DOI: 10.16835/j.cnki.1000-9817.2025296

· 疾病控制 ·

一起学校 F 型产气荚膜梭菌食物中毒事件分析

郁旷明,彭健,杨素青,方叶珍,黄世旺,蒋思清,王书菁,金轶卉

杭州市上城区疾病预防控制中心(杭州市上城区卫生监督所),浙江 310004

【摘要】 **目的** 了解浙江省杭州市某校发生的一起食物中毒事件的流行病学及病原学特征,为相关突发性事件的科学处置提供参考依据。**方法** 通过流行病学调查确定 2024 年 5 月浙江省杭州市某校一起食物中毒事件,开展病例对照研究以查找可疑食物,采用卫生学调查发现风险因素,采集患者和从业人员肛拭、食堂留样、环节涂抹等标本进行病原体快速初筛,根据筛查结果进行可疑病原体产气荚膜梭菌(CP)分离鉴定,对分离菌株进行毒素基因检测和全基因组测序分析。**结果** 此次食物中毒事件共造成 45 人出现腹泻、腹痛等胃肠道症状,可疑食物为 5 月 29 日中餐学生食堂番茄炒蛋和玉米排骨。卫生学调查发现,该食堂在食物加工、制备、贮存环节存在污染风险。46 份肛拭和 10 份食堂留样 CP 16 S 阳性,27 份样本中分离出 59 株 CP,10 例病例和 1 名从业人员分离株的 CPE(*cpe*)阳性(F 型)、全基因组进化分析为同一来源。**结论** 该起食物中毒事件由携带 CPE(*cpe*)的 F 型 CP 感染引起,从业人员带菌为可能的暴发源头。建议食堂从业人员应加强培训并进行常见食源性病原体的定期监测。

【关键词】 梭菌,产气荚膜;食物中毒;基因;学生

【中图分类号】 G 478 R 155 R 181.3^{+2} 【文献标识码】 A 【文章编号】 1000-9817(2025)10-1493-05

Analysis of food poisoning event by type F Clostridium perfringens in a school

YU Kuangming, PENG Jian, YANG Suqing, FANG Yezhen, HUANG Shiwang, JIANG Siqing, WANG Shujing, JIN Yihui

Hangzhou Shangcheng District Center for Disease Control and Prevention

(Hangzhou Shangcheng District Health Supervision Institution), Hangzhou 310004, *Zhejiang Province, China*

【**Abstract**】 **Objective** To understand the epidemiological and etiological characteristics of food poisoning event occurred in a school in Hangzhou, Zhejiang, so as to provide reference for the scientific management of related emergencies. **Methods** By determining the nature of the event through epidemiological investigation, a case-control study was carried out to spot suspicious food in May 2024. The hygienic investigation was conducted to find out possible pollution links and factors, patients and canteen practitioners' anal swab, canteen retention samples, catering link daub and other specimens were collected , for rapid pathogen screening. And the suspected pathogen Clostridium perfringens (CP) were isolated and identified according to the screening results, and toxin gene detection and whole genome sequencing and cluster analysis of CP isolated strains were carried out. **Results** The incident resulted in 45 people experiencing gastrointestinal symptoms, such as diarrhea and abdominal pain. The suspicious food was tomato scrambled eggs and corn ribs provided by the student canteen for lunch on May 29. A hygiene investigation found that there was a risk of contamination in the food processing, preparation and storage. A total of 46 anal swabs and 10 canteen retention samples were positive for CP 16 S, 59 strains of CP were isolated from 27 samples, 10 cases and 1 practitioner isolate were positive for CPE (*cpe*) (F mode), and their whole genome evolution analysis was conducted based on the same source. **Conclusions** The food poisoning event is caused by CP infection carrying CPE (*cpe*) (F mode), and the possible sources of outbreak are the carriers of the CP by employees. It is recommended that cafeteria staff strengthen training on common foodborne diseases and conduct regular monitoring of pathogens.

【**Keywords**】 Clostridium perfringens; Food poisoning; Genes; Students;

产气荚膜梭菌(Clostridium perfringens,CP)是导致食源性疾病暴发的重要病原菌之一[1-4],美国 CP 食物中毒事件每年影响约 100 万人并造成 3.1 亿美元的经济损失[2],英国 8%~12%的胃肠道疾病与 CP 感染密切相关[3]。我国也时有由 CP 引起的学校食源性疾病暴发事件[5]。CP 是一种培养条件苛刻的专性厌氧芽孢梭菌,常以共生菌形式存在于健康人体肠道

【基金项目】 浙江省疾病预防控制科技计划项目(2025JK052)

【作者简介】 郁旷明(1978-),男,浙江杭州人,大学本科,副主任医师,主要从事学校食源性疾病防控工作。

【通信作者】 黄世旺,E-mail:hshw2003@163.com

中[6],在处理暴发事件时常被忽略导致漏检。随着各级实验室专性厌氧仪器的配备和荧光定量聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)、高通量测序(next generation sequencing, NGS)等分子生物学技术的不断进步,近几年我国由 CP 感染引起的食源性疾病暴发事件的报道明显增多[7-9]。

2024 年 5 月,浙江省杭州市某高级中学发生一起聚集性腹泻事件。在流行病学调查、统计学分析、病例对照研究等的基础上,采用巢式多重 PCR、荧光 PCR、靶向高通量测序技术(target next generation sequencing, tNGS)确定 CP 致病因子,使用专性厌氧设备分离阳性菌株,对 CP 分离株全基因组测序、构建系统发育树进行溯源分析,证实为一起由 F 型 CP 感染引起的学校食物中毒事件,同时该事件也是浙江省报道的首起由 CP 感染引起的食源性疾病暴发事件,现报道如下。

1 对象与方法

1.1 对象 2024 年 5 月 30 日 15:00,杭州市某区疾病预防控制中心(卫生监督所)接到属地某三甲医院报告,该院当日 13:00—15:00 陆续接诊 3 例腹泻、腹痛患者,均为某校学生,有共同就餐史。区疾病预防控制中心(卫生监督所)接报后,立即派出专业技术人员联合区市场监管局赶赴涉事学校开展联合调查。本次事件的搜索病例定义为:该校所有在校生、教职工、后勤人员。2024 年 5 月 28—30 日,在学校食堂就餐后一天内出现腹泻≥3 次,同时伴腹痛、腹胀、恶心、呕吐、发热(≥37.5℃)等症状之一者为临床诊断病例;同时在肛拭/粪便中培养或 PCR 方法检测到相关病原体为实验室确诊病例;另将一天腹泻<3 次、流行病学调查信息不全或已确诊其他病原体的个体排除于本次病例统计范围;共搜索发现 45 例病例。

1.2 方法

1.2.1 病例搜索及调查 通过询问、查阅学生因病缺课登记及教职工、后勤人员请假记录等方式在全校展开病例搜索,对搜索到的病例开展个案调查。使用《食物中毒事故个案调查登记表》[10],调查内容包括病例基本信息、发病症状、就诊情况和进餐史等。由现场流调人员进行电话询问或面对面调查。

1.2.2 现场卫生学调查 2024 年 5 月 30—31 日对该校食堂进行现场卫生学调查,向食堂从业人员询问食材原料来源以及运输情况,对厨房卫生状况进行初步评估。同时调取 5 月 29—30 日食堂监控录像,查看食物加工、制作、贮存等环节是否存在风险因素。

1.2.3 样本采集 共采集各类样本 252 件,包含 25 名发病学生、27 名食堂从业人员和 4 名咖啡吧服务员的肛拭标本,168 份食堂留样、2 份咖啡吧在售食品、8 份教室直饮水、18 份餐饮环节涂抹样本。

1.2.4 实验室检测

1.2.4.1 可疑病原体初筛 (1)Filmarray 检测:挑选 5 例症状典型发病学生的肛拭子振荡混匀,各吸取 200 μL放入同一离心管中混合,采用 Filmarray GI Panel(生物梅里埃公司,RFIT-ASY-0116)22 种胃肠道感染检测芯片进行巢式多重 PCR 检测。(2)荧光 PCR 筛查:将上述 5 份肛拭标本分别提取核酸进行其他相关胃肠道病原体荧光 PCR 筛查。

1.2.4.2 样本 CP 对剩余 247 份样本进行 CP 16 S 种属基因荧光 PCR 检测。对 CP 16 S 阳性样本进行 6 种毒素基因检测,包括 α 毒素(*plc/cpa* 基因)、β 毒素(*cpb* 基因)、ε 毒素(*etx* 基因)、ι 毒素(*iap* 和 *ibp* 基因)、肠毒素(clostridium perfringens enterotoxin, CPE)(*cpe* 基因)和坏死性肠炎 B 毒素(Necrotic enteritis B-like toxin, NetB)(*netB* 基因)。

1.2.4.3 CP 菌株分离、毒素基因鉴定 按食品微生物学检验产气荚膜梭菌检验(GB 4789.13—2012)[11]对 CP 16 S 阳性的肛拭标本和食堂留样进行厌氧培养分离。对 CP 分离株进行 6 种毒素基因检测。

1.2.4.4 菌株全基因组测序及组装 将菌株纯化培养后使用 TIANamp Bacteria DNA Kit(T IAN GEN, DP302)试剂盒提取细菌全基因组 DNA,使用 Enzymic Universal DNAseq Library Prep Kit(KAITAI-BIO, AT4107)建库试剂盒进行文库构建,在 Illumina NovaSeq 6000 平台进行全基因组测序,对测序得到的原始数据进行质控(删除接头及碱基质量较低的测序读长后得到 clean data,使用 FastQC v0.12.1 软件检测 clean data 的质量,使用 Unicycler v0.4.8 软件进行 de novo 组装[12],使用 checkM v1.2.2 软件检测组装后的基因组质量[13]。

1.2.4.5 基因组溯源分析 以 CPS 2a(NZ_CP075903.1)作为参考菌株,使用 snippy(https://github.com/tseemann/snippy)将全基因组测序原始数据进行比对获得单核苷酸突变位点(single nucleotide variants, SNVs);将 SNVs 位点连锁后,使用 RAxML 软件构建基因组系统发育进化树(模型为 GTRGAMM, Bootstrap = 1 000)[14],并采用 GGTREE 软件对系统发育树进行可视化[15]。

1.3 统计学分析 采用 Excel 2003 软件建立数据库,使用 SPSS 17.0 软件对数据资料进行统计分析。潜伏期计量资料采用中位数和四分位数间距表示,分类资料采用频数和率/构成比表示。采用 χ^2 检验比较不同

组间暴露率,采用比值比(odds ratio, OR)及其 95% *CI* 评估病例组与对照组中某种食物食用的患病风险。以 $P<0.05$ 为有统计学意义。

2　结果

2.1　学校基本情况　事发学校为杭州市某高级中学分校区,设高一至高三 3 个年级,共有 33 个班 1 487 名学生、128 名教职工和 32 名后勤人员(从事食堂工作 27 名)。高一 12 个班 544 名学生,高二 11 个班 496 名学生,高三 10 个班 447 名学生。该校食堂委托第三方公司运营,人员和食材原料由其供应。设置学生和教师食堂各 1 个,工作人员 27 名,其中 22 名服务学生,5 名服务老师,二者不混用。师生分开用餐,均为堂食。中餐、晚餐统一在校内食用,早餐不强制。食堂另设西点房、咖啡吧各 1 间,供应面包、甜点、三明治、饮品,工作人员 4 名。饮用水源为带有滤芯且具备沸腾功能的直饮水,师生共用,每层楼 2 台饮水设备。学校共有 2 幢教学楼(以下称 A 楼和 B 楼)和 1 幢行政楼,均为 6 层,2 幢教学楼在行政楼的两侧,呈 U 字型结构。每层楼中间由走廊相连,各设男、女厕所 1 间。高一、高二各有 10 个班在 A 楼上课,剩余班级和高三 10 个班均在 B 楼;A 楼学生总数为 905 名,B 楼学生总数 582 名。该校为半走读学校,有宿舍楼 3 幢(校内 1 幢,校外 2 幢)。

2.2　流行病学特征

2.2.1　时间分布　首例病例的发病时间为 5 月 29 日 16:00 左右,发病高峰为 5 月 30 日 1:00—4:00,末次病例为 5 月 30 日 8:00,31 日后无新发病例。首末病例间隔 16 h,中位数为 30 日 1:00。截止 31 日 0:00 时,共搜索发现 45 例腹泻病例,其中实验室确诊 25 例,临床诊断 20 例。根据病例共同就餐时间推测,最短潜伏期为 4 h,最长 20 h,中位数 13 h。

2.2.2　人群分布　45 例病例均为学生,男生 17 例,女生 28 例,男女比例为 1∶1.65,学生罹患率为 3.03%(45/1 487)。病例临床表现以腹泻(45 例)、腹痛(43 例)为主,部分病例伴有恶心症状(3 例),所有病例均无发热和呕吐。无重症和死亡病例。

2.2.3　空间分布　45 例病例分布在高一至高三的 18 个班级,其中高一 6 个班,高二 9 个班,高三 3 个班;发病人数最多的 7 人,最少的 1 人,18 个班级罹患率为 2.22%~15.56%。高一至高三学生罹患率分别为 2.64%(14/530),5.53%(26/470),1.13%(5/442),差异有统计学意义($\chi^2=14.22$, $P<0.01$)。

2.2.4　可疑暴露因素　该校中餐、晚餐供应时间分别为 11:30—12:30,17:00—18:00,按高三、高一、高二的顺序错峰用餐,中间间隔 20 min,各年级所用食物相同。从罹患率来看,高二>高一>高三,说明 CP 在食物中暴露时间越长,感染风险越大。首例病例于 29 日 16:00 发病,当时尚未进食当日晚餐,距 28 日晚餐供应时间 23 h;末次病例发病时间为 30 日 8:00,与 28 日晚餐的间隔时长更是达到 39 h,与产气荚膜梭菌常见的潜伏期为 8~24 h[16] 相去甚远,因此本起腹泻事件可疑餐次集中在 5 月 29 日学生食堂的早餐和中餐。调查发现,45 名发病学生 5 月 29 日均在学生食堂食用了当日中餐,而早餐仅 2 名食用,故推测可疑餐次为 5 月 29 日学生食堂提供的中餐。选择 5 月 29 日中午在学生食堂就餐的 35 名无任何症状学生作为对照组,以 45 名腹泻学生为病例组,对该餐次学生食用情况开展病例对照调查。结果显示食用番茄炒蛋、玉米排骨的学生患病风险分别是未食用者的 6.70 和 9.71 倍[*OR* 值(95% *CI*)分别为 6.70(1.40~32.09),9.71(1.18~80.05),*P* 值均<0.05]。

2.3　卫生学调查　调查显示,该校食堂经营场地布局合理,食材原料来源正规,运输流程安全可靠;食堂内设有留样柜、熟食间、洗消室等常用设施设备,均可正常运行,环境卫生整体较为整洁。但部分食物在加工、制作、贮存环节存在较大的污染风险。

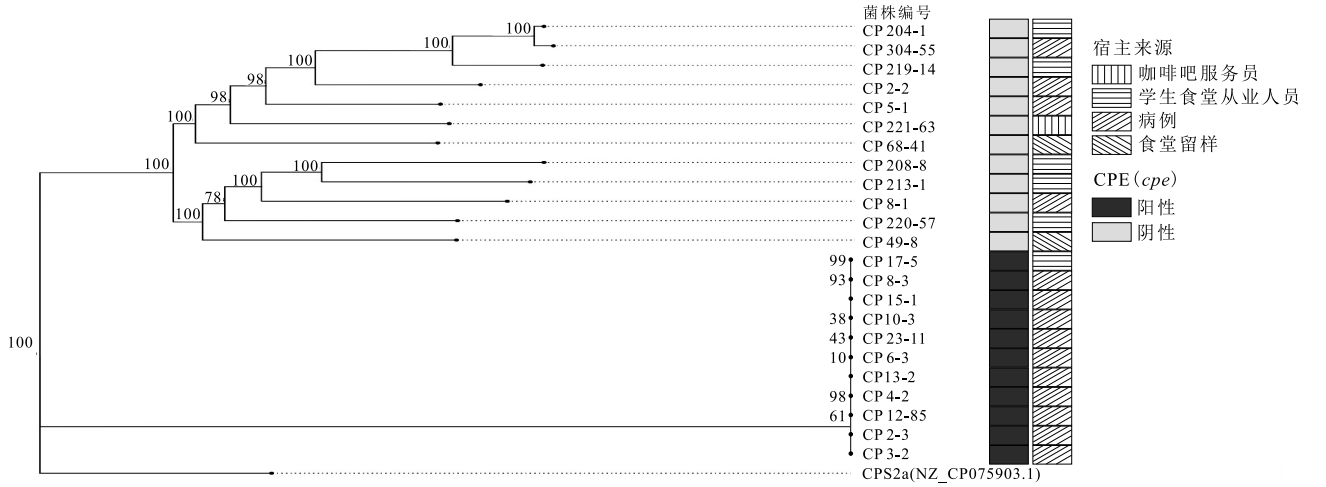
2.4　实验室检测

2.4.1　病原体筛检结果　(1)Filmarray 多重 PCR 初筛:5 名症状典型学生肛拭子样本混合物采用 Filmarray GI Panel 胃肠道感染检测芯片对 22 种病原微生物进行初步筛查,结果均为阴性。(2)荧光 PCR 检测:将上述 5 份肛拭标本分别提取核酸,进行其他 8 种相关胃肠道病原体荧光 PCR 检测,结果显示 5 份标本均检出 CP 16 S,其他病原体均阴性。

2.4.2　样本中 CP 16 S 与毒素基因检测结果　25 例病例、20 名食堂从业人员、1 名咖啡吧服务员肛拭和 10 份食堂留样中均检出 CP 16 S 和 α 毒素(*plc/cpa*),其中 25 例病例、14 名食堂从业人员肛拭中同时检出 CPE(*cpe*);所有 CP 16 S 阳性样本的 β 毒素(*cpb*)、ε 毒素(*etx*)、ι 毒素(*iap* 和 *ibp*)和 NetB(*netB*)均阴性。且 2 份可疑食物并未检出 CP 16 S。

2.4.3　CP 菌株分离及毒素基因检测情况　对 CP 16S 阳性样本进行厌氧培养,共从 27 份样本中分离出 59 株 CP。其中 CPE(*cpe*)阳性 22 株,来自 10 名病例和 1 名学生食堂从业人员;CPE(*cpe*)阴性 37 株,来自 8 名病例[2 名同时 CPE(*cpe*)阳性]、7 名食堂从业人员、1 名咖啡吧服务员和 2 份食堂留样。所有 CP 分离株的 α 毒素(*plc/cpa*)均阳性,β 毒素(*cpb*)、ε 毒素(*etx*)、ι 毒素(*iap* 和 *ibp*)和 NetB(*netB*)均阴性。

2.4.4　全基因组溯源分析　为分析 CPE(*cpe*)阳性株、CPE(*cpe*)阴性株与暴发事件关联性,挑选本次分离的 11 株 CPE(*cpe*)阳性株(来自 10 例学生病例和 1 名学生食堂从业人员)和 12 株 CPE(*cpe*)阴性株(来自 4 例学生病例、5 名学生食堂从业人员、1 名咖啡吧工作人员、2 份食堂留样)进行全基因组测序,以 CPS 2a(NZ_CP075903.1)为参考菌株,构建基于全基因组的系统发育进化树,如图 1。结果显示,11 株 CPE(*cpe*)阳性株基因组高度相似,在进化树中聚在了一簇,提示为共同来源,分析本次暴发事件的致病因子为携带 CPE(*cpe*)的 CP,从业人员带菌可能为该事件的感染源头;其次,12 株 CPE(*cpe*)阴性株基因组差异明显,分散在进化树不同分支上,符合人体正常带菌多样性;此外,2 号和 8 号病例同时检出 CPE(*cpe*)阳性株和 CPE(*cpe*)阴性株,推测阴性株为患者发病前正常携带、阳性株为此次腹泻暴发事件新近感染。



注:共设 24 株 CP,其中 23 株来自本事件[11 株 CPE(*cpe*)阳性]、12 株 CPE(*cpe*)阴性,另 1 株为 CP 参考菌株;CP 204-1 中 204 代表样本号,-1 代表菌落号,其他依此类推;进化树节点处标注的数字为自检值,反映了拓扑分支结构准确性。

图 1　基于 24 株产气荚膜梭菌的全基因组系统发育进化树

Figure 1　Whole genome phylogenetic tree of 24 CP perfringens strains

3　讨论

F 型 CP 产生的主要毒素为 α 毒素和 CPE,其中 α 毒素在所有 CP 中均携带[17],而 CPE 则是 CP 引起食源性疾病的唯一毒素[18]。CPE 毒素是一种分子量大小为 35 kDa 的孔形成毒素,可与 claudin 受体结合,引起肠上皮脱落、肠坏疽、肠液吸收障碍等胃肠道疾病[19]。一旦摄入受污染的食物,F 型 CP 会在肠道内迅速生长,形成孢子,这种体内孢子化在 F 型 CP 致病机制中起着关键作用,即仅在肠道内形成孢子时才会产生 CPE[20]。此外,由于缺乏分泌信号肽,只有在 CP 裂解释放成熟孢子时 CPE 才会进入肠腔[19]。提示学校、餐厅等公共场所食品从业人员在腹泻症状发生时需立即停止工作,同时在执业上岗时除取得健康证外,还应进行常见食源性病原菌的检测以及岗前培训。

CP 导致的食物中毒大多发生在集体用餐中,潜伏期为 8~24 h,临床表现以腹泻、腹痛为主,常在较短的同一时间集中发病,中毒食物多为同批大量加热烹煮后在较高温度下长时间地缓慢冷却且不经再加热而直接供餐的肉、鸡、鸭、鱼或其他菜肴及其汤汁[16]。本事件中患者均为学生,临床症状为腹泻、腹痛,首末病例间隔 16 h,潜伏期介于 4~20 h,可疑食物经烹制后较高温度存放数小时缓慢冷却、且食用前未重新加热,临床症状与流行病学均符合 CP 食物中毒判定原则。同时,在采集的 25 名病例肛拭标本中均检测到 CPE(*cpe*),与《产气荚膜梭菌食物中毒诊断标准及处理原则》(WS/T 7—1996)[16]中实验室诊断部分相对应。在后续的分离鉴定中,共从 27 份样本中分离出 59 株 CP,其中 22 株携带 CPE(*cpe*)。11 株来自 10 名病例和 1 名食堂工作人员的 CPE(*cpe*)阳性株在进化树上聚为一簇,为同一来源;12 株 CPE(*cpe*)阴性株分散在进化树不同分支上,为不同来源,符合人体正常带菌多样性。最终认为该事件为一起由携带 CPE(*cpe*)的 F 型产气荚膜梭菌感染引起的学校食物中毒事件,从业人员带菌为可能的暴发源头。提示对学校食堂从业人员加强培训和进行常见食源性疾病病原体定期监测的必要性。

调查发现,学生食堂按高三、高一、高二的顺序错峰 20 min 用餐,最早用餐的高三就餐时 CP 在食物中暴露时间最短、发病人数也最少;随着暴露时间的增加,越晚就餐感染风险越大,可能是罹患率高三<高一<高二的主要原因。病例对照研究显示,5 月 29 日中餐学生食堂提供的番茄炒蛋和玉米排骨为可疑食

品，后续的荧光 PCR 检测中两份食品 CP 16 S 均为阴性，未进一步检测 CPE（*cpe*）和进行 CP 分离培养。

本研究存在一些不足之处：由于疾病预防控制中心工作人员介入时间晚，未在食品、餐饮环节中检出携带 CPE（*cpe*）的 CP，不能明确致病菌最初污染来源，提示校园食品安全事件早期报告的重要性。另外，国内大多数基层疾病预防控制中心并不具备开展动物实验的条件，此次事件中并没有从患者和从业人员体内检测到 CP 肠毒素的直接证据，无法判断 CPE（*cpe*）阳性的食堂从业人员为事件施害方还是受害方。

利益冲突声明　所有作者声明无利益冲突。

参考文献

[1] SAITO K, KIMATA K, WATAHIKI M, et al. Investigation of an outbreak of clostridium perfringens in Toyama, Japan, 2023 using single-nucleotide polymorphism analysis for genotyping[J]. Jpn J Infect Dis, 2025, 78(1): 47-50.

[2] GRASS J E, GOULD L H, MAHON B E. Epidemiology of foodborne disease outbreaks caused by Clostridium perfringens, United States, 1998-2010[J]. Foodborne Pathog Dis, 2013, 10(2): 131-136.

[3] ALEX B, SARAN S, DAMON B, et al. Outbreak of Clostridium perfringens food poisoning linked to leeks in cheese sauce: an unusual source [J]. Epidemiol Infect, 2020, 148: e43.

[4] KIM S, SON H. An outbreak of Clostridium perfringens infection on a training ship anchored in Busan, Korea[J]. Epidemiol Health, 2024, 46: e2024086.

[5] 庄茂强，吴光健，蒋玉艳，等. 2010—2020 年中国大陆学校食源性疾病暴发事件分析[J]. 中国食品卫生杂志，2022，34(5)：1022-1028.
ZHUANG M Q, WU G J, JIANG Y Y, et al. Foodborne disease outbreaks in schools in China's mainland from 2010 to 2020[J]. Chin J Food Hyg, 2022, 34(5): 1022-1028. (in Chinese)

[6] SCALLAN E, GRIFFIN P M, ANGULO F J, et al. Foodborne illness acquired in the United States - unspecified agents[J]. Emerg Infect Dis, 2011, 17(1): 16-22.

[7] 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.
ZHAO F L, GAO X, ZOU L, et al. Etiological analysis on an outbreak of foodborne disease caused by Clostridium perfringens in Beijing, 2022[J]. Dis Surveillance, 2024, 39(3): 382-387. (in Chinese)

[8] 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 L, DAI H, JIAN J, et al. Investigation of a foodborne disease outbreak caused by Clostridium perfringens in Guizhou Province and pathogen tracing[J]. Chin J Food Hyg, 2024, 36(5): 557-563. (in Chinese)

[9] 弋英，郭凯，肖华，等. 导致一起食物中毒的产气荚膜梭菌的病原学特征和全基因组序列分析[J]. 中华预防医学杂志，2024，58(11)：1789-1795.
YI Y, GUO K, XIAO H, et al. Etiological characteristics and whole genome sequence analysis of Clostridium perfringens causing a food poisoning outbreak[J]. Chin J Prev Med, 2024, 58(11): 1789-1795. (in Chinese)

[10] 浙江省卫生厅. 浙江省卫生监督机构食物中毒调查处理指导意见[Z]. 杭州：浙江省卫生厅，2007.
Zhejiang Provincial Department of Health. Guidance on investigation and handling of food poisoning by health supervision agency of Zhejiang Province[Z]. Hangzhou: Zhejiang Provincial Health Department, 2007. (in Chinese)

[11] 中华人民共和国卫生部. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 产气荚膜梭菌检验：GB 4789.13—2012[S]. 北京：中国标准出版社，2012.
Ministry of Health of the PRC. National food safety standard-microbiological examination of food examination of Clostridium perfringens: GB 4789.13-2012[S]. Beijing: Standards Press of China, 2012. (in Chinese)

[12] WICK R R, JUDD L M, GORRIE C L, et al. Unicycler: resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads[J]. PLoS Comput Biol, 2017, 13(6): e1005595.

[13] GUREVICH A, SAVELIEV V, VYAHHI N, et al. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies[J]. Bioinformatics, 2013, 29(8): 1072-1075.

[14] STAMATAKIS A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies[J]. Bioinformatics, 2014, 30(9): 1312-1313.

[15] XU S, LI L, LUO X, et al. Ggtree: a serialized data object for visualization of a phylogenetic tree and annotation data[J]. Imeta, 2022, 1(4): e56.

[16] 中华人民共和国卫生部. 产气荚膜梭菌食物中毒诊断标准及处理原则：WS/T 7—1996[S]. 北京：中国标准出版社，2000.
Ministry of Health of the PRC. Diagnostic criteria and principles of management for food poisoning of Clostridium perfringens: WS/T 7-1996[S]. Beijing: Standards Press of China, 2000. (in Chinese)

[17] FERREIRA M K, MOREIRA G M, CUNHA C E, et al. Recombinant alpha, beta, and epsilon toxins of Clostridium perfringens: production strategies and applications as veterinary vaccines[J]. Toxins (Basel), 2016, 8(11): 340.

[18] ADAMS V, HAN X, LYRAS D, et al. Antibiotic resistance plasmids and mobile genetic elements of Clostridium perfringens[J]. Plasmid, 2018, 99: 32-39.

[19] LI J, MCCLANE B A. NanH is produced by sporulating cultures of Clostridium perfringens type f food poisoning strains and enhances the cytotoxicity of c. perfringens enterotoxin[J]. mSphere, 2021, 6(2): e00176-00121.

[20] LI J, PAREDES-SABJA D, SARKER M R, et al. Clostridium perfringens sporulation and sporulation-associated toxin production[J]. Microbiol Spectr, 2016, 4(3): 10.1128.

收稿日期：2025-03-28　**修回日期**：2025-07-14　**本文编辑**：顾璇