

- [9] 方春. 单核细胞增生李斯特菌谱系Ⅲ强毒株与弱毒菌株比较基因组及致病力差异机制[D]. 杭州: 浙江大学, 2015.
- [10] 王彬, 倪宏波. 单核细胞增生李斯特菌毒力因子研究进展[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2008, 20(2): 62-67.
- [11] Arslan S, Baytur S. Prevalence and antimicrobial resistance of *Listeria* species and subtyping and virulence factors of *Listeria monocytogenes* from retail meat[J]. Journal of Food Safety, 2019, 39(1): e12578.
- [12] 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.
- [13] CAOXL, WANG Y, WANG Y, et al. Isolation and characterization of *Listeria monocytogenes* from the black-headed gull feces in Kunming, China[J]. Journal of Infection and Public Health, 2018, 11(1): 59-63.
- [14] SIAMAK H, MOHAMMAD SD, MOHAMMAD RP, et al. Prevalence, antimicrobial susceptibility, serotyping and virulence genes screening of *Listeria monocytogenes* strains at a tertiary care hospital in Tehran, Iran[J]. Iranian Journal of Microbiology, 2018, 10(5): 307-313.
- [15] DE ALMEIDA R M, BARBOSA AV, LISBÔA R D C, et al. Virulence genes and genetic relationship of *L. monocytogenes* isolated from human and food sources in Brazil[J]. Brazilian Journal of Infectious Diseases, 2017, 21(3): 282-289.
- [16] YOSHIKAWA Y, OCHIAI Y, MOCHIZUKI M, et al. Genetic subtyping of *Listeria monocytogenes* via multiple-locus sequence typing using *giap*, *sigB* and *actA*[J]. The Journal of Veterinary Medical Science, 2017, 78(12): 1831-1839.
- [17] 刘玉庆, 李璐璐, 骆延波, 等. EUCAST 欧盟药敏试验标准[M]. 北京: 中国质检出版社, 2016: 109.
- [18] 梅玲玲, 骆丽巧, 朱敏, 等. 食品中单增李斯特菌血清型及耐药性研究[J]. 中国卫生检验杂志, 2006, 16(10): 1165-1166.
- [19] 乌日娜, 郭邦成, 杜小莉, 等. 银川市食源性单增李斯特菌分子流行病学特征研究[J]. 医学美学美容(中旬刊), 2014(5): 89-90.
- [20] 于丰宇. 食品中单核细胞增生李斯特菌的毒力研究[D]. 重庆: 西南大学, 2011: 1-56.
- [21] 俞骅. 杭州地区单核细胞增生李斯特菌食品分离株血清与分子型别特征的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2017: 1-58.
- [22] 闫鹤, 王彬, 师宝忠, 等. 单核细胞增生李斯特菌血清型、耐药性研究[J]. 中国抗生素杂志, 2010, 35(10): 774-778.
- [23] 章乐怡, 林梅芬, 李毅, 等. 温州市单核细胞增生李斯特菌的毒力基因及血清学分型和分子分型研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30(5): 468-472.
- [24] 陈伟伟, 吴晓敏, 廖冬冬, 等. 2016年福建省单核细胞增生李斯特菌临床病例及食品来源菌株的分子特征分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2019, 35(2): 145-148.
- [25] 蔡雪薛. 单核细胞增生李斯特菌毒力相关基因的筛选鉴定及其功能研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2017: 1-86.
- [26] 廖兴广, 张秀丽, 刘辰, 等. 河南省食源性单增李斯特菌毒力基因的变化研究[J]. 现代预防医学, 2011, 38(20): 4248-4250+4255.
- [27] 亢春雨. 食源性单核增生性李斯特氏菌的分布、遗传多态性及其毒理机制研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2015: 1-132.

风险监测

辽宁省食品中产气荚膜梭菌的污染状况与基因特征

耿英芝, 于淼, 张铭琰, 张眉眉

(辽宁省疾病预防控制中心, 辽宁 沈阳 110005)

摘要:目的 了解辽宁省食品中产气荚膜梭菌污染状况、血清型及毒素基因携带特征。方法 在辽宁省6个市采集生畜肉和冷冻鱼糜制品样品260份,依据GB 4789.13—2012方法进行产气荚膜梭菌检测,同时采用生化和荧光定量聚合酶链式反应(PCR)方法进行菌种鉴定;提取菌体DNA,采用PCR方法进行毒素基因分型检测;并针对16S rRNA基因序列进行进化树分析。结果 260份不同食品样品中检出15株产气荚膜梭菌,总检出率为5.8%,其中生羊肉检出率最高,为29.0%(9/31)。所有菌株均检出 α 毒素,其中仅检出 α 毒素的菌株占66.7%(10/15),为A型产气荚膜梭菌;同时检出 α 毒素和 β 毒素菌株占33.3%(5/15),为C型菌株。总计6株菌检出 β_2 毒素,包括4株A型菌和2株C型菌;肠毒素CPE基因的检出率为6.7%(1/15);16S rRNA进化分析得出携带同一毒素基因的菌株遗传关系较近。结论 辽宁省生畜肉和冷冻鱼糜制品中均检出产气荚膜梭菌,其中生畜肉污染较严重,且主要为A型菌和C型菌,引起食物中毒风险高,对食品安全构成潜在的威胁,应加强监测与防控。

关键词:产气荚膜梭菌;基因分型; α 毒素

中图分类号:R155 **文献标识码:**A **文章编号:**1004-8456(2022)01-0081-06

DOI:10.13590/j.cjfh.2022.01.016

收稿日期:2021-07-06

基金项目:辽宁省自然科学基金指导计划(2019-ZD-1089)

作者简介:耿英芝 女 副主任技师 研究方向为食品微生物 E-mail:genggeng911@aliyun.com

通信作者:张眉眉 女 主任技师 研究方向为食品微生物 E-mail:zangmeimei@126.com

Contamination status and genetic characteristics of *Clostridium perfringens* in food in Liaoning Province

GENG Yingzhi, YU Miao, ZHANG Mingyan, ZHANG Meimei

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

Abstract: Objective To understand the contamination status, serotype and toxin genes characteristics of *Clostridium perfringens* (*C. perfringens*) in food samples in Liaoning Province. **Methods** A total of 260 samples of raw meat and frozen surimi products were collected from 6 cities in Liaoning Province. The samples were tested for *C. perfringens* according to the national food safety standard GB 4789.13—2012. At the same time, the *C. perfringens* strains were identified by biochemical and fluorescent quantitative PCR method. Genotyping of toxin gene was detected by PCR method, and phylogenetic tree analysis was carried out for 16S rRNA gene sequence. **Results** A total of 15 *C. perfringens* strains were detected and the total detection rate was 5.8% in 260 food samples. The highest detection rate was 29% (9/31) in raw mutton. The result of toxin test showed that all strains detected α toxin. The detection rate of type A strains (α toxin) was 66.7% (10/15). The detection rate of type C strains (α toxin and β toxin) was 33.3% (5/15). There were 6 strains detected β_2 toxin, including 4 strains of type A and 2 strains of type C. The detection rate of enterotoxin CPE was 6.7% (1/15). The 16S rRNA analysis showed that the genetic relationship of the strains carrying the same toxin gene was close. **Conclusion** *C. perfringens* strains were detected in raw animal meat and frozen surimi products in Liaoning Province, and the pollution of raw animal meat was serious. Moreover, there was a high risk of food poisoning mainly posed by type A and type C strains. Therefore, monitoring, prevention and control should be strengthened.

Key words: *Clostridium perfringens*; Genotyping; α toxin

产气荚膜梭菌 (*Clostridium perfringens*) 也称魏氏梭菌 (*Clostridium welchii*), 是一种可引起人畜共患病的食源性致病菌, 在人、动物肠道和粪便及外环境中可大量繁殖^[1]。产气荚膜梭菌形成的芽孢^[2], 能够稳定存在, 抗逆性极强, 而且在食品杀菌过程中也很难消灭, 可引起人类食物中毒、伤口气性坏疽等疾病, 严重威胁人类健康^[3]。产气荚膜梭菌致病性与多种外毒素和酶类有关, 包括 α 、 β 、 ϵ 、 ι 、 θ 、 γ 、 η 、 δ 、 κ 、 λ 、 μ 和 ν 等, 据报道目前有 16 种之多^[4], 其中致死毒素主要包括 α 、 β 、 ϵ 、 ι , 这 4 个毒素是菌株血清分型的依据, 可将其分为 A(α)、B(α , β , ϵ)、C(α , β)、D(α , ϵ)、E(α , ι) 5 种血清型^[5,6]; 还包括肠毒素 (*Clostridium perfringens enterotoxin*, CPE) 和 β_2 毒素等致病性毒素, 近年来有报道称这两种毒素具有细胞毒性并与疾病的严重程度相关^[6]。近年来人们对食品安全问题的关注度越来越高, 但尚未见有关辽宁省食品中产气荚膜梭菌污染情况等相关报道, 因此本研究对辽宁地区食品中产气荚膜梭菌流行概况、毒素基因携带情况以及菌株间的分子特征进行研究, 可以填补产气荚膜梭菌流行现状、基因型分布特点的研究空缺, 为食品污染监测提供数据支持, 同时对食源性疾病预防具有重要意义。

1 材料与方 法

1.1 材 料

1.1.1 主要仪器

生物显微镜购自德国徕卡、普通 PCR 基因检测

仪购自江苏硕世生物科技股份有限公司、普通电泳仪购自上海六一电泳厂、细菌生化系统鉴定仪购自法国梅里埃、Real-time PCR 扩增仪购自美国 ABI 公司、台式冷冻离心机购自德国 Hermle、凝胶成像系统购自美国伯乐。

1.1.2 试剂与培养基

哥伦比亚血平板 (英国 Oxoid 公司); ANC 鉴定卡 (法国 BioMérieux 公司); Go Taq[®] qPCR Master Mix (美国 Promega 公司); DNA 凝胶回收试剂盒 (Axygen 公司); DNAMarker (大连 TaKaRa 公司); 金琼脂糖粉 (美国 Lonza 公司)。

1.1.3 菌株来源

2019 年在辽宁省 6 个市开展产气荚膜梭菌污染监测, 对 132 份生畜肉和 128 份冷冻鱼糜制品总计 260 份样品进行了检测, 检出 15 株产气荚膜梭菌。样品来自于超市、零售店、农贸市场、网购店和餐饮, 覆盖城市和农村。

1.2 方 法

1.2.1 菌株分离

参照 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》进行样品制备与稀释, 吸取各稀释液 1 mL 加入无菌平皿内, 每个平皿倾注冷却至 50 °C 的 TSC 琼脂 15 mL, 充分混匀。待琼脂平板凝固后, 再加 10 mL 冷却至 50 °C 的 TSC 琼脂均匀覆盖平板表层。待琼脂凝固后, 正置于厌氧培养装置内, 36 °C 培养 24 h。

1.2.2 菌株鉴定

从菌株冻存管中挑取磁珠,分别涂抹于哥伦比亚血平板上,置于厌氧条件下,培养过夜。然后挑取典型单个菌落于血平板传代培养后用于菌株的鉴定。取无菌生理盐水 1 滴,将单个菌落溶解后进行染色镜检,同时制作菌悬液,细菌生化系统鉴定仪内对菌株进行生化分析。

1.2.3 荧光定量 PCR 检测

分别挑取 3~5 个纯培养菌落,充分溶解于 300 μ L DEPC 处理水中,100 $^{\circ}$ C 煮沸 10 min,12 000 r/min 离心 5 min,取上清即为 DNA 模板。按照荧光定量 PCR 检测试剂盒进行检测。

1.2.4 16S rRNA 同源性鉴定分析

利用 16S rRNA 引物对提取的 DNA 进行扩增,对全部扩增产物进行回收纯化,送至北京天一辉远生物科技有限公司进行序列测序。在数据库 GenBank 中,对测得序列进行 BLAST 比对分析,以便进一步明确菌株种类。采用 DNA Star5 软件将本研究代表菌株序列与数据库 GenBank 中不同地区菌株序列进行差异性比对,在选择 MP 法于 MEGA7 软件中构建系统发育树,进一步明确菌株间的遗传关系。

1.2.5 毒力基因扩增

采用 PCR 方法扩增 α 、 β 、 ϵ 、 ι 、CPE 和 β_2 6 种毒素对应的 *cpa*、*cpb*、*etx*、*iA*、*cpe* 和 *cpb2* 基因,扩增引物序列^[7]及目的片段长度见表 1,引物由英潍捷基(上海)贸易有限公司合成。PCR 扩增体系(25 μ L):包括 Premix Ex Taq 12.5 μ L,上下游引物各 1 μ L(10 pmol/ μ L),DNA 模板 5 μ L,用 DEPC 水补足至 25 μ L。PCR 扩增参数:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 1 min;55 $^{\circ}$ C 退火 30 s;72 $^{\circ}$ C 延长 1 min;循环数 35,72 $^{\circ}$ C 延长 10 min。取扩增后产物 6 μ L,在 110 V 下,使用 1.2%琼脂糖凝胶电泳 30 min,DNA marker 为 DL2000,置于凝胶成像系统内观察结果。

表 1 扩增引物列表

基因	引物序列(5'-3')	目的片段长度/bp
<i>cpa</i>	F: GCTAATGTTACTGCCGTTGA	324
	R: CCTCTGATACATCGTGAAG	
<i>cpb</i>	F: GCGAATATGCTGAATCATCTA	196
	R: GCAGGAACATTAGTATATCTTC	
<i>etx</i>	F: GCGGTGATATCCATCTATTC	655
	R: CCACTTACTTGTCTACTAAC	
<i>iA</i>	F: ACTACTCTCAGACAAGACAG	446
	R: CTTTCCTTCTATTACTATACG	
<i>cpe</i>	F: GGAGATGGTGATATTAGG	233
	R: GGACCAGCAGTTGTAGATA	
<i>cpb2</i>	F: AGATTTTAAATATGATGCTAACC	567
	R: CAATACCCTTTCACCAAACTCTC	

2 结果与分析

2.1 产气荚膜梭菌检出情况

本次食品中产气荚膜梭菌污染风险调查共检测 260 份样品,从其中 15 份样品中分离鉴定出产气荚膜梭菌菌株,总检出率 5.8%。其中生畜肉类检出率 10.8%(14/130),冷冻鱼糜制品类检出率为 0.8%(1/130),具体见表 2。

表 2 产气荚膜梭菌污染情况

食品类别	样品名称	数量	阳性数	检出率/%
生畜肉	生猪肉	68	4	5.9
	生牛肉	31	1	3.2
	生羊肉	31	9	29.0
冷冻鱼糜制品	鱼丸	100	1	1.0
	虾丸	14	0	0.0
	蟹肉棒	7	0	0.0
	海螺丸	9	0	0.0
总计		260	15	5.8

2.2 菌株鉴定

2.2.1 镜检结果

G^+ 粗大杆菌,多呈现单个或成双排列分布,少见链状,菌体两端多钝圆,无鞭毛、未见芽孢(图 1)。

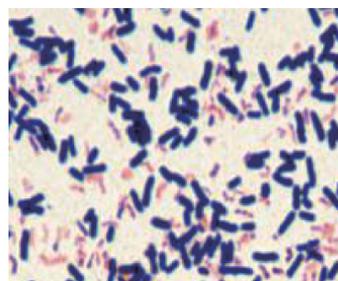


图 1 革兰染色下的细菌形态($\times 100$)

Figure 1 Gram staining result ($\times 100$)

2.2.2 生化分析

经生化鉴定 15 株疑似菌株均为产气荚膜梭菌,生化特征符合。其中乳糖、山梨醇、蔗糖、还原性硝酸盐试验、葡萄糖均为阳性,而甘露醇、半固体试验结果为阴性,不具备运动力,可产生 H_2S ,并液化明胶。

2.2.3 荧光定量 PCR 检测

对 15 株疑似产气荚膜梭菌进行荧光定量 PCR 检测,结果全部为产气荚膜梭菌,Ct 值为 23~32,阴性和阳性对照均符合预期结果,见图 2。

2.3 16S 系统发育树构建

利用 16S rRNA 引物对菌株 DNA 进行 PCR 扩增,均获得大小约为 1 500 bp 预期片段。16S rRNA 序列测定后经 BLAST 在线比对分析,各菌株与 *Clostridium perfringens*(GenBank 登录号为 NR113204、JN792327、MG462894 等)同源性达 99%,进一步验证

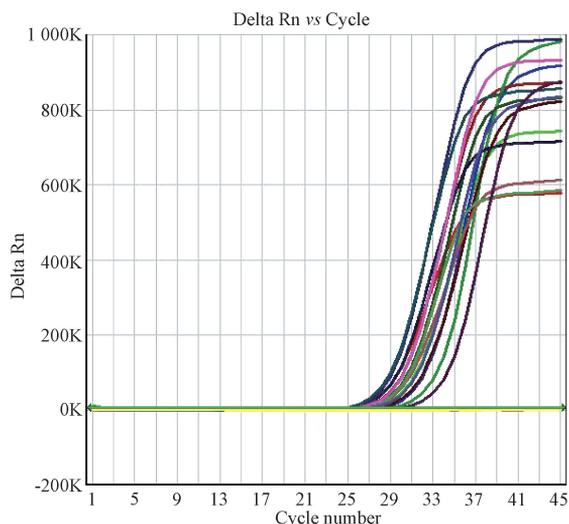


图 2 15 株产气荚膜梭菌荧光定量 PCR 结果
Figure 2 The results of 15 *Clostridium perfringens* strains by fluorescence quantitative PCR

本研究中分离株均为产气荚膜梭菌。经 16S rRNA 序列分析得出产气荚膜梭菌分离株之间的同源性很高,最高可达到 100%。选取携带有不同毒素基因的分离株序列与 GenBank 数据库中下载的不同地区代表株序列比对分析,从而构建系统发育树。从系统发育树(图 3)可以发现,整个树状图主要由 2 个大的分支组成,携带有不同毒素基因的分离株处于不同的独立小分支,其中不同血清型的 A 型菌株和 C 型菌株均位于不同的大的分支上,分别与世界各地的代表株有着较近的遗传距离^[8],具有密切的进化关系。

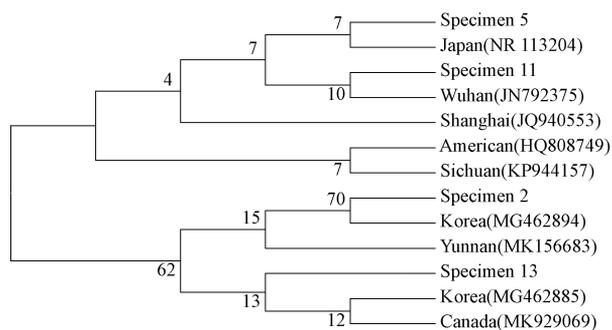
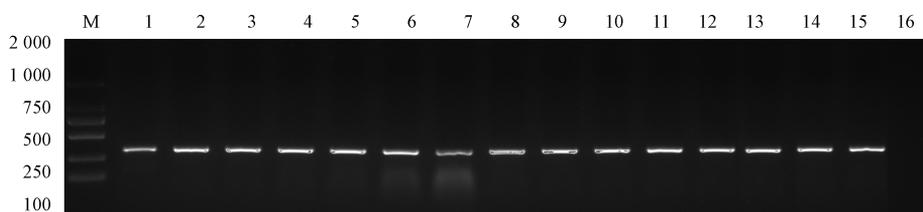


图 3 16S 序列构建的系统发育树
Figure 3 Phylogenetic tree constructed by 16S sequence

2.4 毒素基因检测

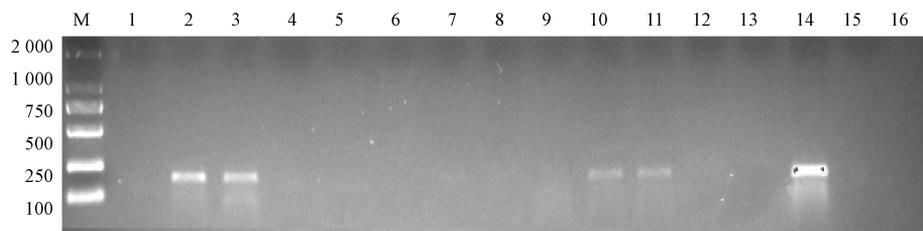
利用 6 种致病毒素基因(*cpa*、*cpb*、*etx*、*iA*、*cpe* 和 *cpb2*)引物对 15 份菌株 DNA 分别进行 PCR 扩增,电泳结果图 4~7。扩增结果显示:15 份菌株 DNA 均扩增出 *cpa* 引物的预期目的片段,大小约为 324 bp,表明所有分离菌株均检出 α 毒素(图 4)。图 5 可见 2、3、10、13 泳道扩增出 *cpb* 引物的预期目的片段,大小约为 196 bp,表明检出 β 毒素基因。*etx* 和 *iA* 毒素基因未检出。血清分型结果显示 66.7%分离株(10/15)为 A 型菌,33.3%分离株(5/15)为 C 型菌,未见其他型别。分离株中检出 *CPE* 和 β₂ 毒素基因,其中 1 株检出 *CPE* 毒素基因,检出率为 6.7%,为 A 型菌(图 6);6 株检出 β₂ 毒素基因,包括 2 株 C 型菌和 4 株 A 型菌(图 5),检出率为 40%,未见 *CPE* 和 β₂ 毒素基因同时检出菌株。



注:M 为 DL2000 Marker;1~15 泳道:1~15 号分离株;16 泳道:阴性对照

图 4 *cpa* 毒素基因扩增结果

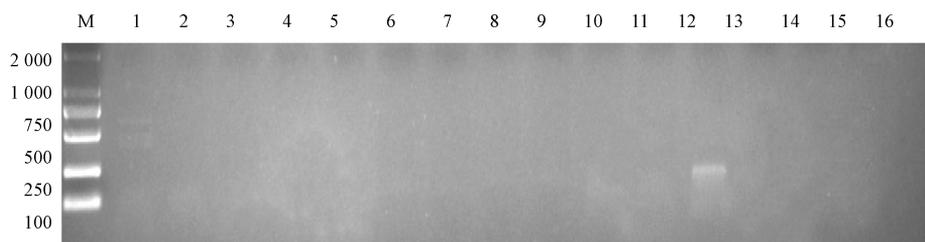
Figure 4 The amplification results of *cpa* toxin genes



注:M 为 DL2000 Marker;1~15 泳道:1~15 号分离株;16 泳道:阴性对照

图 5 *cpb* 毒素基因扩增结果

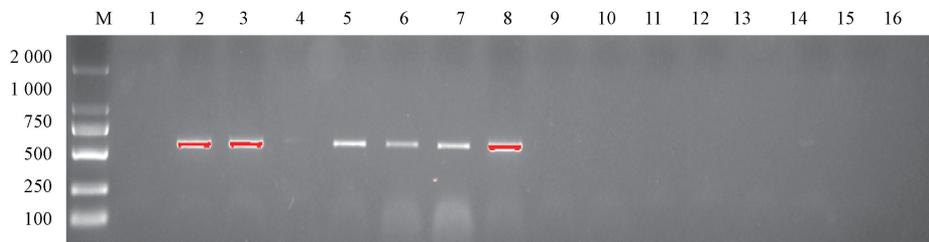
Figure 5 The amplification results of *cpb* toxin genes



注:M 为 DL2000 Marker;1~15 泳道:1~15 号分离株;16 泳道:阴性对照

图 6 *CPE* 毒素基因 PCR 结果

Figure 6 The PCR results of *CPE* toxin genes



注:M 为 DL2000 Marker;1~15 泳道:1~15 号分离株;16 泳道:阴性对照

图 7 β_2 毒素基因 PCR 结果

Figure 7 The PCR results of β_2 toxin genes

3 讨论

产气荚膜梭菌是重要的食源性病原菌之一,可导致暴发性的食物中毒,且儿童和老人较易感染,食品中的肉及肉类产品中污染率最高,是引起食物中毒的主要来源。不仅可污染熟肉制品,而且更容易污染原料肉。在 2019 年辽宁省食品风险监测中,在 6 个市采集生畜肉类和冷冻鱼糜制品 260 份,检获 15 株产气荚膜梭菌菌株,检出时间分布在 3-11 月,未发现明显季节性。其中 9 株从鲜羊肉中分离出,占比 60%;4 株从鲜猪肉中检获,占比 26.7%;分别从生牛肉和鱼丸中分离出 1 株菌,占 13.3%。其中生羊肉的检出率最高,为 29.0%(9/31)。样品均采自于各大农贸市场、超市、餐饮等,可见目前市场中出售的生肉类中产气荚膜梭菌污染情况较为严重,污染可能源自养殖场或肉类加工地点等,传播到人群中并导致疾病的可能性较高,相关部门应该引起重视,加大监测与监管力度。

对产气荚膜梭菌 16S 系统发育树分析表明,携带不同毒素基因分离株序列分别与 GenBank 数据库中不同地区代表株序列有较高的同源性,位于同一小分支;携带完全不同的毒素基因的分离株序列则分别位于不同的大分支;携带同一毒素基因的分离株在同一分支内。位于同一分支内的菌株遗传进化关系较近;而位于不同大分支的携带不同毒素基因的菌株遗传进化关系也较远。但鉴于本研究涉及分离株数目有限,应在以后的研究中进一步加以验证。

关于产气荚膜梭菌的致病机制,研究发现主要是通过释放强烈的外毒素^[9,10]和侵袭性酶类对机体造成伤害,主要的致病性毒素包括 α 、 β 、 ϵ 、 ι 毒素及 *CPE* 肠毒素、 β_2 毒素等,其中 *CPE* 和 β_2 毒素是人食物中毒及胃肠疾病的重要致病因子^[11]。本次研究通过外毒素基因的检测发现辽宁省食品中产气荚膜梭菌的血清型包括 A 型和 C 型,这与邓志爱等^[12]对广州市食品中产气荚膜梭菌的研究结果比较一致。其中 A 型产气荚膜梭菌能引起人类的食物中毒及传染性腹泻;C 型菌可导致坏死性肠炎,威胁人类的健康。通过对致病性毒素基因检测分析,发现食品中产气荚膜梭菌主要产生 α 、 β 和 β_2 毒素,而 *CPE* 基因的携带率较低,本研究中携带率 6.7%(1/15)。与张爽等^[13]关于北京 2 起产气荚膜梭菌食物中毒病原学分析结果基本一致,虽然肠毒素 *CPE* 基因的携带率不高,但近年来发现另一种致病性毒素 β_2 存在于 A 型与 C 型产气荚膜梭菌中,且基因携带率较高,可以引起人的食物中毒及多种动物其他肠道疾病,但 β_2 毒素致病机制尚不清楚^[14]。

通过本次研究掌握了辽宁省食品中产气荚膜梭菌的流行特征、血清型以及毒素基因携带情况,发现生鲜畜肉中产气荚膜梭菌污染较严重,分离株均携带有致病性毒素,可以导致人食物中毒,这是食品安全中的一个重大隐患,对公共卫生造成潜在的威胁,应引起重视,可为疾病的预防措施制定提供科学、有效的数据支持。

参考文献

- [1] JIA Z, LIU Y H, HWANG C A, et al. Effect of combination of Oxyrase and sodium thioglycolate on growth of *Clostridium perfringens* from spores under aerobic incubation [J]. Food Microbiology, 2020, 89: 103413.
- [2] MAHAMAT ABDELRAHIM A, RADOMSKI N, DELANNOY S, et al. Large-scale genomic analyses and toxinotyping of *Clostridium perfringens* implicated in foodborne outbreaks in France[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 777.
- [3] MONMA C, HATAKEYAMA K, OBATA H, et al. Four foodborne disease outbreaks caused by a new type of enterotoxin-producing *Clostridium perfringens* [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2015, 53(3): 859-867.
- [4] 许崇利. 魏氏梭菌外毒素的研究进展[J]. 河南师范大学学报(自然科学版), 2016, 44(1): 125-131.
- [5] 王海荣, 唐德宏, 鹿道新, 等. 畜舍环境中魏氏梭菌分离及基因型鉴定[J]. 中国人兽共患病杂志, 2005, 21(11): 61-63.
- [6] UZAL F A, VIDAL J E, MCCLANE B A, et al. *Clostridium perfringens* toxins involved in mammalian veterinary diseases[J]. The Open Toxinology Journal, 2010, 2: 24-42.
- [7] 张晓媛, 刘玉竹, 张鹏航, 等. 一起疑似产气荚膜梭菌食物中毒事件的病原学分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2019, 10(18): 6022-6026.
- [8] 石芸, 崔一龙, 尹有勤, 等. 羊源 A 型产气荚膜梭菌的分离鉴定与进化树分析[J]. 中国兽医学报, 2019, 39(4): 661-665.
- [9] 刘芳芳, 黄慧文, 张学成, 等. 产气荚膜梭菌的血清型和致病性及其防治措施[J]. 当代畜牧, 2017(30): 17-19.
- [10] 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.
- [11] SAITO R, TALUKDAR P K, ALANAZI S S, et al. RelA/DTD-mediated regulation of spore formation and toxin production by *Clostridium perfringens* type A strain SM101 [J]. Microbiology (Reading, England), 2018, 164(5): 835-847.
- [12] 邓志爱, 李孝权, 李钊华, 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.
- [13] 张爽, 贾巧玲, 李颖, 等. 北京市顺义区 2 起产气荚膜梭菌食物中毒病原学分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2020, 32(4): 456-460.
- [14] SAYEED S, UZAL F A, FISHER D J, et al. Beta toxin is essential for the intestinal virulence of *Clostridium perfringens* type C disease isolate CN3685 in a rabbit ileal loop model [J]. Molecular Microbiology, 2008, 67(1): 15-30.

风险监测

2016年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析

李薇薇¹, 郭云昌¹, 刘志涛², 褚遵华³, 梁进军⁴, 孟灿⁵, 付萍¹

(1. 国家食品安全风险评估中心, 北京 100022; 2. 云南省疾病预防控制中心, 云南 昆明 650034; 3. 山东省疾病预防控制中心, 山东 济南 250014; 4. 湖南省疾病预防控制中心, 湖南 长沙 410005; 5. 安徽省疾病预防控制中心, 安徽 合肥 230061)

摘要:目的 分析 2016 年中国食源性疾病暴发事件的流行病学特征。方法 对我国“食源性疾病暴发监测系统”收集的 2016 年食源性疾病暴发资料进行统计分析。结果 2016 年 31 个省、自治区、直辖市和新疆生产建设兵团共上报食源性疾病暴发事件 4 056 起, 累计发病 32 812 人, 死亡 213 人。在病因明确的 2 435 起事件中, 毒蘑菇引起的事件数和死亡人数最多, 分别占 40.7% (991/2 435) 和 74.1% (146/197); 微生物性因素引起的发病人数最多, 占 59.3% (12 910/21 769)。结论 微生物性食源性疾病仍然是我国重要的食品安全问题, 此外, 毒蘑菇中毒事件频发。

关键词: 食源性疾病; 暴发; 监测; 致病因子; 微生物; 死因; 中国

中图分类号: R155 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-8456(2022)01-0086-06

DOI: 10.13590/j.cjfh.2022.01.017

收稿日期: 2021-08-02

基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFC1601503)

作者简介: 李薇薇 女 副研究员 研究方向为食品卫生和食源性疾病 E-mail: weiweili@cfsa.net.cn

通信作者: 付萍 女 研究员 研究方向为食品卫生 E-mail: fuping@cfsa.net.cn