

# 水产品批发市场中抗生素抗性基因的污染分析

巴永兵<sup>1</sup>, 娄阳<sup>1</sup>, 赵飞<sup>1</sup>, 谢晶<sup>1,2</sup>, 潘迎捷<sup>1,2,3</sup>, 赵勇<sup>\*1,2,3</sup>

(1. 上海海洋大学 食品学院, 上海 201306; 2. 上海水产品加工及贮藏工程技术研究中心, 上海 201306; 3. 农业部水产品贮藏保鲜质量安全风险评估实验室(上海), 上海 201306)

**摘要:**为了探究待售水产品中抗生素抗性基因(Antibiotic resistance genes, ARGs)在水产品批发市场中的扩散污染情况,选取上海市3个大型水产品批发市场作为研究对象,采用PCR的方法,对市场内部和市场附近的排污沟表层淤泥中5大类(4种磺胺类、8种四环素类、6种β-内酰胺类、5种氯霉素类、4种链霉素类)共27种ARGs进行了检测,并利用PCR-DGGE技术分析了细菌种群多样性。结果显示共有17种ARGs在批发市场淤泥中被检出,其中磺胺类、四环素类和链霉素类ARGs的检出率较高且检出种类较多,表明水产品批发市场含有种类丰富的ARGs,水产品以磺胺类、四环素类和链霉素类ARGs污染为主。对市场外围的检测显示市场外围区域ARGs的种类分布略低于市场内部,表明水产品批发市场中ARGs的存在会通过污水排放途径扩散到周边环境。DGGE图谱的分析结果显示,3个批发市场污泥样品细菌种类差异性较大,表明环境中ARGs的种类分布与细菌的种类并无直接关联。本研究表明水产品携带的ARGs会扩散到水产品批发市场中,导致水产品批发市场成为ARGs的重要储存库,以此造成的污染会进一步传播到周边环境,此外,这些种类丰富的ARGs重新扩散到待售水产品中的风险很大,需引起人们足够的重视。

**关键词:**水产品安全;抗生素抗性基因;水产品批发市场;淤泥;DGGE

中图分类号:TS 20 文献标志码:A 文章编号:1673—1689(2017)08—0800—07

## Research of the Pollution of Antibiotic Resistance Genes in Aquatic Products Wholesale Market

BA Yongbing<sup>1</sup>, LOU Yang<sup>1</sup>, ZHAO Fei<sup>1</sup>, XIE Jing<sup>1,2</sup>, PAN Yingjie<sup>1,2,3</sup>, ZHAO Yong<sup>\*1,2,3</sup>

(1. College of Food Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Shanghai Engineering Research Center of Aquatic-Product Processing and Preservation, Shanghai 201306, China; 3. Laboratory of Quality & Safety Risk Assessment for Aquatic Product on Storage and Preservation (Shanghai), Ministry of Agriculture Shanghai 201306, China)

**Abstract:** In order to investigate the dissemination of antibiotic resistance genes (ARGs) from contaminated aquatic products in aquatic products wholesale market, this study targeted three large-scale aquatic products wholesale markets as research object and collected mixed sewage ditch

收稿日期: 2015-08-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(31271870); 上海市科委计划项目(14320502100); 上海市科技兴农重点攻关项目(沪农科攻字 2014 第 3-5 号); 上海水产品加工及贮藏工程技术研究中心项目(11DZ2280300)。

\* 通信作者: 赵勇(1975—),男,湖北黄冈人,工学博士,教授,博士研究生导师,主要从事食品安全方面的研究。E-mail:yzhao@shou.edu.cn

引用本文: 巴永兵, 娄阳, 赵飞, 等. 水产品批发市场中抗生素抗性基因的污染分析[J]. 食品与生物技术学报, 2017, 36(08): 800-806.

sediment in and around the three markets separately as test samples. With the help of PCR, this study detected five categories, (four kinds of sulfonamides, eight kinds of tetracyclines, six kinds of  $\beta$ -lactams, five kinds of chloramphenicol, and four kinds of streptomycin), in which there is a total of twenty seven kinds of ARGs. Moreover, PCR-DGGE technique was utilized to analyze the diversity of bacteria community in the sample. The results showed that seventeen kinds of ARGs were detected in aquatic products wholesale markets and they all contained multiple types of tetracyclines, sulfonamides, and streptomycin ARGs, which accounted for the conclusion that there was a great variety of ARGs types in aquatic products wholesale market and these three kinds of ARGs were major ones in aquatic products. Sample testing of sewage ditch sediment near the markets showed that ARGs in surrounding place was slightly lower than ARGs in markets, indicating that the occurrence of ARGs in markets would pollute surrounding environment by sewage discharge. Analysis of the results of DGGE profiles showed that though ARGs distributed in three aquaculture markets shared similarities, the distribution of bacterial types between three markets were great different, displaying that there was no direct relationship between the types of ARGs and bacterial types. This work noted that aquatic products wholesale market has became a important receiver of ARGs through the dissemination of ARGs from contaminated aquatic products, and this receiver would not only pollute surrounding environment by sewage discharge to some extent, particularly, resulting a huge risk to pollute aquatic products again, hence needing more attention.

**Keywords:** aquatic safety, antibiotic resistance genes, aquatic products wholesale market, sediment, DGGE

抗生素被誉为 20 世纪最重要的发现之一,广泛应用于人和动物疾病的预防和治疗,小剂量的抗生素常作为一种特殊的“食品添加剂”,添加到饲料中促进畜牧动物和水产动物的生长发育。抛开抗生素本身造成的化学污染,抗生素的滥用会对细菌产生选择性压力,可能会导致细菌体内产生抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)。ARGs 可以在细菌间通过与可移动遗传元件(质粒、转座子、整合子等)相结合进行基因的水平转移,使得环境中的敏感细菌获得耐药性并有可能逐渐发展为多重耐药菌。同时,耐药菌和 ARGs 可以通过食品渠道进入人体,以此引发的食品安全问题对人体健康构成潜在的威胁<sup>[1]</sup>。研究表明,临幊上细菌的耐药情况与环境中的 ARGs 传播有密切的联系<sup>[2-4]</sup>。因此,作为一种新型的环境污染物<sup>[5-6]</sup>,ARGs 已成为一个全球公共卫生健康问题<sup>[7]</sup>。

为了获取不同环境条件下 ARGs 传播的相关数据,国内外已对多种环境下的 ARGs 进行调查研究。韦蓓等<sup>[8]</sup>探究了堆肥处理前后污水处理厂污泥中四环素类 ARGs 丰度的前后变化。Jiang 等<sup>[9]</sup>探究了黄

浦江中四环素类和磺胺类 2 种抗生素与其 ARGs 丰度的关系。朱永官等<sup>[10]</sup>调查了集约式猪饲养场中 ARGs 的多样性分布。水产养殖场环境中由于各类抗生素的不规范的使用,且常直接使用可能有抗生素残留和 ARGs 的畜牧类动物粪便作为饲料<sup>[11]</sup>,使得水产动物具有成为 ARGs 载体的风险。目前虽已有研究关注于水产品中 ARGs 的污染,如 Nawaz 等<sup>[12]</sup>从鲶鱼鱼肠分离出的细菌中检测到了 tetA、tetB、tetG, Jiang 等<sup>[13]</sup>从海参里分离出的副溶血性弧菌中检测到了 sulI、sulII、sulIII 3 种磺胺类 ARGs。但是由于水产品的种类繁多且来源不同,调查某一个水产养殖场环境或者某一类水产品中的 ARGs 并不能从整体水平上评估水产品中 ARGs 的污染种类。

水产品批发市场是水产品交易的主要场所,集合了不同地区不同种类的待售水产品,是监测水产品中 ARGs 污染、保障食品安全的重要环境,待售水产品中的 ARGs 最终会通过水体等方式经表层淤泥排放到污水沟,因此本研究中通过检测排污沟淤泥中 ARGs 的存在以从整体水平上了解水产品中 ARGs 的污染种类并评估水产品批发市场是否具有

成为ARGs 储存库的风险。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品的采集及处理

选取上海市杨浦区、普陀区、浦东新区的3个大型水产品批发市场作为采样地点,采集的样品为市场内部排污沟液面下1~3 cm处的表层混匀淤泥。样品均采集于2013年10月。另外,本研究还分别采集了3个市场周边200~500 m的排污沟混匀淤泥作为样品,以探究水产品批发市场中ARGs是否通过污水排放途径对附近环境造成污染。采集后的样品用均质袋储存并放在-80 °C冰箱里冻存。

### 1.2 样品DNA的提取

DNA的提取采用土壤基因组DNA提取试剂盒(MP Biomedicals),按照其说明书标准操作提取DNA,用酶标仪(BioTek,Synergy 2)检测提取DNA的纯度(A260/A280值在1.8~2.0之间),结果表明用该试剂盒提取的DNA纯度较高。

### 1.3 目的基因的检测

本研究中选取了5类共27种常见的抗生素抗性基因ARGs:4种磺胺类ARGs(*sulI*,*sulII*,*sulIII*,*sulA*)、8种四环素类ARGs(*tetA*,*tetB*,*tetK*,*tetM*,*tetO*,*tetQ*,*tetS*,*tetW*)、6种β-内酰胺类ARGs(CARB,SHV-5,*ampC*,*ermB*,*mecA*)、5种氯霉素类ARGs(*catI*,*catII*,*catIII*,*catIV*,*floR*)和4种链霉索类ARGs(*strA*,*strB*,*aadA*,*aadE*)作为目的基因,用PCR技术对这些目的基因进行扩增。引物序列、退火温度及反应体系等此前已有介绍<sup>[14]</sup>。得到的PCR产物用琼脂糖凝胶电泳检测,并送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序,经过blast比对确认其是目的片段。

### 1.4 利用PCR-DGGE技术分析淤泥中细菌种群多样性

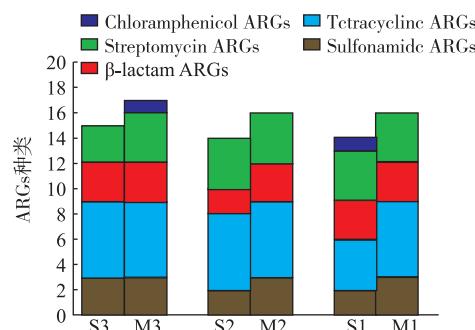
以上述提取的基因组DNA为模板,用PCR技术扩增其16SrDNA的V3区,引物采用细菌的16SrDNA的V3高变区通用引物<sup>[15]</sup>。PCR反应条件为首先94 °C下预变性3 min,使DNA充分变性。然后进入扩增循环,具体步骤为94 °C变性1 min,55 °C退火复性1 min,在72 °C下延伸1 min,共30个循环;最后72 °C下5 min使产物延伸完整,4 °C保存。用BIO-RAD Dcode系统对PCR产物进行DGGE分析,聚丙烯酰胺胶体积分数为8%,变性梯

度为40%~60%。在1×TAE电泳缓冲液,100 V,60 °C下电泳10 h。采用SYBR Green I进行染色,用Quantity One软件对凝胶图像进行分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 水产品批发市场中ARGs的污染分析

6个采样点ARGs的数量分布结果如图1所示,表1则具体列出了27种ARGs在市场内部和市场附近样品的检出情况。本研究共检测了5大类共27种ARGs,有17种ARGs在水产品批发市场淤泥中被检出。其中磺胺类和四环素类分别有3种(*sulI*,*sulII*,*sulIII*)和6种(*tetA*,*tetB*,*tetO*,*tetQ*,*tetS*,*tetW*)有被发现。检出率最高的是链霉索类ARGs,共检测了4种ARGs,其中的3种(*strA*,*strB*,*aadA*)在所有市场样品中均被检出。检出率最低的是氯霉素类ARGs,只有*floR*有在M3中有被发现。



M1-M3:3个水产品批发市场;S1-S3:分别为3个市场的外围区域

图1 6个采样点ARGs的分布情况

Fig. 1 Distribution of ARGs in six sites

本研究中有3种磺胺类ARGs(*sulI*,*sulII*,*sulIII*)被检测出来。其中*sulI*,*sulII*是环境中常见的2种磺胺类ARGs,已在多种环境下被发现,如水产养殖场底泥<sup>[16]</sup>、畜禽粪便<sup>[17]</sup>、甚至是污染较少的河流中<sup>[18]</sup>。然而很少有报道在环境中同时检出了*sulI*,*sulII*,*sulIII*,本次调查在3个水产品批发市场淤泥中均检出了*sulI*,*sulII*,*sulIII*,而四环素类更多达有6种ARGs(*tetA*,*tetB*,*tetO*,*tetQ*,*tetS*,*tetW*)在市场中被检出,说明水产动物所处环境受磺胺类和四环素类ARGs污染严重,这使得水产品具有很高的风险被这2类ARGs污染。这一结果与高盼盼等<sup>[16]</sup>在研究天津市水产养殖场环境中ARGs的分布结果相似,他指出,磺胺类抗生素价格低廉,易溶解,四环

表 1 水产品批发市场淤泥及市场外围区域抗性基因的检出情况

Table 1 Detection occurrence of ARGs in aquatic products wholesale markets ditch sediment and their peripheries

抗性基因		市场检出数/个	外围检出数/个	市场检出率	外围检出率	总检出率
Sulfonamide ARGs	<i>sulI</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>sulII</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>sulIII</i>	3	1	3/3	1/3	4/6
	<i>sulA</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
Tetracycline ARGs	<i>tetA</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>tetB</i>	3	2	3/3	2/3	5/6
	<i>tetO</i>	3	2	3/3	2/3	5/6
	<i>tetQ</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>tetS</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>tetW</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>tetM</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>tetK</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>CARB</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
$\beta$ -lactam ARGs	8HV	0	0	0/3	0/3	0/6
	8HV-5	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>ampc</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>ermB</i>	3	2	3/3	2/3	5/6
	<i>mecA</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>strA</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
Streptomycin ARGs	<i>strB</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>aadA</i>	3	3	3/3	3/3	6/6
	<i>aadE</i>	3	2	3/3	2/3	5/6
	<i>catI</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
Chloramphenicol ARGs	<i>catII</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>catIII</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>catIV</i>	0	0	0/3	0/3	0/6
	<i>floR</i>	1	1	1/3	1/3	2/6

素抗生素则具有广谱性和低毒性特点,这2种抗生素被广泛应用于水产养殖场中,其调查发现四环素类和磺胺类抗生素的耐药菌株和ARGs在水产养殖环境中普遍存在。而对于其研究中检出率较低的2种ARGs(*tetB*、*tetQ*)在本实验中的3个市场中均有检出,说明待售水产品中ARGs的扩散传播使得水产品批发市场成为多种ARGs的储存库。对于链霉素类ARGs,很少有报道关注于水产品中链霉素类ARGs的存在情况。本研究选取的4种链霉素类ARGs(*strA*、*strB*、*aadA*、*aadE*)在3个水产品批发市场中均有检出,说明待售水产品中链霉素类ARGs的污染较为严重,这一结果需引起足够的重视。对于氯霉素类ARGs,只在M3中检出了*floR*,说明水产品中氯霉素类ARGs污染并不严重,反映出水产

养殖操作中已经很少使用氯霉素类抗生素。据悉,由于氯霉素滥用造成的众多负面影响,欧盟早在1994年便因为氯霉素的滥用带来的负面影响禁止了氯霉素在肉禽等饲养加工中的使用<sup>[19]</sup>。从5大类27种ARGs的检出结果来看,由于水产品中ARGs在排污沟淤泥中的汇集,使得水产品批发市场已成为ARGs的储存库,其中是磺胺类、四环素类和链霉素类ARGs检出种类较为丰富,说明水产品以这3类ARGs污染为主。

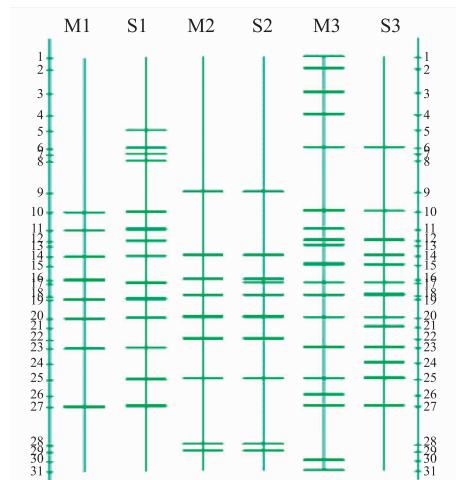
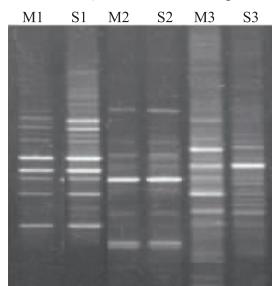
## 2.2 水产品批发市场中ARGs对周边区域的污染分析

本次研究调查了水产市场附近200~500 m排污沟中混匀淤泥样品中ARGs的分布情况,结果如图1和表1所示。通过表1比较市场内部和外围各

ARGs 的检出率发现, 市场内部排污沟中 ARGs 和市场附近检出类型相似, 但市场周边区域 ARGs 的检出总类要略低于市场内部, 在本次研究所调查的 27 种 ARGs 中,S1 和 S2 均检出了 14 种 ARGs,S3 则检出了 15 种 ARGs, 三者的 ARGs 检出数量均比对应的市场内部样品少了 2 种。通过 SPSS Statistics V17.0 显著性分析得出市场内部和外围 ARGs 的种类分布不具有显著性差异( $P>0.05$ )。整体水平来看, 市场周边环境 ARGs 的检出类型与市场内部相似, 但数量上略低于市场内部, 说明批发市场中 ARGs 的存在会通过污水排放途径扩散到周边环境。

### 2.3 细菌群落的分布与 ARGs 分布间的相关性分析

本实验中利用 PCR-DGGE 技术扩增目的片段 16sRNA 的 V3 区, 以探讨不同环境下中细菌群落的分布与 ARGs 的分布是否具有相似性, 结果如图 2 所示。从图 2 可以看出, 所处同一区域的样品(即 M1 和 S1、M2 和 S2、M3 和 S3)DGGE 条带的位置、亮度和类型具有一定的相似性。尤其是 M2 和 S2, 分别检出了 9 条和 10 条条带, 且这些条带的位置和亮度大致相同, 说明同一区域环境下的细菌群落的类型和丰富度具有一定的相似性。但是 3 个市场之间 DGGE 图谱差异性较大, 它们条带的所处位置、数量、亮度均具有差异性, 这表示 3 个市场淤泥环境中的细菌种类、优势菌种均不同。其中 M3 市场检出了 19 种条带数, 这一数值明显高于其他 2 个地区的水产品批发市场, 与此对应的是, M3 检出的 ARGs 种类也明显高于其他两个市场。M3 同时检出最多种类的 ARGs 和细菌群落分布, 可能代表着环境 ARGs 的多样性与细菌群落的多样性有一定的关联。总体来看, 虽然 3 个水产品批发市场淤泥中 ARGs 的分布类似, 但是细菌群落的分布差异性较大。说明环境中 ARGs 的污染类型不能简单的通过分析环境中的细菌群落的来判断。



M1-M3:3 个水产品批发市场;S1-S3: 分别为 3 个市场的外围区域

图 2 各淤泥样品的 DGGE 图谱

Fig. 2 DGGE fingerprint and lane comparison from different sediment samples

## 3 讨论

食品是 ARGs 进入人体的直接载体, 携带 ARGs 的食品会给人体健康构成巨大的威胁。水产品批发市场是待售水产品交易流通的主要渠道, 研究水产品中 ARGs 在环境的扩散情况有助于了解水产品中 ARGs 的污染种类并评估水产品批发市场是否具有成为 ARGs 储存库的风险。水产品中 ARGs 在环境中的扩散模式如图 3 所示。

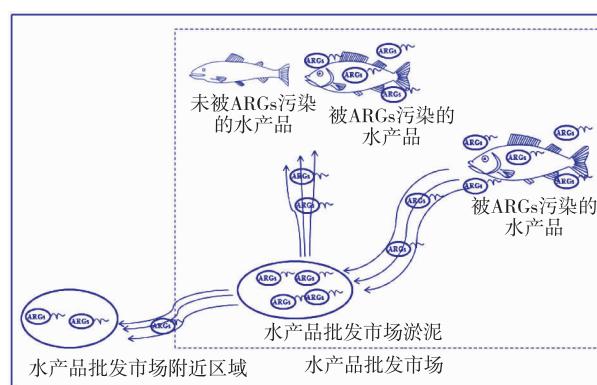


图 3 待售水产品中抗生素抗性基因在环境中的扩散模式

Fig. 3 Dissemination model of ARGs from contaminated aquatic products in the environment

水产品污染的 ARGs 可以通过水体等途径最终汇集在表层淤泥中, 本实验中在水产品批发市场排污沟淤泥中共检出了 17 种 ARGs, Muziasari WI 等<sup>[20]</sup>在调查水产养殖场磺胺类 ARGs 的存在性时并

没有发现 *sul3* 的存在,而在本研究中的所有批发市场样品中均发现了 *sul3*,沈群辉等<sup>[21]</sup>在研究黄浦江 ARGs 污染时也没有检出本研究中普遍存在的 *tetB* 和 *tetO*,这说明水产品批发市场已成为 ARGs 的重要储存库。同时,ARGs 具有很高的迁移活性,如养殖废水中的 ARGs 会通过废水排放的途径对其他环境造成污染<sup>[22]</sup>。有报道指出,排放的污水和底泥里包含大量的 ARGs 和耐药菌<sup>[23]</sup>。本实验通过对比市场内部和附近区域排污沟淤泥中的 ARGs 种类,得出水产品批发市场中 ARGs 的存在会扩散到周边环境。此外,在抗生素滥用引发的食品安全问题的大环境下<sup>[24]</sup>,由于水产品批发市场已成为 ARGs 的储存库,ARGs 重新扩散到待售水产品中的风险很大,使得 ARGs 在水产品中交叉污染,这对人体健康构

成了更大的潜在威胁,需引起人们足够的重视。

## 4 结语

本研究表明待售水产品以磺胺类、四环素类及链霉素类 ARGs 污染为主,水产品携带的 ARGs 会扩散到水产品批发市场环境中,导致水产品批发市场成为 ARGs 的重要储存库,以此造成的污染会传播到周边环境,此外,这些种类丰富的 ARGs 重新扩散到待售水产品中的风险很大,需引起人们足够的重视。而对于本研究中发现的污染严重的 3 类 ARGs:磺胺类、四环素类以及链霉素类 ARGs,后续工作应重点研究这 3 类 ARGs 的控制措施,以控制水产品中 ARGs 的污染。

## 参考文献:

- [1] KEMPER N. Veterinary antibiotics in the aquatic and terrestrial environment[J]. *Ecological Indicators*, 2008, 8(1):1-13.
- [2] TATAVARTHY A. Comparison of antibiotic susceptibility profiles and molecular typing patterns of clinical and environmental *Salmonella enterica* serotype Newport[J]. *Journal of Food Protection*, 2006, 69(4):749-756.
- [3] PRABHU D I, PANDIAN R S, VASAN P T. Pathogenicity, antibiotic susceptibility and genetic similarity of environmental and clinical isolates of *Vibrio cholerae*[J]. *Indian Journal of Experimental Biology*, 2007, 45(9):817-823.
- [4] WRIGHT G D. Antibiotic resistance in the environment:a link to the clinic? [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2010, 13(5):589-594.
- [5] PRUDEN A, PEI R, STOREBOOM H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants;studies in Northern Colorado [J]. *Environmental Science and Technology*, 2006, 40(23):7445-7450.
- [6] LUO Yi, ZHOU Qixing. Antibiotic resistance gene (ARGs) as emerging pollutants[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2008, 28(8):1499-1505. (in Chinese)
- [7] SPELLBERG B, GUIDOS R, GIBERT D, et al. The epidemic of antibiotic-resistant infections;a call to action for the medical community from the infectious diseases society of america[J]. *Clinical Infectious Diseases*, 2008, 46(2):155-164.
- [8] WEI Bei, HUANG Fuyi, SU Jianqiang. Effect of composting on tetracycline resistance genes in sewage sludge [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2014, 8(12):5431-5438. (in Chinese)
- [9] JIANG L, HU X, XU T, et al. Prevalence of antibiotic resistance genes and their relationship with antibiotics in the Huangpu River and the drinking water sources, Shanghai, China.[J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 458-460(3):267-272.
- [10] ZHU Y G, JOHNSON T A, SU J Q, et al. Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2013, 110(9):3435-3440.
- [11] GAO Panpan, LUO Yi, ZHOU Qixing. Research advancement of antibiotic resistance genes (ARGs) in aquaculture environment [J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2009, 4(6):770-779. (in Chinese)
- [12] NONAKA L, ISSHIKI T, SUZUKI S, et al. The occurrence of oxytetracycline resistant bacteria in the fish intestine and the seawater environment[J]. *Microbes and Environments*, 2000, 15(4):223-228.
- [13] JIANG Y, YAO L, LI F, et al. Characterization of antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* from cultured sea cucumbers(*Apostichopus japonicas*) [J]. *Letters in Applied Microbiology*, 2014, 59(2):147-154.
- [14] LOU Y, LIU H, ZHANG Z, et al. Mismatch between antimicrobial resistance phenotype and genotype of pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* isolated from seafood[J]. *Food Control*, 2016, 59:207-211.
- [15] MUYZER G, DEWAAL E C, UITTERLINDEN A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel

- eletrophoresis analysis of polymerise chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA [J]. **Applied and Environmental Microbiology**, 1993, 59(3):695-700.
- [16] GAO P, MAO D, LUO Y, et al. Occurrence of sulfonamide and tetracycline-resistant bacteria and resistance genes in aquaculture environment[J]. **Water Research**, 2012, 46(7):2355-2364.
- [17] SRINIVASAN V, NAM H M, NGUYEN LT, et al. Prevalence of antimicrobial resistance genes in *Listeria monocytogenes* isolated from dairy farms[J]. **Foodborne Pathogens and Disease**, 2005, 2(3):201-211.
- [18] LIN J, BIYELA P T. Convergent acquisition of antibiotic resistance determinants amongst the *Enterobacteriaceae* isolates of the Mhlathuze River, KwaZulu-Natal(RSA)[J]. **Water SA**, 2005, 31(2):257-260.
- [19] JUAN L, BING S, JIANZHONG S, et al. Occurrence of chloramphenicol-resistance genes as environmental pollutants from swine feedlots[J]. **Environmental Science and Technology**, 2013, 47(6):2892-2897.
- [20] MUZIASARI W I, MANAGAKI S, PARNANEN K, et al. Sulphonamide and trimethoprim resistance genes persist in sediments at Baltic Sea aquaculture farms but are not detected in the surrounding environment[J]. **Plos One**, 2014, 9(3):1-7.
- [21] SHEN Qunhui, JI Xiuling, FU Shujun, et al. Preliminary studies on the pollution levels of antibiotic and antibiotic resistance genes in Huangpu River, China[J]. **Ecology and Environmental Sciences**, 2012, 21(10):1717-1723.(in Chinese)
- [22] YANG Fang, TAO Ran, YANG Yang, et al. Removal and distribution of antibiotic resistance *E.coli* and antibiotic resistance genes in constructed wetlands[J]. **Chinese Journal of Environmental Engineering**, 2013, 7(6):2057-2062.(in Chinese)
- [23] WANG Limei, LUO Yi, MAO Daqing, et al. Transport of antibiotic resistance genes in environment and detection methods of antibiotic resistance[J]. **Chinese Journal of Applied Ecology**, 2010, 21(4):1063-1069.(in Chinese)
- [24] CHEN Ling, WAN Yuping, SHAO Bing, et al. Study about combo detection strip of  $\beta$ -lactams and tetracyclines in milk [J]. **Journal of Food Science and Biotechnology**, 2012, 31(7):776-783.(in Chinese)

## 会议消息

会议名称(中文):第十届全国青年微生物学工作者学术研讨会

所属学科:动植物微生物学、生物物理学、生物化学及分子生物学、细胞生物学、生物技术与生物工程

开始日期:2017-09-15 结束日期:2017-09-17

所在城市:湖南省 长沙市

具体地点:主办单位:中国微生物学会普通微生物学专业委员会、环境微生物学专业委员会、分子微生物学及生物工程专业委员会

承办单位:湖南师范大学、吉首大学、湖南省微生物学会

摘要截稿日期:2017-08-15 联系人:胡胜标 联系电话:15116408110,0731-88872298

传真:0731-88872298 E-MAIL:shengbiaohu@hunnu.edu.cn

会议网站:<http://csm.im.ac.cn/templates/team/introduction.aspx?nodeid=9&page=ContentPage&contentid=4861>

会议背景介绍:由中国微生物学会普通微生物学专业委员会、环境微生物学专业委员会、分子微生物学及生物工程专业委员会联合主办,湖南师范大学、吉首大学和湖南省微生物学会承办的“第十届全国青年微生物学工作者学术研讨会”,定于 2017 年 9 月 15~17 日在湖南省长沙市举行。本次会议的主题是环境微生物学的基础和技术方法,将以国内微生物学研究方面的杰出学者大会报告和青年学者论坛,以及互动的形式,促进交流,提升我国相关微生物学研究的水平。会议组委会热忱欢迎全国各地的环境微生物学研究的学者和青年才俊,莅临伟人故里——美丽星城长沙,展示和交流各自科研成果。同时也欢迎其他学科方向的学者参会交流——它山之石可以攻玉。我们相信您在这里将会获得更多的灵感、更多的启迪,也会结交更多的朋友!