

研究报告

山东地区生猪和家禽屠宰环节沙门菌血清型分布

赵建梅¹,王娟¹,王君玮¹,盖文燕¹,颜世敢²,黄秀梅¹,曲志娜¹

(1. 中国动物卫生与流行病学中心动物产品安全监测室 农业部畜禽产品质量安全

风险评估实验室(青岛),山东 青岛 266032;

2. 齐鲁工业大学食品与生物工程学院,山东 济南 250353)

摘要:目的 了解山东地区生猪和家禽屠宰环节沙门菌血清型分布,为进一步开展动物源性产品风险评估提供数据。方法 2014年9~12月从山东省部分屠宰场采集分离的335株沙门菌,应用液态悬浮芯片技术对沙门菌菌体(O)抗原、鞭毛(H)抗原和附加靶蛋白(AT)的基因进行检测,然后运用 *Salmonella* serotyping assay 软件分析鉴定血清型。结果 335株沙门菌中299株共分为29个血清型,另有36株未分型,优势血清型主要为德尔卑沙门菌(*S. Derby*, 24.8%, 83/335)和肠炎沙门菌(*S. enteritidis*, 15.2%, 51/335)。德尔卑沙门菌、汤卜逊沙门菌(*S. Thompson*)和阿贡纳沙门菌(*S. Agona*)在生猪和家禽屠宰场中都有分布;生猪屠宰场以德尔卑沙门菌(39.8%, 64/161)为主,其次为鼠伤寒沙门菌(*S. typhimurium*, 19.3%, 31/161)和汤卜逊沙门菌(13.7%, 22/161);家禽屠宰场中以肠炎沙门菌(28.7%, 50/174)、印第安纳沙门菌(*S. Indiana*, 12.1%, 21/174)和德尔卑沙门菌(10.9%, 19/174)为主。另外,不同地区屠宰场的沙门菌血清型呈差异分布,生猪屠宰场中除鲁中部外,其他地区主要血清型为德尔卑沙门菌;家禽屠宰场中,鲁东和鲁西地区主要是肠炎沙门菌,鲁东北地区以德尔卑沙门菌为主;鲁中部地区分离株以汤卜逊沙门菌为主。结论 山东省屠宰场中的沙门菌污染比较严重,且有多种血清型,需加强屠宰环节的致病菌监控,降低动物产品在屠宰环节受沙门菌污染的风险。

关键词:沙门菌;屠宰;血清型;液态悬浮芯片技术;分布;生猪;家禽;山东

中图分类号:R155.5;R378.2⁺2;S828 文献标志码:A 文章编号:1004-8456(2015)05-0503-06

DOI:10.13590/j.cjfh.2015.05.004

Research on serotype distribution of *Salmonella* isolated from pig and poultry slaughter processes in Shandong Province

ZHAO Jian-mei, WANG Juan, WANG Jun-wei, GAI Wen-yan, YAN Shi-gan,
HUANG Xiu-mei, QU Zhi-na

(Department for Safety Supervision of Animal Products, China Animal Health and Epidemiology Center,
Laboratory of Quality and Safety Risk Assessment for Livestock and Poultry Products (Qingdao),
Ministry of Agriculture, Shandong Qingdao 266032, China)

Abstract: Objective To acquire original data of *Salmonella* serotype distribution during pig and poultry slaughter processes in Shandong Province, and to provide data for the risk assessment of animal products. **Methods** *Salmonella* was isolated from slaughterhouses in Shandong Province from September to December 2014. xMAP *Salmonella* serotyping assay kit was used to detect the genes of somatic O antigen, motility H antigen and additional target (AT) gene. *Salmonella* serotypes were identified by xMAP *Salmonella* serotyping assay software through gene information. **Results** A total of 299 *Salmonella* isolates were divided into 29 serotypes and 36 isolates could not be typed. *S. Derby* (24.8%, 83/335) and *S. Enteritidis* (15.2%, 51/335) were the major serotypes in pig and poultry slaughter processes in Shandong Province. *S. Derby*, *S. Thompson* and *S. Agona* were detected both in pig and poultry slaughter processes; *S. Derby* (39.8%, 64/161), *S. typhimurium* (19.3%, 31/161) and *S. Thompson* (13.7%, 22/161) were the major serotypes in pig slaughter process; *S. enteritidis* (28.7%, 50/174), *S. Indiana* (12.1%, 21/174) and *S. Derby* (10.9%, 19/174) were the major serotypes in poultry slaughter process. *Salmonella* serotypes varied in various areas of Shandong

收稿日期:2015-06-15

基金项目:国家农产品质量安全风险评估专项(2014)(GJFP2014007);山东省科技发展计划(2014GSF120006)

作者简介:赵建梅 女 兽医师 研究方向为动物源致病微生物风险监测与控制 E-mail:zjm69318@126.com

通讯作者:王君玮 男 研究员 研究方向为动物源致病微生物风险监测与控制 Email:yffs2000@sina.com

Province. In the pig slaughter processes, *S. Derby* was the major serotype except the middle of Shandong Province; In the poultry slaughterhouses, *S. enteritidis* was the major serotype in the east and west of Shandong Province, *S. Derby* was the leading serotype in the northeast; *S. Thompson* was the most prevalent in the middle of Shandong Province. **Conclusion** There were various *Salmonella* serotypes at slaughterhouses in Shandong Province, and slaughter processes supervision and control should be strengthened to decrease the risk of *Salmonella* contamination in animal products.

Key words: *Salmonella*; slaughter; serotype; xMAP *Salmonella* serotyping assay; distribution; pig; poultry; Shandong

沙门菌是全世界报道最频繁的食源性致病菌之一。沙门菌不仅危害人和动物的健康,而且造成了巨大经济损失^[1-2]。据统计,我国细菌性食物中毒70%~80%是由沙门菌引起的^[3],且引起沙门菌中毒的食品中90%以上是动物性产品^[4]。了解食源致病菌对动物产品的污染状况对控制和减少细菌性食物中毒具有重要意义。

研究报道称不同血清型沙门菌在动物产品屠宰场环境中有不同的生态位,在屠宰场中形成了一个沙门菌的生态群,在屠宰过程中动物产品极易被存在于屠宰场中的沙门菌污染^[5]。血清分型在了解沙门菌流行病学和公共健康监测方面具有重要价值。及时掌握屠宰环节沙门菌的血清型分布情况,不仅可以了解区域动物源性沙门菌血清型流行态势,而且为突发沙门菌污染引发的动物源性食品安全事件溯源、追踪提供基础分析数据。

沙门菌菌体(O)和鞭毛(H)抗原是鉴定沙门菌血清型的基础。液态芯片(Luminex-xMAP)技术是把聚苯乙烯小球用荧光染色的方法编码,通过调节荧光染料的配比获得具有不同特征的荧光谱的微球,每种微球共价交联上针对特定检测物的核酸探针。在检测时,带有特异性核酸探针的编码微球混合,加入微量检测样品,在悬液中靶分子与微球表面交联的捕获分子及报告分子[链霉素-亲和素藻红蛋白(SAPE)]发生特异性结合后,用Luminex 200通过两束激光分别识别微球的编码和报告分子的荧光强度进行分析。美国疾病预防控制中心将Luminex-xMAP技术开发应用于沙门菌的血清型鉴定形成了沙门菌血清分型试剂盒。通过检测O和H抗原的基因来鉴定沙门菌血清型,可以鉴定出90%的实验室常见沙门菌和85%常见的100种沙门菌的血清型。

2014年9~12月在山东省不同地区部分屠宰场的屠宰环节采集分离的沙门菌335株,应用液态芯片技术的沙门菌血清分型试剂盒进行了血清型鉴定。本研究旨在了解山东省生猪和家禽屠宰环节沙门菌的血清型分布状况,为进一步开展动物产品风险评估提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌株来源

2014年9~12月,从山东地区生猪和家禽屠宰环节采集样品2350份,冷藏运至本实验室进行分离、鉴定和保存。

1.1.2 主要仪器与试剂

Luminex 200检测系统(美国Luminex)、PCR扩增仪(美国Bio-Rad)、离心机、恒温培养箱、旋涡混匀器。InstaGene Matrix(美国Bio-Rad)、xMAP *Salmonella* serotyping assay kit(美国Luminex)、HotStar Taq Master mix kit(德国Qiagen),沙门菌显色培养基(博赛科马嘉公司),Cary-Blair运送培养基、蛋白胨缓冲液(BPW)、四硫磺酸钠亮绿培养基(TTB)、胰蛋白胨大豆培养基、细菌琼脂粉和沙门菌干制生化鉴定试剂盒均购自北京陆桥技术有限责任公司。

1.2 方法

1.2.1 样品采集

将无菌拭子涂抹样品投入已盛有2 ml运送培养基的离心管中,冷藏保存。分离的沙门菌采样分别取自:屠宰前主要是待宰的猪肛门拭子/禽泄殖腔拭子、猪/禽体表,屠宰中包括喷淋后、刺杀放血后、烫洗褪毛后、劈半后和预冷前的胴体表面、内脏,屠宰后动物产品包括预冷后和分割后胴体表面,屠宰环境主要是车间地面、墙壁、污水,屠宰工具包括开膛、劈半和分割工具(刀具、案板)。

1.2.2 菌株分离鉴定

将样品接种BPW中于37℃预增菌8~12 h,取200 μl接入TTB增菌液中,42℃培养18~24 h后接种于沙门菌显色培养基,37℃培养18~24 h,挑取紫色单菌落接种于胰蛋白胨大豆平板,37℃培养18~24 h。

无菌挑取单菌落至无菌水中制成0.5麦氏浊度菌悬液,吸取200 μl分别加入沙门菌干制生化鉴定试剂盒的9个孔内,37℃培养24~48 h,观察并判定结果。

1.2.3 DNA模板提取

1 μl接种环挑取平板上单克隆沙门菌菌落1环放置于20 μl InstaGene Matrix液中震荡混匀。56℃

孵育 10 min, 95 ℃ 作用 5 min 后置冰上并加入 100 μl H₂O 混匀后 13 400 × g 离心 5 min, 取上清作模板。

1.2.4 沙门菌分离株血清型鉴定

按照 xMAP *Salmonella* serotyping assay kit 说明书操作: 用 O、H 和 AT 引物和 HotStar Taq Master mix 分别配制 25 μl PCR 扩增体系; 在 95 ℃ 变性 15 min 后循环 (94 ℃ 变性 30 s, 48 ℃ 退火 90 s, 72 ℃ 延伸 90 s) 30 次, 72 ℃ 延伸 10 min 条件下扩增。

将 PCR 产物分别与 O、H 和 AT 的微球混合。混合液经 95 ℃ 变性 5 min、56 ℃ 孵育 30 min 后, 加入 SAPE 并继续在 56 ℃ 孵育 10 min。孵育产物用 Luminex 200 检测系统进行检测。

1.2.5 数据分析

将在 Luminex 200 检测得到的 O、H 和 AT 抗原数据整理后用 xMAP *Salmonella* serotyping assay 软件分析沙门菌分离株的 O、H 和 AT 抗原, 确定血清型。

2 结果

2.1 沙门菌血清型分布总体情况

2014 年山东省屠宰环节中分离沙门菌 335 株, 分离率为 14.3% (335/2 350)。其中 299 株的血清群主要是 B、C1 和 D 群, 分属于 29 个血清型, 占 89.3% (299/335), 另 36 株未分型。分布如表 1 所示。优势血清型为德尔卑沙门菌, 占所分离沙门菌分离株血清型的比率为 24.8% (83/335), 其次为肠炎沙门菌 (15.2%, 51/335)、鼠伤寒沙门菌 (11.3%, 38/335) 和汤卜逊沙门菌 (11.0%, 37/335)。

以采样地行政区在山东省的相对位置划分为鲁西、鲁东等区域。研究结果表明在鲁东部和鲁西部地区生猪屠宰场中主要分布的血清型是德尔卑沙门菌, 家禽屠宰场中主要是肠炎沙门菌; 鲁中部地区分离到的是汤卜逊沙门菌; 鲁东北地区以德尔卑沙门菌为主; 鲁西南生猪屠宰场中主要是德尔卑沙门菌, 家禽屠宰场中沙门菌血清型比较分散; 鲁南地区生猪屠宰场中优势血清型是德尔卑沙门菌和鼠伤寒沙门菌, 其余的血清型比较分散。德尔卑沙门菌、汤卜逊沙门菌和阿贡纳沙门菌在生猪屠宰场和家禽屠宰场中都有分布。详见表 1。

2.2 生猪屠宰环节和屠宰环境的沙门菌血清型分布

德尔卑沙门菌在山东省生猪屠宰场中分离到的沙门菌血清型中的占比最高 (39.8%, 64/161);

其次是鼠伤寒沙门菌 (19.3%, 31/161) 和汤卜逊沙门菌 (13.7%, 22/161)。其中在生猪屠宰前、屠宰中和屠宰后以及屠宰环境和屠宰工具上都分离到了鼠伤寒沙门菌。在生猪屠宰过程中和屠宰工具上分离到的沙门菌较多, 且血清型种类丰富。详见表 2。

2.3 家禽屠宰环节和屠宰环境的沙门菌血清型分布

在家禽屠宰过程中沙门菌主要分离自屠宰中的动物产品, 其次是屠宰后的动物产品。屠宰中的动物产品分离的沙门菌血清型分布广泛, 其次为屠宰后动物产品。在家禽屠宰环节中, 屠宰动物 (包括宰前、宰中和宰后)、屠宰环境和屠宰工具都分离到沙门菌血清型有肠炎沙门菌、印第安纳沙门菌、德尔卑沙门菌、汤卜逊沙门菌和阿贡纳沙门菌。肠炎沙门菌的分离率最高 (28.7%, 50/174), 其次为印第安纳沙门菌 (12.1%, 21/174) 和德尔卑沙门菌 (10.9%, 19/174), 详见表 3。

3 讨论

研究中采用的 Luminex-xMAP 技术是能进行多个目的基因检测的液态芯片技术平台^[6]。与传统沙门菌血清型鉴定方法比较, xMAP *Salmonella* serotyping assay kit 具有性能稳定和高通量的优势。本研究用其鉴定 335 份屠宰场分离沙门菌样品, 确定 299 份的血清型, 占所分离菌株的 89.3%。

从研究中可以看出在山东省屠宰场中的沙门菌血清型共有 29 种, 以 B 群、C1 群和 D 群为主; 优势血清型为德尔卑沙门菌和肠炎沙门菌, 其次为鼠伤寒和汤卜逊沙门菌。从采样动物来源看, 生猪和家禽屠宰环节分离的沙门菌血清型差异较大。生猪屠宰环节中的优势血清型是德尔卑沙门菌, 对比分析国内的研究结果可以看出^[7], 我国部分省区生猪屠宰场的污染沙门菌优势血清型是德尔卑沙门菌, 推测生猪屠宰环节中分离的沙门菌主要来自动物, 且与我国生猪跨区域调运屠宰有一定关系; 家禽屠宰环节中的优势血清型为肠炎沙门菌, 印第安纳、德尔卑、汤卜逊和阿贡纳沙门菌也存在于禽屠宰的各个环节, 结合国内相关研究数据^[8-9], 可以看出肠炎沙门菌是污染禽产品的优势血清型。从采样地区看, 分离到的血清型种类由多到少依次为鲁东、鲁东北、鲁西南、鲁南、鲁西和鲁中地区, 除鲁中地区优势血清型为汤卜逊沙门菌外, 山东地区以德尔卑和肠炎沙门菌为主, 此外每个地区分离的血清型差异明显。这与我国沙门菌血清型在不同的地区和动物产品上分离出的优势血清型有所不同的

表1 沙门菌血清型地区分布情况

Table 1 Serotype distribution of *Salmonella* isolates in various areas of Shandong Province

血清群	血清型	鲁西		鲁东		鲁中		鲁东北		鲁西南		鲁南	比率 /%
		生猪 /株	家禽 /株										
B	德尔卑沙门菌	10	2	22	—	—	—	16	17	8	—	8	24.8(83/335)
	鼠伤寒沙门菌	—	7	17	—	—	—	6	—	—	—	8	11.3(38/335)
	印第安纳沙门菌	—	—	—	16	—	—	—	2	—	3	—	6.3(21/335)
	阿贡纳沙门菌	—	—	2	5	—	—	—	—	—	2	—	2.7(9/335)
	埃森沙门菌	—	—	—	5	—	—	—	2	—	—	—	2.1(7/335)
	阿格码沙门菌	—	—	2	2	—	—	—	—	—	—	2	1.8(6/335)
	马流产沙门菌	—	2	—	—	—	—	—	2	—	2	—	1.8(6/335)
	策维埃沙门菌	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	1.2(4/335)
	哈托沙门菌	—	—	—	2	—	—	—	—	—	—	—	0.6(2/335)
	拉古什沙门菌	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.6(2/335)
	图莫迪沙门菌	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.6(2/335)
	格洛斯特沙门菌	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.6(2/335)
	胥伐成格隆沙门菌	—	—	—	—	—	—	—	2	—	—	—	0.6(2/335)
	新明斯特沙门菌	—	—	—	—	—	—	—	2	—	—	—	0.6(2/335)
	C1	汤卜逊沙门菌	—	—	—	2	22	13	—	—	—	—	—
里森沙门菌		—	—	2	—	—	—	—	2	—	—	—	1.2(4/335)
奥兹马森沙门菌		—	—	—	—	—	—	—	2	—	—	—	0.6(2/335)
婴儿沙门菌		—	—	—	2	—	—	—	—	—	—	—	0.6(2/335)
罗米他沙门菌		—	—	—	—	—	—	2	—	—	—	—	0.6(2/335)
奥里塔曼林沙门菌		—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.6(2/335)
波茨坦沙门菌		—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	—	0.6(2/335)
卡斯特鲁普沙门菌		—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	—	0.6(2/335)
蒙得维的亚沙门菌		—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	—	0.6(2/335)
阿尔巴尼/杜塞道夫沙门菌		—	—	—	—	—	2	—	—	—	—	—	0.6(2/335)
D	S. II 6,7:-:1,6	—	—	—	—	—	—	—	2	—	—	—	0.6(2/335)
	S. II 6,7;k:[z6]	—	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	0.3(1/335)
	S. II 6,7;z6:1,7	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	—	0.3(1/335)
	肠炎沙门菌	—	12	1	22	—	4	—	8	—	4	—	15.2(51/335)
克莱伯恩沙门菌	—	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	0.3(1/335)	
未分型沙门菌	3	2	12	11	1	3	3	—	—	—	1	10.7(36/335)	
合计	17	25	59	69	23	22	27	41	8	17	27	100.0(335/335)	

注:—为未分离到;鲁南家禽屠宰环节样品未采集

表2 沙门菌血清型在生猪屠宰环节的分布

Table 2 Serotype distribution of *Salmonella* isolates at pig slaughterhouses

血清型	宰前/株	宰中/株	宰后/株	屠宰环境/株	屠宰工具/株	比率/%
德尔卑沙门菌	8	17	22	—	17	39.8(64/161)
鼠伤寒沙门菌	7	13	4	2	5	19.3(31/161)
汤卜逊沙门菌	4	11	3	—	4	13.7(22/161)
阿格码沙门菌	—	2	—	—	2	2.5(4/161)
策维埃沙门菌	2	—	—	—	2	2.5(4/161)
阿贡纳沙门菌	—	1	—	—	1	1.2(2/161)
奥里塔曼林沙门菌	—	—	—	—	2	1.2(2/161)
拉古什沙门菌	—	2	—	—	—	1.2(2/161)
里森沙门菌	—	2	—	—	—	1.2(2/161)
罗米他沙门菌	—	—	—	—	2	1.2(2/161)
格洛斯特沙门菌	—	2	—	—	—	1.2(2/161)
图莫迪沙门菌	—	—	2	—	—	1.2(2/161)
肠炎沙门菌	—	1	—	—	—	0.6(1/161)
S. II 6,7;z6:1,7	—	1	—	—	—	0.6(1/161)
未分型沙门菌	3	6	5	1	5	12.4(20/161)
合计	24(14.9%)	58(36.0%)	36(22.4%)	3(1.9%)	40(24.8%)	100.0(161/161)

注:—为未分离到;括号中的数值表示各菌总和占总菌的比率

表3 沙门菌血清型在禽屠宰环节的分布

Table 3 Serotype distribution of *Salmonella* isolates at the poultry slaughterhouse

血清型	宰前/株	宰中/株	宰后/株	屠宰环境/株	屠宰工具/株	比率/%
肠炎沙门菌	2	24	10	7	7	28.7(50/174)
印第安纳沙门菌	3	6	6	2	4	12.1(21/174)
德尔卑沙门菌	2	4	8	3	2	10.9(19/174)
汤卜逊沙门菌	2	3	5	2	3	8.6(15/174)
阿贡纳沙门菌	1	2	2	1	1	4.0(7/174)
埃森沙门菌	—	2	5	—	—	4.0(7/174)
鼠伤寒沙门菌	—	4	—	—	3	4.0(7/174)
马流产沙门菌	—	2	4	—	—	3.4(6/174)
奥兹马森沙门菌	—	—	1	—	1	1.1(2/174)
哈托沙门菌	—	—	—	1	1	1.1(2/174)
婴儿沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
新明斯特沙门菌	—	—	2	—	—	1.1(2/174)
波茨坦沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
卡斯特鲁普沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
蒙得维的亚沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
阿格码沙门菌	2	—	—	—	—	1.1(2/174)
胥伐成格隆沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
里森沙门菌	—	—	2	—	—	1.1(2/174)
阿尔巴尼/杜塞道夫沙门菌	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
克莱伯恩沙门菌	—	—	—	1	—	0.6(1/174)
II 6,7:-:1,6	—	2	—	—	—	1.1(2/174)
II 6,7:k:[z6]	—	1	—	—	—	0.6(1/174)
未分型沙门菌	2	7	2	2	3	9.2(16/174)
合计	14(8.0%)	69(39.7%)	47(27.0%)	19(10.9%)	25(14.4%)	100.0(174/174)

注:一为未分离到;括号中数值表示各菌总和占总菌的比率

报道是一致的^[8,10-14]。从采样的屠宰环节来看,屠宰中动物产品分离出的血清型的种类最多,且以宰中动物分离出的血清型最多,推测屠宰环节中沙门菌主要来自动物;屠宰环境和工具中分离出了屠宰动物没有检测到的血清型,这与动物产品中沙门菌血清型分布与屠宰过程中的屠宰设备相关的报道有差异^[5],推测不同沙门菌血清型污染动物产品的机率不同。综合以上因素,推测山东地区屠宰场沙门菌血清型分布主要与屠宰动物相关,也与污染的沙门菌血清型相关。

Sarwari 等^[15]曾经提出新鲜动物产品是人类沙门菌感染的主要传染源的假设。这个假设还需要进一步进行数据收集和分析,研究动物源沙门菌和人沙门菌病相关的血清型特异性的差异,来确定人和动物之间沙门菌的感染和传播关系。对生猪和家禽屠宰环节沙门菌的监测和血清型分布的研究是丰富这一数据的重要部分。

研究中全面的采样环节为建立沙门菌在屠宰环节中对动物产品的风险评估提供了详实的科学数据。根据沙门菌在屠宰环节的分布特点加强屠宰环节的监管,降低动物产品在屠宰环节受沙门菌污染的机会,有利于确保餐桌上动物产品的安全。

参考文献

[1] Hoelzer K,Swiff A I M,Wiedmann M. Animal contact as a source

of human non-typhoidal salmonellosis [J]. Veterinary Research, 2011,42(1):34.

[2] 赵贵,张华. 畜产品中沙门氏菌的危害及检测方法概述 [J]. 贵州畜牧兽医,2004,28(3):21-23.

[3] 杨保伟,曲东,申进玲,等. 陕西食源性沙门氏菌耐药及相关基因 [J]. 微生物学报,2010,50(6):788-796.

[4] 张华. 动物性产品中沙门氏菌的危害及控制措施 [J]. 中国动物保健,2004(6):8-10.

[5] Smid J H, Heres L, Havelaar A H, et al. A biotracing model of *Salmonella* in the pork production chain [J]. Journal of Food Protection,2012,75(2):270-280.

[6] LIU Y,XU Z Q,ZHANG Q, et al. Simultaneous detection of seven enteric virus associated with acute gastroenteritis by a multiplexed Luminex-based assay [J]. Journal of Clinical Microbiology,2012,50(7):2384-2389.

[7] 侯小刚,刘书亮,韩新锋,等. 四川部分地区猪肉产业链中沙门氏菌的分离及鉴定 [J]. 食品科学,2013,34(11):250-253.

[8] 马呈珠,薛良辉,张红,等. 山东省 286 起沙门菌食物中毒分析 [J]. 中国食品卫生杂志,2005,17(1):20-22.

[9] 陆彦,赵红玉,张中文,等. 鸡源沙门氏菌多重耐药和 I 型整合子的流行调查 [J]. 农业科学与技术:英文版,2014,15(5):877-881.

[10] 李郁,焦新安,魏建忠,等. 屠宰生猪沙门氏菌分离株的血清型和药物感受性分析 [J]. 中国人兽共患病学报,2008,24(1):67-70.

[11] 朱超,许学斌. 沙门菌属血清型诊断 [M]. 第一版. 上海:同济大学出版社,2009:132-138.

[12] 吕素玲,韦程媛,姚雪婷,等. 2010 年广西食品中沙门氏菌污染状况和血清型分布及耐药谱的研究 [J]. 应用预防医学,

2012,18(3):137-141.

- [13] 陈玉贞,邵坤,关冰,等. 2003—2008年山东省流通领域食品沙门氏菌污染状况调查[J]. 中国公共卫生管理,2010,26(2):163-165.
- [14] 尹明远,张晓燕,艾乃吐拉,等. 2010—2012年新疆乌鲁木齐地区零售生肉中沙门氏菌污染情况调查[J]. 中国食品卫生

杂志,2014,26(2):172-175.

- [15] Sarwari A R, Magder L S, Levine P, et al. Serotype distribution of *Salmonella* isolates from food animals after slaughter differs from that of isolates found in humans [J]. *Journal of Infectious Diseases*, 2001, 183(8):1295-1299.

研究报告

2010—2013年云南省保山市食源性疾病监测报告分析

郑国旗,杨秀红,王晖

(保山市疾病预防控制中心,云南保山 678000)

摘要:目的 分析2010—2013年保山市食源性疾病的发病规律和特点,为食物中毒的预防和控制提供科学依据。方法 对2010—2013年保山市食源性疾病报告资料建立数据库并进行统计分析。结果 2010—2013年保山市共报告食源性疾病25起,除1起食源性寄生虫虫病外,均为食物中毒事件,发病439人,死亡4人;第二、三季度食源性疾病的发病起数和发病人数均最多;2011年来发病起数呈逐年上升的趋势,死亡人数无明显规律。结论 为防止食源性疾病的发生,监管部门应加强食品监测与消费者食源性疾病安全教育。

关键词:食源性疾病;监测;食物中毒;云南;保山

中图分类号:R155;R18 文献标志码:A 文章编号:1004-8456(2015)05-0508-04

DOI:10.13590/j.cjfh.2015.05.005

Surveillance analysis of foodborne disease in Baoshan, Yunnan Province from 2010 to 2013

ZHENG Guo-qi, YANG Xiu-hong, WANG Hui

(Baoshan Municipal Center for Disease Control and Prevention, Yunnan Baoshan 678000, China)

Abstract: Objective To analyze the pattern and characteristics of the foodborne disease incidence in Baoshan, Yunnan Province from 2010-2013 and provide the scientific basis to make the preventive and control measures of food poisoning. **Methods** Descriptive epidemiological method was used to analyze the surveillance data of foodborne disease in Baoshan from 2010-2013. **Results** A total of 25 outbreaks of food-borne disease were reported, of which, one was verified as foodborne parasitic diseases, and the others were food poisoning. The outbreak caused 439 reported patients and 4 deaths. Food poisoning occurred mainly in the second and the third quarter. **Conclusion** We should popularize the health and safety knowledge to the public, and enhance the supervision and management of school dining hall and other key places.

Key words: Foodborne disease; surveillance; food poisoning; Yunnan; Baoshan

食源性疾病是指食品中致病因素进入人体引起的感染性、中毒性等疾病,是我国主要的食品安全问题之一^[1]。食源性疾病的监测、预警、处置及报告对维护消费者健康意义重大。保山市地处云南西部,辖一区四县,人口255.6万^[2],按照云南省统一安排,于2011年加入国家食源性疾病监测网,并补报上年度数据,逐步规范食源性疾病监测、报告管理工作。本文以2010—2013年保山市上报食源性疾病监测网数据为基础,分析4年来食源性

疾病的发生情况,揭示发生的规律和特点,提供有效的防控依据。

1 材料与方法

1.1 资料来源

2010—2013年在食源性疾病监测网上报的保山市食源性疾病监测资料和数据。相关数据由发生食源性疾病的区、县于结案后一周内上报,经地、市、省两级疾控机构审核合格后认定。

1.2 方法

所有数据均采用Microsoft Excel 2007软件建立数据库并进行分析。

收稿日期:2014-09-03

作者简介:郑国旗 男 副主任医师 研究方向为突发公共卫生事件现场处置和卫生监测检验 E-mail:bscdc123@sina.com