

食源性致病菌风险评估研究进展

苏丹萍, 吴云凤*

(南京中医药大学, 针灸推拿养生康复学院, 营养学教研室, 南京 210023)

摘 要: 食源性致病菌是食源性疾病的首要病因, 由其引起的食源性疾病长期以来一直是食品安全的主要威胁, 尤其在发展中国家, 形势更严峻, 应引起重视。食品安全风险评估在降低食品安全风险、保障食品安全中发挥的重要作用日益显著。本文对近年来国内外食源性致病菌风险评估的研究进展进行综述, 介绍了风险评估实际应用过程中我国学者对国外模型构建的利用和优化, 并总结我国食源性致病菌风险评估中存在的问题, 为更好地开展食源性疾病监测和食源性致病菌风险评估提供参考。

关键词: 食源性致病菌; 风险评估; 半定量; 快速定量; 定量

Research advances in risk assessment of food-borne pathogens

SU Dan-Ping, WU Yun-Feng*

(Department of Nutrition, School of Regimen and Rehabilitation, Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing 210023, China)

ABSTRACT: Food-borne pathogens are the leading cause of food-borne diseases, the health hazards of which to the public are major threat to food safety, especially in developing countries, where food-borne pathogens pose a more serious risk of food safety and should be taken seriously. Food safety risk assessment plays an increasingly important role in reducing food safety risks and ensuring food safety. This paper reviewed the research progress of risk assessment of food-borne pathogens at home and abroad in recent years and the use and optimization of foreign models by Chinese scholars in the practical application of risk assessment, and summarized the existing problems in the risk assessment of food-borne pathogens, in order to provide references for better monitoring of food-borne diseases and risk assessment of food-borne pathogens.

KEY WORDS: food-borne pathogens; risk assessment; semi-quantitative; swift quantitative; quantitative

1 引 言

食源性致病菌极易在食品生产加工、运输、储存等各个环节污染食品, 从而引起食源性疾病。全球范围内, 食源性疾病对公众造成了明确广泛的健康危害, 尤其在发展中国家, 其引起的食品安全风险形势更严峻。我国国家食品安全风险评估中心首席专家陈君石院士指出: 微生物引起的食源性疾病是我国头号的安全问题^[1]。根据

2008~2015 年全国食物中毒调查结果显示, 细菌性食物中毒事件所占比例最大, 中毒人数占总中毒人数的 62.02%, 主要致病菌为沙门氏菌、副溶血性弧菌、金黄色葡萄球菌及其肠毒素和蜡样芽孢杆菌^[2]。根据 2010~2016 年中国家庭食源性疾病暴发事件流行特征分析, 引起食源性疾病前 5 位的致病菌分别为沙门氏菌(占比 59.2%)、副溶血性弧菌(18.4%)、金黄色葡萄球菌(7.4%)、变形杆菌(5.0%)、蜡样芽孢杆菌(4.7%)^[3]。2011~2016 年, 全国 19 个省共报告 253

*通讯作者: 吴云凤, 硕士, 讲师, 主要研究方向为食品安全。E-mail: 451263693@qq.com

*Corresponding author: WU Yun-Feng, Master, Lecturer, Department of Nutrition, School of Acupuncture and Tuina, School of Regimen and Rehabilitation, Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing 210023, China. E-mail: 451263693@qq.com

例侵袭性李斯特菌病病例,总病死率达 25.7%^[4]。此外,空肠弯曲菌是引起腹泻的主要病原菌^[5]。以上数据表明,食源性致病菌已成为严重的公众健康威胁。

为保证食品安全、保障公众身体健康和生命安全,我国政府于 2009 年颁布《食品安全法》^[6],真正将食品安全监管工作纳入法制轨道。2011 年国家食品安全风险评估中心(China National Center for Food Safety Risk Assessment, CFSA)的组建预示我国食品安全风险评估水平将迈上新的台阶。CFSA 是实施《食品安全法》以及履行国家风险评估制度的机构保障,也是我国食品安全体系逐步与国际接轨的重要一步^[7],突出了食品安全风险评估特别是微生物风险评估(microbial risk assessment, MRA)在保障食品安全和控制食源性疾病中的重要作用。

本文对国内外食源性致病菌风险评估相关研究进展进行综述,分析当前该领域存在的问题,以期对食品安全标准的制定、修订、食品安全监督管理的实施及食品安全状况的综合分析提供科学依据。

2 微生物风险评估的定义及框架

2.1 定义

MRA 是指针对食品病原微生物因素暴露对人体健康产生的已知或潜在的不良后果进行识别、确认及定性和(或)定量研究,最终作出风险特征描述的过程。定量风险评估需要借助数学模型,结合预测微生物学,是风险评估最理想的方式。基于概率分布的定量风险评估方法可应用于“危害分析和关键控制点”体系(Hazard Analysis Critical Control Points, HACCP)^[8],以改进 HACCP 计划中的危害分析阶段,有助于提高食品安全管理的有效性。

2.2 基本框架

目前国际上广泛采纳的风险评估框架可概括为 4 个基本步骤^[9]:包括:(1)危害识别(hazard identification);(2)危害特征描述(hazard characterization);(3)暴露评估(exposure assessment);(4)风险特征描述(risk characterization)。

2.3 食源性致病菌风险评估常用工具

食源性致病菌风险评估常用工具有 Risk Ranger 软件^[10]、@RISK 软件、快速微生物定量风险评估工具^[11](swift quantitative microbiological risk assessment, sQMRA)等。

(1)Risk Ranger 软件:为半定量风险评估软件,可在缺乏足够定量数据情况下,通过对食品、致病菌和污染途径的定性、半定量描述,获得相应风险评分值并进行风险排序,以确定需要优先评估的食品/致病菌组合。但存在对每餐食品摄入量缺乏考虑、针对不同危害因素的剂量反应选项单一、估计值与实际情况差异较大影响结果适用性等局限^[12]。

(2)@RISK 软件:为定量风险模型分析软件,采用蒙特卡罗模拟技术进行风险分析,以概率分布形式明确定义评估中存在的因素,并生成显示所有可能的结果。适用于不同类型的输入变量,但过于依赖参数在数值范围内的分布状况,缺乏模块化结构。

(3)sQMRA:对数据资料需求量极少、模型简单、易掌握,可对有害因素的相对风险做快速估计,最大程度简化暴露评估研究,然而简化的模型得到的绝对风险往往不太可靠。

3 国内外食源性致病菌风险评估研究进展

3.1 国内食源性致病菌风险评估研究进展

3.1.1 食源性致病菌的半定量风险评估研究

食源性致病菌的半定量风险评估可为后续的定量风险评估提供信息和依据。近几年,我国针对一些常见的“食品/致病菌”组合展开了大量半定量风险评估工作。翟明爽等^[13]使用 Risk Ranger 软件对上海市即食熟肉制品中主要致病菌进行半定量风险评估,显示单核增生李斯特菌评分值最高,但与即食熟肉制品的组合仍属中度风险,作者考虑是与当地良好的卫生状况有关。周晏等^[14]利用 Risk Ranger 分析我国沿海省市 4 种致病菌(单核增生李斯特菌、副溶血性弧菌、沙门氏菌、金黄色葡萄球菌)污染 3 类生食水产品(鱼片、贝类、虾类)的风险,其中生食鱼片/副溶血弧菌组合(风险评分 49)被评估为高风险,部分归因于生食鱼片与生食贝类和虾类不同的消费频率、消费人群比例、原料受致病菌污染概率等风险因素。也有一些学者已开展市售禽肉中金黄色葡萄球菌^[15]、熟肉制品中沙门氏菌^[16]、香肠、市售凉拌菜及散装盐水鸭中单核增生李斯特菌^[17-19]等半定量风险评估研究。此外,基于半定量风险评估模型,周少君等^[20]初步建立了食品风险分级方法,以生食贝类中副溶血性弧菌为例,明确了健康风险一级指标和二级指标的赋分标准和权重,有效地将大量抽检数据转化为风险量化分级数据。

3.1.2 食源性致病菌的快速定量风险评估研究

朱江辉等^[21]率先利用 sQMRA 工具开展食源性致病菌快速定量风险评估工作,认可了 sQMRA 在风险评估研究中的简便性有效性。但 sQMRA 没有考虑计算剂量反应关系所必需的致病菌污染水平,缺乏致病菌在食品中的繁殖模型或使用相同的预测模型表达式,使简化模型得到的绝对危险值往往不太可靠。国内学者已对 sQMRA 进行改进。田明胜等^[22]以冷藏即食熟肉制品中单核增生李斯特菌为例,将致病菌在食品中繁殖动力学特征纳入 sQMRA 模拟模型中,但仍未引入不确定性和变异性。宋晓昀等^[23]利用大连市海产品微生物检测及消费量统计数据,针对“海产品-致病性副溶血性弧菌”4 种不同组合开展快速定量风

险分级, 选择致病菌不同生长/失活预测模型, 改进 sQMRA 工具, 观察其对分级结果的影响效应。结果显示改变预测模型表达式可一定程度上影响 sQMRA 风险分级结果。如果选择不同阶段的致病菌繁殖和衰减模型, sQMRA 工具还能更准确估计病原菌暴露下的发病人数。基于相同思路, 有研究利用 sQMRA 推算风险分级^[24], 获得不同致病菌造成的人群健康风险, 进一步使用 Risk Ranger 进行风险矩阵验证, 显示验证效果较好。

3.1.3 食源性致病菌的定量风险评估研究

定量风险评估是风险评估最理想的方式, 需要更多资料也更复杂。近年来, 国内开展了肉鸡和猪肉中沙门氏菌^[25,26]、鲜湿米粉中蜡样芽孢杆菌^[27]、生食三文鱼片及虾中副溶血性弧菌^[28,29]、市售凉拌菜中金黄色葡萄球菌^[30]等食源性致病菌初步定量风险评估研究。

开展经典的食源性致病菌定量风险评估, 需获取污染及消费数据、建立数学模型, 还要借助软件进行模拟, 描述致病菌从农场到餐桌全食物链的繁殖传播过程。国际上常用@RISK 软件进行定量风险评估, 使用的蒙特卡罗模拟研究弱化了参数统计与模型之间的相互关联, 易使研究内容单一化。刘丽梅等^[31]对圆火腿加工过程中沙门氏菌危害进行仿真分析, 将风险因素抽象为危害转移模块, 增设控制和效益模块, 利用贝叶斯网络结构模型估计微生物危害数量及概率, 进一步改进食品微生物定量风险评估建模方法, 较蒙特卡罗模拟技术, 基于概率推理的贝叶斯网络结构模型对不确定性的推断及联合分布对观察变量更新的及时响应优化了评估结果。

交叉污染是食源性致病菌传递的重要途径, 江荣花等^[32]定量分析低温乳化香肠加工过程中交叉污染水平, 选择 4 种剂量反应模型(指数模型、Beta-Poisson 模型、Weibull-Gamma 模型、Log-Logistic 模型)用于比较单核增生李斯特菌在斩拌及灌装过程中转移率、暴露人群食用受该菌污染的香肠后疾病发生率的大小。作者认为 Weibull-Gamma 模型预测消费者食用污染香肠的发病率结果最大, 风险最高, 概率分布拟合效果最好, 是低温乳化香肠中单核增生李斯特菌风险评估的最优剂量反应模型。

此外, 为筛选重点食品、致病菌及组合以确定优先评估对象, 我国学者还对微生物定量风险评估的风险分级模型进行探索与应用。朱江辉等^[33]以 2010 年山西省食品中致病菌监测数据为例, 通过风险矩阵和分级模型, 对不同致病菌对人群的健康影响进行分级, 初步构建了我国食品微生物定量风险分级模型。

3.2 国外食源性致病菌风险评估研究进展

3.2.1 食源性致病菌的半定量风险评估研究

国外学者常运用半定量风险评估比较不同来源(如不同致病菌、产品、控制措施)的相对风险。Sumner 等^[34]开

发的 Risk Ranger 软件是半定量风险评估常用工具, 最终用 0~100 区间数字来表示不同危害/产品组合的风险级别。Mataragas 等^[35]利用 Risk Ranger 软件对猪肉和禽肉类风险概况进行调查, 结果显示超过保质期、受单核增生李斯特菌及金黄色葡萄球菌交叉污染的即食猪肉或禽肉制品为高风险食品/致病菌组合, 该组合在应用食品安全管理系统进行危害风险评估时可作为优先信息来源。食源性致病菌半定量风险评估能使食品安全检查更有效率^[36,37], 有助于突出导致食品安全风险的主要因素。

3.2.2 食源性致病菌的快速定量风险评估

Evers 等^[12]于 2010 年基于 Microsoft Excel 工作表构建了 sQMRA, 目的在于用快速风险分级方法筛选重点“食品-致病微生物”组合, 确认优先开展风险评估的对象。例如, Chabwasi 等^[38]利用 sQMRA 对食用受沙门氏菌污染牛肉的数据进行快速定量评估。但其局限于 sQMRA 软件并未考虑加工处理前致病菌的生长和灭活, 也并未纳入变异性和不确定性。Chardon 等^[39]进一步改进了 sQMRA 工具, 以鸡柳、菲力牛排和鸡蛋中的弯曲杆菌和沙门氏菌为例, 增加了对变异性的估计和剂量反应模型的选择, 还考虑了储藏、交叉污染、加热传播途径对致病菌的生长和失活的影响, 同时给出了更全面的中间暴露量和终点模型结果分析工具, 然而对于不同的“食品/致病菌”组合生长预测模型并没有加以区分。此外, 与定量风险评估相比, sQMRA 很难较好地预测干预措施对公共卫生风险的影响。

3.2.3 食源性致病菌的定量风险评估

欧美等发达国家对微生物定量风险评估的研究起步较早, 已完成大部分常见食源性致病菌定量风险评估工作, 制定了多项较完善的食源性致病菌限量标准及食品安全检测系统。自 2002 年至今, 联合国粮食及农业组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)和世界卫生组织(World Health Organization, WHO)已发布了 33 个微生物定量风险评估的结果^[40], 开展了很多食源性致病菌的定量风险评估研究, 例如牛肉和猪肉中非伤寒沙门氏菌的风险评估^[41]、海产品中致病性嗜盐弧菌^[42]和副溶血性弧菌^[43]的风险评估、生牛肉和牛肉产品中肠出血性大肠杆菌的风险评估^[44]等。欧洲食品安全局(European Food Safety Authority, EFSA)于 2010 年发布了屠宰猪和种猪中沙门氏菌^[45]及带壳鸡蛋中肠炎性沙门氏菌^[46]的定量风险评估报告, 随后又于 2011 年完成了肉鸡中空肠弯曲杆菌定量风险评估^[47], 近年进行了即食食品中单核增生李斯特菌定量风险评估^[48]及加热失活模型的研究^[49]。在美国, 美国农业部食品安全监管局(United States Department of Agriculture/Food Safety and Inspection Service, USDA/FSIS)正致力于研究食源性病原体全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)整合到鸡肉中沙门氏菌定量风险评估研究工作中^[50]。以上研究对疾病预防和公众食品安全意识的

提高有很好的指导作用,有助于完善国家和区域间的食源性疾病预防体系。

危害特征描述最理想状态是建立高拟合度的剂量反应关系。 β 泊松(beta-Poisson)剂量反应模型^[51]和指数剂量反应模型^[52]是传统定量风险评估中应用最广泛的 2 种模型。由于精确的 β 泊松模型涉及超几何函数求值的计算挑战,目前广泛使用的是近似公式:

$$P1(d) = 1 - \left(1 + \frac{d}{\beta}\right)^{-\alpha}$$

其中 d 指已知平均摄入剂量; α 、 β 均大于 0,为估计模型参数; α 指病原菌逃脱宿主抵御能力, β 指宿主对小肠内细菌杀灭率。在此计算版本中,有效性和近似精度易被忽略。

在指数剂量关系模型^[53]中,已知平均摄入剂量 d 下的感染概率计算公式为:

$$P = 1 - e^{-RN_D}$$

其中 R 表示单一致病菌感染宿主可能性,取决于细菌毒力,换言之,是表示宿主与病原菌相互作用可能性; N_D 指细菌总量。方程还可表达为:

$$R = \frac{-[\ln(1-P)]}{N_D}$$

随着人们对食源性致病菌的研究兴趣日益浓厚,有必要对现有定量风险评估方法的科学性进行评价。由于宿主与致病菌相互作用的复杂性、实际摄入量与暴露量的不准确、人体临床实验数据的缺乏等问题,确定合适的剂量反应关系并不容易。只有在正确的剂量反应分析前提下,才能建立起一个更加完整的致病菌定量风险评估框架。以单核增生李斯特菌为例,Rahman 等^[54]提出的新模型描述宿主体内单核增生李斯特菌的胃肠道通路,首次将宿主内感染机制与剂量反应结果进行定量关联,并预测了相对于初始剂量的细菌感染潜力。还研究了单核增生李斯特菌感染在人群中的剂量反应机械模型^[55],描述其菌株变异和个体/亚群易感性对剂量反应结果的影响的效用,对传统指数剂量反应模型之外的新方法进行探索。

暴露评估是开展定量风险评估的关键之一,此步骤涉及消费量调查、致病菌生长繁殖及食品与有害污染物的关系,推算膳食暴露量分布。为减少不确定性,在进行暴露评估时需构建致病菌生长预测模型。目前,基于菌株异质性(stain variability)^[56]的随机预测模型研究较多。菌株异质性研究主要进行生长和失活、毒力、被膜形成以及耐药异质性 4 方面评估。Zafiro 等^[57]统计建模来描述和评价微生物失活变异来源,结果表明,在浓度下降到 100 个细胞时预测的失活行为变化可以忽略不计,但由于单个细胞异质性,种群失活行为的变异性显著增加。未来新一代的预测模型需要处理大量相互作用和影响的过程,形成从分子到单个细胞、种群、食物生态系统等不同层次的复杂系统,

亟需更完善的数据采集系统和更精准的模型构建^[50]。

随着二代测序技术的发展,WGS 可利用多元组学技术获得的机械细胞信息精细调整评估过程,进而整合到微生物风险评估中^[58]。例如,宏基因组学^[59]可以帮助描述食品和工厂环境微生物群(包括内源性微生物群和潜在致病菌),以及与加工、保存和储存相关的环境条件下随时间的变化关系。随着基因组学技术的发展,基因测序将为食源性疾病预防调查和来源归因提供高水平菌株鉴别,以提供更精确的危险识别,开展更具针对性的致病菌定量风险评估、风险管理与交流。

4 我国食源性致病菌风险评估中存在的问题

食源性致病菌风险评估的框架大同小异,然而确定其风险评估范围、目的、面临问题及采用方式的过程,都可能对最终评估结果产生较大影响,存在较多不确定性。为构建一个合理有效的致病菌风险评估体系,可以从检测技术的优化、精准模型的构建、评估范围的选定等多方面入手。

4.1 检测技术

食源性致病菌检测分析技术包括传统微生物鉴定、免疫学、代谢学、分子生物学、生物传感器等。近些年国内常用的免疫学技术,如酶联免疫吸附检测法、免疫层析技术等,特异性强,但结果重复性差、过程繁琐;PCR、基因芯片等快速高效的分子生物学技术发展较快,但对专业人员和仪器要求高,价格相对昂贵;代谢组学等技术在食源性致病菌检测中的实际应用尚有难度。我国对特异性、便捷性的致病菌检测技术需求仍有较大缺口。近年,国内外有研究研制了快速生物传感器^[60],检测用时短、灵敏度较高。基于纳米材料的致病菌检测技术也不断推陈出新,如利用纳米酶的可视化比色^[61]实现食源性致病菌定量检测。

4.2 模型构建

我国有关食源性致病菌构建的剂量反应关系模型多数是不完整的,且传统剂量反应关系模型缺乏灵活性,难以模拟量化致病菌完整传递过程。此外,针对特定环境下致病菌毒素中毒剂量模型的研究较少。人体数据的缺乏,不确定性及变异度的纳入对食源性致病菌风险评估结果的影响也存在争议。

4.3 评估对象和范围

目前我国尚缺乏对覆盖整个食品产业链的食品/致病菌组合进行的高价值风险评估。传统食源性致病菌/食品组合作为评估对象,并不总是适用于我国区域或地方特色食品和特殊食品烹调加工行为。全国膳食调查中食品类别的不充分一定程度上缩小了风险评估研究范围。

5 总结与展望

本文介绍的 3 种食源性致病菌风险评估研究方法各有其优缺点。半定量及快速定量风险评估, 是在考虑成本-效益和不确定性纳入问题后, 进一步简化了的定量风险评估, 研究目的和分析方法各有侧重。定量风险评估是食源性致病菌风险评估最理想选择, 但由于基础数据缺失、成本高、分析过程复杂、不确定性等因素, 国内外学者所开展的定量风险评估多不完善, 仍需改进。

我国开展的定量风险评估研究存在与食源性疾病检测结果联系不紧密、数据滞后、研究采用的国外最低感染剂量数据对中国居民的适用性存疑等不确定性给风险评估工作带来一定困难。此外, 尽管通过构建早期暴发预测模型, 能够对细菌性食物中毒等不同类别的食源性致病因素进行快速有效的评估, 但对食源性疾病预防系统^[62]的设计尚处于初步阶段。随着新一代基因组测序技术的发展, WGS 分子分型技术在食源性致病源调查中也显示出极大的发展前景。2019 年我国首次建成了基于 WGS 分型技术的新型食源性致病源网络^[63], 开发了常见食源性致病菌毒力因子、耐药基因、血清分子分型等分析模块。未来, 改进限量制定标准、完善数据采集系统、开展基于基因组学更为精准的食源性致病菌定量风险评估研究等将成为下一代食品微生物风险评估的研究趋势。

参考文献

- [1] 陈君石. 谁才是食品安全的头号大敌 [N]. 中国食品报, 2016-01-08(003).
Chen JS. Who is the biggest threat to food safety? [N]. China Food News, 2016-01-08(003).
- [2] 陈小敏, 杨华, 桂国弘, 等. 2008-2015 年全国食物中毒情况分析[J]. 食品安全导刊, 2017, (25): 69-73.
Chen XM, Yang H, Gui GH, *et al.* Analysis of food poisoning situation in China, 2008-2015 [J]. China Food Saf Magaz, 2017, (25): 69-73.
- [3] 张晶, 李薇薇, 杨淑香, 等. 中国 2010-2016 年家庭食源性疾病暴发事件流行特征分析[J]. 中国公共卫生, 2019, 35(10): 1379-1382.
Zhang J, Li WW, Yang SX, *et al.* Epidemic characteristics of household outbreaks of foodborne diseases in China, 2010-2016 [J]. Chin J Publ Health, 2019, 35(10): 1379-1382.
- [4] Li WW, Bai L, Fu P, *et al.* The epidemiology of *Listeria monocytogenes* in China [J]. Foodborne Pathog Dis, 2018, 15(8): 459-466.
- [5] 韩新峰, 刘书亮, 张晓利, 等. 鸡肉空肠弯曲杆菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2012, 28(1): 31-36.
Han XF, Liu SL, Zhang XL, *et al.* Isolation, identification and antimicrobial resistance analysis of *Campylobacter jejuni* originated from chicken [J]. Chin J Zoono, 2012, 28(1): 31-36.
- [6] 全国人民代表大会常务委员会. 中华人民共和国食品安全法[Z]. 2009. Standing Committee of the National People's Congress. Food safety law of the People's Republic of China [Z]. 2009
- [7] 陈君石. 建立国家食品安全风险评估中心的意义与挑战[J]. 中华预防医学杂志, 2012, (1): 9-11.
Chen JS. Significance and challenges of establishing China National Center for Food Safety Risk Assessment [J]. Chin J Prev Med, 2012, (1): 9-11.
- [8] Ryu K, Park K, Yang J, *et al.* Simple approach in HACCP for evaluating the risk level of hazards using probability distributions [J]. Food Control, 2013, 30(2): 459-462.
- [9] CAC/GL-30 Principles and guidelines for the conduct of microbial risk assessment [S].
- [10] Ross T, Sumner J. A simple, spreadsheet-based, food safety risk assessment tool [J]. Inter J Food Microbiol, 2002, 77 (1-2): 39-53.
- [11] Evers EG, Chardon JE. A swift quantitative microbiological risk assessment (sQMRA) tool [J]. Food Control, 2010, 73(21): 319-330.
- [12] 赵峰, 马丽萍, 孙永, 等. 我国沿海城市海产品中副溶血性弧菌的半定量风险评估[J]. 中国渔业质量与标准, 2012, 2(4): 33-38.
Zhao F, Ma YL, Sun Y, *et al.* Semi-quantitative risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in seafood in coastal cities of China [J]. Chin Fish Qual Stand, 2012, 2(4): 33-38.
- [13] 翟明爽, 徐斐, 曹慧, 等. 即食熟肉制品中主要致病菌的半定量风险评估[J]. 微生物学杂志, 2014, 34(2): 92-98.
Qu MS, Xu F, Cao H, *et al.* Semi-quantitative risk assessment of main pathogens in instant delicatessen meats [J]. J Microbiol, 2014, 34(2): 92-98.
- [14] 周晏, 周国燕, 徐斐, 等. 生食水产品中主要致病菌的半定量风险评估[J]. 食品研究与开发, 2015, 36(4): 108-114.
Zhou Y, Zhou GY, Xu F, *et al.* Semi-quantitative risk assessment of the main pathogens in raw-eat aquatic products [J]. Food Res Dev, 2015, 36(4): 108-114.
- [15] 王李伟, 田明胜, 王颖, 等. 上海市市售禽肉中金黄色葡萄球菌污染的半定量风险评估[J]. 上海预防医学, 2015, 27(3): 159-161.
Wang LW, Tian MS, Wang Y, *et al.* Semi-quantitative risk assessment of *Staphylococcus aureus* contamination in poultry meat sold in Shanghai [J]. Shanghai J Prev Med, 2015, 27(3): 159-161.
- [16] 周少君, 梁辉, 黄芮. 广东省熟肉制品中沙门菌的半定量风险评估研究[J]. 食品科技, 2016, 41(4): 324-328.
Zhou SJ, Liang H, Huang R. Semi-quantitative risk assessment for *Salmonella* in ready-to-eat meat products in Guangdong province [J]. Food Sci Technol, 2016, 41(4): 324-328.
- [17] 江荣花, 董庆利, 周少君, 等. 基于波士顿矩阵的香肠中单增李斯特菌半定量风险评估[J]. 食品工业科技, 2016, 37(19): 262-266.
Jiang RH, Dong QL, Zhou SJ, *et al.* Semi-quantitative risk assessment of *Listeria monocytogenes* in sausage based on Boston matrix [J]. Sci Technol Food Ind, 2016, 37(19): 262-266.
- [18] 宋夏, 蔡华, 徐碧瑶, 等. 上海市市售凉拌菜中单核细胞增生李斯特菌对居民健康影响半定量风险评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2020, 32(1): 77-82.
Song X, Cai H, Xu BY, *et al.* Semi-quantitative risk assessment on *Listeria monocytogenes* in retail Chinese salads for Shanghai residents [J]. Chin J Food Hyg, 2020, 32(1): 77-82.
- [19] 王凯, 王光宇, 叶可萍, 等. 散装盐水鸭中单增李斯特菌的风险等级评估[J]. 湖北农业科学, 2016, 55(11): 2852-2855, 2901.
Wang K, Wang GY, Ye KP, *et al.* Risk level assessment for *Listeria*

- monocytogenes* in water-boiled duck products [J]. Hubei Agric Sci, 2016, 55(11): 2852–2855, 2901.
- [20] 周少君, 赖中军, 梁骏华, 等. 基于半定量风险评估的食品风险分级方法研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2015, 27(5): 576–585.
- Zhou SJ, Dun ZJ, Liang JH, *et al.* Risk ranking method for chemical and biological hazards in food based on semi-quantitative risk assessment [J]. Chin J Food Hyg, 2015, 27(5): 576–585.
- [21] 朱江辉, 李凤琴. sQMRA 在微生物定量风险评估中的应用[J]. 中国食品卫生杂志, 2011, 23(1): 46–49.
- Zhu JH, Li FQ. Application of sQMRA in quantitative microbiological risk assessment [J]. Chin J Food Hyg, 2011, 23(1): 46–49.
- [22] 田明胜, 王李伟, 王颖, 等. 快速微生物定量风险评估模型的改进和应用[J]. 上海预防医学, 2014, 26(12): 703–706.
- Tian MS, Wang LW, Wang Y, *et al.* Improvement and application of rapid microbial quantitative risk assessment model [J]. Shanghai J Prev Med, 2014, 26(12): 703–706.
- [23] 宋晓鸣, 王晔茹, 国琳, 等. 快速微生物定量风险评估工具及其改进在海产品中副溶血性弧菌风险分级中应用[J]. 中国食品卫生杂志, 2020, 32(1): 83–87.
- Song XY, Wang YR, Guo L, *et al.* Application and improvement of swift quantitative microbiological risk assessment 2 tool in risk ranking of *Vibrio parahaemolyticus* in different categories of seafood [J]. Chin J Food Hyg, 2020, 32(1): 83–87.
- [24] 翟前前, 朱江辉, 方赤光, 等. 食品微生物定量风险分级模型初探与验证[J]. 中国食品卫生杂志, 2019, 31(3): 259–265.
- Qu QQ, Zhu JH, Fang CG, *et al.* Preliminary investigation of quantitative food microbial risk ranking model and its verification [J]. Chin J Food Hyg, 2019, 31(3): 259–265.
- [25] 张玉, 陈玉贞, 胡春光, 等. 肉鸡屠宰场沙门菌定量评估模型的构建[J]. 卫生研究, 2015, 44(3): 466–469, 478.
- Zhang Y, Chen YZ, Hu CG, *et al.* A quantitative risk assessment model of *Salmonella* on carcass in poultry slaughterhouse [J]. J Hyg Res, 2015, 44(3): 466–469, 478.
- [26] 张莉, 尹德凤, 张大文, 等. 猪肉引发厨房沙门氏菌交叉污染定量风险评估[J]. 食品科学, 2018, 39(11): 177–184.
- Zhang L, Yin DF, Zhang DW, *et al.* Quantitative microbiological risk assessment of *Salmonella* cross-contamination from fresh pork to ready-to-eat food in domestic kitchen [J]. Food Sci, 2018, 39(11): 177–184.
- [27] 林宇斌. 鲜湿米粉中蜡样芽孢杆菌定量风险评估[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2015.
- Lin YB. Quantitative risk assessment for *Bacillus cereus* in wet rice noodle [D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2015.
- [28] 刘弘, 罗宝章, 秦璐昕, 等. 生食三文鱼片副溶血性弧菌污染的定量风险评估研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2012, 24(1): 18–22.
- Liu H, Luo BZ, Qin LX, *et al.* Quantitative risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in raw salmon slices [J]. Chin J Food Hyg, 2012, 24(1): 18–22.
- [29] 林静. 对虾中副溶血性弧菌预测模型的建立及定量风险评估研究[D]. 南宁: 广西大学, 2015.
- Lin J. Establishment of predictive model and risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in prawn [D]. Nanning: Guangxi University, 2015.
- [30] 蔡华, 秦璐昕, 罗宝章, 等. 上海市市售凉拌菜中金黄色葡萄球菌的定量风险评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30(1): 84–88.
- Cai H, Qin LX, Luo BZ, *et al.* Quantitative risk assessment on *Staphylococcus aureus* in ready-to-eat salads in Shanghai [J]. Chin J Food Hyg, 2018, 30(1): 84–88.
- [31] 刘丽梅, 高永超, 王玎. 食品中微生物危害的风险评估建模方法改进与应用[J]. 农业工程学报, 2014, 30(6): 279–286.
- Liu LM, Gao YC, Wang D. Improvement and application of risk assessment modeling method for microbial hazards in food [J]. Trans Chin Soc Agric Eng, 2014, 30(6): 279–286.
- [32] 江荣花, 杜建萍, 崔昀, 等. 整合低温乳化香肠加工过程交叉污染的单增李斯特菌定量风险评估[J]. 食品科学, 2018, 39(23): 134–141.
- Jiang RH, Du JP, Cui Y, *et al.* Quantitative risk assessment of cross-contamination of *Listeria monocytogenes* during low-temperature emulsified sausage processing [J]. Food Sci, 2018, 39(23): 134–141.
- [33] 朱江辉, 宋筱瑜, 王晔茹, 等. 我国食品微生物定量风险分级模型初探与应用[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(4): 516–522.
- Zhu JH, Song XY, Wang YR, *et al.* Preliminary investigation of quantitative food microbial risk ranking model and its applications [J]. Chin J Food Hyg, 2016, 28(4): 516–522.
- [34] Sumner J, Ross T. A semi-quantitative seafood safety risk assessment [J]. Inter J Food Microbiol, 2002, 77(1/2): 55–59.
- [35] Mataragas M, Skandamis PN, Drosinos EH, *et al.* Risk profiles of pork and poultry meat and risk ratings of various pathogen/product combinations [J]. Inter J Food Microbiol, 2008, (126): 1–12.
- [36] Chen Y. FDA-iRISK-a comparative risk assessment system for evaluating and ranking food-hazard pairs: Case studies on microbial hazards [J]. J Food Prot, 2013, 76(3): 376–85.
- [37] Toyofuku H, Hasegawa S, Kakinuma M. Evaluation of food hygiene monitoring effects using existing risk assessment tools [J]. Jpn Veter Assoc Magaz, 2013, 66(11): 816–819.
- [38] Chabwasi IM, Chisoni M, John BM, *et al.* Quantitative risk assessment of developing salmonellosis through consumption of beef in Lusaka province, Zambia [J]. Food Control, 2017, (73): 1105–1113.
- [39] Chardon JE, Evers EG. Improved swift quantitative microbiological risk assessment(sQMRA)methodology [J]. Food Control, 2017, 73(10): 1285–1297.
- [40] FAO/WHO. Microbiological Risk assessment series [EB/OL]. (2020–02–18) [2020–05–18]. <https://www.who.int/publications-detail/microbiological-risk-assessment-series>.
- [41] FAO/WHO. Interventions for the control of non-typhoidal *Salmonella* spp. in beef and pork [R/OL]. Microbiological risk assessment series 30.2016. <https://www.who.int/publications/i/item/interventions-for-the-control-of-non-typhoidal-salmonella-spp.-in-beef-and-pork/en>.
- [42] FAO/WHO. Selection and application of methods for the detection and enumeration of human-pathogenic halophilic *Vibrio* spp. in seafood [R/OL]. Microbiological risk assessment series 22.2016. <https://www.who.int/publications/i/item/selection-and-application-of-methods-for-the-detection-and-enumeration-of-human-pathogenic-halophilic-vibrio-spp.-in-seafood-guidance/en>.
- [43] FAO/WHO. Risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in seafood [R/OL]. Microbiological risk assessment series 16.2011. <https://www.who.int/publications/i/item/risk-assessment-of-vibrio-parahaemolyticus-in-seafood>.

- ood/en.
- [44] FAO/WHO. Enterohaemorrhagic *Escherichia coli* in raw beef and beef products: Approaches for the provision of scientific advice[R/OL]. Microbiological risk assessment series 18, 2011. <https://www.who.int/publications/i/item/enterohaemorrhagic-escherichia-coli-in-raw-beef-and-beef-products-approaches-for-the-provision-of-scientific-advice/en>.
- [45] EFSA. Quantitative microbiological risk assessment on *Salmonella* in slaughter and breeder pigs [R]. 2010.
- [46] EFSA. Quantitative risk assessment of *Salmonella enteritidis* in shell eggs in Europe [R]. 2010.
- [47] EFSA. A quantitative microbiological risk assessment of *Campylobacter* in the broiler meat chain [R]. 2011.
- [48] EFSA. Quantitative risk assessment of *Listeria monocytogenes* in a traditional RTE product [R]. 2019.
- [49] EFSA. Modelling of inactivation through heating for quantitative microbiological risk assessment (QMRA) [R]. 2018.
- [50] USDA. Incorporating molecular data into a quantitative microbial risk assessment framework for *Salmonella* in chicken [R]. 2020.
- [51] Xie G, Roiko A, Stratton H, *et al.* Guidelines for use of the approximate beta-Poisson dose-response model [J]. Risk Anal, 2017, 37(7): 1388–1402.
- [52] Haas CN. Microbial dose response modeling: past, present, and future [J]. Environ Sci Technol, 2015, 49(3): 1245–1259.
- [53] Antoine L, Gilles D, France B, *et al.* Banked human milk and quantitative risk assessment of *Bacillus cereus* infection in premature infants: A simulation study [J]. Can J Infect Dis Med Microbiol, 2019, (2019): 6348281.
- [54] Rahman SMA, Munther D, Fazil A, *et al.* Unraveling the dose-response puzzle of *L. monocytogenes*: A mechanistic approach [J]. Infect Dis Model, 2016, 1(1): 101–114.
- [55] Rahman SMA, Munther D, Fazil A, *et al.* Advancing risk assessment: Mechanistic dose-response modelling of *Listeria monocytogenes* infection in human populations [J]. Royal Soc Open Sci, 2018, 5(8): 180343.
- [56] Konstantinos PK, Zafiro A. Individual cell heterogeneity in predictive food microbiology: Challenges in predicting a “noisy” world [J]. Inter J Food Microbiol, 2016, (240): 3–10.
- [57] Zafiro A, Konstantinos PK. Individual cell heterogeneity as variability source in population dynamics of microbial inactivation[J]. Food Microbiol, 2015, (45): 216–221.
- [58] Kwong JC, McCallum N, Sintchenko V, *et al.* Whole genome sequencing in clinical and public health microbiology [J]. Pathol, 2015, 47(3): 199–210.
- [59] Besten HMW, Amezcuita A, Bover-Cid S, *et al.* Next generation of microbiological risk assessment: Potential of omics data for exposure assessment [J]. Inter J Food Microbiol, 2018, (287): 18–27.
- [60] Ghadeer S, Sahar A, Mohammed Z. Rapid and low-cost biosensor for the detection of *Staphylococcus aureus* [J]. Biosens Bioelectron, 2017, (90): 230–237.
- [61] Jiang T, Song Y, Wei T, *et al.* Sensitive detection of *Escherichia coli* O157:H7 using Pt-Au bimetal nanoparticles with peroxidase-like amplification [J]. Biosens Bioelectron, 2016, (77): 687–694.
- [62] 王博远, 陈夏威, 李笑, 等. 基于区域卫生信息平台的食源性疾病预防系统设计[J]. 中国食品卫生杂志, 2019, 31(4): 379–384.
- Wang BY, Chen XW, Li X, *et al.* Design of foodborne disease early warning system based on regional health information platform [J]. Chin J Food Hyg, 2019, 31(4): 379–384.
- [63] 佚名. 我国首个基于全基因组测序技术的食源性疾病分子溯源网络建成并投入使用[J]. 中国食品学报, 2019, 19(9): 278.
- Anonymous. China's first molecular traceability network for foodborne diseases based on whole-genome sequencing technology has been established and put into use [J]. J Chin Inst Food Sci Technol, 2019, 19(9): 278

(责任编辑: 李磅礴)

作者简介



苏丹萍, 主要研究方向为食品卫生与营养。

E-mail: su_danping@126.com



吴云凤, 硕士, 讲师, 主要研究方向为食品安全。

E-mail: 451263693@qq.com