

风险评估

快速微生物定量风险评估工具及其改进在海产品中副溶血性弧菌风险分级中应用

宋晓昀¹, 王晔茹², 国琳¹, 李瑞¹

(1.大连市疾病预防控制中心, 辽宁 大连 116021; 2.国家食品安全风险评估中心, 北京 100022)

摘要:目的 使用快速微生物定量风险评估(sQMRA2)工具对海产品中副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*, VP)风险开展定量分级, 观察预测模型的选择对sQMRA2分级结果的影响。方法 利用sQMRA2工具, 综合2017年大连市海产品微生物监测数据、海产品消费量调查数据、海产品储存/交叉污染/烹调习惯等专家咨询数据, 对大连市不同“海产品-致病性VP”组合开展定量风险分级。通过改变“食品-致病微生物”组合的生长和灭活模型表达式对sQMRA2工具加以改进, 观察预测模型的变化对分级结果的影响。结果 sQMRA2工具定量风险分级结果发现, “虾类-致病性VP”组合导致的每餐发病风险和发病人数最高, 分别为 1.2×10^{-5} 和5 000人。改变生长和灭活预测模型表达式可在一定程度上影响sQMRA2工具的风险分级结果。结论 虾类是导致大连市普通人群2017年6~9月感染VP的高风险食品, 交叉污染是各种组合导致人体感染VP的主要途径, 使用风险分级工具时需要考虑预测模型的影响。

关键词: 风险分级; 定量; 海产品; 副溶血性弧菌; 食源性致病菌; 风险评估

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2020)01-0083-05

DOI: 10.13590/j.cjfh.2020.01.016

Application and improvement of swift quantitative microbiological risk assessment 2 tool in risk ranking of *Vibrio parahaemolyticus* in different categories of seafood

SONG Xiaoyun¹, WANG Yeru², GUO Lin¹, LI Rui¹

(1. Dalian Center for Disease Control and Prevention, Liaoning Dalian 116021, China;

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

Abstract; Objective This research was to conduct quantitative microbial risk ranking of *Vibrio parahaemolyticus* (VP) in different categories of seafood using swift quantitative microbiological risk assessment 2 (sQMRA2) and to evaluate the impact of predictive model on the risk ranking result. **Methods** Based on the monitoring data of pathogenic microorganisms in seafood, the dietary consumption data, and parameters for storage, cross-contamination and cooking habits obtained from expert consultation in Dalian City in 2017, a deterministic quantitative risk ranking was conducted for different seafood-pathogenic VP combinations using sQMRA2 tool. Besides, the tool was improved by applying specific predictive models for different combinations to evaluate its influence on the final result. **Results** Shrimp-pathogenic VP combination had the highest per serving risk (1.2×10^{-5}) and lead to the highest number of cases (5 000) among all the combinations. Predictive model had influence on the risk ranking result of the sQMRA2 tool. **Conclusion** Shrimp was the high-risk seafood leading to the incidence of VP in Dalian City from June to September in 2017. Avoiding cross contamination was the key to reduce the risk of VP in seafood. It was necessary to pay attention to the impact of predictive model on the result of risk ranking tool.

Key words: Risk ranking; quantitative; seafood; *Vibrio parahaemolyticus*; foodborne pathogenic bacteria; risk assessment

开展食品中微生物风险评估是国际食品法典委员会确定的理解和处理微生物风险问题的重要科学手段。经典的微生物定量风险评估

(quantitative microbiological risk assessment, QMRA)方法对模型构建要求高, 分析过程相对耗时费力, 主要用来估计干预措施的效果^[1]。近年来, 采用快速风险分级方法筛选重点“食品-致病微生物”组合, 是国际上进行食品微生物危害监管和确定优先开展风险评估对象的基本思路^[2]。

EVERS 和 CHARDON^[3]于2010年基于

收稿日期: 2019-10-08

基金项目: 大连市医学科学研究计划项目(1711089)

作者简介: 宋晓昀 女 副主任医师 研究方向为营养与食品卫生

E-mail: sxydljk@126.com

Microsoft Excel 工作表构建了快速微生物定量风险评估 (swift quantitative microbiological risk assessment, sQMRA) 工具。国内外已有研究^[3-5] 将 sQMRA 应用于微生物的风险分级或评估, 但该工具没有考虑加工处理前致病菌的生长和灭活。2016 年 EVERS 和 CHARDON^[6] 在 sQMRA 工具基础上构建了 sQMRA2 工具, 后者增加了储存环节考虑加工处理前致病微生物的生长和灭活、提供多种剂量-反应关系算法、提供结果的变异性等。但 sQMRA2 工具对不同的“食品-致病微生物”组合使用的是相同的生长和灭活预测模型, 而实际上, 菌株在不同的培养基质和条件下其生长动力学参数有较大差异^[7]。

以往利用 sQMRA 系列工具开展海产品中副溶血性弧菌 (*Vibrio parahaemolyticus*, VP) 的风险分级或评估研究^[2,8-9] 较少, 而且研究关注的主要是海产品中总 VP 的风险, 并且污染物监测和消费量调查数据常来自不同时期, 交叉污染和烹调方式等参数多来自文献报道, 导致风险分级结果与实际情况有一定差距。为了得到具有地区代表性的不同海产品中致病性 VP 的风险分级结果, 为大连市食品监管和评估研究提供依据, 本研究利用 sQMRA2 工具, 综合大连市 2017 年海产品中污染物监测数据和同年海产品消费量数据, 对不同“海产品-致病性 VP”组合开展定量微生物风险分级。其次, 通过给不同“海产品-致病性 VP”组合选择相应的生长和灭活预测模型表达式, 比较改进前后风险分级结果的变化, 为 sQMRA2 工具今后的应用和改进提供借鉴。

1 资料与方法

1.1 数据来源

不同海产品中致病性 VP 污染数据来自大连市 2017 年海产品专项监测。各类海产品消费量数据来自 2017 年大连地区海产品消费量调查。海产品储存、交叉污染、加热环节参数来自大连地区专家咨询, 详细情况参见文献^[10]。

1.2 方法

1.2.1 分级工具及主要参数

使用 sQMRA2 风险分级工具^[6]。从零售阶段开始, 模拟食品在储存、交叉污染、加热阶段致病菌的变化, 通过剂量-反应关系估计每个“食品-致病微生物”组合的发病人数和发病概率。本研究仅利用 sQMRA2 工具开展确定性风险分级, 工具框架及所用主要参数见图 1。

1.2.2 数据输入和工具运行

sQMRA2 在 Microsoft Excel 2003 上进行数据输

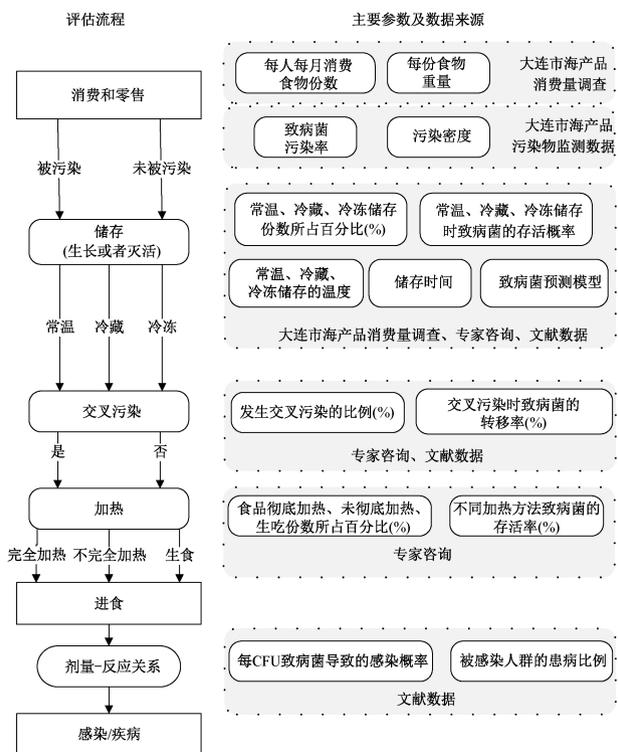


图 1 分级流程图及工具参数来源

Figure 1 Structure for risk ranking and data resources

入和工具运行, 具体的运行公式详见文献^[6]。

1.2.3 “食品-致病微生物”组合的确定

根据以往大连地区食源性疾病监测数据^[11], 海产品中 VP 是导致大连地区食源性疾病散发和暴发病例的首位病原微生物, 但各类常见海产品中 VP 的风险大小、需要重点监管的海产品品种和加工环节仍不清楚。由于总 VP 不能代表 VP 的真实致病情况, 故本研究对不同“海产品-致病性 VP”组合开展风险分级。最终确定的分级组合为鱼类-致病性 VP、虾类-致病性 VP、贝类-致病性 VP、头足类-致病性 VP。

1.2.4 评估范围的定义

对本次评估范围进行定义: 待评估的病原微生物: 致病性 VP; 待评估的食品类别: 鱼类、虾类、贝类、头足类; 研究人群: 大连市普通人群; 人群样本量 (Pop): 595.6 万 (2017 年大连市统计年鉴^[12]); 本次评估的时间 (t_{cons}): 2017 年 6~9 月。

1.2.5 sQMRA2 工具的主要参数赋值及数据来源

表 1 为本研究使用 sQMRA2 工具开展 4 种“海产品-致病性 VP”组合风险分级时部分参数的赋值情况。其他参数在各组合之间赋值相同, 具体说明如下: (1) 致病菌浓度: 根据 2017 年海产品专项监测^[10], 4 种海产品中致病性 VP 菌落数平均值相同, 均为 1.36 lg CFU/g。(2) 储存时间和温度: 根据专家意见, 4 种海产品常温储存平均时间均为 2 h, 平均储存温度为 24 °C; 冷藏储存平均时

间均为 7 h,平均储存温度均为 6 ℃。(3)致病菌的生长和灭活:根据文献[13-15],VP 在食品中的最短世代时间为 0.2 h,VP 在食物中的最适和最低生长温度分别为 37 和 15 ℃。VP 在食物中的最大生长密度为 10^6 CFU/g。根据文献[6],经常温、冷藏、冷冻条件储存一天后 VP 的存活概率分别为 100%、50%、0.1%。(4)交叉污染转移率:根据文献[3]及专家咨询意见,4 种海产品交叉污染

转移率的平均值均为 0.25%。(5)加热时致病菌的存活概率:根据专家咨询意见,4 种海产品完全加热、未完全加热、生食时,VP 的平均存活率分别为 0%、50.7%、100%。(6)剂量-反应模型的终点指标:感染数。(7)半数感染剂量:根据文献[16],人群感染 VP 的半数感染剂量为 10^5 CFU。(8)被感染人群的患病比例:根据文献[2],被 VP 感染后人体的患病比例为 10.0%。

表 1 不同“海产品-致病性 VP”组合 sQMRA2 工具部分参数赋值

sQMRA2 工具中部分参数		参数赋值				参数来源
		鱼类-致病性 VP	虾类-致病性 VP	贝类-致病性 VP	头足类-致病性 VP	
消费份数	消费份数点估计:每月每人消费份数	44.4	18.0	17.2	9.3	2017 年海产品消费量专项调查 ^[10]
零售环节致病菌污染率/%	污染率的点估计	0.6	1.6	0.6	0.7	2017 年海产品专项监测 ^[10]
消费量/g	每份食物的消费量:平均值	59.4	64.3	22.0	13.0	2017 年海产品消费量专项调查 ^[10]
	常温储存百分比	50.0	50.0	50.0	50.0	专家咨询
	冷藏储存百分比	35.0	35.0	45.0	35.0	专家咨询
储存/%	冷冻储存百分比	15.0	15.0	5.0	15.0	专家咨询
	交叉污染的发生比例	82.0	86.0	94.0	85.0	专家咨询
交叉污染/%	食品完全加热的百分比	88.0	86.0	80.0	91.0	专家咨询
	未完全加热的百分比	1.0	4.0	4.0	3.0	专家咨询
	生食的百分比	11.0	10.0	16.0	6.0	专家咨询

1.2.6 sQMRA2 工具改进阶段预测模型的选择

本研究通过改变“食品-致病微生物”组合的预测模型表达式对 sQMRA2 工具进行改进。在选择预测模型时本研究遵循以下原则:1)优先选择在真实海产品中建立的预测模型;2)优先选择在我国水产品中建立的预测模型;3)优先选择使用我国流行的 VP 菌株建立的预测模型;4)对尚未有预测模型报告的“食品-致病微生物”组合,采用 sQMRA2 工具默认的预测模型表达式。通过查阅文献,本研究为 4 种“海产品-致病性 VP”组合选择的生长和灭活模型表达式见表 2。

2 结果

2.1 sQMRA2 工具的定量风险分级结果

sQMRA2 估计的 4 种组合导致目标人群的发病人数从高到低依次为:虾类-致病性 VP(3 574 人)、鱼类-致病性 VP(3 052 人)、贝类-致病性 VP(618 人)、头足类-致病性 VP(147 人)。sQMRA2 估计的每餐发病风险概率从高到低依次为:虾类-致病性 VP(8.4×10^{-6})、鱼类-致病性 VP(2.9×10^{-6})、贝类-致病性 VP(1.5×10^{-6})、头足类-致病性 VP(7.2×10^{-7}),见表 3。

2.2 改变预测模型表达式后 sQMRA2 定量风险分级结果

改进后的 sQMRA2 工具估计的 4 种组合导致目

标人群的发病人数从高到低依次为:虾类-致病性 VP(5 000 人)、鱼类-致病性 VP(3 039 人)、贝类-致病性 VP(222 人)、头足类-致病性 VP(147 人)。估计的每餐发病风险概率从高到低依次为:虾类-致病性 VP(1.2×10^{-5})、鱼类-致病性 VP(2.9×10^{-6})、头足类-致病性 VP(7.2×10^{-7})、贝类-致病性 VP(5.5×10^{-7}),见表 4。

3 讨论

本研究利用 sQMRA2 工具对大连市 4 种“海产品-致病性 VP”组合开展风险分级发现,导致目标人群在 2017 年 6~9 月感染致病性 VP 发病人数从高到低的组合,以及导致目标人群每餐感染致病性 VP 发病的风险概率从高到低的组合均依次为虾类-致病性 VP、鱼类-致病性 VP、贝类-致病性 VP、头足类-致病性 VP,提示虾类是造成大连市 2017 年 6~9 月致病性 VP 发病风险最高的海产品。其原因与大连地区虾类中致病性 VP 检出率高于其他海产品品种,以及虾类的平均每餐消费量较高有关。

sQMRA2 工具与经典的 QMRA 不同,其结果侧重不同组合之间的相对风险而非绝对风险。国内外有利用经典 QMRA 法^[20-24]对某一种海产品中 VP 开展风险评估的研究报道,但利用 sQMRA 系列工具对多种海产品中 VP 的相对风险进行风险排序的

表2 sQMRA2工具改进阶段4种“海产品-致病性VP”组合的生长和灭活模型表达式

Table 2 Growth and inactivation functions for different “seafood-pathogenic VP” combinations

组合	生长模型表达式	模型出处及说明	灭活模型表达式	模型出处及说明
海鱼-致病性VP	一级模型表达式: $\lg N_t/N_0 = \lg(N_{\max}/N_0) \times \exp\{-\exp[\mu_{\max} \times \exp(1) \times (\lambda - t)/\lg(N_{\max}/N_0) + 1]\}$ 二级模型表达式: $\sqrt{\mu_{\max}} = 0.0421 \times (T_{st} - 12.057)$	我国三文鱼中建立的O3:K6型VP生长模型 ^[17]	一级模型表达式: $\lg N_t/N_0 = -b \times t^n$, 其中 $b = -4.2667 \times 10^{-5} \times T_{st} + 0.0006$, $n = -0.0086 \times T_{st} + 1.6082$	我国三文鱼中建立的O3:K6型VP灭活模型 ^[17]
海虾-致病性VP	一级模型表达式: $\lg N_t/N_0 = \mu_{\max} \times (t - \lambda)$ 二级模型表达式: $\sqrt{\mu_{\max}} = 0.0328 \times (T_{st} - 1.046)$	12~40℃下,在熟南美白对虾中建立的我国O3:K6型VP大流行克隆株的生长预测模型 ^[15]	一级模型表达式: 冷藏: $\lg N_t/N_0 = -t/1.7$ 冷冻: $\lg N_t/N_0 = -t/4.0$	分别在5和-18℃低温贮藏条件下,在鲜活南美白对虾中建立的VP试验菌株ATCC 17802的失活模型 ^[18]
贝类-致病性VP	一级模型表达式: $\lg N_t/N_0 = \mu_{\max} \times F(t) - \ln(1 + \frac{-1 + e^{\mu_{\max} \times F(t)}}{e^{(\mu_{\max} - N_0)}})$, 其中 $F(t) = t + 1/\mu_{\max} \times \ln \sqrt{\mu_{\max}}$ 二级模型表达式: $\sqrt{\mu_{\max}} = 0.0203 \times (T_{st} - 5.105)$	美国切萨皮克海湾采集的牡蛎中自然生长的VP的生长模型 ^[19]	一级模型表达式: $\lg N_t = 3.25 \times \mu_{\max} - 0.003 \times (t - 3.25)$ 二级模型表达式: $\sqrt{\mu_{\max}} = 0.0203 \times (T - 5.105)$	WHO/FAO评估报告 ^[20] 中使用的牡蛎中VP的灭活模型
头足类-致病性VP	一级模型表达式: $\lg N_t = \lg N_0 \times e^{(\mu_{\max} \times t)}$ 二级模型表达式: $\sqrt{\mu_{\max}} = \ln 2/t_{gen}$, 其中 $t_{gen} = t_{gen_min} \times (T_{opt} - T_{min})^2 / (T_{st} - T_{min})^2$	sQMRA2中使用的生长模型 ^[6]	一级模型表达式: 冷藏: $\lg N_t = \lg N_0 \times [P_{st_day_fridge}^{(t/24)}]$ 冷冻: $\lg N_t = \lg N_0 \times [P_{st_day_freezer}^{(t/24)}]$	sQMRA2中使用的灭活模型 ^[6]

注: N_t : 储存时间为 t 时的细菌密度, CFU/g; N_0 : 最初细菌密度, CFU/g; N_{\max} : 最大细菌密度, CFU/g; t : 储存时间, h; T_{st} : 储存温度, °C; λ : 迟滞期, h; μ_{\max} : 最大生长速率, CFU/(g·h); $P_{st_day_fridge}$: 冷藏储存一天VP的存活概率, %; $P_{st_day_freezer}$: 冷冻储存一天VP的存活概率, %; t_{gen_min} : 致病菌在食品中的最短世代时间, h; T_{opt} : 致病菌最适生长温度, °C; T_{min} : 致病菌最低生长温度, °C

表3 sQMRA2工具定量风险分级结果

Table 3 Results of risk ranking using sQMRA2

环节	鱼类-致病性VP		虾类-致病性VP		贝类-致病性VP		头足类-致病性VP	
	绝对值	相对值	绝对值	相对值	绝对值	相对值	绝对值	相对值
目标人群感染人数	30 470	21.2	35 821	24.6	6 179	4.2	1 465	1
目标人群发病人数	3 052	21.2	3 574	24.6	618	4.2	147	1
估计的每餐发病风险	2.9×10^{-6}	4.0	8.4×10^{-6}	11.7	1.5×10^{-6}	2.1	7.2×10^{-7}	1

表4 改变预测模型表达式后sQMRA2工具定量风险分级结果

Table 4 Results of risk ranking using improved sQMRA2

环节	鱼类-致病性VP		虾类-致病性VP		贝类-致病性VP		头足类-致病性VP	
	绝对值	相对值	绝对值	相对值	绝对值	相对值	绝对值	相对值
目标人群感染人数	30 389	20.5	50 001	34.1	2 224	1.5	1 465	1
目标人群发病人数	3 039	20.5	5 000	34.1	222	1.5	147	1
估计的每餐发病风险	2.9×10^{-6}	4.0	1.2×10^{-5}	16.7	5.5×10^{-7}	0.75	7.2×10^{-7}	1

研究较少。蔡华等^[8]利用sQMRA法对上海市市售食品中主要致病菌开展了快速定量风险评估。发现各类食品的总VP风险中,海水甲壳类-总VP组合估计的发病人数最高,其次为海水贝类-总VP组合和海水鱼类-总VP组合。不同研究由于评估范围不同导致结果有所差异,为了验证sQMRA2工具的排序结果,可利用其他风险分级工具,如Risk Ranger、iRisk等,对同样的组合再次开展风险排序,比较不同分级工具结果的异同,以说明sQMRA2工具结果的准确性。

与化学风险评估比较,微生物风险评估需要考虑整个食品链中微生物的增殖或灭活,因此微生物预测模型的选择会影响风险评估结果,但在

sQMRA2工具中,不同的食物-致病菌组合使用的是相同的预测模型表达式。研究^[7]表明,VP的同一菌株在不同的培养介质下表现出的生长差异性大于不同VP菌株在相同介质中的生长差异,说明介质对VP菌株的生长动力学参数影响较大,需要针对不同的“海产品-致病性VP”组合使用不同的预测模型表达式。

使用改进后的sQMRA2工具得到的风险分级结果显示,除了贝类-致病性VP和头足类-致病性VP导致目标人群每餐感染发病的风险概率排序发生改变外,其余排序均无改变,虾类-致病性VP和鱼类-致病性VP组合导致发病人数和每餐感染发病风险的排序始终位于前两位。分析原因可能是

由于 sQMRA2 工具的风险排序结果是各参数综合作用的结果,本研究中预测模型表达式对结果的影响小于其他因素,如海产品中致病性 VP 污染率、海产品消费量对结果的影响。虾类和鱼类由于污染率高、消费量大,风险排序始终位于前两位。但尽管如此,仍有必要关注预测模型对风险分级工具结果的影响。实际应用中可比较不同预测模型选择下的相对排序结果,并结合专业和实际情况解释预测模型的选择对结果的影响。

本研究存在以下局限性。第一,本次评估的时间段为 2017 年 6~9 月,得到的结果对其他时间段的代表性有限。第二,使用专家咨询法获得的参数带有一定的主观性,今后可开展相应调查提高参数的客观性。第三,在选择生长和灭活预测模型时尽管考虑了适用性问题,但为每个组合选择预测模型一方面增加了工具应用的复杂性,另一方面也会引入未知的不确定性,因此是否引入预测模型,以及如何选择预测模型应根据评估目的和对结果准确度的要求等进行取舍。

综上所述,本研究利用 sQMRA2 工具对大连地区 4 个“海产品-致病性 VP”组合进行了风险分级,得到了不同组合之间的相对风险,为进一步开展风险评估和食品监管提供了理论依据。同时本研究通过改变预测模型表达式对 sQMRA2 工具进行改进,为 sQMRA2 工具今后在食品微生物风险分级中的应用和改进提供了实践依据。虽然改变预测模型表达式对本研究最终风险排序影响较小,但具体应用 sQMRA2 工具时仍有必要关注预测模型对结果的影响。

参考文献

- [1] 任筑山,陈君石. 中国的食品安全过去、现在与未来[M]. 北京:中国科学技术出版社, 2016.
- [2] 朱江辉,宋筱瑜,王晔茹,等. 我国食品微生物定量风险分级模型初探与应用[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(4): 516-522.
- [3] EVERS E G, CHARDON J E. A swift quantitative microbiological risk assessment (sQMRA) tool[J]. Food Control, 2010, 21(3): 319-330.
- [4] 朱江辉,李凤琴. sQMRA 在微生物定量风险评估中的应用[J]. 中国食品卫生杂志, 2011, 23(1): 46-49.
- [5] 田明胜,王李伟,王颖,等. 快速微生物定量风险评估模型的改进和应用[J]. 上海预防医学, 2014, 26(12): 703-706.
- [6] CHARDON J E, EVERS E G. Improved swift quantitative microbiological risk assessment (sQMRA) methodology[J]. Food Control, 2017, 73(10): 1285-1297.
- [7] 刘冰宣. 水产品中副溶血性弧菌生长异质性的研究[D]. 上

海:上海海洋大学, 2017.

- [8] 蔡华,宋夏,徐碧瑶,等. 上海市市售食品中主要致病菌的快速定量风险评估[J]. 现代预防医学, 2019, 46(10): 1757-1760.
- [9] 宫春波,王朝霞,董峰光. 烟台海域海产品中食源性致病菌污染状况调查及膳食风险分析[J]. 中国食品卫生杂志, 2016, 28(1): 103-106.
- [10] 宋晓响,蔡特,李瑞. 大连市不同海产品中副溶血性弧菌污染的健康风险分级研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2018, 30(5): 473-477.
- [11] 宋晓响,安玉,蒋希宏,等. 2012—2013 年大连市食源性疾病预防分析[J]. 预防医学论坛, 2015, 21(10): 731-734.
- [12] 大连市统计局. 大连统计年鉴 2017[M]. 北京:中国统计出版社, 2018.
- [13] 杨振泉,焦新安. 不同副溶血弧菌的分子鉴别与生长动力学模型比较[J]. 中国人兽共患病学报, 2008, 24(3): 210-215.
- [14] DEPAOLA A, ULASZEK J, KAYSNER C A, et al. Molecular, serological and virulence characteristics of *Vibrio parahaemolyticus* isolated from environmental, food, and clinical sources in North America and Asia[J]. Appl Environ Microbiol, 2003, 69(7): 3999-4005.
- [15] 唐晓阳. 水产品种副溶血性弧菌风险评估基础研究[D]. 上海:上海海洋大学, 2013.
- [16] 卢晓凤,张培正,李远钊,等. 2% NaCl TSB 及单冻煮蛤肉中副溶血性弧菌生长模型的建立及应用[J]. 中国食物与营养, 2006(9): 24-27.
- [17] YANG Z Q, JIAO X A, LI P, et al. Predictive model of *Vibrio parahaemolyticus* growth and survival on salmon meat as a function of temperature[J]. Food Microbiol, 2009, 26(6): 606-614.
- [18] 姬华. 对虾中食源性弧菌预测模型建立及风险评估[D]. 无锡:江南大学, 2012.
- [19] PARVEEN S, DASILVA L, DEPAOLA A, et al. Development and validation of a predictive model for the growth of *Vibrio parahaemolyticus* in postharvest shellstock oysters[J]. Int J Food Microbiol, 2013, 161(1): 1-6.
- [20] FAO/WHO. Risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in seafood: interpretative summary and technical report[R]. Microbiology Risk Assessment Series no. 16. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations, Geneva, Switzerland: World Health Organization, 2011.
- [21] U.S. FDA. Quantitative risk assessment on the public health impact of pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in raw oysters[R]. 2005.
- [22] YAMAMOTO A, IWAHORI J, VUDDHAKUL V, et al. Quantitative modeling for risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in bloody clams in southern Thailand[J]. Int J Food Microbiol, 2008, 124(1): 70-78.
- [23] 陈艳,刘秀梅. 福建省零售生食牡蛎中副溶血性弧菌的定量危险性评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2006, 18(2): 103-108.
- [24] 刘弘,罗宝章,秦璐昕,等. 生食三文鱼片副溶血性弧菌污染的定量风险评估研究[J]. 中国食品卫生杂志, 2012, 24(1): 18-22.