DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260425001
引用格式: 王利, 陈轶群, 罗颖, 等. 2021—2024 年安徽省马鞍山市市售肉与肉制品中产气荚膜梭菌污染特征及病原学特征分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(14): 274–284.
Wang Li, Chen Yiqun, Luo Ying, et al. Contamination status and pathogenic characteristics of *Clostridium perfringens* in commercial meat and meat products in Ma'anshan City, Anhui Province from 2021 to 2024 [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(14): 274–284. (in Chinese with English abstract).

2021—2024 年安徽省马鞍山市市售肉与肉制品中产气荚膜梭菌污染特征及病原学特征分析

王 利[1#], 陈轶群[2#], 罗 颖[1], 孙元婷[1], 石志峰[1], 鲁 芬[1], 江良梁[1*]
(1. 安徽医科大学附属马鞍山市疾病预防控制中心, 马鞍山 243000; 2. 安徽医科大学公共卫生学院, 合肥 230032)

摘 要: 目的 了解马鞍山市市售肉与肉制品中产气荚膜梭菌的污染现状、毒力基因携带模式、耐药表型特征及基因组进化规律。**方法** 2021—2024 年, 在马鞍山市 3 区 3 县及网购渠道采集 300 份肉与肉制品, 通过分离培养和聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)技术鉴定产气荚膜梭菌; 采用多重荧光 PCR 检测 7 种毒力基因, 琼脂稀释法测定 12 种抗生素的药敏谱, 全基因组测序(whole-genome sequencing, WGS)结合生物信息学分析进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)、耐药基因预测及核心基因组系统发育树构建。**结果** 300 份样品中产气荚膜梭菌总阳性检出率为 18.67% (56/300), 不同年份、样品类别、采样区域及场所的检出率差异具有统计学意义(P<0.05), 其中生禽肉(45.16%)和农贸市场样品(30.82%)污染最为严重。7 种毒力基因(*cpa*、*cpb*、*iap*、*etx*、*cpe*、*netB*、*cbp2*)检测显示, *cpa* 基因阳性率 100.00%, *cpe* 和 *cbp2* 阳性率分别为 7.14%和 48.21%, 菌株以 A 型为主(92.86%), 同时检出 E 型(1.79%)和 F 型(5.36%)。药敏试验表明, 菌株对四环素(64.29%)和克林霉素(32.14%)耐药率较高, 26.79%的菌株存在多重耐药现象; 头孢哌酮、美罗培南和氯霉素敏感性达 100.00%。全基因组分析显示, 56 株菌包含 50 种序列型别, 其中 26 种为新发现型别; 共鉴定出 9 种耐药基因, *mprF*、*tetA*(*P*)和 *tetB*(*P*)携带率居前 3 位(85.71%、73.21%、69.64%); 核心基因组系统发育树揭示不同年份、区域的菌株存在同源性, 提示跨区域传播风险。**结论** 马鞍山市市售肉与肉制品产气荚膜梭菌污染较严重, 毒力基因携带率高, 多重耐药与遗传多样性突出, 存在跨区域传播与食物中毒风险, 需加强生禽肉与农贸市场环节监管。

关键词: 产气荚膜梭菌; 肉与肉制品; 污染特征; 毒力基因; 耐药基因组学; 多位点序列分型; 核心基因组系统发育
中图分类号: R155.5 **文献识别码:** A **文章编号:** 2095–0381(2026)14–0274–11

收稿日期: 2026-04-25
基金项目: 安徽医科大学公共卫生学院高峰学科协同育人创新项目(2024GWXTYRY011); 马鞍山市科技局项目(YL-2023-40)
#王利和陈轶群为共同第一作者
第一作者: 王利(1982—), 女, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为食源性致病菌。E-mail: 410823517@qq.com
陈轶群(1990—), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为污染物环境行为与环境健康。E-mail: yiqunchen@ahmu.edu.cn
***通信作者:** 江良梁(1982—), 男, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为食源性致病菌。E-mail: mascdcwswjy@163.com

Contamination characteristics and pathogenic characteristics of *Clostridium perfringens* in commercial meat and meat products in Ma'anshan City, Anhui Province from 2021 to 2024

WANG Li[1#], CHEN Yi-Qun[2#], LUO Ying[1], SUN Yuan-Ting[1], SHI Zhi-Feng[1], LU Fen[1], JIANG Liang-Liang[1*]

(1. *Anhui Medical University Affiliated Ma'anshan Prefectural Center for Disease Control and Prevention*, *Ma'anshan* 243000, *China*; 2. *School of Public Health*, *Anhui Medical University*, *Hefei* 230032, *China*)

ABSTRACT: Objective To investigate the contamination status, toxin genes carriage patterns, antimicrobial resistance phenotypes and genomic evolution patterns of *Clostridium perfringens* in commercial meat and meat products in Ma'anshan City. **Methods** A total of 300 meat and meat product samples were collected from 3 districts, 3 counties and online shopping channels in Ma'anshan City from 2021 to 2024. *Clostridium perfringens* was identified by isolation culture and polymerase chain reaction (PCR). The 7 kinds of toxin genes were detected by multiplex fluorescence PCR. The antimicrobial susceptibility profiles of 12 kinds of antibiotics were determined by agar dilution method. Whole-genome sequencing (WGS) combined with bioinformatics analysis was used to perform multilocus sequence typing (MLST), antimicrobial resistance gene prediction and core-genome phylogenetic tree construction. **Results** The total positive detection rate of *Clostridium perfringens* in 300 samples was 18.67% (56/300). There were statistically significant differences in the detection rates among different years, sample types, sampling regions and sites (all $P<0.05$), among which raw poultry meat (45.16%) and farmers' market samples (30.82%) were the most heavily contaminated. The detection of 7 kinds of toxin genes (*cpa*, *cpb*, *iap*, *etx*, *cpe*, *netB*, *cbp2*) showed that the positive rate of *cpa* gene was 100.00%, and the positive rates of *cpe* and *cbp2* were 7.14% and 48.21%, respectively. The strains were dominated by type A (92.86%), and type E (1.79%) and type F (5.36%) were also detected. Antimicrobial susceptibility testing showed that the strains had high resistance rates to tetracycline (64.29%) and clindamycin (32.14%) and 26.79% of the strains exhibited multidrug resistance; the susceptible rates to cefoperazone, meropenem and chloramphenicol were 100.00%. Whole-genome analysis revealed that the 56 strains contained 50 kinds of MLST, including 26 kinds of newly discovered types. A total of 9 kinds of antimicrobial resistance genes were identified and the carriage rates of *mprF*, *tetA*(*P*), and *tetB*(*P*) ranked the top 3 (85.71%, 73.21% and 69.64%, respectively). The core-genome phylogenetic tree indicated genetic homology among strains from different years and regions, suggesting a risk of cross-regional transmission. **Conclusion** The contamination of *Clostridium perfringens* in commercial meat and meat products in Ma'anshan City is relatively severe, with high toxin gene carriage rates, prominent multidrug resistance and genetic diversity. There are risks of cross-regional transmission and food poisoning, so it is necessary to strengthen the supervision of raw poultry meat and farmers' market links.

KEY WORDS: *Clostridium perfringens*; meat and meat products; contamination characteristics; toxin genes; drug resistance genomics; multilocus sequence typing; core genome phylogeny

0 引 言

产气荚膜梭菌(*Clostridium perfringens*, CP)是一种广泛分布于土壤、水体及动物肠道的革兰氏阳性厌氧芽孢杆菌, 其产生的多种外毒素(如 α、β、ε、ι 毒素及肠毒素)可引发人和动物的多种疾病, 包括气性坏疽、坏死性肠炎及食源性腹泻等, 是全球公共卫生领域重点关注的食源性致病菌之一[1–3]。美国、日本及欧盟多国已将其列为细菌性食物中毒的主要诱因, 每年因该菌导致的食源性疾病暴发事件频发[4–5]。

近年来, 随着我国居民肉类消费需求的持续增长及食品供应链的复杂化, CP 污染引发的食品安全风险日益凸显[6–10]。肉与肉制品作为该菌的主要传播载体, 其生产加工、冷链运输及市场流通等环节的污染状况直接影响终端消费安全。我国已将 CP 列为重点监测食源性致病菌, 全国层面污染数据持续更新[11]。目前, 国内关于 CP 的监测研究多集中于单一区域或特定品类, 且缺乏结合毒力基因特征、耐药表型与基因组进化的系统性分析[12–13]。马鞍山市作为长江中下游地区重要的肉类消费和流通枢纽, 其肉与肉制品的安全状况与公众健康密切相关, CP 标准化检测与溯源技术已形成行业指南[14], 但该地区 CP 的污染水平、遗传特征及传播规律仍有待阐明。

本研究通过为期 4 年的流行病学调查, 结合传统微生物检测与全基因组测序技术, 全面解析马鞍山市市售肉与肉制品中 CP 的污染特征、毒力基因谱、耐药表型及基因

组进化规律。研究结果不仅可为区域食品安全监管部门制定精准防控措施提供数据支撑，也为食源性 CP 的分子流行病学研究提供新的视角，同时为临床治疗相关感染提供合理用药参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

2021—2024 年每年 4—10 月(CP 污染高发期)，采用分层抽样法在马鞍山市 3 区 3 县(A 县、B 县、C 县、D 区、E 区、F 区)及主流网购平台采集肉与肉制品 300 份，包括生肉(禽肉 62 份、畜肉 79 份)、调理肉 75 份和熟肉 84 份。采样场所涵盖超市(89 份)、农贸市场(146 份)、零售店(49 份)和网店(16 份)。

1.2 标准菌株、试剂与仪器

标准菌株 ATCC13124(美国菌种保藏中心)；胰胨-亚硫酸盐-环丝氨酸(tryptose sulfite cycloserine, TSC)琼脂、液体硫乙醇酸盐(fluid thioglycollate, FTG)培养基(北京陆桥技术股份有限公司)；CP 显色培养基(法国科玛嘉公司)；CP 核酸检测试剂盒、CP 7 种毒力基因核酸检测试剂盒(上海欣中生物工程有限公司)；CP 药敏板(青岛中创汇科生物科技有限公司)；细菌 DNA 提取试剂盒(西安天隆科技有限公司)；高通量测序试剂套装(深圳华大智造科技股份有限公司)。

CN-LQC5003 电子天平(精度 0.01 g，昆山优科维特电子科技有限公司)；SKJ40-ACS 智能厌氧微需氧培养系统(青岛思科捷生物技术有限公司)；ABI 荧光定量聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)仪(美国赛默飞世尔科技公司)；MGISEQ-200 基因测序仪(深圳华大智造科技股份有限公司)。

1.3 方 法

1.3.1 菌株分离培养与鉴定

无菌剪取 25 g 样品于 225 mL 0.1%蛋白胨水中，使用拍打式均质器均质 2 min，制成 1:10 (*m*:*V*)匀浆液，取 1 mL 匀浆液于无菌平皿内，倒入冷却至 45 ℃左右的 TSC 琼脂，轻轻转动平皿，使样液与培养基充分混合，静置待凝固后，在表面再覆盖一层 TSC 琼脂，36 ℃厌氧培养 24 h。挑取黑色菌落转种 FTG 培养基纯化培养后，接种 CP 显色培养基，挑取橘红色单菌落，通过 PCR 技术进行鉴定。

1.3.2 毒力基因检测与分型

采用多重荧光 PCR 技术检测 *cpa*、*cpb*、*iap*、*etx*、*cpe*、*netB*、*cbp2* 7 种毒力基因(表 1)，参照 Rood 等[15]的标准，根据检测结果进行菌株分型(A~G 型)。PCR 反应体系及程序严格按照试剂盒说明书操作，每个反应均设置阳性和阴性对照。

1.3.3 药敏试验

采用琼脂稀释法测定 56 株菌株对 12 种临床常用抗生素的最低抑菌浓度(minimum inhibitory concentration, MIC)，包括青霉素类(氨苄西林、青霉素)、碳青霉烯类(亚安培南、美罗培南)、头孢烯类(头孢哌酮、头孢西丁)等(表 2)。结果判读参照美国临床和实验室标准化协会《M100 抗微生物药物敏感性试验执行标准》(第 34 版)，以敏感(S)、中介(I)、耐药(R)表示。

表 1 CP 毒力基因引物序列及其长度

Table 1 Primer sequences and their lengths of virulence genes of CP

基因名称	引物序列 5'-3'	长度/bp
cpa	GCTAATGTTACTGCCGTTGA	324
	CCTCTGATACATCGTGTAAG	
cpb	GCGAATATGCTGAATCATCTA	196
	GCAGGAACATTAGTATATCTTC	
iap	ACTACTCTCAGACAAGACAG	446
	CTTTCCTTCTATTACTATACG	
etx	CCACTTACTTGTCCTACTAAC	656
	GCGGTGATATCCATCTATTC	
cpe	GGAGATGGTGGATATTAGG	233
	RGGACCAGCAGTTGTAGATA	
netB	CTTCTAGTGATACCGCTTCAC	738
	CGTTATATTCACTTGTTGACGAAAG	
cbp2	AGATTTTAAATATGATCCTAACC	567
	CAATACCCTTTCACCAAATACTTC	

表 2 CP 药敏试验所用药物及其浓度

Table 2 Drugs used in CP drug sensitivity tests and their concentrations

药物类别	药物名称	英文(简称)	药物质量浓度/(μg/mL)
青霉素类	氨苄西林	ampicillin (AMP)	0.125~16.000
	青霉素	penicillin (PEN)	0.125~16.000
碳青霉烯类	亚安培南	imipenem (IMI)	0.500~64.000
	美罗培南	meropenem (MEM)	0.250~32.000
头孢烯类	头孢哌酮	cefoperazone (CFP)	4.000~512.000
	头孢西丁	cefoxitin (CFX)	2.000~128.000
林可酰胺类	克林霉素	clindamycin (CLI)	0.500~64.000
硝基咪唑类	甲硝唑	metronidazole (MRD)	0.500~64.000
β-内酰胺合剂类	阿莫西林/克拉维酸	amoxicillin/clavulanic acid (A/C2)	0.500/0.250~64.000/32.000
氟喹诺酮类	莫西沙星	moxifloxacin (MXF)	0.125~16.000
四环素类	四环素	tetracycline (TET)	0.250~32.000
苯丙醇类	氯霉素	chloramphenicol (CHL)	0.500~64.000

1.3.4 全基因组测序与生物信息学分析

提取菌株 DNA，采用 MGISEQ-200 平台进行全基因组测序。原始数据经 FastQC 和 Trimmomatic 质控后，用

SPAdes v3.13.0 进行基因组组装, checkM 评估组装质量(Q30≥85%)。基于 PubMLST 数据库进行多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST); 通过 RGI v5.2.0 综合抗生素耐药性数据库(comprehensive antibiotic resistance database, CARD)预测耐药基因(序列相似度≥90%, 覆盖度≥90%); 利用 ReporTree v2.5.2 软件, 通过 single-linkage 算法分析菌株单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)差异, 筛选核心基因组保守序列, 构建核心基因组系统发育树, 从而获得基于核心基因型的遗传聚类结果。

1.4 数据处理

采用 SPSS 24.0 软件进行统计学分析, 计数资料以率/%表示, 组间比较采用 χ^2 检验, P<0.05 为差异具有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 CP 污染状况

300 份样品中 56 份检出 CP, 总阳性检出率为 18.67%。不同年份检出率差异显著(χ^2=23.548, P<0.001), 2024 年最高(36.25%); 样品类别中, 生肉检出率(38.03%)显著高于调理肉(2.67%)和熟肉(0.00%) (χ^2=67.716, P<0.001), 其中生禽肉(45.16%)高于生畜肉(32.50%); 采样场所中, 农贸市场检出率(30.82%)最高(χ^2=27.730, P<0.001); 采样区域中, B 县检出率最高(29.41%) (χ^2=12.675, P=0.048)(表 3)。

2.2 毒素基因分型特征

7 种毒力基因中, *cpa* 基因阳性率 100.00%, *iap*、*cpe*、*cbp2* 阳性率分别为 1.79%、7.14%、48.21%, *cpb*、*etx*、*netB* 均为阴性(表 4)。菌株分型以 A 型为主(52 株, 92.86%), E 型 1 株(1.79%, 来源于 D 区生禽肉), F 型 3 株(5.36%, 分别来源于 A 县调理肉、B 县生畜肉、E 区生禽肉)。

2.3 药敏试验结果

56 株 CP 对临床常用 12 种抗生素的药敏特征呈现明显差异: CFP、MEM 和 CHL 的敏感性达 100.00%; TET 耐药率最高(64.29%), CLI 耐药率次之(32.14%)。耐药谱分析显示, 13 株菌株对 12 种药物均敏感(占比 23.21%), 其余 43 株存在不同程度耐药: 耐 1 种药物的菌株占比最高(50.00%), 耐 2 种及以上药物的多重耐药菌株占 26.79% (15/56), 其中 3 株菌株可耐受 5 种药物(占比 5.36%), 提示部分菌株的耐药表型已呈现复杂性(图 1)。

2.4 全基因组测序分析

2.4.1 基因组基本特征

测序组装后基因组大小为 2.93~3.65 Mb; G+C 含量 27.15%~30.57%, Q30 值 85.31%~91.72%, 均大于 85.0%, 符合后续分析要求。

2.4.2 MLST 分型

56 株菌共分为 50 种菌株序列型(sequence type, ST)型别, 其中 24 种为已知型别(27 株); 其余 29 株为未知型别, 根据等位基因编码特征可划分为 26 种不同的 ST 型别, 经与 PubMLST 数据库比对, 也未发现与之匹配的已注册 ST 型别序列号, 表明该 26 种 ST 型别为新的序列型。相关菌株信息及基因组序列提交至 PubMLST 数据库, 经审核后正式命名为 ST1205~ST1218、ST1233~ST1244 型(表 5)。ST516 (3 株)、ST520 (2 株)、ST1205 (2 株)和 ST1207 (3 株)为优势型别。

表 3 2021—2024 年马鞍山市市售肉与肉制品中 CP 检出情况

Table 3 Detection of CP in commercial meat and meat products in Ma'anshan City from 2021 to 2024

信息	项目	采集样品份数	阳性检出份数	阳性检出率/%	χ^2	P
样品类别	生肉	141	54	38.30	67.716	<0.001
	调理肉	75	2	2.67		
	熟肉	84	0	0.00		
采样场所	超市	89	6	6.74	27.730	<0.001
	农贸市场	146	45	30.82		
	零售店	49	4	8.16		
	网购	16	1	6.25		
采样区域	A 县	64	5	7.81	12.675	0.048
	B 县	51	15	29.41		
	C 县	67	13	19.40		
	D 区	53	13	24.53		
	E 区	29	4	13.79		
	F 区	20	5	25.00		
	网购	16	1	6.25		
年份	2021	48	6	12.50	23.548	<0.001
	2022	99	15	15.15		
	2023	73	6	8.22		
	2024	80	29	36.25		
合计		300	56	18.67		

表 4　56 株 CP 毒力基因携带情况

Table 4　Carrying status of 56 strains of CP virulence genes

菌株编号	菌株来源	毒力基因						
		cpa	*cpb*	*netB*	*etx*	*iap*	*cpe*	*cpb2*
MAS2021004	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2021021	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2021022	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2021023	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2021050	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2021085	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022001	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022005	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022006	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022012	调理肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022016	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022017	生禽肉	+	-	-	-	+	+	-
MAS2022020	生禽肉	+	-	-	-	-	+	+
MAS2022024	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022025	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022046	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022047	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2022063	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022064	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022091	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2022092	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2023004	生畜肉	+	-	-	-	-	+	-
MAS2023044	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2023060	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2023061	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2023067	调味肉	+	-	-	-	-	+	-
MAS2023101	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024003	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024016	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024017	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024021	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024023	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024024	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024042	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024058	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024063	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024064	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024065	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024066	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024067	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024073	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024074	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024077	生畜肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024078	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024081	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024093	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024094	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024095	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+

表 4(续)

菌株编号	菌株来源	毒力基因						
		cpa	*cpb*	*netB*	*etx*	*Ia*	*cpe*	*cpb2*
MAS2024099	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024102	生畜肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024117	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024136	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024140	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-
MAS2024141	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024142	生禽肉	+	-	-	-	-	-	+
MAS2024143	生禽肉	+	-	-	-	-	-	-

注: +表示阳性, -表示阴性。

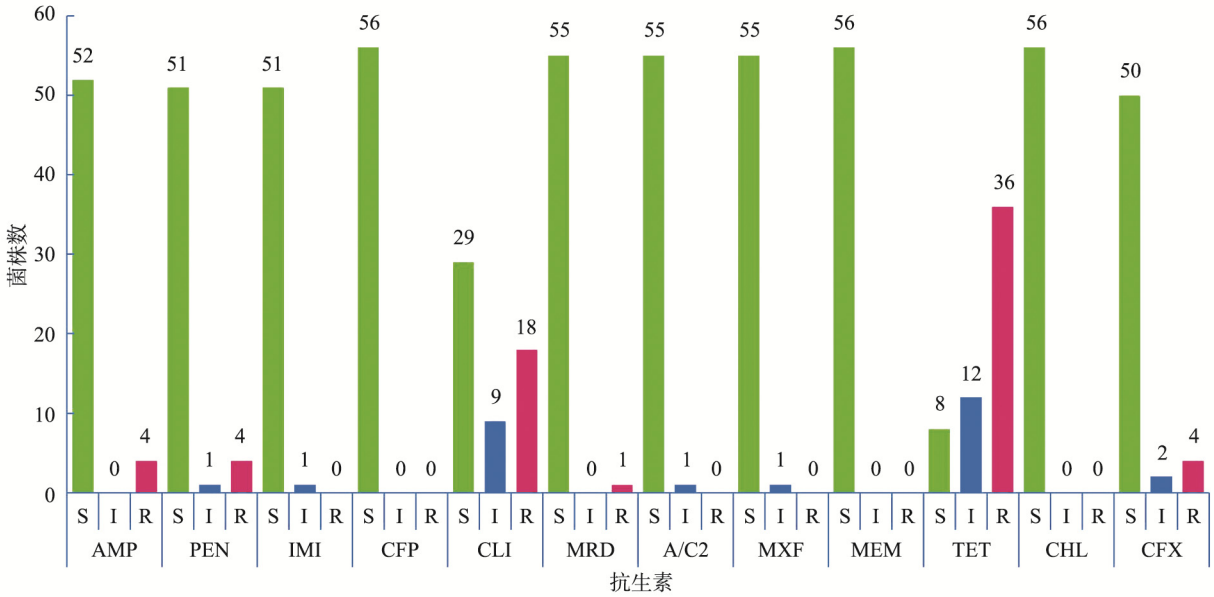


图 1 56 株 CP 药敏试验结果

Fig.1 Susceptibility test results of 56 strains of CP

表 5 56 株 CP 基因分型特征

Table 5 Genotyping characteristics of 56 strains of CP

菌株编号	菌株来源	MLST									生物型
		colA	*groEL*	*sodA*	*plc*	*gyrB*	*sigK*	*pgk*	*nadA*	ST	
MAS2021004	生畜肉	11	10	7	12	2	9	6	1	ST927	A 型
MAS2021021	生畜肉	93	7	143	155	2	19	61	142	ST1205	A 型
MAS2021022	生畜肉	20	56	23	1	38	12	41	112	ST1235	A 型
MAS2021023	生畜肉	93	7	143	155	2	19	61	142	ST1205	A 型
MAS2021050	生畜肉	4	58	87	54	77	80	4	13	ST1236	A 型
MAS2021085	生畜肉	64	3	63	4	2	2	1	11	ST1125	A 型
MAS2022001	生禽肉	4	4	1	4	3	2	1	1	ST546	A 型
MAS2022005	生禽肉	19	5	1	5	5	2	3	1	ST41	A 型
MAS2022006	生禽肉	3	4	3	1	3	2	1	1	ST494	A 型
MAS2022012	调理肉	164	175	130	146	73	11	57	131	ST1237	A 型
MAS2022016	生禽肉	4	182	192	11	49	5	4	11	ST1238	A 型
MAS2022017	生禽肉	130	4	45	97	2	8	75	41	ST1239	E 型
MAS2022020	生禽肉	3	1	3	1	3	54	1	1	ST501	F 型
MAS2022024	生禽肉	25	94	46	97	2	27	22	41	ST1240	A 型
MAS2022025	生禽肉	130	4	46	97	2	2	22	41	ST1206	A 型
MAS2022046	生禽肉	3	4	1	1	3	5	1	15	ST290	A 型

表 5(续)

菌株编号	菌株来源	MLST									生物型
		colA	*groEL*	*sodA*	*plc*	*gyrB*	*sigK*	*pgk*	*nadA*	ST	
MAS2022047	生禽肉	4	4	3	4	3	2	1	1	ST104	A 型
MAS2022063	生禽肉	25	4	46	148	2	27	22	82	ST516	A 型
MAS2022064	生禽肉	25	4	46	148	2	27	22	82	ST516	A 型
MAS2022091	生禽肉	130	4	46	97	2	2	75	41	ST1207	A 型
MAS2022092	生禽肉	1	10	102	9	80	5	4	112	ST1241	A 型
MAS2023004	生畜肉	44	41	12	17	12	13	10	15	ST1242	F 型
MAS2023044	生畜肉	4	4	1	4	3	2	1	3	ST520	A 型
MAS2023060	生畜肉	4	3	1	10	8	2	1	1	ST62	A 型
MAS2023061	生畜肉	3	10	6	11	52	8	28	1	ST1208	A 型
MAS2023067	调味肉	10	12	7	12	2	8	6	8	ST1209	F 型
MAS2023101	生畜肉	1	93	102	9	98	12	4	105	ST957	A 型
MAS2024003	生禽肉	130	4	46	97	2	2	75	41	ST1207	A 型
MAS2024016	生禽肉	43	4	46	102	2	27	22	41	ST531	A 型
MAS2024017	生禽肉	66	3	1	50	1	41	4	1	ST335	A 型
MAS2024021	生畜肉	9	12	6	14	2	9	6	1	ST1210	A 型
MAS2024023	生畜肉	14	14	1	11	38	8	8	52	ST1211	A 型
MAS2024024	生畜肉	11	12	6	12	2	9	6	44	ST1212	A 型
MAS2024042	生畜肉	69	41	115	88	43	8	31	39	ST1213	A 型
MAS2024058	生畜肉	6	5	1	33	24	4	7	19	ST282	A 型
MAS2024063	生畜肉	61	41	1	92	2	2	50	52	ST1214	A 型
MAS2024064	生畜肉	44	109	146	243	1	89	7	143	ST1243	A 型
MAS2024065	生畜肉	224	119	208	146	73	161	57	42	ST1004	A 型
MAS2024066	生畜肉	2	3	182	126	2	66	8	72	ST1215	A 型
MAS2024067	生畜肉	11	177	6	139	52	10	6	44	ST1216	A 型
MAS2024073	生禽肉	64	4	46	102	2	27	22	41	ST1217	A 型
MAS2024074	生禽肉	38	1	3	24	3	2	1	4	ST637	A 型
MAS2024077	生畜肉	3	5	1	3	1	3	3	3	ST639	A 型
MAS2024078	生畜肉	77	94	76	34	113	152	2	195	ST1233	A 型
MAS2024081	生畜肉	245	177	141	126	52	10	6	44	ST1234	A 型
MAS2024093	生禽肉	25	4	46	148	2	27	22	82	ST516	A 型
MAS2024094	生禽肉	4	4	1	4	3	2	1	3	ST520	A 型
MAS2024095	生禽肉	125	105	108	113	74	76	8	154	ST652	A 型
MAS2024099	生畜肉	195	66	89	117	25	12	4	51	ST955	A 型
MAS2024102	生畜肉	9	10	141	11	52	10	6	44	ST901	A 型
MAS2024117	生禽肉	130	4	46	97	2	2	75	41	ST1207	A 型
MAS2024136	生禽肉	4	22	186	85	25	2	71	150	ST1244	A 型
MAS2024140	生禽肉	20	63	46	94	45	82	48	61	ST437	A 型
MAS2024141	生禽肉	3	4	1	1	3	5	1	1	ST195	A 型
MAS2024142	生禽肉	20	1	14	19	5	4	1	1	ST1218	A 型
MAS2024143	生禽肉	64	141	46	176	2	2	22	41	ST984	A 型

2.4.3 耐药基因预测

全基因组测序共鉴定出 9 种耐药基因, 覆盖抗生素靶点改变、灭活、外排及靶标保护 4 类耐药机制, 且耐药基因携带具有明显优势特征: *mprF* (85.71%)、*tetA*(*P*) (73.21%)、*tetB*(*P*) (69.64%)携带率较高, 其中 *mprF* 通过修饰抗生素靶点介导肽类抗生素耐药, *tetA*(*P*)通过编码外排泵、*tetB*(*P*)通过靶标保护共同介导 TET 类耐药; *ErmQ* (44.64%)、*LnuP* (42.86%)分别通过靶点改变、抗生素灭活机制, 与林可霉素类、链霉素类耐药相关; *tet*(44) (21.43%)、*ANT*(*6*)-*Ib* (12.50%)、*optrA* (1.79%)携带率较低, 对整体耐药表型影响有限。进一步分析显示, 78.57%的菌株同时携带 3 种及以上耐药基因, 为多重耐药表型的形成提供了分子基础(表 6)。

2.4.4 核心基因组系统发育分析

系统发育树显示, 2022 年 D 区农贸市场生禽肉分离菌株(MAS2022064)与 2024 年 C 县农贸市场生禽肉分离菌株(MAS2024093)核心基因组完全聚类; 2021 年网购生畜肉分离菌株(MAS2021021)与同年 D 区农贸市场生畜肉分离菌株(MAS2021023)高度同源。不同年份、区域菌株无明显聚类界限, 提示存在跨区域、跨年度传播(图 2)。该传播特征与全国畜禽肉供应链流通模式高度一致, 需强化全链条溯源管控[16]。

表 6　56 株 CP 耐药基因对应耐药机制及耐抗生素类别

Table 6　Corresponding resistance mechanisms and antibiotic resistance categories of drug resistance genes in 56 strains of CP

耐药基因	耐药机制	耐抗生素类别	携带菌株数量	阳性携带率/%
ErmQ	抗生素靶点改变	链霉素抗生素	25	44.64
LnuP	抗生素灭活	CLI 类抗生素	24	42.86
lnuC	抗生素灭活		1	1.79
mprF	抗生素靶点改变	肽类抗生素	48	85.71
tetA(*P*)	抗生素外排	TET 类抗生素	41	73.21
tetB(*P*)	抗生素靶标保护		39	69.64
tet(*44*)	抗生素靶标保护		12	21.43
ANT(*6*)-*Ib*	抗生素灭活	氨基糖苷类抗生素	7	12.50
optrA	抗生素靶标保护	CHL 类抗生素	1	1.79

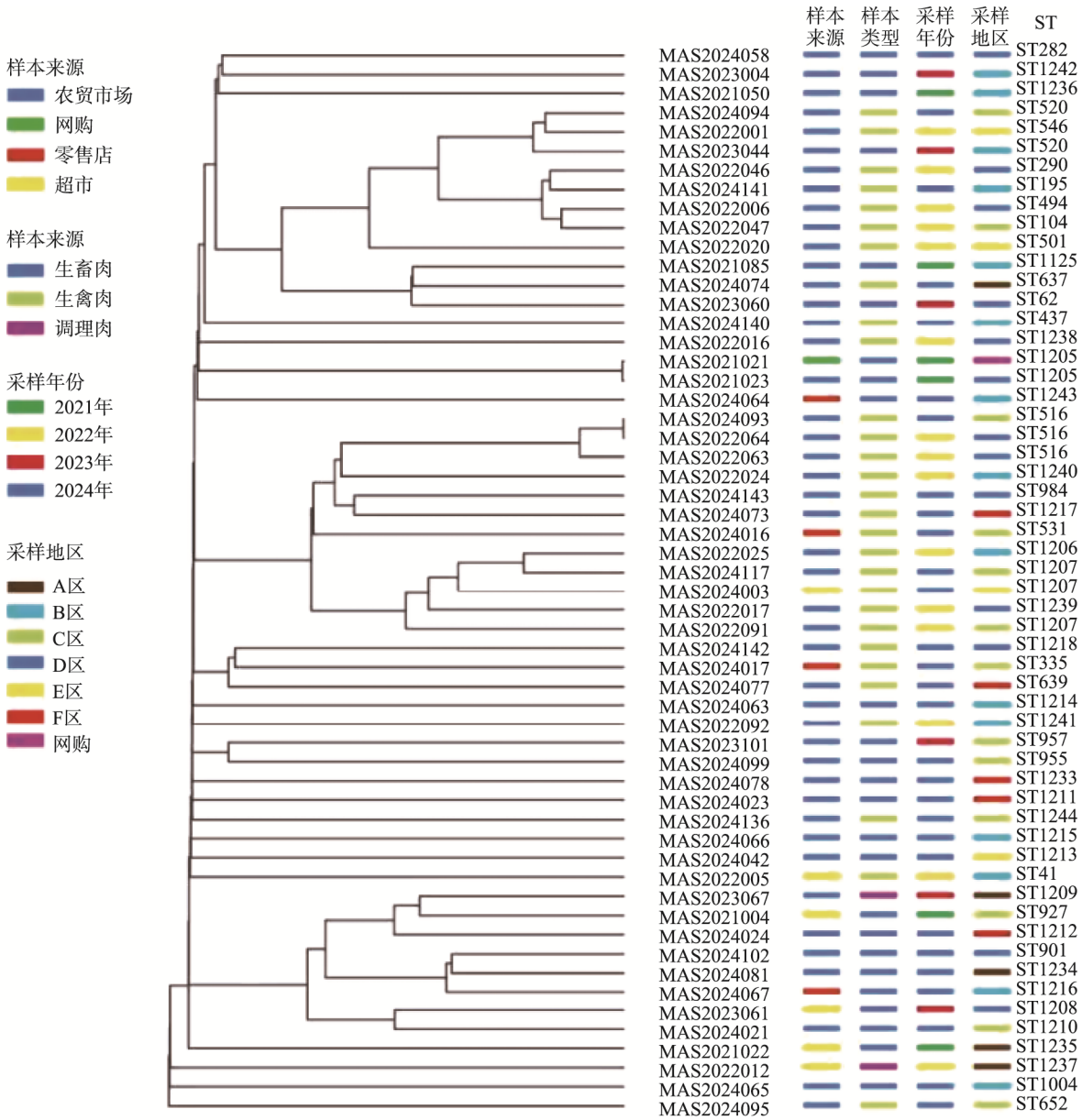


图 2　2021—2024 年马鞍山市 56 株 CP 核心基因组系统发育树

Fig.2　Core genome phylogenetic tree of 56 strains of CP in Ma'anshan City from 2021 to 2024

3 讨论与结论

3.1 总体污染水平及空间分布特征

本研究通过 4 年连续监测, 首次系统揭示了马鞍山市市售肉与肉制品中 CP 的污染特征与基因组进化规律。该地区 CP 总检出率为 18.67%, 显著高于辽宁省食品中 5.8%的检出率[12]、吉林省肉及肉制品中 3.9%的检出率[13], 也高于北京市顺义区肉源样本中 10.2%的监测数据[8], 表明马鞍山市肉与肉制品中 CP 污染问题较为突出, 而生禽肉 45.16%的检出率远超国内多数地区同类产品污染水平, 如贵州省生禽肉 15.7%[9]、北京市生禽肉 18.3%[10], 提示马鞍山市生禽肉的 CP 污染防控需作为重点方向。

从污染分布特征来看, 不同年份、样品类别、采样区域及场所的检出率差异均具有统计学意义(P 均小于 0.05)。2024 年检出率 36.25%明显高于其他年份, 该差异主要与年度样品采集结构相关, 2024 年采集的 80 份样品中生肉占比高达 82.50% (66/80), 而生肉本身是 CP 的高污染品类, 其高占比直接推高了年度总体检出率; 农贸市场检出率 30.82%远高于超市 6.74%、零售店 8.16%和网购渠道 6.25%, 这与北京市、贵州省的监测结果一致[8–9], 农贸市场生熟混放、交叉污染风险高、冷藏设施不足等复杂经营环境, 是导致 CP 污染扩散的重要环节; B 县检出率 29.41%在各区域中最高, 与辽宁省、贵州省不同辖区间检出率差异的特征相似[9,12], 反映出区域间卫生管控水平的不均衡性。值得关注的是, 网购渠道虽检出率较低, 但仍高于欧盟等发达国家 1.5%~3.8%的低污染率[17], 且与国内上海市网购肉类产品 4.1% 的检出率相比仍有差距[18], 反映出我国网络销售肉类供应链的质量安全管控仍需加强, 需重点关注物流运输中的冷链保障及仓储环节的卫生管理。

区域污染差异的形成与当地养殖环节卫生管控、肉类加工工艺规范性、冷链物流温湿度控制及市场流通监管力度等多重因素相关[6,8], 而生禽肉的高污染率, 与国内多地研究结论一致[9–10], 主要源于禽类养殖过程中 CP 肠道定植率较高、屠宰加工环节自动化程度低导致的交叉污染风险大等问题, 需从养殖源头、屠宰加工、流通销售全链条强化防控措施。

3.2 菌株毒力基因与分型特征

毒力基因检测结果显示, 所有菌株均携带 *cpa* 基因(编码 α 毒素), 阳性率达 100.00%, 这与辽宁省[12]、北京市[10]、贵州省[9]等国内地区肉源菌株的 α 毒素基因携带率(97.5%~100.00%)基本一致, 证实 α 毒素是 CP 在国内跨区域、跨种群传播的核心致病因子, 其高度保守性反映了该基因在菌株致病过程中的关键作用——α 毒素可破坏细胞膜完整性, 引发组织损伤, 是导致食源性疾病的重要毒力因子[19–20]。48.21%的菌株携带 *cbp2* 基因(β2 毒素), 这一比例显著高于辽宁省 22.3%[12]、北京市 25.7%[10]的监测数据, 略低于贵州省 55.1%[9]的报道, 提示 β2 毒素在马鞍山市菌株中的流行具有明显区域特异性, 可能与当地养殖模式、动物品种及环境选择压力相关。β2 毒素可增强 α 毒素的致病效应, 加剧肠道黏膜损伤[3], 其高携带率进一步提升了该地区肉与肉制品的食源性风险, 需重点关注携带该基因菌株的传播扩散。

7.14%的菌株携带 *cpe* 基因(肠毒素), 该比例高于辽宁省 3.1%[12]、吉林省 2.8%[13]的监测结果, 与贵州省 7.5%[9]的水平相近。*cpe* 基因是 CP 引发急性食源性腹泻的关键毒力基因[6], 其携带率的区域差异与菌株传播途径、宿主适应性及食品加工工艺相关, 马鞍山市生肉消费占比高, 部分生肉存在冷链断裂风险, 与国内生肉消费为主的地区形成了相似的 *cpe* 基因流行模式[8–9], 而与国内熟肉制品消费占比高的城市(如上海市 *cpe* 基因携带率 12.3%[18])存在明显差异, 提示食品消费结构对菌株毒力基因分布具有重要影响。

菌株分型结果显示, 以 A 型为主(92.86%), 与辽宁省 90.5%[13]、北京市 89.7%[10]、贵州省 91.3%[9]等国内多数地区的分型结果一致, 证实 A 型是我国肉与肉制品中 CP 的优势流行型别。同时, 本研究还检出 E 型(1.79%)和 F 型(5.36%), 其中 F 型菌株携带率高于辽宁省 1.2%[12]、北京市 2.1%[10]的监测数据, E 型菌株在国内肉源样本中罕见报道, 仅在贵州省生禽肉样本中偶有检出(0.9%)[9], 提示马鞍山市可能存在特殊的菌株传播链。F 型菌株携带的 *cpe* 基因可引发急性胃肠炎[20–21], E 型菌株的 ι 毒素对动物致病性较强[22], 这类携带独特毒素基因组合的菌株在食品链中的存在, 为区域风险防控提供了新的靶点, 需加强追踪监测。

3.3 菌株耐药表型及耐药基因关联分析

药敏试验与耐药基因组的关联性分析是本研究的核心亮点, 二者结果相互印证, 清晰揭示了马鞍山市肉与肉制品中 CP 的耐药特征及分子机制。从耐药表型来看, TET 64.29%和 CLI 32.14%的高耐药率需重点关注, 其中 TET 耐药率显著高于辽宁省 42.5%[12]、北京市 45.7%[10]、贵州省 51.3%[9]的监测数据, 反映出当地养殖业抗生素使用规范性仍有提升空间。26.79%的菌株存在多重耐药现象, 最高可耐受 5 种药物, 该比例高于辽宁省 15.2%[12]、吉林省 12.8%[13], 与贵州省 25.8%[9]相近, 这类菌株的广泛存在不仅会增加临床治疗难度, 还可能通过食物链导致耐药基因在人肠道菌群中水平传播, 形成潜在公共卫生风险[21]。值得一提的是, CFP、MEM 和 CHL 对所有菌株的敏感性均达 100.00%, 与辽宁省[12]、北京市[10]、贵州省[9]等国内多地的药敏结果一致, 为临床治疗 CP 感染提供了明确的用药依据, 建议临床优先选用此类敏感药物, 减少 TET 类和 CLI 类抗生素的滥用。

耐药基因分析揭示了耐药表型背后的分子机制: *tetA*(*P*) (73.21%)和 *tetB*(*P*) (69.64%)的高携带率与 TET 高耐药率完全吻合, 与国内相关研究结论一致[9,12], 证实这两种基因是我国 CP 菌株 TET 类抗生素耐药的核心分子基础——*tetA*(*P*)通过编码外排泵将抗生素排出菌体外, *tetB*(*P*)通过保护抗生素作用靶点实现耐药[17], 二者协同作用导致 TET 耐药率显著升高; *ErmQ* (44.64%)和 *LnuP* (42.86%)的较高携带率与 CLI 32.14%的耐药率形成呼应, 该特征与贵州省 CP 菌株的耐药基因分布相似[9], *ErmQ* 通过修饰核糖体靶点降低抗生素结合亲和力, *LnuP* 直接灭活林可霉素类抗生素[23], 二者协同参与林可霉素类抗生素耐药的形成[24]。此外, 本研究中 CHL 敏感性为 100%, 仅 1 株(1.79%)检出 *optrA* 耐药基因但未表现耐药表型, 提示该基因存在但未表达。耐药基因检测仅为预测, 药敏表型仍为判断耐药的金标准, 评估时需基因型与表型相结合[30]。此外, 78.57%的菌株同时携带 3 种及以上耐药基因, 为多重耐药表型的形成提供了分子基础, 部分菌株同时携带 *tetA*(*P*)、*tetB*(*P*)及 *ErmQ* 基因, 其药敏结果均显示对 TET 和 CLI 双重耐药, 这与北京市、辽宁省的研究结果相互验证[10,12], 充分证实了 CP 菌株耐药基因型与表型的一致性。

这种“表型-基因型”的强关联性, 为耐药风险防控提供了双重靶点: 养殖层面可参考国内多地的防控经验[9–10], 针对性监测 *tetA*(*P*)、*tetB*(*P*)等核心耐药基因的流行情况, 通过规范抗生素使用、减少不必要的药物投放, 降低耐药菌株的选择压力; 全国畜禽肉耐药性监测数据显示, TET 与林可酰胺类耐药趋势与本研究一致[25]。监管层面可将耐药基因检测纳入常态化监测, 及时掌握耐药菌株的传播趋势, 从而阻断耐药基因的扩散[22]。

3.4 基于全基因组测序的菌株进化与传播特征

全基因组测序分析显示, 56 株菌包含 50 种 ST 型别, 其中 26 种为新发现型别, 丰富了 CP 的 MLST 数据库, 为我国分子流行病学研究提供了区域数据。与辽宁省 40 种 ST 型别/50 株菌[12]、贵州省 38 种 ST 型别/50 株菌[9]相比, 马鞍山市菌株的 ST 型别多样性更高, 反映出该地区 CP 的传播来源更为复杂。核心基因组系统发育树揭示, 不同年份、不同区域的菌株存在同源性, 如 2022 年 D 区农贸市场生禽肉分离菌株与 2024 年 C 县农贸市场生禽肉分离菌株核心基因组完全聚类, 2021 年网购生畜肉分离菌株与同年 D 区农贸市场生畜肉分离菌株高度同源, 该特征与贵州省发现的 CP 跨区域传播规律一致[9], 提示 CP 可能通过肉类供应链在马鞍山市实现跨区域、跨年度传播[9,26]。ST516、ST520 等优势型别的存在, 提示可能存在优势传播克隆, 需进一步追踪其污染源头[27–28], 明确传播链关键环节。

3.5 本研究局限性

本研究存在一定局限性: (1)部分区域采样量较少, 可能影响结果的代表性; (2)仅通过基因检测推断菌株致病性, 未进行产毒表型验证, 无法明确毒素的实际表达水平; (3)未开展全链条溯源分析, 未能精准定位污染的关键环节。未来研究将扩大样本量, 覆盖更多区域和品类, 结合产毒试验验证菌株的实际致病能力, 同时借鉴国内全链条溯源技术方法[9,28], 追踪污染源头, 明确养殖、屠宰、加工、流通等环节的污染风险点, 为制定更具针对性的防控措施提供有力支撑。

3.6 研究结论与防控建议

综上, 马鞍山市市售肉与肉制品中 CP 污染严重、遗传多样性丰富, 部分菌株携带高致病性毒素基因并呈现多重耐药特征, 存在显著的食源性风险。结合全国风险评估结果, 生禽肉与农贸市场为高风险点位, 需优先管控[11,16]。建议监管部门参考国内先进地区的防控经验[8,10], 加强对农贸市场、生禽肉及网购渠道的管控, 优化冷链物流管理; 养殖业应严格遵循国家抗生素使用规范[29–30], 减少耐药菌株产生; 临床治疗需参考本研究及国内多地药敏结果[9–10,12]合理用药。本研究为区域食源性致病菌的精准防控提供了分子流行病学依据, 也为国内相关研究提供了可借鉴的技术方法。

参考文献

[1] Uzal F A, Freedman J C, Sherestha A, et al. Towards an understanding of the role of *Clostridium perfringens* toxins in human and animal disease [J]. Future Microbiology, 2014, 9(3): 361–377.

[2] Mehdizadeh G I, Navarro M A, Li J, et al. Pathogenicity and virulence of *Clostridium perfringens* [J]. Virulence, 2021, 12(1): 723–753.

[3] 赵品楠, 罗龙龙. 产气荚膜梭菌致病机制及其治疗性抗体研究进展[J]. 中国药理学与毒理学杂志, 2024, 38(4): 304–313.
Zhao Pinnan, Luo Longlong. Pathogenic mechanism of *Clostridium perfringens* and research progress of therapeutic antibodies [J]. Chinese Journal of Pharmacology and Toxicology, 2024, 38(4): 304–313.

[4] Scallan-Walter E J, Cui Z, Tierney R, et al. Foodborne illness acquired in the United States—major pathogens, 2019 [J]. Emerging Infectious Diseases, 2025, 31(4): 669–677.

[5] Monma C, Hatakeyama K, Obata H, et al. Four foodborne disease outbreaks caused by a new type of enterotoxin-producing *Clostridium perfringens* [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2015, 53(3): 859–867.

[6] 高彭, 李颖, 刘秀峰, 等. 一起由 C 型产气荚膜梭菌引起的食源性疾患流行病学调查[J]. 首都公共卫生, 2018, 12(6): 326–327.
Gao Peng, Li Ying, Liu Xiufeng, et al. Epidemiological investigation of a foodborne illness caused by *Clostridium perfringens* type C [J]. Capital Journal of Public Health, 2018, 12(6): 326–327.

[7] 程春荣, 周鹏, 戴蕾, 等. 一起疑似产气荚膜梭菌食物中毒事件的实验室检测分析[J]. 疾病监测, 2022, 37(8): 1124–1127.
Cheng Chunrong, Zhou Peng, Dai Lei, et al. Laboratory analysis of a suspected food poisoning incident caused by *Clostridium perfringens* [J]. Disease Surveillance, 2022, 37(8): 1124–1127.

[8] 张爽, 贾巧玲, 李颖, 等. 北京市顺义区 2 起产气荚膜梭菌食物中毒病

原学分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2020, 32(4): 456–460.
Zhang Shuang, Jia Qiaoling, Li Ying, et al. Analysis of the pathogenic characteristics of two food poisoning events caused by *Clostridium perfringens* in Shunyi District, Beijing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2020, 32(4): 456–460.

[9] 张莉, 代华, 简洁, 等. 贵州省一起产气荚膜梭菌引起食源性疾病暴发事件的调查及病原体溯源[J]. 中国食品卫生杂志, 2024, 36(5): 557–563.
Zhang Li, Dai Hua, Jian Jie, et al. Investigation of a foodborne disease outbreak caused by *Clostridium perfringens* in Guizhou Province and pathogen tracing [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(5): 557–563.

[10] 赵凤玲, 高翔, 邹林, 等. 2022 年北京市一起产气荚膜梭菌引起的食源性疾病爆发事件病原学分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(3): 382–387.
Zhao Fengling, Gao Xiang, Zou Lin, et al. Etiological analysis on an outbreak of foodborne disease caused by *Clostridium perfringens* in Beijing, 2022 [J]. Disease Surveillance, 2024, 39(3): 382–387.

[11] 范鹏辉, 李红秋, 褚遵华, 等. 2023 年中国大陆食源性疾病暴发监测结果分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2024, 36(10): 1199–1208.
Fan Penghui, Li Hongqiu, Chu Zunhua, et al. Analysis of foodborne diseases outbreak surveillance in China's mainland, 2023 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(10): 1199–1208.

[12] 耿英芝, 于淼, 张铭琰, 等. 辽宁省食品中产气荚膜梭菌的污染状况与基因特征[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(1): 81–86.
Geng Yingzhi, Yu Miao, Zhang Mingyan, et al. Contamination status and genetic characteristics of *Clostridium perfringens* in food in Liaoning Province [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(1): 81–86.

[13] 李可维, 刘思洁, 赵薇, 等. 9274 份肉及肉制品食源性致病菌监测结果分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(23): 9033–9038.
Li Kewei, Liu Sijie, Zhao Wei, et al. Analysis of monitoring results of foodborne pathogens in 9274 meat and meat products [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(23): 9033–9038.

[14] 李燕俊, 周炯, 赵贵明. 产气荚膜梭菌食物中毒诊断与溯源技术指南[J]. 中国食品卫生杂志, 2022, 34(3): 341–346.
Li Yanjun, Zhou Jiong, Zhao Guiming. Guideline for diagnosis and traceability technology of foodborne poisoning caused by *Clostridium perfringens* [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(3): 341–346.

[15] Rood J I, Adams V, Lacey J, et al. Expansion of the *Clostridium perfringens* toxin-based typing scheme [J]. Anaerobe, 2018, 52: 109–118.

[16] 丁锦, 胡旖桓, 吕彬, 等. 2023 年上海市浦东新区食品产气荚膜梭菌分子特征分析: 基于监测数据[J]. 中国公共卫生, 2026, 42(3): 338–344.
Ding Jin, Hu Yihuan, Lv Bin, et al. Molecular characterization of *Clostridium perfringens* in food products from Pudong New Area, Shanghai in 2023: based on surveillance data [J]. Chinese Journal of Public Health, 2026, 42(3): 338–344.

[17] European F S A, European C D C. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2014 [J]. EFSA Journal, 2015, 13(12): 4329.

[18] 王静, 李娟, 张薇, 等. 2020—2023 年上海市市售肉与肉制品中产气荚膜梭菌污染状况及分子特征分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2024, 36(6): 789–796.
Wang Jing, Li Juan, Zhang Wei, et al. Analysis of contamination status and molecular characteristics of *Clostridium perfringens* in marketed meat and meat products in Shanghai, 2020–2023 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(6): 789–796.

[19] 王建东, 王景松, 王健霖, 等. 产气荚膜梭菌主要毒素生物学活性研究进展[J]. 上海畜牧兽医通讯, 2023(4): 18–24.
Wang Jiandong, Wang Jingsong, Wang Jianlin, et al. Research progress on the biological activities of the main toxins of *Clostridium perfringens* [J]. Shanghai Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2023(4): 18–24.

[20] Lobzin Y V, Kvetnaya A S, Skripchenko N V, et al. Current notions about etiopathogenic and genetics specific features of *Clostridium perfringens* toxins [J]. Microbiology, 2021, 98(1): 91–103.

[21] Sherestha A, Mehdizadeh G I, Li J, et al. The biology and pathogenicity of *Clostridium perfringens* type F: a common human enteropathogen with a new (*ish*) name [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2024, 88(3): e00140.

[22] Sakurai J, Nagahama M, Oda M, et al. *Clostridium perfringens* iota-toxin: structure and function [J]. Toxins (Basel), 2009, 1(2): 208–228.

[23] Rohde H, Schmidt H, Bohm R, et al. Occurrence and virulence gene profiles of *Clostridium perfringens* in raw poultry meat from Germany [J]. Journal of Food Safety, 2023, 43(2): e13452.

[24] Rodriguez-Saez M, Ferrus M A, Garcia-Fernandez M L, et al. Prevalence and virulence gene profiles of *Clostridium perfringens* in raw meat products from Spain [J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 307: 108456.

[25] 吴克, 赵学亮, 冯航, 等. 甘肃省牛和羊源产气荚膜梭菌耐药性分析[J]. 动物医学进展, 2022, 43(1): 141–144.
Wu Ke, Zhao Xueliang, Feng Hang, et al. Antimicrobial resistance analysis of *Clostridium perfringens* isolated from cattle and sheep in Gansu province [J]. Progress in Veterinary Medicine, 2022, 43(1): 141–144.

[26] Rood J I, Keyburn A L, Moore R J. *NetB* and necrotic enteritis: the hole movable story [J]. Avian Pathology, 2016, 45(3): 295–301.

[27] 陈衍, 俞云鬆. 核心基因组多位点分型系统在耐药细菌克隆传播监测中的应用[J]. 中华传染病杂志, 2023, 41(2): 105–110.
Chen Yan, Yu Yunsong. Application of a core genome multilocus sequencing typing system in monitoring the clonal transmission of drug-resistant bacteria [J]. Chinese Journal of Infectious Diseases, 2023, 41(2): 105–110.

[28] Wang Li, Luo Ying, Sun Yuanting, et al. Traceability analysis of a foodborne disease outbreak caused by *Clostridium perfringens* in Ma'anshan City, Anhui Province, 2024 [J]. Frontiers in Public Health, 2025, 13: 1683405.

[29] 农业农村部. 兽用抗菌药使用减量化行动方案(2021—2025 年)[Z]. 2021-04-01, 农医发〔2021〕3 号.
Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. Action plan for the reduction in the use of veterinary antibacterial drugs (2021–2025) [Z]. 2021-04-01, Nong Yi Fa〔2021〕No. 3.

[30] 中华医学会检验医学分会临床微生物学组. 常见细菌药物敏感性试验报告规范中国专家共识[J]. 中华检验医学杂志, 2016, 39(1): 18–22.
Chinese Society of Laboratory Medicine, Chinese Medical Association, Clinical Microbiology Group. Chinese expert consensus on reporting specifications for antimicrobial susceptibility testing of common bacteria [J]. Chinese Journal of Laboratory Medicine, 2016, 39(1): 18–22.

(责任编辑: 曹岱琳 安香玉)