· 调查报告与分析 ·

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

丁锦[1,2]，胡祷桓[1,2]，吕彬[1,2]，桂燕华[1,2]，邱惠芳[1,2]，王筱[1,2]，张勇[1,2]

1. 上海市浦东新区疾病预防控制中心（上海市浦东新区卫生健康监督所）微生物检测实验室，上海 200136；
2. 复旦大学浦东预防医学研究院，上海 200136
通信作者：张勇，E-mail：yzhang@pdcdc.sh.cn

【摘　要】目的 了解上海浦东新区食品中产气荚膜梭菌（*C.perfringens*）的检出情况及分子特征，为 *C.perfringens* 的风险评估和预防控制提供科学依据。**方法** 2023 年每月从浦东新区东明、塘桥等 6 个监测点随机采集集贸市场、超市等生熟食品样本 111 份，全年共采集样本 1 332 份，经亚硫酸盐–多粘菌素–磺胺嘧啶（SPS）琼脂和哥伦比亚血琼脂分离 *C.perfringens*。利用二代测序技术获得菌株的全基因组序列，基于 VFDB 数据库、PubMLST 数据库、CGE ResFinder 耐药基因数据库进行毒力基因、多位点序列分型（MLST）和耐药基因分析，基于单核苷酸多态性（SNPs）绘制进化树。**结果** 2023 年浦东新区食品中 *C.perfringens* 检出率为 5.78%（77/1 332），均来源于肉及肉制品，其中禽肉类检出率最高（20.14%, 29/144）。耐药基因检出 9 种，*tetA*（*P*）携带率最高（89.61%, 69/77）。毒力基因中 *plc* 基因携带率为 100%, *cpb*2 基因携带率为 74.03%（57/77）。77 株 *C.perfringens* 分为 63 个 ST 型别。多株菌株与深圳市、武汉市人源菌株亲缘关系较近。**结论** 浦东新区肉及肉制品中 *C.perfringens* 分离菌株携带多种毒力及耐药相关基因，存在一定食品安全风险。

【关键词】 产气荚膜梭菌；食品；全基因组测序

Molecular characterization of *Clostridium perfringens* in food products from Pudong New Area, Shanghai in 2023: based on surveillance data

DING Jin[1,2], HU Yihuan[1,2], LV Bin[1,2], GUI Yanhua[1,2], QIU Huifang[1,2], WANG Xiao[1,2], ZHANG Yong[1,2] (*1. Microbiological Testing Laboratory, Shanghai Pudong New Area Center for Disease Control and Prevention (Shanghai Pudong New Area Health Supervision Institute), Shanghai* 200136, *China*; *2. Fudan University Pudong Institute of Preventive Medicine, Shanghai* 200136, *China*)
Corresponding author: ZHANG Yong, E-mail: yzhang@pdcdc.sh.cn

【Abstract】 Objective To reveal the detection status and molecular characteristics of *Clostridium perfringens* in food in Pudong New Area, providing a scientific basis for the risk assessment and prevention of this pathogen. **Methods** In 2023, 111 samples of raw and cooked food were randomly collected monthly from traditional markets and supermarkets at six monitoring sites (Dongming, Tangqiao, etc.) in Pudong New Area, totaling 1 332 samples across the year. *C. perfringens* was isolated via sulfite-polymyxin-sulfadiazine (SPS) agar and Columbia blood agar. Next-generation sequencing was employed to obtain the whole genome sequences of the strains. Virulence genes, multi-locus sequence typing (MLST), and drug resistance genes were analyzed based on VFDB, PubMLST, and CGE ResFinder. A phylogenetic tree was established based on single nucleotide polymorphisms (SNPs). **Results** In 2023, the detection rate of *C. perfringens* in food in Pudong New Area was 5.78% (77/1 332). All positive samples were meat and meat products, and the detection rate in poultry meat was the highest (28.57%, 29/144). Nine antibiotic resistance genes were detected and the carriage rate of *tetA(P)* was the highest (89.61%, 69/77). All the isolates carried *plc*, while 74.03% (57/77) carried *cpb2*. The 77 isolates were classified into 63 sequence types (STs), with multiple strains clustering closely with human-derived isolates from Shenzhen and Wuhan. **Conclusions** Isolates of *Clostridium perfringens* from meat and meat products in Pudong New Area carry diverse virulence factors and antibiotic resistance genes, indicating potential food safety risks.

【Keywords】 *Clostridium perfringens*; food; whole genome sequencing

开放获取：CC BY-NC-ND 4.0 DOI：10.11847/zgggws1147087
基金项目：上海市加强公共卫生体系建设三年行动计划（2023—2025 年）重点学科（GWVI-11.1-02）；上海市浦东新区疾病预防控制中心人才培养项目（PDCDC-XX2023-03）；上海市浦东新区疾病预防控制中心科技项目（PDCDC-2023-04）
第一作者：丁锦（1995—），主管技师，本科，研究方向：食源性致病菌检测。
收稿日期：2025-02-12　修回日期：2025-08-14　录用日期：2025-09-15
利益冲突：不存在　伦理审查：不需要　出版授权：全体作者已与编辑部签署作者贡献声明及版权转让协议

产气荚膜梭菌(*Clostridium perfringens*, *C.perfringens*)是广泛存在于环境中引起人兽共患病的主要病原菌之一，也是引起食物中毒的重要病原菌。研究显示，*C.perfringens* 在美国每年引发的病例约 100 万人，造成约 3.82 亿美元的净经济负担[1−2]，在我国北京市[3]、贵州省[4]、江苏省[5] 等地均有 *C.perfringens* 引发的食源性疾病暴发事件。为了准确地了解 *C.perfringens* 在食品中的检出情况、遗传特性及潜在危害，本研究对 2023 年上海市浦东新区市售食品进行检测，分离 *C.perfringens*，并利用全基因组测序技术对分离株进行遗传特征分析，包括耐药基因、毒力基因、多位点序列分型(multi locus sequence typing, MLST)等；分析菌株的耐药基因、毒力基因携带情况以及其种群间的进化关系，为 *C.perfringens* 的风险评估和预防控制提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 样本来源　于 2023 年，根据《上海市浦东新区腹泻病综合监测方案》，在东明、塘桥、沪东、惠南、机场、泥城设置 6 个监测点，每月在各个监测点的集贸市场、超市等随机采集 111 份生熟食品，其中畜肉类 18 份/月、禽肉类 12 份/月、畜禽内脏 12 份/月、水产品 48 份/月、蔬菜类 12 份/月、豆制品 6 份/月、蛋类 1 份/月、水果 1 份/月、饮料 1 份/月。每月循环，按季度覆盖所有采样点。2023 年共采集样品 1 332 份。

1.2 试剂与仪器　营养肉汤、乳糖明胶培养基(上海申启生物公司)、亚硫酸盐–多黏菌素–磺胺嘧啶(SPS)琼脂、含铁牛乳培养基、动力–硝酸盐培养基(青岛海博生物公司)、哥伦比亚血琼脂培养基(上海科玛嘉微生物公司)、Oxoid^{TM}AnaeroGen^{TM}2.5 L 产气袋、Oxoid^{TM}AnaeroGen^{TM}3.5 L 产气袋(英国赛默飞世尔科技公司)，所有试剂均经验收合格后在有效期内使用。电子天平 [梅特勒–托利多(上海)有限公司，PL8001E/02]、均质器(法国 Interscience 公司)、恒温培养箱(德国 BINDER 公司，BINDER BF-400)、显微镜(日本 OLYMPUS 公司，OLYMPUS CX21)、质谱仪 [布鲁克(北京)科技有限公司，MICROFLEX LI/SH SMART]、测序仪(美国 Illumina，有限公司，MiSeq-MSQ-RUO)所有仪器均校准合格。

1.3 产气荚膜梭菌的分离与鉴定　参考邓志爱等[6] 的方法，无菌操作称取 25 g(mL)样品，加入 225 mL 的营养肉汤中，均质后于 36 ℃ 厌氧培养 18 h，分别用接种环取增菌液一环划线接种于 SPS 琼脂培养基和哥伦比亚血琼脂培养基，于 36 ℃ 厌氧培养 24 h 后，挑取可疑菌落进行飞行时间质谱鉴定。生化鉴定参考 GB 4789.13—2012《食品安全国家标准 食品微生物学检验 产气荚膜梭菌检验》[7]。

1.4 全基因组测序　刮取新鲜菌苔，用罗氏 MagNA Pure 96 全自动核酸提取纯化仪提取产气荚膜梭菌 DNA，按照 Illumina DNA prep 试剂盒进行文库构建，通过 Illumina Miseq 测序平台进行测序，利用 CLC 数据分析工具对下机数据进行质控、组装，并利用 BLAST 网站(Basic Local Alignment Search Tool, https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cg)对组装结果进行菌种确认。

1.5 耐药基因、毒力基因分析　利用在线网站 CGE(Center for Genomic Epidemiology, http://genepi.food.dtu.dk/resfinder)和 VFDB(Virulence factors of Pathogenic Bacteria, http://www.mgc.ac.cn/)对拼接好的序列进行比对分析获得耐药基因和毒力基因。

1.6 MLST 分型　通过 PubMLST(Public databases for molecular typing and microbial genome diversity, https://pubmlst.org/)公共数据库获取产气荚膜梭菌的 ST 型。使用 BioNumerics7.6 软件进行比对分析。

1.7 系统进化分析　使用 snippy v4.6.0(https://github.com/tseemann/snippy)对本研究分离菌株和通过 NCBI(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)公共数据库获取的参考菌株的全基因序列进行单核苷酸多态性(SNPs)分析，构建系统发育进化树。

1.8 统计分析　采用 SPSS 27.0 统计软件 χ^2 进行检验，检验水准 α=0.05(双侧)，P<0.05 为差异有统计学意义。

2 结　果

2.1 菌株检出情况(表 1)　1 332 份样品中共分离出 77 株产气荚膜梭菌，检出率为 5.78%(77/1 332)，检出样品均为肉及肉制品，水产品、蔬菜类、豆制品、蛋类、水果、饮料均未检出产气荚膜梭菌。其中畜肉类检出率为 10.19%(22/216)，禽肉类检出率为 20.14%(29/144)，畜禽内脏检出率为 18.06%(26/144)。不同类别样品检出率差异具有统计学意义(χ^2=7.815，P=0.02)。不同月份检出率差异也具有统计学意义(χ^2=48.363，P=0.001)。

表 1 2023 年上海市浦东新区肉及肉制品中产气荚膜梭菌检出情况(检出率/%)
Table 1 Contamination of *Clostridium perfringens* in meat and meat products in Pudong New Area, Shanghai in 2023

月份	畜肉类		禽肉类		畜禽内脏		合计		χ^2值	P值
	样品数	%	样品数	%	样品数	%	样品数	%		
1	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00	48.363	0.000 001
2	0	0.00	1	8.33	0	0.00	1	2.38		
3	1	5.56	3	25.00	0	0.00	4	9.52		

续表 1
Table 1 Continued

月份	畜肉类		禽肉类		畜禽内脏		合计		χ^2值	*P*值
	样品数	%	样品数	%	样品数	%	样品数	%		
4	5	27.78	1	8.33	2	16.67	8	19.05		
5	1	5.56	1	8.33	1	8.33	3	7.14		
6	2	11.11	4	33.33	2	16.67	8	19.05		
7	5	27.78	8	66.67	5	41.67	18	42.86		
8	1	5.56	2	16.67	3	25.00	6	14.29		
9	2	11.11	2	16.67	4	33.33	8	19.05		
10	3	16.67	5	41.67	3	25.00	11	26.19		
11	1	5.56	1	8.33	1	8.33	3	7.14		
12	1	5.56	1	8.33	5	41.67	7	16.67		
合计	22	10.19	29	20.14	26	18.06	77	15.28		

2.2　全基因组测序结果　本研究获得的 77 株产气荚膜梭菌全基因组测序的原始数据平均测序读长为 145～148 bp，原始数据量≥1.03 G，碱基数据质量值 Q20≥94%，Q30≥90%。组装条数（contig）< 200 个，GC 含量为 27.9%～28.38%，组装结果由长到短排列，达到 50% 碱基数时序列的长度（N50）最小为 38 661 bp，最大为 2 199 680 bp，满足分析要求。

2.3　耐药基因携带情况（表 2）　77 株菌株共携带 9 种耐药基因，其中四环素类耐药基因 *tetA*（*P*）和 *tetB*（*P*）携带率最高，分别为 89.61%（69/77）和 87.01%（67/77），其次为大环内酯类耐药基因 *erm*（*Q*）58.44%（45/77）。22.08%（17/77）菌株携带林可霉素类耐药基因 *lnu*（*P*），5.19%（4/77）菌株携带四环素类耐药基因 *tet*（44），3.90%（3/77）菌株携带氨基糖苷类耐药基因 *ant*（6）-*Ib*。分别仅有一株菌株携带林可霉素耐药基因 *lnu*（*C*）、氨基糖苷类耐药基因 *aac*（6'）-*aph*（2"）和磺胺类耐药基因 *sul1*。

表 2　77 株产气荚膜梭菌耐药基因携带情况
Table 2　Antibiotic resistance genes carried by 77 *C. perfringens* strains

抗生素类别	耐药基因	耐药机制	携带菌株数量/株
大环内酯类	*erm*（*Q*）	甲基化抗生素作用靶位	45
林可酰胺类	*lnu*（*P*）	生成灭活酶	17
	lnu（*C*）	生成灭活酶	1
四环素类	*tetA*（*P*）	编码抗生素外排泵蛋白	69
	tetB（*P*）	编码靶位保护蛋白	66
	tet（44）	编码靶位保护蛋白	4
氨基糖苷类	*ant*（6）-*Ib*	生成钝化酶	3
	aac（6'）-*aph*（2"）	生成钝化酶	1
磺胺类	*sul1*	替代抗生素作用靶位	1

2.4　毒力基因分布结果（图 1）　黏附类毒力基因中 *fbpA*/*fbp68*、*groEL* 携带率均为 100%，*cna* 携带率为 58.44%（45/77）。所有菌株均携带毒素调控系统基因 *virR*、*virS* 和α毒素结构基因 *plc*。74.03%（57/77）的菌株携带编码β2 毒素的 *cpb2* 基因，68.83%（53/77）的菌株携带编码 θ 毒素的 *pfoA* 基因，均不携带编码肠毒素 CPE 的 *cpe* 基因。

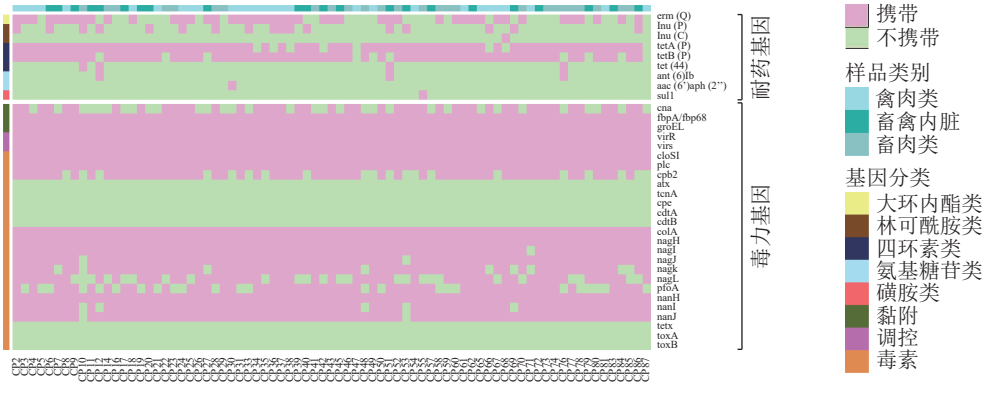
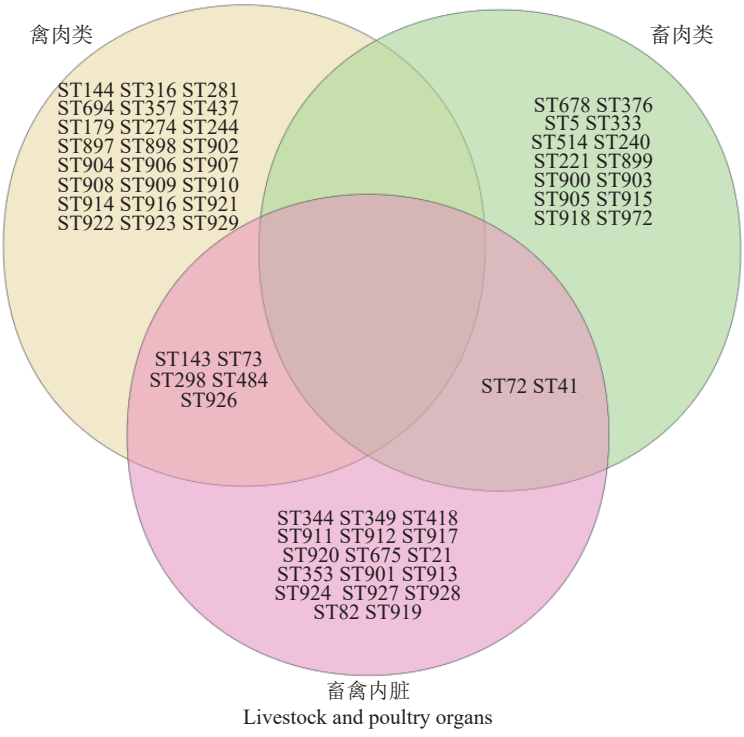


图 1　77 株产气荚膜梭菌携带的耐药基因和毒力基因热图
Fig. 1　Heatmap of resistance genes and virulence genes carried by 77 *C. perfringens* strains

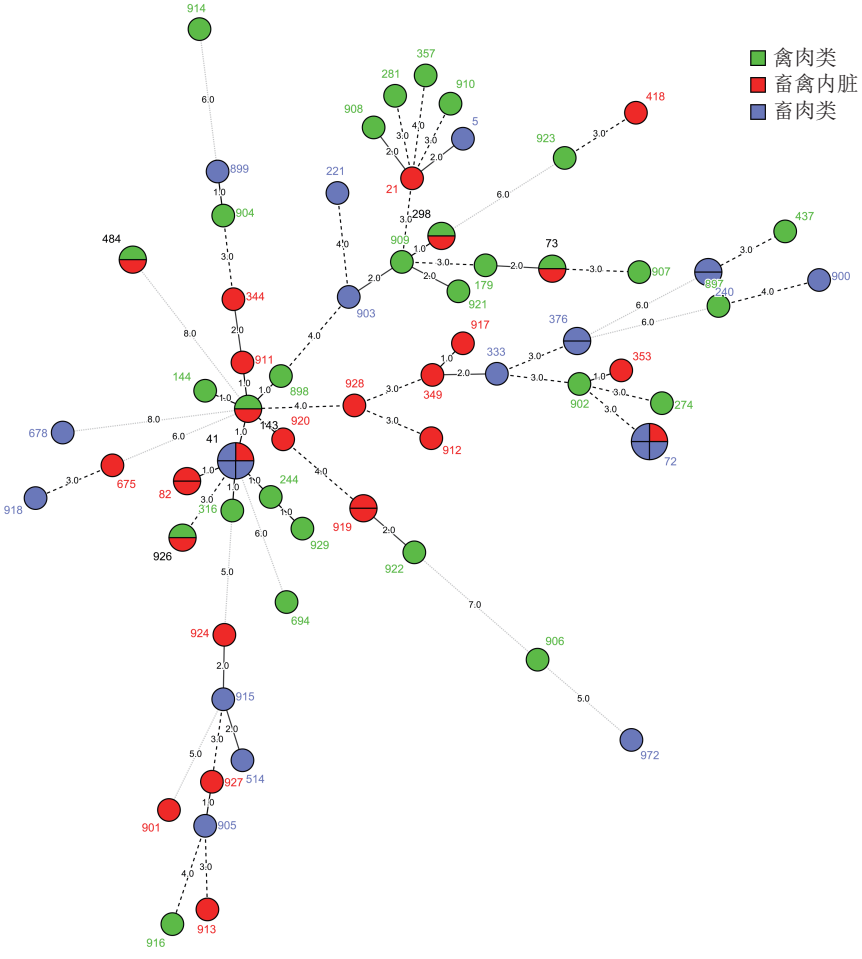
2.5　MLST 分型（图 2、3）　77 株产气荚膜梭菌共分为 63 个 ST 型别，其中 34 个为新管家基因组合的新 ST 型。排名前 2 位的 ST 型别为 ST72（4/77）和 ST41（4/77），均检自畜肉类和畜禽内脏；ST143、ST73、ST298、ST484 和 ST926 在禽肉类和畜禽内脏中均有检出，见图 2。使用 BioNumerics 7.6 软件绘制基于 MLST 的最小生成树，可分为多个聚类簇，其中最大的聚类簇包含 ST143、ST41、ST82 等型别，见图 3。



注：黄色圆圈内为禽肉类检出的 ST 型，绿色圆圈内为畜肉类检出的 ST 型，红色圆圈内为畜禽内脏类检出的 ST 型，重叠部分为在两种类别样品中均有检出的 ST 型。

图 2　77 株产气荚膜梭菌 ST 型

Fig. 2　STs of 77 *C. perfringens* strains

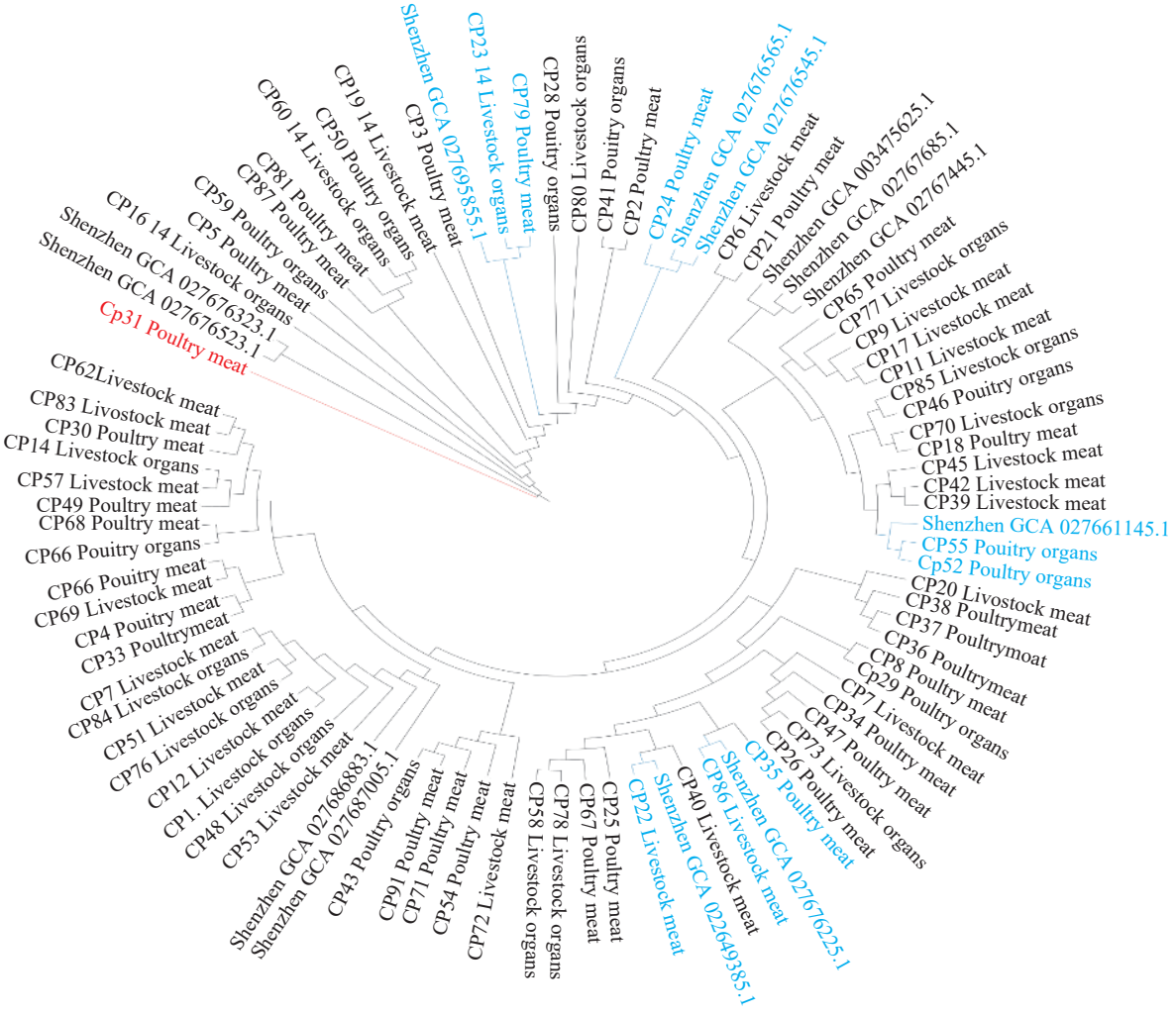


注：绿色为禽肉类；红色为畜禽内脏类；紫色为畜肉类；每个圆圈代表一个 ST 型，ST 型在圆圈旁标注。

图 3　77 株产气荚膜梭菌 MLST 最小生成树

Fig. 3　Minimium spanning tree based on MLST for 77 *C. perfringens* strains

2.6　系统进化分析（图 4）　截至 2024 年 10 月 18 日，在 NCBI 数据库中搜索中国大陆地区地级市的人源产气荚膜梭菌，共有 13 株，12 株来自深圳市，1 株来自武汉市。将这 13 株参考菌株与本研究分离株基于单核苷酸多态性（SNPs）分析共同构建系统发育进化树，进行亲缘性分析。结果显示，77 株产气荚膜梭菌可分为 2 个大分支，多个小分支。菌株 CP31 处于一个独立于其他分离株的分支上，菌株 CP22 与武汉市人源菌株 GCA022649385.1 在同一分支上，菌株 CP23、CP79 与深圳市人源菌株 GCA 027695855.1 在同一分支上，菌株 CP24 与深圳市人源菌株 GCA 027676565.1、GCA 027676545.1 在同一分支上。



注：标红菌株为独立分支菌株，相邻的标蓝菌株为亲缘关系较近菌株。

图 4　77 株产气荚膜梭菌系统进化树

Fig. 4　Phylogenetic tree of 77 *C. perfringens* strains

3　讨　论

产气荚膜梭菌在美国是引起细菌性食源性暴发事件第 2 位的致病菌[8]，尽管国内也有相关的食物中毒事件记录，但报告的病例数量远低于国外。这主要是因为国内并未将产气荚膜梭菌纳入常规食源性疾病致病菌的监测范围，导致其在食源性疾病暴发事件的检测中往往被忽略。本研究中产气荚膜梭菌在市售肉及肉制品中检出率较高，为 15.28%（77/504），略高于辽宁省（10.77%）[9]、福建省（10.7%）[10]，明显低于陕西关中地区（45.86%）[11]，这一差异可能与不同地区的食品生产、加工、储存和运输条件有关[12]。实验样品均来自集贸市场及超市，可见市售肉及肉制品中产气荚膜梭菌污染较为严重，且季节性污染特征明显，夏秋季 6—11 月检出率明显高于冬春季 12—翌年 5 月检出率。产气荚膜梭菌的芽孢具有高度的抗逆性，在煮沸 15 min 或者更长的时间后仍可存活，并在 10～54 ℃ 内快速萌发和 2 次生长[9]。因此受到产气荚膜梭菌污染的食材若加工时未能达到足够的温度或时间，或加工后食品保存方式不当，极易引发食物中毒事件，对居民健康构成潜在威胁。而夏秋季节消费者更倾向于购买凉拌熟食与生

食，这无疑增加了产气荚膜梭菌导致的食源性疾病暴发事件的风险。因此，在夏秋季节应加强对市售肉及肉制品中产气荚膜梭菌的监测与监管。

本研究中产气荚膜梭菌分离株共检测到 9 种耐药基因，其中 *tetA*(*P*)和 *tetB*(*P*)携带率最高。据研究，*tetA*(*P*)和 *tetB*(*P*)均是产气荚膜梭菌中常见的四环素耐药基因，这 2 种基因共同组成 *TetP* 四环素抗性决定因子[13-14]。但 *tetA*(*P*)和 *tetB*(*P*)的耐药机制存在差异，*tetA*(*P*)编码四环素外排泵蛋白，而 *tetB*(*P*)基因则编码一种核糖体保护蛋白，该蛋白可促进结合于细菌 30 S 亚基的四环素移位[15]。本研究中检测出的另一种四环素耐药基因 *tet*(44)的耐药机制则与 *tetB*(*P*)类似。58.44%(45/77)菌株携带大环内酯类抗性基因 *erm*(*Q*)，*erm*(*Q*)属于红霉素核糖体甲基转移酶(*erm*)基因家族，*erm* 基因通过 23S rRNA 甲基化阻止抗生素与核糖体结合，该基因可介导大环内酯类、林可胺类、链阳霉素类 3 类药物的同时耐药[16]。磺胺类耐药基因 *sul* 较常见于革兰阴性菌中，而在本研究的一份鸡心样本中检出的产气荚膜梭菌携带磺胺类耐药基因 *sul1*，且在这份鸡心样本中同时检出沙门氏菌。据 Patrícia A 等人[17]的研究，*sul1* 基因是沙门氏菌对磺胺类药物最常见的耐药性机制之一，据此推测本研究中产气荚膜梭菌的 *sul1* 基因可能是由同一样本中的沙门氏菌通过可移动遗传元件介导的水平基因转移机制传递获得。除 *sul1* 基因外，本研究中检测出的其他耐药基因也均与可移动遗传元件相关联，可在不同细菌种属间进行传递，增加细菌耐药性的传播风险。目前抗生素耐药基因已被定义为一种新型环境污染物[18]，因此对产气荚膜梭菌进行耐药基因的监测，掌握其耐药基因传播动态，可为制定多重耐药菌的防控策略提供科学依据。77 株产气荚膜梭菌中有 2 株菌株不携带任何耐药基因，其中一株分离自标明不使用抗生素的鸡肉中，表明严格限制养殖过程中抗生素的使用能够有效遏制产气荚膜梭菌耐药性的产生。

本研究中分离株共携带 18 种毒力基因，其中包括 3 种黏附类毒力基因，2 种毒素调控系统，13 种毒素基因。产气荚膜梭菌主要通过产生多种外毒素使机体致病，主要毒素有 α 毒素、β 毒素、ε 毒素、ι 毒素和 CPE 肠毒素等。尽管本研究分离株均不携带编码肠毒素的 *cpe* 基因，但有 74.03%(57/77)的菌株携带编码 β2 毒素的 *cpb2* 基因，产 β2 毒素的产气荚膜梭菌也与人的食物中毒及动物的肠道疾病密切相关[19]。此外，多数菌株携带 *nagH*、*nagI*、*nagJ*、*nagK*、*nagL*、*nanH*、*nanI*、*nanJ* 基因，这些基因是透明质酸酶和唾液酸酶编码的相关基因，在细菌侵入、结合、感染宿主的过程中起着重要作用。

目前产气荚膜梭菌主要通过产生的毒素进行分型，但市售食品中产气荚膜梭菌多为 A 型和 C 型[9]，毒素分型难以区分菌株间的差异。多位点序列分型(MLST)是一种基于 8 个管家基因的分子分型技术，尽管尚未被广泛应用于产气荚膜梭菌的分析，但它更有利于产气荚膜梭菌的进化和溯源分析。本研究中 77 株分离株分为 63 个 ST 型别，呈高度多样化。其中 ST73 和 ST221 为全球优势型别，但在本研究中检出较少。本研究中的优势型别为 ST72 和 ST41，ST41 与 ST82、ST143 等属于同一个聚类簇，而 ST72 则与上述聚类簇关系较远。研究显示，以 ST48、ST41、ST110 为代表的克隆复合物主要与人类疾病相关[20]。在 PubMLST 数据库中检索得知 ST72 型菌株在日本临床患者中有检出，表明 ST72 和 ST41 这 2 种型别的菌株对消费者存在潜在的致病风险。且这 2 种 ST 型别的菌株来自同一超市不同时间采集的不同样本，可见该超市环境中存在产气荚膜梭菌，且超市并未做好清洁消毒工作，致使产气荚膜梭菌持续污染售卖的食品。本研究中多株分离株与深圳市、武汉市人源分离株在系统进化发育树上显示出较高的同源性，提示这些菌株存在食源性传播的潜在风险，后续可监测食品、环境及病例中的产气荚膜梭菌，从而更全面地分析其传播路径和来源。

本研究初步揭示了上海市浦东新区市售食品中产气荚膜梭菌的检出情况、分子流行特征和潜在的危害性。研究结果提示，产气荚膜梭菌存在一定食品安全风险，应加强禽畜类养殖、运输、加工、售卖环节的管控，规范国内养殖业抗生素使用，持续对产气荚膜梭菌进行监测，有效控制和降低产气荚膜梭菌导致的食源性疾病事件的发生。

数据可用性声明　本研究数据已上传至数据共享平台 NCBI(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)，登录号：PRJNA1231259。本分析中使用的参考数据均可从 NCBI 公开数据库下载(网站地址：https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)。

参考文献

[1] Uzal F A, Freedman J C, Shrestha 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] Navarro M A, McClane B A, Uzal F A. Mechanisms of action and cell death associated with *Clostridium perfringens* toxins[J]. Toxins, 2018,

10(5): 212.

[3] 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暴发事件病原学分析 [J]. 疾病监测, 2024, 39(3): 382-387.

[4] 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.

[5] 刘海波, 王云霞, 刘颖, 等. 1 起由产气荚膜梭菌引起的聚集性腹泻事件的病原学分析 [J]. 江苏预防医学, 2023, 34(4): 469-470, 478.

[6] 邓志爱, 李孝权, 李钏华, 等. 食品中产气荚膜梭菌的分离鉴定与基因分型 [J]. 热带医学杂志, 2006, 6(6): 682-684, 690.

[7] 中华人民共和国卫生部. GB 4789.13—2012 食品安全国家标准 食品微生物学检验 产气荚膜梭菌检验 [S]. 北京: 中国标准出版社, 2012.

[8] Grass J E, Gould L H, Mahon B E. Epidemiology of foodborne disease outbreaks caused by *Clostridium perfringens*, United States, 1998–2010[J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2013, 10(2): 131-136.

[9] 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.

[10] 傅祎欣, 叶玲清, 李闽真, 等. 福建省 2019—2020 年生畜禽肉中产气荚膜梭菌污染状况分析 [J]. 海峡预防医学杂志, 2021, 27(3): 63-64.

[11] 姜艳芬, 王清爱. 零售肉品中产气荚膜梭菌的检测与定型: 以陕西关中地区为例 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2016, 44(11): 55-60, 69.

[12] 贾珊珊, 李沛军, 陈从贵. 肉类食品中产气荚膜梭菌及其控制研究进展 [J]. 肉类研究, 2016, 30(6): 45-51.

[13] 张仕泓, 王少林. 动物源产气荚膜梭菌耐药性研究进展 [J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(10): 2762-2771.

[14] Adams V, Han X Y, Lyras D, et al. Antibiotic resistance plasmids and mobile genetic elements of *Clostridium perfringens*[J]. Plasmid, 2018, 99: 32-39.

[15] 董卫超, 刘凌, 杜向党. 动物源产气荚膜梭菌耐药性的研究进展 [J]. 中国人兽共患病学报, 2012, 28(11): 1130-1132, 1154.

[16] Fourie J C J, Bezuidenhout C C, Sanko T J, et al. Inside environmental *Clostridium perfringens* genomes: antibiotic resistance genes, virulence factors and genomic features[J]. Journal of Water and Health, 2020, 18(4): 477-493.

[17] Antunes P, Machado J, Sousa J C, et al. Dissemination of sulfonamide resistance genes (*sul1, sul2, and sul3*) in Portuguese *Salmonella* enterica strains and relation with integrons[J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2005, 49(2): 836-839.

[18] 杨沂嫡, 梁永兵, 李君文, 等. 我国生活饮用水抗生素耐药基因污染现状及其检测技术研究进展 [J]. 中国公共卫生, 2021, 37(10): 1575-1579.

[19] 德艳艳, 姜志刚, 牛思博, 等. 携带非典型 *cpb2* 基因牛源 A 型产气荚膜梭菌重组 α 毒素的免疫保护性研究 [J]. 中国预防兽医学报, 2012, 34(7): 563-567.

[20] Zhong J X, Zheng H R, Wang Y Y, et al. Molecular characteristics and phylogenetic analysis of *Clostridium perfringens* from different regions in China, from 2013 to 2021[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1195083.