

专家述评

2011—2017年中美两国食源性疾病暴发监测资料比较及对我国监测体系建设的启示

白莉,刘丽莎,李亮亮,王晔茹,王彝白纳,齐妍,付萍,刘兆平,郭云昌,李宁

(国家食品安全风险评估中心,国家卫生健康委员会食品安全风险评估重点实验室,中国医学科学院创新单元(2019RU014),北京 100022)

摘要:本文介绍了美国食源性疾病暴发监测系统建立的历史,汇总分析2011—2017年美国食源性疾病暴发监测数据,并与同期我国食源性疾病暴发监测数据进行比较。中美两国同期食源性疾病暴发监测数据特征存在明显差异,微生物因素是导致食源性疾病暴发的主要原因。面对全球贸易一体化和后疫情时代的挑战,我国食源性疾病暴发监测体系应加速运用新技术,提高识别预警能力,同时进一步发挥食源性疾病暴发资料对制定我国相关食品安全管理措施的支撑作用。

关键词:食源性疾病;暴发;监测;微生物

中图分类号:R155

文献标识码:A

文章编号:1004-8456(2022)05-0863-08

DOI:10.13590/j.cjfh.2022.05.001

Comparison of foodborne disease outbreaks data in China and the United States from 2011 to 2017 and its inspiration for the construction of monitoring system in China

BAI Li, LIU Lisha, LI Liangliang, WANG Yeru, WANG Yibaina, QI Yan, FU Ping, LIU Zhaoping, GUO Yunchang, LI Ning

(China National Center for Food Safety Risk Assessment, NHC Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment, Chinese Academy of Medical Sciences Research Unit (2019RU014), Beijing 100022, China)

Abstract: The history of the establishment of foodborne disease outbreak monitoring system in the United States was introduced and the surveillance data of foodborne disease outbreaks in the United States from 2011 to 2017 were analyzed and compared with that in China. It was found that there were obvious differences in the characteristics of surveillance data of foodborne disease outbreaks between China and the United States in the same period, and microbial pathogenic factors were the main cause of foodborne disease outbreaks. Facing the challenges of global trade integration and post epidemic era of COVID-19, China's foodborne disease outbreak monitoring system should accelerate the use of new technologies to improve the ability of identification and early warning, and foodborne disease outbreak data results should further play the technical support role in the formulation of relevant food safety management measures in China.

Key words: Foodborne disease; outbreak; surveillance; microbiology

食源性疾病是全球面临的重大公共卫生问题^[1-2]。食源性疾病暴发事件不仅危害人类健康,同时带来了重大的经济损失,特别是在全球贸易的快速发展下,食源性疾病暴发现呈现跨区域、变化快、

难预测等特点^[3-4]。2011年德国产志贺毒素大肠埃希菌 O104 污染豆苗所致的严重暴发疫情,波及欧盟 16 国,导致 4 000 余人发病,56 人死亡^[5];2017 年 6 月—2018 年 4 月南非单核细胞增生李斯特氏菌 ST6 污染肉制品所致单核细胞增生李斯特氏菌暴发疫情,共计造成 937 人感染,其中 465 人(50%)为孕产妇,193 人(27%)死亡^[6];2022 年 4 月,世界卫生组织(World Health Organization, WHO)国际食品安全网络发布全球预警,召回比利时生产的被单相鼠伤寒沙门菌 ST34 污染的巧克力,目前共 16 个国家报告了 369 例相关病例^[7]。这三起食源性疾病暴发事件仅仅是实际暴发事件的“冰山一角”。

收稿日期:2022-06-23

基金项目:国家重点研发计划(2017YFC1601502)

作者简介:白莉 女 研究员 研究方向为食品微生物

E-mail: baili@cfsa.net.cn

通信作者:李宁 女 研究员 研究方向为食品安全

E-mail: lining@cfsa.net.cn

郭云昌 男 研究员 研究方向为食品安全

E-mail: gych@cfsa.net.cn

为早期识别和预警此类事件,避免重大食源性疾病的发生,WHO 建议各国建立食品安全管理框架,优先考虑食源性疾病监测,并采取可快速响应的食源性疾病监测预警方法^[8]。但因人口数量、经济、地理位置差异,各国病因谱呈现多样性,在建立食源性疾病监测体系时需根据本国食源性疾病特点设定监测范围及功能。

美国从 20 世纪 70 年代开始建立食源性疾病暴发监测网络,到 90 年代完善更新,逐步搭建基于实验室(PulseNet)和综合食物链的食源性疾病暴发监测体系,并成功应用于暴发识别、调查、溯源、预警及疾病负担研究^[9]。基于美国食源性疾病暴发监测体系的科学性、先进性和完善性,本文系统分析其在 2011—2017 年间的食源性疾病暴发监测数据,并与我国同期食源性疾病暴发数据进行比较,获得两国食源性疾病暴发的流行病学特征和趋势,为完善我国食源性疾病暴发监测体系提供技术支撑。

1 中美两国食源性疾病暴发监测体系

食源性疾病暴发监测的目的是为了识别、监视和预警食源性疾病暴发,确定特定疾病的发展趋势、危险因素和疾病负担,降低发病和死亡风险。

1.1 美国食源性疾病监测体系

美国疾病预防控制中心(以下简称美国疾控中心)于 1973 年建立食源性疾病暴发监测网(Foodborne Disease Outbreak Surveillance System, FDOSS),1998 年实现电子化上报,2009 年并入国家暴发事件报告系统(National Outbreak Reporting System, NORS)。2010 年,食源性疾病暴发监测系统实现全国法定报告,该直报平台由美国疾控中心组建,全美州、县、市级公共卫生机构对食源性疾病暴发监测具有识别、调查和报告职责,负责收集和定期报告美国食源性疾病暴发数据^[10]。

1.2 我国食源性疾病监测体系

我国自 2004 年起建立覆盖全国的突发公共卫

生事件网络直报系统,食源性疾病暴发事件得以实现实时报告,但此阶段以食物中毒群体性事件报告为主,收集符合上报标准的食物中毒数据,但大量发病人数<30 人的事件未被采集。2011 年,为加强食源性疾病暴发事件的归因分析,确定暴发事件的原因、过程和性质,国家卫生计生委对食源性疾病暴发监测系统进行改造升级,扩大监测范围及规范暴发事件上报规模(定义为 2 例或 2 例以上因食用普通食物而引起类似疾病的病例),上报数逐年增加。同时我国开始建立食源性疾病监测体系,搭建“食源性疾病监测报告系统”“食源性疾病暴发事件监测系统”和“国家食源性疾病分子溯源网络(TraNet)”三大监测系统,监测范围由 18 个省(自治区、直辖市)扩大到全国。经过 7 年的努力,食源性疾病暴发的及时处置和报告率明显提高,瞒报、漏报率降低,食源性疾病暴发每年持续增加。通过归因分析,逐渐掌握我国微生物性、化学性、有毒动植物性等暴发事件的高危食品和危险因素分布,为开展风险评估和确定监管重点提供基础数据^[11]。

2 2011—2017 年中美两国食源性疾病暴发监测数据分析^[12-25]

2.1 暴发事件发生趋势不同

2011—2017 年美国共报告 5 896 起(平均每年 842 ± 30 起)食源性疾病暴发事件,发病人数为 99 660 人,住院人数为 6 176 人,死亡人数为 157 人(平均每年 22 ± 7 人)。

2011—2017 年我国共报告食源性疾病暴发事件 15 806 起(平均每年 $2 258 \pm 1 588$ 起),发病人数为 148 967 人,死亡人数为 961 人(平均每年 137 ± 37 人)。

2011—2017 年中美两国食源性疾病暴发监测数据对比显示(图 1 和表 1),美国每年暴发事件数和发病人数较为平稳,我国食源性疾病监测体系处于快速发展期,识别能力不断提升,暴发事件数和发病人数不断上升,2011—2017 年的年平均暴发数是 2003—2010 年年均数的 4.73 倍。

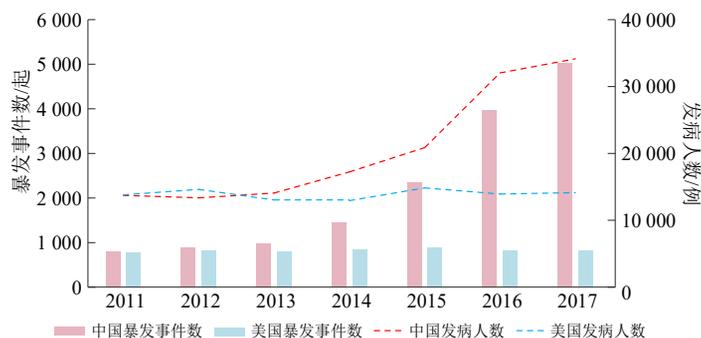


图 1 2011—2017 年中美食源性疾病暴发事件和发病人数对比

Figure 1 Comparison of outbreaks and incidence of foodborne diseases from 2011 to 2017 between China and the United States

表1 中美两国2011—2017年食源性疾病暴发监测资料差异性分析

Table 1 Analysis of differences in surveillance data of foodborne disease outbreaks between China and the United States from 2011 to 2017

差异方面	美国暴发资料	中国暴发资料
变化趋势不同		
变化趋势(平均数±标准差)	平稳(842±30)	逐年增加(2 258±1 588)
致病因子排序不同		
暴发事件排序	细菌>病毒>化学及毒素>寄生虫	有毒动植物及其毒素>细菌>化学及有毒物质>病毒
发病人数排序	细菌>病毒>化学及毒素>寄生虫	细菌>有毒动植物及其毒素>化学及有毒物质>病毒
死亡人数排序	细菌>病毒>化学及毒素>寄生虫	有毒动植物及其毒素>化学及有毒物质>细菌性>寄生虫
	单核细胞增生李斯特氏菌>沙门菌>产志贺毒素大肠埃希菌	毒蘑菇>农药>亚硝酸盐
暴发事件数前三位的致病因子	诺如病毒>沙门菌>产志贺毒素大肠埃希菌	毒蘑菇>副溶血性弧菌>未煮熟豆类
发病人数前三位的致病因子	诺如病毒>沙门菌>产气荚膜梭菌	毒蘑菇>副溶血性弧菌>沙门菌
住院人数前三位的致病因子	沙门菌>产志贺毒素大肠埃希菌>单核细胞增生李斯特氏菌	无
原因食品不同		
导致暴发事件	鱼肉>软体动物>鸡肉>牛肉>猪肉/水果	菌类>果蔬类>肉类>水产类>粮食类
引起发病人数	鸡肉>水果>肉猪>蔬菜(播种蔬菜 ¹)>蔬菜(行栽蔬菜 ²)	肉类>菌类>果蔬类>水产类>粮食类
发生场所不同		
暴发场所	餐馆就餐,堂食比例最高	家庭

注1:播种蔬菜(Seeded Vegetable):包括藤蔓类蔬菜,例如南瓜及小黄瓜;茄科,例如番茄及辣椒;豆科,例如棉豆(lima beans)及荷兰豆(snow peas);其他,例如秋葵及甜玉米。2:行栽蔬菜(Vegetable Row Crops):行栽蔬菜进一步分为花卉,例如朝鲜蓟和花椰菜;茎,例如芦笋和芹菜;绿叶蔬菜,例如生菜和菠菜。

2.2 致病因子排序不同

2011—2017年美国明确的单致病因子共导致暴发2 930起,致65 134人发病,5 558人住院,151人死亡。导致暴发的首位致病因子为微生物(2 646, 90.3%),其中由细菌性因子和病毒性因子导致的暴发事件分别为1 541起和1 105起,其次为化学及毒素(242, 8.3%)和寄生虫(42, 1.4%)。微生物因素导致的死亡人数共计146人(96.7%),其中细菌和病毒分别导致的死亡人数为132人和14人,其次为化学及毒素导致5人(3.3%)死亡。

在微生物因素里,导致暴发事件数的致病因子依次为诺如病毒(1 075, 36.7%),沙门菌(897, 30.6%)和产志贺毒素大肠埃希菌(175, 6.0%);发病人数前三位的致病因子依次是诺如病毒(28 029, 43.0%),沙门菌(22 278, 34.2%)和产气荚膜梭菌(4 096, 6.3%);住院人数前三位的致病因子依次为沙门菌(2 501, 62.1%),产志贺毒素大肠埃希菌(499, 12.4%)和单核细胞增生李斯特菌(266, 6.6%);住院比例前三位的致病因子依次为单核细胞增生李斯特菌(311, 94.5%)、肉毒梭菌(81, 87.1%)和霍乱弧菌(7, 33.3%);死亡人数前三位的致病因子依次是单核细胞增生李斯特菌(67, 44.4%)、沙门菌(32, 21.2%)和产志贺毒素大肠埃希菌(13, 8.6%)。详见表2。

在897起由沙门菌引起的食源性疾病暴发事件中,主要血清型依次为肠炎(234, 26.1%)、鼠伤寒(107, 11.9%)、纽波特(68, 7.6%)、4,[5],12:i:(43, 4.8%)和海德堡(38, 4.2%)。其中肠炎沙门菌和鼠

伤寒沙门菌是引起美国食源性疾病暴发事件的主要型别。

在175起由产志贺毒素大肠埃希菌引起的食源性疾病暴发事件中,主要血清型为O157(129, 73.7%)、O26(19, 10.9%)、O111(7, 4.0%)、O121(7, 4.0%)、O145(5, 2.9%)和O103(4, 2.3%)。O157和O26为引起美国食源性疾病暴发事件的主要血清型。

2011—2017年我国食源性疾病暴发监测数据中,主要致病因子为毒蘑菇(4 081起)、微生物(细菌和病毒, 3 238起)、有毒动植物(2 091起)及化学物质(977起)。其中微生物导致暴发事件数和发病人数前三位致病因子依次是副溶血性弧菌(1 053起, 16 571人)、沙门菌(713起, 16 013人)和金黄色葡萄球菌(404起, 6 453人)。

2011—2017年中美两国食源性疾病暴发监测数据对比发现,除毒蘑菇和有毒动植物是我国特有的食源性疾病致病因子外,微生物均为两国最重要的致病因素,但致病因子排序存在差异,这与两国不同的饮食习惯和消费模式有很大的相关性^[11,26]。

2.3 导致死亡的致病因子不同

2011—2017年美国食源性疾病导致死亡的致病因子主要是细菌性,其中单核细胞增生李斯特菌是导致死亡人数最多的致病因子。

2011—2017年我国食源性疾病导致死亡的致病因子主要为毒蘑菇、农药、亚硝酸盐及乌头,占死亡人数73.0%;肉毒梭菌和唐菖蒲伯克霍尔德氏菌是导致死亡的主要细菌性致病因子。

表2 2011—2017年美国食源性疾病暴发致病因子分类总体情况

致病因子	事件起数/起	发病人数	住院人数	死亡人数	住院比/%
细菌					
沙门菌	897	22 278	3 429	32	15.4
产志贺毒素大肠埃希菌	175	2 551	708	13	27.8
空肠弯曲菌	153	1 746	141	5	8.1
产气荚膜梭菌	109	4 096	10	2	0.2
副溶血性弧菌	45	258	21	0	8.1
单核细胞增生李斯特菌	35	329	311	67	94.5
金黄色葡萄球菌	32	1 278	86	1	6.7
志贺菌	30	760	101	0	13.3
蜡样芽孢杆菌	20	657	1	0	0.2
肉毒梭菌	19	93	81	8	87.1
霍乱弧菌	6	21	7	2	33.3
产毒性大肠埃希菌	4	203	1		0.5
黏附性大肠埃希菌	4	60	0	0	
溶血性链球菌 A	3	134	0	0	
小肠结肠炎耶尔森菌	3	20	7	1	35.0
其他芽孢类	2	15	3	0	20.0
致病性大肠埃希菌	1	30	0	0	
其他弧菌	1	2	0		
其他链球菌	1	16	5	0	31.3
其他	1	3	1	1	33.0
小计	1 541	34 550	4 913	132	14.22
化学及毒素					
鲑鱼毒素/组胺	105	294	2	0	0.68
雪卡毒素	90	312	32	0	10.26
真菌毒素	16	51	22	4	43.14
麻痹性贝类中毒	8	49	10	0	20.41
神经性贝毒	1	2	1	0	50.00
记忆缺失性贝毒	1	2	2	0	100.00
河豚毒素	1	2	2	0	100.00
其他	20	164	15	1	9.15
小计	242	876	86	5	9.82
寄生虫					
环孢子虫	14	239	10	0	4.18
隐孢子虫	13	177	6	0	3.39
隐孢子虫	11	324	18	0	3.39
鞭毛虫	3	14	0	0	0.00
弓形虫	1	9	0	0	0.00
小计	42	763	34	0	4.46
病毒					
诺如病毒	1 075	28 029	282	11	1.01
甲肝病毒	18	699	242	3	34.62
札幌病毒	11	159	1	0	0.63
轮状病毒	1	58	0	0	0.00
小计	1 105	28 945	525	14	1.81
单致病因子合计	2 930	65 134	5 558	151	
多致病因子合计	43	1 455	104	2	
明确暴发因子合计	2 973	66 589	5 662	153	

2011—2017年中美两国食源性疾病暴发监测数据对比发现,两国导致死亡的致病因子差异明显,尤其单核细胞增生李斯特氏菌在美国是导致死亡人数最多的致病因子。我国2013年开展的单核细胞增生李斯特氏菌病专项监测发现,散发病例中孕产妇比例占65.4%,病死率高达31.2%^[27],但目前我国尚未追溯到因单核细胞增生李斯特菌引起的暴发事件。

2.4 原因食品分类不同

2011—2017年美国食源性疾病暴发有明确原

因食品的有2 492起(占总暴发事件数42.3%),发病人数为50 011人(占总发病人数50.2%)。美国将原因食品分为水产动物、陆生动物和植物来源3大类,细分为23个子类及其他食品。其中1 354起(32.97%)可归因于23类食品子类,发病人数为26 128人。导致暴发事件前5位的食品依次是鱼肉(251, 18.5%)、软体动物(147, 10.9%)、鸡肉(139, 10.3%)、牛(133, 9.8%)和猪肉/水果(97, 7.2%)。导致发病人数前5位的食品依次是鸡肉(3 609, 13.8%)、水果(3 091, 11.8%)、猪肉(3 085,

11.8%)、蔬菜(芽苗菜)(2 437, 9.3%)和蔬菜作物(1 985, 7.6%)。

2011—2017年我国食源性疾病暴发事件中,原因食品明确的事件有12 268起(77.6%)。单一食品导致的暴发事件数为10 511起,发病人数为89 813人,死亡人数为878人。导致暴发事件的食物类别主要为菌类(25.9%)、果蔬类(9.3%)、肉类(8.6%)、其他植物类(6.5%)、水产品(5.3%)和粮食类(4.4%)。导致发病人数较多的食品主要为肉类(13.5%)、菌类(11.8%)和蔬菜(10.9%)。

2011—2017年中美两国导致暴发的原因食品有较大差异,这与两国的饮食习惯和消费模式不同有很大的相关性。

表3 2011—2017年美国食源性疾病暴发致病因子和原因食品组合

Table 3 Combination of food borne disease outbreak factors between China and the United states from 2011 to 2017

致病因子	原因食品	事件起数/起	发病人数	住院人数	死亡人数
事件数前5位的致病因子-原因食品组合					
鲭鱼毒素	鱼肉	106	299	3	0
雪卡毒素	鱼肉	98	342	39	0
空肠弯曲菌	牛奶	57	679	49	1
沙门菌	鸡肉	57	1 940	412	1
副溶血性弧菌	软体动物	44	213	18	0
发病人数前5位的致病因子-原因食品组合					
沙门菌	鸡肉	55	2 423	439	1
沙门菌	种菜	14	1 673	337	7
沙门菌	猪肉	26	1 278	165	1
沙门菌	水果	16	867	179	3
诺如病毒	水果	21	850	5	1
住院人数前5位的致病因子-原因食品组合					
沙门菌	鸡肉	44	2 124	423	1
沙门菌	种菜	16	1 824	387	7
产志贺毒素大肠埃希菌	行栽作物	29	647	193	3
沙门菌	水果	16	867	179	3
单核细胞增生李斯特菌	水果	3	184	179	41
死亡人数前5位的致病因子-原因食品组合					
单核细胞增生李斯特菌	水果	3	184	179	41
单核细胞增生李斯特菌	牛奶	9	78	68	13
沙门菌	种菜	9	1 405	293	7
沙门菌	水果	21	916	197	4
空肠弯曲菌	鸡肉	4	37	3	4

我国于2017年开始系统开展致病因子和原因食品组合分析,导致我国食源性疾病暴发的致病因子和原因食品组合主要有沙门菌-酱卤肉、副溶血性弧菌-甲壳类、副溶血性弧菌-酱卤肉、沙门菌-蛋类食品和蜡样芽孢杆菌-面食食品,这与我国主要膳食结构密切相关。

基于暴发调查分析的归因方法可确定致病因子的食物载体或宿主来源贡献,有助于确定导致某类食源性疾病最常见的食物,在实施食品安全控制策略时,可优先针对最常见食品进行干预可能获得最大的投资回报。此项工作在国家已开展多年,并据此进行相关的风险评估工作,归因分析在我国有待加强。

2.5 致病因子和原因食品组合

2011—2017年美国食源性疾病暴发事件数前5位的致病因子和原因食品组合依次为鲭亚目鱼毒素-鱼肉、雪卡毒素-鱼肉、空肠弯曲菌-牛奶、沙门菌-鸡肉和副溶血性弧菌-软体动物。导致发病人数前5位的组合为沙门菌-鸡肉、沙门菌-蔬菜(种菜)、沙门菌-猪肉、沙门菌-水果及诺如病毒-水果。导致住院人数前5位的组合依次为沙门菌-鸡肉、沙门菌-种菜、产志贺毒素大肠埃希菌-行栽作物、沙门菌-水果及单核细胞增生李斯特菌-水果。导致死亡人数前5位的组合依次为单核细胞增生李斯特菌-水果、单核细胞增生李斯特菌-牛奶、沙门菌-种菜、沙门菌-水果及空肠弯曲菌-鸡肉。见表3。

2.6 暴发事件主要发生场所不同

2011—2017年美国食源性疾病暴发场所明确的有5 059起(85.8%),共计81 644人发病。其中3 116起(61.6%),共计35 718人为餐馆就餐。堂食比例最高,达到2 473起(48.8%)。其次主要暴发场所为宴会(13.6%)和家庭(11.2%)。细菌性食源性疾病暴发事件主要发生在餐馆和家庭,病毒性暴发事件主要发生在餐馆和宴会。

2011—2017年我国食源性疾病暴发事件中有15 501起(98.1%)报道了食物的加工场所,家庭(43.1%)是导致食源性疾病暴发的主要场所,发病人数少,但死亡人数最多,主要原因为误食毒蘑菇和有毒动植物。宾馆饭店是导致发病人数最多的主

要场所(22.9%),主要由微生物性因素和未煮熟菜豆导致。餐饮服务场所发生的暴发事件主要与细菌性致病因子相关,由于食物的交叉污染、烹饪不当或加热不充分造成食源性感染,主要为副溶血性弧菌、沙门菌和金黄色葡萄球菌。街头摊位相关暴发事件主要与细菌和亚硝酸盐有关。

2011—2017年中美两国食源性疾病暴发监测数据发现,美国食源性疾病暴发事件主要发生场所以餐厅为主,家庭仅占10%,而我国家庭占比接近一半,应加强家庭食品安全风险交流工作。

3 对我国食源性疾病暴发监测的启示

3.1 局限性

基于两国2011—2017年暴发监测数据比较发现,我国食源性疾病暴发事件中明确致病因子、原因食品及暴发场所比例分别为65.7%、77.6%和98.1%,美国明确致病因子、原因食品及暴发场所分别为51.4%、42.3%和85.8%。不同监测体系中,约30%~50%的暴发事件在现有流行病学和实验室检测能力下无法确定上述归因。任何监测系统均存在其局限性,也对食源性暴发事件的预警和控制提出了挑战:对致病因子或原因食品的识别能力有限,需要发展更灵敏的检测方法和分析手段提高识别率;部分疾病潜伏期较长,容易错过识别致病因子的窗口期;约30%~50%食源性疾病暴发的致病因子不明,将暴发数据用于归因分析识别风险食品时可能存在偏倚,应纳入散发病例的病例对照研究综合分析高风险食品。

3.2 实施精准暴发监测

2011年,为加强食源性疾病暴发事件的归因分析,确定暴发的原因、过程和性质,国家卫生计生委对食源性疾病暴发监测系统进行了改造升级,扩大监测范围并规范暴发事件的上报规模(2例或2例以上因食用普通食物而引起类似疾病的病例)。同时为更好地确定高风险食品,从2017年开始加强致病因子和原因食品组合分析,为开展风险评估和确定监管重点提供基础数据。基于我国近20年的监测数据,2021年国家食源性疾病监测体系制定了符合我国国情的《食源性疾病报告名录》^[28]和《食源性疾病判定及处置技术指南》(待发布),对指导医疗机构的临床诊断及疾控机构的暴发调查具有重大现实意义。

3.3 推行分级分层监测理念

相较于美国食品产业的高度工业化,我国地域辽阔,不同地区的环境卫生和地理因素等都影响食源性疾病发生,需从国家层面根据监测数据制定分

级分层监测方案和风险交流工作。如我国有毒动植物仍是引起死亡人数最多的致病因子,发生场所主要以家庭为主,特别是边远和农村地区,疾病预防控制机构、医院和学校应在重点地区加强有毒动植物中毒的科普宣传。2021年系列精准科普/干预策略(情景化科普策略,红绿灯策略等)助力湖南毒蘑菇死亡人数和中毒人数双双减少,中毒事件数减少67%,死亡人数减少27%^[26]。

3.4 运用新型溯源技术提升识别能力

微生物致病因子是导致食源性疾病暴发的主要原因,但我国主要微生物致病因子与美国有显著差异。空肠弯曲杆菌和产志贺毒素大肠埃希氏菌在美国引起多起严重暴发事件,但在我国却鲜有报道,与临床诊断和检测能力有关,需建立可靠的快速检验方法。美国已于2012年推进非培养诊断技术(Culture-independent diagnostic test, CIDT),该技术的应用使空肠弯曲杆菌和产志贺毒素大肠埃希氏菌的检出率分别提高13%和8%^[29]。目前我国食品安全国家标准中尚缺少系统性CIDT,需加快此类方法的建立和应用。

食源性疾病的暴发识别尤其是跨区域的识别,离不开菌株分子溯源分析。美国疾控中心从1996年将脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)运用到食源性疾病监测溯源工作中。我国于2013年构建国家食源性疾病分子溯源网络(TraNet),利用PFGE对患者来源食源性致病菌进行分型,并对指纹图谱实时在线采集和分析,大大提升我国食源性疾病暴发监测系统的识别和预警能力^[30]。

随着全基因组测序(Whole genome sequencing, WGS)技术的发展,美国疾控中心从2013年起运用WGS技术分析单核细胞增生李斯特菌,2016年扩展到空肠弯曲杆菌、大肠埃希氏菌和沙门菌,2019年WGS替代PFGE,成为识别致病菌的金标准。我国于2018年通过“十三五”食品安全重点专项《食源性疾病监测、溯源与预警技术研究》,建成我国首个基于WGS的食源性疾病新型分子溯源网络,用于对单核细胞增生李斯特菌、大肠埃希氏菌和沙门菌等监测,在架构搭建、WGS溯源分析技术集成和溯源技术推广应用方面处于国际先进水平,为我国跨区域(跨国)食品安全暴发事件精准溯源提供有力的技术支撑,对保障公众身体健康、保护食品贸易、维护社会稳定具有重要战略意义。

3.5 提高监测数据在风险管理中的运用

“十二五”期间我国食源性疾病监测工作处于起步阶段,“十三五”期间参照其他国家的经验,充分考虑我国社会经济、医疗体制、食品安全现状,通

过近 10 年的建设基本搭建符合我国国情的食源性
疾病监测体系,并聚焦于 2 点:一是摸清家底,二是
查明病因。食源性疾病暴发调查对制定食品安全
控制措施具有重要指导意义,未来将加强数据的趋
势和归因分析,为我国疾病负担研究提供重要数
据,明确疾病的发展趋势和危险因素,为食源性致
病因子监测提供技术支撑,优化食源性疾病的预
警、预防措施和相关政策,实现“医防管”融合。

参考文献

- [1] HENAO O L, JONES T F, VUGIA D J, et al. Foodborne diseases active surveillance network-2 decades of achievements, 1996-2015 [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2015, 21 (9) : 1529-1536.
- [2] JONES K E, PATEL N G, LEVY M A, et al. Global trends in emerging infectious diseases [J]. *Nature*, 2008, 451 (7181) : 990-993.
- [3] GOULD L H, WALSH K A, VIEIRA A R, et al. Surveillance for foodborne disease outbreaks - United States, 1998-2008 [J]. *Morbidity and Mortality Weekly Report Surveillance Summaries*: 2002, 2013, 62(2) : 1-34.
- [4] MCENTIRE J. Foodborne disease: The global movement of food and people [J]. *Infectious Disease Clinics of North America*, 2013, 27(3) : 687-693.
- [5] BUCHHOLZ U, BERNARD H, WERBER D, et al. German outbreak of *Escherichia coli* O104: H4 associated with sprouts [J]. *The New England Journal of Medicine*, 2011, 365 (19) : 1763-1770.
- [6] THOMAS J, GOVENDER N, MCCARTHY K M, et al. Outbreak of *Listeriosis* in South Africa associated with processed meat [J]. *The New England Journal of Medicine*, 2020, 382 (7) : 632-643.
- [7] EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL E F S A. Multi-country outbreak of monophasic *Salmonella typhimurium* sequence type (ST) 34 linked to chocolate products-12 April 2022 [J]. *EFSA Supporting Publications*, 2022, 19(4) : 7318E.
- [8] WHO. Foodborne disease outbreaks: Guidelines for investigation and control [EB/OL]. (2008-12-11) [2022-08-27]. <https://www.who.int/publications/i/item/9789241547222>.
- [9] RIBOT E M, HISE K B. Future challenges for tracking foodborne diseases: PulseNet, a 20-year-old US surveillance system for foodborne diseases, is expanding both globally and technologically [J]. *EMBO Reports*, 2016, 17(11) : 1499-1505.
- [10] 白莉,刘继开,李薇薇,等.中美食源性疾病监测体系比较研究[J].首都公共卫生,2018,12(2):62-67.
BAI L, LIU J K, LI W W, et al. Comparison of foodborne disease surveillance systems in China and the US [J]. *Capital Journal of Public Health*, 2018, 12(2) : 62-67.
- [11] LIU J K, BAI L, LI W W, et al. Trends of foodborne diseases in China: lessons from laboratory-based surveillance since 2011 [J]. *Frontiers of Medicine*, 2018, 12(1) : 48-57.
- [12] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 2011, annual report [R]. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2014: 1-20.
- [13] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 2012, annual report [R]. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2014: 1-20.
- [14] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 2013, annual report [R]. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2015: 1-20.
- [15] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 2014, annual report [R]. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2016: 1-24.
- [16] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks-United States, 2015, annual report [R]. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2017: 1-24.
- [17] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks United States, 2016, annual report [R]. Atlanta, Georgia: U.S. Department of Health and Human Services, CDC, 2018: 1-25.
- [18] CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks, United States, 2017, annual report [R]. Atlanta, Georgia: U.S. Department of Health and Human Services, CDC, 2019: 1-15.
- [19] 李薇薇,朱江辉,兰真,等.2012年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2018,30(3):288-293.
LI W W, ZHU J H, LAN Z, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2012 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2018, 30(3) : 288-293.
- [20] 李薇薇,朱江辉,兰真,等.2012年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2018,30(3):288-293.
LI W W, ZHU J H, LAN Z, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2012 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2018, 30(3) : 288-293.
- [21] 李薇薇,王三桃,梁进军,等.2013年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2018,30(3):293-298.
LI W W, WANG S T, LIANG J J, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2013 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2018, 30(3) : 293-298.
- [22] 付萍,刘志涛,梁骏华,等.2014年中国大陆食源性疾病暴发事件监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2018,30(6):628-634.
FU P, LIU Z T, LIANG J H, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China's mainland in 2014 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2018, 30(6) : 628-634.
- [23] 付萍,王连森,陈江,等.2015年中国大陆食源性疾病暴发事件监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2019,31(1):64-70.
FU P, WANG L S, CHEN J, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China mainland in 2015 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2019, 31(1) : 64-70.
- [24] 李红秋,郭云昌,宋壮志,等.2019年中国大陆食源性疾病暴发监测资料分析[J].中国食品卫生杂志,2021,33(6):650-656.
LI H Q, GUO Y C, SONG Z Z, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in China in 2019 [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2021, 33(6) : 650-656.
- [25] LIU J K, BAI L, LI W W, et al. Trends of foodborne diseases in China: Lessons from laboratory-based surveillance since 2011

- [J]. *Frontiers of Medicine*, 2018, 12(1): 48-57.
- [26] CHEN S, DU J N, GONG F M, et al. Upgrading from one-way informing to two-way audience-oriented health communication: CFSA initiations for world food safety day [J]. *China CDC Weekly*, 2021, 3(24): 523-525.
- [27] LI W W, BAI L, MA X C, et al. Sentinel *Listeriosis* surveillance in selected hospitals, China, 2013-2017 [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2019, 25(12): 2274-2277.
- [28] 国家卫生与健康委. 国家卫生健康委关于印发食源性疾病预防报告工作规范(试行)的通知—国卫食品发[2019]59号[EB/OL]. (2019-10-17)[2022-09-01]. http://www.gov.cn/xinwen/2019-10/22/content_5443246.htm
National Health Commission of the People's Republic of China. Notice of the National Health Commission of the People's Republic of China on the Work Standards for Printing and Distributing Foodborne Disease Surveillance Reports (Trial) - Department of food safety standards, monitoring and evaluation of the National Health Commission Issued [2019] No.59 [EB/OL]. (2019-10-17) [2022-09-01]. http://www.gov.cn/xinwen/2019-10/22/content_5443246.htm.
- [29] LANGLEY G, BESSER J, IWAMOTO M, et al. Effect of culture-independent diagnostic tests on future emerging infections program surveillance [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2015, 21(9): 1582-1588.
- [30] LI W W, CUI Q P, BAI L, et al. Application of whole-genome sequencing in the national molecular tracing network for foodborne disease surveillance in China [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2021, 18(8): 538-546.

《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称、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,在首次出现时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,需注明试验组、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。

[下转第877页]