DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260327003
引用格式: 颜芹, 马会会, 尹笑笑, 等. 2024—2025 年连云港市金针菇生产加工环节单增李斯特菌的污染特征与分子溯源分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(13): 294–301.
Yan Qin, Ma Huihui, Yin Xiaoxiao, et al. Pollution characteristics and molecular traceability analysis of *Listeria monocytogenes* in the production and processing links of *Flammulina velutipes* in Lianyungang City from 2024—2025 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(13): 294–301. (in Chinese with English abstract).

2024—2025 年连云港市金针菇生产加工环节单增李斯特菌的污染特征与分子溯源分析

颜 芹, 马会会*, 尹笑笑, 吴 静, 朱晓露, 李 娣
(连云港市疾病预防控制中心, 连云港 222000)

摘 要: 目的 了解连云港市金针菇生产加工环节中单增李斯特菌的污染情况。**方法** 以连云港市金针菇生产加工场所为采样范围, 对样本进行单增李斯特菌的分离鉴定和聚类分析。**结果** 359 份金针菇生产加工环节中的样本检出单增李斯特菌阳性样本 67 份, 总检出率 18.66%。不同年份、采样场所的单增李斯特菌的检出率有统计学意义(P<0.05), 不同样本类别的单增李斯特菌检出率无统计学意义(P>0.05)。2024 年污染率高(24.71%), 搔菌室采集的样品阳性检出率远高于其他采样场所(38.46%), 且采集的环境样品的污染率最高(25.32%)。67 株单增李斯特菌序列(sequence type, ST)型以 ST87 (32 株)和 ST8 (31 株)为主。**结论** 连云港市金针菇生产加工环节中存在单增李斯特菌的污染, 其中搔菌室和采收样区污染最严重, 必须加强该环节的监测和监管力度, 重点针对高污染区域和环境方面制定防控措施。

关键词: 金针菇; 单增李斯特菌; 污染情况; 多位点序列分型
中图分类号: TS201.3 **文献识别码:** A **文章编号:** 2095–0381(2026)13–0294–08

Pollution characteristics and molecular traceability analysis of *Listeria monocytogenes* in the production and processing links of *Flammulina velutipes* in Lianyungang City from 2024—2025

YAN Qin, MA Hui-Hui*, YIN Xiao-Xiao, WU Jing, ZHU Xiao-Lu, LI Di
(*Lianyungang Center for Disease Control and Prevention*, *Lianyungang* 222000, *China*)

ABSTRACT: Objective To investigate the contamination status of *Listeria monocytogenes* in the production and processing of *Flammulina velutipes* in Lianyungang City. **Methods** Samples were collected from the production and processing chain of *Flammulina velutipes* in Lianyungang City. Isolation, identification and multilocus sequence typing of *Listeria monocytogenes* were performed. **Results** A total of 67 samples were positive for *Listeria*

收稿日期: 2026-03-27
基金项目: 江苏省卫生健康委科研课题项目(YI2023026)
第一作者: 颜芹(1995—), 女, 主管技师, 主要研究方向为食品微生物检测。E-mail: 1281329815@qq.com
***通信作者:** 马会会(1985—), 女, 副主任技师, 主要研究方向为食品微生物检测。E-mail: 348477918@qq.com

monocytogenes among 359 samples collected from the production and processing chain of *Flammulina velutipes*, with an overall detection rate of 18.66%. The differences in the detection rate of *Listeria monocytogenes* among different sampling years and sampling locations were statistically significant (P<0.05), whereas no significant difference was observed among different sample types (P>0.05). The contamination rate in 2024 was relatively high (24.71%), and the positive detection rate of samples from the mycelium scraping room (38.46%) was much higher than that from other sampling sites. Environmental samples showed the highest contamination rate (25.32%). Sequence typing (ST) of the 67 *Listeria monocytogenes* isolates revealed that ST87 (32 isolates) and ST8 (31 isolates) were the dominant sequence types. **Conclusion**　*Listeria monocytogenes* contamination exists in the production and processing chain of *Flammulina velutipes* in Lianyungang City, with the scraping room and harvesting and packaging area being the most heavily contaminated sites. It is essential to strengthen monitoring and supervision in these links, and formulate targeted prevention and control measures focusing on highly contaminated areas and environmental management.

KEY WORDS: *Flammulina velutipes*; *Listeria monocytogenes*; contamination status; multilocus sequence typing

0　引　言

单核细胞增生李斯特氏菌(*Listeria monocytogenes*)(下文统称单增李斯特菌)是革兰阳性短小杆菌, 广泛分布在自然界, 具有极强的生长繁殖能力[1], 所以在食品的加工、运输和储存等多个环节均可被其污染。单增李斯特菌是一种致病性极强的嗜冷菌, 其致死率较高[2], 对孕妇、新生儿及老年人等免疫力低下的人群有较高的患病风险, 可以引起流产、脑膜炎、败血症等疾病[3]。

金针菇含有丰富的膳食纤维和蛋白质, 口味独特, 具有提高免疫力和调节生理机能的作用[4], 是一种人们可以食用的绿色保健产品, 深受人们的喜爱。金针菇生产环节包括拌料、装瓶、灭菌、冷却、接种、菌丝培养(发菌)、搔菌、出菇培养和采收包装等多个流程[5], 其中涉及密集的人工操作和频繁的设备接触, 以上环节很容易导致单增李斯特菌交叉污染[6]。近几年来, 中国出口至美、日两国的金针菇产品, 被通报不合格事件 17 起, 其中被单增李斯特菌污染的有 12 起[7]。并且中国多家金针菇出口企业被美国食品药品监督管理局纳入进口预警红名单[8]。国内外研究表明, 金针菇因其生长环境及加工储存的方式, 容易被李斯特菌污染, 但不同加工环节的污染状况存在较大差异[9], 且针对该环节的系统研究较少。

因此本研究对连云港市金针菇生产企业加工环节进行采样, 检测单增李斯特菌污染情况, 分析其在不同年份(2024—2025 年)、采样场所、样本类型中的分布差异[10], 并利用核心基因组多位点序列分型(core genome multilocus sequence typing, cgMLST)技术进行分子分型与溯源分析, 了解区域内单增李斯特菌的优势克隆群、污染来源及传播规律[11], 旨在为连云港市金针菇生产加工环节制定精准化防控策略、保障食用菌产品质量安全, 为食品安全管理提供参考依据。

1　材料与方法

1.1　样本采集

2024—2025 年在连云港市随机选取 2 家有代表性的规模化金针菇生产加工企业(G 厂、D 厂), 于每年 4 月、9 月各开展一次采样, 按照金针菇生产加工环节的风险等级分配样本量, 各采样环节样本量存在一定的差异, 采集各个环节的样本共计 359 份。采样场所涉及采收包装区、菇房、接种室、菌丝培养室、灭菌区、培养基制作区、搔菌室等区域[12], 采集的样本类别主要是金针菇、培养基、环境(生产台面、地面、墙面、设备表面)、操作人员(手部、鞋底、工作服)、工具设备(刀具、容器、传输带、切割称量工具)、其他(生产用水、清洗用水)等[13], 各采样阶段的样本数量及采样点的描述详见表 1。

环境与工具设备样本采用无菌拭子涂抹采样, 金针菇与培养基样本直接无菌采集, 所有样品采集完成后, 在接近原有贮藏温度的条件下尽快送到实验室进行检验[14]。

1.2　仪器与试剂

Microflex LT/SH 全自动微生物质谱鉴定系统(德国 Bruker Daltonik GmbH 公司)。

李氏增菌肉汤 LB (LB1、LB2)、PALCAM 琼脂、含 0.6%酵母浸膏的胰酪胨大豆琼脂、革兰氏染液(青岛高科技工业园海博生物技术有限公司); 李斯特显色培养基(上海科玛嘉微生物技术有限公司); GN 鉴定卡(生物梅里埃法国股份有限公司); ShockMixer-1 脉冲式均质器(广东环凯微生物科技有限公司)。以上所有的试剂已通过性能验证并且都在有效期内投入实验。

表 1 金针菇加工区域与采样点

Table 1 Processing area and sampling points in *Flammulina velutipes*

地区	采样时间	采样数量	采样点描述
采收包装区	2024	78	培养基、金针菇、地面、包装筐、操作台面、传送带、铲子、控制按钮、带包装的产品、金针菇-栽培瓶表面、金针菇带包装、切割称量工具、门、清洁工具、清洗用水、人员手、鞋底、衣服、扫帚、套筒(卷纸、包菇片)、直接接触产品的包装材料、栽培筐表面、切割金针菇的剩余物、排水口/地漏、瓶子外壁、可移动设备接触地面的部件(如轮子等)、刀
	2025	92	
菇房	2024	26	地面、成熟菇、门、清洗用水、套筒(卷纸、包菇片)、幼菇、栽培架表面
	2025	25	
接种室	2024	14	操作台、地面、接种后培养基、控制按钮、人员手、鞋底、衣服、门、排水口/地漏、清洁工具、栽培筐表面
	2025	12	
菌丝培养室	2024	12	金针菇菌丝培养物、地面、排水口/地漏、清洁工具、栽培筐表面、墙壁
	2025	9	
灭菌区	2024	1	灭菌后培养基
	2025	2	
培养基制作区	2024	11	灭菌前培养基、培养基原料、清洗用水、清洁工具、生产用水、拖把、地面、仪器
	2025	12	
搔菌室	2024	32	传送带、菌丝培养物、地面、控制按钮、墙壁、清洁工具、清洗用水、人员手、鞋底、衣服、仪器、栽培筐表面
	2025	33	

1.3 方 法

1.3.1 样品的分离与鉴定

依据 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菌检验》进行菌株的分离培养和鉴定。无菌操作取样, 进行增菌和分离培养, 分别从李斯特显色平板和 PALCAM 琼脂平板上挑取可疑的菌落进行革兰氏染色、生化试验初步鉴定[15]。

1.3.2 全基因组测序

将纯化的菌株划线接种于含 0.6%酵母浸膏的胰酪胨大豆琼脂平板, 36 ℃培养 24 h 后, 用接种环刮取纯菌一环放入 0.5 mL 生理盐水中[16], 100 ℃水浴灭活 10 min, 委托生工生物工程股份有限公司(上海)完成基因组 DNA 的提取和文库构建, 用 illumina 平台完成二代测序。采用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行双端测序, 读长为 PE150, 测序深度(覆盖度)≥100×, 使用 SPAdes v 3.5.0 软件进行从头组装(默认参数), 将拼接好的数据导入全基因组数据综合分析平台进行分析, 得到菌株序列型(sequence type, ST)和血清型等。

1.3.3 聚类分析

采用 cgMLST 技术对 67 株单增李斯特菌进行同源性分析, 根据菌株间核心基因等位基因差异数划分同源关系: 差异数小于等于 10 的菌株视为同源, 10~24 的菌株视为可能存在遗传关联, 差异数大于等于 25 的菌株视为非同源。

1.4 数据处理

采用 SPSS 27.0 统计学软件进行数据分析, 计数资料以检出率(%)表示, 不同年份、采样场所、样本类型的检出率组间比较采用 χ^2 检验, 以 $P<0.05$ 为差异具有统计学意义。将单因素分析 $P<0.05$ 的变量纳入二分类多因素 Logistic 回归模型, 以是否检出单增李斯特菌为因变量(阴性=0, 阳性=1), 以年份、采样场所为自变量, 同时校正企业、采样季节等混杂因素, 筛选污染的独立影响因素。检验水准 $\alpha=0.05$。

2 结果与分析

2.1 不同年份污染情况

2024—2025 年连云港市采集的金针菇样本共 359 份, 其中共 67 份样本检出单增李斯特菌阳性, 总检出率为 18.66%。可以看出 2024 年阳性检出率最高, 是 24.71%。不同年份检出率差异具有统计学意义($\chi^2=8.14$, $P=0.0043$), 见表 2。

2.2 不同采样场所污染情况

主要在采收包装区、菇房、接种室、搔菌室等场所进行采样, 搔菌室检出率最高(38.46%, 25/65), 其次为采收包装区(22.35%, 38/170), 灭菌区、培养基制作区和菌丝培养室均未检出阳性。不同采样场所检出率差异具有统计学意义($\chi^2=38.44$, $P<0.001$), 见表 3。

2.3 不同样本类别污染情况

2024—2025 年连云港市采集的金针菇生产加工环节中不同类别的样品中, 均有单增李斯特菌检出, 环境样本检出率最高(25.32%, 20/79), 工具设备样本(19.21%, 29/151)、人员(18.18%, 6/33)和金针菇样本(17.86%, 10/56)

次之, 培养基及其他类样本检出率较低。本研究中不同样本类别检出率差异无统计学意义(χ^2=7.34, P=0.196), 但环境样本检出率远高于培养基样本(3.85%, 相差 6 倍以上), 考虑到两类样本量不均衡, 该结果可能受检验效能不足的影响, 不能直接认定不同样本类别污染水平无差异, 见表 4。

2.4　多因素 Logistic 回归分析

搔菌室是金针菇生产加工链中单增李斯特菌污染的独立高风险因素(比值比=10.215, P<0.001), 其污染风险约为低污染参照区的 10.2 倍; 采收包装区为次要独立风险因素(比值比=2.869, P=0.015); 年份对污染的影响呈边缘相关(P=0.056), 2024 年污染风险高于 2025 年, 但未达到统计学显著性。

2.5　聚类分析

对 67 株单增进行 cgMLST 分析, 所有菌株基于核心等位基因差异可分为两大遗传聚类簇, 菌株间核心等位基因最大差异为 60。67 株单增共检出 3 种 ST 型, 分别为 ST8 (31 株)、ST87 (32 株)和 ST5 (1 株)。3 株 ST 型未检出, 两株来源于 D 厂(W20240156、W2024022), 1 株来源于 G 厂(W20250188), 污染源都来自采收包装区。优势型为 ST87 (32/67, 47.76%)和 ST8 (31/67, 46.27%)。其中, 31 株 ST8 菌株聚为一簇, 该簇内菌株核心等位基因最大差异为 20, 克隆相关性较高, 主要集中于 G 厂。其余菌株以 ST87 型为绝对优势菌群, 另包含 1 株 ST5 型菌株, 二者共同聚为另一大簇, 该簇整体核心等位基因最大差异数为 25, 其中单株 ST5 菌株与同簇 ST87 菌株间核心等位基因最大差异为 25, 与 ST8 簇菌株核心等位基因最大差异达 60; 主要分布于 D 厂, 污染来源及采样环节与 ST8 簇高度重合, 见图 1。

表 2　不同年份金针菇生产加工环节中单增李斯特菌的污染情况

Table 2　Contamination of *Listeria monocytogenes* in the production and processing chain of *Flammulina velutipes* in different years

年份	样品数/份	阳性数/份	检出率/%	χ^2	P
2024	174	43	24.71	8.14	0.0043
2025	185	24	12.97		
合计	359	67	18.66		

表 3　不同采样场所金针菇生产加工环节中单增李斯特菌的污染情况

Table 3　Contamination of *Listeria monocytogenes* in the production and processing chain of *Flammulina velutipes* at different sampling locations

地区	样品数/份	阳性数/份	检出率/%	χ^2	P
采收包装区	170	38	22.35	38.44	<0.001
菇房	51	3	5.88		
接种室	26	0	0		
菌丝培养室	21	0	0		
灭菌区	3	0	0		
培养基制作区	23	1	4.35		
搔菌室	65	25	38.46		
合计	359	67	18.66		

表 4　不同样本类别金针菇生产加工环节中单增李斯特菌的污染情况

Table 4　Contamination of *Listeria monocytogenes* in the production and processing chain of *Flammulina velutipes* in different sample categories

样本类别	样品数/份	阳性数/份	检出率/%	χ^2	P
金针菇	56	10	17.86	7.34	0.196
培养基	26	1	3.85		
环境	79	20	25.32		
人员	33	6	18.18		
工具设备	151	29	19.21		
其他	14	1	7.14		
合计	359	67	18.66		

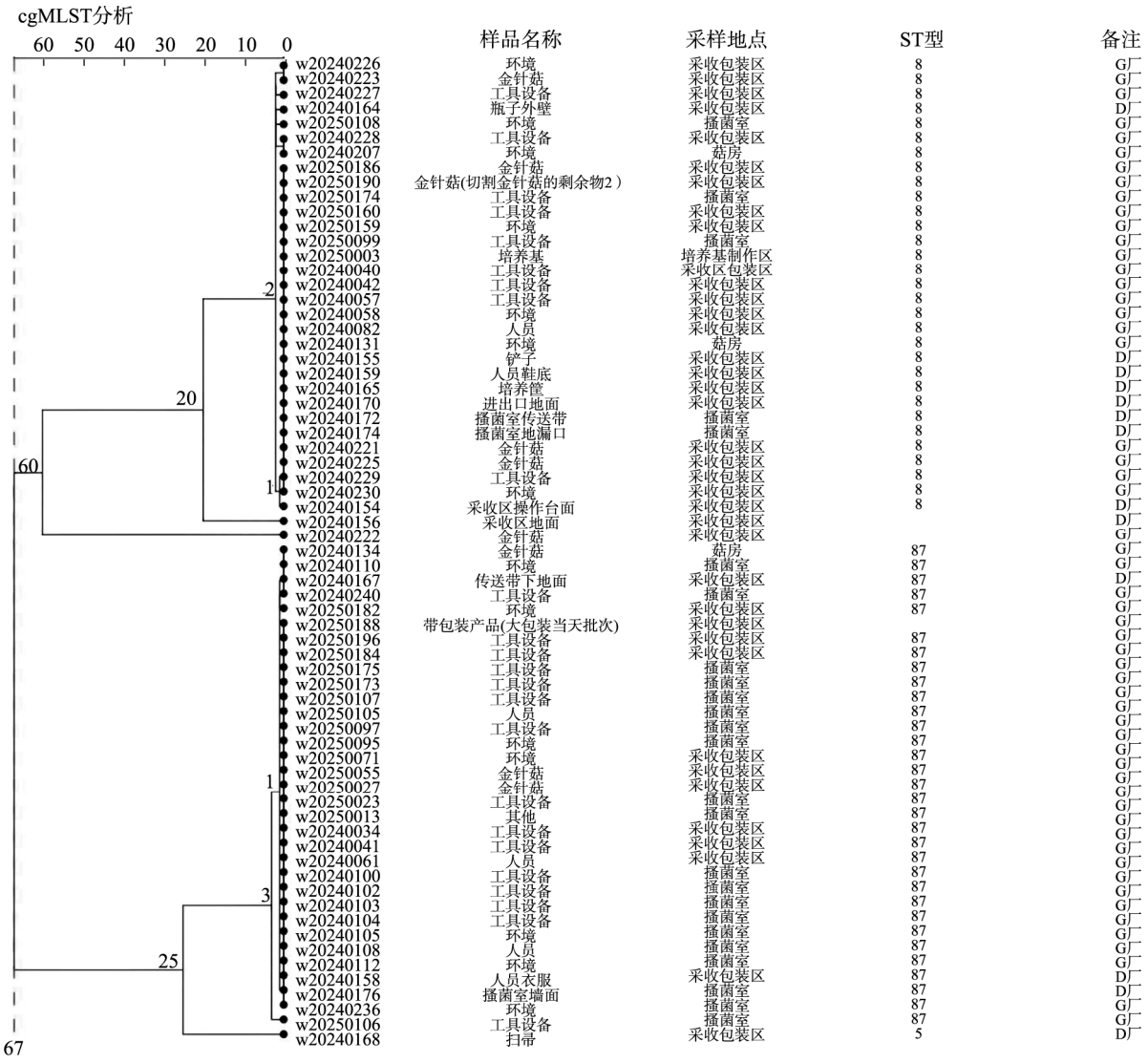


图 1 67 株单增李斯特菌 cgMLST 分析

Fig.1 cgMLST analysis of 67 *Listeria monocytogenes*

3 讨论与结论

金针菇工厂化栽培是我国生产金针菇的主要模式[17], 其在生产加工过程中极易受单增李斯特菌污染。研究表明, 金针菇生产加工过程中的环境、人员、工具设备等都是引起单增李斯特菌污染的主要来源, 如果生产中消毒不彻底, 会导致生产的金针菇与环境、人员、工具设备产生交叉污染[18]。

本研究单因素 χ^2 结果显示, 金针菇生产加工环节中单增李斯特菌污染水平在年份、采样场所上均存在统计学关联。通过多因素 Logistic 回归分析, 明确了金针菇生产加工环节中单增李斯特菌污染的独立风险因素, 结果显示搔菌室是污染的核心高风险环节, 采收包装区为次要风险环节, 这一发现为食用菌加工过程的微生物防控提供了针对性依据。

2024—2025 年总检出率为 18.66%, 高于贵州省的 9.62%[19]和福建省的 1.2%[20], 说明连云港市的金针菇生产加工环节中单增李斯特菌的污染程度较高, 需要引起重视。2024 年检出率较高, 可能与当年的生产环境、气候条件或卫生管理水平有关[7]。2025 年的检出率(12.97%)明显低于 2024 年的检出率(24.71%), 可能是因为 2025 年金针菇生产企业在 2024 年监测后加强了卫生管理, 增加了环境消毒的频次、规范了人员的操作流程有关, 但需要排除季节、批次等混杂因素的影响[21]。后续仍需要开展更严格的对照研究来验证防控措施的效果, 同时也反映出年度污染波动可能与防控执行强度相关。

在不同采样场所中, 搔菌室(38.46%)和采收包装区(22.35%)是高污染区, 说明污染的主要来源与密集的人工操作和频繁的物料流转有关。搔菌室人工干预环节较多,

工人的手部、使用的工具会与金针菇菌体频繁接触, 如果清洁消毒不到位, 极易引起污染[22]; 采收包装区人员流动大、物料集中堆放, 设备表面易残留菌体, 会引起持续性污染。采集的样本类别中环境样本(25.32%)检出率最高, 说明生产环境是单增李斯特菌污染的重要来源, 这也是食品加工环节致病菌污染的普遍特征[23]。人员和工具设备本就易受环境及操作环节的交叉污染[24]。

接种室、菌丝培养室及灭菌区未检出单增李斯特菌, 说明消毒措施严格和无菌操作环节执行规范到位, 有效阻断了传染源[25], 但鉴于灭菌区等区域样本量相对有限(尤其是灭菌区, 样本量仅 3 份), 不排除存在假阴性的可能, 后续可扩大样本量进一步验证, 提示了后续的防控措施需要重点关注后期的人工操作环节, 补齐卫生管控短板。培养基样本的污染率较低, 提示原料与人员管理相对可控但仍存在疏漏。因此, 需加强生产环境清洁消毒、建立环境定期监测机制, 是切断单增李斯特菌传播路径的核心举措[26]。

cgMLST 分子溯源结果进一步揭示了污染的分子流行特征, ST8 与 ST87 两大优势克隆群在 ST 型、血清型及厂区分布上完全分离, 未发现跨厂传播的核心克隆, 提示 G 厂与 D 厂的单增李斯特菌污染来源相对独立[27]。

ST8 型菌株内部克隆相关性高, 提示 G 厂污染源于单一污染源的持续扩散; ST87 型菌株遗传多样性略高, 且包含 1 株 ST5 型菌株, 说明 D 厂污染来源相对复杂, 可能存在多个亚克隆传播。两大克隆群均集中于高风险场所, 进一步明确了污染传播的关键节点, 为厂区差异化、精准化防控提供了分子依据。

本研究检出的 ST87 与 ST8 为主要流行型别, 二者在环境适应性、生物膜形成能力上存在一定差异。ST87 作为单增李斯特菌的常见流行型别, 在食品加工环境中具有更强的环境适应性, 可在低温、干燥等条件下长期存活, 且生物膜形成能力较强, 更易在环境表面定植并形成持续污染; ST8 的环境适应性与生物膜形成能力相对较弱, 因此在本研究中的检出占比低于 ST87。对于仅检出 1 株的 ST5 型别, 其出现频率较低的原因可能包括: 该型别本身在金针菇生产环境中的携带率较低; 受本次采样样本量、采样时段的限制, 未能充分捕捉到该型别的分布情况; ST5 的环境适应性弱于 ST87、ST8, 难以在加工环境中持续存活, 因此仅出现零星检出。

从采样信息来看, 两大克隆群均广泛分布于环境样本、工具设备、操作人员及金针菇样本中, 环境菌株与金针菇、人员菌株高度聚集, 证实了“环境-工具-人员-金针菇”的交叉传播路径[28], 与流行病学调查中环境样本高检出率的结果一致; 人员相关样本(如鞋底、衣物)与环境、产品样本聚类紧密, 提示人员流动是造成污染扩散的关键媒介[29]; 采收包装区与搔菌室是两大克隆群最集中的采样点位, 与流行病学调查中高风险场所的结论相吻合[30], 说明这两个环节是菌株传播的核心节点。

本研究表明, 连云港市金针菇生产加工环节存在单增李斯特菌污染风险, 搔菌室和采收包装区是重点污染区, 但该污染风险通过精细化分区管理可以实现有效管控。建议相关生产企业需针对搔菌室和采收包装区制定专属的环境消毒方案, 严格落实每日不少于 2 次的全域消杀工作, 消杀范围要覆盖搔菌机械、采收操作台、刀具、地面、墙面和排水沟缝隙等隐蔽污染点位, 并定期开展两区的环境微生物抽样监测, 及时发现隐匿的污染源并且溯源整改。同时要做好两区人流、物流的物理隔离, 配备独立的更衣洗手设施, 严禁两区工服、工器具跨区混用, 从源头阻断交叉污染; 并做好菌包原料验收、菇品采收操作、成品全程冷链温控等配套管控措施, 形成全链条污染阻断体系。此外, 需加强操作人员食品安全与卫生操作培训, 明确两区的致病菌防控要点, 定期开展自查与第三方抽检, 切实保障产品的质量安全, 以降低单增李斯特菌污染导致的食源性疾病风险。

参考文献

[1] 辛乐, 史朝烨, 王小贺, 等. 食品中单核细胞增生李斯特氏菌质控样品的制备[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(1): 115–121.
Xin Le, Shi Chaoye, Wang Xiaohe, et al. Preparation of quality control samples for *Listeria monocytogenes* in food [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(1): 115–121.

[2] 刘君彦, 朱颜翎, 严茂圳, 等. 食源性细菌活的非可培养状态中菌体活性检测方法的研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(15): 47–56.
Liu Junyan, Zhu Yanling, Yan Maozhen, et al. Research progress on detection methods of bacterial activity in the viable but non-culturable state of foodborne bacteria [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(15): 47–56.

[3] 关红阳, 王丹, 马越, 等. 单核细胞增生李斯特菌生物学毒理特性及防控方法研究进展[J]. 农产品加工, 2021(7): 71–76, 79.
Guan Hongyang, Wang Dan, Ma Ye, et al. Research progress on biological toxicological characteristics and prevention and control methods of *Listeria monocytogenes* [J]. Farm Products Processing, 2021(7): 71–76, 79.

[4] Zheng Zexuan, Zheng Zhongyao, Zheng Weibin, et al. E-nose and E-tongue combined with GC-MS to analyze the postharvest quality and flavor changes of *Flammulina filiformis* [J]. LWT, 2026, 240: 119023.

[5] 刘启燕, 戚俊, 王卓仁, 等. 我国金针菇工厂化生产现状与思考[J]. 中国食用菌, 2021, 40(12):7.
Liu Qiyan, Qi Jun, Wang Zhouren, et al. Current situation and thoughts on industrialized production of *Flammulina filiformis* in China [J]. Edible Fungi of China, 2021, 40(12): 7.

[6] 李学龙, 宋莹, 刘国丽, 等. 不同透性包装膜对金针菇主要酶活性及营养成分的影响[J]. 北方园艺, 2023(13): 94–102.
Li Xuelong, Song Ying, Liu Guoli, et al. Effects of different permeable

packaging films on main enzyme activities and nutritional components of *Flammulina velutipes* [J]. Northern Horticulture, 2023(13): 94–102.

[7] 杨洋, 孔喜梅, 袁齐武, 等. 2024 年金针菇产销环节中单增李斯特菌污染状况分析[J]. 现代预防医学, 2025, 52(18): 3330–3336, 3359.
Yang Yang, Kong Ximei, Yuan Qiwu, et al. Analysis on contamination status of *Listeria monocytogene*s in production and marketing links of *Flammulina velutipes* in 2024 [J]. Modern Preventive Medicine, 2025, 52(18): 3330–3336, 3359.

[8] 王一诺, 魏茂琳, 王金凤, 等. 石家庄市售新鲜金针菇中单核细胞增生李斯特菌的分离鉴定及全基因组测序分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2025, 37(7): 629–636.
Wang Yinuo, Wei Maolin, Wang Jinfeng, et al. Isolation, identification and whole-genome sequencing analysis of *Listeria monocytogenes* in fresh *Flammulina velutipes* sold in Shijiazhuang City [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025, 37(7): 629–636.

[9] 张晓英, 王慧敏, 石学香, 等. 学校餐饮食品中微生物污染状况及致病菌毒力基因分析[J]. 医学动物防制, 2024, 40(11): 1086–1089.
Zhang Xiaoying, Wang Huimin, Shi Xuexiang, et al. Analysis of microbial contamination status and virulence genes of pathogenic bacteria in school catering food [J]. Journal of Medical Pest Control, 2024, 40(11): 1086–1089.

[10] 王也, 凌志婷, 徐尧, 等. 单核细胞增生李斯特菌基于基因组学的分型和溯源技术研究[J]. 中国人兽共患病学报, 2022, 38(4): 5.
Wang Ye, Ling Zhiting, Xu Yao, et al. Genomics-based typing and traceability technology of *Listeria monocytogenes* [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2022, 38(4): 5.

[11] 任彩红, 王明友, 吴今姬, 等. 我国食用菌工厂化装备研究现状与展望[J]. 中国农机化学报, 2025, 46(5): 207–213.
Ren Caihong, Wang Mingyou, Wu Jinji, et al. Research status and prospect of industrialized equipment for edible fungi in China [J]. Journal of Chinese Agricultural Mechanization, 2025, 46(5): 207–213.

[12] 周怡, 王佳丽, 潘晋龙, 等. 金针菇糖苷水解酶 7 家族基因在不同农林废弃物培养基表达情况[J]. 食用菌学报, 2025, 32(5): 33–41.
Zhou Yi, Wang Jiali, Pan Jinlong, et al. Expression of *glycoside hydrolase* family 7 genes of *Flammulina velutipes* in different agriculture and forestry waste media [J]. Acta Edulis Fungi, 2025, 32(5): 33–41.

[13] 李晴, 李俊玲, 王英英, 等. 食品中单核细胞增生李斯特氏菌现行检测标准方法进展[J]. 山东畜牧兽医, 2026, 47(1): 133–136.
Li Qing, Li Junling, Wang Yingying, et al. Progress in current standard detection methods of *Listeria monocytogenes* in food [J]. Shandong Journal of Animal Science and Veterinary Medicine, 2026, 47(1): 133–136.

[14] 张誉, 马梦婷, 陈文, 等. 2015 年四川省 6 类即食食品中食源性致病菌调查[J]. 预防医学情报杂志, 2017, 33(5): 471–474.
Zhang Yu, Ma Mengting, Chen Wen, et al. Investigation on foodborne pathogenic bacteria in six kinds of ready-to-eat foods in Sichuan Province in 2015 [J]. Journal of Preventive Medicine Information, 2017, 33(5): 471–474.

[15] 朱雅慧, 朱洪日, 王佳莹, 等. 三文鱼基质上单核细胞性李斯特菌毒力因子的表达[J]. 食品科学, 2018, 39(2): 6.
Zhu Yahui, Zhu Hongri, Wang Jiaying, et al. Expression of virulence factors of *Listeria monocytogenes* on salmon matrix [J]. Food Science, 2018, 39(2): 6.

[16] Horack E, Acosta A, Jones M, et al. Whole-genome sequence of 19 *Listeria monocytogenes*, isolated from municipal wastewater in State College, Pennsylvania [J]. Microbiology Resource Announcements, 2025, 14(10): e00523–25.

[17] 郭云鹏. 我国食品安全监管法律体系建设与制度创新[J]. 中国调味品, 2020, 45(10): 177–180.
Guo Yunpeng. Construction and system innovation of China's food safety supervision legal system [J]. China Condiment, 2020, 45(10): 177–180.

[18] 农莹莹, 白莉, 甘辛, 等. 北京市售金针菇微生物组及其耐药基因,毒力因子分布特征[J]. 中国食品卫生杂志, 2025(11): 1051-1061.
Nong Yingying, Bai Li, Gan Xin, et al. Characteristics of microbiome, antimicrobial resistance genes and virulence factors of commercially sold *Flammulina filiformis* in Beijing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025, 37(11): 1051–1061.

[19] 张黎黎, 王娅芳, 李磊, 等. 2022—2024 年贵州省市售新鲜食用菌中单增李斯特菌的污染情况分析[J]. 中外食品工业, 2025(2): 16–18.
Zhang Lili, Wang Yafang, Li Lei, et al. Analysis on contamination of *Listeria monocytogenes* in fresh edible fungi sold in Guizhou Province from 2022—2024 [J]. Sino-Foreign Food Industry, 2025(2): 16–18.

[20] 林慧琳, 陈伟伟, 叶海梅, 等. 福建省 2011—2021 年即食食品中单增李斯特菌污染状况研究[J]. 海峡预防医学杂志, 2023, 29(6): 4–7.
Lin Huilin, Chen Weiwei, Ye Haimei, et al. Contamination status of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods in Fujian Province during 2011—2021 [J]. Strait Journal of Preventive Medicine, 2023, 29(6): 4–7.

[21] 余琳, 夏商周, 陈瑗, 等. 预包装酱卤肉制品生产过程中微生物污染状况及溯源分析[J]. 实验室检测, 2024, 2(7): 131–135.
Yu Lin, Xia Shangzhou, Chen Yuan, et al. Analysis on microbial contamination status and traceability in the production process of pre-packaged braised meat products [J]. Laboratory Testing, 2024, 2(7): 131–135.

[22] 肖曼, 胡池, 杨忠诚, 等. 湖北省市售猪肉中单核细胞增生李斯特菌污染定量风险评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2025, 37(4): 339–347.
Xiao Man, Hu Chi, Yang Zhongcheng, et al. Quantitative risk assessment of *Listeria monocytogenes* contamination in pork sold in Hubei Province [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025, 37(4): 339–347.

[23] 黄铭新, 张杏果, 叶国良, 等. 不同环境条件下单增李斯特菌产 AI-2 信号分子及生物被膜形成的比较[J]. 现代食品科技, 2025, 41(1): 74–80.
Huang Mingxin, Zhang Xingguo, Ye Guoliang, et al. Comparison of AI-2

signal molecule production and biofilm formation of *Listeria monocytogenes* under different environmental conditions [J]. Modern Food Science and Technology, 2025, 41(1): 74–80.

[24] 李薇薇, 郭云昌, 占利, 等. 2017 年中国即食食品中单核细胞增生李斯特菌的分子流行病学特征[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54(2): 6.
Li Weiwei, Guo Yunchang, Zhan Li, et al. Molecular epidemiological characteristics of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods in China in 2017 [J]. Chinese Journal of Preventive Medicine, 2020, 54(2): 6.

[25] 张丽丽, 冯煦苑. 2016—2022 年河南省驻马店市食源性疾病暴发事件监测结果[J]. 现代疾病预防控制, 2024, 35(3): 231–236.
Zhang Lili, Feng Xuyuan. Monitoring results of foodborne disease outbreaks in Zhumadian City, Henan Province from 2016 to 2022 [J]. Modern Disease Prevention and Control, 2024, 35(3): 231–236.

[26] Qian Fang, Lyu Dongyue, Guo Jiazhen, et al. The Brief Case: a renal abscess caused by ST35-KL108, a strain of multidrug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2025(5): 63.

[27] 王鑫, 刘莹莹, 肖俊博, 等. 4 类食用菌中 RNA 病毒的检测和种类分析[J]. 华中农业大学学报, 2025, 44(4): 160–173.
Wang Xin, Liu Yingying, Xiao Junbo, et al. Detection and diversity analysis of RNA viruses in four edible fungi [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2025, 44(4): 160–173.

[28] 李艳芳, 张腾霄, 王斌, 等. 一种适宜秸秆栽培的金针菇菌株筛选方法[J]. 陕西农业科学, 2024, 70(7): 76–79.
Li Yanfang, Zhang Tengxiao, Wang Bin, et al. Screening method of *Flammulina velutipes* strains suitable for straw cultivation [J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2024, 70(7): 76–79.

[29] 朱畅, 郑晶莹, 孙景昱, 等. 吉林省即食食品食源性致病菌污染状况及快速定量风险评估[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(24): 91–97.
Zhu Chang, Zheng Jingying, Sun Jingyu, et al. Contamination status and rapid quantitative risk assessment of foodborne pathogens in ready-to-eat foods in Jilin Province [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(24): 91–97.

[30] 孙奇凡. 食用菌工厂中单增李斯特菌污染溯源与快速检测技术研究[D]. 广州: 广东工业大学, 2021. DOI: 10.27029/d.cnki.ggdgu.2021.001115.
Sun Qifan. Pollution traceability and rapid detection technology of *Listeria monocytogenes* in edible fungi factory [D]. Guangzhou: Guangdong University of Technology, 2021. DOI: 10.27029/d.cnki.ggdgu.2021.001115.

(责任编辑: 蔡世佳　韩晓红)