

# 肉鸡屠宰加工生产链中沙门氏菌的污染调查及ERIC-PCR溯源

朱恒文<sup>1</sup>, 方艳红<sup>1</sup>, 王元兰<sup>1</sup>, 魏建忠<sup>1</sup>, 刘军军<sup>1</sup>, 占松鹤<sup>2</sup>, 赵洪武<sup>1</sup>, 孙裴<sup>1</sup>, 王桂军<sup>1</sup>, 李郁<sup>1,\*</sup>

(1.安徽农业大学动物科技学院, 安徽 合肥 230036; 2.安徽省动物疫病预防与控制中心, 安徽 合肥 230022)

**摘要:**目的: 了解肉鸡屠宰加工过程中沙门氏菌的污染状况及其溯源性追踪, 分析沙门氏菌污染的关键环节, 以降低食源性沙门氏菌感染的风险。方法: 分别采集两家肉鸡屠宰加工厂(FX、GZ)生产链中的肉鸡胴体表面、肉鸡泄殖腔、嗦囊内容物、环境、设备及器具表面样品, 应用常规法及PCR进行沙门氏菌分离鉴定, 通过基因间重复序列为引物的聚合酶链式反应(ERIC-PCR)分型技术对沙门氏菌分离株进行基因分型, 利用NTSYS-pc 2.10软件进行聚类分析。结果: 两家加工厂的沙门氏菌总检出率为1.37% (16/1171), FX的检出率较低(0.18%), 与GZ (2.39%)间差异极显著( $P < 0.01$ ); FX仅于净膛后肉鸡胴体体表检出IV型沙门氏菌; GZ屠宰、褪毛及净膛后的肉鸡胴体体表、肉鸡泄殖腔、嗦囊内容物、脱毛指及净膛工人手套表面均检出I型沙门氏菌, 褪毛、冷却后肉鸡胴体及净膛工人手套表面均检出III型沙门氏菌, 运输车表面检出V型沙门氏菌, 另有脱毛指表面检出II型沙门氏菌。结论: 肉鸡的宰前及褪毛、净膛过程为引发生产链沙门氏菌污染的重要环节, 加强肉鸡的进厂检疫及设备与器具的日常卫生管理有利于降低沙门氏菌的污染。

**关键词:** 肉鸡; 屠宰加工; 沙门氏菌; 污染状况; 溯源

## Investigation of *Salmonella* Contamination in Broiler Slaughter and Processing Chain and ERIC-PCR Analysis of Its Sources

ZHU Heng-wen<sup>1</sup>, FANG Yan-hong<sup>1</sup>, WANG Yuan-lan<sup>1</sup>, WEI Jian-zhong<sup>1</sup>, LIU Jun-jun<sup>1</sup>, ZHAN Song-he<sup>2</sup>, ZHAO Hong-wu<sup>1</sup>, SUN Pei<sup>1</sup>, WANG Gui-jun<sup>1</sup>, LI Yu<sup>1,\*</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China;

2. Anhui Provincial Center for Animal Disease Control and Prevention, Hefei 230022, China)

**Abstract:** Objective: In the present study, the contamination of *Salmonella* in the slaughter and processing chain of broilers was investigated and the sources were traced with the aim of determining the critical control points of *Salmonella* contamination and reducing the risk of foodborn *Salmonella* infection. Methods: The carcass surface, cloaca and crop contents of broilers, processing environments, and the surface of processing equipment and apparatus were sampled from two broiler slaughter and processing plants (FX and GZ). The routine procedure and PCR were performed for the isolation and identification of *Salmonella*, then enterobacterial repetitive intergenic consensus PCR (ERIC-PCR) were used for subtyping the isolates and the NTSYS-pc 2.10 software was applied for clustering analysis. Results: The total positive rate of *Salmonella* in 1171 samples from both plants was 1.37% (16 positive samples). The positive rate of FX samples was lower (0.18%), and showed a significant difference from that of GZ samples (2.39%,  $P < 0.01$ ). None of the FX samples were found positive for genotype I *Salmonella* except broiler carcass surface samples. Genotype I *Salmonella* was detected in samples of carcass surface, cloaca and crop contents, and the surfaces of plucking fingers and eviscerators' gloves collected from the GZ plant, and genotype III *Salmonella* was detected in samples from the surfaces of carcass and eviscerators' gloves, but genotype V and II *Salmonella* were detected only on the surfaces of transport vehicles and plucking fingers, respectively. Conclusion: Pre-slaughter, defeathering and evisceration are the

收稿日期: 2012-03-29

基金项目: “十一五”国家科技支撑计划项目(2009BADB9B01); 安徽省家禽产业体系基金项目;

安徽省高等学校省级自然科学研究项目(KJ2008B056)

作者简介: 朱恒文(1987—), 男, 硕士研究生, 研究方向为农产品加工与贮藏工程。E-mail: chuifeng333@sina.com

\* 通信作者: 李郁(1962—), 女, 教授, 硕士, 研究方向为预防兽医学。E-mail: liyu@ahau.edu.cn

key stages of *Salmonella* contamination. Strengthening entry quarantine and the daily hygiene management of equipment and apparatus is helpful for reducing the risk of *Salmonella* contamination.

**Key words:** broiler; slaughter and processing; *Salmonella*; contamination; source tracing

中图分类号: TS207.4

文献标识码: A

文章编号: 1002-6630(2012)17-0048-06

沙门氏菌(*Salmonella*)是一类危害严重的食源性致病菌,它不仅可引起胃肠炎,还会引起伤寒、败血症及肠外灶性感染等多种症候群。人体受沙门氏菌感染的主要起因是摄入了受污染的食物和水,而鸡肉等畜禽产品则是主要的沙门氏菌载体。肉鸡在养殖中可感染沙门氏菌,而在其屠宰加工过程中更容易受到沙门氏菌引起的交叉污染。据统计,当活禽以3%~4%的沙门氏菌的阳性率进入车间加工时,加工后的污染率可达35%<sup>[1]</sup>。因此,屠宰加工过程是沙门氏菌污染肉鸡胴体的重要环节。

鉴于鸡肉等畜禽产品污染沙门氏菌所引起食源性疾病的风险,越来越多的学者投入到其生产加工环节的溯源研究中。传统的血清学方法由于存在着抗原的变异及不同种属菌株间的交叉反应等,其应用受到了一定限制。肠杆菌科基因间保守重复(enterobacterial repetitive intergenic consensus, ERIC)序列,于1991年由Hulton等<sup>[2]</sup>在*E. coli*、*Salmonella typhimurium*及其他肠道细菌基因组中发现,该序列长126bp,其在染色体上存在的位置和拷贝数具有种属特异性。Versalovic等<sup>[3]</sup>发明针对ERIC序列设计引物并进行PCR扩增的技术,以用于对细菌的基因组DNA进行指纹图分析。此后,ERIC-PCR技术以其精确、简便、快速等优点被普遍地应用于菌株鉴别与病原菌的溯源研究<sup>[4-5]</sup>。

本研究通过对安徽省两家肉鸡屠宰加工企业生产链中的胴体表面、设备及环境等进行沙门氏菌检测,并对沙门氏菌分离株进行ERIC-PCR分型,旨在了解肉鸡屠宰加工过程中沙门氏菌的污染状况及其溯源性追踪,从而分析沙门氏菌污染的关键环节,为肉鸡屠宰加工沙门氏菌污染的有效防控提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与试剂

沙门氏菌阳性菌株由安徽农业大学动物传染病实验室保存,大肠杆菌CMCC44113购自中国药品生物制品检定所。

缓冲蛋白胨水(BPW)、四硫磺酸钠煌绿增菌液(TTB)、亚硒酸盐胱氨酸增菌液(SC)、木糖赖氨酸脱氧胆盐琼脂(XLD)、亚硫酸铋琼脂(BS)、三糖铁琼脂(TSI)、胰酪胨大豆酵母浸膏肉汤(TSB-YE) 绍兴天恒生物科技有限公司;沙门氏菌属诊断血清(59种因子血清)

中国生物技术集团公司兰州生物制品研究所;Taq DNA聚合酶(5U/μL)、脱氧三磷酸核苷(dNTPs)、反应缓冲液(Buffer,含Mg<sup>2+</sup>)、上样缓冲液 天根生化科技(北京)有限公司。

### 1.2 仪器与设备

SW-CJ-IF超净工作台 苏州安泰空气技术有限公司;TGL-18R冷冻高速离心机 珠海黑马医学仪器有限公司;MYCycler™ Thermal Cycler PCR扩增仪 美国Bio-Rad公司;DYY-11电泳仪 北京六一仪器厂公司;DK-8D电热恒温水槽 上海精宏试验设备有限公司;Tanon-1600凝胶成像系统 广州普维生物科技仪器有限公司。

### 1.3 引物的选择

检测沙门氏菌特异性PCR引物<sup>[6]</sup>为P1: 5'-ACTGGCGTTATCCCTTTCTCTGGTG-3', P2: 5'-ATGTTGTCC TGCCCTGGTAAGAGA-3';ERIC-PCR扩增引物<sup>[7]</sup>为ERIC2: 5'-AAGTAAGTGACTGGGGTGAGCG-3'。引物均由上海生工生物工程技术有限公司合成。

### 1.4 方法

#### 1.4.1 样品的采集

样品采集于安徽省两家肉鸡屠宰加工厂,代号分别为FX、GZ,分别重复采样3次,即FX1、FX2、FX3, GZ1、GZ2、GZ3。以棉拭法分别采集各环节的肉鸡胴体体表(代号分别为ZD、TD、JD、LD)、宰前肉鸡泄殖腔、运输工具、脱毛指、预冷池壁及净膛的刀具、案板、工作台、工人手套表面,以空气暴露法采集加工车间中的空气样品,分别采集加工车间中的烫洗水、冷却水、地面污水及嗦囊内容物,各采样环节、对象及数量见图1、表1。

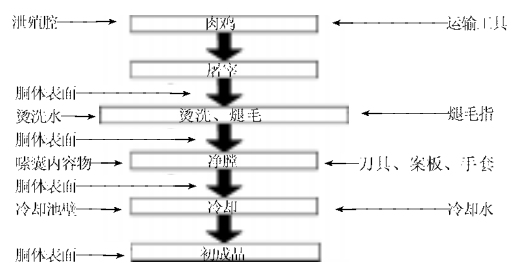


图1 肉鸡屠宰加工的主要流程及采样环节  
Fig.1 Flow chart of broiler slaughtering and sampling points

表1 采样对象及数量  
Table 1 Sample sources and quantity

采样对象	采样数量/份					
	FX1	FX2	FX3	GZ1	GZ2	GZ3
宰前肉鸡泄殖腔	30	30	30	30	30	30
屠宰后肉鸡胴体表面(ZD)	30	30	30	30	30	30
褪毛后肉鸡胴体表面(TD)	30	30	30	30	30	30
净膛后肉鸡胴体内外表面(JD)	30	30	30	30	30	30
冷却后肉鸡胴体内外表面(LD)	30	30	30	30	30	30
嗦囊内容物	10	10	10	10	30	30
空气样本	2	2	2	2	5	5
运输车表面	2	2	2	2	5	5
运输笼表面	2	2	2	2	5	5
烫洗水	2	2	2	2	5	5
脱毛指	2	2	2	2	5	5
净膛工人手套	2	2	2	2	5	5
净膛工作台	2	2	2			
净膛刀具	1	1	1			
净膛案板	1	1	1			
预冷水	1	1	1	2	5	5
预冷池壁	1	1	1	2	5	5
地面污水	1	1	1	2	5	5

注：由于企业设施及采样条件的不同，不同批次的采样对象及数量略有差异；空白表示该批次未采集该类样品。

#### 1.4.2 沙门氏菌的分离培养

将样品于BPW增菌18h后，分别转种于TTB和SC，经18~24h选择性增菌，将增菌液分别接种于BS和XLD选择性琼脂平板进行培养，挑取2个以上典型或可疑菌落接种于TSI，37℃培养18~24h，初步判为可疑沙门氏菌属的菌株进行PCR鉴定。

#### 1.4.3 沙门氏菌分离株的PCR鉴定

##### 1.4.3.1 总DNA提取

将被检菌株接种于3mL LB肉汤中，37℃培养18h。取1mL培养液经10000r/min、4℃离心5min，弃去上清液，用200μL ddH<sub>2</sub>O重悬沉淀，再于沸水浴中10min，立即冰浴10min，10000r/min离心5min，取上清液即为DNA模板。

##### 1.4.3.2 PCR扩增

反应总体积为25μL，其中ddH<sub>2</sub>O 15.25μL，10×PCR缓冲液(含Mg<sup>2+</sup>)2.5μL，dNTP(2.5mmol/L)2μL，P1和P2(10pmol/L)各1.25μL，Taq DNA聚合酶(5U/μL)0.25μL，模板DNA 2.5μL。

反应条件为：94℃预变性5min；94℃变性30s，60℃退火30s，72℃延伸45s，共进行30个循环；72℃终延伸10min。

##### 1.4.3.3 PCR产物检测

取PCR扩增产物与6倍上样缓冲液混匀后，经1%的琼脂糖凝胶(含0.5mg/L溴化乙锭)电泳，在凝胶成像仪中观察结果并拍照。预期扩增的沙门氏菌特异性条带为495bp。

#### 1.4.4 沙门氏菌分离株的血清型鉴定

按照GB 4789.4—2010《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》执行。

#### 1.4.5 沙门氏菌分离株的ERIC-PCR基因型鉴定

##### 1.4.5.1 ERIC-PCR扩增

基因组DNA提取同1.4.3.1节，反应总体积50μL；其中ddH<sub>2</sub>O 31μL，10×PCR缓冲液(含Mg<sup>2+</sup>)5.0μL，dNTP(2.5mmol/L)4.0μL，引物ERIC2(10pmol/L)4.0μL，Taq DNA聚合酶(5U/μL)1μL，模板DNA 5μL。

反应条件<sup>[8]</sup>为：94℃预变性5min；94℃变性1min，52℃退火1min，72℃延伸3min，共进行35个循环；72℃终延伸10min。

##### 1.4.5.2 ERIC-PCR产物检测

取PCR扩增产物与6倍上样缓冲液混匀后，经1%的琼脂糖凝胶(含0.5mg/L溴化乙锭)以100V电压电泳2h后，在凝胶成像仪中观察结果并拍照。

##### 1.4.5.3 指纹图谱分析

根据电泳图谱相同分析范围内的片段数日及相对位置，对不同菌株的ERIC-PCR电泳条带进行分析。以条带的选择为基础，ERIC-PCR产物以0、1统计，即在相同迁移位置上(相同分子质量片段)有扩增带的标记为1，无扩增带的标记为0。以CrossCheck软件进行处理，形成二进制数列的矩阵图。数据导入NTSYS-pc 2.10软件，按非加权对数算术平均法(unweighted pair group method using averages algorithm, UPMGA)进行聚类分析，绘制遗传关系图。每一个分离株看作一个分类学单位(OTU)，并把相似性大于或等于90%的菌株看作起源相同的分离株，即为同一基因型<sup>[9]</sup>。

#### 1.4.6 数据分析

利用SAS9.1.3软件对实验数据进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 沙门氏菌的污染状况

由表2可知，两家肉鸡屠宰加工企业被检样品共计1171份，沙门氏菌阳性样品16份，总检出率为1.37%，其中FX检出率为0.18%，GZ为2.39%，两者之间差异极显著( $P < 0.01$ )。与FX相同，GZ不同批次间沙门氏菌的总检出率差异不显著( $P > 0.05$ )。对于生产链中的肉鸡胴体而言，FX的总检出率为0.28%，与GZ(1.94%)间有显著性差异( $P < 0.05$ )，而两者相同屠宰加工环节间的肉鸡胴体检出率差异不显著( $P > 0.05$ )。与FX相同，GZ不同环节间肉鸡胴体体表的沙门氏菌检出率均无显著性差异( $P > 0.05$ )。

表2 FX及GZ生产链中沙门氏菌的检出率

Table 2 Positive rate of *Salmonella* in different samples from FX and GZ plants

采样对象		FX		GZ	
		样品沙门氏菌 阳性率/%	阳性样品 数/样品总数	样品沙门氏菌 阳性率/%	阳性样品数/ 样品总数
屠宰加工	ZD	0 <sup>Aa</sup>	0/90	1.11 <sup>Aa</sup>	1/90
工生产	TD	0 <sup>Aa</sup>	0/90	3.33 <sup>Aa</sup>	3/90
链中的	JD	1.11 <sup>Aa</sup>	1/90	1.11 <sup>Aa</sup>	1/90
肉鸡胴体	LD	0 <sup>Aa</sup>	0/90	2.22 <sup>Aa</sup>	2/90
合计		0.28 <sup>Aa</sup>	1/360	1.94 <sup>Ab</sup>	7/360
肉鸡泄殖腔		0	0/90	2.22	2/90
嗦囊内容物		0	0/30	1.43	1/70
运输车		0	0/6	8.33	1/12
脱毛指		0	0/6	16.67	2/12
净膛工人手套		0	0/6	16.67	2/12
其他样品		0	0/45	0	0/72
合计		0.18 <sup>Aa</sup>	1/543	2.39 <sup>Bb</sup>	15/628

注：同行数据肩标大写字母不同表示差异极显著( $P < 0.01$ )；肩标小写字母不同表示差异显著( $P < 0.05$ )。

## 2.2 沙门氏菌分离株的血清型及基因型

表3 沙门氏菌分离株的血清学与ERIC-PCR分型结果

Table 3 Serotypes and genotypes of isolated *Salmonella*

采样企业及批次		菌株编号	采样对象	沙门氏菌分离株血清型/群	基因型
FX	FX1	FX1JD1	JD	鸡白痢沙门氏菌	IV
		GZ1ZX1	肉鸡泄殖腔	印地安纳沙门氏菌	I
		GZ1ZX2	肉鸡泄殖腔	印地安纳沙门氏菌	I
	GZ1	GZ1JD1	JD	印地安纳沙门氏菌	I
		GZ1SN1	嗦囊内容物	印地安纳沙门氏菌	I
		GZ1ST1	净膛工人手套	印地安纳沙门氏菌	I
		GZ2ZD1	ZD	B群(4:z:1)	I
		GZ2TD1	TD	印地安纳沙门氏菌	I
GZ		GZ2TD2	TD	B群(4:z:-)	I
	GZ2	GZ2TD3	TD	沙门氏菌II	III
		GZ2TZ1	脱毛指	B群(4:-:-)	I
		GZ2ST2	净膛工人手套	D群(9:-:-)	III
		GZ3LD1	LD	布利丹沙门氏菌	III
		GZ3LD2	LD	布利丹沙门氏菌	III
	GZ3	GZ3YC1	运输车	婴儿沙门氏菌	V
		GZ3TZ1	脱毛指	C群(8:z10:-)	II

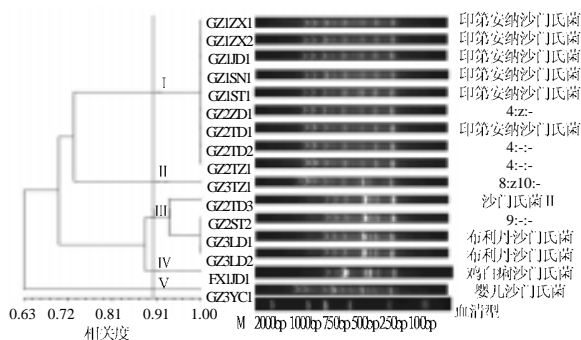


图2 沙门氏菌分离株的遗传关系聚类树状图

Fig.2 Phylogenetic tree of isolated *Salmonella*

由表3、图2可知，经血清学反应，16株沙门氏菌分离株分属4个血清群，其中11株可鉴定血清型，印地安纳沙门氏菌为优势血清型；经ERIC-PCR分析，16株沙门氏菌分离株分属5种基因型(以I~V表示)，I型为优势基因型。

## 3 讨论

### 3.1 肉鸡屠宰加工生产链中沙门氏菌的污染状况

Olsen等<sup>[10]</sup>对丹麦一家人型肉鸡屠宰加工厂生产链中的沙门氏菌污染状况进行研究，结果显示沙门氏菌的总检出率为27.5%。本研究中，两家肉鸡屠宰加工厂的总检出率较低，为1.37%。据报道<sup>[11-12]</sup>，较少的加工量、先进的加工设备及卫生管理可降低肉鸡屠宰加工过程中的微生物污染。因此，相对于Olsen等<sup>[10]</sup>的研究(10000羽/d)，FX及GZ中较少的加工量(600~1000羽/d)可能是检出率较低的原因之一。

本研究中，FX的总检出率及生产链中肉鸡胴体总检出率均低于GZ，且差异性显著，表明两家企业污染状况的不同。在GZ中，肉鸡泄殖腔及嗦囊内容物中均有沙门氏菌的检出，显示肉鸡在加工前就已染有沙门氏菌。如果肉鸡加工前就已带有沙门氏菌，则加工过程中的胴体污染难以避免<sup>[13]</sup>。同时，脱毛指及工人手套被认为是肉鸡加工过程中重要的微生物污染源<sup>[14-15]</sup>。因此，GZ相应设备及器具所检出的沙门氏菌可加剧生产链中的污染。尽管GZ的脱毛指及净膛工人手套均有沙门氏菌的污染，但相应环节前后的肉鸡胴体污染率并无显著性差异，这可能与两个环节中的淋洗操作有关。研究表明<sup>[11,16]</sup>，淋洗操作可以降低加工过程中脱毛指表面的微生物积累及净膛环节的胴体微生物污染。GZ生产链中肉鸡胴体体表的沙门氏菌总检出率高于FX，且差异显著，但两厂相同环节间差异并不显著，可见在淋洗等防控措施作用下，GZ中肉鸡胴体较高的污染率只是体现在整体水平上，而加工各环节中胴体的污染程度始终维持在相对较低的水平。此外，同一肉鸡屠宰加工厂不同批次间样品的沙门氏菌检出率无显著性差异，表明在日常的卫生管理下，两家加工厂的污染水平并未因时间的不同而发生明显变化。

对FX而言，仅于FX1中检出1株沙门氏菌，这可能与该季度生产线刚投入运行及较短时间的卫生管理有关。有研究显示<sup>[10]</sup>，在日常的卫生管理下，部分沙门氏菌可于设备与环境中存活5d之久，因此，这可导致该厂前期存活的菌株于FX1中对肉鸡胴体造成污染。随着生产的运行及卫生管理的持续作用，沙门氏菌逐渐被消除从而使肉鸡产品免于污染，这与该厂所在县出具的检验报告一致，该报告对随机抽取的肉鸡胴体检测结果

显示并无沙门氏菌污染(肥质检[2011]食字第0434号)。

### 3.2 沙门氏菌分离株的血清学及其溯源分析

本研究中, 印地安纳沙门氏菌为优势血清型。这与吴云凤<sup>[17]</sup>和Hue<sup>[18]</sup>等的研究结果相同, 他们对肉鸡生产加工链中的沙门氏菌进行检测后均发现, 印地安纳沙门氏菌是最主要的血清型, 表明流行于国内外肉鸡生产加工链中的沙门氏菌优势血清型具有一定程度上的相似性。

据沙门氏菌分离株的血清型是否一致, 可对不同样品中沙门氏菌的污染源进行分析。李郁等<sup>[19]</sup>通过血清学方法对合肥地区屠宰生猪沙门氏菌进行研究, 分析发现胴体体表所分离沙门氏菌主要来自屠宰加工过程中的交叉污染和环境污染, 而胴体肉样的菌株则来自内源性污染。然而, Li Yu等<sup>[8]</sup>通过ERIC-PCR分型方法进一步研究发现, 沙门氏菌的基因型与同一血清型的来源相关, 不同血清型的菌株可以有相同的起源。本研究有着相同的发现, 如GZ1的2份肉鸡泄殖腔检出的印地安纳沙门氏菌均为I型, GZ2的1份TD检出的沙门氏菌II型及GZ3的2份LD检出的布利丹沙门氏菌来源一致(均为III型)。因此, 具有更强分型能力的ERIC-PCR可以应用于沙门氏菌污染源的追溯中。

### 3.3 沙门氏菌分离株污染源的ERIC-PCR分析

本研究中, GZ3的运输车检出一株V型沙门氏菌, 根据Corry等<sup>[13]</sup>研究, 运输工具表面的沙门氏菌与肉鸡在养殖场中所感染的菌株有关, 因此该V型菌株可能源于养殖场中感染的肉鸡。GZ1的JD、净膛工人手套、肉鸡泄殖腔及气囊内容物中所检出的菌株(I型)来源一致, 表明在肉鸡净膛过程中, 沙门氏菌以工人的手套为媒介可引起胴体间交叉污染, 而这些沙门氏菌同样源于养殖场中因食入了受污染的饲料等而感染的肉鸡。GZ2的ZD、脱毛指及部分TD同样检出了I型沙门氏菌, 这不仅表明了该厂不断地受到源于肉鸡养殖场中的沙门氏菌的污染, 而且这些菌株可在屠宰加工厂中长期存活, 并以脱毛指为媒介对不同时期的产品造成污染。Rasschaert等<sup>[20]</sup>对比利时3家肉鸡屠宰加工厂中沙门氏菌污染状况进行研究, 发现感染沙门氏菌的肉鸡可对屠宰加工生产链造成污染, 且部分菌株可于加工厂中长期存活并对后期的肉鸡产品造成污染。在GZ2及GZ3加工过程中的肉鸡胴体表面均检测到III型沙门氏菌, 这亦表明部分菌株可于该厂长期存活并污染不同时期的产品。

GZ所分离的沙门氏菌中, I型为优势基因型, 并常检出于加工厂的设备及器具表面, 表明源于养殖场的沙门氏菌及其污染加工设备及器具的状况对肉鸡生产链中的沙门氏菌检出率有着重要影响。Carramiñana等<sup>[21]</sup>同样认为进厂肉鸡的沙门氏菌携带量及加工设备与器具的污染状况是影响肉鸡生产链沙门氏菌污染的重要因素。

而在FX中, 进厂肉鸡、加工设备及器具等均未检出沙门氏菌, 这无疑有利于降低该厂生产链中沙门氏菌的检出。

ERIC-PCR溯源结果表明, GZ生产链中污染的菌株主要源于两个方面: 一方面, 肉鸡在宰前就已感染沙门氏菌, 且这些菌株最终可被带入加工厂中。另一方面, 肉鸡在脱毛及净膛环节中可发生胴体间交叉污染, 同时这些菌株可长期存在设备与环境中并引发后期的产品污染。

## 4 结 论

安徽省两家肉鸡屠宰加工企业生产链中的沙门氏菌总检出率为1.37%, 不同企业的污染状况存在差异, 主要源于肉鸡屠宰加工前的感染情况、加工过程中脱毛指及净膛工人手套污染状况的不同。ERIC-PCR的溯源研究表明, 肉鸡的宰前及脱毛、净膛过程作为引发生产链中沙门氏菌污染的重要环节应引起高度重视, 加强肉鸡的进厂检疫及加工设备与器具的日常卫生管理有利于降低沙门氏菌的污染。

## 参考文献:

- [1] 赵瑞兰, 张培正, 李远钊. 肉鸡加工厂环境及半成品中沙门氏菌污染情况调查[J]. 中国食物与营养, 2005(9): 32-34.
- [2] HULTON C S J, HIGGINS C F, SHARP P M. ERIC sequences a novel family of repetitive elements in the genomes of *Escherichia coli*, *Salmonella typhimurium* and other enterobacteria[J]. Molecular Microbiology, 1991, 5(4): 825-834.
- [3] VERSALOVIC J, KOEUTH T, LUPSKI J R. Distribution of repetitive DNA sequences in eubacteria and application to fingerprinting of bacterial genomes[J]. Nucleic Acids Research, 1991, 19(24): 6823-6831.
- [4] 晏群, 陈丽华, 刘文恩, 等. 分子生物学分型技术ERIC-PCR的建立[J]. 实用医学杂志, 2003, 19(6): 688-689.
- [5] 方伟, 杨杏芬, 柯昌文. ERIC-PCR在肠道致病菌基因分型和流行病学中的应用[J]. 国外医学: 卫生学分册, 2009, 36(1): 46-50.
- [6] 李郁, 焦新安, 魏建忠, 等. 合肥市屠宰生猪肉样沙门菌的PCR快速检测[J]. 中国卫生检验杂志, 2007, 17(11): 2018-2019.
- [7] 张宏梅, 石磊, 李琳. 沙门氏菌ERIC指纹分析[J]. 云南农业大学学报, 2007, 22(4): 467-470.
- [8] LI Yu, FANG Yanhong, ZHU Hengwen, et al. The analysis of ERIC-PCR genomic polymorphism of *Salmonella* isolated strains in pig carcass[J]. Journal of Animal and Veterinary Advances, 2011, 10(13): 1694-1698.
- [9] dos ANJOS BORGES L G, DALLA VECHIA V, CORCAO G. Characterisation and genetic diversity via REP-PCR of *Escherichia coli* isolates from polluted waters in southern Brazil[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, 45(2): 173-180.
- [10] OLSEN J E, BROWN D J, MADSEN M, et al. Cross-contamination with *Salmonella* on a broiler slaughterhouse line demonstrated by use of epidemiological markers[J]. Journal of Applied Microbiology, 2003, 94(5): 826-835.
- [11] MATIAS B G, PINTO P S, COSSI M V, et al. *Salmonella* spp. and hygiene indicator microorganisms in chicken carcasses obtained at differ-