

广州市售散装熟肉制品中细菌的耐药性及耐药基因研究

姜晓冰¹, 于涛², 孟赫诚³, 马剑敏¹, 石磊³

(1. 河南师范大学生命科学学院, 河南新乡 453007) (2. 新乡学院化学与化工学院, 河南新乡 453000)

(3. 华南理工大学轻工与食品学院, 广东广州 510640)

摘要: 本文以广州市售散装熟肉制品为研究对象, 通过 16S rDNA 序列分析及生理生化试验对菌株进行鉴定, 同时检测菌株对四环素和复方新诺明的耐药性及耐药基因的分布。40 份熟肉制品中共筛选出 169 株细菌, 其中肠杆菌属、假单胞菌属和柠檬酸杆菌属所占比例较大。所有分离株中有 55 株 (32.54%) 对四环素表现出耐药, 40 株 (23.67%) 对复方新诺明表现出耐药。在 7 种四环素耐药基因中, *teM* (14.20%) 的检出率为最高, 其次分别为 *tetA* (10.06%)、*tetS* (5.92%) 和 *tetB* (2.96%); 磺胺类耐药基因中 *suII* 的检出率最高, 为 10.65%。169 株受试菌中有 19 株 (11.24%) 同时含有两种或两种以上耐药基因。熟肉制品中耐药菌株及相关耐药基因的广泛分布表明这些食源性细菌已成为潜在的耐药基因库, 并且可能通过食品链将耐药性传递给人类, 从而引起人类的感染以及耐药菌株的流行。

关键词: 肉制品; 细菌; 鉴定; 抗生素; 耐药基因

文章编号: 1673-9078(2014)7-63-68

The Antimicrobial Resistance and Resistant Genes in Bacteria from Bulk Cooked Meats in Guangzhou

JIANG Xiao-bing¹, YU Tao², MENG He-cheng³, MA Jian-min¹, SHI Lei³

(1. College of Life Sciences, Henan Normal University, Xinxian 453007, China)

(2. Department of Chemistry and Chemical Engineering, Xinxian University, Xinxian 453000, China)

(3. School of Light Industry and Food Sciences, South China University of Technology, Guangzhou 510640, China)

Abstract: The aerobic bacteria were isolated from cooked meats in Guangzhou, identified by 16S rDNA amplification and biochemical identification, and the antimicrobial resistance to tetracycline and trimethoprim/sulfamethoxazole and the prevalence of corresponding resistant genes were investigated in this study. Of the 169 isolates collected from 40 samples, *Enterobacter*, *Pseudomonas* and *Citrobacter* were found more frequently in these cooked meats. Fifty-five (32.54%) of all isolates were resistance to tetracycline and 40 (23.67%) of them were resistance to trimethoprim/sulfamethoxazole. Among seven tetracycline resistance genes in this study, *teM* (14.20%) was found in the highest frequency, followed by *tetA* (10.06%), *tetS* (5.92%) and *tetB* (2.96%), while *suII* (10.65%) was observed in the highest frequency in trimethoprim/sulfamethoxazole resistance genes. Multiple antimicrobial resistance genes were detected in 19 of 169 (11.24%) isolates. The prevalence of resistance genes in isolates from cooked meats indicates that these bacteria might act as a reservoir of antimicrobial resistance genes and play a role in the dissemination of resistance along the food chain.

Key words: meats; bacteria; identification; antimicrobial agents; resistance genes

随着抗生素在临床、畜牧业、养殖业等领域中的广泛应用, 细菌耐药性问题愈发严重。四环素是一种

收稿日期: 2013-12-29

基金项目: 河南省教育厅科学技术研究重点项目 (13A610839)

作者简介: 姜晓冰 (1984-), 女, 博士, 讲师, 主要从事食品微生物安全方面的研究

通讯作者: 石磊 (1961-), 男, 博士, 教授, 主要从事分子生物学方面的研究

广谱抗生素, 主要通过阻止细菌蛋白质的合成而发挥抑菌作用。复方新诺明为磺胺类抗菌药物, 是磺胺甲基异噁唑与甲氧苄氨嘧啶的复方制剂。这两种抗生素具有高效、价廉等优点, 已成为人类临床及动物疾病治疗和预防的常用药物。近年来, 国内外已有多例从食品中分离到四环素和复方新诺明耐药菌株的报道, 但多集中于生肉样品, 对熟肉制品的研究相对较少^[1-2]。且这些研究几乎都是针对某种特定细菌, 很少涉

及熟肉制品中微生物及耐药基因的分布。有研究表明,食源性耐药菌株可通过直接接触、食品链和环境污染将耐药性及耐药基因传播给人,对人类健康构成潜在威胁^[3]。

熟肉制品是指以畜、禽肉为主要原料,经酱、卤、熏、烤、腌、煮等加工工艺制成的可直接食用的肉类加工制品。这些肉类制品多为散装食品,在其加工、储存、运输和销售的各个环节存在多种污染因素,极易发生微生物污染^[4-5]。一般情况下,当肉的中心温度达到 70 °C 并且持续 2 min 以上,大多数微生物都会被杀死^[6]。但是,当熟肉制品在加热过程中没有达到足够的温度和时间或者由于肉块过大未能完全烧煮透时,一些耐热的细菌或芽孢仍然会存活下来,如枯草芽孢杆菌等。加工环境也是一个不可忽视的重要因素,熟肉制品可能通过与操作人员的手、衣物、工具或空气中的尘埃、鼠类及蝇虫等接触而重新受到污染^[7]。另外,生产加工间流程布局不合理造成的交叉污染也会直接或间接引起熟肉制品的微生物污染^[8-9]。由于熟肉制品为即食食品,在食用时一般不做二次加工而直接入口,一旦受到细菌污染就极易引起食源性疾病^[10-11]。从对历年食物中毒事件的分析可知,由于食用不洁熟肉制品和凉菜引起的食物中毒占了很大比例^[12]。因此,了解熟肉制品中微生物的存在情况对食品质量安全控制具有重要意义。

鉴于此,本研究以广州市售散装熟肉制品为研究对象,通过 16S rDNA 序列分析及生理生化试验,对样品中的需氧菌进行鉴定,同时检测菌株对四环素和复方新诺明的耐药性及耐药基因的分布,为食源性疾病的快速反应、预警和控制由食源性致病菌引起的食品安全问题提供数据支持和科学依据。

1 材料与amp;方法

1.1 样品采集

2009 年 12 月至 2010 年 2 月从广州市不同超市和熟肉店采集散装熟肉制品共 40 份,样品在 2 h 内运送至实验室进行后续操作。

1.2 标准菌株

药敏试验用质控菌株 *Escherichia coli* ATCC 25922、*Enterococcus faecalis* ATCC 29212、*Staphylococcus aureus* ATCC 29213 和 *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 由海军总医院检验科惠赠。

1.3 试剂与仪器

蛋白胨水、NA 培养基、BHI 琼脂、MH 培养基,广东环凯微生物技术有限公司;用于 PCR 扩增的试剂,大连宝生物工程有限公司;扩增引物,上海英骏生物技术有限公司;四环素、磺胺甲基异噁唑、甲氧苄氨嘧啶,美国 Sigma 公司。

均质袋、玻璃珠、研磨珠均质机,美国 Biospec 公司;拍击式均质器,法国 Interscience 公司;基因扩增仪,北京东胜创新生物科技有限公司;电泳仪,北京市六一仪器厂;凝胶成像分析系统,美国 Bio-Rad。

1.4 方法

1.4.1 细菌的培养与分离纯化

以无菌操作取样品 25 g 放入含有 225 mL 0.1% 蛋白胨水的均质袋中,在拍击式均质器上连续均质 1~2 min。从均质液中吸取 0.5 mL,用 0.1% 的蛋白胨水按 10 倍递增进行梯度稀释,选取 3 个适宜的稀释度均匀涂布在 NA 培养基上,37 °C 培养 48 h。挑取外观形态不一样的单菌落划线于 BHI 平板上进行纯化,纯化后的菌株转至 LB 平板上,4 °C 保存。

1.4.2 DNA 模板的制备

将保存的菌株接种到 3 mL LB 液体培养基中,37 °C 培养 18~24 h。在 1.5 mL 的离心管中按 1:1 的比例分别加入直径为 0.5 mm 和 0.1 mm 的玻璃珠,取 1 mL 菌液于离心管中,加入 200 μL DNA 裂解液,混合均匀。将样品置于研磨珠均质机均质 3 min,水浴 15 min,将上清液转移到干净无菌离心管中,-20 °C 保存备用。

1.4.3 16S rDNA 的 PCR 扩增

以提取的基因组 DNA 为模板,选用细菌通用引物正向引物 27F: 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3',反向引物 1492R: 5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3'。PCR 反应程序为:95 °C 预变性 3 min;95 °C 变性 1 min,55 °C 退火 1 min,72 °C 延伸 1 min,30 个循环;72 °C 延伸 10 min。PCR 产物送至上海英骏生物技术有限公司进行 DNA 序列双向测序,测序结果登陆 GenBank 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) 进行比对确定菌株的种属,同时利用法国生物梅里埃公司 VITEK 2 COMPACT 全自动细菌鉴定仪对菌株进行鉴定。

1.4.4 药敏试验

采用微量肉汤稀释法测定菌株对四环素和复方新诺明的敏感性,根据美国临床实验室标准化委员会 (CLSI) 的标准进行药物敏感性判断。药敏结果分为敏感(S)和耐药(R)两种。

1.4.5 PCR 扩增耐药基因

所有菌株经 PCR 扩增检测四环素耐药基因 *tetA*、*tetB*、*tetC*、*tetK*、*tetL*、*tetM*、*tetS*，磺胺甲基异噁唑耐药基因 *sulI*、*sulII* 和甲氧苄氨嘧啶耐药基因 *dfxA1~dfxA12*，引物序列及扩增条件见参考文献。选择部分 PCR 产物送至上海英骏生物技术有限公司进行基因测序，结果在 GenBank 基因库中比对分析。

2 结果与讨论

2.1 熟肉制品中细菌的分离与鉴定

本研究中共采集熟肉制品 40 份，其中包括 20 份烧烤类样品和 20 份酱卤类样品，以超市非定型包装、熟肉店自制制品为主。每个样品对应的平板上均有细菌生长。根据样品在 NA 培养基上所生长的细菌菌落表型差异的特点，共筛选出 169 株，其中 72 株分离自烧烤肉样品，97 株分离自酱卤肉样品。实验中菌株的分离主要根据其在形态、颜色等特征特异性差别显著的基础上进行筛选，不排除筛选出同一种属甚至是同一菌株。

所有菌株经过 16S rDNA 的 PCR 扩增均出现了清晰可辨的特异性条带，条带大小为 1500 bp 左右（图 1）。测得的 16S rDNA 序列采用 Blastn 进行比对，相似性均达到 97% 以上。通过 16S rDNA 序列同源性比较及细菌鉴定仪的鉴定结果表明，这些菌株分别属于 16 个属：气单胞菌属 (*Aeromonas*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、短杆菌属 (*Brevibacterium*)、柠檬酸杆菌属 (*Citrobacter*)、肠杆菌属 (*Enterobacter*)、埃希氏菌属 (*Escherichia*)、克雷伯氏菌属 (*Klebsiella*)、克吕沃尔氏菌属 (*Kluyvera*)、勒克菌属 (*Leclercia*)、微杆菌属 (*Microbacterium*)、泛菌属 (*Pantoea*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*)、希瓦氏菌属 (*Shewanella*)、葡萄球菌属 (*Staphylococcus*) 和弧菌属 (*Vibrio*) (表 1)。169 株分离株中有 36 株 (21.30%) 为革兰氏阳性菌，包括 4 株枯草芽孢杆菌 (*Bacillus subtilis*)、8 株短杆菌属、9 株微杆菌属和 12 株葡萄球菌属。在所有菌株中，肠杆菌属 (30 株，17.75%)、假单胞菌属 (23 株，13.61%) 和柠檬酸杆菌属 (16 株，9.47%) 所占比例较大，为优势菌株。

2.2 药敏试验结果

169 株分离株中有 55 株 (32.54%) 对四环素表现出耐药，40 株 (23.67%) 对复方新诺明表现出耐药。72 株分离自烧烤肉样品的菌株对四环素和复方新诺明的耐药率分别为 25.00% (18 株) 和 15.28% (11 株)；97 株分离自酱卤肉样品的菌株对四环素和复方新诺

明的耐药率分别为 38.14% (37 株) 和 29.90% (29 株)。

2.3 耐药基因检测结果

表 1 熟肉制品中细菌的鉴定结果

Table 1 Identification of isolates from cooked meat products in this study

细菌种属	分离的菌株数/株		
	烧烤类	酱卤类	合计
<i>Aeromonas</i> spp.	2	1	3
<i>Bacillus subtilis</i>	4	-	4
<i>Brevibacterium</i> spp.	7	8	8
<i>Citrobacter</i> spp.	7	9	16
<i>Citrobacter freundii</i>	5	6	11
<i>Citrobacter koseri</i>	2	3	5
<i>Enterobacter</i> spp.	14	16	30
<i>Enterobacter aerogenes</i>	5	5	10
<i>Enterobacter cancerogenus</i>	-	3	3
<i>Enterobacter cloacae</i>	9	8	17
<i>Escherichia coli</i>	1	4	5
<i>Klebsiella</i> spp.	7	8	15
<i>Klebsiella oxytoca</i>	3	1	4
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	7	11
<i>Kluyvera georgiana</i>	1	-	1
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	-	2	2
<i>Microbacterium</i> spp.	4	5	9
<i>Pantoea agglomerans</i>	6	7	13
<i>Pseudomonas</i> spp.	8	15	23
<i>Pseudomonas putida</i>	5	6	11
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	3	9	12
<i>Serratia liquefaciens</i>	7	2	9
<i>Shewanella putrefaciens</i>	-	2	2
<i>Staphylococcus</i> spp.	6	9	15
<i>Vibrio</i> spp.	5	9	14
<i>Vibrio fluvialis</i>	5	7	12
<i>Vibrio harveyi</i>	-	2	2
合计	72	97	169

由表 3 可知所有菌株共检出 4 种不同的四环素耐药基因，检出率从高到低依次为 *tetM* (14.20%)、*tetA* (10.06%)、*tetS* (5.92%) 和 *tetB* (2.96%)。在 55 株四环素耐药菌株中，14 株 (25.45%) 携带两种不同的四环素耐药基因。本研究中 *tetM* 的检出率最高，这与 Wang 等^[13]对食品样品的检测结果一致。早期的研究表明 *tetM* 主要存在于革兰氏阳性菌中，后来随着研究的深入发现在一些革兰氏阴性菌，如肠杆菌属，大肠埃希氏属，假单胞菌属和弧菌属等细菌中也能检出

tetM^[1]。本研究中 *tetM* 在肠杆菌科和假单胞菌科细菌中的广泛分布也进一步印证了前人的研究结果。

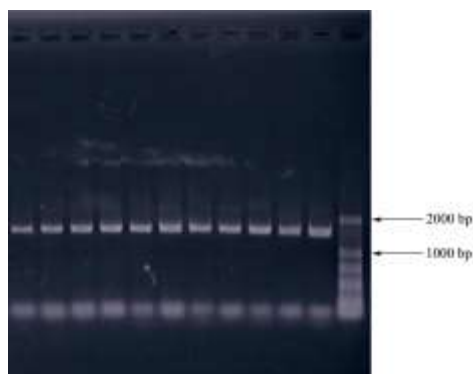


图 1 菌株的 16S rDNA 电泳图谱

Fig.1 PCR amplification of 16S rDNA

所有菌株共检出 5 种不同的磺胺类耐药基因，检出率从高到低依次为 *suII* (10.65%)、*suIII* (5.32%)、*dfrA1* (1.78%)、*dfrA12* (1.78%) 和 *dfrA6* (0.59%)。40 株复方新诺明耐药菌株中有 19 株 (47.50%) 携带一种或一种以上相关耐药基因。本研究所包含的 14 种磺胺类耐药基因中 *suII* 的检出率最高，并且该基因常和 *suIII* 共同存在于磺胺类耐药菌株中。研究表明，编码磺胺甲基异噁唑耐药的 *suI* 基因和编码甲氧苄氨嘧啶耐药的 *dfr* 基因常位于可移动遗传元件上，如整合子，质粒等，并且能够通过水平转移在细菌种内甚至种间传递，从而加速耐药以及多重耐药菌株的产生。

通过对这些细菌中四环素和磺胺类耐药基因的检测发现，30.18% (51/169) 的菌株携带一个或一个以上耐药基因 (表 3)。在一株分离自烧烤肉样品的弗氏

柠檬酸杆菌中同时检出 *tetM*、*tetS*、*suII*、*suIII* 和 *dfrA1*，而在另一株分离自酱卤肉样品的大肠埃希氏菌中则同时检出 *tetA*、*tetB*、*suI*、*suIII* 和 *dfrA12*。

值得注意的是，在少数耐药菌中并没有检出相应的耐药基因，表明在这些耐药菌株中可能还存在其他的耐药机制；而在一些对四环素和复方新诺明敏感的菌株中却能检测到相关的耐药基因，可能是因为这些基因在菌株中受到抑制没有得到表达所致，也可能是耐药基因本身突变、缺失而失去功能或者功能减弱所致。

表 2 四环素和磺胺类耐药基因在细菌中的分布

Table 2 Distribution of tetracycline and trimethoprim/sulfamethoxazole resistance genes in bacteria

耐药基因	烧烤肉样品			酱卤肉样品		
	耐药	敏感	合计	耐药	敏感	合计
四环素						
<i>tetA</i>	6	1	7	9	1	10
<i>tetB</i>	2	-	2	3	-	3
<i>tetM</i>	6	3	9	13	2	15
<i>tetS</i>	3	-	3	7	-	7
磺胺类						
<i>suII</i>	7	-	7	8	3	11
<i>suIII</i>	4	1	5	4	-	4
<i>dfrA1</i>	1	-	1	2	-	2
<i>dfrA6</i>	-	-	-	-	1	1
<i>dfrA12</i>	1	-	1	2	-	2

表 3 51 株细菌的药敏结果及耐药基因的检出情况

Table 3 Results of antimicrobial susceptibility and resistance genes in 51 isolates

样品	菌株名称	四环素	复方新诺明	四环素耐药基因	磺胺类耐药基因
烧烤肉	<i>Citrobacter freundii</i>	R	S	<i>tetA, tetM</i>	
	<i>Citrobacter freundii</i>	R	R	<i>tetM, tetS</i>	<i>suII, suIII, dfrA1</i>
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	S	S	<i>tetM</i>	
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	R	R	<i>tetS</i>	<i>suII</i>
	<i>Enterobacter cloacae</i>	R	S	<i>tetA</i>	
	<i>Enterobacter cloacae</i>	S	R	<i>tetA</i>	<i>suII</i>
	<i>Enterobacter cloacae</i>	R	R	<i>tetM, tetS</i>	<i>suII</i>
	<i>Escherichia coli</i>	R	R	<i>tetA, tetM</i>	<i>suII, suIII</i>
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	R	R	<i>tetA, tetB</i>	<i>suII, dfrA12</i>
	<i>Pantoea agglomerans</i>	R	R	<i>tetA</i>	
	<i>Pantoea agglomerans</i>	S	S	<i>tetM</i>	
	<i>Pseudomonas putida</i>	R	S	<i>tetA</i>	
	<i>Pseudomonas putida</i>	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	S	R		<i>suII</i>

转下页

接上页

	<i>Serratia liquefaciens</i>	R	S	<i>tetB</i>	
	<i>Staphylococcus</i> sp.	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Staphylococcus</i> sp.	S	S	<i>tetM</i>	
	<i>Vibrio fluvialis</i>	S	R		<i>suII</i>
	<i>Vibrio fluvialis</i>	S	R		<i>suII</i>
	<i>Vibrio fluvialis</i>	S	S		<i>suII</i>
<hr/>					
	<i>Aeromonas</i> sp.	S	R		<i>suII</i>
	<i>Citrobacter freundii</i>	R	R	<i>tetA, tetM</i>	<i>suII, suIII</i>
	<i>Citrobacter freundii</i>	R	R	<i>tetA, tetM</i>	<i>suII, dfrA12</i>
	<i>Citrobacter freundii</i>	R	S	<i>tetA</i>	<i>suII</i>
	<i>Citrobacter koseri</i>	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Citrobacter koseri</i>	R	S	<i>tetS</i>	
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	S	S	<i>tetM</i>	
	<i>Enterobacter aerogenes</i>	R	S	<i>tetA</i>	
	<i>Enterobacter cancerogenus</i>	R	S	<i>tetM, tetS</i>	
	<i>Enterobacter cloacae</i>	S	S	<i>tetA</i>	
	<i>Enterobacter cloacae</i>	R	R	<i>tetA, tetM</i>	<i>suII, dfrA1</i>
	<i>Enterobacter cloacae</i>	R	S	<i>tetM</i>	<i>suII</i>
	<i>Escherichia coli</i>	R	R	<i>tetM, tetS</i>	<i>suII, dfrA1</i>
	<i>Escherichia coli</i>	R	R	<i>tetA, tetB</i>	<i>suII, suIII, dfrA12</i>
	<i>Klebsiella oxytoca</i>	R	S	<i>tetM</i>	<i>suII</i>
酱卤肉	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	S	S	<i>tetM</i>	
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	R	S	<i>tetA</i>	
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	R	S	<i>tetM, tetS</i>	<i>dfrA6</i>
	<i>Leclercia adecarboxylata</i>	R	R		<i>suII</i>
	<i>Leclercia adecarboxylata</i>	S	R		<i>suII</i>
	<i>Pantoea agglomerans</i>	R	S	<i>tetB</i>	
	<i>Pseudomonas putida</i>	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Pseudomonas putida</i>	R	S	<i>tetS</i>	
	<i>Pseudomonas putida</i>	R	S	<i>tetM, tetS</i>	
	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	R	S	<i>tetS</i>	
	<i>Serratia liquefaciens</i>	R	S	<i>tetA, tetB</i>	
	<i>Serratia liquefaciens</i>	R	S	<i>tetA</i>	
	<i>Staphylococcus</i> sp.	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Staphylococcus</i> sp.	R	S	<i>tetM</i>	
	<i>Vibrio harveyi</i>	S	R		<i>suIII</i>
	<i>Vibrio fluvialis</i>	S	R		<i>suIII</i>

3 结论

3.1 本研究从 40 份散装熟肉制品中分离得到 169 株细菌，其中以肠杆菌属、假单胞菌属和柠檬酸杆菌属最常见。药敏结果显示这些菌株对四环素的耐药率稍高于复方新诺明，通过对所有菌株中四环素和磺胺类耐药基因的检测发现，30.18%的菌株携带一个或一个

以上耐药基因。本研究中耐药基因的广泛分布也表明这些食源性细菌已经成为潜在的耐药基因库，并且可能通过食品链将耐药性传递给人类，从而引起人类的感染以及耐药菌株的迅速增加和蔓延。

3.2 尽管本研究中采集的熟肉制品样品数量较少，但是也从一定程度上反映了广州市售散装熟肉制品的微生物安全状况不容乐观。为了保证熟肉制品的质量安

全, 避免食源性疾病的发生, 有关主管部门和职能部门应当加强对散装熟肉制品的监督检查, 及时公布抽查结果, 对违反卫生法律法规者严厉惩治。超市和熟肉店应规范生产加工流程, 重视制作环境和个人卫生, 生熟食品分类存放以避免交叉污染。消费者应当增强自我保护意识, 购买的熟肉制品最好加热后再食用, 以防因细菌污染而引起食物中毒事故的发生^[2]。

参考文献

- [1] Comunian R, Daga E, Dupré I, et al. Susceptibility to tetracycline and erythromycin of *Lactobacillus paracasei* strains isolated from traditional Italian fermented foods [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2010, 138(1-2): 151-156
- [2] Yan H, Neogi SB, Mo Z, et al. Prevalence and characterization of antimicrobial resistance of foodborne *Listeria monocytogenes* isolates in Hebei province of Northern China [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2010, 144(2): 310-316
- [3] 韩蓓, 梁欢, 付桂明, 等. 市售即食食品中非致病菌的耐药性及耐药基因转移的研究[J]. *中国食品卫生杂志*, 2012, 24(5): 412-416
HAN Bei, LIANG Huan, FU Gui-ming, et al. Antibiotic resistance analysis and the AR gene transfer in non-pathogens isolated from ready-to-eat food [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2012, 24(5): 412-416
- [4] 盛满钰, 宋昌彦, 陈欣钦. 上海市售散装熟肉制品微生物污染状况调查分析[J]. *中国卫生检验杂志*, 2009, 19(8): 1888-1890
SHEN Man-yu, SONG Chang-yan, CHEN Xin-qin. Survey and analysis on microbial contamination of cooked meat products sold in bulk in Shanghai [J]. *Chinese Journal of Health Laboratory Technology*, 2009, 19(8): 1888-1890
- [5] Chao G, Deng Y, Zhou X, et al. Prevalence of *Listeria monocytogenes* in delicatessen food products in China [J]. *Food Control*, 2006, 17(12): 971-974
- [6] Rajkovic A, Smigic N, Devlieghere F. Contemporary strategies in combating microbial contamination in food chain [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2010, 141(S1): S29-S42
- [7] Brovko L Y, Meyer A, Tiwana A S, et al. Photodynamic treatment: a novel method for sanitation of food handling and food processing surfaces [J]. *Journal of Food Protection*, 2009, 72(5): 926-1138
- [8] Chen Y, Jackson K M, Chea F P, et al. Quantification and variability analysis of bacterial cross-contamination rates in common food service tasks [J]. *Journal of Food Protection*, 2001, 64(1): 72-80
- [9] Gorman R, Bloomfield S, Adley C C. A study of cross-contamination of food-borne pathogens in the domestic kitchen in the Republic of Ireland [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2002, 76(1-2): 143-150
- [10] 闫鹤, 陈妙瑞, 石磊. 食源性单核细胞增生李斯特菌四环素、红霉素耐药基因研究[J]. *现代食品科技*, 2010, 26(8): 772-775
YAN He, CHEN Miao-rui, SHI Lei. Tetracycline and Erythromycin resistant genes in foodborne *Listeria monocytogenes* [J]. *Modern Food Science and Technology*, 2010, 26(8): 772-775
- [11] 李正堂, 李柏林, 欧杰, 等. 市售冷却牛肉中主要细菌的常规分离与鉴定[J]. *微生物学通报*, 2009, 36(2): 198-204
LI Zheng-tang, LI Bai-lin, OU Jie, et al. Screening and identification of the primary bacterium from the chilled beef on sale [J]. *Microbiology*, 2009, 36(2): 198-204
- [12] 席美丽. 食源性革兰氏阴性肠道病原菌 PFGE 分型和大肠杆菌耐药性研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2009
XI Mei-li. Study on PFGE subtyping of gram negative foodborne pathogen and antibiotic resistance of *E. coli* [D]. Yangling: Northwest A & F University
- [13] Wang H H, Manuzon M, Lehman M, et al. Food commensal microbes as a potentially important avenue in transmitting antibiotic resistance genes [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2006, 254(2): 226-231