

综述

猪肉及其制品中非伤寒沙门菌定量风险评估研究进展

贾华云^{1,2},董庆利³,赵格⁴,白莉¹

(1. 国家食品安全风险评估中心 国家卫生健康委员会食品安全风险评估重点实验室 中国医学科学院创新单元 2019RU014, 北京 100022; 2. 湖南省疾病预防控制中心 湖南省微生物分子生物学重点实验室, 湖南 长沙 410005; 3. 上海理工大学医疗器械与食品学院, 上海 200093; 4. 中国动物卫生与流行病学中心, 山东 青岛 266032)

摘要:非伤寒沙门菌是全球重要的食源性致病菌之一,主要通过污染的畜禽食品感染人类。本文综述了国外猪肉及其制品中非伤寒沙门菌定量风险评估研究现状,重点解析常用模型,并分析我国猪肉中非伤寒沙门菌定量风险评估目前存在的挑战,以期为进一步开展相关风险评估提供参考依据。

关键词:非伤寒沙门菌;猪肉;风险评估;预测微生物模型;剂量-反应关系

中图分类号:R155 **文献标识码:**R **文章编号:**1004-8456(2020)05-0576-06

DOI:10.13590/j.cjfh.2020.05.020

Quantitative risk assessment of non-typhoidal *Salmonella enterica* in pork productsJIA Huayun^{1,2}, DONG Qingli³, ZHAO Ge⁴, BAI Li¹

(1. National Health Commission of Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment and Chinese Academy of Medical Science Research Unit No. 2019RU014, China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing 100022, China; 2. Key Laboratory of Microbial Molecular Biology of Hunan Province, Hunan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hunan Changsha 410005, China; 3. School of Medical Instrument and Food Engineering, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China; 4. China Animal Health and Epidemiology Center, Shandong Qingdao 266032, China)

Abstract: Non-typhoidal *Salmonella enterica* is one of most important foodborne pathogens in the world. It infects humans through contaminated poultry and livestock meats. Published literature were reviewed to better understand quantitative microbiological risk assessment (QMRA) of non-typhoidal *Salmonella enterica* in pork products, especially the models commonly used. The challenges of QMRA of non-typhoidal *Salmonella enterica* in pork in China were analyzed, which could be the reference for the researches to be conducted in the future.

Key words: Non-typhoidal *Salmonella enterica*; pork; risk assessment; predictive microbial model; dose-response model

非伤寒沙门菌(non-typhoidal *Salmonella enterica*, NTS)是导致食源性疾病的主要因素之一,对公众健康具有重大影响。根据2010年世界卫生组织(WHO)发布的全球食源性疾病负担报告显示,NTS导致的胃肠炎疾病负担约为400万伤残调整寿命年,占由食源性致病菌导致的胃肠炎疾病负担的

22.2%^[1]。在高度工业化地区,如欧盟和美国,NTS在引起人类常见胃肠道感染的致病菌中位居第二,每10万人口中分别约有20.1和18.3例感染病例^[2-3]。在我国,NTS分别是导致我国食源性散发和暴发第一和第二位致病菌^[4];其中,暴发事件调查确认的病原体-食品组合显示,NTS-猪肉组合是导致发病人数和住院人数最多的组合^[4]。目前已有2600多种NTS血清型^[5],但绝大多数感染是由少数血清型导致,其中肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌是全球范围内引起NTS病最常见的血清型^[2,6-7]。近年来,一些新出现的血清型如S.1,4,[5],12:i:-和肯塔基沙门菌等导致的疾病在全球范围内持续增

收稿日期:2020-06-22

基金项目:国家自然科学基金面上项目(31871899)

作者简介:贾华云 男 主管技师 研究方向为食品微生物

E-mail: jiahuayun@126.com

通信作者:白莉 女 研究员 研究方向为微生物风险评估

E-mail: baili@cfsa.net.cn

长,对全球健康造成新的挑战^[7-8]。

研究证实,大多数人类 NTS 病与食品消费有关,98%的疾病是由被 NTS 污染的食品导致,其中最常见的食品为动物性食品,如家禽、鸡蛋和猪肉^[7]。多项风险评估针对 NTS 的主要风险食品优先开展,依次完成了不同食品(蛋、鸡肉等)中 NTS 定量风险评估,世界粮农组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)和世界卫生组织(World Health Organization, WHO)也于 2016 年基于现有科学数据,出版了《控制猪肉和牛肉中非伤寒沙门菌污染的干预措施》^[9]。

我国是全球最大的猪肉生产和消费国,猪肉中 NTS 污染严重,NTS-猪肉组合是导致食源性疾病暴发事件的重要组合,急需开展猪肉中 NTS 定量风险评估工作。本文综述了国外猪肉及其制品中 NTS 定量风险评估研究现状,重点解析常用模型,并分析目前我国猪肉中 NTS 定量风险评估存在的问题和挑战,以期为进一步开展相关风险评估工作提供参考依据。

1 猪肉及其制品中 NTS 定量风险评估研究现状

各个国家根据不同风险管理需求,开展针对本国猪肉及其制品中 NTS 定量风险评估工作。欧盟食品安全局为了评价猪肉从农场到餐桌全链条各个环节降低人群 NTS 发病干预措施的有效性,开展了定量风险评估,获得了欧盟不同国家消费猪肉导致人群感染 NTS 病的风险特征。模型模拟三种主要猪肉消费形式(猪块、肉糜和发酵即食香肠)从农场到餐桌 NTS 的污染情况,并使用剂量-反应关系估计食用后发病的概率。在不同的国家,定量风险评估估计的疾病发生率在十万分之一到千万分之一之间,其中发酵即食香肠具有最高的发病概率。对于每种产品,不同成员国之间的风险相差 100 倍。该研究指出虽因变量缺失存在不确定性,但在家制备和消费猪肉是影响发病最大的因素^[10]。进一步敏感性分析发现,对于肉块,交叉污染因素(刀清洗和沙拉制备)是影响发病重要参数,而对于猪肉糜,案板清洁、沙拉消耗量、冰箱温度和储存时间则是重要参数^[11]。此外,澳大利亚为了评价猪肉汉堡导致人群感染 NTS 的风险,开展的一项在家制备和消费猪肉汉堡的风险评估,发现其导致人群发病风险较低^[12]。越南也开展了猪肉中 NTS 定量风险评估,研究发现降低零售猪肉的污染率和改善家庭卫生是降低人群风险的有效控制措施^[13]。巴西针对烤肉店的新鲜猪肉香肠进行了定量微生物学风险评估,提出足够的烹调时间(约 19 min)是食用新鲜猪

肉香肠的安全保障,而未煮熟的猪肉香肠可能对消费者造成健康风险^[14]。

可见,不同国家根据其消费者不同的消费习惯,进行猪肉中 NTS 定量风险评估,用于评价干预措施的有效性和满足不同的管理需求。

2 猪肉及其制品中 NTS 定量风险评估常见模型

定量风险评估需要基于各方面的数据,但经常缺失微生物在全链条食品生产、加工、储存、运输及消费各个阶段的变化数据。利用预测微生物模型,结合各种环境因素,可以估算食品中最终致病菌数量。结合人群膳食消费量计算人群摄入致病菌的水平,结合致病菌导致疾病的剂量-反应关系,在风险特征描述中即可估计人群食用某种食品受到该致病菌感染的风险及程度,因此,预测微生物模型和剂量-反应关系在猪肉及其制品的 NTS 定量风险评估过程中发挥着重要的作用。

2.1 预测微生物模型

预测微生物模型是以微生物学为理论基础,通过数学模型描述微生物在不同环境条件下(时间、温度、pH 值和水分活度等)的变化规律,即预测微生物在食品整个暴露过程中(加工、运输和贮藏等)的变化,例如微生物的增长、死亡和转移等。根据预测微生物模型在评估中的用途,本文对猪肉及其制品中 NTS 定量风险评估常用的生长模型、失活模型和交叉污染模型进行分析^[15]。

2.1.1 生长模型

如果猪肉及其制品储存温度高于 5 ℃,其中的微生物(包括 NTS)可能会生长^[16]。为了估计猪肉全链条过程中微生物的变化,可利用生长模型的一级模型描述微生物数量随时间的变化规律。Baranyi 模型^[17-18]、修正的 Gompertz 模型^[19-21]和 Logistic 模型^[20]是常用的一级模型,用来描述典型微生物生长的延滞期、指数期和稳定期。

实际工作中,猪肉及其制品中 NTS 的生长会受到温度、水分活度等因素的影响,为此,利用生长模型的二级模型描述温度、pH 值、水分活度、防腐剂等环境变量如何影响一级模型的参数,即对微生物生长特征的影响。Ratkowsky 平方根模型^[17]、多项式模型和 Arrhenius 模型是常用的二级模型,其中 Ratkowsky 平方根模型因使用简单、参数单一,在描述单因素对微生物影响时常被使用^[22]。

随着数据的积累以及计算机和网络技术的发展,基于一级模型和二级模型建立的软件系统(又称为三级模型)越来越多的被开发和使用^[23]。猪肉及其制品中 NTS 生长模型研究报道见表 1。

表1 猪肉及其制品中 NTS 生长模型研究报道

Table 1 Research reports on the growth model of NTS in pork and its products

| 食品 | 微生物种类 | 条件 | 主要模型 | 文献 |
|----------|---------------|---------------|--------------------------------------|------|
| 猪肉糜 | 5种血清型的 NTS | 10~45℃等温和动态温度 | Baranyi 模型, Ratkowsky 平方根模型 | [17] |
| 猪肉、火腿和香肠 | 鼠伤寒沙门菌 | 10~40℃中的7个温度 | Baranyi 模型 | [18] |
| 火腿 | 肠炎沙门菌 | 15~25℃等温 | Gompertz 模型, Baranyi 模型, Logistic 模型 | [20] |
| 鲜猪肉 | 鼠伤寒沙门菌、德尔卑沙门菌 | 9.4~24.1℃ | Ratkowsky 平方根模型 | [22] |
| 即食猪肉 | 鼠伤寒沙门菌 | 10~30℃等温 | Gompertz 模型, Linear 模型 | [21] |
| 猪肉糜和冻肉卷 | 5种血清型的 NTS | 10~35℃等温 | Pathogen Modeling Program (PMP) 模型 | [23] |

2.1.2 失活模型

加热是猪肉及其制品烹饪的主要方式,为了解猪肉烹饪后 NTS 的污染水平,需要利用预测微生物模型对加热过程中 NTS 热失活进行预测。Linear 模型^[24-25]、Weibull 模型^[26]和 Shoulder/Tail 模型是常用的一级模型,Linear 模型因其广泛的适用性,且不需要太多参数值,在 NTS 失活预测中广泛使用^[27],D 值是该模型重要的参数,表示微生物降低 90% 所需的时间。与基于 D 值的 Linear 模型比较,Weibull 模型更加灵活,在环境条件复杂时模型的拟合度更

优。用于微生物失活预测的常用工具是 Microsoft Excel 的一个免费插件,称为 GInaFit (Geeraerd and Van Impe inactivation model fitting tool),包含多种一级失活模型。

随着研究的深入,国际上对 NTS 失活模型的研究除了包括不同加热方式导致的热失活,如微波加热^[28]、巴氏杀菌^[29]、烘烤^[30],还包括非热失活模型研究,如肉制品加工过程中常用的臭氧^[27]、发酵干燥^[26]等方式对 NTS 失活的影响。猪肉及其制品中 NTS 失活模型研究报道见表 2。

表2 猪肉及其制品中 NTS 失活模型研究报道

Table 2 Research reports on the inactivation model of NTS in pork and its products

| 食品 | 微生物种类 | 条件 | 主要模型 | 文献 |
|------|------------|--------|--------------------------------|------|
| 猪肉 | 6种血清型的 NTS | 55~70℃ | Linear 模型 | [24] |
| 猪肉 | 8种血清型的 NTS | 55~65℃ | Linear 模型 | [25] |
| 猪肉汉堡 | 4种血清型的 NTS | 46~64℃ | Generalised Linear Logistic 模型 | [31] |
| 猪瘦肉 | 8种血清型的 NTS | 慢速烘烤 | Log-Linear 模型 | [30] |
| 发酵腊肠 | 鼠伤寒沙门菌 | 发酵和干燥 | Weibull 模型 | [26] |

2.1.3 交叉污染模型

交叉污染是导致食源性疾病暴发密切相关的一个重要因素,也是 NTS 病暴发的主要原因之一。通过实验室模拟构建交叉污染模型计算转移率是描述交叉污染常用的方法。SMID 等^[32]利用贝叶斯模型估计猪肉在厨房切割过程中 NTS 的转移率,从猪肉到刀的平均转移率为 19%,刀到猪肉的转移率为 58%。RAVISHANKAR 等^[33]预测了不同食品处理方案下肉与生菜之间的 NTS 交叉污染转移率,处理完肉的砧板和刀如果没有清洗,转移率达到 45%。MOORE 等^[34]研究发现 NTS 从不锈钢表面到生菜的转移率达到 36%~66%,由此可看出砧板和刀在肉与肉制品加工中都具有较高的微生物转移率。KUSUMANINGRUM 等^[35]对包括 NTS 在内的多种食源性致病菌进行了交叉污染研究,认为不同的微生物、不同的器具表面类型和不同的加工食品具有不同的转移率,交叉污染应该根据加工的具体情况进一步细致的评估。

2.2 剂量-反应关系

剂量-反应关系是定量风险评估步骤中必不可少的内容,用于建立病原体摄入剂量与宿主群体反应之间的数学关系。国际上已对多种病原体的剂

量-反应关系进行了研究,如 NTS、志贺菌、产志贺毒素大肠埃希菌、空肠弯曲菌和单核细胞增生李斯特菌等。致病菌剂量-反应关系最常用的是指数模型或 Beta-Poisson 模型,另外, Gompertz 模型、Log-Logistic 模型、Bayes 模型、Pert 模型也常被使用^[36-39]。目前国外已经对 NTS 剂量-反应关系进行了多项研究,具体见表 3。

剂量-反应关系的建立主要依据人体试食试验和流行病学调查数据。人体试食试验通常仅限于单一或几种血清型 NTS 的试食。而基于暴发数据总结的流行病学调查结果不仅包含多种血清型的 NTS,还能反映携带致病菌的食物载体特征,因此,与人体试食试验比较,流行病学数据代表性更强,能体现微生物作用人群的真实致病性。

3 我国猪肉中 NTS 定量风险评估工作存在的挑战

我国是全球最大的猪肉生产和消费国,2017 年消费量为 5 457 万吨,占全球总消费量的 49.1%,猪肉在居民肉类消费量中的占比已超 75%^[40]。更为严重的是,猪肉中 NTS 污染率较高:2010—2017 年不同研究报告显示,零售猪肉中 NTS 阳性率在 10.0%~73.1% 之间^[41-44],远高于欧盟国家

表3 目前文献和报告中采用的 NTS 剂量-反应关系

Table 3 Dose-response relationship of NTS in literature

| 数据来源 | NTS 血清型 | 模型函数 | 文献来源 |
|-----------|--|-----------------|---------|
| 试食试验 | 肠炎 | Beta-Poisson 模型 | [36-37] |
| 试食试验和暴发调查 | 肠炎 | Bayes 模型 | [38] |
| 暴发调查 | 肠炎、鼠伤寒、纽波特、伊斯特波恩、胥伐成格隆、海德尔堡、古巴、婴儿、那波利、奥拉宁堡 | Beta-Poisson 模型 | [38] |
| 试食试验 | 鸭、巴雷利、德尔卑、纽波特、火鸡、鸡白痢 | Pert 模型 | [39] |

(0%~6%)^[2]。在2013年我国完成的《我国零售鸡肉中沙门氏菌污染对人群健康影响的初步定量风险评估》报告中也提到,生猪肉在我国人群罹患NTS食源性疾病的贡献率较高,甚至有可能高于生鸡肉。暴发归因分析也显示,NTS-猪肉组合是导致食源性疾病暴发事件的重要组合,急需开展猪肉中NTS定量风险评估工作,因此围绕NTS-猪肉组合开展定量风险评估工作,研究潜在的可以降低我国人群通过摄食猪肉罹患NTS食物中毒的干预措施,对评价我国现行的猪肉中NTS限量标准,具有重大的应用意义。但是,与国外研究比较,我国开展猪肉及其制品中NTS定量风险评估仍然存在一些问题和挑战。

3.1 定量污染数据缺失

开展猪肉中NTS定量风险评估需要猪肉中NTS的污染率和浓度,以及不同人群猪肉消费量等基础数据。我国猪肉及其制品中NTS污染情况的研究较多,但监测数据多为定性数据,缺少污染浓度数据。

3.2 预测微生物模型中关键参数缺失

生长模型、失活模型及交叉污染模型中需要大量的相关参数,我国居民食物消费习惯与西方国家存在较大差异,直接借鉴国外的相关模型将增加我国猪肉及其制品中NTS定量风险评估结果的不确定性,因此,并不推荐直接使用文献报道的与我国消费习惯差异较大的基础参数开展评估工作。

其次,我国已有的猪肉消费情况调查仅局限于消费量调查,缺少不同地区猪肉零售方式、储存方式以及烹饪方式和时间等细化的消费行为数据。我国家庭居民生猪肉准备场景认知尚不明确,难以精准评估消费者入口前食源性致病菌的真实暴露水平,因此,亟需建立我国猪肉及其制品从零售到餐桌消费调查,获取影响细菌生长和失活的温度、时间等参数,以及我国家庭生猪肉准备场景下NTS的传递路径并确定生猪肉相关接触面之间NTS的转移率等参数。

3.3 基于我国暴发调查数据建立剂量-反应关系缺失

不同食品中通常携带不同的血清型,肉鸡中主要的污染血清型是肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门

菌,与此不同的是,猪肉中最常见的血清型为鼠伤寒沙门菌和德尔卑沙门菌^[43-44]。目前根据国家食源性疾病监测网数据显示,我国NTS感染病例最主要的血清型为鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌,且随着研究深入,S.1,4,[5],12:i:-(鼠伤寒沙门菌的一个变种)导致的食源性疾病明显增加,在我国某些地区逐渐替代鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌,成为最优势的血清型^[45]。随着血清型的变迁,NTS感染病例的食物载体归因于猪肉的比例可能发生变化。其次,NTS感染概率与血清型密切相关,血清型的变迁影响剂量-反应关系的准确性,因此,有必要根据我国食源性疾病暴发调查数据建立剂量-反应关系。

3.4 新技术在微生物风险评估中的运用

随着猪肉中NTS研究的不断深入,一些研究结果如何在风险评估中应用给研究人员提出了挑战。近年来,全球开始关注食品中微生物的耐药性对人类健康的影响^[46]。我国猪肉中NTS耐药性强^[41,44],如何结合其耐药性对猪肉进行风险评估又是一项新的挑战。其次,随着二代测序成本的持续下降以及NTS全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)数据急剧增加,这些“大数据”在风险评估中具有潜在用途^[47],但WGS在风险评估中的应用在很大程度上尚未开发,利用大量的NTS基因数据评估对人类健康的风险将面临巨大的挑战^[48]。

我国作为全球猪肉消费第一大国,食品安全国家标准中仅规定了预包装熟肉制品和即食生肉制品中不得检出NTS,尚无生猪肉及其制品的致病菌限量标准,更无生产加工过程的控制要求,因此,鉴于我国零售猪肉中NTS污染率较高,存在危害人群健康的风险,亟需系统开展我国猪肉及其制品中NTS的定量风险评估研究,为制定相关限量标准和生产加工过程控制措施提供科学依据。针对上述我国开展猪肉及其制品中NTS定量风险评估存在的困难,有必要加强微生物风险评估模型构建研究,逐步建立适合我国猪肉消费习惯的参数和模型,推动各地区开展猪肉中污染水平监测和消费行为的调查,保障评估数据来源的可靠性和准确性。

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 Med, 2015, 12(12): e1001923.
- [2] EFSA. The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2017 [J]. EFSA Journal, 2019, 17(2):5598.
- [3] TACK D M, MARDER E P, GRIFFIN P M, et al. Preliminary incidence and trends of infections with pathogens transmitted commonly through food-foodborne diseases active surveillance network, 10 U. S. Sites, 2015-2018 [J]. Morb Mortal Wkly Rep, 2019, 68(16): 369-373.
- [4] LIU J K, BAI L, LI W W, et al. Trends of foodborne diseases in China: lessons from laboratory-based surveillance since 2011 [J]. Front Med, 2018, 12(1):48-57.
- [5] WU H Y, XIA X D, CUI Y, et al. Prevalence of extended-spectrum b-lactamase-producing *Salmonella* on retail chicken in six provinces and two national cities in the People's Republic of China[J]. J Food Prot, 2013, 76(12): 2040-2044.
- [6] LE HELLO S, HARROIS D, BOUCHRIF B, et al. Highly drug-resistant *Salmonella enterica* serotype Kentucky ST198-X1: a microbiological study [J]. Lancet Infect Dis, 2013, 13(8): 672-679.
- [7] PIRES S M, VIEIRA A R, HALD T, et al. Source attribution of human salmonellosis: an overview of methods and estimates[J]. Foodborne Pathog Dis, 2014, 11(9): 667-676.
- [8] ELNEKAVE E, HONG S, MATHER A E, et al. *Salmonella enterica* serotype 4, [5], 12: i;- in Swine in the United States midwest: an emerging multidrug-resistant clade[J]. Clin Infect Dis, 2018, 66(6): 877-885.
- [9] World Health Organization & Food and Agriculture Organization of the United Nations. Interventions for the control of nontyphoidal *Salmonella* spp. in beef and pork: meeting report and systematic review[Z]. World Health Organization, 2016.
- [10] VIGRE H, BARFOED K, SWART A N, et al. Characterization of the human risk of salmonellosis related to consumption of pork products in different E. U. countries based on a QMRA[J]. Risk Anal, 2016, 36(3):531-545.
- [11] SWART A N, VAN LEUSDEN F, NAUTA M J. A QMRA model for *Salmonella* in pork products during preparation and consumption[J]. Risk Anal, 2016, 36(3):516-530.
- [12] GURMAN P M, ROSS T, KIERMEIER A. Quantitative microbial risk assessment of salmonellosis from the consumption of Australian pork: minced meat from retail to burgers prepared and consumed at home[J]. Risk Anal, 2018, 38(12):2625-2645.
- [13] DANG-XUAN S, NGUYEN-VIET H, UNGER F, et al. Quantitative risk assessment of human salmonellosis in the smallholder pig value chains in urban of Vietnam [J]. International Journal of Public Health, 2016, 62(Suppl 1): 93-102.
- [14] MUERMANN L, CORBELLINI L G, COLLOR A A, et al. Quantitative risk assessment for human salmonellosis through the consumption of pork sausage in Porto Alegre, Brazil[J]. J Food Prot, 2011, 74(4):553-558.
- [15] MEMBRÉ J M, VALDRAMIDIS V. Modeling in food microbiology[M]. ISTE Press-Elsevier, 2016:1-104.
- [16] HAZARDS E P O B. Scientific opinion on the public health risks related to the maintenance of the cold chain during storage and transport of meat. Part 2 (minced meat from all species) [J]. EFSA Journal, 2014, 12(7):3783.
- [17] VELUGOTI P R, BOHRA L K, JUNEJA V K, et al. Dynamic model for predicting growth of *Salmonella* spp. in ground sterile pork[J]. Food Microbiology, 2011, 28(4): 796-803.
- [18] MANSUR A R, PARK J H, OH D H. Predictive model for growth of *Staphylococcus aureus* on raw pork, ham, and sausage [J]. J Food Prot, 2016, 79(1): 132-137.
- [19] KARACA B, BUZRUL S, TATO V, et al. Modeling and predicting the biofilm formation of different *Salmonella* strains [J]. Journal of Food Safety, 2013, 33(4): 503-508.
- [20] SZCZAWIŃSKA M E, SZCZAWIŃSKI J, ŁOBACZ A. Effect of temperature on the growth kinetics of *Salmonella* Enteritidis in cooked ham[J]. Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy, 2014, 58(1): 47-56.
- [21] MIN K J, YOON K S. Development and validation of a predictive model for foodborne pathogens in ready-to-eat pork as a function of temperature and a mixture of potassium lactate and sodium diacetate[J]. J Food Prot, 2010, 73(9): 1626-1632.
- [22] MOLLER C O, ILG Y, AABO S, et al. Effect of natural microbiota on growth of *Salmonella* spp. in fresh pork—a predictive microbiology approach[J]. Food Microbiol, 2013, 34(2): 284-295.
- [23] INGHAM S C, VANG S, LEVEY B, et al. Predicting behavior of *Staphylococcus aureus*, *Salmonella* serovars, and *Escherichia coli* O157:H7 in pork products during single and repeated temperature abuse periods [J]. Journal of Food Protection, 2009, 72(10): 2114-2124.
- [24] MURPHY R Y, BEARD B L, MARTIN E M, et al. Comparative study of thermal inactivation of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Listeria monocytogenes* in ground pork [J]. Journal of Food Science, 2010, 69(4): FMS97-FMS101.
- [25] JUNEJA V K, EBLEN B S, RANSOM G M. Thermal inactivation of *Salmonella* spp. in chicken broth, beef, pork, turkey, and chicken: determination of D- and Z-values [J]. Journal of Food Science, 2010, 66(1): 146-152.
- [26] COROLLER L, JEUGE S, COUVERT O, et al. Extending the gamma concept to non-thermal inactivation: a dynamic model to predict the fate of *Salmonella* during the dried sausages process [J]. Food Microbiology, 2015, 45(Pt B): 266-275.
- [27] DEVATKAL S K, JAISWAL P, KAUR A, et al. Inactivation of *Bacillus cereus* and *Salmonella enterica* serovar Typhimurium by aqueous ozone: modeling and UV-vis spectroscopic analysis[J]. Ozone Science & Engineering, 2015, 38(2): 124-132.
- [28] KIM S S, SUNG H J, KWAK H S, et al. Effect of power levels on inactivation of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella* Typhimurium, and *Listeria monocytogenes* in tomato paste using 915-megahertz microwave and ohmic heating[J]. Journal of Food Protection, 2016, 79(9): 1616-1622.

- [29] ABIMBOLA A, EDWARD D, SHAHID C, et al. Effects of elevated hydrostatic pressure against mesophilic background microflora and habituated *Salmonella* serovars in orange juice [J]. *Microorganisms*, 2018, 6(1): 23.
- [30] BRESLIN T J, TENORIO-BERNAL M I, MARKS B P, et al. Evaluation of *Salmonella* thermal inactivation model validity for slow cooking of whole-muscle meat roasts in a pilot-scale oven [J]. *Journal of Food Protection*, 2014, 77(11): 1897.
- [31] GURMAN P M, ROSS T, HOLDS G L, et al. Thermal inactivation of *Salmonella* spp. in pork burger patties [J]. *Int J Food Microbiol*, 2016, 219(11): 12-21.
- [32] SMID J, DE JONGE R, HAVELAAR A H, et al. Variability and uncertainty analysis of the cross-contamination ratios of *Salmonella* during pork cutting [J]. *Risk Anal*, 2013, 33(6): 1100-1115.
- [33] RAVISHANKAR S, ZHU L, JARONI D. Assessing the cross contamination and transfer rates of *Salmonella enterica* from chicken to lettuce under different food-handling scenarios [J]. *Food Microbiol*, 2010, 27(6): 791-794.
- [34] MOORE C M, SHELDON B W, JAYKUS L A. Transfer of *Salmonella* and *Campylobacter* from stainless steel to Romaine lettuce [J]. *J Food Prot*, 2003, 66(12): 2231-2236.
- [35] KUSUMANINGRUM H D, RIBOLDI G, HAZELEGER W C, et al. Survival of foodborne pathogens on stainless steel surfaces and cross-contamination to foods [J]. *Int J Food Microbiol*, 2003, 85(3): 227-236.
- [36] Food Safety and Inspection Service (FSIS). *Salmonella enteritidis* risk assessment: shell eggs and egg products [EB/OL]. (2003-06-12) [2019-06-20]. <http://www.fsis.usda.gov/OPHS/risk/index.htm>.
- [37] HUANG L. IPMP 2013-a comprehensive data analysis tool for predictive microbiology [J]. *Int J Food Microbiol*, 2014, 171(11): 100-107.
- [38] FAO/WHO. Risk assessments of *Salmonella* in eggs and broiler chickens [R]. *Microbiological Risk Assessment Series 2*, 2002.
- [39] OSCAR T. Dose-response model for 13 strains of *Salmonella* [J]. *Risk Anal*, 2004, 24(1): 41-49.
- [40] 郭惠武. 中国猪肉消费现状和趋势分析 [J]. *今日养猪业*, 2018, 106(4): 60-67.
- [41] LI R C, LAI J, WANG Y, et al. Prevalence and characterization of *Salmonella* species isolated from pigs, ducks and chickens in Sichuan Province, China [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2013, 163(1): 14-18.
- [42] LI Y C, PAN Z M, KANG X L, et al. Prevalence, characteristics, and antimicrobial resistance patterns of *Salmonella* in retail pork in Jiangsu Province, eastern China [J]. *J Food Prot*, 2014, 77(2): 236-245.
- [43] CAI Y, TAO J, JIAO Y, et al. Phenotypic characteristics and genotypic correlation between *Salmonella* isolates from a slaughterhouse and retail markets in Yangzhou, China [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2016, 222(1): 56-64.
- [44] ZHANG L, FU Y, XIONG Z Y, et al. Highly prevalent multidrug-resistant *Salmonella* from chicken and pork meat at retail markets in Guangdong, China [J]. *Front Microbiol*, 2018, 9: 2104.
- [45] XIE X L, WANG Z Y, ZHANG K, et al. Pig as a reservoir of CRISPR type TST4 *Salmonella enterica* serovar Typhimurium monophasic variant during 2009-2017 in China [J]. *Emerging Microbes and Infections*, 2020, 9(1): 1-4.
- [46] ACAR J, ANGULO F J, CERNIGLIA C, et al. Joint FAO/OIE/WHO Expert Workshop on non-human antimicrobial usage and antimicrobial resistance: scientific assessment [M]. *World Health Organization*, 2003.
- [47] PIELAAT A, BOER M P, WIJNANDS L M, et al. First step in using molecular data for microbial food safety risk assessment; hazard identification of *Escherichia coli* O157:H7 by coupling genomic data with in vitro adherence to human epithelial cells [J]. *Int J Food Microbiol*, 2015, 213(4): 130-138.
- [48] FRANZ E, GRAS L M, DALLMAN T. Significance of whole genome sequencing for surveillance, source attribution and microbial risk assessment of foodborne pathogens [J]. *Current Opinion in Food Science*, 2016, 8(4): 74-79.

· 资讯 ·

欧盟制修订部分食品中多环芳烃的最大残留限量

2020年9月9日,欧盟发布(EU)2020/1255文件,修订传统烟熏肉和烟熏肉制品以及传统烟熏鱼和烟熏渔业产品中的多环芳烃(PAHs)的最大残留限量,并确定用于制备饮料的植物源性食品粉中的多环芳烃的最大残留限量。

其中苯并比(a)最高限量为10 μg/kg,苯并(a)、苯并(a)蒽、苯并(b)荧蒽和的总和的最大限量为50 μg/kg。

(来源食品伙伴网,相关链接:<http://news.foodmate.net/2020/09/571988.html>)