

2024 年金针菇产销环节中单增李斯特菌污染状况分析

杨洋¹, 孔喜梅¹, 袁齐武¹, 黄伟峰², 何志群¹, 钟宇婧¹, 苗艳芳¹,
伏星¹, 冯敏¹, 李永盛¹, 车鑫垚¹, 何大学¹, 李静¹, 黎明¹

1. 成都市疾病预防控制中心(成都市卫生监督所), 四川 成都 610041; 2. 四川省疾病预防控制中心

摘要:目的 分析成都市金针菇产销环节中单增李斯特菌的污染状况。方法 采集成都市两家金针菇厂的金针菇(30份)、培养基(14份)、环境(25份)、工具设备(64份)、操作人员(30份)和其他样本(17份), 共计180份, 依据《2024年国家食品污染和有害因素风险监测工作手册》分离鉴定单增李斯特菌, 并对菌株进行全基因组测序(WGS), 预测血清型, 分析其谱系、序列型(ST)、克隆群(CC)、耐药基因与毒力基因, 根据核心基因组多位点序列分型(cgMLST)遗传特性确定菌株同源性。结果 180份样本中检出单增李斯特菌69株, 总检出率为38.33%; 菌株分属2个谱系(I和II), 以谱系II为主(97.10%, 67/69); 分属3种血清型, 其中1/2a, 3a为优势血清型(94.20%, 65/69); 分属7个CC型, 其中CC8(52.17%, 36/69)和CC155(30.43%, 21/69)为优势CC型。分属8个ST型, 其中ST8(52.17%, 36/69)和ST155(30.43%, 21/69)为优势ST型。菌株均携带耐药基因*fosX*。69株菌均携带毒力岛1(LIPI-1), 6个毒力基因(*prfA*、*plcA*、*hly*、*mpl*、*actA*和*plcB*)均为阳性; 69株菌均携带毒力岛2(LIPI-2), 9个毒力基因中*inlA*、*inlB*、*inlC*和*inlJ*均为阳性, *inlE*、*inlG*和*inlH*均为阴性, *inlF*和*inlK*的携带率均为97.10%(67/69)。cgMLST聚类结果显示存在同源的菌株。结论 成都市金针菇生产过程与销售环节中单增李斯特菌均存在污染状况, 且存在交叉污染的可能。菌株耐药情况暂不严重, 但所携带的毒力基因较多, 有可能获得耐药基因并对人致病。

关键词:单增李斯特菌; 污染状况; 全基因组测序; 核心基因组多位点序列分型

中图分类号: R155.5 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2025)18-3330-08

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202503453

Analysis of *Listeria monocytogenes* contamination in the production and sales process of enoki mushrooms, 2024

YANG Yang*, KONG Xi-mei, YUAN Qi-wu, HUANG Wei-feng, HE Zhi-qun, ZHONG Yu-jing,
MIAO Yan-fang, FU Xing, FENG Min, LI Yong-sheng, CHE Xin-yao, HE Da-xue, LI Jing, LI Ming

* Chengdu Center for Disease Control and Prevention (Chengdu Institute of Health Supervision),
Chengdu, Sichuan 610041, China

Abstract: Objective To analyze the contamination status of *Listeria monocytogenes* in the production and distribution stages of enoki mushrooms in Chengdu. **Methods** A total of 180 samples were collected from two major enoki mushroom manufacturers in Chengdu, including enoki mushrooms (30 samples), culture media (14 samples), environmental samples (25 samples), tools and equipment (64 samples), operators (30 samples), and other samples (17 samples). *L. monocytogenes* was isolated and identified according to the 2024 National Manual for Monitoring Food Contaminants and Harmful Factors. Whole-genome sequencing (WGS) was conducted on the isolates to predict serotypes and analyze lineages, sequence types (ST), clonal complexes (CC), antimicrobial resistance genes, and virulence genes. Homology among strains was determined based on core genome multilocus sequence typing (cgMLST) genetic characteristics. **Results** A total of 69 *L. monocytogenes* strains were detected from 180 samples, with an overall detection rate of 38.33%. The strains belonged to two lineages (I and II), with lineage II being predominant (97.10%, 67/69). Three serotypes were identified, among which serotype 1/2a, 3a was dominant (94.20%, 65/69). Seven CC types were detected, with CC8 (52.17%, 36/69) and CC155 (30.43%, 21/69) being dominant. Eight ST types were identified, among which ST8 (52.17%, 36/69) and ST155 (30.43%, 21/69) were the predominant types. All strains carried only the antimicrobial resistance gene *fosX*. All 69 strains carried virulence island 1

基金项目: 四川省科技厅应用基础项目(2019YJ0018)

作者简介: 杨洋(1984—), 女, 硕士, 副主任技师, 研究方向: 食源性致病菌检验

通信作者: 黎明, E-mail: 171744138@qq.com

(*LIPI-1*), and six virulence genes (*prfA*, *plcA*, *hly*, *mpl*, *actA*, and *plcB*) were all positive. All 69 strains also carried virulence island 2 (*LIPI-2*); among the nine virulence genes, *inlA*, *inlB*, *inlC*, and *inlJ* were positive in all strains; *inlE*, *inlG*, and *inlH* were all negative; and the carriage rates of *inlF* and *inlK* were both 97.10% (67/69). CgMLST clustering analysis revealed the presence of homologous strains. **Conclusion** *L. monocytogenes* contamination is present in both the production and distribution stages of enoki mushrooms in Chengdu, with a potential for cross-contamination. Although current antimicrobial resistance is not severe, the strains harbor numerous virulence genes, suggesting potential for acquiring resistance genes and posing a threat to human health.

Keywords: *Listeria monocytogenes*; Contamination status; Whole genome sequencing; Core genome multi-locus sequence typing

单核细胞增生李斯特菌 (*Listeria monocytogenes*, LM), 简称单增李斯特菌, 是一种兼性厌氧的革兰氏阳性短杆菌, 可引发李斯特菌病。相比其他食源性致病菌, 该菌主要对免疫低下人群、孕妇、新生儿及老年群体具有较高致病风险, 临床表现包括脑膜炎、败血症、流产及单核细胞增多等, 致死率可达 20% ~ 30%^[1]。且单增李斯特菌在冷藏食品中的生存能力远强于多数致病菌, 具备较强的隐匿传播性^[2]。

金针菇富含蛋白质和膳食纤维, 味道鲜美、营养丰富, 是全球消费市场中最受欢迎的食用菌之一。为追求金针菇鲜嫩清脆的口感, 烹饪时往往仅简单焯水加热, 导致金针菇中致病菌未被完全杀灭, 存在健康隐患。已有报道发现, 金针菇中存在多种致病菌污染风险, 包括沙门氏菌和单增李斯特菌等^[3]。

近年来, 我国出口金针菇被美国和日本国家通报 17 起, 其中单增李斯特菌污染 12 起^[4]。韩国也有从金针菇中分离出单增李斯特菌的报道^[5-6]。美国等 9 个国家预警通报韩国输入的金针菇 20 起, 均为单增李斯特菌污染^[4]。美国和加拿大均发生过由单增李斯特菌污染金针菇导致的食源性疾病暴发事件^[7-9]。上述报道提示, 金针菇单增李斯特菌污染具有一定普遍性并受到国际关注。

我国既往金针菇中致病菌污染状况研究较少, 少数资料显示金针菇中单增李斯特菌检出率较

高^[10-11]。现有数据未见成都产金针菇污染致病菌, 特别是单增李斯特菌的报道。根据国家食品安全风险评估中心的部署, 2024 年首次对金针菇开展生产过程中致病菌污染监测, 通过收集生产过程各环节金针菇、培养基、环境、人员等样品中单增李斯特菌的污染信息, 掌握单增李斯特菌污染分布特征, 探究污染来源, 确定污染关键防控点, 为预警提供依据。

我国是金针菇生产大国, 工厂化栽培已经成为我国金针菇最主要的栽培模式, 而成都是西南地区的主要生产基地。本研究通过对成都市 2 家金针菇生产厂家产销环节中分离得到的单增李斯特菌进行分离鉴定、全基因组测序 (WGS)、核心基因组多位点序列分型 (cgMLST) 及耐药基因和毒力基因筛查, 以了解成都市金针菇生产及销售全链条中单增李斯特菌的污染情况, 初步建立成都市单增李斯特菌耐药基因与毒力基因库, 为成都市金针菇食品产业制定相应监测与防控措施提供依据。

1 材料与方法

1.1 样品来源 选取成都市两家金针菇厂 (A 和 C), 于 2024 年 4 月对 A 厂进行样品采集一次, 同年 8 月采集 C 厂一次。样品类别包括: 金针菇、培养基、工具设备、环境、操作人员、其他, 共计 180 份 (A 厂 95 份, C 厂 85 份), 样品种类及数量见表 1。

表 1 A、C 两厂采集的样品种类及数量

Table 1 Types and quantities of samples collected from factories A and C

样品类别	样品名称	样品数量 (份)		合计
		A 厂 (采样时间: 2024. 4)	C 厂 (采样时间: 2024. 8)	
金针菇	菌丝培养物	1	1	30
	幼菇	1	1	
	成熟菇	1	1	
	采收后的金针菇	1	1	
	切割后的金针菇	1	1	
	切割金针菇的剩余物	1	1	
	带包装的产品 (在厂内采集)	1	2	
	市售产品 (在菜市/超市采集)	10	5	
	小计	17	13	
	培养基	培养基原料	3	

(续表)

样品类别	样品名称	样品数量(份)		
		A 厂(采样时间: 2024. 4)	C 厂(采样时间: 2024. 8)	合计
环境	灭菌前培养基	1	1	
	灭菌后培养基	1	1	
	接种后培养基	1	1	
	采收后培养基	1	1	
	小计	7	7	
	地面	10	10	25
	门	1	1	
	地漏	1	1	
	墙壁	0	1	
	小计	12	13	
操作人员	手	5	5	30
	衣服	5	5	
	鞋底	5	5	
	小计	15	15	
工具设备	操作台	3	6	64
	传送带	2	1	
	运输车轮子	4	4	
	控制按钮	3	2	
	切割称量工具	3	3	
	清洁工具	2	2	
	套筒	1	1	
	维修工具	1	1	
	仪器	8	0	
	栽培筐	5	6	
	栽培架	2	2	
	栽培瓶	1	1	
	小计	35	29	
其他	包装袋	1	1	17
	生产用水	4	4	
	清洁用水	4	3	
	小计	9	8	
总计		95	85	180

1.2 试剂与仪器 LB₁及 LB₂增菌液(青岛海博生物技术有限公司),李斯特菌显色培养基(上海欣中生物公司),GP生化鉴定卡(法国 bioMérieux 公司),血琼脂平板(郑州安图生物工程股份有限公司),细菌基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱型)(天根生化科技(北京)有限公司)。

VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定系统(法国 bioMérieux 公司),台式离心机(美国 Thermo Fisher Scientific 公司)。

1.3 实验方法

1.3.1 菌株分离培养及鉴定 依据《2024 年国家食品污染和有害因素风险监测工作手册》进行。

1.3.2 全基因组测序 菌株划线接种血平板,36 ℃ 培养 24 h 后,使用天根细菌基因组 DNA 提取试剂盒提取 DNA,委托北京擎科生物科技股份有限公司,采用 Illumina TruSeq™ Nano DNA Sample Prep Kit 文库试剂盒构建文库,Illumina novaseq 6000 测序平台进行双端 150bp 测序^[12-14],测序原始数据导入

BioNumerics 7.6cn 进行组装分析^[15-16]。

1.3.3 谱系、序列分型(ST)与克隆群(CC) 将组装后的序列上传至 BIGSdb 数据库(<https://bigsdb.pasteur.fr/listeria>) MLST 模块进行在线比对,获得每株菌的谱系、ST 型及克隆群^[17-18]。

1.3.4 血清型、耐药基因与毒力基因 利用 BioNumerics 7.6cn 对测序数据进行血清型、耐药基因和毒力基因分析。

1.3.5 聚类分析 根据核心基因组多位点序列分型(cgMLST)结果对 69 株菌的同源性进行聚类分析。等位基因差异数 ≤ 10 视为同源,10 ~ 24 视为可能相关,>25 视为非同源^[19]。

1.3.6 统计分析 分类变量以数字和百分比(%)表示,组间比较采用卡方检验(χ^2 检验)或 Fisher 确切概率法(Fisher's exact test)。检验水准 $\alpha = 0.05$ 。统计分析使用 R studio(版本 2024.12.0 + 467, R 4.4.2)完成。

2 结果

2.1 分离鉴定 180 份样品共检出单增李斯特菌 69

株, A 厂单增李斯特菌检出率高于 C 厂 [46.3% (44/95) vs. 29.4% (25/85)] 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。两厂单增李斯特菌的检出率见表 2。

表 2 A、C 两厂单增李斯特菌的检出情况

Table 2 Detection rates of *Listeria monocytogenes* in factories A and C

样本类别	A 厂			C 厂			组间比较	
	样本数 (份)	阳性样本数 (份)	检出率 (%)	样本数 (份)	阳性样本数 (份)	检出率 (%)	χ^2	P 值
金针菇	17	13	59.1	13	6	46.2	- ^a	0.132
培养基	7	1	14.3	7	2	28.6	- ^a	1.000
环境	12	6	50.0	13	5	38.5	0.031	0.859
操作人员	15	9	60.0	15	5	33.3	1.205	0.272
工具设备	35	14	40.0	29	6	20.7	1.927	0.165
其他	9	1	11.1	8	1	12.5	- ^a	1.000
小计	95	44	46.3	85	25	29.4	4.731	0.030

注: a: Fisher 确切概率法无 χ^2 值。

2.2 谱系、血清型、序列型和克隆群 菌株分属 2 个谱系 (I 和 II), 以谱系 II 为主 (97.10%, 67/69), 仅 DZ2024CD133 和 DZ2024CD337 属于谱系 I, 未发现谱系 III 和谱系 IV。分属 3 种血清型, 包括 1/2a, 3a (优势血清型, 94.20%, 65/69)、1/2c, 3c (DZ2024SCA037 与 SCC025LM) 和 1/2b, 3b, 7 (DZ2024CD133 与 DZ2024CD337)。分属 8 个 ST 型, 包括 ST7、ST8、ST9、ST87、ST91、ST101、ST155 和 ST1166, 其中 ST8 (52.17%, 36/69) 和 ST155 (30.43%, 21/69) 为优势 ST 型。分属 7 个 CC 型, 包括 CC7、CC8、CC9、CC14、CC87、CC101 和 CC155, 其中 CC8 (52.17%, 36/69) 和 CC155 (30.43%, 21/69) 为优势 CC 型。CC87 包括 ST87 和 ST1166。

2.3 耐药基因与毒力基因 所有菌株均携带磷霉素耐药基因 *fosX*, 均不携带其他耐药基因。均不携带生物杀灭剂抗性基因和重金属抗性基因。不携带应激生存岛 (SSI) 1 和 2。

69 株菌共检出 35 种毒力基因, 均携带毒力岛 1 (LIPI-1), 6 个毒力基因 (*prfA*、*plcA*、*plcB*、*mpl*、*actA* 和 *hly*) 均为阳性; 均携带毒力岛 2 (LIPI-2), 9 个毒力基因中, *inlA*、*inlB*、*inlC* 和 *inlJ* 均为阳性, *inlE*、*inlG* 和 *inlH* 均为阴性, 仅 2 株菌不携带 *inlF* 和 *inlK* (DZ2024CD133 与 DZ2024CD337); 所有菌株均不携带毒力岛 3 和 4。仅 2 株菌不携带 *lntA* (DZ2024CD133 与 DZ2024CD337); 仅 DZ2024CD346 不携带 *iap/cwhA*; *vip* 基因的分布差异较大, 检出率为 42.03% (29/69)。菌株毒力基因携带情况见图 1。

2.4 聚类分析 基于核心基因组多位点序列分型 (cgMLST) 对 69 株单增李斯特菌的同源性进行聚类分析的结果见图 2。21 株 ST155/CC155 的菌, 均从 C 厂检出, 核心等位基因最大差异数为 3, 显示其高度

同源。2 株 ST9/CC9 的菌, 核心等位基因差异数为 57, 显示其非同源。5 株 ST101/CC101 的菌, 均从 A 厂检出, 核心等位基因最大差异数为 10, 显示其同源。2 株 ST7/CC7 的菌, 均从 A 厂检出, 核心等位基因差异数为 22, 显示其可能相关。2 株 CC87 的菌, 1 株为 ST1166, 1 株为 ST87, 核心等位基因差异数为 20, 显示其可能相关。36 株 ST8/CC8 的菌 (34 株来源于 A 厂, 2 株来源于 C 厂), 核心等位基因最大差异数为 24。其中 31 株 (C 厂仅 1 株) 的核心等位基因最大差异数为 10, 显示其同源。6 株来源于 A 厂的菌 (DZ2024SCA029、DZ2024SCA030、DZ2024SCA067、DZ2024SCA071、DZ2024CD130、DZ2024CD139) 和 1 株来源于 C 厂的 DZ2024CD345, 核心等位基因差异数为 0, 显示其完全同源。情况相同的还有 DZ2024SCA027 和 DZ2024SCA031、DZ2024SCA023 和 DZ2024SCA040、DZ2024SCA006 和 DZ2024SCA073, 以及 5 株 A 厂的菌 (DZ2024SCA018、DZ2024SCA019、DZ2024SCA028、DZ2024SCA043 和 DZ2024SCA064)。

2.5 污染情况分析 单增李斯特菌的污染贯穿培养基制作、接种、搔菌、培育、采收包装和销售全链条, 见图 3。21 株 ST155/CC155 的菌, 均来自 C 厂, 且从培养基制作区、接种室、搔菌室、菌丝培养室和采收包装区均有检出。菇房与销售环节中未见此型单增李斯特菌, 显示 C 厂还有其他污染因素。5 株 ST101/CC101 的菌, 均从 A 厂检出, 1 株来自菇房, 剩余 4 株来自采收包装区, 销售环节中亦未见此型单增李斯特菌。36 株 ST8/CC8 的菌 (34 株来源于 A 厂, 2 株来源于 C 厂), 其中 31 株 (C 厂仅 1 株) 同源, A 厂的培养基制作区、接种室、搔菌室、菇房、采收包装区和销售环节均有检出。在销售环节中, A 厂的 DZ2024CD130 和 C 厂的 DZ2024CD345 两份产品无核心等位基因的

差异,表示产品在销售过程中存在二次污染。A、C 两厂的采收包装区皆为污染重灾区。

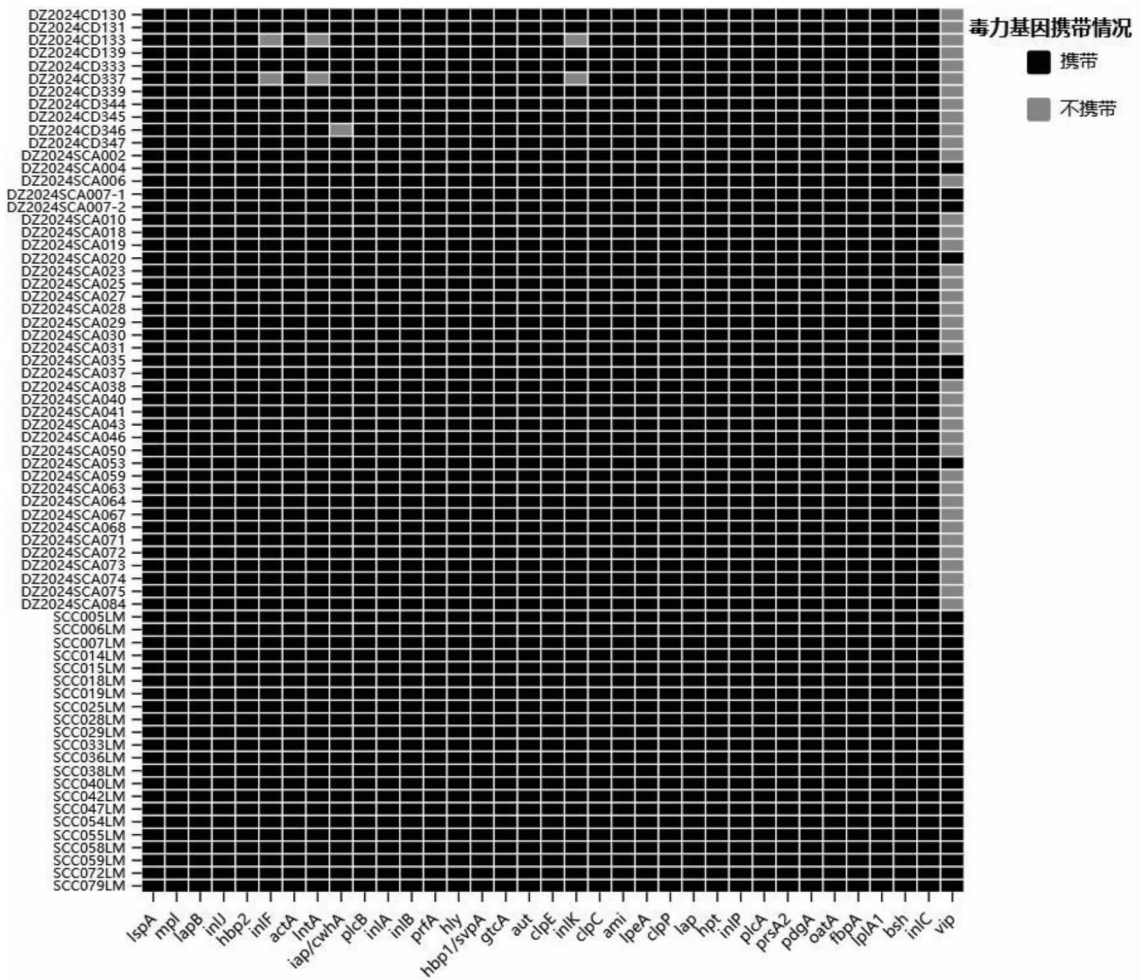


图 1 69 株单增李斯特菌毒力基因携带情况

Fig. 1 Virulence gene profiles of 69 *Listeria monocytogenes* isolates

3 讨论

研究证实单增李斯特菌对磷霉素存在固有耐药性,本研究的菌株均携带特征性 *fosX* (磷霉素耐药基因),未检出 *tetM* (四环素耐药基因)、*dfrG* (甲氧苄啉耐药基因) 等获得性耐药基因,提示当前耐药谱较窄,但需关注耐药基因通过食物链/环境介导的传播风险。根据《新污染物治理行动方案》(国办发〔2022〕15 号),环境四大新污染物(有机污染物 POPs、内分泌干扰物 EDCs、抗生素及微塑料)已被列为国家管控重点,其中微塑料可能作为基因转移载体促进耐药基因扩散。随着抗生素选择压力增强,单增李斯特菌可能通过接合性质粒获得耐药基因,或通过 *mdrL* 等外排泵基因过表达形成多药耐药表型。此外,虽未检出生物杀灭剂 (biocides) 和重金属抗性基因,但环境胁迫可能诱导相关基因突变。因此,建立单增李斯特菌的耐药性和基因组特征的监测体系,对防控其公共卫

生风险具有战略意义。

本研究发现,菌株分属两种谱系 (I 和 II),谱系 II 的菌株占主导地位,优势血清型为 1/2a,3a,与潍坊市^[20]、广西省^[21] 食品中单增李斯特菌的优势血清型一致。谱系 II 的菌株多源于食品及环境样本,致病力低于谱系 I^[22]。1/2a,3a 血清型常见于食源性李斯特菌的暴发^[23],此次在本市金针菇产销环节中皆高频检出此型菌株,提示金针菇生产销售全链条存在食源性李斯特菌暴发的风险。ST8 和 ST155 为优势序列型;ST87 与 ST8 在临床病人中更常见,致病力也较强^[24]。需特别关注的是,ST87 菌株直接溯源至市售产品,具有显著人畜共患传播风险;ST8 菌株在生产及流通环节广泛分布,存在职业暴露与食源性传播双重风险。

本研究中的单增李斯特菌均携带毒力岛 1 (LIPI-1),LIPI-1 与粘附、侵入宿主细胞并进行增值的能力直接相关,6 个毒力基因 (*prfA*、*plcA*、*plcB*、*mpl*、*actA*

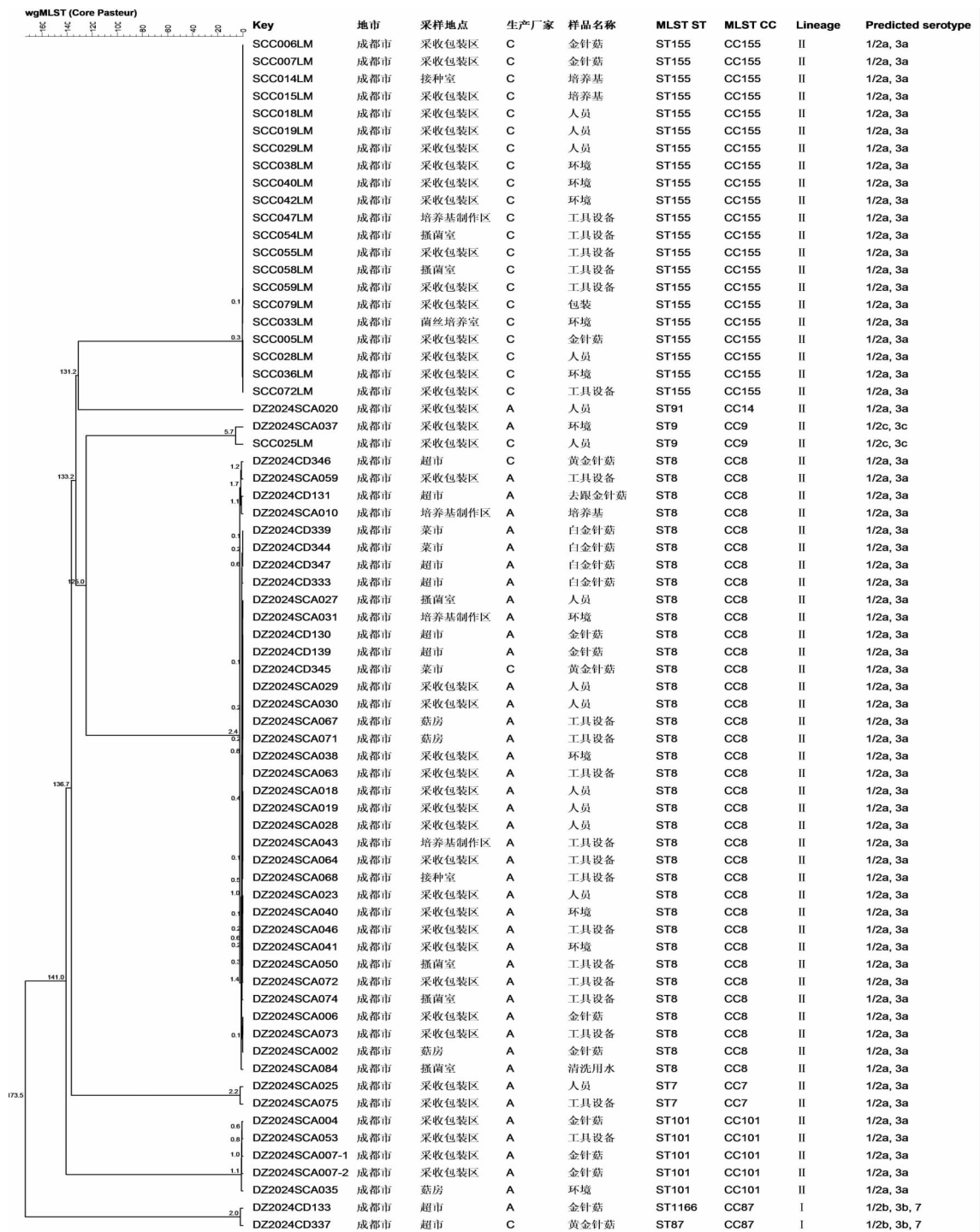


图 2 69 株单增李斯特菌 cgMLST 分型聚类结果

Fig. 2 cgMLST - based clustering analysis of 69 *Listeria monocytogenes* strains

和 *hly*) 均为阳性,表明这些菌株具有较强的粘附和侵袭能力。其中 *prfA* 和 *hly* 已被广泛用作单增李斯特菌检测的靶基因,应用于各种食品安全检测和评估分离株毒力^[25]; *actA* 基因编码的 ActA 介导了肌动蛋白聚合驱动的细菌运动,促进了单增李斯特菌在细胞间的扩散和宿主组织内传播^[26]。毒力岛 2 (LIPI - 2) 中毒力基因的携带率也较高,如 *inlA*、*inlB*、*inlC* 和 *inlJ* 等。由 *inlA* 基因编码的 InlA 蛋白通过与宿主上皮细

胞的 E - 钙黏素结合,使单增李斯特菌可穿过肠道屏障引起侵袭性感染^[27]。在细胞间扩散中起重要作用的 *inlC* 基因和直接参与通过肠屏障和随后的感染阶段的 *inlJ* 基因是单增李斯特菌的关键毒力因子^[28]。虽然菌株不携带 IPI - 3 和 LIPI - 4,但这些毒力岛的缺失不会影响菌株的致病能力。

本次研究采集的 180 份样本,单增李斯特菌的检出率高达 38.33%,表明成都市金针菇产业链中单增

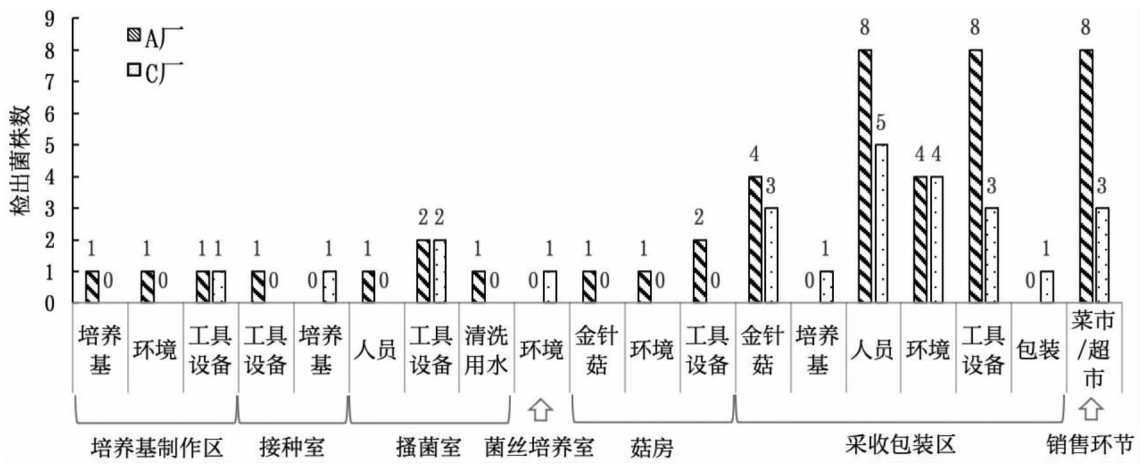


图3 单增李斯特菌污染情况分析

Fig. 3 Contamination analysis of *Listeria monocytogenes*

李斯特菌污染呈全链条传播态势。污染源主要包括设备工具、操作人员及环境等,尤以人员密集、卫生条件较差的采收包装区为污染核心区,交叉污染与二次污染风险突出。市售产品亦存在检出单增李斯特菌的情况,表明销售环节的包装储运流程仍需强化监管。建议采取以下综合防控策略:1、全链条卫生管控:严格规范生产原料、设备工具消毒规程,建立从业人员定期健康监测与卫生培训制度;2、销售环节风险阻断:优化冷链运输体系,实施销售终端的密封包装标准化管理;3、耐药性与毒力基因监控:关注菌株耐药性变迁,构建耐药基因与毒力基因监测网络,提升食源性疾病预防能力,为食品安全风险评估和公共卫生防控提供依据,为保护公众健康和疾病防控提供有力支持。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] Osek J, Wiczorek K. *Listeria monocytogenes* – How this pathogen uses its virulence mechanisms to infect the hosts[J]. *Pathogens*, 2022, 11(12): 1491.

[2] Osek J, Lachtara B, Wiczorek K. *Listeria monocytogenes* – How This Pathogen Survives in Food – Production Environments? [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 866462.

[3] Salazar JK, Fay ML, Khouja BA, et al. Effect of dehydration on the inactivation of *Listeria monocytogenes* and *Salmonella enterica* on enoki and wood ear mushrooms[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1257053.

[4] 杨文友,冯英财,王洪武,等. 出口金针菇和其他食用菌食用安全风险预警特征分析[J]. *中国食用菌*,2022,41(12):63-72. Yang WY, Feng YC, Wang HW, et al. Analysis of risk alert of exported *Flammulina velutipes* and other edible fungi[J]. *Edible Fungi of China*, 2022, 41(12): 63-72. (In Chinese)

[5] Lee SW, Park SR, Yoon SG, et al. Prevalence and characterization of *Listeria monocytogenes* isolated from online market – purchased enoki mushrooms(*Flammulina velutipes*) in the

Republic of Korea[J]. *Lwt*, 2025, 215: 117235.

[6] Choi S, Choi Y, Seo Y, et al. Identification of genetic variations related to pathogenicity by whole genome sequencing of *Listeria monocytogenes* SMFM2019 – FV16 isolated from enoki mushroom [J]. *Journal of Food Safety*, 2023, 43(6): e13076.

[7] Kirchner M, Palacios A, Cataldo N, et al. A binational Sample – Initiated retrospective outbreak investigation of *Listeria monocytogenes* infections in the United States and Canada linked to enoki mushrooms imported from China 2022 – 2023[J]. *Journal of Food Protection*, 2025, 88(1): 100413.

[8] Pereira E, Conrad A, Tesfai A, et al. Multinational outbreak of *Listeria monocytogenes* infections linked to enoki mushrooms imported from the republic of Korea 2016 – 2020 [J]. *Journal of Food Protection*, 2023, 86(7): 100101.

[9] Su Y, Liu A, Zhu MJ. Mapping the landscape of listeriosis outbreaks (1998 – 2023): Trends, challenges, and regulatory responses in the United States [J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2024, 154: 104750.

[10] Chen MT, Wu QP, Zhang JM, et al. Prevalence and contamination patterns of *Listeria monocytogenes* in *Flammulina velutipes* plants [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2014, 11(8): 620 – 627.

[11] 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. Sun QF. The contamination tracing and rapid identification method of *Listeria monocytogenes* in mushroom facilities[D]. Guangzhou: Guangdong University of Technology, 2021. (In Chinese)

[12] Zuo HJ, Yang Y, Su MC, et al. Comparative genomic and antimicrobial resistance profiles of salmonella strains isolated from pork and human sources in Sichuan, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2025, 16: 1515576.

[13] Kong XM, Chen JX, Yang Y, et al. Phenotypic and genotypic characterization of salmonella Enteritidis isolated from two consecutive Food – Poisoning outbreaks in Sichuan, China [J]. *Journal of Food Safety*, 2023, 43(1): e13015.

[14] 周倩,郑联,向婧妹,等. 2022 年贵州省食品及病人来源单增李斯特菌的抗生素敏感性及其分子特征分析[J]. *中国人兽共患病学报*,2024,40(7):613-619.

- medical costs and structure in traditional Chinese medicine hospitals at different levels in underdeveloped regions: A two - group interrupted time series analysis [J]. *Chinese Health Service Management*, 2024, 41(11): 1246 - 1251. (In Chinese)
- [10] 王砾, 罗伦, 李树蕾, 等. 基于间断时间序列分析的康复患者 DIP 付费实证研究[J]. *现代预防医学*, 2025, 52(11): 2040 - 2045.
- Wang L, Luo L, Li SL, et al. An empirical study on DIP payment for rehabilitation patients based on interrupted time series analysis [J]. *Modern Preventive Medicine*, 2025, 52(11): 2040 - 2045. (In Chinese)
- (上接第 3336 页)
- Zhou Q, Zheng L, Xiang JS, et al. Analysis of drug resistance and molecular characteristics of *Listeria monocytogenes* from food and clinical sources in Guizhou Province in 2022 [J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2024, 40(7): 613 - 619. (In Chinese)
- [15] Zhou L, Ye Q, Zhou Q, et al. Antimicrobial resistance and genomic investigation of *Salmonella* isolated from retail foods in Guizhou, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1345045.
- [16] Suo YJ, Qu Y, Bai YL, et al. Genetic diversity of *Listeria monocytogenes* isolates from farm products in Shanghai, China [J]. *Food Quality and Safety*, 2022, 6: 40.
- [17] Giralt - Zuniga M, Redondo - Solano M, Moura A, et al. Genome - Based characterization of *Listeria monocytogenes*, Costa Rica [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2023, 29(12): 2566 - 2569.
- [18] Scarpa F, Grattarola C, Arillo A, et al. Draft genome of three isolates of *Listeria monocytogenes* isolated from *Stenella coeruleoalba* in Italy [J]. *Microbiol Resour Announc*, 2024, 13(4): e0122123.
- [19] 炊慧霞, 李薇薇, 崔箐坡, 等. 河南省 2015—2019 年李斯特菌病分子流行病学特征 [J]. *郑州大学学报: 医学版*, 2021, 56(6): 767 - 773.
- Chui HX, Li WW, Cui QP, et al. Molecular epidemiological characteristics of *Listeriosis* in Henan from 2015 to 2019 [J]. *Journal of Zhengzhou University (Medical Sciences)*, 2021, 56(6): 767 - 773. (In Chinese)
- [20] 汪忆梦, 张凤娟, 于明明, 等. 2022 年潍坊市肉与肉制品中单增李斯特菌污染状况分析 [J]. *食品安全导刊*, 2023, 32: 13 - 15, 19.
- Wang YM, Zhang FJ, Yu MM, et al. Analysis on contamination of *Listeria monocytogenes* in meat and meat products sold in Weifang in 2022 [J]. *China Food Safety Magazine*, 2023, 32: 13 - 15, 19. (In Chinese)
- [21] 曾献莹, 吕素玲, 谭冬梅, 等. 2011—2020 年广西即食食品中单增李斯特菌耐药性、毒力和分子特征研究 [J]. *现代预防医学*, 2024, 51(22): 4080 - 4085.
- Zeng XY, Lv SL, Tan DM, et al. Antimicrobial resistance, virulence profile, and molecular characterization of *Listeria monocytogenes* isolated from ready - to - eat food, Guangxi, 2011 - 2020 [J]. *Modern Preventive Medicine*, 2024, 51(22): 4080 - 4085. (In Chinese)
- [22] 张洁, 孙梦阳, 王雨秋, 等. 淮南市 2021—2022 年分离单增李斯特菌的基因组特征分析 [J]. *安徽预防医学杂志*, 2024, 30(5): 370 - 374.
- Zhang J, Sun MY, Wang YQ, et al. Genomic characteristics of *Listeria monocytogenes* isolated in Huainan City from 2021 to 2022 [J]. *Anhui Journal of Preventive Medicine*, 2024, 30(5): 370 - 374. (In Chinese)
- [23] Karakaya E, Aydin F, Gümüşsoy KS, et al. *Listeria monocytogenes* from different sources: The serotyping, genotyping, virulotyping, and antibiotic susceptibilities of the recovered isolates [J]. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 2025, 118: 102314.
- [24] Zhu LY, Ji XJ, Wu Y, et al. Molecular characterization of *Listeria monocytogenes* strains isolated from imported food in China from 14 countries/regions, 2003 - 2018 [J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2023, 13: 1287564.
- [25] Wiktorczyk - Kapischke N, Skowron K, Walecka - Zacharska E. Genomic and pathogenicity islands of *Listeria monocytogenes* - overview of selected aspects [J]. *Front Mol Biosci*, 2023, 10: 1161486.
- [26] 李钊, 刘阳泰, 李卓思, 等. 单增李斯特菌毒力因子及调控机制研究进展 [J]. *食品与发酵工业*, 2024, 50(11): 327 - 335.
- Li Z, Liu YT, Li ZS, et al. Research progress of virulence factors and regulatory mechanisms of *Listeria monocytogenes* [J]. *Food and Fermentation Industries*, 2024, 50(11): 327 - 335. (In Chinese)
- [27] 宋泽萱, 纪顺师, 王艳, 等. 中国单增李斯特菌的基因组特征研究 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2021, 37(5): 379 - 386.
- Song ZX, Ji SS, Wang Y, et al. Genomic characterization analysis of *Listeria monocytogenes* strains in China [J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2021, 37(5): 379 - 386. (In Chinese)
- [28] Quereda JJ, Moron - garcia A, Palacios - gorba C, et al. Pathogenicity and virulence of *Listeria monocytogenes*: A trip from environmental to medical microbiology [J]. *Virulence*, 2021, 12(1): 2509 - 2545.

收稿日期: 2025-05-09

收稿日期: 2025-03-24