

畜牧兽医科学

### 16S rRNA与Vitek-32对临床感染猪肠球菌鉴定结果比较

王亚宾<sup>1</sup>, 崔保安<sup>1</sup>, 陈丽颖<sup>2</sup>, 张红英<sup>1</sup>, 程金平<sup>2</sup>, 刘磊<sup>3</sup>

1. 河南农业大学
- 2.
3. 河南农业大学牧医工程学院微生物实验室

收稿日期 2008-12-1 修回日期 2009-1-23 网络版发布日期 2009-3-20 接受日期 2009-3-18

**摘要** 【研究目的】旨在研究两种常用的细菌分型方法对感染猪的肠球菌鉴定结果进行比较。【方法】对从河南洛阳、济源、许昌、南阳等地送检病猪体内分离到42株革兰阳性球菌分离纯化后, 分别用16S rRNA基因序列和Vitek-32全自动细菌鉴定系统对其进行鉴定。【结果】Vitek-32对42株分离菌中的34株鉴定到种的水平, 分别是粪肠球菌(*E. faecalis*) 10株、屎肠球菌(*E. faecium*) 2株、铅黄肠球菌(*E. casseliflavus*) 22株; 另有8株未成功鉴定。16S rRNA基因序列分析对42株分离菌成功进行了鉴定, 分别为粪肠球菌12株, 屎肠球菌30株。通过对两种方法鉴定结果比较发现, Vitek-32鉴定的10株粪肠球菌中除1株被16S rRNA鉴定为屎肠球菌外, 其余9株均相同; Vitek-32鉴定的2株屎肠球菌与16S rRNA鉴定结果相同; Vitek-32鉴定的22株铅黄肠球菌除了1株被16S rRNA鉴定为粪肠球菌外, 其余全部被鉴定为屎肠球菌; 8株未被Vitek-32鉴定的肠球菌中, 16S rRNA将其鉴定为2株粪肠球菌和6株屎肠球菌。【结论】在感染猪的肠球菌分型鉴定中, Vitek-32对粪肠球菌鉴定结果与16S rRNA比较具有较高的一致性(75%); 而对于屎肠球菌的鉴定结果与16S rRNA比较出现了较大的差异(93.3%)。

**关键词** [16S rRNA](#) [Vitek-32](#) [肠球菌](#) [鉴定](#) [猪](#)

分类号 [A](#)

**DOI:**

对应的英文版文章: [2008-1336](#)

通讯作者:

王亚宾 [ybwang8686@126.com](mailto:ybwang8686@126.com)

作者个人主页: 王亚宾<sup>1</sup>; 崔保安<sup>1</sup>; 陈丽颖<sup>2</sup>; 张红英<sup>1</sup>; 程金平<sup>2</sup>; 刘磊<sup>3</sup>

#### 扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (474KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“16S rRNA”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
  - [王亚宾](#)
  - [崔保安](#)
  - [陈丽颖](#)
  - [张红英](#)
  - [程金平](#)
  - [刘磊](#)