

食源性致病菌研究动态

黄金林

(扬州大学江苏省人兽共患病学重点实验室/农业部农产品质量安全生物性危害因子(动物源)控制重点实验室, 扬州 225002)

Research progress on foodborne pathogenic bacteria

HUANG Jin-Lin

(*Jiangsu Key Lab of Zoonosis/Key Laboratory of Prevention and Control of Biological Hazard Factors (Animal Origin) for Agrifood Safety and Quality, Ministry of Agriculture of China, Yangzhou University, Yangzhou 225002, China*)

食源性病原菌是引起食源性疾病的主要原因之一,是全球食品安全的核心问题,已成为威胁人们健康的重要公共卫生问题。近年来,国内外食源性病原菌病事件频频发生,在我国,由于食物链中病原细菌污染及其造成的食源性疾病也屡见不鲜,不仅严重危害国民健康,而且已经成为我国食品出口的主要障碍,严重损害了我国的国际形象。因此,我国应加强对食源性细菌病的研究和防控工作。本文将简要介绍食源性致病菌的研究动态。

1 加强食源性病原菌的检测、分型、溯源等技术研究

食源性病原菌的高通量快速检测技术(包括定量检测技术)是建立监测网络的关键技术环节之一。针对动物养殖、食品生产、加工、运输、销售等各个环节建立相应的食源性病原菌快速检测技术,及时准确地对食源性致病菌进行检测和鉴定,对于提高公共卫生水平和保障食品安全非常重要,尤其是在应对重大突发公共卫生事件或突发疫情时,对病原菌快速检测的要求更高,因此任何检测和鉴定食源性病原菌的方法必须具有灵敏、特异、快速等特点。

近年来,随着生物技术的快速发展,新技术新方法在食品微生物检验领域得到了广泛应用,大大提高了检测效率和检测速度。这些技术方法包括多重 PCR 技术、基因芯片技术、显色培养基技术、生物传感器技术、新的免疫检测技术等。

细菌分子分型和溯源技术是对食源性病原菌感染进行监测和预警的基础技术之一。病原菌分型技术能够根据细菌的生化特征或基因组成,分析不同来源菌株间的关系,从而对某次疾病暴发追踪溯源。该技术在了解细菌的传播动力学、查找感染源和鉴定一些特殊的致病菌等方面有着重要的作用,是流行病学调查的有力工具。传统的病原菌分型技术都是基于细菌表型,如生物学特征、血清型、噬菌分型、耐药谱等特征。随着分子细菌学研究的日益深入,传统的细菌鉴定分型技术已不能很好地满足病原菌感染的诊断和流行病学溯源的需要,因此越来越多的基于 DNA 的分子分型技术发展起来,表

现出传统分型技术无法比拟的优越性。特别是近年来,基于组学的检测与鉴定技术发展迅速,病原菌基因组序列等已成为分型、溯源等的有力武器。

1996 年美国 CDC 建立的细菌分子分型网络(PulseNet),是一个极为成功的病原菌 DNA 指纹识别网络,能够对疾病暴发进行早期识别并协助对病原菌及其传播途径进行溯源分析。PulseNet 技术和模式被越来越多的国家认可和接受。1999 年,加拿大 6 个省级公共卫生实验室和 1 个联邦政府的食品安全实验室加入美国的 PulseNet。目前,以丹麦哥本哈根国家血清研究所为首的欧洲科学家正在努力建立欧洲自己的 PulseNet 监测网络。在亚太地区,日本、香港、台湾、韩国和新西兰等国家或地区已建立起了 PulseNet 网络,并开始积极参与食源性病原菌的实时监测和疾病预警。

2 加强食源性病原菌感染的风险评估研究

风险评估是一种组织和分析科学信息用以评估有害事件发生的概率和严重性的方法。风险评估作为有效的评估食品安全的系统工具,得到了越来越多的应用和发展。通过食源性疾病风险评估,有助于认识动物养殖、食品生产、运输和消费过程中增加食源性病原菌感染风险的因素,并且有利于采取最有效的措施降低食源性病原菌感染的风险。

为了预防和减少食源性病原菌对人类的危害,国际食品微生物标准委员会(The International Commission on Microbiological Specifications for Foods,简称 ICMSF)提出了一套管理食源性微生物的系统。政府部门的风险管理者利用流行病学资料,根据人类疾病与食品微生物的相关性,决定是否采取预防措施或减少同类疾病的发生。专家委员会根据危害发生的可能性和严重性等信息,进行定量与定性风险评估。政府部门的风险管理者根据风险评估结果,决定是否制定相应食品安全目标。ICMSF 提出的这个系统将风险评估作为制定食品安全标准、操作标准、工艺标准等的基础,也是实施 HACCP 危害分析体系的基础。因此,要有效地防控食源性病原菌感染,必须先要进行食源性病原菌的风险评估。

风险评估是 WTO 和食品法典委员会(CAC)制定食品安全法律、法规和标准的必要技术手段,也是世界各国为保护本国国民健康和维持本国食品进出口贸易正常进行的基本手段。风险评估可以用来保证食品安全控制措施的科学性和完整性,为进一步做好食品安全管理工作奠定坚实的基础。

与发达国家相比,我国的风险评估是一个相对薄弱的领域,一方面由于我国现有的食品安全技术措施没有广泛采用风险评估技术,特别是对食源性病原菌的暴露评估和定量危险性评估,如沙门菌、大肠杆菌 O157:H7、空肠弯曲菌和李斯特菌等均未进行从动物养殖、食品生产、加工、运输、流通和消费等全过程、系统性的风险评估;另一方面由于我国有关食源性病原菌的流行病学资料比较缺乏,进行风险定量评估还比较困难。随着我国食源性病原菌监测网络体系的不断完善,流行病学资料的不断充实,对食源性病原菌进行风险评估的有效性和准确性将不断提高,从而有助于采取最有效的措施降低食源性病原菌感染的风险。

3 加强并完善食源性病原菌监测网络和预警体系研究

建立和完善食源性病原菌的监测网络,是有效预防和控制食源性病原菌感染的重要基础,也是制定国家食品安全政策、法规、标准的重要依据。通过对食源性病原菌的常规监测,全面分析动物养殖、食品生产、加工、运输、销售、食用等各个环节中主要食源性致病菌的污染水平和趋势,可以确定危害因素的分布和可能来源,及时发现安全隐患,并进行风险预警。

目前,世界上许多国家都在致力于建设自己的食品安全监测网络和预警体系,例如欧洲的英国、荷兰、芬兰、德国、爱尔兰、挪威、瑞典、丹麦等,亚洲的日本、泰国等都建立了食源性疾病监测网。此外,一些国际组织,如 WHO、欧盟等也建立了食源性疾病监测网络。

美国是食源性疾病监测系统最完善的国家。美国为了控制食源性疾病,建立了三套监测网络系统对全美食源性疾病发生及变化趋势进行动态监测,包括食源性疾病主动监测网(FoodNet)、食源性病原菌分子分型网(PulseNet)和食源性病原菌耐药性监测网(NARMS)。主要对 10 种食源性疾病和 7 种重要食源性病原菌(沙门菌、空肠弯曲菌、志贺菌、大肠杆菌 O157:H7、耶尔森菌、单核细胞增生李斯特菌和副溶血性弧菌等)进行系统监测。

我国对食源性病原菌的系统监测起步较晚。自 2001 年起,

在我国 13 个省逐渐建立起全国食源性疾病监测网络,2008 年扩大到 21 个省、自治区、直辖市,覆盖人口超 10.5 亿,约占全国总人口的 80.8%。该监测网的建立和启用,通过连续、动态的主动监测,初步建立了我国食源性疾病监测网络系统框架。目前,全国食源性疾病监测由国家食品安全风险评估中心牵头,以医院和各级疾病预防控制中心为依托,每年开展食源性疾病监测和分子溯源网络及数据库建设。

因此,应在我国现有食源性疾病监测系统的基础上,完善监测网络,进一步扩大监测范围,针对食品“从农场到餐桌”各个环节建立食源性病原菌监测体系;建立针对重要食源性病原菌的全程分子检测体系,关键性指标应实现在线监测;充分分析监测数据,建立动态的监测数据库,对食源性病原菌的暴发与流行进行监测、分析和评估。在全国建立一个对食源性病原菌感染暴发的预警系统,并采取针对性的防控措施,减小或消除由于食源性病原菌所造成的危害,从而更好地保障人民群众的健康安全。

4 “食源性致病菌”专题概述

“食源性致病菌”专题在检测技术、质量控制、流行与溯源、控制技术等相关技术领域内对投稿稿件按照《食品安全质量检测报告》的创新性、科学性、实用性标准进行筛选。本专题分为两期出版,共收录了研究水平相对较高的 28 篇优秀学术论文,分别从食源性致病菌的检测技术、检测能力验证、流行病学、流行溯源分析、耐药性、新型控制技术等方面进行研究。

在食源性致病菌检测技术方面,分别介绍了单核细胞增生李斯特氏菌、金黄色葡萄球菌、沙门氏菌等的快速、定量筛选方法等,并开展了方法验证、能力验证等方面的研究。

在食源性致病菌流行溯源分析方面,主要开展了包装饮用水、食品、原料、加工环境、进出口水产品等中的铜绿假单胞菌、副溶血性弧菌、金黄色葡萄球菌、诸如病毒等微生物的污染状况和溯源分析,并分析了分离株耐药性。

在食源性致病菌控制技术方面,重点介绍了噬菌体、有机酸、脉冲强光等对金黄色葡萄球菌、大肠杆菌 O157:H7 等影响,开展了贮藏条件下食品品质变化与货架期预测研究。

本文的文章立意新颖、选材广泛,具有较高的学术水平。希望本期专题的出版能够增进食源性致病菌工作者间的技术交流,提升食源性致病菌及其相关领域的科技支撑能力,保障食品安全。



黄金林,扬州大学教授,博士生导师,副院长,农业部农产品质量安全生物性危害因子(动物源)控制重点实验室常务副主任、江苏省动物重要疫病与人兽共患病防控协同创新中心 PI,江苏省“六大人才高峰”计划人选。现为中国畜牧兽医学会兽医食品卫生学分会常务理事。主要从事人畜共患病原微生物与食品安全。近年来在弯曲菌基因组学与蛋白质组学、弯曲菌与宿主作用的机理研究、人兽共患病原菌流行病学及预警体系、弯曲菌新型制剂和候选疫苗开发等方面开展了较为系统的研究。主持国家重点研发计划项目、国家自然科学基金、863 计划等国家级项目 5 项目。发表论文 60 余篇,其中 SCI 论文 15 篇;获国家科学技术二等奖 1 项、高等学校科技进步一等奖 1 项、二等奖 2 项和江苏省科技进步三等奖 1 项,授权发明专利 5 项、软件著作权 3 项。