DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260209005
引用格式: 牛娜, 刘莹, 金晓蕾, 等. 食品中产志贺毒素大肠埃希氏菌检测技术研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(9): 199–207.
NIU N, LIU Y, JIN XL, *et al*. Research progress on detection technology of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in food [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(9): 199–207. (in Chinese with English abstract).

食品中产志贺毒素大肠埃希氏菌检测技术研究进展

牛 娜[1,2], 刘 莹[1,2], 金晓蕾[1,2], 祝筱慧[1,2], 涂晓波[1,2], 刘慧玲[1,2], 马淑棉[1,2], 匡燕云[1,2], 邓 莎[1,2], 赵 芳[1,2*]

(1. 深圳海关食品检验检疫技术中心, 深圳 518045; 2. 深圳市检验检疫科学研究院, 深圳 518045)

摘 要: 产志贺毒素大肠埃希氏菌(Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, STEC)是全球范围内重要的食源性致病菌之一, 可引发腹泻、出血性肠炎以及溶血性尿毒综合征等严重疾病, 对公共卫生安全和食品产业构成持续威胁。随着食品供应链的全球化以及生鲜和即食食品消费比例的不断增加, STEC 污染的隐蔽性和复杂性进一步加剧, 对检测技术的灵敏性、特异性和时效性提出了更高要求。本文系统综述了国内外食品中 STEC 检测技术与标准体系的研究进展, 重点分析了传统培养法、免疫学方法、分子生物学方法及噬菌体、生物传感等其他新型检测技术的应用现状、优势与不足。研究表明, STEC 检测技术正由传统培养确证向分子快速筛查与活菌分离复核相结合的方向发展, 先进方法在检测速度、靶标覆盖和风险识别方面具有明显优势, 但仍存在设备依赖性强、操作复杂及阳性样品分离确认效率不足等问题。本文进一步从先进性、实用性和结果可靠性角度对相关技术进行了综合评述, 以期为食品中 STEC 检测方法的优化、标准化建设及实际监管应用提供参考。

关键词: 产志贺毒素大肠埃希氏菌; 食源性微生物; 食品安全; 检测技术

Research progress on detection technology of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in food

NIU Na[1,2], LIU Ying[1,2], JIN Xiao-Lei[1,2], ZHU Xiao-Hui[1,2], TU Xiao-Bo[1,2], LIU Hui-Ling[1,2], MA Shu-Mian[1,2], KUANG Yan-Yun[1,2], DENG Sha[1,2], ZHAO Fang[1,2*]

(1. *Food Inspection and Quarantine Technology Center of Shenzhen Customs*, *Shenzhen* 518045, *China*; 2. *Shenzhen Academy of Inspection and Quarantine*, *Shenzhen* 518045, *China*)

ABSTRACT: Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) is one of the most significant foodborne pathogens worldwide, capable of causing serious diseases such as diarrhea, hemorrhagic colitis and hemolytic uremic syndrome, posing a continuous threat to public health and the food industry. With the globalization of food supply chains and the

收稿日期: 2026-02-09
基金项目: 海关总署科研项目(2024HK010); 国家重点研发计划项目(2019YFC1605402)
第一作者: 牛娜(1990—), 女, 高级工程师, 主要研究方向为食品安全检测。E-mail: niuna2026@126.com
***通信作者:** 赵芳(1981—), 女, 硕士, 高级工程师, 主要研究方向为食品安全检测。E-mail: 5021665571@163.com

increasing consumption of fresh and ready-to-eat foods, the concealment and complexity of STEC contamination have been further exacerbated, raising higher demands on the sensitivity, specificity and timeliness of detection technologies. This review systematically summarized research progress in STEC detection technologies and standard systems in foods both domestically and internationally, with a focus on the application status, advantages and limitations of conventional culture-based methods, immunological assays, molecular biological techniques, as well as emerging approaches such as bacteriophage-based methods and biosensors. The results indicated that STEC detection was evolving from traditional culture-based confirmation toward integrated strategies combining rapid molecular screening with viable bacterial isolation. While advanced methods demonstrated clear advantages in detection speed, target coverage and risk identification, they still faced challenges including high equipment dependence, operational complexity and limited efficiency in isolating viable bacteria from positive samples. This study further evaluated these technologies in terms of advancement, practicality and reliability, aiming to provide references for the optimization, standardization and practical application of STEC detection methods in food safety management.

KEY WORDS: Shiga toxin-producing *Escherichia coli*; foodborne microorganisms; food safety; detection technology

0 引 言

产志贺毒素大肠埃希氏菌(Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, STEC)是一类能够产生志贺毒素(Shiga toxin, Stx)的致病性大肠埃希氏菌, 其主要毒力因子包括 *stx1*、*stx2* 及其多个亚型, 并常与 *eae* 等黏附相关基因共同存在。据统计全球每年有 280 万人感染 STEC O157:H7, 其中 3890 例由于病情恶化发展为溶血性尿毒综合征, 每年约有 230 名患者因 STEC 感染引起严重疾病而死亡[1]。大量流行病学研究表明, 肉类、牛奶、蔬菜以及环境样品是 STEC 的重要污染来源[2−5]。张淑红等[6]发现, 从华南地区食品中抽取的 1000 份样品中, 有 164 份为非 O157 致泻大肠埃希氏菌阳性, 总污染率高达 16.4%。而非 O157 致泻大肠埃希氏菌菌株对多种抗生素类药物呈高度耐药性。

STEC 具有感染能力强, 传染性高的特点, 倘若情况严重, 还可能会导致死亡, 血清型和毒力基因组成呈现显著多样性, 这为检测方法的覆盖性和准确性带来挑战[7−8]。国际上, 欧美等国家已建立相对完善的 STEC 监测与检测体系, 但在检测流程复杂性、假阳性率以及现场快速应用等方面仍存在不足[9]。

在此背景下, 本文系统总结了食品中 STEC 检测技术的研究进展, 重点分析了不同方法在非 O157 血清型覆盖、复杂基质适应性及活菌分离确认等方面的优势与不足, 以期为优化检测流程、完善标准体系及提升实际监管中的风险识别能力提供更具针对性的参考。

1 概 述

STEC 是一类产生 Stx 的病原性大肠埃希氏菌。其致病机制主要与产生的 Stx 相关, 这些毒素能够引起严重的胃肠疾病, 常见的症状包括腹泻、血便、溶血性贫血和血小板减少。在一些情况下, STEC 感染可能会导致出血性结肠炎(hemorrhagic colitis, HC)和溶血性尿毒症综合征(hemolytic uremic syndrome, HUS)[10−14], 严重时可引发急性肾衰竭甚至死亡。STEC 的传播途径主要通过污染的食物和水源。特别是未煮熟的牛肉、生牛奶、未经高温处理的果汁和蔬菜等是常见的感染源。STEC 的主要宿主是反刍动物, 如牛和羊, 它们通过粪便将病原传播到环境中。在全球范围内, STEC 感染造成的食源性疾病负担非常严重, 尤其是由 O157:H7 等血清型引起的感染案例较为常见。近年来, 非 O157 型 STEC 的检测和研究也受到广泛关注, 因为这类血清型的感染同样严重且逐渐增多。STEC 感染的危害主要源自其产生的 2 种 Stx: *stx1* 和 *stx2*, 其中 *stx2* 与 HUS 的发生密切相关。近年来, 对 STEC 的检测方法也得到了显著发展, 传统的平板培养法已经不能完全满足高效、快速检测的需求, 分子生物学方法如聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)和免疫学方法(如免疫磁珠法)被广泛应用于 STEC 的筛查和确认[15]。

2 检测方法

2.1 传统培养分离法

传统培养分离结合生化鉴定的方法是食品中 STEC 检测的基础技术路线, 也是当前国际与国内标准方法中不可或缺的核心环节。该类方法通常以选择性或半选择性增菌培养为起点, 通过平板分离、典型菌落挑选及后续生化反应或血清学鉴定实现目标菌的确认。尽管操作流程相对耗时, 但其能够获得活菌分离株, 为后续毒力因子分析、耐药性研究及分子分型提供基础材料, 因此在食品安全监管体系中具有不可替代的地位[16−17]。

BOUVIER 等[18]发现传统培养方法在复杂食品基质中对 STEC 的检出能力受到背景菌群干扰显著。对我国多省

市市售牛肉样品开展系统调查发现, 尽管 qPCR 初筛中 *stx* 基因阳性率较高, 但最终能够通过培养分离获得 STEC 纯培养物的比例明显偏低, 仅依赖培养分离容易低估实际污染水平。这一现象在国际研究中亦有体现, 部分文献指出在肉类和蔬菜样品中, STEC 常与非致病性大肠埃希氏菌或其他革兰氏阴性菌共存, 增加了分离纯化难度, 检测监管环节容易出现漏检情况。

在血清型层面, 传统培养结合血清学鉴定对于 O157:H7 型 STEC 具有较好适用性, 但对非 O157 型 STEC 的识别能力相对有限。我国牛肉样品中分离到的 STEC 中非 O157 型占比超过 80%, 且血清型分布高度多样, 这对传统培养条件和选择性培养基的覆盖性提出了更高要求[19]。文献[20–23]也有类似结论, 临床和食品来源 STEC 呈现出非 O157 型逐渐占主导的趋势, 使得传统针对 O157 型优化的培养策略面临局限, 在欧洲多国的监测研究中得到印证。

2.2　免疫学方法

免疫学检测方法主要基于抗原与抗体之间的高度特异性相互作用[24], 常见技术包括酶联免疫吸附技术(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)[25]、免疫层析技术(immunochromatographic assay, ICA)[26]以及免疫磁珠分离技术(immunomagnetic separation, IMS)等[7]。上述方法在食品中 STEC 的检测过程中, 多用于样品的富集处理或作为辅助检测手段。

ELISA 和 ICA 主要依据 STEC 菌体表面特异性抗原(如 O 抗原和 H 抗原)的差异, 通过抗原-抗体的特异性结合实现目标菌的识别。这类方法具有操作简便、检测速度快等优点, 但其适用范围较为有限, 仅能针对特定血清型的 STEC 进行检测。此外, 抗体制备成本较高, 且在实际应用中易出现一定程度的假阳性结果[27]。IMS 则是利用包被特异性抗体的磁珠对样品中的目标菌进行选择性吸附, 在外加磁场作用下使结合目标菌的磁珠实现快速分离, 从而达到去除背景菌的目的。现行 STEC 标准检测方法中已推荐采用 IMS 对 O157、O26、O45、O103、O111、O121、O145 等血清型进行筛选, 并已开发出相应的商业化免疫磁珠产品。然而, 由于非 O157 型 STEC 血清型种类繁多, 该技术在 STEC 的全面检测应用中仍存在一定局限性。

2.3　分子生物学方法

2.3.1　PCR 与实时荧光 PCR 法

随着分子生物学技术的发展, PCR 及实时荧光 PCR (real-time PCR, qPCR)[26–27]逐渐成为食品中 STEC 检测的核心技术手段。该类方法主要以 Stx 编码基因 *stx1*、*stx2* 及黏附相关基因 *eae* 为靶标, 通过对特异性核酸序列的扩增, 实现对 STEC 的快速筛查。相较于传统培养方法, PC 技术在检测灵敏度和检测周期方面具有显著优势, 能够在短时间内对大量样品进行高通量分析。基于 PCR 的分子筛查在食品中 STEC 的早期识别中具有重要价值。国内相关研究在牛肉样品检测中采用 qPCR 对 *stx* 基因进行初筛, 结果显示 *stx* 基因阳性率明显高于最终培养分离确认率, 表明分子检测在揭示潜在污染水平方面具有更高敏感性[28]。与此同时, 发现 PCR 阳性结果并不必然对应可培养的 STEC 活菌, 这在一定程度上增加了结果解释的复杂性[29]。

在国际研究中, qPCR 已被广泛纳入标准检测流程。ISO/TS 13136:2012《食品和饲料微生物学 基于实时荧光 PCR 的产志贺毒素大肠埃希氏菌检测方法》即以多重 qPCR 为核心, 用于同时检测 *stx1*、*stx2*、*eae* 及主要血清群标志基因。BOUVIER 等[18]在对比研究中发现, 该方法在标准样品条件下具有较高的灵敏度和准确性, 但在样品量扩大或基质复杂时, PCR 抑制效应可能影响检测结果的稳定性。这一问题在蔬菜类样品中尤为突出, 与植物源性抑制物质的存在密切相关[30]。

2.3.2　多重 PCR 法

为提高检测效率并减少检测步骤, 多重 PCR 技术被广泛应用于 STEC 检测体系中。通过在单一反应体系中同时扩增多个靶基因, 可实现对毒力基因与血清群标志基因的同步检测。然而, 多重 PCR 在实际应用中对引物设计和反应条件的优化提出了更高要求[31]。国内相关研究在比较多种国际标准方法时指出, 不同方法中所采用的引物和探针对 *stx* 亚型的覆盖能力存在差异, 部分方法对 *stx1* 或某些 stx2 亚型的扩增效率偏低, 甚至无法实现有效检出。这一结果提示, 尽管多重 PCR 在理论上具有效率优势, 但在 STEC 高度异质性的背景下, 靶标选择不当可能导致漏检风险[32]。CAPOBIANCO 等[33]研究也认为现有多重 PCR 体系难以兼顾所有已知 *stx* 亚型, 尤其是在非 O157 型 STEC 占主导的食品样品中。

2.3.3　数字 PCR 法

数字 PCR (digital PCR, dPCR)作为一种新兴的绝对定量技术, 为解决传统 PCR 和 qPCR 在灵敏度和定量准确性方面的局限提供了新的思路[34–35]。其中, 液滴数字 PCR (droplet digital PCR, ddPCR)通过将反应体系分隔为大量微反应单元, 实现对目标基因拷贝数的精确定量。在牛肉样品中应用 ddPCR 检测 *stx* 和 *eae* 基因, 结果表明, 该技术能够在无需 DNA 提取的条件下, 通过单细胞水平的基因共定位分析, 区分 *stx* 和 *eae* 是否来源于同一细胞, 从而有效降低由混合菌群导致的假阳性判定风险[36–37]。该研究为提高 STEC 分子筛查结果的可靠性提供了重要技术支撑。国内研究虽相对较少, 但国内相关研究亦在其研究中强调了传统 PCR 方法在判定毒力基因共存性方面的不足, 间接凸显了 ddPCR 等新技术的应用价值[38–39]。

2.3.4　等温扩增技术

在传统 PCR 技术依赖精密仪器和实验室条件的背景下, 等温扩增技术因其操作简便、反应时间短而逐渐成为

食品中 STEC 现场快速检测的重要研究方向。其中，环介导等温扩增(loop-mediated isothermal amplification, LAMP)技术应用最为广泛[40–43]。LAMP 技术根据检测方式可分为普通 LAMP、实时荧光 LAMP 及可视化 LAMP。普通 LAMP 操作简便，但易受非特异性扩增影响；实时荧光 LAMP 通过信号监测提高结果可靠性；可视化 LAMP 适用于现场快速筛查。该技术在恒定温度条件下即可完成核酸扩增，显著降低了对热循环仪的依赖。MAHONY 等[40]研究表明，LAMP 技术在牛肉及其制品中检测 *stx* 基因具有较高的灵敏度和可操作性。国内相关研究在比较 PCR 与 LAMP 检测性能时指出，LAMP 方法在一定程度上缩短了检测周期，但在复杂食品基质中仍可能受到非特异性扩增的影响。国际研究亦发现，LAMP 在快速筛查中的优势主要体现在时间效率上，但其结果判读方式对操作者经验具有一定依赖性。

PCR 类技术(包括 qPCR、多重 PCR 及 dPCR)依赖温度循环实现指数扩增，对仪器要求较高但扩增特异性强；等温扩增技术(如 LAMP)在恒温条件下完成扩增，设备依赖性低，更适用于现场检测场景。两类技术在温控模式、扩增机制及应用场景方面存在本质差异，应在检测体系中予以明确区分。

2.4 新型检测方法

2.4.1 细胞分析与抗原风险快速预警系统与生物传感检测技术

除等温扩增外，基于免疫识别或细胞信号放大的生物传感技术在 STEC 快速检测中展现出独特优势。细胞分析与抗原风险快速预警系统(cellular analysis and notification of antigen risks and yields, CANARY)通过工程化 B 细胞对抗原的快速响应，实现对 STEC 的高灵敏检测[44]。相关研究表明，该技术可在数小时内完成检测，显著快于传统培养方法。CAPOBIANCO 等[33]指出，CANARY 技术在肉类样品中对 O157 及主要非 O157 型 STEC 具有良好识别能力，但其检测效果受限于抗体特异性和样品预处理条件。国内文献虽未对 CANARY 开展系统研究，但相关综述指出，类似基于免疫信号放大的检测体系在我国食品检测领域仍处于探索阶段。不同检测技术的性能比较见表 1。

表 1 STEC 检测技术比较

Table 1 Comparison of STEC detection techniques

检测技术	基质	特异性	周期/h	复杂度	成本
qPCR	蔬菜、肉类等	中-高	4~6	中	中
dPCR	肉类等	高	≤24	高	高
ddPCR	牛肉制品、胴体、海绵样品	高	7~9	高	高
LAMP	乳制品、肉类、叶菜等	中-高	1~2	低-中	低-中
生物传感	牛肉、牛奶、叶菜等	中-高	8~16	中	较高

2.4.2 噬菌体检测技术

噬菌体检测技术是一类以噬菌体或其关键识别元件为核心的生物识别方法，近年来在食品中 STEC 快速检测与选择性富集中展现出独特优势。利用噬菌体对宿主细菌的高度特异性识别能力，通过噬菌体全颗粒、噬菌体重组蛋白或经工程化改造的噬菌体结构域，与目标菌表面特异性受体结合，从而实现对特定血清群或毒力相关菌株的富集、识别或信号放大。噬菌体对宿主菌的识别主要依赖其尾纤维或尾刺蛋白(tailspike proteins, TSPs)[45]与细菌表面多糖、脂多糖或膜蛋白之间的特异性相互作用。不同 TSP 决定了噬菌体的宿主范围，这也是噬菌体高度特异性的分子基础。传统噬菌体检测多依赖天然噬菌体对单一血清型或菌株的识别能力，但在 STEC 血清群高度多样的背景下，该特性也成为限制其应用范围的因素。

为突破单一噬菌体识别谱受限的问题，近年来 BOUVIER 等[46]开始通过工程化手段对噬菌体结构进行改造，尤其是针对 Ackermannviridae 科噬菌体中多 TSPs 模块化结构的利用。通过替换或重组噬菌体 TSP 中的受体结合结构域，可在保持噬菌体整体结构稳定性的前提下，显著拓展其宿主识别范围。相关研究[47]已成功构建具有嵌合 TSPs 的工程化噬菌体，使单一噬菌体即可覆盖多个 STEC 主要血清群，如 O26、O45、O103、O111 及 O157 等，为多血清群并行检测提供了新的技术路径。在检测实现方式上，噬菌体技术既可直接用于信号检测(如裂解反应、荧光或发光报告系统)，也可作为选择性富集工具，与后续培养、PCR 或免疫检测手段联用，从而在检测流程前端提高目标菌的相对丰度与检出概率。

3 国内外标准方法的应用现状

3.1 标准方法体系及其发展特征

目前，国际上已形成以 ISO 16654:2001《食品和动物饲料微生物学 大肠杆菌 O157 检测的水平方法》、ISO 13136:2012《食品和饲料微生物学 产志贺毒素大肠埃希氏菌检测的水平方法》、美国农业部食品安全检验局《微生物实验室指南》第 5C.04 章(United States Department of Agriculture, Food Safety and Inspection Service, *Microbiology laboratory guidebook* 5C.04, USDA-FSIS MLG 5C.04)[47]和美国食品药品监督管理局《细菌学分析

手册》(U.S. Food and Drug Administration *Bacteriological analytical manual*, FDA BAM)为代表的 STEC 标准检测体系, 国内则建立了以 GB 4789.36—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 大肠埃希氏菌 O157:H7/NM 检验》、GB 4789.6—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 致泻大肠埃希氏菌检验》、GB 4789.49—2024《食品安全国家标准 食品微生物学检验 产志贺毒素大肠埃希氏菌检验》及多项 SN/T 标准为主体的检测框架。总体来看, STEC 检测技术已由早期以培养分离和血清学鉴定为主, 逐步发展为“增菌—分子筛查—定向富集—分离培养—复核确认”的联合模式。

其中, ISO 13136:2012、USDA-FSIS MLG 5C.04 和 GB 4789.49—2024 代表了当前标准方法的发展方向[48]。这类方法通过联合检测 *stx*、*eae* 和主要血清群标志基因, 并结合 IMS 等技术, 提高了非 O157 STEC 的筛查能力和分离效率, 体现出较高的先进性。相比之下, ISO 16654:2001、GB 4789.36—2016 等传统方法以 O157 为主要对象, 虽然在常规实验室中操作成熟、推广性较好, 但在检测范围、速度和对非 O157 型 STEC 的覆盖方面已存在不足[49]。

因此, STEC 标准方法的发展并不是单纯追求技术更新, 而是在先进性与实用性之间寻求平衡。未来更有应用前景的方法, 应当兼顾快速筛查、多血清群覆盖、活菌确证和实验室可推广性。实际上, 早在 2014 年, 国际学者就已系统归纳了 STEC 检测技术从传统培养向分子与免疫等多路径并行的演进趋势[50], 为后续标准化方法的形成提供了重要参考。

3.2　不同方法的应用价值及局限性

现有 STEC 检测方法大致可分为两类: 一类是以培养分离为主的方法, 另一类是以分子筛查为主的方法。前者技术成熟、成本较低、适合常规监管, 但检测周期长、对非 O157 STEC 覆盖不足; 后者具有筛查快、覆盖面广、灵敏度高等优势, 更符合当前食品安全检测的发展趋势, 但设备和试剂依赖较强, 实施成本相对较高, 且仍存在“PCR 阳性而培养阴性”的结果解释问题。

综合比较可见, 真正具有发展潜力的方法并非单纯“最快”或“最新”的方法, 而是能够同时兼顾快捷、方便、准确和可确认性的组合式技术路线。现阶段, “qPCR 初筛+定向富集+培养确证”是兼顾先进性与实用性的主要发展方向。

3.3　改进措施和建议

针对现行标准方法检测周期长、分离确认效率有限及结果解释复杂等问题, 后续改进应结合标准流程中的增菌、富集、筛查和确认等关键环节提出针对性优化措施。在增菌环节, USDA-FSIS MLG 5C.04 和 ISO/TS 13136:2012 等方法多采用选择性增菌体系, 但其中部分选择剂在抑制背景菌的同时, 亦可能影响受损菌或低丰度 STEC 的复苏。因此, 可进一步研发无抗生素或低抑制性增菌培养基, 并根据不同食品基质优化增菌条件, 以提高非 O157 STEC 及受损菌株的回收率。在富集环节, 现行方法主要依赖 IMS, 虽具有较高特异性, 但对部分非 O157 血清群的捕获能力仍有限。今后可探索以噬菌体或噬菌体蛋白配体富集技术替代或补充传统 IMS, 以提升复杂基质中目标菌的富集效率和后续分离成功率。在筛查环节, 应进一步优化多重 PCR 引物和探针体系, 提高对不同 *stx* 亚型及主要高风险血清群的覆盖能力, 降低漏检风险; 同时, 可结合高灵敏度分子检测技术, 增强低菌量样品的检出稳定性。在确认环节, 针对“PCR 阳性而培养阴性”现象, 可在传统培养确认基础上引入活菌 PCR 等辅助手段, 以区分活菌与死菌信号, 减少游离 DNA 对结果判定的干扰, 从而提高确认结果的准确性和一致性。

总体而言, STEC 标准方法的改进应围绕增菌效率、富集能力、筛查覆盖范围和活菌确认水平开展, 在现有“分子筛查+定向富集+培养确证”技术框架基础上实现流程优化, 以进一步提升检测的灵敏性、准确性和实用性。

3.4　国内研究进展及与国际标准的比较

我国 STEC 检测技术的发展具有明显的阶段性。早期标准多集中于 O157 或 O157:H7/NM 的培养分离和血清学鉴定, 体现出较强的可操作性和基层推广优势, 但在非 O157 STEC 覆盖和分子筛查能力方面相对不足。近年来, 随着 GB 4789.49—2024 的发布, 我国已逐步建立起以 qPCR 初筛、重点血清群识别和活菌分离复核相结合的新型检测模式, 技术思路与国际主流标准逐渐接轨。

但与国际标准相比, 我国在非 O157 STEC 系统覆盖、分子筛查与分离确认衔接效率以及标准体系统一性方面仍有差距。同时, 我国标准在综合致泻大肠埃希氏菌检测和多场景监管适配方面具有一定优势。未来应以 GB 4789.49—2024 为核心, 进一步整合现有国家标准和行业标准, 构建更完善的 STEC 分层检测体系。

3.5　技术评价指标体系

为增强不同 STEC 检测方法之间的可比性, 建立统一的技术评价指标体系至关重要, 可从先进性、实用性和结果可靠性 3 个维度进行综合评价。其中, 先进性主要体现为是否采用分子筛查、多靶标联合检测及对非 O157 STEC 的覆盖能力; 实用性主要体现为操作复杂度、设备与试剂要求、检测成本及推广可行性; 结果可靠性则主要体现为灵敏度、特异性、活菌分离能力及确证链完整性。总体来看, STEC 检测技术正由传统培养分离法逐步转向分子筛查、定向富集与活菌确证相结合的综合模式。未来方法优化的重点不在于单纯追求检测速度, 而在于在保留活菌确证能力的基础上, 进一步提升非 O157 STEC 覆盖范围、复杂基质适应性和实验室推广性, 从而推动 STEC 检测技术向更快、更准、更全和更实用的方向发展。各主要检测标准的对比见表 2。

表 2 STEC 检测标准比较

Table 2 Comparison of STEC detection standards

标准编号	检测范围	关键技术	实用性	优点	缺点	适用食品基质
ISO 16654:2001	食品和饲料中大肠埃希氏菌O157	传统培养+IMS, 针对 O157	方法成熟, 常规微生物实验室易开展; 但仅适用于 O157	O157 特异性强; IMS+CT-SMAC 有利于提高分离率	无分子初筛; 流程较长; 仅覆盖 O157	食品和饲料
ISO 13136:2012	食品和饲料以及生产过程中的环境样品中 STEC (O157、O111、O26、O103、O145)	*stx*/*eae* 与 O 抗原基因联合筛查	适合有 PCR 能力实验室; 步骤较多, 操作要求高	可同时筛查毒力基因和 5 种血清群; 范围较广	PCR 阳性不代表一定分离到活菌; 流程较复杂	食品、饲料及生产过程中的环境样品
USDA-FSIS MLG 5C.04	肉类及制品中 TOP 7 STEC (O157、O26、O45、O103、O111、O121、O145)	GENE-UP® PCR 初筛+PEC PCR+VIDAS® ESPT 免疫浓缩+mRBA/SBA 分离确认	适合具备 GENE-UP®、VIDAS®和分离确认能力的肉类监管实验室	覆盖 Top 7 STEC; 初筛可信度高; 自动免疫浓缩提高流程效率; 兼顾快速筛查与活菌确认	流程多阶段; 依赖专用平台和试剂; 阳性筛查仍需分离确认	生肉及即食肉制品、胴体、实验室环境海绵样品
GB 4789.6—2016	食品中致泻大肠埃希氏菌 (EPEC、EIEC、ETEC、STEC、EHEC、EAEC)	常规培养结合 PCR 确证	一套流程可做 5 类致泻大肠埃希氏菌, 常规实验室较实用	可同时区分 EPEC、EIEC、ETEC、STEC、EAEC	不做血清型细分; 对 STEC 定向分离能力一般	食品
GB 4789.36—2016	食品中大肠埃希氏菌 O157:H7/NM	经典 O157 培养/血清学流程, 可选 IMS	适合常规实验室; 方法成熟	O157:H7/NM 判定清楚; 可结合 IMS 提高检出	主要限于 O157:H7/NM; 毒力基因为可选项	食品
GB 4789.49—2024	食品中 STEC	qPCR+7 种血清型 IMS+分离复核	适合具备 PCR/IMS 能力实验室; 通用性较强	先 qPCR 后分离, 兼顾效率与确证; 覆盖 7 重要血清型	需 qPCR 和多种 IMS 试剂; 资源消耗较大	食品
SN/T 1827—2006《进出口食品中产志贺毒素大肠杆菌检验方法》	进出口食品中 STEC (O157、O111、O26、O103、O145)	ELISA 初筛+IMS+PCR 复核	适合进出口检验实验室; 流程较烦琐	兼顾初筛、富集和分离; 可针对 5 种血清型	依赖试剂盒; 方法较老; 非 O157 扩展有限	食品
SN/T 3994—2014《动物产品中肠出血性大肠杆菌 O104:H4 检疫技术规范》	动物产品中 EHEC (O104:H4)	针对 O104:H4 设计, 含预增菌 PCR/ELISA	用于特定事件或专项监测较实用; 通用性一般	对 O104:H4 针对性强; 确证链完整	仅适用于 O104:H4; 不适合常规广谱 STEC 筛查	动物产品
SN/T 0973—2010《进出口肉、肉制品及其他食品中肠出血性大肠杆菌 O157:H7 检测方法》	进出口肉类、肉制品及其他食品中 O157:H7	传统培养为主, ELISA/VIDAS 可选	适合口岸/肉类常规检验; 实施性较好	分离体系成熟; 可增加 ELISA/VIDAS 做辅助初筛	主要限 O157:H7; 分子确证不足	肉类、肉制品及其他食品
SN/T 4781—2017《出口食品和饲料中产志贺毒素大肠埃希氏菌检测方法 实时荧光 PCR 法》	出口食品和饲料中 STEC (O157、O111、O104、O26、O103、O145)	qPCR 分层筛查+可选 O 抗原基因/IMS,	适合有 PCR 平台的出口检验实验室	可区分 STEC/EHEC 并定位部分血清型; 判定逻辑清楚	O 抗原基因确证和 IMS 均非强制; 非 Top 7 全覆盖	食品和饲料

表 2(续)

标准编号	检测范围	先进性	实用性	优点	缺点	适用食品基质
SN/T 5225—2019《进出口食品中五种致泻大肠埃希氏菌快速检测方法 多重 PCR 法》	进出口食品中 5 种致泻大肠埃希氏菌	多重 PCR 确证致泻大肠埃希氏菌类别	适合做致泻大肠杆菌综合筛查; 常规PCR实验室可做	一次可判定多类致泻大肠埃希氏菌; 预增菌时间较短	未分血清型; 对 EHEC/STEC 分离指导有限	食品
SN/T 3152—2012《出口食品中致泻大肠埃希氏菌检测方法 基因芯片法》	出口食品中 ETEC、EPEC、EHEC、EIEC 和 O157	基因芯片法	需芯片平台和专用设备; 常规实验室普及性一般	可同时检测 EHEC 和 O157 标记; 通量较高	设备/试剂依赖强; 传统实验室不易推广	食品
SN/T 2797—2011《食品中致泻大肠埃希氏菌检测 MPCR-DHPLC 法》	食品中 ETEC、EPEC、EHEC、EIEC	MPCR-DHPLC	需 DHPLC 平台; 常规应用较少	PCR 产物液相分离, 特异性较好; 可结合传统法确认	设备专用、成本高; 仍需传统方法配合	食品

注: 头孢克肟-亚碲酸盐山梨醇麦康凯琼脂(cefixime-tellurite sorbitol macconkey agar, CT-SMAC); 致病性大肠埃希氏菌(pathogenic *Escherichia coli*, PEC); 改良 Rainbow®琼脂(modified Rainbow® agar, mRBA); 含 5%绵羊血胰酪大豆琼脂(trypticase soy agar with 5% sheep blood, SBA); 全自动酶联荧光免疫分析系统(automated immunoassay system, VIDAS); 肠道致病性大肠埃希氏菌(enteropathogenic *Escherichia coli*, EPEC); 肠道侵袭性大肠埃希氏菌(enteroinvasive *Escherichia coli*, EIEC); 产肠毒素大肠埃希氏菌(enterotoxigenic *Escherichia coli*, ETEC); 肠道出血性大肠埃希氏菌(enterohemorrhagic *Escherichia coli*, EHEC); 肠道集聚性大肠埃希氏菌(enteroaggregative *Escherichia coli*, EAEC); 多重聚合酶链式反应-变性高效液相色谱法(multiplex polymerase chain reaction-denaturing high-performance liquid chromatography, MPCR-DHPLC)。

4　结束语

食品中 STEC 检测技术正处于由方法创新向体系化应用转型的关键阶段。综合来看, 传统培养分离、免疫学检测、分子生物学方法及新型生物识别技术各具优势, 在提升检测灵敏度、特异性和时效性方面发挥了重要作用, 但单一技术仍难以同时满足复杂食品基质中多血清型覆盖、活菌判定、毒力识别和现场应用的综合需求。尤其是在非 O157 型 STEC 检出比例上升、*stx* 毒力因子亚型多样化的背景下, 检测技术的发展重点已不再是单纯追求更快或更灵敏, 而是面向风险识别与监管应用, 构建兼顾准确性、可解释性和可推广性的综合检测体系。

未来 STEC 检测应围绕血清型多样性和致病机制复杂性, 重点发展覆盖多血清群的广谱检测技术, 建立毒力因子与血清型联合检测策略, 并加强活菌与致病潜力同步判定技术研究, 以提高风险识别的针对性和科学性。同时, 应加快统一性能评价标准、标准化样品前处理流程和适配不同食品基质与应用场景的技术联用方案建设, 推动检测技术由实验室研究走向体系化应用。结合我国食品安全监管需求, 今后还应加快非 O157 型 STEC 检测标准的完善, 推进 LAMP、dPCR 等本土快速检测技术的工程化与产业化, 降低检测成本, 提升基层实验室和现场检测的可及性, 逐步构建与国际接轨、符合我国监管实际的 STEC 监测与检测体系。总体而言, STEC 检测技术将在标准化、体系化和产业化协同推进中不断完善, 为食品安全风险评估与精准监管提供更加有力的技术支撑。

参考文献

[1] MAJOWICZ SE, SCALLAN E, JONES-BITTON A, *et al*. Global incidence of human Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infections and deaths: A systematic review and knowledge synthesis [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2014, 11(6): 447–455.

[2] ETHELBERG S, SMITH B, TORPDAHL M, *et al*. Outbreak of non-O157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infection from consumption of beef sausage [J]. Clinical Infectious Diseases, 2009, 48(8): 78–81.

[3] MARTIN A, BEUTIN L. Characteristics of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from meat and milk products of different origins and association with food-producing animals as main contamination sources [J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 146(1): 99–104.

[4] AZUCENA M, CECILIA L, GHIZLANE D, *et al*. Seropathotypes, phylogroups, Stx subtypes, and intimin types of wildlife-carried, shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains with the same characteristics as human-pathogenic isolates [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78(8): 2578–2585.

[5] BOTTICHIO L, KEATON A, THOMAS D, *et al*. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infections associated with romaine lettuce-United States, 2018 [J]. Clinical Infectious Diseases, 2020, 71(8): E323–E330.

[6] 张淑红, 杨广珠, 赖泽冰, 等. 华南地区食品中非 O157 致泻大肠杆菌分布特点及分型研究[J]. 现代食品科技, 2017, 33(3): 266–273.
ZHANG SH, YANG GZ, LAI ZB, *et al*. Distribution characteristics and typing of non-O157 diarrheagenic *Escherichia coli* in foods from South China [J]. Modern Food Science and Technology, 2017, 33(3): 266–273.

[7] 胡颖. 市售牛肉中危害因素分子特征分析及检测方法优化研究[D]. 重庆: 西南大学, 2021.
HU Y. Molecular characterization of key hazard factors and optimization of detection methods for Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in retail beef [D]. Chongqing: Southwest University, 2021.

[8] WRIGHT J, DUNCAN D, STRYDOM H, *et al*. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* illness in Aotearoa|New Zealand, 2016—2022: Epidemiological, genomic and traditional typing analyses provide insight into a significant endemic disease while highlighting knowledge gaps [J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1605469.

[9] JONES G, NODARI SC, FABRE L, *et al*. Lessons from 5 years of routine whole-genome sequencing for epidemiologic surveillance of Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, France, 2018—2022 [J]. Emerging Infectious Diseases, 2025, 31(13): 117–128.

[10] NEMATI A, DADVAR A, EPPINGER M, *et al*. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in developing countries: A 10-year review with global perspective [J]. Microorganisms, 2025, 13(7): 1529.

[11] YANG X, SUN H, FAN R, *et al*. Genetic diversity of the intimin gene (eae) in non-O157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains in China [J]. Scientific Reports, 2020, 10: 3275.

[12] WANG L, BAI X, YLINEN E, *et al*. Genetic characterization of intimin gene (eae) in clinical Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains from pediatric patients in Finland [J]. Toxins, 2023, 15: 669.

[13] ELLIOTT SJ, SPERANDIO V, GIRON JA, *et al*. The locus of enterocyte effacement (LEE)-encoded regulator controls expression of both LEE- and non-LEE-encoded virulence factors in enteropathogenic and enterohemorrhagic *Escherichia coli* [J]. Infection and Immunity, 2000, 68: 6115–6126.

[14] GIGLIUCCI F, VAN-HOEK AHAM, CHIANI P, *et al*. Genomic characterization of *hlyF*-positive Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, Italy and the Netherlands, 2000—2019 [J]. Emerging Infectious Diseases, 2021, 27: 853–861.

[15] 黄昭鸿. 产志贺毒素大肠埃希氏菌标志性毒力基因 *stx* 快速检测与分型法的建立[D]. 南昌: 江西师范大学, 2020.
HUANG ZH. Establishment of rapid detection and typing methods for the virulence gene *stx* of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* [D]. Nanchang: Jiangxi Normal University, 2020.

[16] FRAVALO P, AUVRAY F, BONI M, *et al*. Opinion of the French Agency for Food, Environmental and Occupational Health & Safety (ANSES) on defining pathogenic strains of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* [J]. Food Risk Assess Europe, 2025, 3(3): 0065E.

[17] SCHEUTZ F, JOENSEN GK, SCHJORRING S, *et al*. Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) from Danish patients, 1997—2023: Diagnostic trends and bacteriological findings [J]. Microorganisms, 2025, 13(10): 2342.

[18] BOUVIER M, CANIZARES M, HAMADOU B, *et al*. Evaluation of larger test portion sizes for *Escherichia coli* Shiga toxin producer (STEC) on the detection by immunomagnetic separation and real-time PCR in meat and vegetables [J]. Food Analytical Methods, 2023, 16(7): 1271–1282.

[19] GEUE L, SEGURA-ALVAREZ M, CONRATHS FJ, *et al*. A long-term study on the prevalence of shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) on four German cattle farms [J]. Epidemiology and Infection, 2002, 129(1): 173–185.

[20] FRUTH A, LANG C, GROSSL T, *et al*. Genomic surveillance of STEC/EHEC infections in Germany 2020 to 2022 permits insight into virulence gene profiles and novel O-antigen gene clusters [J]. International Journal of Medical Microbiology, 2024, 314: 151610.

[21] BAI X, ZHANG J, HUA Y, *et al*. Genomic insights into clinical shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains: A 15-year period survey in Jonkoping, Sweden [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 627861.

[22] Centers for Disease Control and Prevention. Outbreak of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O111 infections associated with a correctional facility dairy-Colorado, 2010 [J]. Morbidity and Mortality Weekly Report, 2012, 61: 149–152.

[23] COINTE A, BIRGY A, BRIDIER-NAHMIAS A, *et al*. *Escherichia coli* O80 hybrid pathotype strains producing Shiga toxin and ESBL: Molecular characterization and potential therapeutic options [J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2020, 75: 537–542.

[24] BERNAL MA, SOSA NF, POLANCO CMY, *et al*. Neutralizing antibodies in the intestinal mucosa are essential to control gastrointestinal infection by Shiga toxin-producing *Escherichia coli* [J]. mLife, 2025, 4(4): 409–422.

[25] HEGDE NV, COTE R, JAYARAO BM, *et al*. Detection of the top six non-O157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O groups by ELISA [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2012, 9(11): 1044–1048.

[26] 山珊, 黄昭鸿, 黄艳梅, 等. 不对称 PCR 技术结合免疫层析法快速检测产志贺毒素大肠埃希氏菌[J]. 食品科学, 2021, 42(2): 312–318.
SHAN S, HUANG ZH, HUANG YM, *et al*. Rapid detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* by asymmetric PCR combined with immunochromatographic assay [J]. Food Science, 2021, 42(2): 312–318.

[27] CHUI L, LEE MC, ALLEN R, *et al*. Comparison between ImmunoCard STAT and real-time PCR as screening tools for both O157:H7 and non-O157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in Southern Alberta, Canada [J]. Diagnostic Microbiology and Infectious Disease, 2013, 77(1): 8–13.

[28] AITICHOU M, SALEH S, KYUSUNG P, *et al*. Dual-probe real-time PCR assay for detection of variola or other orthopoxviruses with dried reagents [J]. Journal of Virological Methods, 2008, 153(2): 190–195.

[29] MICHAEL BJ, BRENDON DP, GILLIAN MAT, *et al*. Association of Ct values from real-time PCR with culture in microbiological clearance samples for Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) [J]. Microorganisms, 2020, 8(11): 1801.

[30] RIBEIRO CA, LAMAS A, MORA A, *et al*. Moving towards on-site detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in ready-to-eat leafy greens [J]. Current Research in Food Science, 2024, 8: 100716.

[31] 赵芳, 牛娜, 刘莹, 等. 多重实时聚合酶链式反应法快速检测食品中的产志贺毒素大肠埃希氏菌[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(21): 294–300.
ZHAO F, NIU N, LIU Y, *et al*. Rapid detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in foods by multiplex real-time PCR [J]. Journal of Food Safety and Quality, 2024, 15(21): 294–300.

[32] LI BG, LIU HL, WANG WM. Multiplex real-time PCR assay for detection of *Escherichia coli* O157:H7 and screening for non-O157 Shiga toxin-producing *E. coli* [J]. BMC Microbiology, 2017, 17(1): 215.

[33] CAPOBIANCO AJ, CLARK M, CARIOU A, *et al*. Detection of Shiga

toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in beef products using droplet digital PCR [J]. International Journal of Food Microbiology, 2020, 319: 108499.

[34] PENA TPC, OZUNA CNM, GUERRERO LEJ. Digital PCR validation for characterization of quantitative reference material of *Escherichia coli* O157:H7 genomic DNA [J]. Methods and Protocols, 2024, 7(6): 94.

[35] KITAGAWA H, KOJIMA M, TADERA K, *et al*. Clinical diagnostic performance of droplet digital PCR for pathogen detection in patients with *Escherichia coli* bloodstream infection: A prospective observational study [J]. BMC Infectious Diseases, 2025, 25(1): 22.

[36] KONG JQ, FAN CC, LIAO XJ, *et al*. Accurate detection of *Escherichia coli* O157:H7 and *Salmonella enterica* serovar typhimurium based on the combination of next-generation sequencing and droplet digital PCR [J]. LWT, 2022, 168: 113913.

[37] ANDREA M, ANDREA F, SANTA G, *et al*. Droplet digital PCR (ddPCR) analysis for detecting Shiga-toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) [J]. Applied Sciences, 2022, 12(7): 3654.

[38] 马丽侠, 周李华, 叶德萍, 等. 4 种致泻大肠埃希氏菌数字 PCR 检测方法的建立[J]. 食品科技, 2022, 47(9): 290–296.
MA LX, ZHOU LH, YE DP, *et al*. Establishment of a digital PCR method for the detection of four diarrheagenic *Escherichia coli* strains [J]. Food Science and Technology, 2022, 47(9): 290–296.

[39] 张雪, 马丽侠, 叶德萍, 等. 即食果蔬制品中致泻大肠埃希氏菌检测微滴数字 PCR 系统的建立[J]. 食品工业科技, 2025, 46(21): 357–365.
ZHANG X, MA LX, YE DP, *et al*. Establishment of a droplet digital PCR system for the detection of diarrheagenic *Escherichia coli* in ready-to-eat fruit and vegetable products [J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(21): 357–365.

[40] MAHONY J, CHONG S, STONE C, *et al*. Evaluation of four loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assays for identification of Shiga toxin-producing *E. coli* O157 (STEC) and non-O157 strains [J]. Advances in Molecular Diagnostics, 2016, 1(1): 1–6.

[41] 冯丽丽. 基于环介导等温扩增(LAMP)技术的牛奶中产志贺毒素大肠埃希氏菌快速检测方法研究[J]. 中外食品工业, 2025(19): 86–88.
FENG LL. Rapid detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in milk based on loop-mediated isothermal amplification [J]. China and Foreign Food Industry, 2025(19): 86–88.

[42] 李芮, 黄艳梅, 童晓钰, 等. 实时荧光环介导等温扩增快速分型致泻大肠埃希氏菌方法的建立[J]. 食品与发酵工业, 2024, 50(6): 233–242.
LI R, HUANG YM, TONG XY, *et al*. Establishment of a real-time fluorescence loop-mediated isothermal amplification method for rapid typing of diarrheagenic *Escherichia coli* [J]. Food and Fermentation Industries, 2024, 50(6): 233–242.

[43] PRIYA BG, AGRAWAL KR, MILTON PAA, *et al*. Rapid and visual detection of Shiga-toxigenic *Escherichia coli* (STEC) in carabeef meat harnessing loop-mediated isothermal amplification (LAMP) [J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2024, 55(2): 1723–1733.

[44] TAM CC, DU XW, WANG Y, *et al*. Rapid and sensitive detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) from food matrices using the CANARY biosensor assay [J]. Toxins, 2024, 16(7): 325.

[45] GIL J, PAULSON J, ZAHN H, *et al*. Generating STEC-specific Ackermannviridae bacteriophages through tailspike protein chimerization [J]. Viruses, 2025, 17(12): 1614.

[46] BOUVIER M, MISZCZYCHA SD, GUILLARME X, *et al*. Comparative evaluation of a novel phage protein ligand assay and immunomagnetic separation method to isolate the seven top serogroups of *Escherichia coli* (O157, O26, O103, O145, O111, O45, and O121) in foods at risk [J]. Journal of Food Protection, 2017, 80(12): 1973–1979.

[47] United States Department of Agriculture, Food Safety and Inspection Service. Detection, isolation, and identification of top seven Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) from meat products, carcass, and environmental sponges: MLG 5C.04 [Z]. Athens, GA: USDA FSIS, 2024.

[48] ISLAM MA, HEUVELINK AE, TALUKDER KA, *et al*. Immunoconcentration of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157 from animal faeces and raw meats by using dynabeads anti-*E. coli* O157 and the VIDAS system [J]. International Journal of Food Microbiology, 2006, 109: 151–156.

[49] 孟静, 钟立霞, 郭颖慧, 等. 国内外致泻大肠埃希氏菌O157:H7的检测标准比较及建议[J]. 中国乳业, 2023(4): 76–81, 86.
MENG J, ZHONG LX, GUO YH, *et al*. Comparison and recommendations of domestic and international detection standards for diarrheagenic *Escherichia coli* O157:H7 [J]. China Dairy, 2023(4): 76–81, 86.

[50] PADOLA NL. Advances in detection methods for Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) [J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: 277.

(责任编辑: 安香玉　蔡世佳)