DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20250915001
引用格式: 杨菁, 汤晓召. 云南地区 30 件散装香辛料微生物菌群分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(12): 263–270.
YANG J, TANG XZ. Analysis of microbial communities in 30 samples of bulk spices in Yunnan Region [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(12): 263–270. (in Chinese with English abstract).

云南地区 30 件散装香辛料微生物菌群分析

杨 菁, 汤晓召*

[云南省疾病预防控制中心(云南省预防医学科学院), 昆明 650500]

摘 要: 目的 探究云南地区市场散装香辛料中细菌与真菌的群落结构及多样性特征。**方法** 采集云南地区八角、辣椒、白胡椒、草果、花椒、孜然共 6 类 30 件散装香辛料, 基于全基因组测序分析细菌、真菌多样性, 并从门水平、属水平对细菌、真菌菌群结构进行分析。**结果** 6 类香辛料细菌菌群在门水平上的优势菌群有变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门, 其中白胡椒类样品的细菌菌群多样性丰富。在属水平上, 优势菌群主要为戴尔福特菌属。6 类香辛料真菌菌群在门水平上的优势菌群有子囊菌门、担子菌门, 其中八角类样品的真菌菌群多样性丰富。在属水平上, 不同香辛料的优势菌群不同。香辛料中主要的致病菌污染为蜡样芽胞杆菌与克罗诺杆菌属, 并存在不同程度的霉菌污染。**结论** 香辛料中细菌及真菌的菌群多样性丰富, 在门水平上细菌菌群、真菌菌群的优势菌群较为一致, 而在属水平上会有不同。香辛料中细菌及真菌的菌群覆盖了人类致病菌菌属和植物致病菌菌属。

关键词: 香辛料; 细菌菌群; 真菌菌群

Analysis of microbial communities in 30 samples of bulk spices in Yunnan Region

YANG Jing, TANG Xiao-Zhao*

[*Yunnan Center for Disease Control and Prevention* (*Yunnan Academy of Preventive Medicine*), *Kunming* 650500, *China*]

ABSTRACT: Objective To investigate the community structure and diversity characteristics of bacteria and fungi in bulk spices marketed in Yunnan Region. **Methods** The 30 samples of bulk spices covering 6 categories, namely, star anise, chili pepper, white pepper, Amomum tsao-ko, Sichuan pepper and cumin, were collected from Yunnan Region. Using whole-genome sequencing, the diversity of bacteria and fungi was analyzed, and the microbial community structures of bacteria and fungi were investigated at the phylum and genus levels. **Results** The dominant bacterial communities of the 6 spices at the phylum level were Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidota, Actinobacteriota, and white pepper samples had high diversity in bacterial community. At the genus level, the dominant bacterial community was *Delftia*. The dominant groups of fungal communities of 6 spices at the phylum level were Ascomycota and Basidiomycota, and star anise samples had high diversity in fungal community. At the genus level, the dominant community of different spices were different. The main pathogenic bacterial contaminants

收稿日期: 2025-09-15
第一作者: 杨菁(1989—), 女, 硕士, 主管技师, 主要研究方向为食品微生物学检验。E-mail: 2015086662@qq.com
***通信作者:** 汤晓召(1989—), 女, 硕士, 主管技师, 主要研究方向为食品微生物学检验。E-mail: 1137406849@qq.com

in the spices were *Bacillus cereus* and *Cronobacter* spp., and there was varying degrees of mold contamination. **Conclusion** Spices have high diversity in bacterial and fungal communities, and the dominant communities of bacterial and fungal are more consistent at the phylum level in different spices, while they may be different at the genus level. The bacterial and fungal communities in the spices covered both human pathogenic and plant pathogenic genera.

KEY WORDS: spices; bacterial community; fungal community

0 引 言

香辛料作为提升食品风味、赋予饮食文化特色的关键辅料，在全球餐饮行业和家庭烹饪中具有重要的地位。在我国，香辛料产业依托丰富的农业资源，覆盖辣椒、花椒、八角、孜然等多个种类，不仅是日常消费的刚需品，更成为农产品出口贸易的重要组成部分，年产量与市场规模持续攀升，对推动地方经济发展、提升农产品国际竞争力具有重要推动作用。

然而，随着香辛料市场需求的扩大，其出口贸易却面临显著瓶颈。相关数据显示，我国香辛料出口量虽逐年增长，但因质量安全问题导致的退货、通报事件频发，其中微生物污染与农药残留是最主要的制约因素[1]。香辛料的生产过程涉及种植、采收、晾晒、加工、储存等多个环节，易受环境中微生物的污染，常见的致病菌包括沙门氏菌、单核细胞增生李斯特氏菌、蜡样芽胞杆菌等，同时还可能滋生曲霉、青霉等真菌并产生黄曲霉素、赭曲霉素等真菌毒素[2−3]。这些污染物不仅会降低香辛料的品质，更会在后续食品加工与食用过程中引发食物中毒、肠胃疾病等健康风险，对消费者安全构成威胁，也严重影响我国香辛料的国际市场信誉。唐晓阳[4]的研究数据进一步证实了该问题的严峻性: 2019 年至 2024 年期间，全球进出口香辛料中涉及微生物污染的相关通报共计 45 余种、1287 件，涉及欧盟、美国、日本等多个出口地，其中因致病菌超标导致的通报占比超过 60%。这一数据表明，微生物污染已成为制约我国香辛料产业高质量发展、阻碍出口贸易的关键问题。亟需通过系统性研究明晰污染现状，为防控措施的制定提供科学依据。魏文莉[5]在对不同采样地的干辣椒进行微生物分析时发现大肠埃希氏菌属，黑曲霉属污染严重。李燕杰等[6]对市场上常见香辛料进行微生物检测，结果表明香辛料中大肠菌群数与细菌总数均超标。由此可见，我国市售香辛料微生物超标率较高，相关污染已成为全球食品安全突出问题。

当前，针对香辛料微生物污染的研究方法多集中于传统的实验方法，难以全面揭示香辛料中菌群的整体结构、优势菌种及潜在风险微生物的分布特征。全基因组测序技术凭借其高分辨率、高通量的优势，能够从门、属甚至种水平解析微生物群落组成，为深入了解香辛料微生物污染的来源与传播路径提供更精准的技术支撑。

本研究以市售散装香辛料为研究对象，选取辣椒、花椒、八角、孜然、草果、白胡椒等 6 类共 30 件样品，采用全基因组测序技术对其菌群结构进行系统分析。通过明确不同品类香辛料中微生物的群落组成差异、优势菌群及潜在致病菌的分布情况，结合传统的致病菌检验及霉菌计数，旨在明晰当前市售散装香辛料的微生物污染现状，为香辛料流通环节的质量管控、污染风险预警及生产过程的优化提供数据支持与科学依据，进而助力我国香辛料产业突破出口瓶颈，实现高质量发展。

1 材料与方法

1.1 样本来源

本研究共采集了 6 类干制散装香辛料，每种类分别采集 5 件，共 30 件样品，包括八角(BJ)、辣椒(LJ)、白胡椒(BHJ)、草果(CG)、花椒(HJ)、孜然(ZR)，采自云南不同地区。

1.2 试剂与仪器

缓冲蛋白胨水、四六磺酸钠煌绿增菌液、亚硫酸铋琼脂、HE 琼脂、营养琼脂、软琼脂、李氏增菌肉汤 LB (LB_1、LB_2)、改良月桂基硫酸盐胰蛋白胨肉汤-万古霉素、阪崎显色平板、胰蛋白胨大豆琼脂、孟加拉红琼脂(北京陆桥计数股份有限公司)；李斯特显色培养基(上海欣中生物工程有限公司)；血平板(安图生物工程股份有限公司)；氯化钠(分析纯，西陇化工股份有限公司)；蜡样芽胞杆菌毒力基因荧光聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)试剂盒(生科源生物科技有限公司)；Phusion Master Mix、引物[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]。

SX-700H 高压灭菌器(日本 TOMMY 公司)；JJ 100 天平(精度 0.01 g，常熟市双杰测试仪器厂)；IKA MS3 振荡仪(德国 IKA 公司)；IF 260 plus 培养箱(德国 Memmert 公司)；7500 PCR 仪[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]；Illumina Novaseq 6000 高通量仪器(美国因美纳公司)。

1.3 方 法

1.3.1 样品 DNA 的提取及测定

采用十六烷基三甲基溴化铵法(cetyltrimethylammonium bromide, CTAB)对样品的基因组 DNA 进行提取，采用 Qubit

2.0 对 DNA 浓度进行精确定量, 合格情况下进按标准建库流程进行文库构建。

1.3.2　PCR 引物及体系

细菌 16S 扩增子测序使用引物 515F (5′→3′): GTGCCAGCMGCCGCGGTAA 和 806R (5′→3′): GGACTACHVGGGTWTCTAAT。真菌引物为 ITS1F (5′→3′): CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA 和 ITS2 (5′→3′): GCTGCGTTCTTCATCGATGC。扩增体系: Phusion Master Mix (2×) 15 μL, 引物(2 μmol/L) 3 μL, DNA 模板(1 ng/μL) 10 μL, 灭菌去离子水补至 30 μL。扩增程序: 98 ℃预变性 1 min; 30 个循环(98 ℃, 10 s; 50 ℃, 30 s; 72 ℃, 30 s); 72 ℃, 5 min。使用 Illumina Novaseq 6000 高通量仪器进行上机测序。

1.3.3　致病菌的分类与鉴定

根据 GB 4789.4—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 沙门氏菌检验》、GB 4789.30—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 单核细胞增生李斯特氏菌检验》、GB 4789.40—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 克罗诺杆菌属(阪崎肠杆菌)检验》、GB 4789.40—2014《食品安全国家标准 食品微生物学检验 蜡样芽胞杆菌》、GB 4789.15—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 霉菌和酵母计数》对样品进行处理、检验及致病菌计数、分离、鉴定。

1.4　数据处理

使用 Mothur v1.43.0 软件将得到的 ASVs 与数据库比对从而得到每个 ASV 的物种信息。使用 QIIME2 软件计算 otus、shannon、simpson、chao1、coverage、dominance 和 pielou e 指数。使用 R 4.3 软件对样品在门、属分类上进行分析并绘制相对丰度图。在相对丰度图中, 占比最高的菌属, 为优势菌属。

其中, otus 是序列聚类后替代“物种”的分类单位, 用于多样性计算; shannon 综合反映物种丰富度和均匀度的 α 多样性指标, 一般情况下指数值越高, 物种多样性越丰富; simpson 侧重反映物种均匀度的 α 多样性指标, 值越大, 均匀度越高; chao1 重点反映群落中物种的数量多少, 代表群落的物种丰富度越高, 常与 shannon 指数、simpson 指数联合使用以全面评估 α 多样性; coverage 数值越接近 1, 说明测序深度足够; dominance 衡量群落中优势物种的集中程度, 物种丰度分布越均匀, 指数值则越小; pielou e 数值越接近 1, 代表群落中各物种的相对丰度越均匀; 数值越接近 0, 代表物种丰度差异越大[7−9]。

2　结果与分析

2.1　细菌菌群分析

2.1.1　细菌菌群多样性分析

对 6 种不同香辛料样品的细菌菌群 α 多样性指数进行分析, 结果见表 1。从 chao1 指数和 otus 指数来看, 实际获得的细菌物种数少于观测到细菌物种数。从表 1 中可知, coverage 指数均大于 0.99, 说明此次采样检测未被观测到的细菌比例极低, 取样较为充分, 样品能较好地代表真实群落, 测序结果可行。样品 pielou e 指数在 0.24~0.45 之间, 表明这 6 种样品细菌菌群均匀度不高。结合 shannon 指数和 simpson 指数可知白胡椒类样品的细菌菌群多样性较高。

2.1.2　基于门水平细菌菌群分析

本研究对 6 类 30 件不同的香辛料的细菌菌群进行分析, 从门水平上, 相对丰度位于前 4 的菌群有: 变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidota)、放线菌门(Actinobacteriota), 且 6 类香辛料均含有此 4 种菌群。

从门水平的物种丰度热图可知, 白胡椒类样品中梭杆菌门(Fusobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门的物种丰富度较高, 辣椒类样品中变形菌门的物种丰富度较高, 花椒类样品中放线菌门、拟杆菌门的物种丰富度较高, 孜然类样品中酸杆菌门(Acidobacteriota)的物种丰富度较高, 八角类样品中浮霉菌门(Planctomycetota)、变形菌门的物种丰富度较高, 见图 1。

2.1.3　基于属水平的细菌菌群分析

不同种类香辛料在属水平细菌物种丰度如图 2 所示。由图 2 可知在属水平上, 6 种香辛料均含有的菌群有戴尔福特菌属(*Delftia*)、罗尔斯通氏菌属(*Ralstonia*), 其中戴尔福特菌属为优势菌群。

表 1　样品细菌菌群多样性指数

Table 1　Bacterial community diversity indices of samples

样品名	chao1	dominance	coverage	otus	pielou e	shannon	simpson
BJ	269.688	0.497	0.999	256.4	0.279	2.216	0.503
LJ	123.550	0.548	0.999	117.8	0.245	1.765	0.452
BHJ	487.876	0.211	0.999	465.0	0.445	3.899	0.788
CG	268.100	0.393	0.999	249.2	0.325	2.537	0.607
HJ	240.078	0.383	0.999	226.4	0.332	2.646	0.617
ZR	100.110	0.379	0.999	94.4	0.342	2.001	0.621

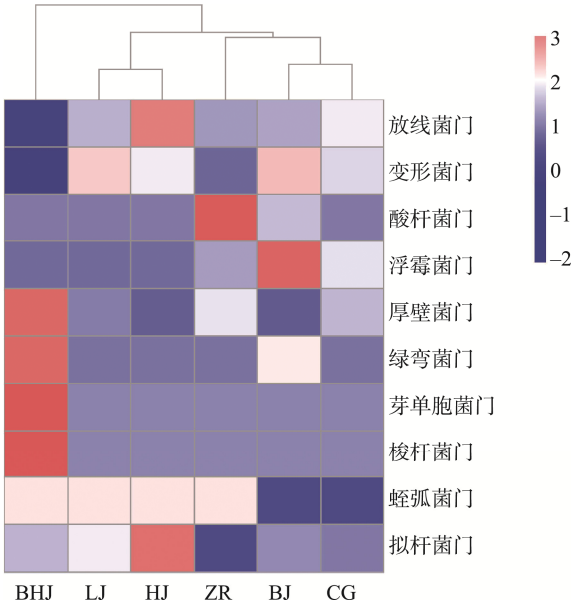


图 1 样品门水平细菌菌群热图

Fig.1 Heatmap of bacterial communities at the phylum level in samples

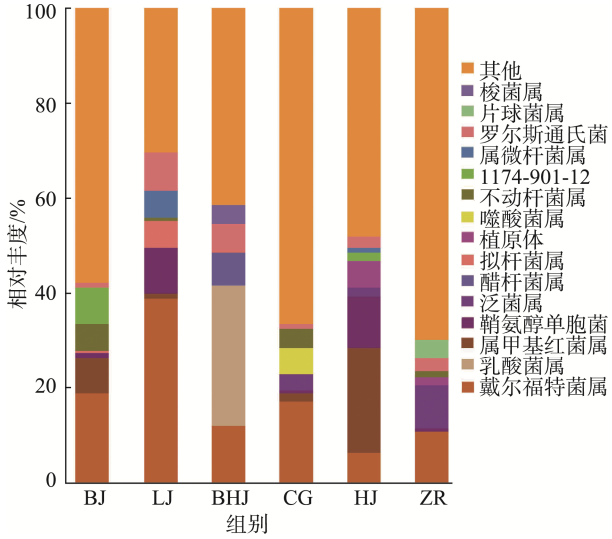


图 2 样品属水平细菌优势菌群相对丰度图

Fig.2 Relative abundance plot of bacterial dominant communities at the genus level in samples

不同种类香辛料样品的细菌菌群会有不同，乳酸菌属 (*Ligilactobacillus*) 、醋杆菌属 (*Acetobacter*) 、梭菌属 (*Clostridium*) 3 类菌群仅在白胡椒类样品中存在，其中乳酸菌属的相对丰度较高，为 29.17%，而梭菌属中有多个种为典型人类致病菌。噬酸菌属(*Acidovorax*)仅在草果类样品中存在，相对丰度为 5.71%，甲基红菌属(*Methylorubrum*)在胡椒类样品中的相对丰度较高，相对丰度为 22.29%。

2.2 真菌菌群分析

2.2.1 真菌菌群多样性分析

对 30 件样品的真菌菌群 α 多样性指数进行分析，见表 2。从 chao1 指数和 otus 指数来看，实际获得的真菌物种数少于观测到真菌物种数。从表 2 中可知，coverage 指数均大于 0.99，说明此次采样检测未被观测到的真菌比例极低，取样较为充分，样品能较好地代表真实群落，测序结果可行。从样品 pielou e 指数可知，此 30 件样品的真菌菌群均匀度高于细菌菌群的均匀度。结合 shannon 指数和 simpson 指数可知八角类样品的真菌菌群多样性较高。

2.2.2 基于门水平真菌菌群分析

从门水平上看，不同种类的香辛料中，含有的真菌菌群主要有：子囊菌门 (Ascomycota) 、担子菌门 (Basidiomycota) 、毛霉门 (Mucoromycota) 、被孢霉门 (Mortierellomycota) 、壶菌门 (Chytridiomycota) 、虫霉门 (Zoopagomycota) 、罗兹菌门 (Rozellomycota) 、油壶菌门 (Olpidiomycota)以及球囊菌门(Glomeromycota)，占优势的真菌菌群有子囊菌门及担子菌门，二者总和在各香辛料真菌菌群中占比约为 70%~98%。另外，虫霉门、球囊菌门仅存在于孜然类样品中，罗兹菌门仅在胡椒类样品中检出、油壶菌门仅存在于胡椒类样品中。

从门水平的物种丰度热图可知，孜然类样品中虫霉门、球囊菌门、被孢霉门、壶菌门的物种丰富度较高，草果类样品中罗兹菌门的物种丰富度较高，八角类样品中毛霉门的物种丰富度较高，花椒类样品中油壶菌门的物种丰富度较高，见图 3。

表 2 样品真菌菌群多样性指数

Table 2 Fungal community diversity indices of samples

样品名称	chao1	dominance	coverage	otus	pielou e	shannon	simpson
BJ	284.613	0.120	0.999	207.6	0.601	4.536	0.880
LJ	251.648	0.152	0.999	205.2	0.576	4.382	0.848
BHJ	126.450	0.167	0.999	122.0	0.615	4.123	0.833
CG	214.372	0.260	0.999	174.8	0.507	3.741	0.740
HJ	327.955	0.184	0.998	236.2	0.496	3.835	0.816
ZR	298.095	0.444	0.998	202.8	0.340	2.496	0.556

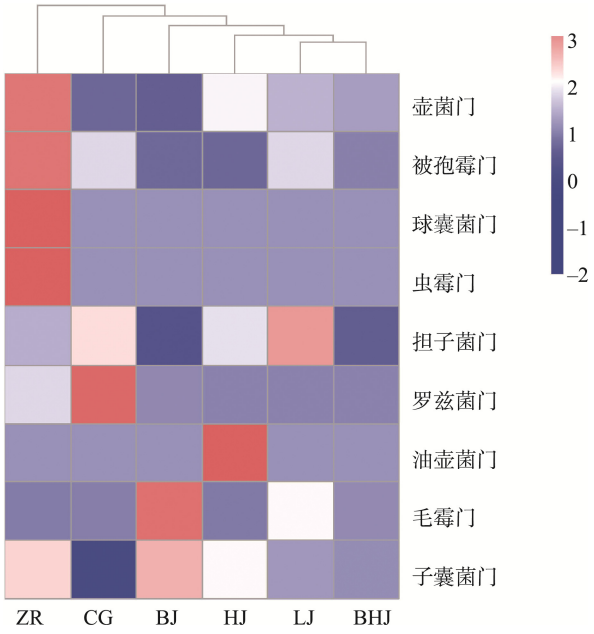


图 3　样品门水平真菌菌群热图

Fig.3　Heatmap of fungal communities at the phylum level in samples

2.2.3　基于属水平的真菌菌群分析

不同种类香辛料在属水平真菌物种丰度如图 4 所示。由图 4 可知在属水平上, 不同种类的香辛料真菌物种的丰度各有不同。其中, 八角类样品真菌优势菌群为壳二孢属(*Didymella*) (10.24%), 辣椒类样品真菌优势菌群为枝孢属(*Cladosporium*) (23.90%), 白胡椒类样品真菌优势菌群为镰孢属(*Fusarium*) (17.20%), 草果类样品真菌优势菌群为曲霉属(*Aspergillus*) (14.02%), 花椒类样品真菌优势为丝担菌属(*Filobasidium*) (11.00%), 孜然样品中的优势真菌菌群为链格孢属(*Alternaria*) (63.46%)。

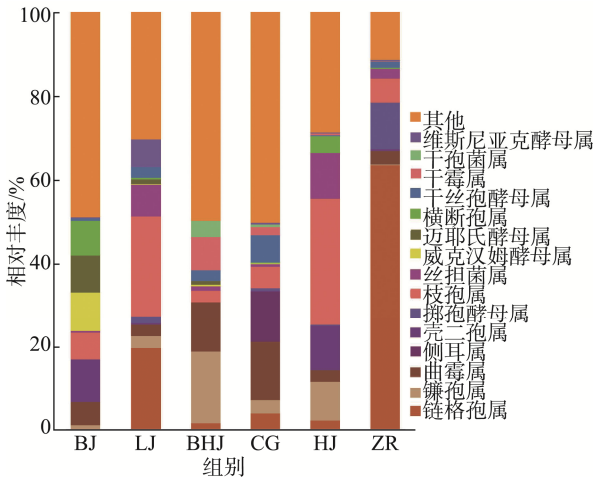


图 4　样品属水平真菌优势菌群相对丰度图

Fig.4　Relative abundance plot of fungal dominant communities at the genus level in samples

2.3　微生物污染物检测

2.3.1　致病菌检出情况

对 30 件香辛料样品进行了蜡样芽胞杆菌(定量)、克罗诺杆菌属(定量)、单核细胞增生李斯特氏菌、沙门氏菌 4 种致病菌的检测, 其中单核细胞增生李斯特氏菌、沙门氏菌均无检出, 蜡样芽胞杆菌(定量)的样品阳性率为 36.67% (11/30), 计数范围最低为 5 CFU/g, 最高为 210 CFU/g, 克罗诺杆菌属(定量)的样品阳性率为 33.33% (10/30), 计数范围最低为 0.30 MPN/100 g, 最高为>110.00 MPN/100 g, 见表 3。从表 3 中可知, 样品中共分离得到 11 株蜡样芽胞杆菌, 其中携带 *hbl C*、*nhe B* 和 *ces* 的菌株分别为 54.55% (6/11)、100.00% (11/11)、0% (0/11)。克罗诺杆菌属中, 检出阪崎克罗诺杆菌、丙二酸盐克罗诺杆菌、都柏林克罗诺杆菌和莫金斯克罗诺杆菌, 占比分别为 50.00% (5/10)、30.00% (3/10)、10.00% (1/10)、10.00% (1/10), 见表 3。

表 3　不同类型香辛料蜡样芽胞杆菌、克罗诺杆菌属检出情况

Table 3　Detection of *Bacillus cereus* and *Cronobacter* spp. in different types of spices

样品类别	蜡样芽胞杆菌			克罗诺杆菌属		
	阳性数/份	计数结果/(CFU/g)	*hblC*/*nheB*/*ces*	阳性数/份	计数结果/(MPN/100 g)	菌种鉴定
BJ	2	5	-/+/-	1	0.30	阪崎克罗诺杆菌
		130	+/+/-			
LJ	1	20	-/+/-	2	0.36	丙二酸盐克罗诺杆菌
					>110.00	阪崎克罗诺杆菌
BHJ	1	190	+/+/-	2	0.36	阪崎克罗诺杆菌
					0.30	阪崎克罗诺杆菌
CG	3	45	+/+/-	1	0.36	阪崎克罗诺杆菌
		20	-/+/-			
		10	-/+/-			
HJ	2	120	+/+/-	1	23.00	都柏林克罗诺杆菌
		170	+/+/-			
ZR	2	10	+/+/-	3	0.36	丙二酸盐克罗诺杆菌
					110.00	莫金斯克罗诺杆菌
		210	-/+/-		0.36	丙二酸盐克罗诺杆菌

注: +表示基因阳性; -表示基因阴性。

2.3.2 霉菌检出情况

对 30 件不同散装香辛料样品进行了霉菌检测，具体检测结果见表 4。从表 4 中可知，霉菌都有不同程度的检出，计数范围最低为<10 CFU/g，最高位 3800 CFU/g。其中，白胡椒类样品的霉菌计数结果最低，且有两件样品的霉菌计数<10 CFU/g。

表 4 不同类型香辛料霉菌计数情况

Table 4 Situation of fungal counts in different types of spices

样品类别	霉菌计数 CFU/g	样品类别	霉菌计数 CFU/g
BJ	1200	CG	90
	40		120
	400		30
	50		100
	180		150
LJ	1100	HJ	1200
	80		120
	1600		3200
	800		160
	3800		200
BHJ	<10	ZR	180
	30		100
	15		100
	10		210
	<10		90

3 讨论与结论

本研究采用全基因组测序，对 6 类 30 件不同种类的散装香辛料进行细菌、真菌菌群的分析。

(1)八角、辣椒、白胡椒、草果、花椒、孜然 6 类香辛料细菌菌群在门水平上的优势菌群有变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门，其中白胡椒类样品的细菌菌群多样性丰富。在属水平上，优势菌群为戴尔福特菌属。

虽然香辛料种类不同，但其细菌群落的门水平具有较强的相似性，此结果与 SANE 等[10]的研究结果相同，可能因为不同香辛料受到相似储存条件、加工过程的影响导致群落结构相似。在属水平上，不同种类香辛料样品的细菌菌群会有不同，优势类群主要为戴尔福特菌属，该菌属为变形杆菌门下的革兰氏阴性细菌，广泛分布于自然环境中，具有较强的耐旱性和渗透压适应能力、代谢效率高、pH 适应范围广[11–14]。在香辛料这种室温、通风或密封的储存条件下，推断该菌属能够利用营养成分低的物质，分泌小分子抗菌物质，抑制其他细菌的生长，从而成为优势菌。

白胡椒类样品的细菌菌群多样性丰富，且含有相对丰度较高的乳酸菌属，这可能与白胡椒特殊的加工过程有关。首先，胡椒在加工过程中需要去皮，去皮过程会减少果皮中酚类、萜类等抗菌成分的含量[15]，从而降低对部分细菌的抑制作用。其次胡椒类样品的“水浸发酵”过程是一个“厌氧、酸性”的环境，给乳酸菌属提供有优势的增殖条件[16]。

(2)八角、辣椒、白胡椒、草果、花椒、孜然 6 类香辛料真菌菌群在门水平上的优势菌群有子囊菌门、担子菌门，其中八角类样品的真菌菌群多样性丰富。在属水平上，不同香辛料的优势菌群不同。

在门水平上，香辛料的真菌优势菌群有子囊菌门、担子菌门，此研究结果与文献[17–18]的研究结果一致。在属水平上，不同香辛料的真菌优势菌群有所差异，表明不同香辛料的真菌菌群与香辛料固有成分的选择与作用、加工方式等有关。如辣椒类样品优势菌群枝孢属，对植物源刺激性物质的耐受性较强，虽然辣椒含有高浓度抗菌作用的辣椒素，但枝孢属因能耐受从而成为优势菌[19–20]。链格孢属是孜然类样品的主要病原菌，可导致植物枯萎、种子失活[16]，但链格孢属真菌可能通过“外排泵-生物”协同介导机制，从而突破孜然类抑菌物质的化学防御，成为优势菌[21–24]。曲霉属具有较强耐旱性和产酶能力，能分解纤维素等，比其他菌属更能适应草果的干燥储存环境[25–26]。

(3)通过微生物致病菌及霉菌计数结果可知，香辛料中主要的致病菌为蜡样芽胞杆菌和克罗诺杆菌属。

蜡样芽胞杆菌为条件性致病菌，一方面当食品中污染含量大于 10^5 CFU/g 时才有可能导致食物中毒事件的发生，另一方面蜡样芽胞杆菌携带的溶血性肠毒素基因毒力 *hbl*、非溶血性肠毒素毒力基因 *nhe*、呕吐毒素毒力基因 *ces* 也会导致食源性疾病的发生[27]。在本次研究中，所有样品的蜡样芽胞杆菌计数均小于 10^5 CFU/g，*nhe B* 基因的检出率为 100.00%，*hbl C*+*nhe B* 的检出率为 54.55%。说明香辛料样品中，存在蜡样芽胞杆菌污染的情况，但携带呕吐毒素毒力基因 *ces* 的概率较低。

有相关研究表明，当用 10^4~10^5 CFU/mL 浓度的克罗诺杆菌属进行小鼠实验室时，72 h 小鼠的死亡率高达 60%以上[28]，因此对香辛料中克罗诺杆菌属进行定量检测，可以跟踪评价香辛料中克罗诺杆菌属的污染水平，预防相关食源性疾病的发生。另外，在此次克罗诺杆菌属的计数、鉴定试验中，共分离得到 4 类种，其中以阪崎克罗诺杆菌、丙二酸盐克罗诺杆菌为主，此结果与文献[29–30]的研究结果一致。

本研究表明，香辛料中细菌及真菌的菌群多样性丰富，覆盖了人类致病菌，如梭菌属、曲霉属[31–33]和植物致病菌如噬酸菌属、壳二孢属、枝孢属、镰孢属、链格孢属[34–39]。同时，存在着不同程度的细菌性致病菌、霉菌污染。在这

些香料所携带的微生物中, 枝孢属、曲霉属、链格孢属等会导致植物病害, 产生次级代谢产物、引起植物发霉而影响香辛料的风味、口感及质量。枝孢菌属, 它的孢子是重要过敏原, 可引起呼吸系统的过敏反应。镰孢属、曲霉属、链格孢属会产生毒素, 对人体造成伤害, 由此可见, 香辛料微生物污染的严重性。目前, GB 31644—2018《食品安全国家标准 复合调味料》适用于复合调味料的微生物限量, 并规定应符合 GB 29921—2021《食品安全国家标准 预包装食品中致病菌限量》的限量标准。虽然 GB 29921—2021 中有针对“即食香辛料类”提出了致病菌限量要求, 但不适用于八角、花椒等非即食香辛料。因此, 本研究通过全基因组测序的方法, 了解、分析各类散装香辛料中细菌、真菌的群落结构, 并对致病菌、霉菌进行检测, 为香辛料的流通管理、标准制修订提供基础数据与理论支持。

参考文献

[1] 香辛料: 加强源头管理 推广绿色包装[J]. 中国海关, 2025(3): 20–25.
Spices: Strengthening source management and promoting green packaging [J]. China Customs, 2025(3): 20–25.

[2] HUANG ZH, ZHANG ZH, TONG JR, *et al*. Phages and their lysins: Toolkits in the battle againt foodborne phathogens in the postantibiotic era [J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2021, 20(4): 3319–3343.

[3] LITTLE CL, OMOTOYE R, MITCHELL RT. The microbiological quality of ready-to-eat foods with added spices [J]. International Journal of Environmental Health Research, 2003, 13(1): 31–42.

[4] 唐晓阳. 2019—2024 年全球进出口食用香辛料及其调味粉微生物污染风险分析[J]. 生物加工过程, 2025, 23(2): 233–240.
TANG XY. Risk analysis of microbial contamination in food spices and seasoning powders based on global imports and exports from 2019 to 2024 [J]. Chinese Journal of Bioprocess Engineering, 2025, 23(2): 233–240.

[5] 魏文莉. 脉冲强光结合姜黄素技术对干红辣椒杀菌效果及品质研究[D]. 镇江: 江苏大学, 2022.
WEI WL. Disinfection effect and quality study of combined pulsed light and curcumin technology for driedchilies [D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2022.

[6] 李燕杰, 黄佳佳, 东方, 等. 电子束辐照对三种香辛料的杀菌效果及香气成分的影响[J]. 食品工业科技, 2017, 38(16): 19–23.
LI YJ, HUANG JJ, DONG F, *et al*. Effects of electron beam irradiation on sterilization and aroma components of three spices [J]. Science and Technology of Food Industry, 2017, 38(16): 19–23.

[7] PIELOU EC. The measurement of diversity in different types of biological collections [J]. Journal of Theoretical Biology, 1966, 4(2): 163–177.

[8] 魏雅楠, 李志艳, 宁立强, 等. 青海地区藏族和汉族老年人根面龋和慢性牙周炎部位微生物群落分析[J]. 中国微生态学杂志, 2025, 37(4): 428–435.
WEI YN, LI ZY, NING LQ, *et al*. Microbial profiles of root caries and chronic periodontitis in elderly Zang *vs* Han populations in Qinghai region [J]. Chinese Journal of Microecology, 2025, 37(4): 428–435.

[9] SAPOLSKY RM, SHARE LJ. Dominance index: A simple measure of relative dominance status in primates [J]. American Journal of Primatology, 1987, 12(4): 459–467.

[10] SANE S, DIOUARA AAM, COUNDOUL S, *et al*. A metagenomic assessment of bacterial community in spices sold open-air markets in Saint-Louis, Senegal [J]. Scientific Reports, 2024, 4(8). DOI: 10.21203/re.3.rs-4202002/v1

[11] BHAT SV, MAUGHAN H, CAMERON ADS, *et al*. Phylogenomic analysis of the genus *Delftia* reveals distinct major lineages with ecological specializations [J]. Microbial Genomics, 2022, 8(9): mgen000864.

[12] JUAREZ-JIMENEZ B, MANZANERA M, RODELAS B, *et al*. Metabolic characterization of a strain (BM90) of *Delftia tsuruhatensis* showing highly diversified capacity to degrade low molecular weight phenols [J]. Biodegradation, 2010, 21(3): 475–489.

[13] 梁雪杰, 郭殿豪, 刘邮洲, 等. 一株戴尔福特菌 NF83-1 的鉴定及评价[J]. 植物保护学报, 2016, 43(2): 248–254.
LIANG XJ, GUO DH, LIU YZ, *et al*. Idengtification and evaluation of *Delftia tsuruhatensis* strain NF89-1 [J]. Journal of Plant Protection, 2016, 43(2): 248–254.

[14] 罗秋雨, 梁艳, 蒋二笑, 等. 石油烃降解菌 *Delftia tsuruhatensis* LD1 对柴油的降解特性[J]. 环境科学与技术, 2025, 48(5): 80–86, 96.
LUO QY, LIANG Y, JIANG ERX, *et al*. Degradation characteristics of diesel by petroleum hydrocarbon-degrading bacterium *Delftia tsuruhatensis* LD1 [J]. Environmental Science and Technology, 2025, 48(5): 80–86, 96.

[15] 李赵生. 一种采用微生物发酵对白胡椒进行脱色的方法: 中国, CN 201810169317.6[P]. 2021-05-28.
LI ZS. A method for decolorization of white pepper using microbial fermentation: China, CN 201810169317.6 [P]. 2021-05-28.

[16] SADE E, LASSILA E, BJORKROTH J. Lactic acid bacteria in dried vegetables and spices [J]. Food Microbiology, 2016, 2(53): 110–114.

[17] 班雨函, 杨兵兵, 马爱进, 等. 不同香辛料对低盐虾酱中微生物群落和理化性质的影响[J]. 食品科学, 2023, 44(8): 143–151.
BAN YH, YANG BB, MA AIJ, *et al*. Effects of different spices on microbial community and physicochemical properties in low-salt shrimp paste [J]. Food Science, 2023, 44(8): 143–151.

[18] 李鑫, 王福清, 吴桂苹, 等. 胡椒浸泡脱皮过程中真菌菌群的动态变化[J]. 热带农业科学, 2022, 42(5): 67–74.
LI X, WANG FQ, WU GP, *et al*. Dynamic changes of fungal flora during pepper peeling [J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture, 2022, 42(5): 67–74.

[19] 赵玲艳, 黄嘉欣, 杨剑, 等. 盐渍辣椒真菌多样性分析[J]. 中国食品学报, 2021, 21(4): 310–317.
ZHAO YL, HUANG JX, YANG J, *et al*. Analysis on the diversity of fungi in salted pepper [J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2021, 21(4): 310–317.

[20] LIU DT, CHEN J, LI X, *et al*. Revealing the microbial contributions in chili paste fermentation by inoculating in situ microbiome [J]. Food Science and Technology, 2024, 191: 115632.

[21] WADUD A, DAS S. KHOKON AR. Prevalence of the *Alternaria* blight of cumin (*Cuminum cyminum* L.) in Bangladesh: Morphology, phylogeny and pathogenic variation of *Alternaria* spp. [J] Saudi Journal of Biological Sciences, 2021, 28(10): 5865–5874.

[22] MEI RF, SHI YX, DUAN WH, *et al*. Biotransformation of *α*-terpineol by *Alternaria alternate* [J]. RSC Advances, 2020, 10(11): 6491–6496.

[23] CHEN H, ZHAO Y, QIN G, *et al*. Antifungal effects and active components of *Ligusticum chuanxiong* [J]. Molecules, 2022, 27(14): 4589.

[24] ZHANG X, GUO J, CHENG F, *et al*. Cytochrome P450 enzymes in fungal natural product biosynthesis [J]. Natural Product Reports, 2021, 38(6): 1072–1099.

[25] 宋美芳, 张忠廉, 李学兰. 3 种云南主产中药材上污染真菌在贮藏过程中的变化[J]. 时珍国医国药, 2015, 26(4): 955–957.
SONG MF, ZHANG ZL, LI XL. Changes in contaminating fungi on 3 major medicinal materials produced in Yunnan during storage [J]. Lishizhen Medicine and Materia Mediaca Research, 2015, 26(4): 955–957.

[26] 宋美芳, 陈娟, 李学兰, 等. 云南地区三七和草果上真菌污染的初步分析[J]. 中国中药杂志, 2012, 37(12): 1734–1737.
SONG MF, CHEN J, LI XL, *et al*. Primary investigation of contaminating fungi on panax notoginseng and *Amomum tsaoko* in Yunnan [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2012, 37(12): 1734–1737.

[27] 陆峥, 崔霞, 王迪, 等. 2021—2023 年北京市食源性蜡样芽胞杆菌污染水平及毒力基因分布[J]. 卫生研究, 2025, 54(4): 626–630.
LU Z, CUI X, WANG D, *et al*. Distribution of virulence genes of foodborne *Bacillus cereus* in Beijing from 2021 to 2023 [J]. Journal of Hygiene Research, 2025, 54(4): 626–630.

[28] LIN N, JIANG XT, STEPHEN F, *et al*. Food safety risks and contributing factors of *Cronobacter* spp. [J]. Engineering, 2022, 12(5): 129–139.

[29] 聂玉敏, 李成, 段云权, 等. 2022—2024 年楚雄州香辛料制品中克罗诺杆菌检测结果及分子分型、耐药性分析[J]. 现代食品, 2025(11): 209–214.
NIE YM, LI C, DUAN YQ, *et al*. Detection results, molecular typing and drug resistance analysis of *Cronobacter* in sspice products of Chuxiong prefecture from 2022 to 2024 [J]. Modern Food, 2025(11): 209–214.

[30] 李毅, 林丹, 谢爱蓉, 等. 食品香辛料和调味品中克罗诺杆菌污染调查及分子分型研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2022, 32(4): 495–498.
LI Y, LIN D, XIE AIR, *et al*. Contamination investigation and molecular typing analysis of *Cronobacter* in food spices and condiments [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2022, 32(4): 495–498.

[31] GARVEY M. Foodborne *Clostridioides* species: Pathogenicity, virulence and biocontrol options [J]. Microorganisms, 2023, 11(10): 2483.

[32] TANIWAKI MH, PITT JI, MAGAN N. *Aspergillus* species and mycotoxins: occurrence and importance in major food commodities [J]. Current Opinion in Food Science, 2018, 10(23): 38–43.

[33] PINZAN CF, VALERO C, CASTRO PA, *et al*. *Aspergillus fumigatus* conidial surface-associated proteome reveals factors for fungal evasion and host immunity modulation [J]. Nature Microbiology, 2024(9): 2710–2726.

[34] ZHANG X, LIU Z, SUN, X, *et al*. HrpW modulates paracidovorax citrulli virulence and plant immunity via ClRAR1 Interaction in watermelon [J]. Molecular Plant Pathology, 2025, 26(6): e70108.

[35] 曹师, 史敏, 李彦忠. 微白黄链霉菌对红豆草壳二孢的拮抗效果评价[J]. 草业科学, 2018, 35(5): 1098–1105.
CAO S, SHI M, LI YZ. Evaluation of the antagonistic effect of *Streptomyces albidoflavus* against *Ascochyta onobrychis* [J]. Pratacultural Science, 2018, 35(5): 1098–1105.

[36] COSSEBOOM SD, HU M. Identification and pathogenicity of *Cladosporium*, *Fusarium*, and *Diaporthe* spp. associated with late-season bunch rots of grape [J]. Plant Disease, 2023, 107(10): 2929–2934.

[37] ZHENG F, LI L, XIAO X. *et al*. Species diversity of *Cladosporium* in *Citrus* and the genetic mechanisms for *C. cladosporioides* complex to adapt broad host plants [J]. Fungal Diversity, 2025, 133: 1–22.

[38] XIA HX, XIA XY, GUO M, *et al*. The map kinase FvHog1 regulates FB1 synthesis and Ca^{2+} homeostasis in *Fusarium verticillioides* [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024, 473: 134682.

[39] 康子腾, 姜黎明, 罗义勇, 等. 植物病原链格孢属真菌的致病机制研究进展[J]. 生命科学, 2013, 25(9): 908–914.
KANG ZT, JIANG LM, LUO YY, *et al*. The research advances of mechanism of pathogenicity of *Alternaria* phytopathogenic fungi [J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2013, 25(9): 908–914.

(责任编辑: 安香玉 蔡世佳)