

研究报告

2010—2015年云南省学校食源性疾病暴发事件监测分析

刘志涛¹, 曾建辉², 李娟娟¹, 万青青¹, 万蓉¹, 余思洋¹, 赵江¹, 彭敏¹, 董坚¹, 赵世文¹

(1. 云南省疾病预防控制中心, 云南 昆明 650022;

2. 云南省卫生计生委食品安全标准与监测评估处, 云南 昆明 650200)

摘要:目的 了解2010—2015年云南省学校食源性疾病暴发事件特点及发生规律,探讨防止食源性疾病发生的对策和措施。方法 采用描述流行病学方法,对云南省学校食源性疾病暴发事件进行分析;采用季节趋势模型对2016年云南省学校每月食源性疾病暴发事件人次数进行预测。结果 2010—2015年云南省报告学校食源性疾病暴发事件数、发病人数及死亡人数分别为106起、3 972人和2人,分别占总数的6.67%、23.32%和0.71%。食源性疾病暴发事件主要分布在农村乡镇地区的中、小学校。致病因素以有毒动植物和微生物为主。采用季节趋势模型对2016年云南省学校食源性疾病暴发事件趋势进行预测,学校食源性疾病暴发事件继续呈上升趋势,中毒高峰为3、4、6和9月。结论 加大对农村地区学校食堂投入和管理力度,规范学校食堂从业人员操作,建立对餐饮业有效的监管机制,加强预防食源性疾病(特别是有毒动植物)的宣传教育工作,可以最大限度地预防和降低学生食源性疾病暴发事件的发生。季节趋势模型对云南省学校食源性疾病暴发事件的拟合效果较好,可以应用于预测。

关键词:学校;食源性疾病;暴发;流行病学分析;季节趋势模型;模型;监测;云南

中图分类号:R155 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2016)06-0730-05

DOI:10.13590/j.cjfh.2016.06.009

Analysis of foodborne disease outbreak incidents in schools in Yunnan Province between 2010 and 2015

LIU Zhi-tao, ZENG Jian-hui, LI Juan-juan, WAN Qing-qing, WAN Rong,

YU Si-yang, ZHAO Jiang, PENG Min, DONG Jian, ZHAO Shi-wen

(Yunnan Center for Disease Control and Prevention, Yunnan Kunming 650022, China)

Abstract: Objective To investigate the features and regular patterns of foodborne disease outbreak incidents in schools in Yunnan Province between 2010 and 2015, and to provide the countermeasure against these incidents. **Methods** Descriptive epidemiology was used to analyze the foodborne disease outbreak incidents in schools in Yunnan Province; the number of monthly foodborne disease outbreak incidents in 2016 was predicted by seasonal trend model. **Results** From 2010 to 2015, the number of foodborne disease outbreak incidents, victims and deaths in schools were 106, 3 972 and 2, which accounted for 6.67%, 23.32% and 0.71% of the total outbreaks. Foodborne disease outbreak incidents were mainly distributed in the primary school and middle school of rural and township areas. The major cause was associated with toxic agents from the food of animal or plant origin and microbial contamination. The foodborne disease outbreak incidents in schools was predicted as continuous rise in 2016, and reached the peak in March, April, June and September by seasonal trend model. **Conclusion** The best practices to prevent and reduce the foodborne disease outbreak incidents are to standardize the operation procedures of caterers, to enhance input and management measures, to establish effective supervisory mechanisms for the catering industry, and to reinforce the education of the prevention of foodborne diseases. Seasonal trend model could be used to predict the trend of the foodborne disease outbreak incidents in schools.

Key words: Schools; foodborne disease; outbreak; epidemiological analysis; seasonal trend model; model; monitoring; Yunnan

收稿日期:2016-06-06

基金项目:云南省科技厅应用基础研究计划青年项目(2012FD094)

作者简介:刘志涛 男 副主任医师 研究方向为营养与食品安全

E-mail:zhitaoliu1977@163.com

通信作者:赵世文 男 正高级工程师 研究方向为营养与食品安全

E-mail:156423746@qq.com

学校食源性疾病暴发事件的发生,不仅严重影响师生的身体健康和生命安全,影响学校的正常教学秩序,而且会造成不良的社会影响,甚至危及社会稳定。云南省因其特殊的地理气候条件和多民族的饮食习惯,学校食源性疾病暴发事件发生较频繁,为更好地了解云南省学校食源性疾病暴发事件

的特点和发生原因,找出关键控制环节,以便有针对性地制定预防和控制措施,防止和减少学校食源性疾病的发生^[1-3],本研究对2010—2015年云南省报告的学校食源性疾病暴发事件资料进行分析。

1 资料与方法

1.1 资料来源

2010—2015年云南省各级医疗卫生机构通过国家食源性疾病暴发事件监测系统报告的监测数据,并经现场调查确认的发生于云南省各类学校及幼托机构的食源性疾病暴发事件。

1.2 方法

1.2.1 判断标准

食物中毒诊断按照GB 14938—94《食物中毒诊断标准及技术处理总则》^[4]。食源性疾病暴发事件判断参照《2010—2015年国家食源性疾病监测工作手册》^[5]。

1.2.2 分析方法

本研究应用季节趋势模型对学校食源性疾病月发病人数资料进行模型拟合。季节趋势模型相对于其他时间序列预测方法,计算简单、易于理解,模型同时考虑了资料的趋势性、季节性和一定周期规律。可应用于既有一定的长期趋势又同时具有明显季节周期性的疾病的流行趋势预测分析^[6-7]。模型的拟合和计算利用SPSS 17.0和Excel 2007完成。

季节趋势模型的建立:季节趋势模型为 $\hat{y}_t = \hat{y}_c s_t$,式中, \hat{y}_t 为 t 时刻的季节趋势模型预测值, \hat{y}_c 为直线趋势预测值, s_t 为调整的季节指数。模型的建立步骤如下:

①计算趋势预测值: $\hat{y}_c = a + bt$,式中, a 为事件起点人数的起点值($a = \sum y/n - b \sum t/n$, n 为数据个数), t 为时间变量(即季节序号), b 表示每增加一个时间单位时 $\{b = (n \sum ty - \sum y \sum t) / [n \sum t^2 - (\sum t)^2]\}$, n 为数据个数}平均增加的人次数。

②计算季节指数:用趋势剔除法,即季节指数, $s_t = y/\hat{y}_c \times 100\%$

③计算调整季节指数:取各年度的季节指数平均值,得调整季节指数。

对2010—2015年学校食源性疾病月发病人数进行拟合。计算预测指标误差: $s_e = \sqrt{\sum_{i=1}^n e_i^2/n}$ (n 为数据个数)。用季节趋势模型预测2016年学校食源性疾病暴发事件月发病人数。

2 结果

2.1 基本情况

2010—2015年云南省共报告学校食源性疾病暴发事件106起,发病3 972人,死亡2人,分别占同期全省食源性疾病暴发事件报告总数的6.67%(106/1 590)、23.32%(3 972/17 031)、0.71%(2/283);年均报告17.67起,平均每起发病37人。

2.2 流行病学特征

2.2.1 时间分布

云南省学校食源性疾病暴发事件报告起数在2012年出现一个高峰,占事件总数的24.53%(26/106);发病人数总体上呈逐年上升的趋势(见表1)。

表1 2010—2015年云南省年学校食源性疾病暴发事件分布情况

年份	报告起数	占比/%	发病人数	占比/%	死亡人数
2010	14	13.21	529	13.32	0
2011	18	16.98	459	11.56	1
2012	26	24.53	1 001	25.20	0
2013	15	14.15	556	14.00	0
2014	15	14.15	632	15.91	0
2015	18	16.98	795	20.02	1
合计	106	100.00	3 972	100.00	2

2.2.2 学校分布

食源性疾病暴发事件在各类学校和托幼机构均有发生,但主要发生在农村乡(镇)小学,共报告68起,占64.15%(68/106);其次是农村乡(镇)中学,共报告16起,占15.09%(16/106),表明食源性疾病暴发事件主要发生在农村乡(镇)地区的中、小学校(见表2)。

表2 2010—2015年云南省不同类别学校发生食源性疾病暴发事件情况

学校类别	州(市)级		县(区)级		乡镇及以下	
	报告起数	发病人数	报告起数	发病人数	报告起数	发病人数
托幼机构	2	29	2	8	9	414
小学	0	0	0	0	68	2 363
中学	1	151	3	204	16	659
中专、技校	1	36	0	0	0	0
高校	1	19	0	0	0	0
其他学校	2	55	1	34	0	0
合计	7	290	6	246	93	3 436

2.2.3 致病因素

106起学校食源性疾病暴发事件中查明致病原因的有88起,占83.02%,其中以动植物性中毒为主(50.00%),其次是微生物性中毒(30.19%),农药及化学物引起的食源性疾病暴发事件占2.83%(见表3)。

表3 2010—2015年云南省学校食源性疾病暴发事件致病因素分布

Table 3 Distribution of pathogenic factors of foodborne disease outbreak incidents in school from 2010 to 2015

致病因素	报告起数	占比/%	发病人数	占比/%	死亡人数
动植物性	53	50.00	1 388	34.94	0
微生物性	32	30.19	2 015	50.73	0
化学性	3	2.83	59	1.49	2
不明原因	18	16.98	510	12.84	0
合计	106	100.00	3 972	100.00	2

2.2.4 食源性疾病暴发事件原因

对查明中毒原因的88起学校食源性疾病暴发事件分析显示,误食误用是导致学校食源性疾病暴发事件最主要的原因,共27起,占30.68%;其次是加工不当25起,占28.41%;熟食储存不当16起,占18.18%;生熟交叉污染11起,占12.50%;原料受污染或腐败变质7起,占7.95%;食堂工作人员带菌污染2起,占2.27%。

2.3 发病人次预测

以2010—2014年云南省学校每月食源性疾病暴发事件人次数为原始数据,采用季节趋势模型进行拟合,用2015年云南省学校每月食源性疾病暴发事件人次检验其预测效果,并预测2016年云南省学校每月食源性疾病暴发事件人次。

2.3.1 发病人次数的季节趋势模型

从时间上看,学校食源性疾病暴发事件人次呈逐年上升的趋势,且存在明显的季节性发病特点,高峰为每年3、4、6、9月,适合做季节趋势模型分

析^[8-9](见表4)。拟合月发病人次(y_t)和月份(t)之间的直线回归方程为 $y_t = 9.372 + 0.321t$,回归方程经方差分析结果差异有统计学意义($F = 4.431, P = 0.04$)。以此直线回归方程回代求得2010—2014年各月的估计值。利用以上分析建立的直线回归方程和各月的调整季节指数,建立季节趋势模型: $x_t = (9.372 + 0.321t)s$,其中, x_t 为预测月份的发病人次, t 为预测月份的序号, s 为预测月份对应的调整季节指数。

表4 2010—2014年云南省学校食源性疾病暴发事件发病人次

Table 4 Patients of each case of foodborne disease outbreak incidents in school from 2010 to 2014

年份	每月发病人次											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2010	0	0	14	7	14	17	21	0	25	12	26	24
2011	7	10	26	12	26	26	0	0	28	14	0	0
2012	0	0	36	33	36	39	0	0	42	25	23	10
2013	0	0	56	55	0	48	0	0	44	35	0	27
2014	0	0	57	77	0	54	0	0	81	47	0	16

2.3.2 模型预测值与实际值拟合情况

将2015年云南省学校食源性疾病暴发事件各月的发病人次进行回代,求得各月发病人次数的季节模型预测值,见表5。计算季节趋势模型预测

指标误差,根据公式 $S_e = \sqrt{\sum_{t=1}^n e_t^2/n}$ 计算得,季节趋势模型的预测误差为10.72,模型回代拟合效果理想,预测值和实测值基本重合,见图1。

表5 2015年云南省学校食源性疾病暴发事件发病人次预测值与实测值拟合情况

Table 5 Fitting number predicted and the measured values of foodborne disease outbreak incidents of school in 2015

月份序号	实测值	趋势值	季节指数	季节模型预测值	$e_t = \hat{y}_t - y$	e_t^2
t	y	$\hat{y}_c = a + bt$	s_t	$\hat{y}_t = \hat{y}_c \times s_t$		
61	3	28.95	0.10	2.99	-0.01	0.00
62	0	29.27	0.14	4.22	4.22	17.83
63	41	29.60	1.99	58.93	17.93	321.32
64	46	29.92	1.74	52.12	6.12	37.51
65	41	30.24	0.99	29.97	-11.03	121.67
66	50	30.56	1.88	57.42	7.42	55.09
67	13	30.88	0.36	11.16	-1.84	3.38
68	0	31.20	0.00	0.00	0.00	0.00
69	45	31.52	2.13	67.17	22.17	491.64
70	31	31.84	1.23	39.28	8.28	68.48
71	29	32.16	0.63	20.14	-8.86	78.47
72	12	32.48	0.79	25.60	13.60	185.09

2.3.3 模型回代拟合与外推预测

外推预测显示:2016年云南省学校食源性疾病暴发事件各月的发病人次依次为:3,5,67,59,34,65,13,0,75,44,23,29。2016年学校食源性疾病暴发事件人次继续呈上升趋势,季节性趋势未变,高峰为3、4、6和9月。

3 讨论

本研究表明,2010—2015年云南省学校食源性疾病暴发事件发病人数呈逐年上升趋势,其原因是云南省食源性疾病报告制度逐步得到完善,特别是云南省加强食源性疾病监测网络建设,全省各级疾

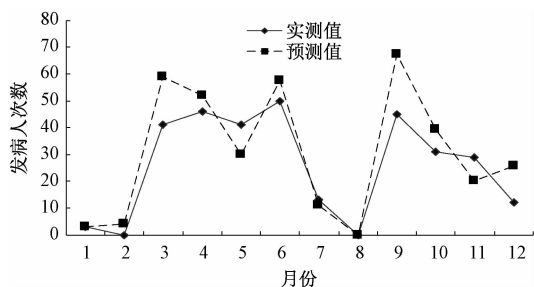


图1 2015年云南省学校食源性疾病暴发事件发病人数预测值与实测值比较

Figure 1 Comparison of the predicted values and measured values of the patients of each case in 2015

控机构均为食源性疾病暴发事件监测点,同时选择哨点医院开展主动监测,哨点医院数从2010年的10家增加至2015年的138家(县级覆盖率100%),各地食源性疾病监测报告率得到明显提高^[10];暴发事件报告起数在2012年出现高峰,云南省在2012年启动农村义务教育学生营养改善工作,初期由于农村义务教育学生营养改善计划工作推进很快,从文件发布到实施时间较短,不少学校没有食堂更谈不上有符合食品卫生安全标准的食堂,绝大部分营养餐只能校外订购,增加了食源性疾病暴发事件发生的危险^[11]。建议各级政府部门继续加大对农村地区学校基本卫生设施的投入,重点改善学校食堂和饮用水设施卫生条件,确保农村学校食堂具备基本的卫生设施,最大程度减少食源性疾病的发生。

食源性疾病暴发事件在大中专、中小学和托幼机构均有发生,但主要发生在生活水平较低、卫生条件较差的农村中、小学校,场所分布与广西相似^[12],表明农村乡(镇)地区中、小学校是云南省食源性疾病暴发事件防制的重点区域。

云南省学校食源性疾病暴发事件致病因素以动植物性为主,主要原因是云南野生动植物丰富,学生误食有毒动植物(蓖麻籽、膏桐籽、桐油果、野生蜂蜜等)或食堂豆浆、四季豆加工不当等造成;其次是微生物性食源性疾病暴发事件,主要致病菌有金黄色葡萄球菌、沙门菌、志贺菌、蜡样芽胞杆菌等,中毒的食品以肉与肉制品、谷与谷制品为主,因此,有毒动植物和微生物是云南省学校食源性疾病暴发事件防制的重点因素。学生误食误用,学校食堂对食物加工处理不当是导致学校食源性疾病暴发事件的主要原因^[13]。因此,学校应针对性地开展食源性疾病(特别是有毒动植物)预防知识的普及教育,同时,建立健全食品安全管理制度,规范从业人员操作,建立健全学校食堂的安全管理制度,做到每个部门有制度,每个员工有职责。

原因不明的学校食源性疾病暴发事件仍占一

定比例(16.98%),说明云南省学校食源性疾病暴发事件的流行病学调查、实验室检测水平还有待进一步提高。另外,学校食物留样和发生食源性疾病暴发事件后及时报告等方面也存在一定问题。例如,2010年发生的一起中毒80多人的学校食源性疾病暴发事件,就因事发后报告不及时,疾控部门介入调查较晚采集不到留样食物、患者的排泄物等生物样本,实验室检测不到病原等因素,被定为一起原因不明的食源性疾病暴发事件。

本研究应用季节趋势模型对云南省学校食源性疾病暴发事件人数进行预测分析,并推导出学校食源性疾病暴发事件季节趋势方程,为预测云南省学校食源性疾病流行趋势提供一定参考,用此模型预测食源性疾病暴发事件趋势在国内尚不多见。分析结果显示,2010—2015年云南省学校食源性疾病暴发事件平均每次发病37人,低于全国水平(60人),但比周边省份(贵州、重庆)发病水平高^[14-16],按目前发展状况估计,2016年云南省学校食源性疾病暴发事件仍将呈上升趋势,应引起有关部门的高度重视。中毒高峰为每年春、秋季开学初(3、4、9月)及气温上升后的6月份,应提前做好学校食源性疾病的防控措施。

参考文献

- [1] 罗海波,何来英,叶伟杰,等. 2004—2013年中国大陆食物中毒情况分析[J]. 中国食品卫生杂志,2015,27(1):45-49.
- [2] 李林富,李亚琴,张清文,等. 2002年湖北省学校食源性疾病的发生状况及对策[J]. 中国食品卫生杂志,2005,17(1):33-35.
- [3] 安丽珍,任坚,龚春华,等. 云南省38起学校食源性疾病暴发事件情况分析[J]. 中国学校卫生杂志,2002,23(3):271.
- [4] 中国预防医学科学院标准处. 食品卫生国家标准汇编[M]. 北京:中国标准出版社,1999:210.
- [5] 国家食品安全风险评估中心. 2010—2015年国家食源性疾病预防工作手册[Z]. 2015.
- [6] 郭海强,刘红波,曲波,等. 全国伤寒、副伤寒发病的季节趋势模型研究[J]. 实用预防医学,2011,18(3):391-393.
- [7] 余加席,姜培安,张雷,等. 趋势季节模型在腹泻症候群监测信息分析中的应用[J]. 中国医院统计,2011,18(1):7-9.
- [8] 黄娟. 趋势季节模型在医院门诊诊疗人数预测中的应用[J]. 中国卫生统计,2009,26(6):660.
- [9] 偷思维,王岩,何兰,等. 应用趋势季节模型在痢疾发病中预测的研究[J]. 医学信息,2013,26(1):101-102.
- [10] 王蓉,王晓雯,李娟娟. 2011年云南省食源性疾病预防情况分析[J]. 昆明医科大学学报,2012,33(5):51-53.
- [11] 孙锐莲. 泸西县2012年学校营养餐食物中毒事件流行病学特征分析及对策[J]. 卫生软科学,2014,28(8):546-548.
- [12] 李永红,蒋玉艳. 2005—2011年广西食物中毒事件流行病学特征分析[J]. 中国食品卫生杂志,2012,24(5):463-467.
- [13] 张荷香,陈江,齐小娟,等. 浙江省2004—2012年学校食物中毒事件分析[J]. 中国学校卫生,2014,35(4):567-568.
- [14] 颜文娟,卫平民,资海荣,等. 中国2004—2013年学校食物中

- 毒事件分析[J]. 中国学校卫生, 2015, 36(3): 455-457.
- [15] 周亚娟, 王娅芳, 朱姝, 等. 2011—2013年贵州省食物中毒情况分析[J]. 职业卫生与病伤, 2015, 30(1): 27-30.
- [16] 张燕, 幸奠国. 重庆市2007—2011年突发公共卫生事件分布特征和处置情况分析[J]. 重庆医学, 2013, 42(11): 1259-1261.

研究报告

台州市食源性单核细胞增生李斯特菌分子特征研究

沈伟伟¹, 裘丹红¹, 盛莹¹, 罗芸²

(1. 台州市疾病预防控制中心, 浙江台州 318000; 2. 浙江省疾病预防控制中心, 浙江杭州 310051)

摘要:目的 了解台州市食品中分离的单核细胞增生李斯特菌的血清型、毒力基因以及基因分型情况, 建立食源性单核细胞增生李斯特菌的分子特征本底信息, 为食源性疾病的防治提供技术支持。方法 对近几年从食品中分离的37株单核细胞增生李斯特菌进行多重PCR血清分型、9种毒力基因(*prfA*、*inlA*、*inlB*、*iap*、*flaA*、*hlyA*、*plcB*、*mpl*和*actA*)PCR检测、PFGE基因分型, 用BioNumerics 6.6软件对分型数据进行聚类分析。结果 37株食源性单核细胞增生李斯特菌的血清型以1/2a或3a型别为主; 所有菌株均检出4种以上毒力基因, 有15株菌携带所有9种毒力基因; 37株菌经*Apa* I酶切PFGE分型后, 共得到22种带型, 每种带型包含1~5株不等, 相似度区间为67%~100%。结论 台州市食源性单核细胞增生李斯特菌存在致病流行风险, 建立的指纹图谱数据库可为食源性疾病的防治提供技术支持。

关键词:单核细胞增生李斯特菌; 毒力基因; 基因分型; 分子特征; 食源性致病菌; 台州

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2016)06-0734-05

DOI: 10.13590/j.cjfh.2016.06.010

Molecular characterization of *Listeria monocytogenes* isolated from food in Taizhou

SHEN Wei-wei, QIU Dan-hong, SHENG Ying, LUO Yun

(Taizhou Center for Disease Control and Prevention, Zhejiang Taizhou 318000, China)

Abstract: Objective To investigate the molecular characteristics of the *L. monocytogenes* isolated from food in Taizhou, establish the background profile, and to provide supports for prevention and control of foodborne diseases. **Methods** Thirty-seven *L. monocytogene* strains isolated from food in recent years were divided into serogroups by a multiplex PCR assay and screened for 9 potential virulence factors including *prfA*, *inlA*, *inlB*, *iap*, *flaA*, *hlyA*, *plcB*, *mpl* and *actA* by single PCR. All strains were genotyped by PFGE results analyzed with BioNumerics 6.6 software. **Results** The serotype 1/2a or 3a was the major serovar of *L. monocytogenes* from food in Taizhou area. More than four types of virulence genes were detected in all strains. Fifteen *L. monocytogene* strains harbored all nine virulence genes. A total of 37 strains were divided into 22 PFGE patterns with *Apa* I digestion. Each pattern included 1-5 strains with similarity ranged from 67% - 100%. **Conclusion** Foodborne *L. monocytogenes* were one of the risk factors of foodborne illness in Taizhou. The established fingerprint databases could provide technical support for the prevention and control of foodborne diseases.

Key words: *Listeria monocytogenes*; virulent genes; genotyping; molecular characterization; foodborne pathogenic bacteria; Taizhou

单核细胞增生李斯特菌(*Listeria monocytogene*)是一种重要的人畜共患病和食源性疾病的条件病原菌,可引起人、畜、禽类的李斯特菌病,感染人可

引起胃肠炎、败血症、脑膜炎、流产等。绝大多数人感染李斯特菌病均由1/2a、1/2b、1/2c和4b型血清型引起^[1]。单核细胞增生李斯特菌菌株的毒力基因主要包括转录调控蛋白基因(*prfA*)、内化素相关基因(*inlA*、*inlB*)、肌动蛋白聚集基因(*actA*)、金属酶蛋白基因(*mpl*)、溶血素基因(*hlyA*)、卵磷脂酶基因(*plcB*)、毒力相关基因(*iap*)、鞭毛蛋白基因(*flaA*)等,这些毒力基因主要参与菌株粘附、侵袭及在细

收稿日期: 2016-09-07

基金项目: 台州市科技资金资助项目(No. 111KY10)

作者简介: 沈伟伟 男 副主任技师 研究方向为病原微生物分子分型 E-mail: sheng08899@126.com