

食源性疾病

一起由副溶血性弧菌引起的群体性食源性疾病暴发事件的分析和溯源

李颖^{1,2}, 高静³, 杨雨菡⁴, 王洛桐^{1,2}, 闫爱霞^{1,2}, 刘雨薇^{1,2}, 逢波⁴

(1. 北京市顺义区疾病预防控制中心, 北京 101300; 2. 北京市顺义区疾病预防控制中心微生物感染性疾病检测工作站, 北京 101300; 3. 康复大学青岛中心医院检验科, 青岛 266000; 4. 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所, 北京 102206)

摘要: **目的** 通过不同增菌方案分离环境样本中的副溶血性弧菌, 以支持一起暴发事件的溯源分析。 **方法** 收集食源性疾病暴发事件的流行病学资料、临床信息, 采集多类型样本, 结合多种增菌方案, 并进行核酸检测; 同时对分离菌株进行全基因组测序, 开展生物信息分析。 **结果** 从4件病例肛拭子和3件环境涂抹样本中分离到7株副溶血性弧菌, 均为 *tdh*+, 血清型为 O10:K4, 基于菌株核心基因组单核苷酸多态性分析的结果显示, 菌株间 SNP 差异介于 0~5。环境涂抹样本使用 3% 氯化钠碱性蛋白胨水进行增菌, 结果为阴性, 同时进行副溶血性弧菌的特异荧光 PCR 检测结果亦呈阴性; 使用脑心浸出液对环境样本进行增菌时, 环境涂抹样本 E1、E2 和 E6, 副溶血性弧菌的 *toxR* 和 *tdh* 荧光 PCR 检测结果均为 *toxR*+/*tdh*+, 其中 E1 和 E2 样本的 *toxR* 和 *tdh* 基因的 Ct 值 >30; 将脑心浸出液增菌后的 E1 和 E2 样本再次转种至 3% 氯化钠碱性蛋白胨水进行二次增菌, E1 和 E2 样本的 *toxR* 和 *tdh* 基因的 Ct 值 <30, 均分离出副溶血性弧菌菌株。 **结论** 本研究使用不同增菌方案, 最终在环境样本中分离出副溶血性弧菌, 完成了一起由副溶血性弧菌导致的食源性疾病暴发事件的调查和疾病溯源; 同时该研究提示环境涂抹样本副溶血性弧菌的有效增菌方法尚待进一步深入研究。

关键词: 副溶血性弧菌; 全基因组测序; 食源性疾病暴发; 脑心浸出液肉汤

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2025)04-0382-07

DOI: 10.13590/j.cjfh.2025.04.012

**Analysis and source tracing of a congregative foodborne disease outbreak caused by
*Vibrio parahaemolyticus***LI Ying^{1,2}, GAO Jing³, YANG Yuhang⁴, WANG Luotong^{1,2}, YAN Aixia^{1,2}, LIU Yuwei^{1,2}, PANG Bo⁴

(1. Shunyi District Center for Disease Control and Prevention, Beijing 101300, China; 2. Workstation for Microbial Infectious Disease, Shunyi District Center for Disease Control and Prevention, Beijing 101300, China; 3. Qingdao Central Hospital, University of Health and Rehabilitation Sciences, Shandong Qingdao 266000, China; 4. National Institute for Communicable Disease Prevention and Control, Beijing 102206, China)

Abstract: **Objective** Using different enrichment methods to isolation *Vibrio parahaemolyticus* (VP) from environmental samples for support source tracing of a congregative foodborne disease outbreak. **Methods** Collected the epidemiological data clinical information and multiple types samples of the foodborne disease outbreak. Real time PCR and bacterial culture were performed in the samples and whole genome sequencing and bioinformatics analysis were performed on the isolates. **Results** Seven VP isolates with O10:K4 serotype and *tdh*+ isolated from 7 samples (included 4 patients and 3 environmental smear samples), and the SNPs among the 7 VP isolates ranged from 0 to 5 based on the core genome single nucleotide polymorphisms (cgSNP) analysis. All environmental smear samples were negative for VP by real time PCR and culture method based on 3%NaCl Alkaline Peptone Water (APW) enhancement. But 3 environmental smear samples included E1, E2 and E6 were *toxR*+/*tdh*+ by real time PCR method after brain heart infusion broth (BHI) enhancement, and the Ct values of *toxR* and *tdh* of E1 and E2 were >30. Then add the BHI broth enriched of E1 and E2 to 3%NaCl APW for second cultured, respectively, and the Ct values of *toxR* and *tdh* of E1 and E2 were <30 by

收稿日期: 2024-12-23

基金项目: 首都卫生发展科研专项 (No.2024-2G-T106)

作者简介: 李颖 男 副主任检验技师 研究方向为病原微生物检测和肠道细菌 Email: liying19830805@126.com

通信作者: 逢波 男 研究员 研究方向为病原细菌基因组学、病原细菌致病机制 Email: pangbo@icdc.cn

real time PCR. Finally, VP isolate were obtained from E1, E2 and E6, respectively. **Conclusion** Using different bacterial enrichment methods and finally successfully to isolated VP in 3 environmental smear samples, afterwards the source tracing for a congregative foodborne disease outbreak caused by VP was successfully completed. Meanwhile, this study suggests that further in-depth research is needed on effective enrichment methods for VP in environmental smear samples.

Key words: *Vibrio parahaemolyticus*; whole-genome sequencing; foodborne disease outbreak; brain heart infusion broth

副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*, VP)是一种食源性嗜盐病原菌,具有多种毒力因子,可引起急性胃肠炎、感染性腹泻、败血症等疾病甚至导致死亡^[1]。VP已成为近年中国大陆食源性疾病暴发中排在首位的食源性病原菌^[2-3]。在相关食品监测、疾病监测等领域的工作或研究中,荧光聚合酶链反应(Polymerase chain reaction, PCR)被广泛应用于检测VP,且普遍选择 *toxR* 基因作为其特异性识别基因^[4-7], *tdh* 基因是编码VP主要致病毒素——热稳定性直接溶血素(Thermostable direct hemolysin, TDH)的基因^[8],也是致病性VP识别或鉴定的最重要靶标基因^[9]。

在副溶血性弧菌导致的食源性疾病暴发调查中,目前通用的增菌方法是3%氯化钠碱性蛋白胨水(3%NaCl APW)增菌后转TCBS平板或弧菌显色培养基^[10],但是从食品样本和环境样本中极少分离到携带 *tdh* 基因的菌株,给疾病暴发的溯源带来了很大的困难。另外,脑心浸出液肉汤(Brain heart infusion broth, BHI)作为一种广谱高效的增菌培养基,被广泛应用于促进大部分需氧致病菌的快速生长或菌种保存。有研究报道利用BHI增菌液对病例肛拭子样本进行处理,实现兼顾各类致病菌增菌的同时保证后续的荧光PCR检测,甚至直接从BHI中成功分离到目标菌^[11]。但由于环境涂抹样本中菌群相对复杂,目标致病菌可能在菌群中构成丰度较低且存活状态可能不佳,从环境中分离到目标致病菌相对复杂^[12-13]。因此,我们尝试将BHI引入常规的副溶血性弧菌的分离流程中,比较不同培养方案对可疑食品样品中副溶血性弧菌的检测结果差异,优化环境样本检测方法,提升疾病暴发事件应对和溯源分析能力。

本研究针对2024年发生在北京某区一起丧宴上由VP导致的暴发事件实验室检测结果分析,在常规分子检测、分离培养和溯源分析的基础上增加基于BHI增菌操作,并对不同增菌液的增菌效果进行比较。使用不同增菌方案分离环境样本中副溶血性弧菌支持暴发事件实验室分析。

1 资料与方法

1.1 流行病学资料收集和样本采集

本次暴发事件发生于北京市某区一起丧宴用

餐后,13人陆续出现急性胃肠炎症状并到辖区医院肠道门诊就诊。肠道门诊医生发现病例有共餐史并上报食源性疾病监测系统,由地区疾病预防控制中心(Center for Disease Control and Prevention, CDC)开展流行病学调查并进行病例搜索。病例定义为在丧宴就餐,并出现腹泻(3次/24h或大便性状改变)、腹痛、恶心、呕吐、发热任意一项或几项症状者,最终确定病例22人,病例潜伏期介于6~16h。地区CDC采集到4名病例肛拭子标本4件(命名为P1~P4)、丧宴现场5名食品相关操作人员肛拭子5件(命名为C1~C5)、病例共餐餐次食品留样22件(命名为F1~F22)、丧宴厨房环境相关涂抹样本9件(命名为E1~E9),共计40件样本。肛拭子样本和环境相关涂抹样本均保存于3mL无菌生理盐水。全部采集样本暂存于4℃,2h内转运至地区CDC进行病原学检测。

1.2 重要试剂和仪器

3% NaCl APW、BHI、TCBS琼脂(北京陆桥生物制品公司),弧菌显色平板(法国科玛嘉公司),副溶血性弧菌诊断血清(日本生研公司),实时荧光PCR反应体系(Takara公司),14种食源性致病菌(沙门菌、志贺菌、致泻大肠埃希菌、副溶血性弧菌、霍乱弧菌、空肠弯曲菌、结肠弯曲菌、蜡样芽孢杆菌、金黄色葡萄球菌、克罗诺杆菌属、小肠结肠炎耶尔森菌、气单胞菌属、产气荚膜梭菌、单核细胞增生李斯特菌)多重荧光PCR试剂盒(北京卓成惠生公司),六种腹泻病毒(诺如病毒GI、诺如病毒GII、札如病毒、轮状病毒、肠道腺病毒、星状病毒)实时荧光PCR检测试剂盒(江苏和创公司),副溶血性弧菌 *toxR*、*tdh* 靶基因实时荧光PCR使用引物探针由中国疾病预防控制中心传染病预防控制所提供;实时荧光PCR仪(美国伯乐),VITEK2 Compact全自动细菌鉴定系统(法国生物梅里埃股份有限公司)。

1.3 实验方法

1.3.1 增菌前荧光PCR检测

取病例肛拭子样本(未增菌)200 μL提取核酸并进行14种腹泻细菌和6种腹泻病毒荧光PCR检测,均使用商品化检测试剂盒,检测过程分别参照相应试剂盒说明书。

1.3.2 不同增菌方案增菌

全部留样食品样本增菌方案参照国家标准^[10],简述为:取25 g样本加入225 mL 3% NaCl APW, 36 °C增菌18 h。

全部环境相关涂抹样本均使用4种增菌方案,方案A:取1 mL样本接种3% NaCl APW, 36 °C增菌18 h;方案B:取1 mL样本接种BHI, 36 °C增菌18 h;方案C:取基于B方案增菌后增菌液1 mL再次接种BHI肉汤, 36 °C增菌18 h;方案D:取基于B方案增菌后增菌液1 mL接种3% NaCl APW, 36 °C增菌18 h。

全部肛拭子样本(包括病例和食品相关操作人员)均使用方案A和方案B进行增菌培养。

增菌后样本均采用实时荧光PCR方法进行VP *toxR* 基因和 *tdh* 毒力基因检测,使用中国疾病预防控制中心传染病预防控制所提供VP *toxR*、*tdh* 靶基因实时荧光PCR引物探针。扩增曲线为典型S曲线且Ct值≤35为检测结果阳性;若35<Ct值≤38则重复试验,重复检测Ct值≤38则判定为阳性。

1.3.3 VP分离培养

将所有增菌液,全部分别接种弧菌显色平板和TCBS平板37 °C培养18 h,挑取可疑VP菌落转种TSA琼脂37 °C纯培养18 h。取纯培养菌落进行全自动生化鉴定;鉴定结果为VP菌落进行*tdh*毒力基因鉴定和血清凝集试验,毒力基因鉴定具体操作方式为挑取单菌落,使用水煮法提取细菌DNA并进行荧光PCR检测;血清凝集检测方法参照试剂盒说明书。

1.3.4 VP菌株全基因组测序和生物信息分析

将鉴定为VP的纯培养菌落送测序公司进行细菌全基因组测序。测序平台为Illumina HiSeq平台,下机数据使用Fastqc软件进行质量检测。在NCBI数据库下载O3:K6血清型副溶血性弧菌RIMD2210633(ASM19609v1_GCA_000196095.1)、O10:K4血清型副溶血性弧菌RMDVP1(ASM2822868v1_GCA_028228685.1)作为参考序列提取核心基因组SNP(core genome single nucleotide polymorphism, cgSNPs),应用FastTree 2.1.11软件构建基于cgSNPs的系统发育树,设置自展值值为1 000。组装好的基因组序列上传至Virulence Factors Database(VFDB, <http://www.mgc.ac.cn/VFs/>)和The Comprehensive Antibiotic Resistance Database(CARD, <https://card.mcmaster.ca/>)数据库进行对比,得到毒力基因和耐药基因的分布情况,一致性值设置为90。

2 结果

2.1 增菌前荧光PCR结果

4件病例肛拭子原始样本中3件为VP阳性(分别为P1、P3、P4),具体检测结果和Ct值见表1。其他病原荧光PCR结果均为阴性(包括沙门菌、志贺菌、致泻大肠埃希菌、霍乱弧菌、空肠弯曲菌、结肠弯曲菌、蜡样芽胞杆菌、金黄色葡萄球菌、克罗诺杆菌属、小肠结肠炎耶尔森菌、气单胞菌属、产气荚膜梭菌、单核细胞增生李斯特菌、诺如病毒、轮状病毒、肠道腺病毒、星状病毒、杯状病毒);其他环境相关涂抹原始样本以及全部食品相关操作人员肛拭子的全部病原检测结果均为阴性。

2.2 增菌后荧光PCR结果

肛拭子样本(包括病例肛拭子和丧宴现场食品相关操作人员肛拭子)基于方案A和方案B增菌后,其增菌液采用实时荧光PCR方法检测结果为:4名病例(包括P1~P4)检测结果均为*toxR*+/*tdh*+,丧宴现场食品相关操作人员肛拭子样本检测为阴性;环境相关涂抹样本基于方案B和方案D增菌样本的检测一致,均为样本E1、E2、E6为*toxR*+/*tdh*+,基于方案C增菌的样本中,样本E1、E6为*toxR*+/*tdh*+,除上述阳性结果外,其他增菌液(包括食品增菌液、肛拭子增菌液和环境涂抹增菌液)VP靶基因荧光PCR检测结果均为阴性。具体检测结果和Ct值见表1。

2.3 VP分离培养结果

上述基于增菌液荧光PCR检测结果为*toxR*+/*tdh*+,且Ct值(包含*toxR*和*tdh*)均满足<30的增菌液,VP培养结果均为阳性(涉及P1~4、E1、E2、E6,菌株分别命名为P1S、P2S、P3S、P4S、E1S、E2S、E6S),且均为*tdh*+ VP菌株,血清型均为O10:K4,见表1。除上述样本外,其他样本增菌液荧光PCR检测结果为*toxR*-/*tdh*-,或*toxR*+/*tdh*+但Ct值(包含*toxR*和*tdh*)>30,其增菌液VP培养结果均为阴性。

2.4 全基因组测序结果

分离到7株VP经测序及拼接组装,基因组平均大小为5 072 606个碱基对,平均重叠群(contig)数为70个,CG含量平均为45.25%,基于基因组预测的毒力基因结果均为*ati2*+/*cheB*+/*fliA*+/*vscU2*+/*tdh*+,预测耐药基因结果均为*blaCARB*-38+,见表1和图1。7株VP分离株和2株参考菌株(RIMD2210633和RMDVP1)基于基因组cgSNP构建的聚类树显示,9株VP菌株位于2个遗传分支上(命名为分支1和分支2),其中参考菌株RIMD2210633位于分支1, P1S、P2S、P3S、P4S、E1S、E2S、E6S和参考菌株RMDVP1位于分支2中,见图1。P1S、P2S、P3S、P4S、E1S、E2S、E6S间的SNP差异数量介于0~5,见图2。

表1 菌株毒力基因和全基因组毒力基因、耐药基因预测结果

Table 1 Results of fluorescent PCR, VP isolation and culture, virulence genes of strains and whole-genome virulence genes prediction of VP positive samples

样本类别	样本编号	原始样本检测				增菌后检测								分离菌株相关检测				
		增菌方案A(3%NaCl APW 增菌18 h)				增菌方案B(BHI增菌18 h)				增菌方案C(BHI增菌18 h 转BHI再次增菌18 h)				增菌方案D(BHI增菌18 h 转3%NaCl APW 再次增菌18 h)				
		荧光PCR(Ct值)		VP分离		荧光PCR(Ct值)		VP分离		荧光PCR(Ct值)		VP分离		荧光PCR(Ct值)		VP分离		
		toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	toxR	tdh	
		培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	培养	
丧宴厨房环境 相关涂抹	E1	-	-	-	-	36.03	34.85	-	35.87	32.35	-	18.82	17.55	+	E1S	+	tdh 毒力 基因荧光 PCR检测	耐药基因 预测
	E2	-	-	-	-	34.94	35.05	-	-	-	-	26.88	23.72	+	E2S	+		
	E6	-	-	-	-	19.97	19.96	+	23.05	19.87	+	19.21	16.5	+	E6S	+		
病例肛拭子	P1	32.15	-	18.14	17.22	+	38.13	-	-	-	-	-	-	-	P1S	+		
	P2	-	-	21.05	18.42	+	29.07	28.11	+	-	-	-	-	-	P2S	+		
	P3	36.82	-	20.37	18.11	+	27.23	25.19	+	-	-	-	-	-	P3S	+		
	P4	34.17	-	21.91	19.02	+	26.79	25.24	+	-	-	-	-	-	P4S	+		

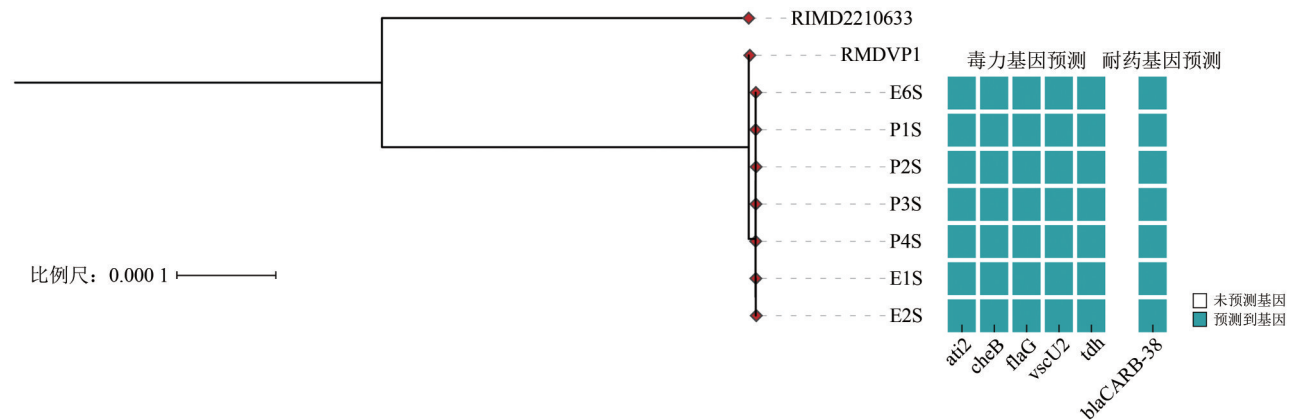


图1 7株VP基于核心基因组单核苷酸多态性构建聚类树及毒力基因、耐药基因预测分布

Figure 1 Cluster tree constructed of 7 *V. parahaemolyticus* strains based on core genome single nucleotide polymorphism and the predicted distribution of virulence genes and drug resistance genes

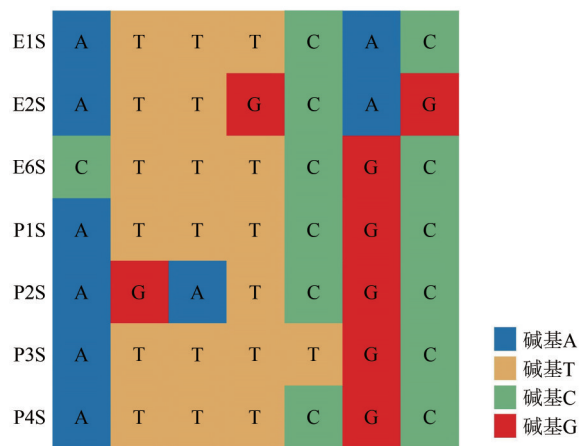


图2 7株VP碱基差异热力图

Figure 2 Base differential heat maps of 7 *V. parahaemolyticus*

3 讨论

本事件病例有明确共餐史,且病例潜伏期及临床表现均符合VP导致暴发事件特征^[14]。采集到肛拭子的4名病例标本和3件共餐环境涂抹标本均分离到一组克隆化 $tdh+VP$ 菌株,血清型均为O10:K4,菌株间SNP差异数量仅为0~5(通常认为SNP差异<6可判定为一起VP暴发事件^[15])。除VP外未各类样本中检测到其他病原微生物。基于流行病学调查和实验室检测结果,本事件可判定为因在丧宴上共餐引起的食源性疾病暴发事件,致病因子为 $tdh+VP$ 。导致本次暴发事件的VP血清型别与本地区近年来腹泻监测中检出的VP血清型别一致^[16]。

VP感染病例分离株通常为 $tdh+VP$,且同起暴发事件不同病例分离株多为同一克隆;而从同一件VP污染食品(包括导致食物中毒食品或VP宿主相关食品)中分离VP多为 $tdh-VP$,且分离株常呈现VP菌群生物多样性^[5,9,17]。LI等^[9]报道一起由麻辣牛肚导致的VP感染的食源性疾病暴发事件,通过数字PCR检测发现污染食品中 $tdh+VP$ 在菌群中的

构成比远低于 $tdh-VP$,继而导致被VP污染食品中虽然存在 $tdh+VP$,但却无法通过实验室分离培养获得。同样在康颖等^[17]报道的VP导致暴发事件中,可疑污染食品和厨房操作环境涂抹中分离菌株均为 $tdh-VP$,虽然个别食品基于荧光PCR检测 tdh 基因呈阳性,但检测 tdh 基因Ct值远大于 $toxR$ 基因Ct值,即 $tdh+VP$ 在菌群中构成比远低于 $tdh-VP$ 。本次暴发事件中采集到的3件厨房环境涂抹与4名病例分离株为同一 $tdh+VP$ 克隆,3件环境涂抹所呈现的VP菌群特征与既往报道存在差异,即现场更像是被单一 $tdh+VP$ 克隆所污染,而不是被具备VP菌群生物多样性的宿主相关食品所污染,即环境涂抹中污染单一克隆 $tdh+VP$ 来源于VP感染病例的可能性更高,而来自VP宿主相关食品的可能性较低。即本次暴发存在 $tdh+VP$ 从未知VP感染者污染食品及环境,然后进一步导致食源性暴发的可能性,与以往认为VP暴发多由宿主相关污染食品(海鲜为主)所导致可能存在一定差异,值得在今后VP暴发中持续关注被污染食品的上一级溯源。食品样本在食源性疾病暴发事件溯源中非常重要,本次事件调查人员到达现场取证时所采集的现场剩余食品,以及采集到的厨师相关肛拭子,均发生在病例共餐后48h,因此真正污染餐次的食品样本可能并未采集到,继而导致实验室证据链条不完整,这也是本次研究的局限性。

本次事件使用4种增菌方案对环境涂抹样本、肛拭子样本进行增菌。通过增菌液荧光PCR检测结果,发现病例肛拭子基于A方案(仅用VP特异性增菌液3%NaCl APW增菌)增菌后检测Ct值低于B方案(仅用广谱增菌液BHI增菌),说明VP特异性增菌液对VP增菌效果更好。但相反环境涂抹基于A方案检测结果为阴性,而基于B方案检测结果为阳性,但E1、E2样本的检测Ct值均>30且未能成

功分离培养 VP,说明广谱增菌液 BHI 对本次事件环境涂抹样本的增菌效果更佳,这可能与环境涂抹样本中 VP 含量较低,且细菌存活状态可能不佳(因采样时间和病例共餐时间间隔 48 h)相关,BHI 可能更有利于此类特征样本中细菌的修复。在基于 B 方案再次延伸的 C 方案(基于 B 方案再接种广谱增菌液 BHI)和 D 方案中(基于 B 方案再接种 VP 特异性增菌液 3%NaCl APW),C 方案使 E1 的 Ct 值进一步增大,而 E2 甚至变为阴性,这可能与 BHI 对样本中 VP 外其他细菌(“杂菌”)增殖能力更强,在二次增菌培养基中营养成分达到“枯竭”时,VP 在菌群中构成比低于二次增菌液前,VP 在二次增菌后的“密度”反而下降,继而造成 Ct 值升高;相反基于 D 方案 E1 和 E2 均获得<30 的检测 Ct 值,且成功培养到 VP 菌株,说明在基于 B 方案拥有一定数量 VP 本底后,特异性增菌液 3%NaCl APW 在二次增菌中发挥了特异性增菌优势,提升了 VP 在菌群中构成比。VP 暴发事件中环境涂抹样本相比食品样本和病例标本可能具有一定的特殊性,对其进行有效增菌继而进行有效培养是完成溯源的关键环节,与成熟的病例标本增菌方案^[18]和成熟的食物增菌方案^[10]相比,环境涂抹样本中 VP 的有效增菌方法有待进一步深入研究。

参考文献

- [1] LI L, MENG H, GU D, et al. Molecular mechanisms of *Vibrio parahaemolyticus* pathogenesis [J]. Microbiological Research, 2019, 222: 43-51.
- [2] 李红秋,贾华云,赵帅,等. 2021 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, 2022, 34(4): 816-821.
LI H Q, JIA H Y, ZHAO S, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese Mainland in 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2022, 34(4): 816-821.
- [3] 刘继开,郭云昌,高飞,等. 2017 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, 2024, 36(5): 621-626.
LIU J K, GUO Y C, GAO F, et al. Analysis of foodborne disease outbreaks in Chinese Mainland in 2021 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2024, 36(5): 621-626.
- [4] 韩海红,李宁,郭云昌. 副溶血性弧菌分子标志基因研究概况[J]. 微生物学报, 2015, 55(1): 12-21.
HAN H H, LI N, GUO Y C. Molecular genetic makers for *Vibrio parahaemolyticus*—A review [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2015, 55(1): 12-21.
- [5] 李颖,张晴,张爽,等. 北京市顺义区三起关联性副溶血性弧菌食源性疾病暴发事件的识别与分析[J]. 疾病监测, 2019, 34(4): 371-376.
LI Y, ZHANG Q, ZHANG S, et al. Identification and analysis of three correlated foodborne disease outbreaks caused by *Vibrio parahaemolyticus* in Shunyi, Beijing [J]. Disease Surveillance, 2019, 34(4): 371-376.
- [6] 林云万,郑桂丽,李孝权,等. 一起由副溶血性弧菌引起的食物中毒的实验室检测[J]. 中国卫生检验杂志, 2006, (4): 473-475.
LIN Y W, ZHENG G L, LI X Q, et al. Investigation and analysis of a food poisoning incident caused by *Vibrio parahaemolyticus* [J]. Chinese Journal of Health Laboratory Technology, 2006, (4): 473-475.
- [7] 俞慕华,鞠长燕,王婷,等. 两起副溶血性弧菌食物中毒血清学溯源结果分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2013, 25(2): 144-147.
YU M H, JU C Y, WANG T, et al. Analysis of serologic traceability results in two cases of food poisoning caused by *Vibrio parahaemolyticus* [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2013, 25(2): 144-147.
- [8] PARANJPYE R, HAMEL O S, STOJANOVSKI A, et al. Genetic diversity of clinical and environmental *Vibrio parahaemolyticus* strains from the Pacific Northwest [J]. Applied and environmental microbiology, 2012, 78(24): 8631-8638.
- [9] LI Y, ZHANG S, LI J, et al. Application of digital PCR and next generation sequencing in the etiology investigation of a foodborne disease outbreak caused by *Vibrio parahaemolyticus* [J]. Food microbiology, 2019, 84: 103233.
- [10] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 副溶血性弧菌检验: GB 4789.7—2013[S]. 北京: 中国标准出版社, 2013.
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. National Food Safety Standard Food Microbiological Examination: *Vibrio parahaemolyticus* examination: GB 4789.7—2013[S]. Beijing: Standard Press of China, 2013.
- [11] 闫爱霞,康颖,崔尧,等. 一起食源性疾病暴发事件分离的 2 种血清型沙门菌的病原学分析[J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(9): 1440-6.
YAN A X, KANG Y, CUI Y, et al. Etiological analysis on a foodborne disease outbreak caused by two serotypes of *Salmonella* [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2023, 44(9): 1440-6.
- [12] 姚利利,何平,张蓉,等. 一起由副溶血性弧菌引起的食物中毒事件的调查分析[J]. 上海预防医学, 2023, 35(10): 982-986.
YAO L L, HE P, ZHANG R, et al. Investigation and analysis of a food poisoning incident caused by *Vibrio parahaemolyticus* [J]. Shanghai Journal of Preventive Medicine, 2023, 35(10): 982-986.
- [13] 赵梦蓝,游杰,夏伟,等. 某单位一起副溶血性弧菌引起的食物中毒调查 [J]. 医学动物防制, 2022, 38(5): 414-418.
ZHAO M L, YOU J, XIA W, et al. An investigation on food poisoning owing to *Vibrio parahaemolyticus* in an employer [J]. Journal of Medical Pest Control, 2022, 38(5): 414-418.
- [14] 中华人民共和国卫生部. 副溶血性弧菌食物中毒诊断标准及处理原则: WS/T 81—1996[S]. 北京: 中国标准出版社, 1996.
Ministry of Health of the People's Republic of China. Diagnostic criteria and treatment principles for *Vibrio parahaemolyticus* food poisoning: WS/T 81—1996[S]. Beijing: Standard Press of China, 1996.
- [15] YANG C, LI Y, JIANG M, et al. Outbreak dynamics of

- foodborne pathogen *Vibrio parahaemolyticus* over a seventeen year period implies hidden reservoirs [J]. *Nature Microbiology*, 2022, 7(8): 1221-1229.
- [16] 闫爱霞, 张赫, 康颖, 等. 2018—2022年北京市某区腹泻病例副溶血性弧菌流行与分子分型特征[J]. *中国预防医学杂志*, 2023, 24(7): 648-652.
- YAN A X, ZHANG H, KANG Y, et al. Prevalence and molecular characterization of *Vibrio Parahaemolyticus* in patients with diarrhea in one district in Beijing, 2018—2022 [J]. *Chinese Journal of Preventive Medicine*, 2023, 24(7): 648-652.
- [17] 康颖, 乔胜鑫, 闫爱霞, 等. 北京一起副溶血性弧菌和非 O1/O139 霍乱弧菌共感染导致急性胃肠炎暴发事件病原检测分析[J]. *中国食品卫生杂志*, 2024, 36(1): 93-100.
- KANG Y, QIAO S X, YAN A X, et al. Etiology analysis of an acute gastroenteritis outbreak caused by co-infection with *Vibrio parahaemolyticus* and non-O1/O139 *Vibrio cholerae* [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2024, 36(1): 93-100.
- [18] 中华人民共和国卫生部. 感染性腹泻诊断标准: WS 271—2007[S]. 北京: 中国标准出版社, 2007.
- Ministry of Health of the People's Republic of China. Diagnostic criteria for infectious diarrhea: WS 271—2007 [S]. Beijing: Standard Press of China, 2007.

《中国食品卫生杂志》2025年征稿征订启事

《中国食品卫生杂志》创刊于1989年,由中华人民共和国国家卫生健康委员会主管,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,刊号:ISSN 1004-8456/CN 11-3156/R,邮发代号:82-450,月刊,国内公开发行人。本刊是2008、2011、2017、2020、2023版中文核心期刊,中国科学引文数据库核心刊(C刊),中国科技核心期刊,中国精品科技期刊。中国知网(CNKI)全文收录。2023年版影响因子1.862,在预防医学领域影响力指数排名第17(17/84)。曾连续多年获得中华预防医学会优秀期刊一等奖。

刊登范围:食品卫生领域的科研方法及成果,检验检测技术(包括化学分析技术、微生物检验技术、毒理学方法),有毒有害物质的监测、评估、标准的研究,监督管理措施及方法,应用营养等。

主要栏目: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、食品安全标准及监督管理、风险监测、风险评估、应用营养、食源性疾病、综述及国际标准动态。

刊发周期:审稿通过后一般在2个月左右刊出。对具有创新性的优秀论文开通绿色通道,加急审稿、优先发表。

欢迎投稿 欢迎订阅

投稿网址: <http://www.zgspws.com>

订 阅:2025年《中国食品卫生杂志》。每期定价40元,全年480元。

订阅方式可以通过以下:

- 1、杂志官方网站订阅(详情见官网 www.zgspws.com、可咨询购买过刊)。
- 2、通过邮局订阅,邮发代号82-450。
- 3、通过杂志淘宝店,微信公众号线上购买(详情请扫描以下二维码关注)。

地 址:北京市朝阳区广渠路37号院2号楼802室

《中国食品卫生杂志》编辑部

电 话:010-52165596 邮政编码:100021 E-mail: spws462@163.com



杂志公众号



杂志淘宝店



杂志微店