

## 调查研究

## 2020—2021年辽宁省食源性单核细胞增生李斯特菌毒力基因分布

孙婷婷,王伟杰,李雪

(辽宁省疾病预防控制中心,辽宁沈阳 110005)

**摘要:**目的 分析2020—2021年辽宁省食源性单核细胞增生李斯特菌(Lm)毒力基因分布特征及分子血清分型情况。方法 采用普通PCR方法对Lm的19个毒力基因包括毒力岛I在内的6个位点(*prfA*、*plcA*、*plcB*、*hlyA*、*mpl*和*actA*)和毒力岛II内化素家族蛋白基因的10个位点(*inlA*、*inlB*、*inlC*、*inlD*、*inlE*、*inlF*、*inlG*、*inlH/C2*、*inlI*、*inlJ*),以及3个毒力基因相关位点(*iap*、*fbpA*、*hpt*)进行检测。同时应用多重PCR对所有菌株进行5种(1/2a、1/2b、1/2c、4b和3a)血清型分型检测。结果 在辽宁省食源性分离到的91株Lm中,36株Lm的19种毒力基因全部检出,其检出率高达39.6%。55株Lm菌株出现2种及2种以上毒力基因的不同缺失。*inlG*和*inlF*基因缺失率较高,分别为41.8%(38/91)和52.7%(48/91)。依据毒力基因携带情况,可分为13个基因型,其中携带19种毒力基因的I型为辽宁省的优势基因型别。辽宁省Lm被分成4组分子血清型,1/2a(3a)血清型占比为59.3%(54/91),1/2b(3b)占比为34.1%(31/91),1/2c(3c)占比为3.3%(3/91),4b(4d、4e)占比为3.3%(3/91),3株4b血清型均分离自肉及肉制品。结论 辽宁省食源性Lm的毒力基因携带率高,毒力基因缺失具有多样性且存在样品种类上的差异。

**关键词:**单核细胞增生李斯特菌;毒力基因;毒力岛;食源性致病菌;辽宁

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)04-0445-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.04.013

**Distribution of virulence genes of foodborne *Listeria monocytogenes* in Liaoning Province, 2020—2021**

SUN Tingting, WANG Weijie, LI Xue

(Liaoning Provincial Center for Disease Control and Prevention, Liaoning Shenyang 110005, China)

**Abstract: Objective** To analyze the distribution characteristics of virulence genes and drug resistance of foodborne *Listeria monocytogenes* (Lm) in Liaoning Province, 2020—2021. **Methods** The 19 virulence genes of Lm including 6 loci (*prfA*, *plcA*, *plcB*, *hlyA*, *mpl* and *actA*) and 10 loci of virulence island II (*inlA*, *inlB*, *inlC*, *inlD*, *inlE*, *inlF*, *inlG*, *inlH/C2*, *inlI* and *inlJ*), and the other 3 virulence related loci (*iap*, *fbpA*, *hpt*) were detected by PCR. **Results** Among 91 Lm strains, the detection rate of 19 virulence genes was 39.6%. All 19 virulence genes of 36 Lm strains were detected, and 55 Lm strains showed different deletions of two or more virulence genes. *inlG* and *inlF* were the most seriously deficient, with a deletion rate of 41.8% (38/91) and 52.7% (48/91). According to the virulence gene deletion, 91 strains could be divided into 13 genotypes, and the dominant virulence genotype was type I with all 19 virulence genes. The 91 Lm strains were divided into four PCR serotypes, namely, 1/2a (3a), 1/2b (3b), 1/2c (3c) and 4b (4d, 4e), with the proportions of each serum 59.3% (54/91), 34.1% (31/91), 3.3% (3/91) and 3.3% (3/91), respectively. The 3 strains of serotype 4b were all from meat and meat products. **Conclusion** The virulence gene carrying rate of foodborne Lm in Liaoning Province is high, and the virulence gene deletion has diversity and sample differences.

**Key words:** *Listeria monocytogenes*; virulence genes; pathogenicity island; foodborne pathogen; Liaoning Province

单核细胞增生李斯特菌(*Listeria monocytogenes*,

Lm)是革兰阳性短杆菌、胞内寄生致病菌,该菌主要特点为在4℃环境中可生长繁殖,-20℃仍可存活,可导致败血症、新生儿脑膜炎及孕妇流产<sup>[1]</sup>等。该菌引起食源性疾病的发病率并不高,但致病性强,死亡率可高达30%<sup>[2]</sup>。该菌广泛分布于多种食物中,常存在于熟肉、生食食品中<sup>[3]</sup>。Lm依赖毒力因

收稿日期:2022-11-17

作者简介:孙婷婷 女 副主任技师 研究方向为食源性致病菌

E-mail:625189086@qq.com

通信作者:李雪 女 主任技师 研究方向为食源性致病菌

E-mail:625189086@qq.com

子侵袭宿主,其主要与毒力基因岛密切相关(*Listeria pathogenicity islands*, LIPI)可分为 LIPI-1<sup>[3-4]</sup>、LIPI-2<sup>[5-6]</sup>、LIPI-3<sup>[7]</sup>、LIPI-4<sup>[8-9]</sup>。研究发现,虽然 Lm 有 13 种血清型,但 95% 的食品和患者分离株主要血清型是 1/2a、1/2b、1/2c 和 4b。分子血清学方法主要体现在操作简便、快速、易于分析,更适用于基层实验室,可以为 Lm 病的暴发确认提供最早的检测信息。从食品中分离的 Lm 菌株中由于样品种类的不同,其毒力和致病力也会不同,因此通过检测 Lm 的毒力携带情况寻找致病性的规律,对更好地了解食源性疾病的监测具有重要的指导意义。

本文主要研究从食品中分离的 91 株 Lm 进行 19 个毒力基因的检测分析并进行分子血清学分型,建立食品中 Lm 分子血清分型基因库,以填补对辽宁省 Lm 流行的分子血清分型研究的空白,毒力基因进行快速检测为辽宁省食源性 Lm 的溯源及追踪打下基础。分子血清分型及毒力基因之间是否存在一定的关系进行探讨,由于食源性 Lm 样品来源的不同,毒力和致病力也会不同,因此检测 Lm 的毒力携带情况来寻找致病性的规律,对更好地了解食源性疾病的监测具有重要的指导意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

#### 1.1.1 菌株来源

2020—2021 年自辽宁省不同地区的 4 类食品中分离出 91 株 Lm,分别为肉与肉制品 64 株、餐饮食品 10 株、食用菌 16 株及水产品 1 株。质控菌株 Lm ATCC 19115 为本实验室保存。

#### 1.1.2 主要仪器与试剂

Z32HK 高速离心机;CKX41 显微镜成像系统(日本 OLYMPUS);S1000 PCR 扩增仪、PowerPac 水平电泳仪、Del-Doc 凝胶成像系统均购自美国 Bio-Rad。

琼脂糖(美国 SIGMA-ALDRICH);李斯特菌显色平板(法国科玛嘉);木糖、鼠李糖、含 0.6% 酵母浸膏的胰酪胨大豆琼脂(TSA-YE)、M-H 培养基均购自北京陆桥技术股份有限公司;VITEK 生物鉴定板(法国梅里埃);细菌 DNA 提取试剂盒(北京卓诚惠生生物科技股份有限公司);Lm 诊断血清(日本生研)。PCR 反应体系 TaKaRa premix *Taq*<sup>™</sup>、DNA Marker 2 000 bp 均购自宝生物工程(大连)有限公司,PCR 引物由通用生物系统(安徽)有限公司合成。

### 1.2 方法

DNA 模板的提取:依据 GB 4789.30—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 单核细胞增生李斯特氏菌检验》方法分离 Lm。从血平板挑取过夜培养的新鲜菌落,用取菌环挑取单菌落,加入 200  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O 中充分混匀,13 000 r/min 离心 3 min 后吸弃上清,加入 50  $\mu$ L 核酸提取液充分振荡混匀、瞬时离心 30 s,将含有菌液的 EP 管沸水浴 10 min 后,13 000 r/min 离心 10 min,将上清液小心移至标记好的洁净 EP 管中,取上清液作为 PCR 反应模板,-80  $^{\circ}$ C 保存备用。参照 GB 4789.30—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 单核细胞增生李斯特氏菌检验》方法和食源性疾病的监测的指导方针,血清凝集试验方法参照 Lm 诊断血清使用说明书,O 抗原采用玻片凝集法,H 抗原采用试管凝集法。

毒力基因检测和血清型分型检测:引物序列及扩增片段大小见表 1,方法参照文献[10-15]。

### 1.3 统计学分析

采用 Excel 2019 软件建立数据库,采用 SPSS 22.0 软件进行计算,组间比较采用  $\chi^2$  检验,检验水准  $\alpha=0.05$ ,以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。利用 Bio Numerics 7.6 软件进行计算,出现条带模式来计算相似性百分比。

## 2 结果与分析

### 2.1 毒力基因检测结果

辽宁省食品中 36 株 Lm 携带全部毒力基因,占比为 39.6%,55 株 Lm 菌株出现 2 种及 2 种以上毒力基因缺失情况,占比为 60.4%,毒力基因检出情况见表 3。从辽宁省食品中发现 Lm 携带全部毒力基因的 36 株样品全部来自肉及肉制品的占比高于其他种类食品,检出率为 39.6%,其余 9 种毒力基因,检出率为 100%,*inlG* 和 *inlF* 基因缺失率较高,分别为 41.8%(38/91)和 52.7%(48/91)。

### 2.2 毒力基因模式分析

缺失毒力基因情况聚类分析比较(图 1),辽宁省食品中 Lm 毒力基因型别可以分为 13 种,其中主要为携带全部毒力基因的 I 型,共 36 株,占 39.6%;其次为缺失 *inlF*、*inlG*、*inlJ* 毒力基因的 X 型,共 10 株,占 11.0%;以及缺失 *inlF* 和 *inlG* 毒力基因的 XII 型,共 9 株,占 9.9%。I 型和 X 型样品全部来自肉与肉制品,XII 样品主要来自肉与肉制品、食用菌、餐饮食品。

### 2.3 分子及免疫血清分型

分子血清分型可分为 1/2a(3a)、1/2b(3b)、1/2c(3c)和 4b(4d、4e)<sup>[17]</sup>,各血清占比分别为 59.3%

表1 单核细胞增生李斯特菌毒力基因和血清学分型引物

Table 1 Primers of *Listeria monocytogenes* virulence

目的基因	引物序列(5'-3')	片段长度/bp	参考文献
<i>prfA</i>	F-ACCAATGGGATCCACAAGA	467	[5]
	R-CAGCTGAGCTATGTGCGAT		
<i>plcA</i>	F-CTCGGACCATTGTAGTCATCTT	326	[6]
	R-CACTTTCAGGCGTATTAGAAAACGA		
<i>plcB</i>	F-GATAACCCGACAAAATACTGA	286	[7]
	R-CCACCGATTGATTGAAATA		
<i>hlyA</i>	F-GCAGTTGCAAGCGCTTGGAGTGAA	456	[8]
	R-GCAACGTATCCTCCAGAGTGATCG		
<i>mpl</i>	F-CGCTAAGTTCTGCTGGTT	207	[9]
	R-TTCCGACATAACTTTTCACA		
<i>actA</i>	F-TAGCGTATCACCAGGAGG	539	[16]
	R-TTTTGAATTTTCATATCATTACCC		
<i>inlA</i>	F-CAACGTTTGATAATGACGGTGT	458	[16]
	R-ATTTGTAGTCGGCGGACTGT		
<i>inlB</i>	F-AAAGCAGATTTCATGGGAG	146	[7]
	R-ACATAGCCTTGTGGTCCG		
<i>inlC</i>	F-CCATCTGGGTCTTTGACAGTA	398	[16]
	R-CAAATAAGTGACCTTAGTCCTT		
<i>inlD</i>	F-CTTGTTCCCTAATAACAT	449	[9]
	R-GAACGTATAGCCATCCTTCG		
<i>inlE</i>	F-GGCCTTTCTGGTGAGCTT	402	[9]
	R-TGGTTCTTCGTTCTCAGTG		
<i>inlF</i>	F-TGACTTATTTGCAGTTGGGGT	1 119	[16]
	R-TTGGTTCAGGAATAAGCGCG		
<i>inlG</i>	F-GTGAAGACGGAACTTGAAA	668	[17]
	R-GCTTCTACTATCGGTTGAACA		
<i>inlH/C2</i>	F-ATAGCTACTTTATCAGCATT	437	[17]
	R-ATATCACTTATTTTATTATCATC		
<i>inlI</i>	F-GTTTCCAGACGACAATCTTGCTA	635	[17]
	R-AATCGGTACAGTTACTCGCATCA		
<i>inlJ</i>	F-AAATCCAGCCCTGAAAAAG	545	[16]
	R-CGCCTGTTTTGCTAGGGTA		
<i>iap</i>	F-TTTGCTAAAGCGGGTATCTC	205	[10]
	R-AGCCGTGGATGTATCGTAT		
<i>fbpA</i>	F-GCTGAACAAGGCTATCT	171	[2]
	R-CCAGTATTCATTATCCCTA		
<i>hpt</i>	F-CCGTTTATTGTATTCAAGC	331	[2]
	R-GTTCCAGTTAAGCCATT		

表2 引物序列

Table 2 Serotype primers used in the test

基因	引物序列(5'-3')	片段长度/bp	血清型
<i>Lmo0737</i>	F-AGGGCTTCAAGGACTTACCC	691	1/2a、1/2c、 3a、3c
	R-ACGATTTCTGCTTGCCATTC		
<i>Lmo1118</i>	F-AGGGGTCTTAAATCCTGGAA	906	1/2c、3c
	R-CGGCTTGTTCCGGCATACTTA		
<i>ORF2819</i>	F-AGCAAAATGCCAAAACCTCGT	471	1/2b、3b、 4b、4d、4e
	R-CATCACTAAAGCCTCCCATTC		
<i>ORF2110</i>	F-AGTGGACAATTGATTGGTGAA	597	4b、4d、4e
	R-CATCCATCCCTTACTTTGGAC		
<i>prs</i>	F-GCTGAAGAGATTGCCAAAAGAAG	370	李斯特菌属 所有菌株
	R-CAAAGAAACCTTGATTGCGG		

(54/91)、34.1%(31/91)、3.3%(3/91)和3.3%(3/91)。结果见表3。本研究中1/2a(3a)和1/2b(3b)

表3 2020—2021年辽宁省单核细胞增生李斯特菌毒力基因检测结果(n=91)

Table 3 Test results of virulence genes of *Listeria monocytogenes* detection in Liaoning Province, 2020—2021(n=91)

毒力基因	阳性菌株数	检出率/%
<i>prfA</i>	77	84.6
<i>plcA</i>	87	95.6
<i>actA</i>	66	72.5
<i>mpl</i>	84	92.3
<i>inlD</i>	79	86.8
<i>inlE</i>	75	82.4
<i>inlF</i>	48	52.7
<i>inlG</i>	38	41.8
<i>inlH/C2</i>	78	85.7
<i>inlJ</i>	59	64.8

血清型占比例相对较多,3株4b血清型的食品分离株均来自肉及肉制品,分别是鲜鸡胸肉、鲜牛肉及

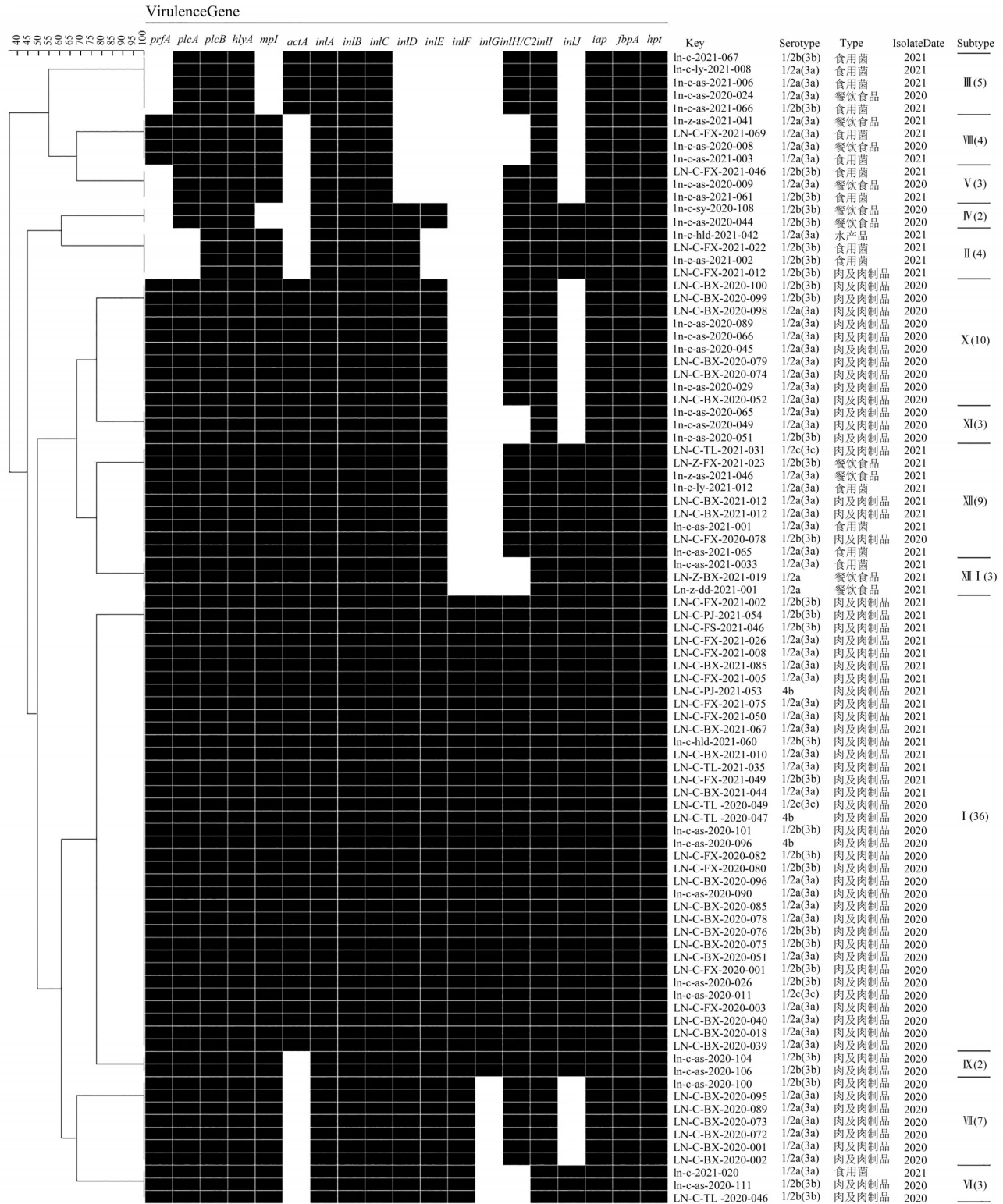


图1 2020—2021年辽宁省单核细胞增生李斯特菌毒力基因聚类分析图

Figure 1 Cluster analysis of virulence genes of *Listeria monocytogenes* in Liaoning Province, 2020—2021

鲜猪肉。91株 Lm 免疫血清凝集结果见图 1,免疫血清型别与多重 PCR 血清型结果一致。

### 2.4 不同样品分离 Lm 菌株的分子血清型与毒力基因型别分布情况

不同样品分离菌株毒力基因缺失差异有统计学意义 ( $\chi^2=26.606, P<0.05$ ), 肉及肉制品分离的

Lm 菌株毒力基因缺失率最低, 为 44.6%, 其余样品分离株毒力基因缺失率均为 100.0%, 见表 5。辽宁省 Lm 中 1/2a(3a) 血清型菌株中 61.8% (34/55) 出现缺失或变异, 在 1/2b(3b) 血清型菌株中 36.4% (20/55) 出现缺失或变异, 在 1/2c(3c) 血清型菌株中 1.81% (1/55) 出现缺失或变异。毒力基因缺失



表4 2020—2021年辽宁省单核细胞增生李斯特菌多重PCR血清学分型结果

来源	1/2a(3a)	1/2b(3b)	1/2c(3c)	4b(4d,4e)	小计
餐饮食品	7	3	0	0	10
肉及肉制品	37	22	3	3	65
食用菌及其制品	9	6	0	0	15
水产品、海产品	1	0	0	0	1
合计	54	31	3	3	91

表5 2020—2021年辽宁省单核细胞增生李斯特菌分子血清分型与毒力基因型携带结果

样品种类	菌株数	毒力基因缺失菌株数	缺失毒力基因菌株分子血清类型			
			1/2a(3a)	1/2b(3b)	1/2c(3c)	4b(4d,4e)
餐饮食品	10	10	III(1)、V(1)、VIII(2)、XII(1)、XIII(2)	III(2)、XII(1)	—	—
肉及肉制品	65	29	VII(6)、X(8)、XI(2)、XII(2)	II(1)、VI(2)、VII(1)、IX(2)、X(2)、XI(1)、XII(1)	XII(1)	—
食用菌及其制品	15	15	III(2)、VII(2)、XII(3)、XIII(1)	II(2)、III(2)、V(2)、VI(1)	—	—
水产品海产品	1	1	II(1)	—	—	—
合计	91	55	II(1)、III(3)、V(1)、VII(6)、VIII(4)、X(8)、XI(2)、XII(6)、XIII(3)	II(3)、III(4)、V(2)、VI(3)、VII(1)、IX(2)、X(2)、XI(1)、XII(2)	XII(1)	—

### 3 讨论

本研究采用19种毒力基因的共同点,全部有助于Lm侵入寄主细胞并参与在寄主中的生存和增殖作用。LIPI-1<sup>[18-20]</sup>毒力岛上基因的表达全部受*PrfA*调控。LIPI-2<sup>[21]</sup>又称内化素岛,即内化素家族的10个位点,是*inl*编码的一群蛋白质<sup>[22]</sup>。纤连蛋白结合蛋白A(*FbpA*)协同参与了对寄主细胞的侵袭<sup>[23]</sup>; *iap*基因编码的P60蛋白是Lm的重要抗原,与侵袭性相关<sup>[24]</sup>; *hpt*基因编码的转运蛋白等相关毒力因子<sup>[25]</sup>能够帮助菌体利用细胞质中的营养进行扩增。Lm致病性与其毒力基因紧密相关,毒力基因的消失可以降低其致病性。本研究通过对2020—2021年辽宁省Lm毒力基因的检测及血清分子分型,可了解辽宁省食品中Lm毒力基因的分布状况,为Lm的感染过程及其致病机制提供实验室数据,进而为该病原菌的监控、预警、药物指导提供理论支持。

通过本研究分析得出辽宁省食源性Lm具有很高的毒力基因携带率,其中全部位点检出率可高达39.6%,55株Lm菌株出现2种及2种以上毒力基因的缺失。本研究显示共有10种毒力基因的缺失,分别是与毒力调控因子LIPI-1的*actA*、*prfA*、*mpl*和LIPI-2的*inlD*、*inlE*、*inlF*、*inlG*、*inlH/C2*、*inlJ*和细胞内感染相关毒力因子*plcA*。仅有10个毒力基因出现不同程度的缺失,具有较高的致病性,因此应加大辽宁省食品中Lm的监测力度,从而更好地防控和溯源Lm病的发生。从辽宁省食品中Lm毒力基因携带情况分析得出,共13种型别,其携带情况具有很高的多态性变化。从辽宁省监测数据可以看

菌株中,血清学占比最高的是1/2a(3a)和1/2b(3b),主要毒力基因型为X型,共有10株,主要缺失毒力基因为*inlF*、*inlG*、*inlJ*。4b(4d、4e)血清型携带所有毒力基因为I型。食品种类不同,Lm的检出率相差较大,其生长繁殖存在食品偏好性,动物性食物中的检出率明显高于其他种类食品,充分表明其更愿意在动物体中寄生繁殖,因此该菌也可导致人兽共患病提供理论依据。

出Lm血清学占比最高的是1/2a(3a)和1/2b(3b),主要毒力基因型为I型,主要缺失毒力基因为*inlF*、*inlG*、*inlJ*,提示了毒力基因型别与血清型分型之间有一定的关联性,不同菌株血清型和致病性等方面是否存在一定的相关性值得探讨。我国食品中Lm主要血清型为1/2a(3a)<sup>[26]</sup>,本次辽宁省食品中Lm的结果也显示携带全部毒力基因的1/2a(3a)菌株占比最高,提示辽宁省Lm致病力较强,易引起食源性疾病的暴发<sup>[27-30]</sup>。不同样品分离菌株毒力基因缺失差异有统计学意义,辽宁省肉与肉制品Lm分离率明显高于其他类别食品,其中携带全部毒力基因的菌株也主要分离自肉与肉制品。进一步了解食品中Lm主要毒力基因型及血清分型,有助于掌握辽宁省Lm流行病学特征。

辽宁省食品类别中携带毒力基因占比较大,充分说明Lm有致病的危害。通过对其毒力基因分布状况的分析可以更进一步了解该病原菌在暴发食物中毒后追踪致病性和用药提供理论支持。肉及肉制品各个毒力基因的检出率与其他样品的平均检出率相差不大,可能是生鲜肉来源的分离株样本量大造成的,因此应重点加大这三类食品的监测力度。食品种类不同,Lm的检出率相差较大,其生长繁殖存在食品偏好性,动物性食物中的检出率明显高于其他种类食品,充分表明其更愿意在动物体中寄生繁殖,因此该菌也可导致人兽共患病提供理论依据。

### 参考文献

- [1] 陶飞,林慧,颜春荣,等.关于单核细胞增生李斯特菌毒力因子、致病机理和毒力检测技术的综述[J].现代食品,

- 2021, 18(27): 87-91.
- TAO F, LIN H, YAN C R, et al. Review on virulence factors, pathogenesis and virulence detection methods of *Listeria monocytogenes*[J]. Modern Food, 2021, 18(27): 87-91.
- [ 2 ] 亢春雨, 于宏伟, 郭润芳, 等. 食源性单核增生性李斯特氏菌毒力基因的分布[J]. 中国食品学报, 2017, 17(3): 241-249.
- KANG C Y, YU H W, GUO R F, et al. Distribution of virulence genes in foodborne *Listeria monocytogenes*[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2017, 17(3): 241-249.
- [ 3 ] YUCEL N, CITAK S, ONDER M. Prevalence and antibiotic resistance of *Listeria* species in meat products in Ankara, Turkey [J]. Food Microbiology, 2005, 22(2-3): 241-245.
- [ 4 ] VÁZQUEZ-BOLAND J A, KUHN M, BERCHE P, et al. *Listeria* pathogenesis and molecular virulence determinants[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2001, 14(3): 584-640.
- [ 5 ] CHEN M T, CHENG J H, WU Q P, et al. Prevalence, potential virulence, and genetic diversity of *Listeria monocytogenes* isolates from edible mushrooms in Chinese markets [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1711.
- [ 6 ] CAMARGO A C, MOURA A, AVILLAN J, et al. Whole-genome sequencing reveals *Listeria monocytogenes* diversity and allows identification of long-term persistent strains in Brazil[J]. Environmental Microbiology, 2019, 21(12): 4478-4487.
- [ 7 ] SU X D, CAO G J, ZHANG J M, et al. Characterization of internalin genes in *Listeria monocytogenes* from food and humans, and their association with the invasion of Caco-2 cells[J]. Gut Pathogens, 2019, 11: 30.
- [ 8 ] ROCOURT J, JACQUET C, REILLY A. Epidemiology of human listeriosis and seafoods[J]. International Journal of Food Microbiology, 2000, 62(3): 197-209.
- [ 9 ] GILOT P, GENICOT A, ANDRÉ P. Serotyping and esterase typing for analysis of *Listeria monocytogenes* populations recovered from foodstuffs and from human patients with listeriosis in Belgium [J]. Journal of Clinical Microbiology, 1996, 34(4): 1007-1010.
- [ 10 ] MATLE I, MBATHA K R, MADORBA E. A review of *Listeria monocytogenes* from meat and meat products: Epidemiology, virulence factors, antimicrobial resistance and diagnosis[J]. The Onderstepoort Journal of Veterinary Research, 2020, 87(1): e1-e20.
- [ 11 ] LOMONACO S, PATTI R, KNABEL S J, et al. Detection of virulence-associated genes and epidemic clone markers in *Listeria monocytogenes* isolates from PDO Gorgonzola cheese[J]. International Journal of Food Microbiology, 2012, 160(1): 76-79.
- [ 12 ] VOLOKHOV D, RASOOLY A, CHUMAKOV K, et al. Identification of *Listeria* species by microarray-based assay [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2002, 40(12): 4720-4728.
- [ 13 ] PAZIAK-DOMAŃSKA B, BOGUSŁAWSKA E, WIĘCKOWSKA-SZAKIEL M, et al. Evaluation of the API test, phosphatidylinositol-specific phospholipase C activity and PCR method in identification of *Listeria monocytogenes* in meat foods[J]. FEMS Microbiology Letters, 1999, 171(2): 209-214.
- [ 14 ] 李秀娟, 赵冬, 潘琢, 等. 29种毒力基因在91株食源性单核细胞增生李斯特氏菌中的分布[J]. 中国人兽共患病学报, 2017, 33(11): 972-978.
- LI X J, ZHAO D, PAN Z, et al. Distribution characterization of 29 virulence genes in 91 foodborne *Listeria monocytogenes* strains [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2017, 33(11): 972-978.
- [ 15 ] LOMONACOS, CHENY, KNABELS J. Analysis of additional virulence genes and virulence gene regions in *Listeria monocytogenes* confirms the epidemiologic relevance of multi-virulence-locus sequence typing[J]. Journal of Food Protection, 2008, 71(12): 2559-2566.
- [ 16 ] HOFER E, REIS C M, HOFER C B. Serovars of *Listeria monocytogenes* and related species isolated from human clinical specimens [J]. Revista Da Sociedade Brasileira De Medicina Tropical, 2006, 39(1): 32-37.
- [ 17 ] DOUMITH M, BUCHRIESER C, GLASER P, et al. Differentiation of the major *Listeria monocytogenes* serovars by multiplex PCR [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2004, 42(8): 3819-3822.
- [ 18 ] WANG Y T, ZAITSEV K, LU Q, et al. Select autophagy genes maintain quiescence of tissue-resident macrophages and increase susceptibility to *Listeria monocytogenes*[J]. Nature Microbiology, 2020, 5(2): 272-281.
- [ 19 ] LECUIT M. *Listeria monocytogenes*, a model in infection biology [J]. Cellular Microbiology, 2020, 22(4): e13186.
- [ 20 ] VÁZQUEZ-BOLAND J A, KUHN M, BERCHE P, et al. *Listeria* pathogenesis and molecular virulence determinants [J]. Clinical Microbiology Reviews, 2001, 14(3): 584-640.
- [ 21 ] BOUYMAJANE A, RHAZI FILALI F, OULGHAZI S, et al. Occurrence, antimicrobial resistance, serotyping and virulence genes of *Listeria monocytogenes* isolated from foods[J]. Heliyon, 2021, 7(2): e06169.
- [ 22 ] DISSON O, MOURA A, LECUIT M. Making sense of the biodiversity and virulence of *Listeria monocytogenes*[J]. Trends in Microbiology, 2021, 29(9): 811-822.
- [ 23 ] CAI G D, XIA S, ZHONG F, et al. Zearalenone and deoxynivalenol reduced Th1-mediated cellular immune response after *Listeria monocytogenes* infection by inhibiting CD4<sup>+</sup> T cell activation and differentiation[J]. Environmental Pollut (Barking Essex: 1987), 2021, 284: 117514.
- [ 24 ] BARRÍA C, SINGER R S, BUENO I, et al. Tracing *Listeria monocytogenes* contamination in artisanal cheese to the processing environments in cheese producers in southern Chile [J]. Food Microbiology, 2020, 90: 103499.
- [ 25 ] FILIPPELLO V, MUGHINI-GRAS L, GALLINA S, et al. Attribution of *Listeria monocytogenes* human infections to food and animal sources in Northern Italy[J]. Food Microbiology, 2020, 89: 103433.
- [ 26 ] ZHANG H Z, CHEN W J, WANG J, et al. 10-year molecular surveillance of *Listeria monocytogenes* using whole-genome sequencing in Shanghai, China, 2009—2019[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11(1): 551020.
- [ 27 ] LI W W, BAI L, FU P, et al. The epidemiology of *Listeria monocytogenes* in China[J]. Foodborne Pathogens and Disease,

- 2018, 15(8): 459-466.
- [28] CHEN M T, CHENG J H, WU Q P, et al. Occurrence, antibiotic resistance, and population diversity of *Listeria monocytogenes* isolated from fresh aquatic products in China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 2215.
- [29] WU S, WU Q P, ZHANG J M, et al. *Listeria monocytogenes* prevalence and characteristics in retail raw foods in China[J]. *PLoS One*, 2015, 10(8): e0136682.
- [30] ZHANG X A, NIU Y E, LIU Y Z, et al. Isolation and characterization of clinical *Listeria monocytogenes* in Beijing, China, 2014—2016[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 981.

## 《中国食品卫生杂志》投稿须知

《中国食品卫生杂志》是中华预防医学会、中国卫生信息与健康医疗大数据学会共同主办的国家级食品卫生学术期刊,为中文核心期刊、中国科技核心期刊。《中国食品卫生杂志》的办刊方针是普及与提高并重。设专家述评、论著、研究报告、实验技术与方法、监督管理、调查研究、风险监测、风险评估、食品安全标准、食物中毒、综述等栏目。《中国食品卫生杂志》既报道食品安全领域的重大科研成果,也交流产生、发现于实际工作的研究结论;既涉足实验室,又深入监督管理现场;全方位报道国内外食品安全的政策、理论、实践、动态。

### 1 投稿的基本要求

文稿应具有创新性、科学性、实用性,文字精练,数据准确,逻辑性强。文章一般不超过5000字,如遇特殊情况请与编辑部联系。投稿时邮寄单位推荐信,介绍该文的作者、单位,文章的真实性,是否一稿两投,是否属于机密,是否受各类基金资助。如为基金资助项目,应附带资助的合同文本封面和课题参加者名单页复印件或获奖证书复印件。

### 2 文稿中应注意的问题

投稿前最好先阅读本刊,以便对本刊有基本的了解。尤其要注意以下问题。

- 2.1 作者和单位的中英文名字、所在地、邮编分别列于中英文题目之下,单位的英文名称应是系统内认可的、符合规范的。
- 2.2 个人署名作者在2人(含2人)以上以及集体作者,应指定一位通信作者(corresponding author)。第一作者及通信作者应有简短的中文自传:姓名、性别、学位、职称、主攻研究方向,放在文稿第一页的左下方。副高级职称以上的作者应有亲笔签名。
- 2.3 受资助的情况(资助单位、项目名称、合同号)用中英文分别列于文稿左下方。
- 2.4 所有稿件都应有中英文摘要。一般科技论文的摘要包括:目的、方法、结果、结论。作者应能使读者通过阅读摘要就能掌握该文的主要内容或数据。为便于国际读者检索并了解文章的基本信息,英文摘要应比中文摘要更详细。
- 2.5 每篇文章应标注中英文关键词各3~8个。
- 2.6 缩略语、简称、代号除了相邻专业的读者清楚的以外,在首次出现处必须写出全称并注明以下所用的简称。如新术语尚无合适的中文术语译名可使用原文或译名后加括号注明原文。
- 2.7 用于表示科学计量和具有统计意义的数字要使用阿拉伯数字。
- 2.8 研究对象为人时,须注明试验组、对照组受试者的来源、选择标准及一般情况等。研究对象为试验动物时需注明动物的名称、种系、等级、数量、来源、性别、年龄、体重、饲养条件和健康状况等。动物试验和人体试验均需伦理审查文件。
- 2.9 药品、试剂使用化学名,并注明主要试剂的剂量、单位、纯度、批号、生产单位和日期。
- 2.10 主要仪器、设备应注明名称、型号、生产单位、精密度或误差范围。
- 2.11 图、文字和表格的内容不要重复,图、表应有自明性,即不看正文就能理解图意、表意。
- 2.12 所引的参考文献仅限于作者亲自阅读过的。未公开发表或在非正式出版物上发表的著作如确有必要引用,可用圆括号插入正文或在当页地脚加注释说明。原文作者若不超过3人应将作者姓名依次列出,中间用“,”隔开,3位以上作者则列出前3位,逗号后加“等”。参考文献格式如下:

期刊文章:[序号] 主要责任者(外文人名首字母缩写,缩写名后不加缩写点). 文献题名[文献类型标志]. 刊名, 年,卷(期): 起页-止页.

举例 [1] 汪国华,马进,季适东,等. 急性出血坏死性胰腺炎的手术治疗[J]. 中级医刊,1995,30(8):22-25.

[2] BERRY R J, LI Z, ERICKSON J D, et al. Preventing neural tube defects with folic acid in China[J]. *N Engl J Med*, 1999, 314: 1485-1490.