

## 综述

## 基于微生物分型的归因方法对我国归因研究的启示

张力匀<sup>1,3</sup>,叶欣<sup>2</sup>,白莉<sup>3</sup>,杨杏芬<sup>1</sup>,刘兆平<sup>3</sup>,王彝白纳<sup>3</sup>

(1. 南方医科大学公共卫生学院,广东广州 510515;2. 武汉大学数学与统计学院,湖北武汉 430072;  
3. 国家食品安全风险评估中心,北京 100022)

**摘要:**食源性疾病是全球重要的公共卫生问题,尤其以微生物危害因素中致病菌导致的危害最为严重,在基于风险的食品安全管理体系下,识别优先管控的危害因素极其重要的食物来源是防控食源性疾病的前提和关键。结合微生物分型和统计建模的归因方法是国际通用的以确定不同食物来源对食源性疾病相对贡献的技术方法,目前欧美等国已经建立了频率匹配和群体遗传学两大类基于微生物分型的归因方法模型,并将其结果转化为食品安全风险管控措施制定的科学依据,而我国目前正处于食源性疾病归因方法研究的初步探索阶段。本文系统梳理了目前国际广泛应用的归因方法的方法原理和模型,结合我国食源性疾病归因研究基础和现状,提出“建方法、合数据、搭平台、强交流”四个我国下阶段食源性疾病归因体系建设的工作方向,其中研发本土化微生物分型归因模型方法是解决我国确证管控核心和防控我国食源性疾病面临的挑战,最终实现食品安全和保障人民生命健康。

**关键词:**归因分析;食源性疾病;食源性致病菌

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2024)03-0339-07

DOI:10.13590/j.cjfh.2024.03.016

### Source attribution methods based on microbial subtyping for source attribution of foodborne diseases in China

ZHANG Liyun<sup>1,3</sup>, YE Xin<sup>2</sup>, BAI Li<sup>3</sup>, YANG Xingfen<sup>1</sup>, LIU Zhaoping<sup>3</sup>, WANG Yibaina<sup>3</sup>

(1. School of Public Health, Southern Medical University, Guangdong Guangzhou 510515, China;

2. School of Mathematics and Statistics, Wuhan University, Hubei Wuhan 430072, China;

3. China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100022, China)

**Abstract:** Foodborne diseases are major global public health issues. Among microbial hazards, foodborne diseases are the most serious problem caused by pathogenic bacteria. Under the risk-based food safety management system, identifying the priority hazards and their important food sources is the premise and key to the prevention and control foodborne diseases. Currently, Europe, the United States, and other countries have established two categories of source attribution methods based on microbial subtyping. The results of these methods were transformed on a scientific basis to formulate food safety risk control measures. China is in the preliminary exploration stage of source attribution method research of foodborne disease. This study aimed to systematically sort the methodological principles and models of source attribution methods widely used internationally, combine the basis and current situation of foodborne disease source attribution research in China, and suggest four work directions for constructing the next stage of foodborne disease source attribution system in China. These directions include developing methods, combining data, building platforms and strong exchanges, which involves the development of localized source attribution model based on microbial subtyping to solve the challenges associated with confirming control and preventing and controlling foodborne diseases in China, and achieving food safety and protecting the lives and health of individuals.

**Key words:** Source attribution; foodborne diseases; foodborne pathogens

收稿日期:2023-09-27

基金项目:国家自然科学基金青年项目(32202185);国家食品安全风险评估中心高层次人才队伍建设项目

作者简介:张力匀 男 在读研究生 研究方向为食品安全风险评估 E-mail:liyunchangz@163.com

通信作者:王彝白纳 女 副研究员 研究方向为食品安全风险评估 E-mail:wangyibaina@cfssa.net.cn

食源性疾病是全球重要的公共卫生问题,也严重威胁我国居民健康。据世界卫生组织(World Health Organization, WHO)估计,2010年由31种食源性危害导致了约3300万伤残调整寿命年(Disability adjusted life years, DALYs)的损失,其中微生物导致的疾病负担占绝大多数<sup>[1]</sup>。在以风险为基础的食品

安全体系中,基于有限的公共卫生资源,控制污染、降低食源性疾病负担,首要前提是开展归因分析,明确优先控制的食源性疾病及其污染来源<sup>[2]</sup>。致病菌可通过多条途径传播,包括食用被污染的食物、与动物的接触、环境暴露,且食物来源种类繁多,包括各种动物性食品<sup>[3]</sup>。通过归因分析,可以确定对某个危害因素整体控制策略中是否需要重点关注食物暴露途径;针对某个危害因素,确定哪几类食品需重点关注;在全链条范畴内识别需要优先控制的关键环节,集中有限的公共卫生资源,为合理有效的管控措施制定提供科学证据<sup>[4]</sup>。

不同国家或地区需要优先控制的食源性疾病并不相同:一是食源性危害因素不同,如新西兰需控制的首位致病菌是弯曲杆菌,而丹麦是非伤寒沙门菌(*Nontyphoidal Salmonella*, NTS);二是亟须管控的食物-致病菌组合不同,如对于 NTS 而言,丹麦需优先管控的是蛋类,而美国是肉鸡;三是引起食源性疾病的优势型别不同,比如新西兰发现在其他国家罕见的弯曲杆菌 ST474 是其需优先控制的亚型<sup>[5-8]</sup>。因此,各国都致力于开展食源性疾病归因研究,以识别本国需要优先关注的食源性危害-食物来源-致病菌亚型组合。自 20 世纪末,欧美等国陆续开展了一系列围绕食源性疾病归因分析方法的研究,通过 20 多年的探索,已建立了一套适用于各类致病菌-食物归因的方法学。除了传统的流行病学方法,比如暴发调查数据分析、针对散发病例的研究及 Meta 分析等,微生物分型方法随着分型技术的发展得到了广泛应用<sup>[4]</sup>。

## 1 基于微生物分型的食源性疾病归因原理方法

目前国际上广泛应用的基于微生物分型的归因方法可分为两类:频率匹配方法和群体遗传学方法,核心思想是基于致病菌亚型在食物来源和病例中的分布,将致病菌导致的病例归因于可能的来源,从而推断病例最可能的食物来源<sup>[4]</sup>。致病菌亚型数据包括表型数据,如血清型、噬菌体型和抗生素耐药性等以及基因型数据,如多位点序列分型(Multilocus sequence typing, MLST)、多位点可变数目串联重复序列分析(Multiple Locus Variable-number tandem repeat Analysis, MLVA)和全基因组测序(Whole genome sequencing, WGS)数据等<sup>[9]</sup>。其中频率匹配方法是以 Hald 模型和 Dutch 模型为代表,假定致病菌亚型从食物传播到病例时保持稳定,以亚型在食物中的流行率、食物消费量等因素作为权重,推断病例最可能的来源<sup>[8,10]</sup>。群体遗传学方法考虑了致病菌在传播过程中可能存在的基

因漂变和遗传变异,采用基因型数据,并假定基因型数据可由一系列未知参数组成的概率模型进行解释,通过比较病例和不同食物来源分离菌株的基因数据,建立食物来源和病例之间的相关关系,这类模型主要包括 STRUCTURE 和 AIM<sup>[11-12]</sup>。

### 1.1 频率匹配方法

#### 1.1.1 Dutch 模型

1999 年, VAN PELT 等<sup>[10]</sup>开发了 Dutch 模型,使用血清型和噬菌体型数据,应用于对荷兰 NTS 感染病例的归因实践。其基本公式是:

$$\lambda_{ij} = \hat{p}(\text{source } j \text{ subtype } i) \times o_i \quad (1)$$

$$\hat{p}(\text{source } j \text{ subtype } i) = \frac{r_{ij}}{\sum_i r_{ij}} \quad (2)$$

式中  $\lambda_{ij}$  是食物来源  $j$  亚型  $i$  导致的病例数,  $\hat{p}(\text{source } j \text{ subtype } i)$  是来源  $j$  中亚型  $i$  的条件概率,  $o_i$  是实际观察到由亚型  $i$  导致的病例数,  $r_{ij}$  是食物来源  $j$  中亚型  $i$  的占比。在该模型中,  $\lambda_{ij}$  等于  $o_i$  和  $\hat{p}(\text{source } j \text{ subtype } i)$  的乘积。此模型假定不同致病菌亚型和不同食物来源对人群有同等影响,未考虑到他们引起人群感染能力的差异。

#### 1.1.2 Hald 模型

2004 年,丹麦使用血清型和噬菌体型数据,研发了基于贝叶斯方法的 Hald 模型并实现对 NTS 感染散发、暴发病例及有旅行史人群的归因<sup>[8]</sup>。其基本公式为:

$$o_i \sim \text{Poisson} \left( \sum_j \lambda_{ij} \right) \quad (3)$$

$$\lambda_{ij} = p_{ij} \times a_j \times q_i \times M_j \quad (4)$$

该模型中,由亚型  $i$  导致的病例数  $o_i$  服从泊松分布,其数学期望是  $\sum_j \lambda_{ij}$ ,  $\lambda_{ij}$  等于来源  $j$  中亚型  $i$  的概率  $p_{ij}$ 、不同食物来源作为致病菌载体的能力  $a_j$ 、不同致病菌亚型引起感染能力  $q_i$  和食物消费量  $M_j$  的乘积。其中  $p_{ij}$  是食物  $j$  中亚型  $i$  的流行率,  $a_j$  是来源特异性因子,代表某食物来源作为致病菌载体的能力,反映了由于食物特性对致病菌负荷能力、污染率和生长繁殖的影响,并考虑了膳食消费模式、消费量等因素;  $q_i$  是亚型特异性因子,代表致病菌不同亚型导致人群的感染力,与致病菌生存能力、致病性以及群体部分免疫性等多种因素相关。例如:由于食用猪肉导致鼠伤寒血清型感染的人群病例数等于鼠伤寒血清型在猪肉中的流行率、猪肉消费量、猪肉作为鼠伤寒血清型传播载体的能力以及鼠伤寒血清导致人群感染能力的乘积。相较于 Dutch 模型, Hald 模型考虑了不同食物来源、不同致病菌亚型导致人群感染能力的差异。

频率匹配方法依靠病例和食物来源中致病菌亚型的匹配,因此模型无法对仅在病例中存在、但食物中不存在的致病菌亚型导致的病例进行归因,会导致“无法归因的病例”或“未知食物来源”。此外,对食物和病例中共存的致病菌亚型导致的病例进行归因时,也可能由于纳入的食物来源不充分,导致病例的错误归因。

### 1.1.3 频率匹配归因方法的优化应用

对频率匹配归因方法的优化主要体现在:一是针对数据缺失和稀疏的情形,提出了具有针对性的模型构建方式、技术手段和数据拓展方案,如模块化贝叶斯方法,利用已知信息对未知信息进行推断的数据重分配方法,以及提出了如何利用不同时间段、不同国家数据的方法<sup>[8,13]</sup>;二是针对数据可及性、代表性以及质量参差不齐的问题,将食物中致病菌亚型流行率等参数纳入不确定性估计,引入消费权重等参数进行加权,以准确反映不同食物来源作为致病菌传播载体的能力<sup>[14]</sup>;三是提出了多种参数和先验设置方案以解决不同情形模型收敛性的问题,以更好地描述致病菌亚型感染能力和不同食物来源作为致病菌载体能力的差异,提高模型的精度和稳健性<sup>[14]</sup>。

## 1.2 群体遗传学方法

### 1.2.1 STRUCTURE

PRITCHARD 等<sup>[11]</sup>于 2000 年开发了 STRUCTURE 模型,该模型本质上是一个聚类模型,基于包含食物来源的菌株的训练集,获得每个食物来源中每个致病菌亚型的频次,以此计算病例菌株属于各食物来源的概率。假设有 K 个未知群体,即 K 个食物来源,每个来源由一系列遗传位点的等位基因(频数)表示,利用等位基因分布数据,将病例分配给不同食物来源。模型可分为两种情形,连锁和非连锁。在非连锁情形下,每个病例分离的菌株只能来自于一种食物来源;在连锁情形下,每个病例分离的菌株可归因于多种食物来源。

### 1.2.2 AI 模型

WILSON 等<sup>[12]</sup>于 2008 年开发了 AI 模型(Asymmetric Island Model, AIM),考虑基因变异、迁移、重组现象,在该模型中,不同的食物来源被划分为不同的岛,致病菌菌株在每个岛内存在同质性混合,内部可发生基因变异和重组,菌株可以在不同岛之间迁移,从而导致不同水平的遗传差异。模型假设从病例分离的菌株是直接从食物来源中抽样获得,即归因分析依赖于病例菌株从不同来源的抽样概率分布。简单来讲:病例归因于各来源  $j$  的比例  $F$  的后验概率分布表示为  $F_j$ ,即:

$$p(F|G) \propto \prod_{i=1}^N F_{G_i} p(F) \quad (5)$$

式(5)中  $p(F)$  是病例从不同食物来源的抽样概率的先验分布,  $G_i$  是病例  $i$  的食物来源,由于该参数未知,需要基于病例分离菌株的基因型  $H$  来估计每个病例可能的食物来源,可以根据下式进行估计:

$$p(F, GH) \propto P(H|G) \prod_{i=1}^N F_{G_i} p(F) \quad (6)$$

式(6)中  $P(H|G)$  是每个病例分配给不同食物来源  $G$  的似然函数。第一步,模型基于观察到来源数据估计变异、重组和迁移参数;第二步使用后验值估计参数  $F$  和  $G$ ,最终获得病例的食物归因比例。

### 1.2.3 群体遗传学方法的优化应用

对群体遗传学方法的优化主要体现在:一是将年龄、城乡等病例信息和时空维度等纳入了模型,转变了原本未纳入不同流行病学特征的情况,可实现对不同特征人群的精准归因;二是适应了分型技术的发展,拓展了归因模型的输入数据范畴,满足从 MLST 分型数据到不同区分程度的 WGS 数据,比如核心基因组多位点序列分型(core genome Multilocus Sequence Typing, cgMLST)、全基因组多位点序列分型(whole genome Multilocus Sequence Typing, wgMLST)等不同分型数据的输入<sup>[5,15]</sup>;三是提出并建立了对归因结果进行稳健分析的评价方法,比如采取随机选取部分食物来源的菌株进行“自归因”策略,以保障结果的可靠性<sup>[12]</sup>。

### 1.3 归因模型的关键数据需求

为便于归因结果的应用和沟通交流,需要基于国际上通用的结构化的、多层次的食物分类方案,如美国跨部门食品安全分析协作组(Interagency Food Safety Analytics Collaboration, IFSAC)发布的涵盖食物大类和细分小类的方案。鉴于各个国家和地区的饮食偏好和消费习惯不同,在制定服务于归因分析的食物分类方案时需要考虑本国食物和膳食消费特色<sup>[16]</sup>。

归因分析需要模型和数据的联合应用,其中分型数据是采用上述模型开展食源性疾病归因分析的基础,可以通过表型和基因型分型方法进行定义。不同食源性致病菌适宜采用的分型技术不同,获得的分型数据类型不同,优选的归因模型也可能不同,但服务于归因模型的分型数据要满足标准化和代表性的要求。

采用标准化、可重复的分型方法,且有参考数据库用于命名以对病例和食物来源的菌株进行规范分型是归因研究的前提,也是把归因结果用于风险决策和交流的基础。此外,菌株代表性是归因模型的基本要求,纳入模型的菌株信息要能反映病例

表1 微生物分型归因方法的共性、特性和应用

Table 1 Characteristics and application of microbial subtyping source attribution methods

模型	具体模型	共性	特性	应用
频率匹配 归因方法	Dutch模型	① 可归因由病例和食物来源中共同存在的致病菌亚型导致的病例	假定不同食物来源作为致病菌载体的可能性和不同致病菌亚型感染能力相同	NTS(荷兰) <sup>[10]</sup> 弯曲杆菌(加拿大) <sup>[17]</sup>
	Hald模型	② 存在“无法归因的病例”或“未知食物来源”,存在错误分类的风险 ③ 可将消费量、消费行为等数据作为权重	考虑不同食物来源作为致病菌载体的可能性和不同致病菌亚型感染能力存在差异	NTS(丹麦) <sup>[6]</sup> 弯曲杆菌(新西兰) <sup>[14]</sup> 单核细胞增生李斯特菌(英格兰和威尔士) <sup>[18]</sup>
群体遗传学 归因方法	STRUCTURE	① 可归因所有致病菌亚型导致的病例; ② 考虑致病菌亚型的遗传漂变和基因突变;	聚类方法,利用等位基因分布数据将病例分配给不同的食物来源	弯曲杆菌(英国) <sup>[12]</sup>
	AIM	③ 未纳入所有来源时可能存在病例被错误归因的风险	将食物来源划分为不同的岛,归因分析依赖于病例菌株从不同来源的抽样分布	弯曲杆菌(新西兰) <sup>[5]</sup> 鼠伤寒、肠炎血清型沙门菌(荷兰) <sup>[19]</sup>

和食物来源的真实分布,尤其是尽可能全面地纳入覆盖各类食物来源的菌株。不同分型方法的分辨率是不同的,选择适宜分辨率的分型数据是获得准确归因结果的关键。不同模型对于分型数据的类型和区分程度要求是不一样的,选择的分型方法需要满足不同模型的要求,并非区分程度越高越好,选择的分型方法及数据要具备足够的区分程度能找到病例和食物来源之间的关系,又不会过度细分稀释病例和食物的关联<sup>[4,6]</sup>。

## 2 国际食源性疾病归因应用和发展方向

基于微生物分型的食源性疾病归因技术方法是国际上公认的能够为食品安全风险决策提供科学证据的重要技术手段,是食品安全风险评估领域关注的焦点和热点。如澳新、欧洲等地区基于基因型数据,使用群体遗传学模型对弯曲杆菌感染病例和单核细胞增生李斯特菌感染病例开展了归因研究,基于表型数据如血清型、噬菌体型等,使用频率匹配模型对NTS感染病例和弯曲杆菌感染病例进行了归因研究<sup>[6,14]</sup>。上述归因结果已为食品-致病菌的风险识别和防控提供了科学证据,弯曲杆菌是新西兰最重要的食源性致病菌,通过开展一系列的归因分析,从宿主-传播途径-病因食品-危险因素等确认禽肉是最主要的病因食品,并对其开展全链条控制,取得了显著成效,由禽肉导致的病例数下降了74%<sup>[14,20]</sup>。同样,对南澳大利亚NTS感染病例开展归因研究的过程中发现存在一定数量无法识别来源的病例,通过采用层层递进的归因模式,发现坚果是未能纳入前期归因考量的重要污染来源,随后在昆士兰地区的归因研究中将其纳入,确证坚果贡献了17.5%的感染病例,并明晰了环境-野生动物-食物的立体管控方案<sup>[21-22]</sup>。

鉴于归因分析在食源性疾病防控中发挥的重要作用,发达国家在新技术研发、新数据应用以及

模型优化等方向发展十分迅速。近些年WGS技术的快速发展,为获取更多、更全面的致病菌分型数据提供了可能<sup>[23]</sup>。如何将新的基于组学的的数据应用于归因分析是研究的焦点,目前正探索采用新数据和成熟模型结合使用以及针对新数据开发新模型两种方案。且部分国家正将基于组学的技术作为常规的食源性疾病监测手段,以获得有代表性的、高质量的菌株分型信息以服务于归因分析。针对不同致病菌特征及其相应的分型数据,对经典模型进行了优化和拓展。用于NTS和弯曲杆菌感染病例开发的归因模型已可实现对单核细胞增生李斯特菌和产志贺毒素大肠杆菌感染病例等的归因<sup>[18]</sup>,对NTS感染病例的归因,分型数据从最初的表型数据,逐步纳入基因型数据<sup>[19]</sup>。在归因实践中,各国基于数据的可及性和评估需求,正踔厉研发本国适宜的归因范式,包括解决由于个性化数据缺失导致的模型收敛问题,构建满足符合本国特色的食物分类方案和膳食消费模式的归因模型参数<sup>[14]</sup>。

## 3 对我国食源性疾病归因方法体系探索建设的启示

### 3.1 我国归因研究储备和现状

#### 3.1.1 归因数据和技术方法储备现状

我国通过已建立的食源性疾病监测网、食品污染物风险监测网和国家食源性疾病分子溯源网络,同时还有中国动物源细菌耐药性监测网等,积累了大量人群病例和食物基础数据,系统收录了国内动物、环境来源的大量菌株,包括脉冲场凝胶电泳(Pulsed field gel electrophoresis, PFGE)、血清型、抗生素耐药性等表型数据。通过专项调查,也积累了食源性致病菌分型数据<sup>[24]</sup>。但各监测系统覆盖的环节、针对的对象不同,基于致病菌全链条传播的特性,没有整合的可用于食源性疾病归因的数据资源。

### 3.1.2 我国归因研究现状

我国在食源性疾病归因领域已经开展了诸多探索,包括对单次食源性疾病暴发事件进行的个案分析,以了解暴发事件的病因、食品和场所<sup>[25-26]</sup>;整合多起食源性疾病暴发事件或具有某类特征的食源性疾病暴发事件开展致病菌-病因食品-场所-时空等单维度和多维度归因分析,获得暴发事件的流行病学特征和趋势变化<sup>[27-31]</sup>;部分地区开展了针对散发病例的病例对照研究,以期识别食源性疾病感染的危险因素,如广州通过病例对照研究发现不良卫生习惯和饮食习惯是食源性 NTS 感染病例的主要危险因素,而食用猪肉和半熟蛋是上海地区 NTS 感染病例的危险因素<sup>[32-33]</sup>。但我国目前缺乏基于群体水平、针对海量散发病例、结合微生物分型和统计建模的食源性疾病归因研究技术方法,不能获得各食物来源对食源性疾病病例,尤其散发病例的贡献,无法明确食品安全优先管控方向,不能满足基于风险的食源性疾病管控的精准要求。

## 3.2 我国食源性疾病归因研究下一步方向

### 3.2.1 构建系统性的食源性疾病归因体系

食源性疾病归因分析是系统性的、多学科整合的方法体系,需引导、调动各方力量广泛参与,多元化投入,协调各渠道信息数据资源,打造由不同专业技术人员组成的工作组,充分运用流行病学手段和数理统计、计算机科学等风险建模方法,采用病原微生物和生物信息学等技术手段,联合食品微生物污染监测和食源性疾病监测数据,并整合膳食调查研究、消费行为调查数据,建立我国重点食源性疾病的归因体系,涵盖归因技术方法、模型工具和多元数据,识别需优先管控的食品和食源性微生物。

### 3.2.2 健全全链条数据整合和多学科人才队伍建设机制

归因工作涉及从农场到餐桌全链条数据,涉及多个部门、机构,包括食品、农业等多领域,目前尚无统一的数据整合和汇总机制,各类数据处于碎片化、割裂化状态。因此需整合构建覆盖从农场到餐桌全链条不同环节、不同风险点位的基础数据库,实现从养殖、屠宰、加工到消费的全过程归因,为致病菌污染的精准控制提供更丰富的信息。此外,具有全国代表性的基因型数据的积累尚不足,需有针对性地加强对 WGS 等新分型数据的收集和使用,并加强标准化、可重复的分型技术在对病例和各来源菌株分型中的应用,以获得一致的分型数据。同时引入统计建模、生物信息学、系统生物学、WGS 技术和机器学习等学科人才,统筹建设多学科归因人

才队伍。

### 3.2.3 搭建归因分析应用平台

基于全链条、多来源数据整合机制,谋划国家级食源性疾病归因平台的建设。由于我国存在数据缺口较大、膳食消费行为模式多样、食物分类方式与欧美国家不一致等复杂情形,尚需结合本国国情和数据可及性,对归因模型进行本土化优化,并积极主动地探索适合本国的不同数据类型、不同数据组合、不同模型方法结合使用的归因范式,并加速推进深度学习和网络分析等统计学方法在归因分析中的应用。基于整合的监测系统和建立的本土化模型,建立一系列实现从数据填补到归因分析的流程、程序和平台,以期实现国家、省、市级层面食源性疾病的食物归因,明确导致食源性疾病的重要食物,识别关键的致病菌亚型,为致病菌污染和传播防控措施的制定提供科学证据。

### 3.2.4 加强国际交流、提升本土化归因方法研发能力

在基于风险的管理体系中,以降低食源性疾病和服务管理决策为驱动,从政策、管理到技术等层面增进各方参与,加强结果交流,使科学的、透明的、可追溯的归因结果成为提高食品安全管控技术水平的抓手。注重加强与国际组织和相关国家专业机构的交流,共享最新归因科学技术,通过项目合作和学术研讨等方式,更好地提高我国归因工作的质量和效率,加速推动我国食源性疾病归因体系和能力建设,丰富食品安全风险评估技术体系,共同应对越来越严峻的全球公共卫生挑战,推动与国际先进水平接轨。

## 4 结语

随着“健康中国 2030”规划纲要和“十四五”食品安全标准与监测评估规划的发布,强调了食品安全标准与风险监测评估工作在“预防为主、风险管理、全程控制、社会共治”的食品安全治理体系中的基础性作用,要求建成覆盖从农田到餐桌全过程的最严谨食品安全标准体系,提高风险识别能力,提升食源性疾病调查溯源能力,这对我国食品安全状况更上一层楼和食品安全风险评估体系提出了更高的要求<sup>[34-35]</sup>。预防和控制食源性疾病是食品安全领域首要解决的重要问题之一,基于归因研究结果可识别食源性疾病的主要危害、传播途径和风险环节,为精准防控、合理分配公共卫生资源和实现经济利益最大化提供决策证据。因此,现阶段需加强归因研究的顶层设计谋划、夯实能力建设和人才梯队培养,实现与国际定量风险表征技术协调一致,

发挥膳食归因在风险评估和疾病负担估计领域的重要作用,为制订控制食源性致病菌污染的科学决策提供技术支撑。

### 参考文献

- [ 1 ] HAVELAAR A H, KIRK M D, TORGERSON P R, et al. World health organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010[J]. *PLoS Medicine*, 2015, 12(12): e1001923.
- [ 2 ] BARLOW S M, BOOBIS A R, BRIDGES J, et al. The role of hazard- and risk-based approaches in ensuring food safety[J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2015, 46(2): 176-188.
- [ 3 ] DEKKER J P, FRANK K M. *Salmonella*, *Shigella*, and yersinia[J]. *Clinics in Laboratory Medicine*, 2015, 35(2): 225-246.
- [ 4 ] PIRES S M, EVERS E G, VAN PELT W, et al. Attributing the human disease burden of foodborne infections to specific sources[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2009, 6(4): 417-424.
- [ 5 ] MULLNER P, SPENCER S E F, WILSON D J, et al. Assigning the source of human campylobacteriosis in New Zealand: a comparative genetic and epidemiological approach[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2009, 9(6): 1311-1319.
- [ 6 ] HALD T, LO FO WONG D M A, AARESTRUP F M. The attribution of human infections with antimicrobial resistant *Salmonella* bacteria in Denmark to sources of animal origin[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2007, 4(3): 313-326.
- [ 7 ] GUO C F, HOEKSTRA R M, SCHROEDER C M, et al. Application of Bayesian techniques to model the burden of human salmonellosis attributable to U.S. food commodities at the point of processing: adaptation of a Danish model[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2011, 8(4): 509-516.
- [ 8 ] HALD T, VOSE D, WEGENER H C, et al. A Bayesian approach to quantify the contribution of animal-food sources to human salmonellosis[J]. *Risk Analysis: an Official Publication of the Society for Risk Analysis*, 2004, 24(1): 255-269.
- [ 9 ] FOLEY S L, LYNNE A M, NAYAK R. Molecular typing methodologies for microbial source tracking and epidemiological investigations of Gram-negative bacterial foodborne pathogens[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2009, 9(4): 430-440.
- [ 10 ] VAN PELT W, VAN DE GIESSEN A, VAN LEEUWEN W, et al. Oorsprong, omvang en kosten van humane salmonellose. Deel 1. Oorsprong van humane salmonellose met betrekking tot varken, rund, kip, ei en overige bronnen[J]. *Infect, Bull*, 1999, 10: 240-243.
- [ 11 ] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data[J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [ 12 ] WILSON D J, GABRIEL E, LEATHERBARROW A J H, et al. Tracing the source of campylobacteriosis[J]. *PLoS Genetics*, 2008, 4(9): e1000203.
- [ 13 ] MIKKELÄ A, RANTA J, TUOMINEN P. A modular Bayesian *Salmonella* source attribution model for sparse data[J]. *Risk Analysis: an Official Publication of the Society for Risk Analysis*, 2019, 39(8): 1796-1811.
- [ 14 ] MULLNER P, JONES G, NOBLE A, et al. Source attribution of food-borne zoonoses in New Zealand: a modified Hald model[J]. *Risk Analysis: an Official Publication of the Society for Risk Analysis*, 2009, 29(7): 970-984.
- [ 15 ] FILIPELLO V, MUGHINI-GRAS L, GALLINA S, et al. Attribution of *Listeria monocytogenes* human infections to food and animal sources in Northern Italy[J]. *Food Microbiology*, 2020, 89: 103433.
- [ 16 ] PAINTER J A, AYERS T, WOODRUFF R, et al. Recipes for foodborne outbreaks: a scheme for categorizing and grouping implicated foods[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2009, 6(10): 1259-1264.
- [ 17 ] HODGES L M, CARRILLO C D, UPHAM J P, et al. A strain comparison of *Campylobacter* isolated from retail poultry and human clinical cases in Atlantic Canada[J]. *PLoS One*, 2019, 14(5): e0215928.
- [ 18 ] LITTLE C L, PIRES S M, GILLESPIE I A, et al. Attribution of human *Listeria monocytogenes* infections in England and Wales to ready-to-eat food sources placed on the market: adaptation of the Hald *Salmonella* source attribution model[J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2010, 7(7): 749-756.
- [ 19 ] MUGHINI-GRAS L, SMID J, ENSERINK R, et al. Tracing the sources of human salmonellosis: a multi-model comparison of phenotyping and genotyping methods[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2014, 28: 251-260.
- [ 20 ] SEARS A, BAKER M G, WILSON N, et al. Marked campylobacteriosis decline after interventions aimed at poultry, New Zealand[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2011, 17(6): 1007-1015.
- [ 21 ] GLASS K, FEARNLEY E, HOCKING H, et al. Bayesian source attribution of salmonellosis in South Australia[J]. *Risk Analysis*, 2016, 36(3): 561-570.
- [ 22 ] FEARNLEY E J, LAL A, BATES J, et al. *Salmonella* source attribution in a subtropical state of Australia: capturing environmental reservoirs of infection[J]. *Epidemiology and Infection*, 2018, 146(15): 1903-1908.
- [ 23 ] UELZE L, GRÜTZKE J, BOROWIAK M, et al. Typing methods based on whole genome sequencing data[J]. *One Health Outlook*, 2020, 2: 3.
- [ 24 ] WU Y N, CHEN J S. Food safety monitoring and surveillance in China: past, present and future[J]. *Food Control*, 2018, 90: 429-439.
- [ 25 ] 何琴芬, 陈吉铭, 唐诗洁, 等. 一起由阿贡纳沙门菌引起的食物中毒的病原学研究及溯源分析[J]. *中国卫生检验杂志*, 2023, 33(9): 1082-1084.
- HE Q F, CHEN J M, TANG S J, et al. An etiological study and traceability analysis of a food poisoning caused by *Salmonella* Agona[J]. *Chinese Health Laboratory Technology*, 2023, 33(9): 1082-1084.
- [ 26 ] 罗誉皓, 钟艳, 陈帅, 等. 湖南某市一起食源性疾病暴发事件的调查及溯源分析[J]. *中国卫生检验杂志*, 2023, 33(4): 494-497.
- LUO Y H, ZHONG Y, CHEN S, et al. Investigation and traceability analysis of an outbreak of foodborne disease in a city of Hunan Province[J]. *Chinese Health Laboratory Technology*,

- 2023, 33(4): 494-497.
- [27] 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.
- [28] ZHAO J, CHENG H, WANG Z, et al. Attribution analysis of foodborne disease outbreaks related to meat and meat products in China, 2002—2017 [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2022, 19(12): 839-847.
- [29] 刘婷婷, 崔春霞, 宋壮志, 等. 内蒙古2016—2021年食源性疾病暴发事件归因分析[J]. 中国热带医学, 2023, 23(11): 1231-1236.
- LIU T T, CUI C X, SONG Z Z, et al. Attribution analysis of foodborne disease outbreaks in Inner Mongolia, 2016—2021 [J]. China Tropical Medicine, 2023, 23(11): 1231-1236.
- [30] 吴鹏, 刘继开, 戴月, 等. 2010—2020年中国大陆副溶血性弧菌引起的食源性疾病暴发事件归因分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2023.
- WU P, LIU J K, DAI Y, et al. Attribution analysis of foodborne disease outbreaks caused by *Vibrio parahaemolyticus* in China Mainland from 2010 to 2020 [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2023.
- [31] 潘娜, 李薇薇, 杨淑香, 等. 中国2002—2015年学校食源性疾病暴发事件归因分析[J]. 中国学校卫生, 2018, 39(4): 570-572, 576.
- PAN N, LI W W, YANG S X, et al. Attribution analysis of school foodborne disease outbreaks in China, 2002—2015 [J]. Chinese Journal of School Health, 2018, 39(4): 570-572, 576.
- [32] YANG X T, JIN K, YANG F, et al. Nontyphoidal *Salmonella* gastroenteritis in Baoshan, Shanghai, China, 2010 to 2014: an etiological surveillance and case-control study [J]. Journal of Food Protection, 2017, 80(3): 482-487.
- [33] 陈志, 朱紫杭, 翁创伟, 等. 广州市越秀区食源性非伤寒沙门菌感染的病例对照研究[J]. 中国热带医学, 2015, 15(5): 571-573.
- CHEN Z, ZHU Z H, WENG C W, et al. Case-control study on food-borne non-typhoid *Salmonella* infection in Yuexiu district of Guangzhou [J]. China Tropical Medicine, 2015, 15(5): 571-573.
- [34] 中共中央. 国务院办公厅关于印发“十四五”国民健康规划的通知\_卫生\_中国政府网[EB/OL]. [2023-11-11]. [https://www.gov.cn/zhengce/content/2022-05/20/content\\_5691424.htm](https://www.gov.cn/zhengce/content/2022-05/20/content_5691424.htm).
- Notice of the General Office of the State Council on Printing and Distributing the “14th Five-Year Plan” National Health Plan\_Health\_Chinese Government Network [EB/OL]. [2023-11-11]. [https://www.gov.cn/zhengce/content/2022-05/20/content\\_5691424.htm](https://www.gov.cn/zhengce/content/2022-05/20/content_5691424.htm).
- [35] 中共中央. 国务院印发《“健康中国2030”规划纲要》\_中央有关文件\_中国政府网[EB/OL]. [2023-11-11]. [https://www.gov.cn/zhengce/2016-10/25/content\\_5124174.htm](https://www.gov.cn/zhengce/2016-10/25/content_5124174.htm).
- The Central Committee of the Communist Party of China and the State Council issued the “Healthy China 2030” Planning Outline\_Relevant Central Documents\_Chinese Government Network [EB/OL]. [2023-11-11]. [https://www.gov.cn/zhengce/2016-10/25/content\\_5124174.htm](https://www.gov.cn/zhengce/2016-10/25/content_5124174.htm).