DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260413002
引用格式: 巩芳芳, 周彬. 嘉峪关市食源性单核细胞增生李斯特菌的基因组特征与系统发育分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(14): 312–318.
Gong Fangfang, Zhou Bin. Genome characteristics and phylogenetic analysis of foodborne *Listeria monocytogenes* in Jiayuguan City [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(14): 312–318. (in Chinese with English abstract).

嘉峪关市食源性单核细胞增生李斯特菌的基因组特征与系统发育分析

巩芳芳, 周　彬*

(嘉峪关市疾病预防控制中心, 嘉峪关　735100)

摘　要: 目的　评估甘肃省嘉峪关市食源性单核细胞增生李斯特菌的分子流行特征与潜在风险。**方法**　本研究从基因组层面解析本地菌株的种群结构、毒力因子谱及其遗传进化关系。对分离自嘉峪关市食品的 4 株单核细胞增生李斯特菌进行全基因组测序。采用生物信息学方法进行分子分型与血清型预测, 系统筛查毒力与耐药基因, 并通过平均核苷酸一致性(average nucleotide identity, ANI)分析及核心基因组系统发育树构建, 分析菌株间的遗传相似性与进化定位。**结果**　4 株菌分属 ST8、ST121、ST91 和 ST9 4 个序列型。所有菌株均携带完整的核心毒力基因簇与侵袭素基因 *inlA*。ST121 型菌株表现出 *actA* 基因缺失及 LIPI-1 毒力岛不完整的特征。平均核苷酸一致性与系统发育分析显示, ST9 型菌株与特定参考株构成紧密克隆群; ST8 型菌株与一株临床来源菌株高度同源[ANI 为 99.78%], 且在系统发育树上紧密聚类。**结论**　本研究证实, 嘉峪关市食源性单核细胞增生李斯特菌存在遗传多样性, 并携带完整的核心毒力基因簇。其中, ST8 型克隆与临床菌株高度同源, 提示存在明确的食品-人类跨界面传播风险。研究结果为该地区构建基于基因组学的食品安全风险前瞻性预警体系提供了关键数据支撑。

关键词: 单核细胞增生李斯特菌; 全基因组测序; 毒力基因; 嘉峪关市
中图分类号: R155.5　　**文献识别码:** A　　**文章编号:** 2095–0381(2026)14–0312–07

Genome characteristics and phylogenetic analysis of foodborne *Listeria monocytogenes* in Jiayuguan City

GONG Fang-Fang, ZHOU Bin*

(*Jiayuguan Center for Disease Control and Prevention*, *Jiayuguan* 735100, *China*)

ABSTRACT: Objective　To evaluate the molecular epidemiological characteristics and potential risks of foodborne *Listeria monocytogenes* in Jiayuguan City, Gansu Province. **Methods**　This study analyzed the population structure, virulence factor profiles, and genetic evolutionary relationships of local strains at the genomic level. Whole-genome

收稿日期: 2026-04-13
第一作者: 巩芳芳(1990—), 女, 主管技师, 主要研究方向为食品致病菌。E-mail: 568851204@qq.com
***通信作者:** 周彬(1994—), 女, 硕士, 主管技师, 主要研究方向为食品致病菌。E-mail: 993043341@qq.com

sequencing was performed on 4 strains of *Listeria monocytogenes* isolated from food in Jiayuguan City. Bioinformatics methods were used for molecular typing and serotype prediction, systematic screening of virulence and resistance genes, and through average nucleotide identity (ANI) analysis and the construction of core genomic phylogenetic trees, the genetic similarity and evolutionary localization among strains were analyzed. **Results** The 4 strains belonged to 4 sequence types: ST8, ST121, ST91 and ST9. All strains carried complete core virulence gene clusters and the invasion gene *inlA*. The ST121 strain exhibited deletion of the *actA* gene and an incomplete LIPI-1 virulence island. Average nucleotide identity and phylogenetic analysis showed that the ST9 strain formed a tight clonal group with specific reference strains; the ST8 strain was highly homologous to a clinical strain (ANI: 99.78%) and clustered closely on the phylogenetic tree. **Conclusion** This study confirmes the genetic diversity of foodborne *Listeria monocytogenes* in Jiayuguan City and their possession of complete core virulence gene clusters. Among them, the ST8 clone showes high homology with clinical strains, indicating a clear risk of food-to-human transmission. The findings provide critical data support for establishing a genomics-based prospective early warning system for food safety risks in the region.

KEY WORDS: *Listeria monocytogenes*; whole-genome sequencing; virulence genes; Jiayuguan City

0　引　言

单核细胞增生李斯特菌(*Listeria monocytogenes*)是重要的食源性致病菌, 可引起人类及动物都易感的严重人兽共患病李斯特菌病, 从而对公共卫生安全构成持久的威胁[1–2]。更重要的是, 其致病潜力与特定的分子型别(如序列型和血清型)及毒力基因谱密切相关[3–4]。因此, 对特定区域流行菌株基因组特征开展系统分析, 是科学评价其潜在风险、研究本地流行规律的基础。

由于目前以全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)为基础的核心基因组系统发育分析方法可以比较菌株间垂直遗传的保守基因, 因此能很自然、可靠地构建高分辨率的进化框架, 据此精确定义克隆群, 也更有利于建立系统发育关系与毒力、耐药等多种表型特征之间的明确联系[5–6]。因此, 该方法是研究食源性病原体局部流行生物学特征的强有力工具[7]。相比之下, 传统分型方法在分辨率及精细传播链方面的分析能力方面均有明显不足[8–10]。然而, 现有研究多侧重于特定暴发事件的回溯性分析或全球性谱系调查, 针对中国特定地理区域, 尤其是食品供应链复杂且消费人群密集的西北枢纽城市的系统性、前瞻性基因组监测, 相关数据积累仍较为有限。甘肃省嘉峪关市作为西北地区重要的工业旅游城市和交通枢纽, 其食品供应链复杂。目前, 该地区食品产业链中单核细胞增生李斯特菌的污染本底、流行菌株的分子特征及其与临床菌株的遗传关联, 尚缺乏系统、深入的基因组学研究。

本研究旨在对从嘉峪关市食品样本中分离得到的单核细胞增生李斯特菌进行全基因组测序, 并运用多位点序列分型、毒力及耐药基因筛查、平均核苷酸一致性分析、核心基因组系统发育分析等多种生物信息学方法, 从不同角度系统、严谨地解析当地菌株的种群结构、毒力潜力、遗传关系及其在全球进化背景中的定位, 由此直接、充分地研究该菌在当地的分子流行特征, 进而为基于基因组学的区域性食品安全风险监测及防控提供可靠参考。

1　材料与方法

1.1　仪器与试剂

BD Phoenix M50 全自动微生物鉴定仪、BD Phoenix M50 浊度仪(美国 BD 公司); ME1002 电子天平(精度 0.01 g, 梅特勒-托利多国际股份有限公司); BPX-272 电热恒温培养箱(上海博迅公司)。

LB1 培养基、LB2 培养基、单核细胞增生李斯特菌显色培养基、PALCAM 培养基(北京陆桥生物科技有限公司)。

1.2　菌株来源

本研究所用的 4 株单核细胞增生李斯特菌分离自 2024—2025 年嘉峪关市食品安全风险监测中的食品样本(表 1)。按照《2024—2025 年国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册 单核细胞增生李斯特氏菌检验》对样品进行处理, 增菌后采用李斯特菌显色平板进行初步鉴定, BD Phoenix M50 全自动微生物鉴定仪进行确认鉴定[11]。

1.3　基因组测序、组装与质量评估

上海派森诺公司利用第二代测序技术(next-generation sequencing, NGS)和第三代单分子测序技术对文库进行测序, 使用 Unicycler v0.5.0、Flye v2.9.5、Hifiasm v0.24.0、Necat v0.0.1_update20220607 等软件对三代数据进行组装, 使用 pilon v1.22 软件, 根据二代的高质量数据对组装结果进行校正[12]。

为了构建高分辨率的系统发育分析框架, 因此从美国国家生物技术信息中心参考序列数据库(National Center for Biotechnology Information Reference Sequence database, NCBI RefSeq)检索并获取了 9 株有代表性的、覆盖主要谱系及序列型的单核细胞增生李斯特菌完整基

表 1 菌株来源
Table 1 Source of the strain

菌株编号	样本编号	食品品类	分离日期	采样地点
DZ-GSJYG2024076	GSJYG2024076	金针菇	2024-07-15	嘉峪关市某镇集市路边摊
DZ-GSJYG2025007	GSJYG2025007	羊肉卷	2025-11-10	嘉峪关市某超市
DZ-GSJYG2025072	GSJYG2025072	白金针菇	2025-05-19	嘉峪关市某市场某蔬菜店
DZ-GSJYG2025371	GSJYG2025371	羊肉卷	2025-11-10	嘉峪关市某市场某羊肉店

组作为参考，所选参考基因组均符合完整性(完整基因组级别)及代表性两项基本标准，各参考基因组的组装登录号见表 2。

表 2 参考基因组信息
Table 2 Information of reference genome

菌株	血清型	NCBI Assembly 登录号
4bF2365	4b	GCF_000008285.1
Clip80459	4b	GCF_000026705.1
EGD-e	1/2a	GCF_000196035.1
10-5026	1/2c	GCF_002213765.1
10-5027	3c	GCF_002213785.1
81-0558	4b	GCF_002213985.1
10-0814	1/2a	GCF_002214045.1
10-0810	1/2b	GCF_002214085.1
ATCC-33090	6a	GCF_028596125.1

1.4 分子分型、毒力、耐药基因分析

基于全基因组序列，使用MLST分型工具进行分子分型[13]。使用 SeroTypeFinder 工具预测菌株的血清型[14]。使用细菌毒力因子数据库(virulence factors database, VFDB)比对注释结果，筛选核心毒力基因(包括 *prfA*, *hly*, *plcA*, *plcB*, *mpl*, *actA*, *inlA*, *inlB*)及毒力岛 LIPI-1 与 LIPI-3 的携带情况[15]。使用综合抗生素耐药性数据库(comprehensive antibiotic resistance database, CARD)筛选获得性抗生素耐药基因[16]。

1.5 遗传相似性分析

使用 FastANI v1.34 计算所有菌株两两之间的平均核苷酸一致性，以评估基因组水平的整体相似性[17]。使用 Mauve v2.4.0 对遗传关系高度相近的菌株进行全基因组共线性比对与可视化[18]。

1.6 核心基因组系统发育分析

为构建高可靠度的系统发育树，首先使用 prokka (v1.14.6)提取所有 13 株菌(4 株分离株+9 株参考株)中存在于大于等于 95%菌株中的核心基因，并生成核心基因组多序列比对文件[19]。随后，使用 iqtree (v3.0.1)以最大似然法构建系统发育树[20]。最佳替代模型由 ModelFinder 自动选择，分支支持率通过 1000 次自举法进行评估。最终的系统发育树使用 iTOL (v6.0)进行可视化与注释。

1.7 数据处理

所有原始数据的记录与整理在 Microsoft Excel 2019 中完成。图表绘制主要使用 Mauve (v2.4.0)(遗传相似性)和 iTOL (v6.0)(系统发育树注释与修饰)。

2 结果与分析

2.1 基因组组装质量与分子分型

鉴于高质量的全基因组组装是后续各项分析工作的基础，表 3 数据显示，所分析的 4 株分离株均达到了高质量的完成图级别组装标准，基因组完整度达 99.45%。更重要的是，其基因组大小(2890789~2973011 bp)、GC 含量(约 38.0%)及预测编码基因数(2835~2998)均位于该物种典型的范围内[21–22]，因此测序及组装数据的可靠性得到了充分验证。

基于上述数据，本研究进行了分子分型分析，从而揭示了本地菌株丰富的遗传多样性: 4 株菌分属 ST8、ST121、ST91 和 ST9 4 个不同的序列型，相应的血清型为 1/2a, 3a (ST8、ST121、ST91)及 1/2c, 3c (ST9)。其结果与目前全球李斯特菌以 1/2 和 4 血清型为主的流行趋势高度一致[23–24]，但值得注意的是，本研究在嘉峪关市不同食品(金针菇、羊肉卷)中同时检测到多种 ST 型，据此推测当地食品环境可能存在多克隆、多来源的污染，交叉污染及持续性污染的风险值得进一步关注[25–26]。

表 3 4 株分离株基因组基本特征与分子分型
Table 3 Basic characteristics and molecular typing of the genomes of 4 strains of isolates

菌株编号	基因组大小/bp	GC 含量/%	Contig 数	完整度/%	编码基因数	ST 型	血清型	食品来源
DZ-GSJYG2024076	2949955	37.96	1	99.45	2934	8	1/2a, 3a	金针菇
DZ-GSJYG2025007	2949641	38.01	1	99.45	2892	121	1/2a, 3a	羊肉卷
DZ-GSJYG2025072	2973011	38.02	1	99.45	2998	91	1/2a, 3a	白金针菇
DZ-GSJYG2025371	2890789	38.02	1	99.45	2835	9	1/2c, 3c	羊肉卷

2.2　毒力与耐药基因谱分析

鉴于菌株的致病潜力主要取决于其毒力基因组成, 表 4 显示, 4 株分离株均携带完整的毒力调控基因 *prfA* 和李斯特菌溶血素 O 基因 *hly*, 因此均具备潜在的致病能力[27]。然而, 不同 ST 型菌株在重要毒力决定簇上存在显著差异[28]。

表 4　4 株分离株毒力与耐药基因携带情况
Table 4　Virulence and antibiotic resistance gene carriage status of 4 strains of isolates

毒力/耐药类别	基因/基因岛	DZ-GSJYG20 24076 (ST8)	DZ-GSJYG20 25007 (ST121)	DZ-GSJYG20 25072 (ST91)	DZ-GSJYG202 5371 (ST9)
核心毒力基因簇	*prfA*	+	+	+	+
	hly	+	+	+	+
	plcA	+	+	+	+
	plcB	+	+	+	+
	mpl	+	+	+	+
	actA	+	−	+	+
入侵蛋白	*inlA*	+	+	+	+
	inlB	+	+	+	+
毒力岛	LIPI-1	完整	不完整	完整	完整
	LIPI-3	−	−	−	−
耐药基因	*fosX*	+	+	+	+
	ClpL	−	+	−	−

注: +表示经基因组序列比对, 该基因或基因岛存在且完整; −表示未检测到。

ST121 型菌株(JYG-007)表现出独特的毒力基因谱特征: *actA* 基因编码的肌动蛋白聚集蛋白完全缺失, 而整个 LIPI-1 毒力岛都处于不完整状态。由于 *actA* 基因对细菌在宿主细胞间的扩散起决定性作用, 故其缺失或突变已有研究证实会极大削弱菌株在多种模型中的致病力[29]。因此, 推测该 ST121 克隆在当地进化过程中可能朝着弱致病性方向演化, 或者采用了不同于其他菌株的生态位适应策略[30]。与此形成鲜明对比的是, ST8、ST91 和 ST9 型菌株都携带完整的 LIPI-1 及 *actA* 基因, 故更有可能在细胞间进行主动且高效的传播并造成疾病[31]。

在耐药基因谱系中, 4 株菌都携有固有的磷霉素耐药基因 *fosX*, 这是该菌种的典型特征[32], 而常见获得性耐药基因的缺失, 则深刻揭示了采样生境的特异性: 这一结果间接表明, 该环境可能未受到显著的抗生素污染, 当地较低的抗生素选择压力限制了细菌通过水平基因转移积累外源耐药基因以维持生存, 从而塑造了当前的菌群演化格局[33]。尤为引人瞩目的是, 与热激应激响应机制紧密耦合的 *ClpL* 基因仅特分布于 ST121 型菌株之中。据此可构建如下合理推论: 尽管 ST121 型菌株的毒力基因图谱存在缺失, 其之所以仍能在食品生态位中被捕获, 是因为 *ClpL* 基因编码的蛋白赋予了该菌株卓越的应激防御机制, 使其能够有效抵御低温、高渗透压等食品加工与储存环节中的严苛环境胁迫[34]。需要指出的是, 该推论主要基于基因型分析及文献报道的功能关联, 尚缺乏表型验证实验的直接证据, 这是本研究的主要局限之一, 也是未来研究可深入的方向之一。

2.3　基于平均核苷酸一致性的遗传相似性分析

为进一步从全基因组水平评估本地分离株与已知菌株的关联, 计算了平均核苷酸一致性。如图 1 所示, ANI 热图清晰地揭示了两种截然不同的遗传关系模式。

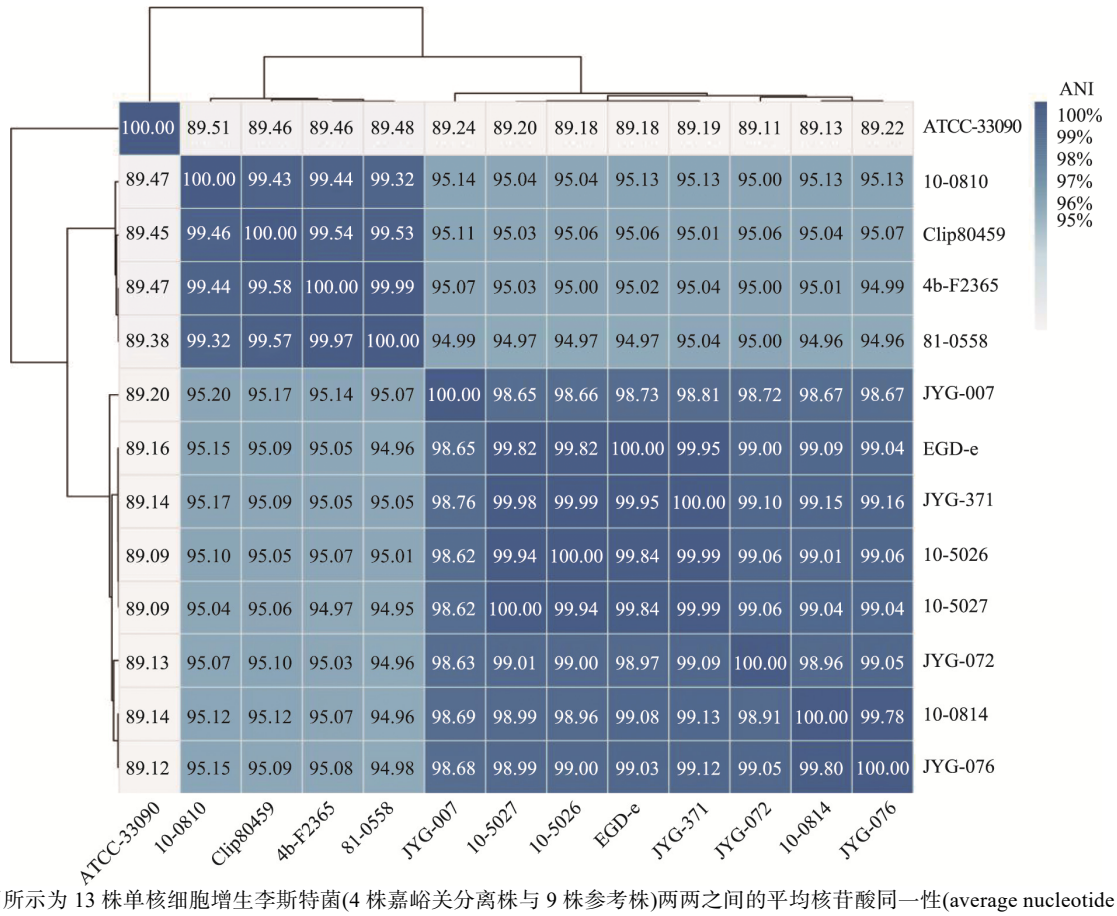
首先, JYG-076 (ST8)与临床参考株 10-0814 的 ANI 为 99.78%, 表明二者在基因组水平上高度同源, 实质上属于同一克隆。JYG-371 (ST9)与两株参考株(10-5026, 10-5027)的 ANI 均大于 99.98%, 表明其构成一个遗传上彼此难以区分的紧密克隆群。两组超高 ANI (>99.9%)具有重要的生物学意义: 嘉峪关市所分离的 ST8 和 ST9 型菌株并非独立进化形成的本地独特克隆, 更有可能是来自某特定参考菌株(临床株)的共同近期祖先, 或者发生了直接的克隆传播事件。与此形成鲜明对比的是, JYG-007 (ST121)及 JYG-072 (ST91)与各参考株的 ANI 在 95%~99%范围内, 属于种内正常变异范围, 无特殊克隆关联性。

2.4　核心基因组系统发育分析

为在进化背景下确认上述关系并评估风险, 构建了核心基因组系统发育树(图 2)。该分析从进化拓扑结构上完美印证并深化了 ANI 分析的结果。

系统发育树清楚地显示, JYG-371 (ST9)与参考株 10-5026、10-5027 以 100%的支持率形成一个独立分支,这一结果从系统发育学角度证实了二者属于同一克隆复合体。由此可见该 ST9 型克隆可能有较广的地理分布或更强的环境适应能力。更重要的是, JYG-076 (ST8)与临床分离株 10-0814 紧密聚类(图 2), 且两者的 ANI 为 99.78%, 从而为“从食品到临床”的潜在传播路径提供了强有力的基因组学证据。值得指出的是, ST8 已被大量文献确认为重要的流行克隆, 常与食源性疾病暴发相关[35]。此外, 嘉峪关市食品中所分离的 ST8 型菌株在遗传上与致病性临床株高度一致, 其公共卫生风险不容轻视。

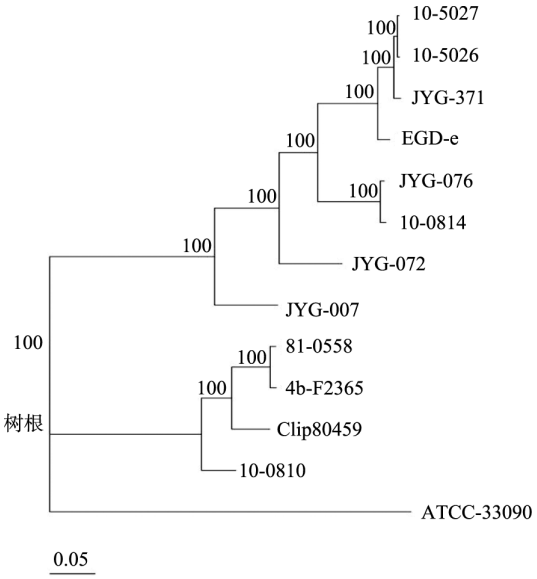
综上所述, 嘉峪关市食品中所分离的单核细胞增生李斯特菌有十分清楚、有层次的遗传多样性: 即 ST8 和 ST9 型与外源性菌株高度同源, 不同克隆的毒力潜能各不相同(ST121 型毒力基因不完整, ST8/ST9 型均完整), 更重要的是食品分离株(ST8)与临床菌株的基因组高度同源。综上所述: 当地食品链中存在着高致病潜力的克隆, 且有跨界面传播的明确风险, 为后续控制策略提供了依据。



注: 热图所示为 13 株单核细胞增生李斯特菌(4 株嘉峪关分离株与 9 株参考株)两两之间的平均核苷酸同一性(average nucleotide identity, ANI)。色阶从深蓝色(高相似性, ANI>99.9%)渐变为白色(低相似性, ANI<95%)。

图 1 基于全基因组 ANI 的菌株间遗传相似性热图

Fig.1 Heatmap of genetic similarity between strains based on whole-genome ANI



注: 采用最大似然法构建, 分支上的数字表示经 1000 次重复计算得到的自举支持率(仅显示都大于等于 70%); 嘉峪关分离株采用加粗字体标示。

图 2 基于核心基因组序列的单核细胞增生李斯特菌系统发育树

Fig.2 Phylogenetic tree of *Listeria monocytogenes* based on core genome sequences

3 讨论与结论

3.1 优势克隆型与跨传播证据

本研究采用全基因组测序技术明确了嘉峪关市食品中单核细胞增生李斯特菌的种群遗传结构, ST8、ST121 及 ST9 为优势序列型, 所有菌株均携带完整的 *inlA* 基因, 提示普遍存在感染风险[36]。关键发现是 ST8 型食品分离株(JYG-076)与临床株(10-0814)的平均核苷酸一致性达 99.78%, 系统发育高度同源, 为“食品–临床”跨传播假说提供了直接基因组学证据, 也支持 ST8 克隆在当地环境中的定殖假说[37]。

3.2 毒力潜能的适应性异质性

ST121 型菌株(JYG-007)表现出 *actA* 缺失及 LIPI-1 毒力岛不完整, 这种毒力基因简化的现象可能是其在食品加工生态位中适应性进化的结果, 通过减少不必要的代谢负荷获得生存优势[38]。这提示风险评估需关注不同克隆型在环境选择压力下毒力潜能的动态演变, 而非仅依赖静态毒力基因清单[39]。

3.3　方法学价值与克隆扩散特征

与既往基于血清型或 MLST 的方法相比, 本研究结合核心基因组系统发育和 ANI 分析, 更精准地识别了 ST9 等克隆群, 并揭示了食品株与临床株的遗传关联[40]。ST8、ST9 型与公共数据库参考菌株高度同源, 表明其可能具有较强的跨区域扩散能力, 与文献[41]中描述的地域性独特克隆群形成对比, 体现了全基因组测序技术在分子流行病学中的不可替代价值。

3.4　局限性及展望

本研究样本量有限(仅 4 株), 后续需扩大监测以验证结论。在“同一健康”理念下, 未来应推进全链条基因组监测、构建融合多种基因特征的风险评估模型, 并建立跨机构数据共享平台以实现主动预警。此外, 本研究结论主要基于生物信息学预测, 尚需体外细胞实验及动物模型验证, 以完善毒力表型与致病机制的结论可信度。

参考文献

[1] Truong H N, Garmyn D, Gal L, et al. Plants as a realized niche for *Listeria monocytogenes* [J]. MicrobiologyOpen, 2021, 10(6): e1255.

[2] Tsai Y H, Moura A, Gu Z Q, et al. Genomic surveillance of *Listeria monocytogenes* in Taiwan, 2014 to 2019 [J]. Microbiology spectrum, 2022, 10(6): e01825.

[3] Tate H, Hsu C H, Chen J C, et al. Genomic diversity, antimicrobial resistance, and virulence gene profiles of *Salmonella serovar* Kentucky isolated from humans, food, and animal ceca content sources in the United States [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2022, 19(8): 509–521.

[4] Vilela F P, Rodrigues D P, Allard M W, et al. First characterization of the resistome, virulome and genomic diversity of *Salmonella enterica* serovar inganda: a rare, clinically-related and drug susceptible serovar [J]. Current genetics, 2025, 71(1): 13.

[5] Tamayo-Ordóñez Y J, Rosas-García N M, Bello-López J M, et al. A possible recently identified evolutionary strategy using membrane-bound vesicle transfer of genetic material to induce bacterial resistance, virulence and pathogenicity in *Klebsiella oxytoca* [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2026, 27(2): 988.

[6] Jiang Shuo, Gao Peng, Shen Ping, et al. Global emergence and evolution of *Staphylococcus aureus* clonal complex 59 [J]. Msystems, 2026, 11(2): e01492.

[7] Liu Danlei, Zhang Zilei, Wang Zhiyi, *et a*l. Transposase-assisted RNA/DNA hybrid co-tagmentation for target meta-virome of foodborne viruses [J]. Viruses, 2024, 16(7): 1068.

[8] Osadare I E, Abdilahi A, Müller E, et al. High-resolution molecular typing of vancomycin-resistant *enterococcus faecium* from romania and bavaria: combining enhanced DNA microarray and next generation sequencing [J]. BioTechniques, 2026, 78(1–12): 1–15.

[9] Toorop M M A, Kraakman M E M, Hoogendijk I V, et al. A core-genome multilocus sequence typing scheme for the detection of genetically related *Streptococcus pyogenes* clusters [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2023, 61(11): e00558–23.

[10] Unitt A, Krisna M A, Parfitt K M, et al. *Neisseria gonorrhoeae* lin codes provide a robust, multi-resolution lineage nomenclature [J]. eLife, 2025, 14: RP107758.

[11] 李茜茜, 乌伊罕, 曲琳. 2017—2020 年内蒙古自治区肉及肉制品中食源性致病菌污染分析[J]. 生物加工过程, 2024, 22(1): 113–118.
Li Qianqian, Wu Yihan, Qu Lin. Analysis of contamination of foodborne pathogenic bacteria in meat and meat products in inner mongolia autonomous region from 2017 to 2020 [J]. Chinese Journal of Bioprocess Engineering, 2024, 22(1): 113–118.

[12] Purushothaman S, Roloff T, Egli A, et al. Benchmarking illumina and oxford nanopore technologies (ONT) sequencing platforms for whole genome sequencing of bacterial genomes and use in clinical microbiology [J]. BMC Med Genomics, 2026, 19(1): 34.

[13] Khuntayaporn P, Kanathum P, Houngsaitong J, et al. Predominance of international clone 2 multidrug-resistant Acinetobacter baumannii clinical isolates in Thailand: a nationwide study [J]. Annals of clinical microbiology and antimicrobials, 2021, 20(1): 19.

[14] Zhang X, Payne M, Nguyen T, et al. Cluster-specific gene markers enhance *Shigella* and enteroinvasive *Escherichia coli* in silico serotyping [J]. Microbial Genomics, 2021, 7(12): 000704.

[15] Liu Bo, Zheng Dandan, Zhou Siyu, et al. VFDB 2022: a general classification scheme for bacterial virulence factors [J]. Nucleic Acids Research, 2022, 50(D1): D912–D917.

[16] Tigabu A, Leung P H M. Broad-spectrum antibiotic treatment reshapes the gut microbiome, resistome, and colonization potential of opportunistic pathogens: a metagenomics study [J]. Gut pathogens, 2026, 18: 18. https://doi.org/10.1186/s13099-026-00795-8.

[17] Jain C, Rodriguez-r L M, Phillippy A M, et al. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries [J]. Nature Communications, 2018, 9(1): 5114.

[18] Hennig A, Nieselt K. Efficient merging of genome profile alignments [J]. Bioinformatics, 2019, 35(14): i71–i80.

[19] Zhou Zheng, Xiang Wenqing, Fang Chao, et al. Genomic and pan-genomic characterization of *Elizabethkingia meningoseptica* reveals resistance gene profiles, phylogenetic clusters, and functional landscape [J]. Current Microbiology, 2025, 82(12): 546.

[20] Liu Chao, Zhou Xiaofan, Li Yuanning, et al. The influence of the number of tree searches on maximum likelihood inference in phylogenomics [J]. Systematic Biology, 2024, 73(5): 807–822.

[21] Oshkin I Y, Suleimanov R Z, Khmelenina V N, et al. Complete genome sequence of *Methylococcus capsulatus* MIR, a methanotroph capable of growth on methanol [J]. Microbiology Resource Announcements, 2022, 11(9): e00542.

[22] 王小龙, 汤全英, 邹文燕, 等. 苏州市食源性单核细胞增生李斯特菌的全基因组测序分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2023, 14(8): 255–261.
Wang Xiaolong, Tang Quanying, Zou Wenyan, et al. Whole-genome sequencing analysis of food-borne *Listeria monocytogenes* in Suzhou [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2023, 14(8): 255–261.

[23] Song Y, Peters T L, Bryan D W, et al. Characterization of a novel group of *listeria* phages that target serotype 4b *Listeria monocytogene* [J]. Viruses, 2021, 13(4): 671.

[24] Erol Z, Taşçı F. Investigation of the seasonal prevalence, phenotypic, and genotypic characteristics of *listeria monocytogenes* in slaughterhouses in Burdur [J]. Journal of Applied Microbiology, 2024, 135(3): 56.

[25] Silva E C, da Cunha Dias S, Costa P C, et al. Profile of *salmonella* isolates in bullfrog production: PFGE, MLST, and antimicrobial resistance [J]. Journal of Food Protection, 2025, 88(8): 100550.

[26] Pericàs J M, Cervera C, Garcia-de-la-mària C, et al. Relationship between vancomycin MIC and virulence gene expression in clonal complexes of methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* strains isolated from left-sided endocarditise [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2020, 64(3): e01579–19.

[27] Avila-Novoa M G, Navarrete-Sahagún V, González-Gómez J P, et al. Conditions of *in vitro* biofilm formation by serogroups of *Listeria monocytogenes* isolated from hass avocados sold at markets in mexico [J]. Foods, 2021, 10(9): 2097.

[28] Yan Wei, Xu Deshun, Shen Yuehua, et al. Molecular epidemiology of string test-positive *Klebsiella pneumoniae* isolates in Huzhou, China, 2020—2023 [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2024, 14: 1411658.

[29] Costa A C, Pinheiro J, Reis S A, et al. *Listeria monocytogenes* interferes with host cell mitosis through its virulence factors *inlC* and *actA* [J]. Toxins (Basel), 2020, 12(6): 411.

[30] Magagna G, Gori M, Russini V, et al. Evaluation of the virulence potential of *Listeria monocytogenes* through the characterization of the truncated forms of internalin A [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2023, 24(12): 10141.

[31] Wang Yiqian, Meng Fanzeng, Deng Xia, et al. Genomic epidemiology of hypervirulent *Listeria monocytogenes* CC619: population structure, phylodynamics and virulence [J]. Microbiological Research, 2024, 280: 127591.

[32] Myintzaw P, Pennone V, Mcauliffe O, et al. Association of virulence, biofilm, and antimicrobial resistance genes with specific clonal complex types of *Listeria monocytogenes* [J]. Microorganisms, 2023, 11(6): 1603.

[33] Thibodeau A J, Barret M, Mouchet F, et al. The potential contribution of aquatic wildlife to antibiotic resistance dissemination in freshwater ecosystems: a review [J]. Environmental Pollution, 2024, 350(1): 123894.

[34] Liu Xin, Chen Wenjie, Fang Zhixin, et al. Persistence of *Listeria monocytogenes* ST5 in ready-to-eat food processing environment [J]. Foods, 2022, 11(17): 2561.

[35] Zhao Jianyun, Li Lanqi, Li Menghan, et al. Whole-genome sequencing of *Listeria monocytogenes* isolated from retail enoki mushrooms in China highlights public health risk [J]. International Journal of Food Microbiology, 2026, 444: 111449.

[36] Gray J A, Chandry P S, Kaur M, et al. Characterisation of *Listeria monocytogenes* food-associated isolates to assess environmental fitness and virulence potential [J]. Journal of Food Microbiology, 2021, 350: 109247.

[37] El-senousy W M, Abu Senna A S M, Mohsen N A, et al. Clinical and environmental surveillance of rotavirus common genotypes showed high prevalence of common P genotypes in egypt [J]. Food and Environmental Virology, 2020, 12(2): 99–117.

[38] Zhang Ze, Li Yuhui, Hu Minqiang, et al. Genome reanalysis to decipher resistome, virulome, and attenuated characters of attenuated *Streptococcus agalactiae strain* HZAUSC001 [J]. Microbial Pathogenesis. 2020, 147: 104416.

[39] Wang Wei, Li Hui, Li Menghan, et al. Molecular evolution and genomic insights into community-acquired methicillin-resistant *staphylococcus aureus* sequence type 88 [J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(4): e00342–22.

[40] Wu C F, Chen S H, Chou C C, et al. Serotype and multilocus sequence typing of streptococcus suis from diseased pigs in Taiwan [J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 8263.

[41] Yu F, Cienfuegos-gallet A V, Cunningham M H, et al. Molecular evolution and adaptation of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (LA-MRSA) sequence type 9 [J]. mSystems, 2021, 6(3): e0049221.

(责任编辑：曹岱琳 蔡世佳)