DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260302002
引用格式: 王君, 陈晓草, 胡豫杰, 等. 2023—2025 年铜川市食源性蜡样芽孢杆菌污染水平及基因特征分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(12): 84–91.
WANG J, CHEN XC, HU YJ, *et al*. Analysis of contamination levels and genetic characteristics of foodborne *Bacillus cereus* in Tongchuan City from 2023 to 2025 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(12): 84–91. (in Chinese with English abstract).

2023—2025 年铜川市食源性蜡样芽孢杆菌污染水平及基因特征分析

王 君[1,2], 陈晓草[2], 胡豫杰[3], 张文华[2], 冯翠霞[2], 贺金明[2], 刘新利[2], 韩 蓓[1*]

(1. 西安交通大学医学部公共卫生学院, 西安 710061; 2. 铜川市疾病预防控制中心, 铜川 727030; 3. 国家食品安全风险评估中心国家卫生健康委员会食品安全风险评估重点实验室, 北京 100021)

摘 要: 目的 探究 2023—2025 铜川市食品中蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)的污染水平, 菌株耐药基因、毒力基因携带情况及分子特征。**方法** 对 2023—2025 年铜川市市售食品中蜡样芽孢杆菌污染水平进行计数分析, 对 51 株食源性蜡样芽孢杆菌分离株鉴定后进行全基因组测序, 利用测序数据进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST), 毒力基因、耐药基因携带情况分析, 基于单核苷酸多态性对菌株进行系统进化分析。**结果** 2023—2025 年铜川市市售 11 类 384 份食品样品中共检出蜡样芽孢杆菌 51 株, 总检出率为 13.28%, 总体污染水平在 10~10^3 CFU/g。51 株食源性蜡样芽孢杆菌获得 43 个 ST 型别, 4 株菌为 ST1667 型、3 株菌为 ST22 型、2 株菌为 ST1310 型、2 株菌为 ST100 型、2 株菌为 ST1786 型, 其余型别均为 1 株菌。51 株食源性蜡样芽孢杆菌共有 5 种毒力基因携带模式, II型模式(*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*)占比最多为 58.80%; 51 株食源性蜡样芽孢杆菌非溶血性肠毒素毒力基因 *nheABC* 携带率为 100.00%, 溶血素毒力基因 *hblACD* 携带率为 68.63%, 细胞毒素毒力基因 *cytK* 携带率为 82.35%; 1 株菌携带呕吐相关基因 *cesB*, 且同时携带腹泻型肠毒素毒力基因; 菌株不同程度携带耐药基因 *blaZ*, *fosB1*, *tet*(*45*), *fosB*, *fosX*, 耐药基因携带率为 60.78%。进化分析结果显示, 51 株食源性蜡样芽孢杆菌分属于 3 大进化分支, ST1667 的 4 株菌、ST1310 的 2 株菌、ST22 的 3 株菌同型别内菌株具有高度同源性。**结论** 2023—2025 铜川市食源性蜡样芽孢杆菌污染水平相对较低, 但腹泻型肠毒素毒力基因携带率高, 且即食性食物来源占比大, 提示食源性蜡样芽孢杆菌风险不容忽视, 值得进一步研究与关注。

关键词: 蜡样芽孢杆菌; 污染水平; 多位点序列分型; 基因特征; 进化分析

收稿日期: 2026-03-02

第一作者: 王君(1987—), 女, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为细菌耐药与食源性疾病。E-mail: wangjun0725@outlook.com
***通信作者:** 韩蓓(1980—), 女, 博士, 教授, 主要研究方向为细菌代谢与食品安全。E-mail: hanbei@mail.xjtu.edu.cn

Analysis of contamination levels and genetic characteristics of foodborne *Bacillus cereus* in Tongchuan City from 2023 to 2025

WANG Jun[1,2], CHEN Xiao-Cao[2], HU Yu-Jie[3], ZHANG Wen-Hua[2], FENG Cui-Xia[2], HE Jin-Ming[2], LIU Xin-Li[2], HAN Bei[1*]

(1. *School of Public Health*, *Health Science Center*, *Xi'an Jiaotong University*, *Xi'an* 710061, *China*; 2. *Center for Disease Control and Prevention of Tongchuan*, *Tongchuan* 727030, *China*; 3. *National Health Commission Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment of Health*, *China National Center for Food Safety Risk Assessment*, *Beijing* 100021, *China*)

ABSTRACT: Objective To explore the contamination level, carrier status of drug resistance genes and virulence genes of strains and molecular characteristics of *Bacillus cereus* in food products in Tongchuan City from 2023 to 2025. **Methods** This study conducted a quantitative analysis of *Bacillus cereus* contamination levels in commercially ava ilable food products in Tongchuan City from 2023 to 2025. Whole-genome sequencing was performed on 51 foodborne *Bacillus cereus* isolates following identification. The sequencing data were utilized for multilocus sequence typing (MLST), analysis of virulence gene and antimicrobial resistance gene carriage, and phylogenetic reconstruction based on single nucleotide polymorphism profiling. **Results** Between 2023 and 2025, a total of 51 strains of *Bacillus cereus* were isolated from 384 commercial food samples across 11 categories in Tongchuan City, yielding an overall detection rate of 13.28%. The contamination levels ranged from 10 to 10^3 CFU/g. Among the 51 foodborne *Bacillus cereus* strains, 43 distinct sequence types (ST) were identified. Among them, ST1667 (4 strains), ST22 (3 strains), ST1310 (2 strains), ST100 (2 strains) and ST1786 (2 strains), and the remaining types were represented by only one strain each. The virulence gene profiles of the isolates revealed 5 kinds of distinct patterns. Pattern II (comprising *BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*) was the most prevalent, accounting for 58.80% of the strains. The carrying rate of non-hemolytic enterotoxin virulence genes *nheABC* in the 51 foodborne *Bacillus cereus* strains was 100.00%, the carrying rate of hemolysin virulence genes *hblACD* was 68.63%, and the carrying rate of cytotoxin virulence genes *cytK* was 82.35%. One isolate carried the emetic toxin gene *cesB*, concurrently harboring diarrheal enterotoxin genes. The strains exhibited varying degrees of antimicrobial resistance gene carriage, including *blaZ*, *fosB1*, *tet*(*45*), *fosB* and *fosX*, with an overall resistance gene prevalence of 60.78%. Evolutionary analysis revealed that the 51 foodborne *Bacillus cereus* isolates were classified into 3 major evolutionary clades. Among them, the 4 strains of ST1667, 3 strains of ST1310 and 2 strains of ST22 exhibited high intra-type homogeneity within their respective sequence types. **Conclusion** The contamination level of *Bacillus cereus* in Tongchuan City from 2023 to 2025 is relatively low; however, the carriage rate of diarrheal enterotoxin virulence genes is exceptionally high. Moreover, ready-to-eat foods constitute a significant proportion of the sources. These findings indicate that the risk associated with foodborne *Bacillus cereus* cannot be overlooked and warrants further investigation and attention.

KEY WORDS: *Bacillus cereus*; contamination levels; multilocus sequence typing; genetic characteristics; evolutionary analysis

0　引　言

蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)是一类革兰氏阳性、产芽孢、需氧或兼性厌氧的条件致病菌, 广泛分布于土壤、水体、食品及自然环境中, 其芽孢对热、干燥和辐射具有极强的抵抗力, 常规食品加工工艺难以彻底杀灭, 易通过加工、储存、运输等环节污染各类食品, 极易污染谷物、乳品、肉类等食品, 污染率高达 23%~92%[1−3]。据统计, 全球范围内 1.4%~12.0%的食源性疾病暴发由蜡样芽胞杆菌引起[4]。在我国, 由蜡样芽胞杆菌引起的食源性疾病事件, 仅次于非伤寒沙门菌、副溶血性弧菌, 位列第 3 位[5]。食源性蜡样芽孢杆菌污染普遍存在, 不同地区、不同食品类型污染水平存在明显差异。2024 年云南省 108 份湿米面类食品中蜡样芽孢杆菌检出率为 31.48%[6]; 无锡市 813 份市售食品中蜡样芽胞杆菌检出率为 10.21%[7]; 吉林省 855 份米面食品中蜡样芽胞杆菌检出率为 25.96%[8]。研究表明,

餐饮食品中检出率为 15.96%~27.43%[9–10]; 粮食制品检出率为 17.31%, 冲调谷物制品检出率为 10.00%[11–12]; 米面制品检出率偏高[13], 其中速冻米面食品检出率为 17.65%[11], 熟制米面制品中检出率高达 19.12%~32.69%[10]。

蜡样芽孢杆菌引起的食物中毒分为呕吐型和腹泻型两种类型[14], 主要致病机制在于其产生的呕吐毒素和肠毒素[15–16]。呕吐毒素是一种呈环状的十二肽, 其分子量为 1.2 kDa, 因为特殊的稳定环状结构, 它对酸性条件、蛋白水解和加热具有极强的抵抗力, 不会被胃酸、肠道蛋白水解酶或普通家庭加热条件所破坏[17], 呕吐毒素由基因 *ces* 编码, 其可损害中枢神经系统[18], 严重者可导致肝损伤、器官衰竭甚至死亡[19–21]。肠毒素中溶血性肠毒素(hemolysin BL, HBL)、非溶血性肠毒素(non-hemolytic enterotoxin, NHE)和细胞毒素 K (cytotoxin K, CytK)被认为是引起蜡样芽孢杆菌腹泻性食源性疾病最主要的毒力因子[22–24], 可引起腹泻、腹痛等腹泻型食物中毒症状。肠毒素 HBL 由蛋白质 L2、蛋白质 L1 和蛋白质 B 组成[24], 3 类蛋白质分别由 *hblC*、*hblD* 和 *hblA* 基因编码, 并由一个操纵子共转录[25]; 肠毒素 NHE 由蛋白质 NheA、NheB、NheC 组成, 由 nheABC 操纵子编码[25]。

随着分子生物学技术的快速发展, 多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)、全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)等技术已广泛应用于蜡样芽孢杆菌分子特征解析, 为其遗传多样性、毒力谱特征及溯源分析提供了技术支撑[26]。近年来, 随着食品供应链复杂化、即食食品消费增加及外卖餐饮行业的快速发展, 蜡样芽孢杆菌引发的食源性安全风险呈持续上升趋势。铜川市位于陕西省中部, 属于陕北黄土高原与关中平原过渡地带, 当地饮食具有鲜明的陕西地域特色, 以面食为主, 凉皮、米皮、擀面皮、熟制米面制品等为居民日常主要食品, 这些食品均为蜡样芽孢杆菌的高发污染基质。因此, 开展区域性污染监测与基因特征解析, 对精准防控食源性疾病、保障食品安全具有重要现实意义[27]。

本研究基于全基因组测序等方法对 2023—2025 年铜川市市售食品中分离的 51 株蜡样芽孢杆菌分离株进行研究, 旨在掌握本地区不同食品来源中的蜡样芽胞杆菌污染情况, 了解其分子型别、耐药和毒力基因携带情况以及遗传进化特征, 明确区域内食品安全风险隐患, 为制定针对性食品安全防控措施及食源性疾病精准溯源提供数据支持和科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品来源

2023—2025 年铜川市市售婴幼儿配方及谷类辅助食品、速冻米面生制品、速冻米面熟制品、凉拌米面食品、冷冻饮品、预制调理肉制品(含米和面)、预制调理水产品(含米和面)、香辛料及粉、蛋糕、栽培蘑菇、校园餐饮食品共 384 份样品。

1.2 菌株来源

本研究所涉及的 51 株蜡样芽孢杆菌分离自上述食品样品。所有菌株均按照 GB 4789.14—2014《食品安全国家标准 食品微生物学检验 蜡样芽胞杆菌检验》所述方法, 通过 VITEK2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏分析系统配套的革兰氏阳性细菌 GP 鉴定卡进行鉴定后置于磁珠保藏冻存管在–80 ℃环境中保存。质控菌株蜡样芽孢杆菌标准菌株 CMCC(B)63301、金黄色葡萄球菌标准菌株 ATCC25923(广东环凯微生物科技有限公司)。

1.3 仪器及试剂

VITEK2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏分析系统(法国梅里埃公司); BPX-162 恒温培养箱(上海博讯医疗生物仪器股份有限公司); TGL-1650 低温高速离心机(四川蜀科仪器有限公司); BSC1600-II-B2 生物安全柜(山东新华医疗器械股份有限公司)。

甘露醇卵黄多黏菌素琼脂(mannitol egg yolk polymyxin agar, MYP)平板、营养肉汤、营养琼脂、革兰染色液(广东环凯微生物科技有限公司); 革兰氏阳性细菌 GP 鉴定卡(法国生物梅里埃公司); 细菌基因组 DNA 提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]。

1.4 方 法

1.4.1 蜡样芽胞杆菌定量

依据 GB 4789.14—2014 第一法 平板计数法, 选择 2~3 个适宜的稀释度, 每个稀释度 1 mL 分别以 0.3、0.3、0.4 mL 接种量加入 MYP 平板, 用无菌涂布棒均匀涂布平板, 30 ℃培养 24 h 后计数、鉴定、保存。

1.4.2 全基因组测序及数据处理

菌株提取 DNA 后送陕西云深医药科技有限公司进行全基因组序列测定, 采用 EN108 全自动文库制备系统构建测序文库, 基于真迈生物 Genolab M 平台进行 PE150 双端测序, 原始数据量≥1.5 G, 平均覆盖深度>100×, 数据质控满足 Q30≥85%, 基因组覆盖度≥95%, >1000 bp 的 Scaffold 数<100 条。菌株测序数据利用基因组流行病学中心(http://www.genomicepidemiology.org/)的 MLST 2.0 工具, 获得菌株的多位点序列型别; 通过网络数据库(http://bacdb.cn/BacWGSTdb/Tools.php), 参考毒力因子数据库(http://www.mgc.ac.cn)注释分析毒力基因, 综合抗生素研究数据库(http:///card.mcmaster.ca/)注释分析耐药基因; 通过网络数据库(http://bacdb.cn/BacWGSTdb/Tools.php), 应用 BacWGSTdb 2.0 版本 Tools 中 Multiple genome analysis 软件以菌株 AH187_CP001177_ST26 为参考序列, 基于单核苷酸多态性(single nucleotide-polymorphism, SNP)构建种系进化树。

2　结果与分析

2.1　蜡样芽孢杆菌污染情况

2023—2025 年铜川市市售 11 类 384 份食品样品中共检出蜡样芽孢杆菌 51 株, 总检出率为 13.28%, 总体污染水平在 10~10^3 CFU/g, 未检出大于等于 10^5 CFU/g 的样品。各类食品检出率由高到低依次为速冻米面生制品(73.91%, 17/23)、香辛料及粉(23.08%, 6/26)、凉拌米面食品(18.37%, 18/98)、栽培蘑菇(9.09%, 2/22)、预制调理肉制品(8.70%, 2/23)、速冻米面熟制品(6.38%, 3/47)、校园餐饮食品(6.06%, 2/33)、蛋糕(4.76%, 1/21), 婴幼儿配方及谷类辅助食品、冷冻饮品和预制调理水产品均未检出。见表 1。

表 1　2023—2025 年铜川市市售食品中蜡样芽孢杆菌检出情况

Table 1　Detection prevalence of *Bacillus cereus* in commercial food products in Tongchuan City from 2023 to 2025

食品种类	样品数量/份	检出数/份	检出率/%	蜡样芽孢杆菌污染水平/(CFU/g)				
				10~10^2	10^2~10^3	10^3~10^4	10^4~10^5	≥10^5
婴幼儿配方及谷类辅助食品	40	0	0.00	0	0	0	0	0
速冻米面生制品	23	17	73.91	7	10	0	0	0
速冻米面熟制品	47	3	6.38	2	1	0	0	0
凉拌米面食品	98	18	18.37	17	1	0	0	0
冷冻饮品	20	0	0.00	0	0	0	0	0
预制调理肉制品(含米、面)	23	2	8.70	1	1	0	0	0
预制调理水产品(含米、面)	31	0	0.00	0	0	0	0	0
香辛料及粉	26	6	23.08	4	2	0	0	0
蛋糕	21	1	4.76	1	0	0	0	0
栽培蘑菇	22	2	9.09	1	1	0	0	0
校园餐饮食品	33	2	6.06	2	0	0	0	0
合计	384	51	13.28	35	16	0	0	0

2.2　MLST 分型结果

51 株食源性蜡样芽孢杆菌均能获得多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST), 结果显示 51 株蜡样芽孢杆菌共分为 43 个型别, 其中 ST1667 型 4 株, 来源为凉拌米面食品 3 株(TC24112、TC25041、TC25042)、速冻米面生制品 1 株(TC23010); ST22 型 3 株菌, 来源为香辛料及粉 2 株(TC24014、TC24015)、凉拌米面食品 1 株(TC25046); ST100 型 2 株菌, 来源为凉拌米面食品 1 株(TC24122)、速冻米面生制品 1 株(TC23020); ST1310 型 2 株菌, 来源为香辛料及粉 1 株(TC24019)、凉拌米面食品 1 株(TC24119); ST1786 型 2 株菌, 来源均为速冻米面生制品(TC23076、TC23077); 其他 ST 型均为 1 株菌。见表 2。

2.3　毒力基因及耐药基因携带情况

51 株食源性蜡样芽孢杆菌共发现 5 种毒力基因携带模式, 模式Ⅱ型(*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*)占比最多(58.80%, 30/51), 其余依次为模式Ⅰ型(*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*) (23.50%, 12/51), 模式Ⅲ型(*BAS3109*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*) (7.80%, 4/51), 模式Ⅴ型(*BAS3109*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*) (7.80%, 4/51), 模式Ⅵ型(*hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*, *cesB*) (1.90%, 1/51)。

51 株食源性蜡样芽孢杆菌均携带腹泻型肠毒素毒力基因, 其中非溶血性肠毒素毒力基因(*nheA*+*nheB*+*nheC*)携带率为 100.00%, 溶血素毒力基因(*hblA*+*hblC*+*hblD*)携带率为 68.63%, 细胞毒素毒力基因(*cytK*)携带率为 82.35% (42/51); 51 株食源性蜡样芽孢杆菌中仅检出 1 株(菌株编号为 TC24116)携带呕吐相关基因(*cesB*), 且同时携带完整的腹泻型肠毒素毒力基因, 菌株来源为凉拌米面食品。所有菌株均检出 *inhA* 基因, *BAS3109* 的携带率为 98.04%。

51 株食源性蜡样芽孢杆菌中 31 株菌株不同程度携带耐药基因 *β* 内酰胺类抗生素耐药基因 *blaZ*, 霉素耐药基因 *fosB1*, *fosB*, *fosX*, 四环素耐药或外排泵功能基因 *tet*(*45*), 耐药基因携带率为 60.78%, 且部分为多耐药基因携带。见表 2。

2.4　进化分析

基于 SNP 构建的种系进化树结果显示, 51 株食源性蜡样芽孢杆菌分属于 3 个进化分支, 进化分支 A 中共有菌株 25 株, 进化分支 B 中共有菌株 24 株, 进化分支 C 中共有菌株 2 株, 同一进化分支蜡样芽孢杆菌菌株具有较近的亲缘关系。本研究中 4 株 ST1667 型别菌株、3 株 ST22 型别菌株、2 株 ST1310 型别菌株分别位于同一进化分支, 同型别菌株具有较近的亲缘关系。其中, ST1667 的 4 株菌中 TC23010 菌株分离自 2023 年速冻米面生制品薄脆榴莲披萨中、TC24112 分离自 2024 年凉拌面皮中, TC25041 分离自 2025 凉拌擀面皮中、TC25042 分离自 2025 凉拌面皮中; ST22 的 3 株菌中 TC24014、TC24015 分离自 2024 年孜然粉和花椒粉中, TC25046 分离自 2025 年凉拌米线中; ST1310 的 2 株菌中 TC24019 分离自 2024 年花椒粉中、TC24119 分离自 2024 年凉拌饸饹中。见图 1。

表 2 51 株食源性蜡样芽孢杆菌分子型别及基因特征

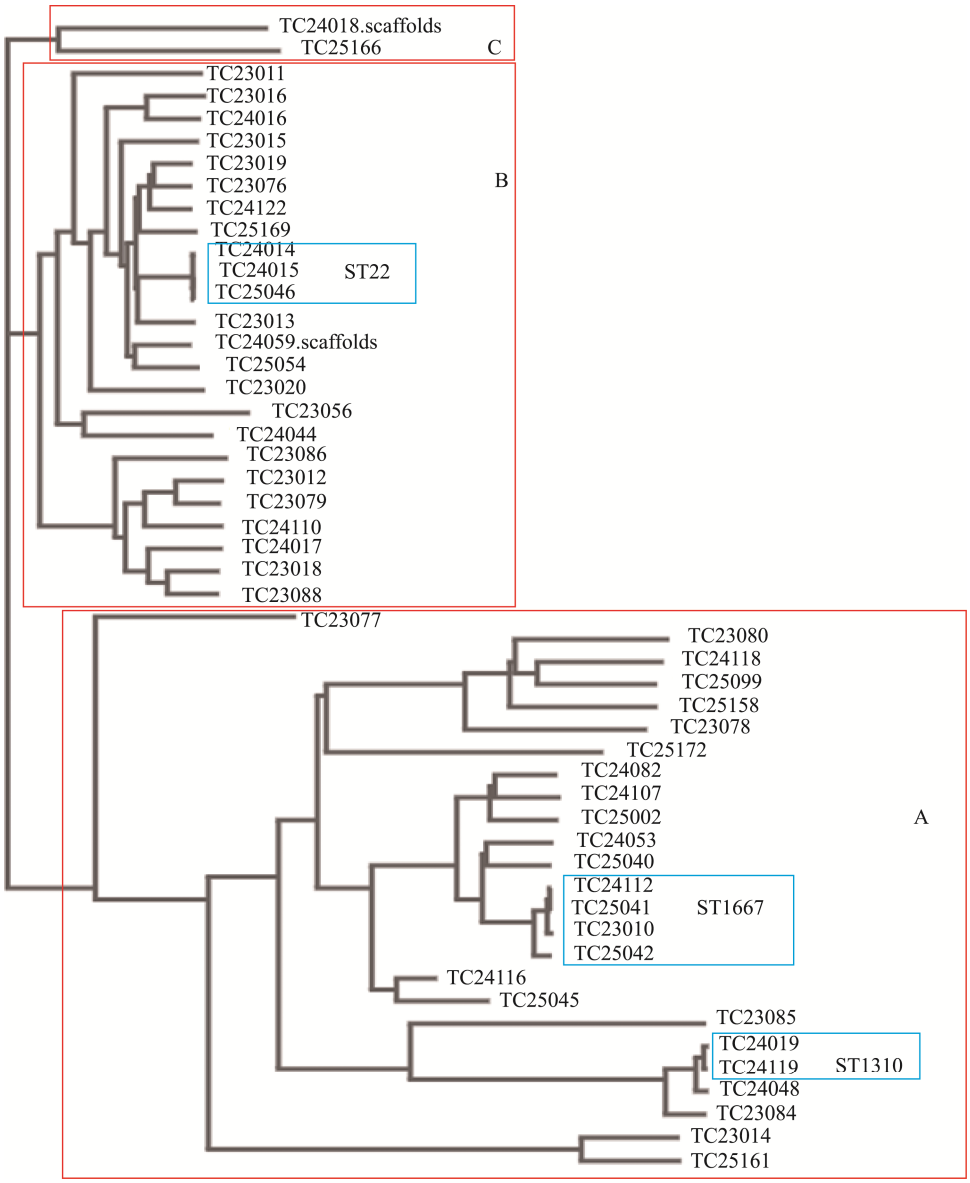
Table 2 Molecular types and genetic characteristics of 51 foodborne *Bacillus cereus* strains

菌株编号	食品类别	样品名称	ST 型别	毒力基因携带模式	毒力基因	耐药基因
TC23010	速冻米面生制品	薄脆榴莲披萨	1667	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23011	速冻米面生制品	老上海葱油饼	1150	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23012	速冻米面生制品	芝麻球豆沙馅	15	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23013	速冻米面生制品	抹茶蛋挞皮	2150	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23014	速冻米面生制品	手抓饼	233	III	*BAS3109*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23015	速冻米面生制品	蛋挞皮	2710	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*, *tet*(*45*)
TC23016	速冻米面生制品	葱油饼	2241	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC23018	速冻米面熟制品	微波馅饼	18	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC23019	速冻米面熟制品	爆汁流沙包	2119	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23020	速冻米面熟制品	面点坊豆沙包	100	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*, *fosX*
TC23056	速冻米面生制品	淄博小饼	2102	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23076	速冻米面生制品	散称素水饺	1786	III	*BAS3109*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC23077	速冻米面生制品	散称花生汤圆	1786	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*
TC23078	速冻米面生制品	散称宁波汤圆	1058	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23079	速冻米面生制品	散称猪肉水饺	13	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC23080	速冻米面生制品	沙县风味蒸饺	878	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23084	速冻米面生制品	香甜蛋挞套餐	378	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23085	速冻米面生制品	蛋挞皮	2208	V	*BAS3109*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC23086	速冻米面生制品	葡式蛋挞皮	2146	V	*BAS3109*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC23088	速冻米面生制品	花生汤圆	1672	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC24014	香辛料及粉	香料孜然粉	22	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*, *tet*(*45*)
TC24015	香辛料及粉	香料花椒粉	22	V	*BAS3109*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*, *tet*(*45*)
TC24016	香辛料及粉	花椒粉	154	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC24017	香辛料及粉	白胡椒粉	1001	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC24018	香辛料及粉	孜然粉	2155	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC24019	香辛料及粉	纯花椒粉	1310	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB*
TC24044	调理肉制品	糖醋酥肉	1688	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC24048	蛋糕	鲜乳蛋糕	1219	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC24053	凉拌米面食品	擀面皮	869	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB*
TC24059	凉拌米面食品	擀面皮	24	V	*BAS3109*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC24082	调理肉制品	小酥肉	975	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*tet*(*45*)
TC24107	凉拌米面食品	面筋呱呱	1417	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC24110	凉拌米面食品	面皮	1171	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC24112	凉拌米面食品	面皮	1667	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC24116	凉拌米面食品	面筋	26	VI	*hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*, *cesB*	-
TC24118	凉拌米面食品	面皮	1050	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC24119	凉拌米面食品	饸饹	1310	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC24122	凉拌米面食品	擀面皮	100	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*blaZ*, *fosB1*
TC25002	凉拌米面食品	擀面皮	205	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC25040	凉拌米面食品	凉调米皮	549	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC25041	凉拌米面食品	擀面皮	1667	I	*BAS3109*, *cytK*, *inhA*, *nhe*A, *nheB*, *nheC*	-
TC25042	凉拌米面食品	面皮	1667	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-

表 2(续)

菌株编号	食品类别	样品名称	ST 型别	毒力基因携带模式	毒力基因	耐药基因
TC25045	凉拌米面食品	面皮	2117	III	*BAS3109*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC25046	凉拌米面食品	凉调米线	22	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*, *tet*(*45*)
TC25054	栽培蘑菇	白色金针菇	1465	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC25099	栽培蘑菇	香菇	2560	II	*BAS*3109, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB*
TC25158	校园餐食品	火腿肠炒米饭	267	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC25161	校园餐食品	炒青菜	471	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-
TC25166	凉拌米面食品	凉面	1161	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC25169	凉拌米面食品	凉拌饸饹	142	III	*BAS3109*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	*fosB1*
TC25172	凉拌米面食品	面皮	463	II	*BAS3109*, *cytK*, *hblA*, *hblC*, *hblD*, *inhA*, *nheA*, *nheB*, *nheC*	-

注: -表示未携带耐药基因。



注: 同一方框标注内菌株位于同一进化分支。

图 1　51 株食源性蜡样芽孢杆菌基于 SNP 构建的进化树

Fig.1　Phylogenetic tree of 51 foodborne *Bacillus cereus* strains constructed by SNP

3 讨论与结论

蜡样芽孢杆菌作为在全球范围内具有重要影响的食源性致病菌, 由其引发的食源性疾病事件呈显著上升态势, 其污染率受食品基质特性与地域环境因素影响, 表现出高度的异质性[1]。据胡金宇等[5]对 2010—2019 年细菌性食物中毒事件统计分析数据显示, 蜡样芽孢杆菌所致病例数位居第三, 其中即食食品的污染风险尤为显著。杨代泽等[14]研究表明淀粉类食品为蜡样芽孢杆菌主要污染源。本研究 2023—2025 年铜川市食品样本中蜡样芽孢杆菌的总检出率为 13.28%, 污染水平处于 10~10^3 CFU/g, 未检出≥10^5 CFU/g 的样本, 较陆峥等[28]2021—2023 年北京市食源性蜡样芽孢杆菌检出率(9.94%)略高, 污染水平(10~10^4 CFU)较低。菌株来源多为米面制品, 其中速冻米面生制品的检出率高达 73.91%, 即食性食品—凉拌米面食品检出率为 18.37%, 该类食品多需低温储存或进行简易加工, 易导致芽孢萌发和毒素积累; 香辛料及粉检出率 23.08%, 其可作为凉拌米面食品的佐料添加, 进一步加剧了污染风险。

铜川市食品中蜡样芽孢杆菌的污染水平处于较低区间, 但菌株毒力基因携带率呈现出高度特征性, *nheABC* 基因携带率达 100.00%, *hblACD* 基因携带率为 68.63%。EHLING-SCHULZ 等[17]研究指出, *nhe* 和 *hbl* 基因共表达可协同增强肠毒素毒性, 本研究中 68.63%菌株携带这两类基因, 加剧了腹泻型中毒的潜在威胁。本研究以 II 型毒力基因模式为主(58.80%), 且 *cytK* 携带率为 82.35%, 与 LUND 等[22]和 GRANUM 等[29]的经典研究结果一致, 这些基因是腹泻型中毒的关键因素。本研究中 *cytK* 基因携带率达到 82.35%, 高于部分研究(如 JESSBERGER 等[21]2020 报告约 70%), 可能源于地区菌株的差异性。THERY 等[15]研究表明呕吐毒素基因 *ces* 在即食食品中的高流行性, 而本研究仅 1 株(TC24116), 菌株携带 *cesB*, 这提示铜川市以腹泻型风险为主。携带 *cesB* 基因的菌株 TC24116 分离自凉拌面筋, 属于 ST26 型, 并且同时携带腹泻型基因(*hblA*, *hblC*, *hblD*, *nheA*, *nheB*, *nheC*), 这种“双毒力”表型虽较为罕见但提示存在潜在风险, THERY 等[15]曾报告类似案例引发多器官衰竭。

在耐药基因方面, 本研究中菌株耐药基因携带率为 60.78%, 以 *blaZ*、*fosB1* 和 *tet*(*45*)为主, 菌株对 *β*-内酰胺类和磷霉素类抗生素存在相应耐药遗传基础。这一结果与金泽坤[1]及张红芝等[30]的蜡样芽孢杆菌食品分离株耐药性研究耐药性的研究结果一致, 其中 *β* 内酰胺类和四环素类耐药基因较为常见。近年来, 全球耐药基因扩散加剧, 农业和食品链中抗生素的滥用可能促进蜡样芽孢杆菌的多药耐药性[20]。本研究中部分菌株同时携带多种耐药基因, 食源性耐药基因可能通过食物链传递至人体病原菌[13], 警示需对耐药基因横向转移风险进行监测。

本研究中食源性蜡样芽孢杆菌 MLST 分型发现呈现出高度的多样性, 51 株菌分属于 43 个 ST 型, 其中 ST1667、ST22 和 ST1310 为优势型别。有研究指出, 蜡样芽孢杆菌的 ST 型别多样性反映了其环境适应性和跨区域传播潜力[16]。MLST 和 SNP 进化分析显示 51 株菌分属 3 大进化分支, 其中分支 A 和 B 构成主要集群, ST1667、ST1310 和 ST22 型菌株呈现出高度的同源性, 表明可能存在局部克隆传播。ST1667 型菌株分离自 2023—2025 年的速冻米面生制品和凉拌米面食品, 其跨年度分布提示存在持续污染源。进化树分析结果表明, 同一 ST 型菌株具有较近的亲缘关系, 具有点源暴发的可能。本研究通过对 2023—2025 年铜川市食源性蜡样芽孢杆菌的污染情况及基因特征分析, 进一步了解了食源性蜡样芽孢杆菌的基因特征和遗传进化关系, 为开展相关研究及针对性的制定防控措施提供数据支持。

参考文献

[1] 金泽坤. 腐乳中蜡样芽孢杆菌的分离鉴定、毒性分析及大蒜精油的抑菌作用与机理研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2021.
JIN ZK. Isolation, identification, and toxicity analysis of *Bacillus cereus* in sufu, as well as the antibacterial effect andmechanism of garlic essential oil [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2021.

[2] 王铁龙, 周长会, 高磊, 等. 常见食源性致病菌耐热性研究进展[J/OL]. 食品与发酵工业, 1–10. [2026-04-13]. https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.044628
WANG TL, ZHOU CH, GAO L, *et al*. Research progress on the heat resistance of common foodborne pathogens [J/OL]. Food and Fermentation Industries, 1–10. [2026-04-13]. https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.044628

[3] MÁRCIA OLIVEIRA, CARVALHO M, TEIXEIRA P. Characterization of the toxigenic potential of *Bacillus cereus* sensu lato isolated from raw berries and their products [J]. Foods, 2023, 12(21): 11.

[4] JOVANOVIC J, ORNELIS VFM, MADDER A, *et al*. *Bacillus cereus* food intoxication and toxicoinfection [J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2021, 20(4): 3719–3761.

[5] 胡金宇, 王锐. 2010—2019 年全国细菌性食物中毒事件流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2023, 35(8): 1225–1230.
HU JY, WANG Y. Epidemiological characteristics of bacterial food poisoning events in China from 2010 to 2019 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023, 35(8): 1225–1230.

[6] 张禹, 黄宁, 汤晓召, 等. 2024 年云南省湿米面类食品抽样检测结果分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(5): 329–334.
ZHANG Y, HUANG N, TANG XZ, *et al*. Analysis of sampling inspection results of wet rice and flour products in Yunnan Province in 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(5): 329–334.

[7] 王小娜, 王锦铭, 孟宇, 等. 2012—2024 年无锡市市售食品中微生物及致病因子监测结果分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(1): 354–360.
WANG XN, WANG JM, MENG Y, *et al*. Analysis of microbial and pathogenic factor monitoring results in commercially available foods in Wuxi City, 2012—2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(1): 354–360.

[8] 李可维, 刘思洁, 赵薇, 等. 2011—2019 年吉林省米面制品中食源性致病菌监测分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(24): 9390–9395.
LI KW, LIU SJ, ZHAO W, *et al*. Monitoring and analysis of food-borne pathogens in rice and noodle products in Jilin Province from 2011 to 2019 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(24): 9390–9395.

[9] 张洋洋, 郑金华, 马瑜. 2020—2023 年山东省泰安市餐饮食品中蜡样芽胞杆菌毒力基因及药物敏感性研究[J]. 疾病监测, 2024, 39(10): 1341–1344.
ZHANG YY, ZHENG JH, MA Y. Study of virulence genes and antibiotic susceptibility of *Bacillus cereus* in catering food in Tai'an, Shangdong, 2020—2023 [J]. Disease Surveillance, 2024, 39(10): 1341–1344.

[10] 杨晓燕, 仝志琴, 李会, 等. 河南省洛阳市餐饮食品中蜡样芽孢杆菌污染状况及毒力基因分析[J]. 预防医学论坛, 2023, 29(5): 379–384.
YANG XY, QUAN ZQ, LI H, *et al*. Analysis on contamination and virulence genes of *Bacillus cereus* in some catering foods in Luoyang City, Henan Province [J]. Preventive Medicine Tribune, 2023, 29(5): 379–384.

[11] 崔莹, 戚浩彧, 张濛, 等. 2011—2021 年河南省市售食品中蜡样芽胞杆菌污染状况调查[J]. 河南预防医学杂志, 2022, 33(8): 569–571, 630.
CUI Y, QI HY, ZHANG M, *et al*. Analysis on contamination of *Bacillus cereus* in food in Henan Province from 2011 to 2021 [J]. Modern Disease Control and Prevention, 2022, 33(8): 569–571, 630.

[12] 张英, 王利. 2015—2022 年重庆市江津区食品微生物监测结果分析[J]. 职业卫生与病伤, 2024, 39(3): 183–189.
ZHANG Y, WANG L. Analysis on the results of food microbial monitoring in Jiangjin District of Chongqing from 2015 to 2022 [J]. Journal of Occupational Health and Damage, 2024, 39(3): 183–189.

[13] 王欣茹. 湿粉类食品中蜡样芽胞杆菌污染风险控制要素的定量评估研究[D]. 深圳: 南方医科大学, 2023.
WANG XR. Quantitative assessment of risk control factors for *Bacillus cereus* contamination in wet rice products and starch products [D]. Shenzhen: Southern Medical University, 2023.

[14] 杨代泽. 内蒙古某地区奶牛乳腺炎源病原菌分离鉴定及蜡样芽孢杆菌耐药和毒力特性研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2023.
YANG DZ. Isolation and identification of pathogenic bacteria from cow mastitis and study on drug resistance and virulence characteristics of *Bacillus cereus* in a region of Inner Mongolia [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2023.

[15] THERY M, COUSIN VL, TISSIERES P, *et al*. Multi-organ failure caused by lasagnas: A case report of *Bacillus cereus* food poisoning [J]. Frontiers in Pediatrics, 2022, 10(10): 978250.

[16] TUIPULOTU ED, MATHUR A, NGO C, *et al*. *Bacillus cereus*: Epide miology, virulence factors, and host pathogen interactions [J]. Trends i n Microbiology, 2020(prepublish). DOI: 10.1016/j.tim.2020.09.003

[17] EHLING-SCHULZ M, VUKOV N, SCHULZ A, *et al*. Identification and partial characterization of the nonribosomal peptide synthetase gene responsible for cereulide production in emetic *Bacillus cereus* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(1): 105–113.

[18] HUO LF, YE ZM, LIU ML, *et al*. Brain circuits for retching-like behavior [J]. National Science Review, 2023, 11(1): nwad256.

[19] ROUZEAU-SZYNALSKI K, STOLLEWERK K, MESSELHÄUSSER U, *et al*. Why be serious about emetic *Bacillus cereus*: Cereulideproduction and industrial challenges [J]. Food Microbiology, 2020(85): 103279.

[20] YANG S, WANG Y, LIU Y, *et al*. Cereulide and emetic *Bacillus cereus*: Characterizations, impacts and public precautions [J]. Foods, 2023, 12(4): 833.

[21] JESSBERGER N, DIETRICH R, GRANUM PE, *et al*. The *Bacillus cereus* food infection as multifactorial process [J]. Toxins, 2020, 12(11): 701.

[22] LUND T, DE-BUYSER ML, GRANUM PE. A new cytotoxin from *Bacillus cereus* that maycause necrotic enteritis [J]. Molecular Microbiology, 2000, 38(2): 254–261.

[23] LUND T, GRANUM PE. Characterisation of a non-haemolytic enterotoxin complex from *Bacillus cereus* isolated after a foodborne outbreak [J]. FEMS Microbiology Letters, 1996, 141(2-3): 151–156.

[24] BEECHER DJ, MACMILLAN JD. Characterization of the components of hemolysin BL from *Bacillus cereus* [J]. Infection and Immunity, 1991, 59(5): 1778–1784.

[25] HEINRICHS JH, BEECHER DJ, MACMILLAN JD, *et al*. Molecular cloning and characterizationof the *hbl*A gene encoding the B component of hemolysin BL from *Bacillus cereus* [J]. Journal of Bacteriology, 1993, 175(21): 6760–6766.

[26] JACOBS B, BOGAERTS B, VERHAEGEN M, *et al*. Whole-genome sequencing of soil- and foodborne *Bacillus cereus* sensu lato indicates no clear association between their virulence repertoire, genomic diversity and food matrix [J]. International Journal of Food Microbiology, 2025, 439111266. DOI: 10.1016/J.IJFOODMICRO.2025.111266

[27] TONG C, XIAO D, LI Q, *et al*. First insights into the prevalence, genetic characteristics, and pathogenicity of *Bacillus cereus* from gen erations worldwide [J]. mSphere, 2024, e0070224. DOI:10.1128/MSP HERE.00702-24

[28] 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.

[29] GRANUM PE, O'SULLIVAN K, LUND T. The sequence of the non-haemolytic enterotoxin operonfrom *Bacillus cerceus* [J]. Fems Microbiology Letters, 1999, 177(2): 225–229.

[30] 张红芝, 刘雪薇, 顾其芳, 等. 基于全基因组测序的蜡样芽孢杆菌食品分离株分子特征及耐药性研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2021, 33(5): 529–535.
ZHANG HZ, LIU XW, GU QF, *et al*. Molecular characteristics and antibiotic resistance of *Bacillus cereus* from foods using whole genome sequencing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2021, 33(5): 529–535.

(责任编辑: 蔡世佳　韩晓红)