

论著

宁波市河水环境中沙门菌分布特征和耐药性

沈玄艺¹, 宋启发¹, 高红¹, 章丹阳¹, 罗学辉², 张建群²

(1. 浙江省宁波市疾病预防控制中心, 浙江 宁波 315010;

2. 浙江省余姚市疾病预防控制中心, 浙江 余姚 315400)

摘要:目的 了解宁波市人工河水环境中沙门菌的血清型分布特征及耐药情况, 为预防、控制相应食源性疾病发生提供科学根据。方法 对河水样品进行离心浓缩、蛋白胨水增菌液增菌、亚硫酸盐胱氨酸增菌液选择性增菌和沙门菌显色平板分离沙门菌, 对分离菌株采用系统生化 and 血清凝集进行鉴定, 并采用纸片法检测菌株对 8 种抗生素的耐药性, 对多重耐药菌株和耐 β -内酰胺类抗生素菌株扩增主要相关耐药基因。结果 2014 年 1 月至 2015 年 12 月, 共采集 48 份河水样品, 分离沙门菌株 105 株, 主要血清型为鼠伤寒(26 株)、德尔卑(14 株)、里森(8 株)、肠炎(4 株)、阿贡纳(4 株)、斯坦利(4 株)、阿格玛(4 株), 其他及未分型沙门菌 41 株。70 株(66.7%)耐至少一种抗生素, 对抗生素的耐药率分别为氯苄西林 53.3%、四环素 42.9%、甲氧苄啶-磺胺甲恶唑 32.4%、庆大霉素 11.4%、环丙沙星 4.8%、头孢噻肟 4.8% 和产超广谱 β -内酰胺酶 4.8%。 β -内酰胺类抗生素相关耐药基因为 *TEM* 型($n=52$)、*OXA* 型($n=6$)和 *CTX-M* 型($n=3$), 58.1% 的菌株 1 类整合子基因阳性。结论 人工河水环境中沙门菌检出率较高, 且部分血清型为重要的食源性致病菌, 检出菌也有较高的耐药性, 携带多种耐药基因, 提示食源性疾病防控中需关注环境细菌的危害。

关键词: 河水; 沙门菌; 血清型; 耐药; 耐药基因; 宁波; 食源性致病菌

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2016)06-0709-05

DOI: 10.13590/j.cjfh.2016.06.005

Distribution of *Salmonella* species and their antimicrobial resistance in a river

SHEN Xuan-yi, SONG Qi-fa, GAO Hong, ZHANG Dan-yang, LUO Xue-hui, ZHANG Jian-qun
(Ningbo Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Ningbo 315010, China)

Abstract: Objective The aim of this study was to explore the distribution of *Salmonella* species in a man-made river and their antimicrobial resistance and provide knowledge for the prevention and control of foodborne diseases. **Methods** River water samples were processed including centrifugation concentration, enrichment with buffered peptone water, selective cultivation with selenite-cystine broth and chromogenic plate. Antimicrobial susceptibility testing was performed using disc diffusion method. β -lactam resistance genes and *int11* gene were tested using PCR. **Results** From January 2014 to October 2015, a total of 105 *Salmonella* isolates of 12 different serovars were recovered from 48 river water samples. The most frequent isolated serovars were typhimurium ($n=26$), Derby ($n=14$), Rissen ($n=8$), enteritidis ($n=4$), Agona ($n=4$), Stanley ($n=4$) and Agama ($n=4$). Other 41 strains were other serovars and untypables. Overall, about 66.7% strains were resistant to at least 1 antimicrobial drug. The antimicrobial resistance rates were as following: ampicillin (53.3%), tetracycline (42.9%), trimethoprim-sulfamethoxazole (32.4%), gentamicin (11.4%), ciprofloxacin (4.8%), cefotaxime (4.8%), and extended-spectrum β -lactamase (4.8%). Four types of β -lactam resistance genes were detected, including *TEM* ($n=52$), *OXA* ($n=6$) and *CTX-M* ($n=3$). Up to 58.1% ($n=61$) of 105 strains were positive for class-1 integron. **Conclusion** High occurrence of *Salmonella* contamination and high level of antimicrobial resistance were detected in a man-made river. It was noteworthy that some serovars were important foodborne pathogens. These strains showed high level of antimicrobial resistance and carried several resistance genes. This situation called for future attention about the risk caused by the widespread of resistant *Salmonella* species in aquatic environment.

Key words: Aquatic; *Salmonella* species; serovar; antimicrobial resistance; resistance gene; Ningbo; foodborne pathogens

收稿日期: 2016-08-25

基金项目: 浙江省医药卫生科技项目资助(2016KYB274); 宁波市社会发展重大(重点)项目(2013c51014)

作者简介: 沈玄艺 女 副主任技师 研究方向为食源性疾病检测 E-mail: shenxy@nbcdc.org.cn

通信作者: 宋启发 男 主任技师 研究方向为细菌基因组学 E-mail: songqf@nbcdc.org.cn

沙门菌是常见的食源性病原菌,可引起人类伤寒、副伤寒,及以发热、腹泻、腹痛等表现为主要的食物中毒甚至败血症。据报道每年全球约有 15 万人死于非伤寒沙门菌感染^[1]。在我国细菌性食物中毒中,以沙门菌引起的中毒人数最多^[2]。近年来,因为抗生素在临床抗感染治疗中的大量使用和 在食源性动物中作为促生长剂的广泛使用,沙门菌的耐药性问题日趋严重,部分沙门菌菌株对主要临床治疗药物如第三代头孢类和喹诺酮类均出现耐药^[3]。

沙门菌广泛存在于自然界,易通过食物、水源的污染进行传播。研究表明,沙门菌在河水环境中可以存活超过 200 天,形成重要的传染源,持续污染土壤和食品^[4]。河水与人类活动紧密相关,可导致大量人群暴露,增加传播风险。特别值得关注的是,洪水泛滥导致河流、土壤和下水道的污染,可促进河水中沙门菌的进一步扩散,增加通过河水环境传播食源性疾病的风险,但国内外关于这方面的研究报道较少。宁波市内平原地区天然和人工河网密集,2013 年 10 月 6 日,宁波市经历了一场因台风造成的特大暴雨,部分区域 12 h 降雨量达到 500 mm,造成部分地区被洪水淹没多日。

为了评估洪水引起河水中沙门菌污染的风险,课题组连续两年对河水中的沙门菌进行监测,对其血清型分布、耐药性和耐药分子机制进行检测分析,以掌握台风灾害区域河水环境中沙门菌的污染状况。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验菌株

2014 年 1 月—2015 年 10 月,选择 6 个采样点,每个点之间距离大于 1 000 m,每季度采样 1 次,共采集河水样品 48 份。

菌株分离和鉴定:取 500 ml 水源水 3 000 r/min 离心 5 min,取沉淀,加入 100 ml 蛋白胨水增菌液于

37 ℃ 培养 6 h,取 10 ml 置于 100 ml 亚硒酸盐胱氨酸增菌液中 37 ℃ 培养 18 h,转种沙门菌显色平板,隔夜培养后挑取可疑菌落,采用 API20E 进行系统生化鉴定、动力试验和沙门菌多价 A-F 血清凝集试验,如从一个采样点在一次采样中分离 2 株以上相同血清型沙门菌,则随机选取 1 株进行后续试验。

1.1.2 主要仪器与试剂

VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪(法国生物梅里埃)、梯度 PCR 仪(德国 Eppendorf)。蛋白胨水增菌液(BP)(广东环凯)、亚硒酸盐胱氨酸增菌液(SC)(上海华康)、沙门菌显色培养基(郑州博赛)、沙门菌诊断血清(卫生部兰州生物制品研究所)、MH 琼脂及抗生素药敏纸片(英国 OXOID)、GN 生化鉴定卡(法国生物梅里埃)、PCR 试剂(大连 TaKaRa)。

1.2 方法

1.2.1 药敏试验

药敏试验采用临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)推荐 Kirby-Bauer 方法(CLSI M02-A11 标准)^[5],药敏结果解释按照 CLSI M100-S25 标准^[6]。检测药物包括:氨苄青霉素(10 μg)、四环素(30 μg)、甲氧苄啶-磺胺甲恶唑(SXT,1.25/23.75 μg)、庆大霉素(10 μg)、环丙沙星(5 μg)、美罗培南(10 μg)、头孢噻肟(30 μg)和头孢噻肟/克拉维酸(30/10 μg),耐三种不同类别抗生素定义为多重耐药株(multidrug-resistant, MDR),质控菌株为大肠埃希菌 ATCC 25922。

1.2.2 耐药基因扩增

挑取适量菌落,煮沸法制备细菌基因组模板。采用表 1 引物序列进行耐药基因检测,包括 β-内酰胺类抗生素相关耐药基因 CTX-M、OXA 和 TEM 以及 1 类整合子基因。PCR 反应液采用 rTaq2X 预混试剂,20 μl 反应体系,模版 2 μl,30 个循环。PCR 产物进行 1.2% 的琼脂糖凝胶中电泳观察预期条带。

表 1 相关耐药基因引物

Table 1 Primers for PCR amplification of resistance genes used in this study

引物名称	序列(5'→3')	目标基因	产物大小/bp	文献
CTX-M-F	AACRCRCAGACGCTCTAC	β-lactamase	711	[7]
CTX-M-R	TCGAGCCGGAASGTGTAT			
OXA-F	AATGGCACCAGATTCAACTT	β-lactamase	593	本研究
OXA-R	TGGCTTTTATGCTTGATGTT			
TEM-F	TGT CGC CCT TAT TCC CTT TT	β-lactamase	783	本研究
TEM-R	ATA GTT GCC TGA CTC CCC GT			
Int I-F	GCGTTCGGTCAAGGTTCTGG	1 类整合子	287	[8]
Int I-R	ACCGCCAACCTTTCAGCACAT			

2 结果

2.1 菌株分离结果

2014 年 1 月至 2015 年 10 月,共采集 48 份河水样品,共分离 105 株沙门菌(表 2),其中 2014 年 46 株,2015 年 59 株,主要血清型为鼠伤寒

(26 株)、德尔卑(14 株)、里森(8 株)、肠炎(4 株)、阿贡纳(4 株)、斯坦利(4 株)、阿格玛(4 株)、汤普逊(2 株)、维尔肖(1 株)、纽波特(1 株)、印第安纳(1 株)、伊鲁木(1 株)以及未定血清型沙门菌 35 株。

表 2 2014—2015 年宁波市河水中分离沙门菌血清型检出时间分布

血清型 (菌株数)	分离沙门菌株数/株								检出率 /%
	2014 年 1 月	2014 年 4 月	2014 年 7 月	2014 年 10 月	2015 年 1 月	2015 年 4 月	2015 年 7 月	2015 年 10 月	
鼠伤寒(26)	4	3	3	3	3	4	4	2	24.8
德尔卑(14)	2	1	3	—	1	3	3	1	13.3
里森(8)	1	2	1	—	2	1	1	—	7.6
肠炎(4)	1	2	—	—	—	1	—	—	3.8
阿贡纳(4)	—	—	—	—	1	—	2	1	3.8
斯坦利(4)	—	1	1	—	—	1	1	—	3.8
阿格玛(4)	1	—	—	1	1	1	—	—	3.8
汤普逊(2)	—	1	—	—	—	1	—	—	1.9
维尔肖(1)	—	1	—	—	—	—	—	—	1.0
纽波特(1)	—	—	1	—	—	—	—	—	1.0
印第安纳(1)	—	—	—	—	—	1	—	—	1.0
伊鲁木(1)	—	—	—	—	—	—	1	—	1.0
其他沙门菌(35)	4	2	3	4	4	8	4	6	33.3
合计(105)	13	13	12	8	12	21	16	10	—

注:—为未检出或无需统计

2.2 药敏结果

70 株(66.7%)耐至少一种抗生素,所有 105 株对各抗生素的耐药率分别为氨苄青霉素 53.3%、四环素 42.9%、SXT 32.4%、庆大霉素 11.4%、环丙沙星 4.8% 和头孢噻肟 4.8%,对美罗培南和头孢噻肟/克拉维酸均敏感,其中耐头孢噻肟的菌株(4.8%)为超广谱-β-内酰胺酶(ESBL),对所有 8 种抗生素均敏感的菌株共 32 株(30.5%),见表 3。对三种及以上抗生素耐药的 MDR 菌株有 34 株,常见

的 MDR 组合为四环素+氨苄青霉素+SXT(16 株)和四环素+氨苄青霉素+SXT+庆大霉素(9 株)。菌株的耐药性与血清群存在一定的关联性,检出最多的 3 种血清型为德尔卑、鼠伤寒、里森,MDR 检出率里森(100.0%)>德尔卑(57.1%)>鼠伤寒(19.2%),且耐药组合也存在一定差异,德尔卑表现较高的庆大霉素耐药率(42.9%)。特别注意的是,5 株同时耐环丙沙星和头孢噻肟,3 株耐所有 5 种抗生素。

表 3 2014—2015 年宁波市河水中分离沙门菌血清型分布、耐药结果和 β-内酰胺酶基因检测结果

Table 3 Distribution of <i>Salmonella</i> serovars, antimicrobial resistance, and β-lactam resistance genes isolated from a river in Ningbo, China, 2014-2015												
血清群(菌株数)	全敏感菌 株数/株(%)	耐药菌株数/株(该群的耐药率/%)									β-内酰胺 酶耐药基因 (菌株数/株)	整合子阳 性菌株数 /株(%)
		TET	AMP	SXT	GEN	CIP	CTX/CLA	CTX	ESBL	MDR		
鼠伤寒(26)	5(19.2)	20(76.9)	18(69.2)	5(19.2)	1(3.8)	—	—	—	—	5(19.2)	TEM(15); OXA(2)	19(73.1)
德尔卑(14)	2(14.3)	9(64.3)	8(57.1)	8(57.1)	6(42.9)	—	—	1(7.1)	1(7.1)	8(57.1)	CTX-M(1); TEM(8)	6(42.9)
里森(8)	—	8(100.0)	8(100.0)	8(100.0)	—	—	—	—	—	8(100.0)	TEM(8)	8(100.0)
肠炎(4)	2(50.0)	1(25.0)	1(25.0)	—	—	—	—	—	—	—	TEM(1)	1(25.0)
阿贡纳(4)	2(50.0)	2(50.0)	2(50.0)	2(50.0)	—	—	—	—	—	2(50.0)	OXA(2)	2(50.0)
斯坦利(4)	1(25.0)	—	3(75.0)	—	—	—	—	—	—	—	TEM(3)	3(75.0)
阿格玛(4)	4(100.0)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
汤普逊(2)	1(50.0)	1(50.0)	1(50.0)	1(50.0)	—	1(50.0)	—	1(50.0)	1(50.0)	1(50.0)	CTX-M(1)	1(50.0)
维尔肖(1)	—	1(100.0)	1(100.0)	—	—	—	—	—	—	—	TEM(1)	1(100.0)
纽波特(1)	1(100.0)	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
印第安纳(1)	—	1(100.0)	1(100.0)	1(100.0)	1(100.0)	1(100.0)	—	1(100.0)	1(100.0)	1(100.0)	TEM(1); CTX-M(1)	1(100.0)
伊鲁木(1)	—	1(100.0)	—	1(100.0)	—	1(100.0)	—	—	—	1(100.0)	TEM(1)	1(100.0)
其他沙门菌(35)	14(40.0)	1(2.9)	13(37.1)	8(22.8)	4(11.4)	2(5.7)	—	2(5.7)	2(5.7)	8(22.9)	TEM(14), OXA(2)	18(51.4)
合计(105)	32(30.5)	45(42.9)	56(53.3)	34(32.4)	12(11.4)	5(4.8)	—	5(4.8)	5(4.8)	34(32.4)	—	61(58.1)

注:—为未检出或无需统计;TET,四环素;AMP,氨苄西林;SXT,甲氧苄啶-磺胺甲恶唑;GEN,庆大霉素;CIP,环丙沙星;CTX,头孢噻肟;CTX/CLA,头孢噻肟/克拉维酸;ESBL,超广谱 β-内酰胺酶

2.3 耐药基因检出结果

β -内酰胺类抗生素相关耐药基因检出为 *TEM* 型($n=52$)、*OXA* 型($n=6$)、和 *CTX-M* 型($n=3$)，58.1%($n=61$)的菌株 1 类整合子基因阳性，见表 3。

3 讨论

由于沙门菌广泛分布于人群、动物和环境，为重要的食源性致病菌，考虑河网水在食源性疾病传播中的风险，对宁波市一条河流进行了两年的沙门菌血清型分布、耐药性监测分析。

结果显示，河网环境中存在大量具有较高致病性的沙门菌血清型。在 105 株沙门菌中，共分离出 12 种血清型，检出较高的有鼠伤寒沙门菌、德尔卑沙门菌、里森沙门菌、肠炎沙门菌等，均对人致病性较强，特别是鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌，有多起食源性暴发事件报道。2013 年在宁波市，肠炎沙门菌曾引起一起多达 87 例住院患者的群体性食源性疾病^[9]。其他沙门菌如阿贡纳沙门菌、斯坦利沙门菌、阿格玛沙门菌、汤普逊沙门菌、维尔肖沙门菌、纽波特沙门菌、印第安纳沙门菌、伊鲁木沙门菌等，可引起人类腹泻，部分还可进入血液引起多脏器感染^[10-11]。由于沙门菌血清型众多，有 35 株不能完全确定血清型，这些不能确定血清型的分离株，部分也可能对人或动物具有一定致病性。

本文所分离的菌株显示有较高的耐药性和多样的耐药机制。所分离菌株对部分药物出现较高耐药率，如氨苄西林耐药率高达 53.3%，四环素耐药率为 42.9% 和 SXT 耐药率为 32.4% 等。与国内文献报道腹泻病患者来源沙门菌最常见的耐药品种为氨苄西林(64.7%)、四环素(62.3%)和 SXT(31.4%)相似^[12]。第三代头孢和第三代喹诺酮抗生素是临床上用于沙门菌感染治疗的主要药物，本研究中 5 株菌为 ESBL，且同时耐头孢噻肟和环丙沙星，环境中出现同时耐这两种药物的菌株，提示环境中严峻的耐药现状。所有菌株也有较高的 MDR 检出率(32.4%，34/105)，且部分血清型菌株 MDR 比率较高，如里森沙门菌(100.0%)、德尔卑沙门菌(57.1%)。环境中分离株出现较高的耐药性，可能因为环境中抗生素污染的来源较多，受到影响所致。*TEM*、*OXA*、和 *CTX-M* 为肠杆菌科中重要的 β -内酰胺类抗生素相关耐药基因^[7]，49.5% 的菌株检出 *TEM* 耐药基因，*OXA* 和 *CTX-M* 也有检出。1 类整合子结构是肠杆菌科等细菌重要的耐药基因扩散分子机制并形成各种耐药基因组合^[13]，本研究显示 58.1% 的菌株 1 类整合子基因阳性，多种耐药基

因和 1 类整合子较高的检出率，显示分离菌株耐药机制复杂，同时菌株耐药有较大的扩散能力。

抗生素对环境的污染和可能的环境危害愈来愈引起重视。抗生素可经多种途径对土壤和水体造成污染，如被大量地用于人和动物的疾病治疗，或添加于动物饲料中预防动物疾病和促进其生长，约有 90% 的抗生素以原形或者代谢物形式经由患者和畜禽的粪、尿排入环境，另外医药企业和医疗机构在生产和使用过程中也可能向环境排除一定量抗生素^[14]。环境是沙门菌感染的重要来源，耐药机制是细菌适应含有各种抗生素环境的重要手段，耐药菌在环境和动物宿主之间的循环，增加了耐药菌扩散风险，是本研究所分离环境沙门菌出现较高耐药率和较复杂耐药机制的重要原因。

沙门菌污染水源的机会很多，如生活污水排放、畜、禽养殖加工场的污水排放等。河水与人们生活息息相关，污染的河水可以造成大面积人群风险暴露。沙门菌容易通过清洗食品相关用具、食品原料等进入食品的生产加工、食用环节，是食品卫生、食品安全潜在的重要隐患。应加强人、畜粪便管理，加强人们不当利用河水的的生活习惯的健康教育，尽量不用河水洗菜饮用，避免受污染的河水引起食源性疾病的发生。同时要加强对抗生素使用管理，减小对环境的污染，减少因环境导致的细菌耐药。

参考文献

- [1] Majowicz S E, Musto J, Scallan E, et al. The global burden of nontyphoidal *Salmonella* gastroenteritis [J]. Clin Infect Dis, 2010, 50(6):882-889.
- [2] 王世杰, 杨杰, 湛志强, 等. 1994—2003 年我国 766 起细菌性食物中毒分析[J]. 中国预防医学杂志, 2006, 7(3):180-184.
- [3] 庄菱, 张永杰, 唐震, 等. 江苏省伤寒/副伤寒流行现况、菌株耐药及其分子分型[J]. 中华流行病学杂志, 2012, 33(12):1269-1272.
- [4] Moore B C, Martinez E, Gay J M, et al. Survival of *Salmonella enterica* in freshwater and sediments and transmission by the aquatic midge *Chironomus tentans* (Chironomidae: Diptera) [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(8):4556-4560.
- [5] CLSI. CLSI Document M02-A11 Performance standards for antimicrobial disk susceptibility tests [S]. Approved Standard-Eleventh Edition. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2012.
- [6] CLSI. CLSI Document M100-S25 Performance standards for antimicrobial susceptibility testing [S]. Twenty-Fifth Informational Supplement. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2015.
- [7] Dallenne C, Da Costa A, Decre D, et al. Development of a set of multiplex PCR assays for the detection of genes encoding important beta-lactamases in *Enterobacteriaceae* [J]. The Journal

of Antimicrobial Chemotherapy,2010,65(3):490-495.

[8] Goldstein C, Lee M D, Sanchez S, et al. Incidence of class 1 and 2 integrases in clinical and commensal bacteria from livestock, companion animals and exotics [J]. Antimicrob Agents Chemother,2001,45(3):723-726.

[9] 宋启发,王爱红,杨元斌,等. 分子生物学技术在一起食物中毒检测中的应用[J]. 中国食品卫生杂志,2014,23(3):254-258.

[10] 骆坤. 一起斯坦利沙门菌引起食物中毒的调查[J]. 职业与健康,2007,23(16):1416.

[11] 周煜,郑伟,陈建才,等. 杭州市2013年沙门菌流行特征及分子分型研究[J]. 中华流行病学杂志,2015,36(8):907-909.

[12] 黄冰,周勇,龙佳丽,等. 2013年广州市腹泻病人沙门菌血清分型及耐药性分析[J]. 热带医学杂志,2015,15(7):975-977.

[13] Bass L, Liebert C A, Lee M D, et al. Incidence and characterization of integrons, genetic elements mediating multiple-drug resistance, in avian *Escherichia coli* [J]. Antimicrob Agents Chemother,1999,43(3):2925-2929.

[14] 吴青峰,洪汉烈. 环境中抗生素污染物的研究进展[J]. 安全与环境工程,2010,17(2):68-72.

· 资 讯 ·

解读《关于N,N,N',N'-四(2-羟丙基)己二酰胺等4种食品相关产品新品种的公告》

一、N,N,N',N'-四(2-羟丙基)己二酰胺

(一)背景资料。N,N,N',N'-四(2-羟丙基)己二酰胺常温下为白色固态,密度为1.24 g/cm³,熔点为110℃。本次批准该物质作为食品接触材料及制品用添加剂新品种用于涂料中。美国食品药品监督管理局、荷兰卫生福利和运动部均批准该物质用于食品接触用涂料。

(二)工艺必要性。在涂料体系中,该物质作为交联剂,其羟基与悬浮剂的羧基基团发生酯化反应,产生交联作用。

(三)使用注意事项。利用该物质生产的涂层厚度不超过15 μm,仅限于在室温下使用,不得重复使用,不得用于接触婴幼儿配方食品和母乳,不得用于辐照。

二、1,8-二-4-甲苯氨基-9,10-蒽二酮

(一)背景资料。1,8-二-4-甲苯氨基-9,10-蒽二酮为紫色固体粉末,无气味,不溶于水和醇类,熔点为210℃,性质稳定。我国GB 9685—2008已批准该物质作为着色剂用于聚对苯二甲酸乙二醇酯(PET)和聚氯乙烯(PVC)中,本次批准其使用范围扩大至聚碳酸酯(PC)。法国卫生部将其列于允许用于食品接触材料及制品的着色剂名单中。日本卫生烯烃与苯乙烯塑料协会将其列为生产食品器具、包装容器用添加剂,可作为着色剂应用于PC中。

(二)工艺必要性。该物质是一种紫色染料,能使PC呈现出一种特殊的紫色,并赋予其透明的效果,目前已批准的其他着色剂无法达到此效果。

(三)使用注意事项。添加了该物质的PC材料及制品使用温度不得高于121℃。

三、甲醛和2-甲酚的聚合物

(一)背景资料。甲醛和2-甲酚的聚合物常温下为液态,沸点118℃,不溶于水,可溶于醇类、酮类溶剂。本次批准该聚合物作为食品接触材料及制品用树脂新品种用于涂料中。美国食品药品监督管理局批准该物质用于食品接触用涂料,欧洲委员会将其所有单体列入食品接触用涂料使用物质清单中。

(二)工艺必要性。该物质作为涂料的主要成膜物质,是涂料体系的基本组成部分。

四、甲醛和苯酚,对叔丁基苯酚的聚合物

(一)背景资料。甲醛和苯酚,对叔丁基苯酚的聚合物常温下为液态,沸点118℃,不溶于水,易溶于乙醇、丙酮。本次批准该聚合物作为食品接触材料及制品用树脂新品种用于涂料中。美国食品药品监督管理局批准该物质用于食品接触用涂料,欧洲委员会将其所有单体列入食品接触用涂料使用物质清单中。

(二)工艺必要性。该物质作为涂料的主要成膜物质,是涂料体系的基本组成部分。

中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会

二〇一六年十一月十七日