DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260410004
引用格式: 张燕飞, 马学旻, 王文玉, 等. 2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌分布趋势及毒力基因、耐药特征研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(10): 262–269.
ZHANG YF, MA XM, WANG WY, *et al*. Study on the distribution trend, virulence genes and drug resistance characteristics of *Bacillus cereus* in Ningxia from 2010 to 2025 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(10): 262–269. (in Chinese with English abstract).

2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌分布趋势及毒力基因、耐药特征研究

张燕飞, 马学旻, 王文玉, 田晓伟, 陈丽莉, 刘 翔*
(宁夏回族自治区疾病预防控制中心, 银川 750004)

摘 要: 目的 了解宁夏地区蜡样芽孢杆菌分布流行特征、毒力基因携带情况、耐药趋势及多重耐药形势。**方法** 本研究针对 2010—2025 年各监测点分离的 312 株蜡样芽孢杆菌进行生化和质谱复核鉴定、毒力基因多重荧光定量聚合酶链式反应和微量肉汤稀释法药物敏感性实验, 并进行分析。**结果** 2010—2025 年共检出蜡样芽孢杆菌 312 株, 食品样本来源 284 株, 食物中毒来源 28 株, 其中早期分离 78 株, 中期 112 株, 末期 122 株。银川、石嘴山、吴忠、固原和中卫 5 市之间存在地域差异, 银川市最高, 吴忠市次之, 石嘴山市最低。蜡样芽孢杆菌毒力基因携带率超 97%。优势基因型为 *nheB* 基因和 *hblC* 基因双阳性, 占比 52.82%。对氨苄西林(ampicillin, AMP)、青霉素(penicillin, PEN)、头孢西丁(cefoxitin, CFX)及苯唑西林(oxacillin, OXA)的耐药率均超 90%, 对环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、万古霉素(vancomycin, VAN)、亚胺培南(imipenem, IMP) 100%敏感, 耐药谱 AMP-PEN-OXA-CFX 占比最高(60.90%)。**结论** 宁夏蜡样芽孢杆菌检出数量稳步上升, 在时间、来源、地域等方面呈现多样性, 毒力基因携带率高, 耐药形势严峻, 应持续对食品和病人加强监测, 采取有效措施进行控制, 以更好地保障食品安全和公众健康。

关键词: 蜡样芽孢杆菌; 毒力基因; 药物敏感性实验

Study on the distribution trend, virulence genes and drug resistance characteristics of *Bacillus cereus* in Ningxia from 2010 to 2025

ZHANG Yan-Fei, MA Xue-Min, WANG Wen-Yu, TIAN Xiao-Wei, CHEN Li-Li, LIU Xiang*
(*Ningxia Hui Autonomous Region Center for Disease Control and Prevention*, *Yinchuan* 750004, *China*)

ABSTRACT: Objective To understand the distribution and prevalence characteristics, virulence gene carriage, drug resistance trends and multi-drug resistance situation of *Bacillus cereus* in Ningxia Region. **Methods** This study conducted biochemical and mass spectrometry re-identification, multiple fluorescence quantitative polymerase

收稿日期: 2026-04-10
基金项目: 宁夏自然科学基金项目(2023AAC03712); 宁夏卫生健康系统科研课题项目(2023-NWKYP-035)
第一作者: 张燕飞(1986—), 女, 硕士, 副主任检验技师, 主要研究方向为食品微生物检测。E-mail: zhyf0601zh@163.com
***通信作者:** 刘翔(1982—), 男, 主任检验技师, 主要研究方向为细菌学检验。E-mail: 31467610@qq.com

chain reaction for virulence genes and microbroth dilution method for drug sensitivity tests on 312 isolates of *Bacillus cereus* obtained from monitoring points from 2010 to 2025, and analyzed the results. **Results** A total of 312 strains of *Bacillus cereus* were detected from 2010 to 2025, including 284 strains from food samples and 28 strains from food poisoning. Among them, 78 strains were isolated in the early period, 112 in the middle period, and 122 in the late period. There were regional differences among the 5 cities of Yinchuan, Shizuishan, Wuzhong, Guyuan and Zhongwei. Yinchuan had the highest rate, followed by Wuzhong City, and the lowest was Shizuishan City. The carriage rate of virulence genes in *Bacillus cereus* exceeded 97%. The dominant genotype was double positive for gene *nheB* and gene *hblC* accounted for 52.82%. The resistance rates to ampicillin (AMP), penicillin (PEN), cefoxitin (CFX) and oxacillin (OXA) all exceeded 90%. The strains were 100% sensitive to ciprofloxacin (CIP), chloramphenicol (CHL), gentamicin (GEN), vancomycin (VAN) and imipenem (IMP). The most common resistance pattern was AMP-PEN-OXA-CFX, accounting for 60.90%. **Conclusion** The number of *Bacillus cereus* detected in Ningxia has been steadily increasing. It showes diversity in terms of time, source and region. The carriage rate of virulence genes is high, and the drug resistance situationwas is severe. Continuous monitoring of food and patients should be carried out, and effective measures should be taken for control to better ensure food safety and public health.

KEY WORDS: *Bacillus cereus*; virulence genes; drug sensitivity test

0　引　言

随着社会经济的高速发展, 居民生活水平与饮食多元化程度持续提高, 食品污染风险随之加剧[1]。由食源性致病菌引发的食品安全事件屡见不鲜, 食源性疾病防控压力持续增大, 食品安全已成为全球重点关注的公共卫生问题, 给公众健康及食品行业发展带来持续挑战[2]。食源性致病菌是食品安全事件的主要诱因, 其中蜡样芽孢杆菌在我国食源性致病菌致病顺位中位居第五, 是引发群体性食源性疾病的重要病原菌[3]。该菌为革兰氏阳性需氧大杆菌, 可形成耐热芽孢, 对外界环境抵抗力强且具有运动性, 广泛分布于土壤、水源、谷物及各类加工食品中[4]; 当食品储运、加工温度控制不当, 该菌会快速繁殖并产生呕吐、腹泻等多种毒素, 人体误食后易引发食源性疾病, 混合型感染临床也较为多见[5]。对于老人、儿童及免疫力低下人群, 感染后还可能诱发心内膜炎、脑膜炎、菌血症等严重并发症, 甚至危及生命, 开展该菌的系统性监测与研究刻不容缓[6]。

目前国内针对蜡样芽孢杆菌的研究, 多聚焦于暴发菌株溯源、单一食品污染检测或短期耐药性分析, 缺乏区域内长周期、连续性的系统监测, 对菌株毒力基因分布、耐药性动态演变及污染来源变化的整合研究不足, 地域性数据支撑欠缺, 难以精准反映本地菌株流行与耐药特征[7]。同时, 本地现有研究多为单一维度分析, 未实现菌株鉴定、毒力检测、耐药分析的联合探究, 无法为本地食品安全防控、临床合理用药提供全面可靠的依据, 导致防控措施针对性不足、滞后性明显[8]。

为弥补上述研究短板, 进一步了解宁夏地区蜡样芽孢杆菌流行及耐药现状, 本研究选取 2010—2025 年宁夏各监测点送样及本实验室分离的食品和食物中毒相关菌株, 采用 VITEK 2 生化鉴定结合飞行时间质谱仪进行菌株复核鉴定, 通过多重荧光聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)法检测毒力基因携带情况, 利用微量肉汤稀释法对 15 种常用抗生素开展药物敏感性实验, 对比分析不同年份、不同来源蜡样芽孢杆菌对常用抗生素的耐药情况, 菌株毒力特征、耐药谱及耐药趋势。本研究旨在完善区域致病菌监测数据, 为构建本地化蜡样芽孢杆菌防控体系提供理论基础, 为临床精准用药、降低食源性疾病风险提供科学数据支撑, 提升区域食品安全与公共卫生防控水平。

1 材料与方法

1.1　材　料

1.1.1　菌株来源

根据各年度《国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册》的要求, 收集 2010—2025 年从宁夏银川市、石嘴山市、吴忠市、固原市、中卫市监测点送样和本实验室分离鉴定的蜡样芽孢杆菌共计 312 株, 其中, 食品分离到菌株 284 株, 食物中毒样本分离到 28 株。标准菌株蜡样芽孢杆菌 CMCC(B)63303、金黄色葡萄球菌 ATCC 29213 均保存于本实验室。

1.1.2　仪　器

VITEK 2 Compact 60 全自动微生物鉴定系统(法国生物梅里埃公司); BRUKER Smart 飞行时间质谱仪(德国布

鲁克公司); Q7 荧光定量 PCR 仪(美国应用生物系统公司); BIOFOSUN-II半自动药敏分析系统(上海复星长征医学科学有限公司)。

1.1.3 试 剂

甘露醇卵黄多粘菌素平板、血平板(广东环凯微生物科技有限公司); BCL 革兰氏芽孢杆菌鉴定卡(法国生物梅里埃公司); 革兰阳性药敏检测板(上海复星长征医学科学有限公司); 细菌全基因组提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]; 蜡样芽孢杆菌三重毒力基因荧光 PCR 检测试剂盒(深圳生科原生物科技有限公司)。

1.2 方 法

1.2.1 菌株分离及复核鉴定

根据每年《国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册》的任务要求及方法, 各监测点及本实验室分别采集样本, 并进行蜡样芽孢杆菌分离鉴定, 分离的可疑蜡样芽孢杆菌由本实验室复核鉴定[9]。复核鉴定方法如下: 划线接种甘露醇卵黄多粘菌素培养基 30 ℃培养 24 h, 挑单菌落转种血平板 30 ℃培养 24 h, 观察溶血实验结果阳性, 进行革兰氏染色阳性后, 采用 VITEK 2 Compact 60 全自动生化仪和 BRUKER Smart 飞行时间质谱仪进行生化鉴定。将生化仪和质谱鉴定结果为蜡样、苏云金、蕈状芽孢杆菌的菌株, 进一步进行根状实验和蛋白质毒素结晶实验, 根状实验和蛋白质毒素结晶实验均为阴性的菌验证为蜡样芽孢杆菌[9]。

1.2.2 毒力基因检测

用天根细菌全基因组提取试剂盒, 对蜡样芽孢杆菌进行全基因组 DNA 提取, 根据蜡样芽孢杆菌三重毒力基因荧光 PCR 检测试剂盒的说明书, 对蜡样芽孢杆菌的全基因组 DNA 进行三重荧光 PCR 扩增, 以检测蜡样芽孢杆菌是否携带呕吐毒素基因 *cesB* 基因、溶血肠毒素基因 *hblC* 基因和非常溶血肠毒素基因 *nheB* 基因[9]。

1.2.3 药物敏感性实验

本研究药敏板含有 15 种抗生素, 分别为氨苄西林(ampicillin, AMP)、青霉素(penicillin, PEN)、苯唑西林(oxacillin, OXA)、红霉素(erythromycin, ERY)、克林霉素(clindamycin, CLI)、环丙沙星(ciprofloxacin, CIP)、达托霉素(daptomycin, DAP)、复方新诺明(trimethoprim sulfamethoxazole, SXT)、万古霉素(vancomycin, VAN)、四环素(tetracycline, TET)、氯霉素(chloramphenicol, CHL)、庆大霉素(gentamicin, GEN)、头孢西丁(cefoxitin, CFX)、亚胺培南(imipenem, IMP)和红霉素/克林霉素(erythromycin/clindamycin, E/C)。

根据上海复兴生物技术有限公司定制的革兰氏阳性药敏板说明书, 进行微量肉汤稀释法实验, 将稀释好的蜡样芽孢杆菌菌悬液, 加入到革兰氏药敏板的各孔中, 做阳性质控菌株金黄色葡萄球菌 ATCC 29213 和空白肉汤培养基对照, 36 ℃培养 20 h 后, 采用 BIOFOSUN-II半自动药敏分析系统读取阴性孔数, 根据药敏板说明书查询抗生素的最小抑菌浓度(minimum inhibitory concentration, MIC)结果, 耐药(R)、中介(I)、敏感(S)结果的判定参照美国临床实验室标准委员会, 抗菌药物敏感性实验执行标准第 35 版(Clinical and Laboratory Standards Institute M100-S35, CLSI M100-S35)标准及相关文献[10–12]执行。并根据耐药结果计算耐药率、统计耐药谱, 并进行不同年份和不同菌株来源耐药率比较分析。

1.3 数据处理

使用 Execl 2023 对原始数据进行统计和制图, SPSS 22.0 软件进行统计学分析, 采用 χ^2 检验比较计数资料的差异, 检验水准 α=0.05, 以 P<0.05 为差异有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 宁夏蜡样芽孢杆菌不同时间段检出情况分布

本研究共采集样本 3191 份, 检出可疑蜡样芽孢杆菌 336 株, 复核鉴定后确认 312 株为蜡样芽孢杆菌, 正确率为 92.86%, 蜡样芽孢杆菌检出率为 9.78%。本研究按监测周期划分为 3 个时间段, 2010—2015 年为监测初期, 共检出菌株 78 株, 占比 25.00%, 2016—2020 年进入监测中期, 菌株检出量增至 112 株, 占比 35.90%, 2021—2025 年为监测后期, 菌株检出量达到峰值, 共 122 株, 占比 39.10%。从监测初期到后期, 菌株检出数量随时间段逐渐增加。

2.2 宁夏蜡样芽孢杆菌菌株来源类别分布

本研究共检出蜡样芽孢杆菌 312 株, 其中食品样本来源 284 株, 食物中毒来源 28 株。2010—2015 年为监测初期, 共检出菌株 78 株, 菌株来源较为集中, 主要来源于学生餐(28.21%)、米面制品(25.64%)、乳与乳制品(17.95%)及流动摊档售卖食品(15.38%), 4 类食品菌株占比超 80%; 豆制品、肉与肉制品、调味品等品类无菌株分布。2016—2020 年进入监测中期, 菌株检出量增至 112 株, 占比 35.90%, 较上一阶段明显提升, 监测覆盖品类进一步拓宽, 米面制品(37.50%)成为该阶段最主要的菌株来源, 乳与乳制品(19.64%)及学生餐(19.64%)仍保持较高占比, 同时流动摊档售卖食品菌株占比大幅下降, 调味品、婴幼儿米面制品及肉与肉制品中蜡样芽孢杆菌检出占比有所提高, 菌株来源趋于多样化。2021—2025 年为监测后期, 菌株检出量达到峰值, 共 122 株, 占比 39.10%, 地方特色食品菌株占比大幅攀升(24.59%), 成为该阶段首要菌株来源; 调味品菌株检出量同步显著增加至 14.75%, 学生餐大幅度回落至 14.75%, 传统监测品类中乳与乳制品菌株占比大幅回落(1.64%)。后期监测囊括了地方特色食品、调味品等新兴

风险品类, 整体监测范围扩大、监测体系更趋完善。食物中毒样本在历年均有检出, 且占比逐年增高; 具体见图 1。经卡方检验, χ^2=108.88, P<0.05, 不同监测时间段菌株来源分布差异具备统计学意义。

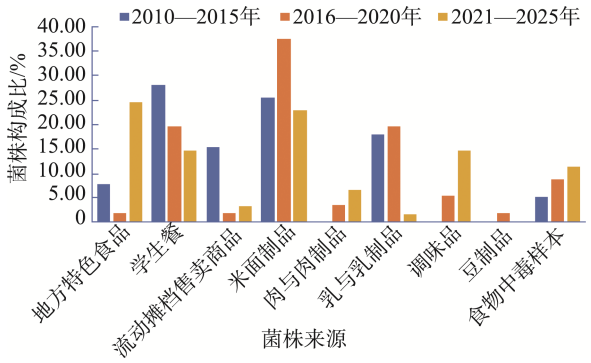


图 1　2010—2025 年宁夏地区蜡样芽孢杆菌不同样本类别分布

Fig.1　Distribution of *Bacillus cereus* isolates from different sample categories in Ningxia from 2010 to 2025

2.3　宁夏蜡样芽孢杆菌地区分布

2010—2025 年, 宁夏蜡样芽孢杆菌在 5 市的检出分布呈现阶段性变化, 存在一定的地域差异, 且具有统计学意义(χ^2=54.67, P<0.05)。从全时段合计检出占比来看, 银川市最高(28.85%), 吴忠市次之(25.00%), 石嘴山市最低(12.18%)。总体来看, 银川市和吴忠市是主要检出区域, 合计贡献超过 50%。从各时段具体变化分析: 银川市早期占比为 12.82%, 中期上升至 37.50%, 后期略降至 31.15%, 呈现先升后稳的态势。吴忠市分布较为均衡, 三期占比依次为 25.64%、21.43%和 27.87%, 波动幅度较小。固原市呈现先升后降的剧烈波动, 中期达到峰值 26.79%, 后期骤降至 8.20%。中卫市则呈“V”型波动, 中期降至谷底 5.36%, 后期强劲反弹至 22.95%。石嘴山市占比持续偏低, 3 期分别为 20.51%、8.93%和 9.84%, 合计占比最低。具体见表 1。

表 1　2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌地区分布情况[株(%)]

Table 1　Regional distribution of *Bacillus cereus* in Ningxia from 2010 to 2025 [strains (%)]

地区分布	2010—2015年(早期)	2016—2020年(中期)	2021—2025年(后期)	合计
银川市	10 (12.82)	42 (37.50)	38 (31.15)	90 (28.85)
石嘴山市	16 (20.51)	10 (8.93)	12 (9.84)	38 (12.18)
吴忠市	20 (25.64)	24 (21.43)	34 (27.87)	78 (25.00)
固原市	18 (23.08)	30 (26.79)	10 (8.20)	58 (18.59)
中卫市	14 (17.95)	6 (5.36)	28 (22.95)	48 (15.38)
合计	78 (100.00)	112 (100.00)	122 (100.00)	312 (100.00)

2.4　毒力基因携带情况

毒力基因检测结果显示, 312 株蜡样芽孢杆菌中仅有 8 株菌株未检出毒力基因, 无毒力基因菌株占比仅为 2.56%, 剩余 304 株菌株均携带至少 1 种目标毒力基因, 毒力基因携带率高达 97.44%, 毒力基因型分布存在明显差异, 其中 *nheB* 与 *hblC* 基因双阳性为最主要的基因型, 共计检出 161 株(51.60%); 其次为 *nheB* 基因单阳性菌株 123 株(39.42%); 其余 3 种基因型菌株占比均处于较低水平, 分别为 *hblC* 单基因阳性、*cesB* 单基因阳性和 *nheB* 与 *cesB* 双基因阳性基因型; 无其他复合毒力基因型菌株检出。

从菌株来源层面进行分析, 食品源菌株毒力基因分布与总菌株趋势一致, 以 *nheB* 和 *hblC* 双基因阳性为主要基因型, 占比达 52.82%; *nheB* 单基因阳性次之, 占比为 39.79%; 其余基因型占比均处于较低水平。食物中毒来源菌株毒力基因分布与食品源菌株存在一定差异, 同样以 *nheB* 基因和 *hblC* 基因双阳性为主, 占比 39.29%, *nheB* 基因单阳性占比 35.71%, 同时该类菌株中 *cesB* 基因单阳性占比为 7.14%, 这一占比数值明显高于食品源菌株的 1.40%, 具体见表 2。

表 2　2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌毒力基因分布情况[株(%)]

Table 2　Distribution of virulence genes of *Bacillus cereus* in Ningxia from 2010 to 2025 [strains (%)]

毒力基因模式	食品样本来源	食物中毒样本来源	合计
nheB 基因	113 (39.79)	10 (35.71)	123 (39.42)
hblC 基因	8 (2.82)	1 (3.57)	9 (2.88)
cesB 基因	4 (1.41)	2 (7.14)	6 (1.92)
nheB 基因、*hblC* 基因	150 (52.82)	11 (39.29)	161 (51.60)
nheB 基因、*cesB* 基因	4 (1.41)	1 (3.57)	5 (1.60)
无毒力基因	5 (1.76)	3 (10.71)	8 (2.56)
合计	284 (100.00)	28 (100.00)	312 (100.00)

2.5　药物敏感性实验结果

2.5.1　不同年份耐药蜡样芽孢杆菌分布情况

药物敏感性实验结果显示, 312 株蜡样芽孢杆菌中存在耐药的菌株共计 310 株。其中, 2010 年耐药菌株构成比仅占 1.28%, 2012 年开始逐步缓慢上升, 2018 年首次达到阶段性高峰 10.90%; 2019—2022 年构成比逐步回落, 2022 年降至 3.21%; 2022 年后耐药构成比出现快速反弹, 2024 年升至历史最高值 10.58%, 2025 年小幅回落至 9.94%, 但仍处于高位水平; 具体见图 2。经卡方检验, χ^2=49.13, P<0.05, 不同年份菌株蜡样芽孢杆菌的耐药分布差异具有统计学意义。

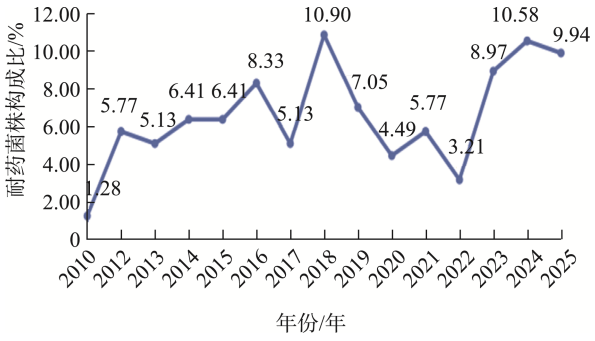


图 2 不同菌株来源蜡样芽孢杆菌耐药情况

Fig.2 Antibiotic resistance of *Bacillus cereus* from different strains sources

2.5.2 不同菌株来源蜡样芽孢杆菌耐药情况

本研究采用微量肉汤稀释法对 312 株菌株开展 15 类抗生素的药物敏感性检测, 结果表明, 受试蜡样芽孢杆菌菌株耐药性分布呈现出明显的两极分化特点, 高耐药与低敏感、低耐药与全敏感两类特征区分清晰。其中, 蜡样芽孢杆菌对 AMP、PEN、CFX 和 OXA 4 种抗生素的耐药处于高耐药水平, 总耐药率均超过 90%, CFX 耐药率最高为 98.72%。食物中毒样本来源的蜡样芽孢杆菌对 AMP、PEN、CFX 3 种抗生素均表现为完全耐药, 耐药率为 100%; 蜡样芽孢杆菌对 ERY、SXT 和 TET 3 种抗生素处于较低水平耐药, 总耐药率均低于 10%; 所有蜡样芽孢杆菌对 CIP、CHL、GEN、VAN 和 IMP 共 5 种抗生素全部敏感, 具体见表 3。

2.6 耐药谱总体分布

通过对宁夏 312 株蜡样芽孢杆菌的耐药谱进行分析, 其中全敏感菌株 2 株(0.64%), 耐药菌株 310 株(99.36%)。共呈现 9 种不同的耐药谱表型, 覆盖单重耐药到 6 重耐药。4 重及以上耐药菌株共 292 株(93.59%), 显示绝大多数菌株呈现多重耐药性(multidrug-resistant, MDR)特征; 只对 CFX 有耐受性对其他 6 种抗生素无耐受性的菌株占比为 1.28%; 2 重耐药(PEN-CFX) 2 株(0.64%); 3 重耐药菌株合计 12 株(3.85%), 有两种耐药谱, 分别为 AMP-PEN-CFX 和 AMP-PEN-OXA 。4 重耐药谱(AMP-PEN-OXA-CFX)占比最高, 共 190 株(60.90%), 成为优势耐药谱。5 重耐药谱合计 96 株(30.77%), 其中 AMP-PEN-SXT-OXA-CFX 最多(34 株, 10.90%), AMP-PEN-OXA-CFX-DAP 和 AMP-TET-ERY-OXA-CFX 次之, 占比分别为 7.05%和 6.41%。6 重耐药菌株 6 株(1.92%), 耐药谱为 AMP-PEN-ERY-SXT-OXA-CFX, 提示高度交叉耐药蜡样芽孢杆菌的存在, 具体见表 4。

表 3 2010—2025 年宁夏不同菌株来源蜡样芽孢杆菌耐药情况

Table 3 Antimicrobial resistance status of *Bacillus cereus* from different strain sources in Ningxia from 2010 to 2025

抗生素	食品样本来源				食物中毒样本来源				合计			
	耐药数/株	中介数/株	敏感数/株	耐药率/%	耐药数/株	中介数/株	敏感数/株	耐药率/%	耐药数/株	中介数/株	敏感数/株	耐药率/%
AMP	276	0	8	97.18	28	0	0	100.00	304	0	8	97.44
PEN	278	0	6	97.89	28	0	0	100.00	306	0	6	98.08
OXA	268	0	16	94.37	26	0	2	92.86	294	0	18	94.23
ERY	26	38	220	9.15	0	4	24	0.00	26	42	244	8.33
CLI	0	14	270	0.00	0	0	28	0.00	0	14	298	0.00
CIP	0	0	284	0.00	0	0	28	0.00	0	0	312	0.00
DAP	16	172	96	5.63	4	12	12	14.29	20	184	108	6.41
SXT	38	0	246	13.38	2	0	26	7.14	40	0	272	0.00
VAN	0	0	284	0.00	0	0	28	0.00	0	0	312	0.00
TET	18	26	240	6.34	2	2	24	7.14	20	28	264	6.41
CHL	0	0	284	0.00	0	0	28	0.00	0	0	312	0.00
GEN	0	0	284	0.00	0	0	28	0.00	0	0	312	0.00
CFX	280	0	4	98.59	28	0	0	100.00	308	0	4	98.72
IMP	0	2	282	0.00	0	0	28	0.00	0	2	0	0.00
E/C	0	284	0	0	0	28	0	0	0	312	0	0

表 4　宁夏蜡样芽孢杆菌耐药谱

Table 4　Resistance spectrum of *Bacillus cereus* in Ningxia

耐药重数	耐药谱	菌株数/株	耐药率/%
1	CFX	4	1.28
2	PEN-CFX	2	0.64
3	AMP-PEN-CFX	10	3.21
3	AMP-PEN-OXA	2	0.64
4	AMP-PEN-OXA-CFX	190	60.90
5	AMP-PEN-TET-OXA-CFX	20	6.41
5	AMP-PEN-SXT-OXA-CFX	34	10.90
5	AMP-PEN-ERY-OXA-CFX	20	6.41
5	AMP-PEN-OXA-CFX-DAP	22	7.05
6	AMP-PEN-ERY-SXT-OXA-CFX	6	1.92
合计		310	99.36

注: CFX 表示只对 CFX 耐药, 对其他药物均不耐药。

3　讨论与结论

本研究结果显示, 2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌检出率为 9.78%。全国各地蜡样芽孢杆菌的检出率存在着一定的地域差异[13–16], 宁夏蜡样芽孢杆菌检出率低于江苏镇江市 (20.57%)[17] 和云南省的蜡样芽孢杆菌的检出率 31.48%[18], 与无锡市的蜡样芽孢杆菌检出率(10.21%)[19]不相上下, 低于北京市通州区 15.11%的检出率[20], 可能原因是不同城市间的经济水平、气候环境、饮食习惯以及监管的侧重点等方面的不同[21]。

2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌检出数量随监测时间段的推移逐渐增多, 且不同时间段菌株来源结构发生显著转变, 且趋于多样化。这一结果并非直接说明食品及食物中毒蜡样芽孢杆菌污染风险持续上升, 更多体现出食品监测工作不断趋于完善, 覆盖范围扩大和监测力度持续加大[22]。食物中毒来源的菌株占比逐年提高, 食物中毒样本在历年均有检出, 且占比逐年增高, 说明随着食源性疾病溯源监测体系的不断完善, 该菌引起食物中毒事件的数量呈逐年上升趋势, 应该引起足够的重视[23]。

2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌的存在一定地域差异, 且在各时间段内呈现阶段性变化, 可能原因是宁夏各市在环境、气候、人口, 经济发展等方面存在差异, 直接影响菌株在外界环境中存活时长与增值潜力[24]。银川市检出率最高, 吴忠市次之, 石嘴山市检出率最低; 银川市和吴忠市是主要检出区域, 合计贡献超过 50%。银川市蜡样芽孢杆菌检出数量一直处于高位, 推测可能原因是银川市是宁夏的首府城市, 也是宁夏的政治、经济、文化中心, 人口数量最多、各种食品种类最丰富, 存在食品污染的可能性最大[25], 或银川市的检验能力略强于其他 4 个市。吴忠市早期污染最重, 中期下降后又反弹, 提示中期可能推行过临时性整治, 但后期监管放松或污染增加。固原市中期达到峰值后急剧下降, 说明该市干预措施极为有利。中卫市后期检出率飙升, 需高度警惕, 应持续扩大监测范围和力度, 找到真实的检出率升高的原因, 精准进行防控。石嘴山市一直维持低检出, 可能是石嘴山市是一个工业城市, 很多人搬迁至银川, 人口基数小, 食品种类丰富程度略低。因此, 应根据各地区的菌株分布特点, 采取适合本地区的监管方法对相关食品进行监管[26]。

毒力基因检测结果显示, 312 株蜡样芽孢杆菌的毒力基因携带率高达 97.44%, 处于较高水平, 与近年来国内其他大部分省份毒力基因携带情况一致[27]。总体毒力基因型分布存在明显差异, 其中 *nheB* 与 *hblC* 基因双阳性为最主要的基因型, 其次为 *nheB* 基因单阳性, 其余基因型菌株占比均处于较低水平。也进一步说明 *nhe* 溶血基因、*hbl* 肠毒素基因是蜡样芽孢杆菌中分布较为广泛的毒力因子, 是菌株形成致病潜能的重要基因基础。按菌株来源分类比较发现, 食品源菌株毒力基因分布与总菌株趋势一致, 食物中毒来源菌株毒力基因分布存在一定差异, 以 *nheB* 和 *hblC* 基因双阳性和 *nheB* 基因单阳性为主, *cesB* 基因单阳性占比高于食品源菌株。据文献报道, *cesB* 基因负责编码蜡样芽孢杆菌呕吐毒素, 该基因阳性菌株更易引发急性食物中毒症状[28], 由 *cesB* 基因阳性菌株是引发蜡样芽孢杆菌食物中毒的高危菌株需重点关注, 以减少中毒的潜在风险。

通过对药物敏感性实验结果分析发现, 312 株蜡样芽孢杆菌的耐药率高达 99.36%, 耐药形势非常严峻。2010—2025 年宁夏蜡样芽孢杆菌各年度耐药率存在差异, 且随时间呈明显上升趋势, 表明该类菌株的耐药性问题逐年加重, 已构成潜在的食品安全与公共卫生重大威胁[29]。按菌株来源不同耐药情况比较发现, 蜡样芽孢杆菌的耐药性分布存在显著的两极分化特征, 高耐药与低敏感、低耐药与全敏感菌株分界清晰。其中, 菌株对 AMP、PEN、CFX、OXA 4 种抗生素均呈高耐药状态, 总耐药率均超 90%, 食物中毒样本来源的菌株对 AMP、PEN、CFX 3 种抗生素耐药率更是达到 100.00%, 凸显出致病菌株耐药性更为严峻的特点; 菌株对 ERY、SXT、TET 3 种抗生素耐药水平较低, 总耐药率均低于 10%, 同时对 CIP、CHL、GEN、VAN、IMP 5 种抗生素全部敏感, 无耐药菌株检出。上述结果表明, 蜡样芽孢杆菌对 *β*-内酰胺类抗生素存在明显的固有耐药性[30], 且食物中毒源致病株耐药程度远高于普通菌株, 多重耐药形势也非常严峻, 多重耐药(耐药种类≥4 种)比例高达 93.59%, 显著高于国内部分同期报道的 65%~80%[31–32], AMP-PEN-OXA-CFX 耐药谱占比最高。可能原因与抗生素的不合理使用有关, 多重耐药菌株的广泛存在不仅会增加临床治疗难度, 也可能通过食品链在环境与人群间持续传播, 进一步加剧耐药风险扩散。

综上所述, 宁夏蜡样芽孢杆菌检出数量稳步上升, 不同年份、不同菌株来源、不同地区等方面呈现多样性, 毒力基因携带率高, 整体耐药率呈逐年上升趋势, 且多重耐

药问题亦已十分严峻，亟需加强耐药性持续监测，提供更准确的数据支撑；严格管控临床上抗生素的使用，强力监管抗生素的售卖渠道，以遏制耐药性进一步恶化，更好地保障食品安全和公众健康[33]。

参考文献

[1] 费洋, 李月婷, 张乃千, 等. 蜡样芽孢杆菌在食品中的污染现状[J]. 中国工程卫生学杂志, 2025, 24(2): 280–284.
FEI Y, LI YT, ZHANG NQ, *et al.* Contamination status of *Bacillus cereus* in food [J]. Chinese Journal of Engineering Hygiene, 2025, 24(2): 280–284.

[2] 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]. 卫生研究杂志, 2025, 54(4): 626–630.
LU Z, CUI X, WANG D, *et al.* Contamination level and distribution of virulence genes of foodborne *Bacillus cereus* in Beijing, 2021—2023 [J]. Journal of Hygiene Research, 2025, 54(4): 626–630.

[3] 代宏超. 市售液态奶中蜡样芽孢杆菌流行特征、致腐能力及在营养胁迫下存活特性研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2025.
DAI HC. Epidemiological characteristics, spoilage potential, and survival characteristics under nutritional stress of *Bacillus cereus* in commercially available liquid milk [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2025.

[4] 孔政, 韩淑琪, 丁一, 等. 2022 年山东省济宁市食品中蜡样芽孢杆菌分布及其分子特征分析[J]. 预防医学论坛, 2023, 29(7): 502–506.
KONG Z, HAN SQ, DING Y, *et al.* Distribution and molecular characteristics of *Bacillus cereus* in foods in Jining City, Shandong Province, 2022 [J]. Preventive Medicine Tribune, 2023, 29(7): 502–506.

[5] 王君. 全国食品中蜡样芽孢杆菌的污染分布规律及遗传多样性研究[D]. 广州: 广东工业大学, 2013.
WANG J. Study on contamination distribution and genetic diversity of *Bacillus cereus* in food products nationwide [D]. Guangzhou: Guangdong University of Technology, 2013.

[6] 李玲, 刘耀, 魏元苗, 等. 食品中蜡样芽孢杆菌耐药性及其机制研究进展[J]. 微生物学通报, 2021, 48(12): 4943–4953.
LI L, LIU Y, WEI YM, *et al.* Research progress on antimicrobial resistance and mechanisms of *Bacillus cereus* in food [J]. Microbiology China, 2021, 48(12): 4943–4953.

[7] 陈丽雯. 食品与生产环境中的蜡样芽胞杆菌污染状况及其分子进化特征的研究[D]. 广州: 南方医科大学, 2024.
CHEN LW. Study on the contamination status and molecular evolutionary characteristics of *Bacillus cereus* in food and production environment [D]. Guangzhou: Southern Medical University, 2024.

[8] IBRAHIM AS, HAFIZ NM, SAAD MF. Prevalence of *Bacillus cereus* in dairy powders focusing on its toxigenic genes and antimicrobial resistance [J]. Archives of Microbiology 2022, 204(6): 339.

[9] 国家食品安全风险评估中心. 国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册[Z]. 2025.
China National Center for Food Safety Risk Assessment. National food contaminants and harmful factors risk monitoring manual [Z]. 2025.

[10] 庄子慧, 何丽, 郭云昌, 等. 我国食源性蜡样芽孢杆菌毒力基因和药物敏感性研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2013, 25(3): 198–201.
ZHUANG ZH, HE L, GUO YC, *et al*. Virulent gene profiles and antibiotic susceptibility of foodborne *Bacillus cereus* in China [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2013, 25(3): 198–201

[11] 陈丽雯, 黄宝莹, 严家俊, 等. 婴幼儿配方乳粉及婴幼儿米粉中的蜡样芽胞杆菌流行情况、耐药性及分子特征研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(5): 77–84.
CHEN LW, HUANG BY, YAN JJ, *et al.* Study on the occurrence, antimicrobial resistance profiles and genomic feature of *Bacillus cereus* in infant formula milk powder and rice cereal [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(5): 77–84.

[12] 孙婷婷, 魏彤竹, 王晓丹, 等. 辽宁省 2021—2022 年餐饮食品蜡样芽孢杆菌毒力基因和耐药特征检测[J]. 中国热带医学, 2024, 24(2): 223–227.
SUN TT, WEI TZ, WANG XD, *et al.* Detection of virulence genes and drug resistance characteristics of *Bacillus cereus* in catering foods in Liaoning Province from 2021 to 2022 [J]. China Tropical Medicine, 2024, 24(2): 223–227.

[13] 乔霖楠, 刘阳泰, 王晔茹, 等. 中国食品中蜡样芽胞杆菌污染及毒力基因分布荟萃分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2024, 36(2): 211–217.
QIAO LN, LIU YT, WANG YR, *et al.* A meta-analysis of *Bacillus cereus* contamination and virulence gene distribution in Chinese foods [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(2): 211–217.

[14] 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.

[15] 汤晓召, 杨祖顺, 范璐, 等. 2012—2016 年云南省婴幼儿食品和即食食品中蜡样芽胞杆菌污染状况调查评估[J]. 食品安全质量检测学报, 2017, 8(10): 3785–3789.
TANG XZ, YANG ZS, FAN L, *et al*. Investigation and assessment of *Bacillus cereus* contamination in infants and youngchildren foods and ready-to-use foods in Yunnan from 2012 to 2016 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2017, 8(10): 3785–3789.

[16] 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[J]. 预防医学论坛, 2023, 29(5): 379–384.
YANG XY, TONG ZQ, LI H, *et al.* Contamination status and virulence genes of *Bacillus cereus* in catering foods in Luoyang City, Henan Province [J]. Preventive Medicine Tribune, 2023, 29(5): 379–384.

[17] 许金凤, 陈曦, 张潇丹, 等. 2021—2022 年镇江市监测食品中食源性致病菌污染状况[J]. 江苏卫生保健, 2024, 26(2): 134–137.
XU JF, CHEN X, ZHANG XD, *et al.* Monitoring the contamination status of foodborne pathogenic bacteria in food in Zhenjiang City, Jiangsu Province, 2021—2022 [J]. Jiangsu Journal of Health Care, 2024, 26(2): 134–137.

[18] 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 test results of wet rice and flour products in Yunnan Province in 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(5): 329–334.

[19] 叶丽丹, 胡凤清, 饶晓红. 2016—2022 年南平市肉与肉制品中食源性致病菌监测分析[J]. 疾病预防控制通报, 2024, 39(3): 79–82.
YE LD, HU FQ, RAO XH. Monitoring and analysis of foodborne pathogens in meat and meat products in Nanping City from 2016 to 2022 [J]. Bull Disease Control Prevention, 2024, 39(3): 79–82.

[20] 江南, 赵凤玲, 高静, 等. 2020—2024 年北京市通州区市售食品中食源性致病菌监测结果分析[J]. 职业与健康, 2026, 42(4): 476–479, 485.
JIANG N, ZHAO FL, GAO J, *et al.* Analysis of monitoring results of foodborne pathogenic bacteria in commercially available foods in Tongzhou District of Beijing, 2020–2024 [J]. Occupation and Health, 2026, 42(4): 476–479, 485.

[21] JENNIFER SC, CORREA MM, ACEVES-DIEZ AE, *et al.* Enterotoxin gene distribution and genotypes of *Bacillus cereussensu* lato isolated from cassava starch [J]. Toxins, 2023, 13(2): 131.

[22] 李红秋, 贾华云, 赵帅, 等. 2021 年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(4): 816–821.
LI HQ, JIA HY, ZHAO S, *et al.* Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese Mainland in 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 816–821.

[23] WANG P, ZHAO X, QU T, *et al.* Insight into *Bacillus cereus* associated with infant foods in Beijing [J]. Foods, 2022, 11(5): 719.

[24] GAO TT, DING Y, WU QP, *et al*. Prevalence, virulence genes, antimicrobial susceptibility, and genetic diversity of *Bacillus cereus* isolated from pasteurized milk in China [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 533.

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

[26] 周少君, 陈秋霞, 宋曼丹, 等. 广东省婴幼儿配方食品中蜡样芽胞杆菌的 5 年污染情况分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2017, 27(14): 2091–2094.
ZHOU SJ, CHEN QX, SONG MD, *et al.* A five-year survey of *Bacillus cereus* contamination in infant and young children formula food in Guangdong Province [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2017, 27(14): 2091–2094.

[27] 谭云鹤. 我国食源性疾病监测现状和展望[J]. 右江医学, 2024, 52(2): 183–186.
TAN YH. Current status and outlook of foodborne disease surveillance in China [J]. Chinese Youjiang Medical Journal, 2024, 52(2): 183–186.

[28] BIANCO A, CAPOZZI L, MONNO MR, *et al.* Characterization of *Bacillus cereus* group isolates from human bacteremia by whole-genome sequencing [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 11: 599524.

[29] 王艳燕, 冯桃, 庞燕, 等. 海口市市售海南粉中蜡样芽孢杆菌污染及毒力基因携带率调查[J]. 中国热带医学, 2020, 20(7): 653–656.
WANG YY, FENG T, PANG Y, *et al.* Investigation on contamination and virulence gene carriage rate of *Bacillus cereus* in Hainan noodles sold in Haikou City [J]. China Tropical Medicine, 2020, 20(7): 653–656.

[30] 周婷, 张杰, 刘心雨, 等. 进口婴幼儿配方奶粉及其原辅料中蜡样芽孢杆菌流行及生物学特性研究[J]. 西北农业学报, 2023, 32(11): 1–11.
ZHOU T, ZHANG J, LIU XY, *et al.* Prevalence and biological characteristics of *Bacillus cereus* in imported infant formula and its raw and auxiliary materials [J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2023, 32(11): 1–11.

[31] 徐杰, 陈棕踪, 骆水娟, 等. 富阳区市售食品食源性致病菌监测结果[J]. 预防医学, 2023, 35(7): 624–627.
XU J, CHEN ZZ, LUO SJ, *et al.* Monitoring results of foodborne pathogenic bacteria in foods sold in Fuyang District [J]. Preventive Medicine, 2023, 35(7): 624–627.

[32] 高庆辉, 董晓枫, 张瑞, 等. 2021—2022 年沧州市市售肉与肉制品食源性致病菌监测[J]. 中国国境卫生检疫杂志, 2024, 47(1): 45–47.
GAO QH, DONG XF, ZHANG R, *et al.* Surveillance of foodborne pathogens in meat and meat products in Cangzhou City, 2021 to 2022 [J]. Chinese Frontier Health Quarantine, 2024, 47(1): 45–47.

[33] 李莹, 裴晓燕, 杨大进, 等. 中国八省婴幼儿食品中蜡样芽胞杆菌污染状况研究[J]. 卫生研究, 2014, 43(3): 435–438.
LI Y, FEI XY, YANG DJ, *et al.* Occurrence of *Bacillus cereus* in infants and young children foods in 8 provinces in China [J]. Journal of Hygiene Research, 2014, 43(3): 435–438.

(责任编辑: 安香玉　韩晓红)