菌的耐药情况尤为必要。

参考文献

- [1] Goulet V, Hebert M, Hedberg C, et al. Incidence of listeriosis and related mortality among groups at risk of acquiring listeriosis [J]. Clin Infect Dis, 2012, 54: 652-660.
- [2] Goulet V, King LA, Vaillant V, et al. What is the incubation period for listeriosis [J]. BMC Infect Dis, 2013, 13: 11.
- [3] Li W, Bai L, Fu P, et al. The epidemiology of *Listeria monocytogenes* in China [J]. Foodborne Pathog Dis, 2018, 15: 459-466.
- [4] Schlech WF, Lavigne PM, Bortolussi RA, et al. Epidemic listeriosis—evidence for transmission by food [J]. N Engl J Med, 1983, 308:

- 203–206.
- [5] Orsi RH, Den-Bakker HC, Wiedmann M. *Listeria monocytogenes* lineages: Genomics, evolution, ecology, and phenotypic characteristics [J]. Int J Med Microbiol, 2011, 301: 79–96.
- [6] Gilot P, Genicot A, Andre P. Serotyping and esterase typing for analysis of *Listeria monocytogenes* populations recovered from foodstuffs and from human patients with listeriosis in Belgium [J]. J Clin Microbiol, 1996, 34: 1007–1010.
- [7] Doumith M, Buchrieser C, Glaser P, et al. Differentiation of the major *Listeria monocytogenes* serovars by multiplex PCR [J]. J Clin Microbiol, 2004, 42(8): 3819–3822.
- [8] Lomonaco S, Nucera D, Filipello V. The evolution and epidemiology of *Listeria monocytogenes* in Europe and the United States [J]. Infect Genet Evol, 2015, 35: 172–183.
- [9] Ragon M, Wirth T, Hollandt F, et al. A new perspective on *Listeria monocytogenes* evolution [J]. PLoS Pathog, 2008, 4: e1000146.
- [10] Graves LM, Swaminathan B. PulseNet standardized protocol for subtyping *Listeria monocytogenes* by macrorestriction and pulsed-field gel electrophoresis [J]. Int J Food Microbiol, 2001, 65: 55–62.
- [11] Clinical and Laboratory Standards Institute. Methods for antimicrobial dilution and disk susceptibility testing of infrequently isolated or fastidious bacteria-third edition: M45. CLSI, Wayne, PA, USA [Z]. 2015.
- [12] The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters [Z].
- [13] Li W, Bai L, Fu P, et al. The epidemiology of *Listeria monocytogenes* in China [J]. Foodborne Pathog Dis, 2018, 15(8): 459–466.
- [14] 何玲玲, 罗赞, 刘颜, 等. 2017 年绵阳市食品污染物监测结果 [J]. 职业与健康, 2018, 34(18): 2659–2661.
- He LL, Luo Y, Liu Y, et al. Monitoring results of food contaminants in Mianyang City in 2017 [J]. Occup Health, 2018, 34(18): 2659–2661.
- [15] Chen MT, Wu QP, Zhang JM, et al. Prevalence, enumeration, and phenotypic characteristics of *Listeria monocytogenes* isolated from raw foods in south china [J]. Front Microbiol, 2015, 6: 1026.
- [16] Chen MT, Cheng JH, Wu QP, et al. Occurrence, antibiotic resistance, and population diversity of *Listeria monocytogenes* isolated from fresh aquatic products in china [J]. Front Microbiol, 2018, 9: 2215.
- [17] Wu S, Wu QP, Zhang JM, et al. *Listeria monocytogenes* prevalence and characteristics in retail raw foods in China [J]. PLoS One, 2015, 10:e0136682.
- [18] Zhang XA, Niu YL, Liu YZ, et al. Isolation and characterization of clinical *Listeria monocytogenes* in Beijing, China, 2014–2016 [J]. Front Microbiol, 2019, 10:981.
- [19] Ariza-Miguel J, Fernandez-Natal MI, Soriano F, et al. Molecular epidemiology of invasive *Listeriosis* due to *Listeria monocytogenes* in a spanish hospital over a nine-year study period, 2006–2014 [J]. Bio Med Res Int, 2015, DOI: 10.1155/2015/191409
- [20] Wang Y, Zhao A, Zhu RF, et al. Genetic diversity and molecular typing of *Listeria monocytogenes* in China [J]. BMC Microbiol, 2012, 12: 119.
- [21] 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, Zhang 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.
- [22] Wang Y, Lu L, Lan RT, et al. Isolation and characterization of *Listeria* species from rodents in natural environments in China [J]. Emerg Microbes Infect, 2017, 6: e44.
- [23] Chen MT, Cheng JH, Wu QP, et al. Prevalence, potential virulence, and genetic diversity of *Listeria monocytogenes* isolates from edible mushrooms in Chinese markets [J]. Front Microbiol, 2018, 9: 1711.
- [24] Ericsson H, Eklow A, Danielsson-Tham ML, et al. An outbreak of *Listeriosis* suspected to have been caused by rainbow trout [J]. J Clin Microbiol, 1997, 35: 2904–2907.
- [25] Aureli P, Fiorucci GC, Caroli D, et al. An outbreak of febrile gastroenteritis associated with corn contaminated by *Listeria monocytogenes* [J]. N Engl J Med, 2000, 342: 1236–1241.
- [26] Lomonaco S, Verghese B, Gerner-Smidt P, et al. Novel epidemic clones of *Listeria monocytogenes*, United States, 2011 [J]. Emerg Infect Dis, 2013, 19: 147–150.
- [27] Pesavento G, Ducci B, Nieri D, et al. Prevalence and antibiotic susceptibility of *Listeria* spp. isolated from raw meat and retail foods [J]. Food Control, 2010, 21: 708–713.
- [28] Korsak D, Borek A, Daniluk S, et al. Antimicrobial susceptibilities of *Listeria monocytogenes* strains isolated from food and food processing environment in Poland [J]. Int J Food Microbiol, 2012, 158: 203–208.

(责任编辑: 韩晓红)

## 作者简介

张晓媛, 主要研究方向为微生物检验。  
E-mail: zhangxiaoyan\_0922@163.com

陈倩, 主任技师, 主要研究方向为食品微生物。  
E-mail: cchenqian@263.net