

食源性疾病中病原微生物的检验结果探讨

张伟

湖北省丹江口市疾病预防控制中心

DOI:10.32629/ffcr.v3i8.18409

[摘要] 目的：分析食源性疾病中病原微生物的分布特征及其影响因素，为预防和控制食源性疾病提供科学依据。方法：回顾性分析2023年1月至2024年12月期间200例食源性疾病患者的临床样本，采用细菌培养、PCR技术等方法检测常见食源性致病菌。结果：在200例样本中，共检出病原微生物165例，总检出率为82.50%。沙门氏菌检出率最高，其次为诺如病毒和副溶血性弧菌。其中沙门氏菌的检出率显著高于其他病原体 ($P<0.05$)。不同食品来源中，动物性食品的病原体检出率最高 (占比62.42%)。结论：沙门氏菌是本地区食源性疾病的主要致病菌，需加强从食品生产到消费全过程的监控，并开展有针对性的公共卫生干预措施。

[关键词] 食源性疾病；病原微生物；沙门氏菌；流行病学

中图分类号：R15 文献标识码：A

Study on the Detection Results of Pathogenic Microorganisms in Foodborne Diseases

Wei Zhang

Disease Prevention and Control Center of Danjiangkou City

Abstract: Objective: To analyze the distribution characteristics and influencing factors of pathogenic microorganisms in foodborne diseases, so as to provide scientific basis for the prevention and control of foodborne diseases. Methods: Clinical samples of 200 patients with foodborne diseases from January 2023 to December 2024 were retrospectively analyzed. Bacterial culture and PCR technology were used to detect common foodborne pathogens. Results: Pathogenic microorganisms were detected in 165 of the 200 samples, with a total detection rate of 82.50%. The detection rate of Salmonella was the highest, followed by norovirus and Vibrio parahaemolyticus. The detection rate of Salmonella was significantly higher than that of other pathogens ($P<0.05$). Among different food sources, the pathogen detection rate of animal food was the highest (62.42%). Conclusions: Salmonella is the main pathogen of foodborne diseases in this region. It is necessary to strengthen the monitoring of the whole process from food production to consumption, and carry out targeted public health intervention measures.

Keywords: Foodborne diseases; Pathogenic microorganisms; Salmonella SPP; epidemiology

引言

食源性疾病是全球范围内的公共卫生问题。据世界卫生组织调查，每年有6亿人因摄入受污染食品而患病，导致约42万人死亡^[1]。随着贸易的全球化，食源性疾病的传播链条变得更加复杂。食源性致病微生物种类多，常见的有细菌、病毒、寄生虫等，其中细菌性病原体占多数^[2]。近年随着分子生物学技术发展，全基因组测序等方法开始应用于致病菌研究。这能为防控食源性疾病提供重要线索。由于不同地区的食源性疾病谱有明显差异^[3]，所以了解其食源性疾病的病原微生物分布，对制定防控策略至关重要。本研究通过分析200例食源性疾病患者的检验结果，探讨本地区食源性疾病的病原谱特征。识别高风险食品类别，为减少食源性疾病的发生提供科学依据。

1 对象和方法

1.1 研究对象

采用回顾性分析的方法，收集了本院在2023年1月至2024年12月期间因急性腹泻、呕吐等疑似食源性疾病症状，于本院门诊或急诊就诊，并按要求留取了粪便或血液样本进行病原学检测的所有患者共200例。

1.2 纳入与排除标准

纳入标准：

- (1) 年龄 ≥ 18 周岁；
- (2) 符合上述急性胃肠炎临床诊断标准；
- (3) 有可疑不洁饮食史；
- (4) 临床留存有完整的粪便或呕吐物样本用于病原学检测。

排除标准:

- (1) 2周内明确非食源性感染史者;
- (2) 伴有严重基础疾病者;
- (3) 临床资料不全者。

1.3 研究方法

1.3.1 样本采集处理

遵循标准生物安全规程采集, 样本在患者症状出现后 48 至 72 小时内采集完成。

1. 粪便样本。要求患者留取新鲜自然排出粪便, 取样量不少于 5 克, 优先采集含黏液或脓血部分。呕吐物样本每份不少于 10 毫升。所有样本采集后于冷藏箱暂存, 并在 2 小时内送达实验室处理。预计超过 2 小时的, 使用 Cary-Blair 转运培养基或特定的病毒保存液转运, 以维持病原体活性。

2. 血液样本。若伴有发热或全身性感染的患者, 采集静脉血 5~10 毫升, 分别注入血培养瓶和抗凝管中。血培养瓶直接上机进行培养, 抗凝管离心分离血浆, 用于后续的血清学或分子生物学检测。

到实验室后, 粪便与呕吐物样本先做性状观察与记录, 随后分为多份小样, 一份用于显微镜检查与免疫学快速检测, 一份用于细菌和寄生虫的培养与鉴定, 另一份放入超低温冰箱中长期备份。分子检测的样本要及时提取核酸, 以减少核酸降解风险。

1.3.2 病原微生物检测

1. 细菌检测。我们采用基于生化鉴定和分子生物学技术的综合策略。将处理后的样本分别划线接种在一组选择性培养基上, 其中 SS 琼脂用于分离沙门氏菌和志贺氏菌、TCBS 琼脂用于筛选副溶血性弧菌、Skirrow 琼脂用于分离弯曲菌以及显色培养基如科玛嘉显色琼脂用于初筛大肠埃希氏菌 O157:H7 和金黄色葡萄球菌等。接种后的平板放于恒温培养箱中, 弯曲菌需在微需氧环境下培养, 培养时间为 18~24 小时。生长缓慢的菌株延长至 48 小时。培养后出现的可疑单菌落, 立即进行纯化, 并采用 VITEK 2 COMPACT 全自动微生物鉴定系统进行鉴定。若有沙门氏菌、志贺氏菌及致病性大肠杆菌等病原体, 进一步做血清学分型, 以确定其血清型。为了提升检测的灵敏度, 我们平行使用了分子检测, 从样本中直接提取总核酸。针对各病原体的特异性基因片段 (如沙门氏菌的 *invA* 基因、致病性大肠杆菌的 *stx1/stx2* 基因等) 设计探针, 在实时荧光定量 PCR (Polymerase chain reaction, 聚合酶链式反应) 仪上检测, 与培养方法形成互补。

2. 病毒检测。使用分子扩增技术, 因为绝大多数食源性病毒无法通过细胞培养来分离。我们重点关注的病原体有诺如病毒、甲型肝炎病毒和轮状病毒等。因为诺如病毒是 RNA 病毒, 我们使用兼具 DNA 与 RNA 提取功能的核酸提取试剂盒, 操作中要注意防止 RNA 酶对模板降解。逆转录使用随机引物和 MMLV 逆转录酶, 实时荧光定量 PCR 用可靠的引

物探针组合, 譬如检测诺如病毒 GII 型常用的 COG2F/R 探针和引物组。操作时遵循试剂盒说明书及实验室标准操作程序, 每批次实验均设立阳性对照 (含有目标序列的质粒) 和阴性对照 (无模板水), 若 Ct 值小于 35 且扩增曲线典型判为阳性, 对于灰区结果则进行重复检测确认。

3. 寄生虫检测。采用形态学鉴定。主要针对诸如贾第鞭毛虫、隐孢子虫和阿米巴原虫等常见的食源性寄生虫。对未成形粪便样本首先做生理盐水涂片镜检, 观察活动的滋养体或包裹。对于成形粪便采用碘液染色涂片法, 以更好地显示包裹的内部结构。为提高检出率, 尤其是对虫卵数量较少的样本, 要额外采用饱和硝酸盐溶液浮聚法来浓集。利用虫卵与粪便杂质比重差异, 使虫卵富集于液面表层, 后用载玻片沾取液膜镜检。此法对线虫卵和某些原虫包裹的检出灵敏度显著高于直接涂片法。对疑似隐孢子虫感染病例, 因为其卵囊体积小且抗酸, 我们使用改良抗酸染色。染色后卵囊在光学显微镜下呈现为明亮的玫瑰红色, 背景则呈蓝绿色, 便于识别与鉴定。

1.4 观察指标

- (1) 各种病原微生物的检出率;
- (2) 不同食品来源与病原体类型的关联性。

1.5 统计学方法

使用 SPSS 22.0 软件分析, 使用 t 和 " $\bar{x} \pm s$ " 表示计量资料, 使用卡方和 % 表示计数资料, $P < 0.05$ 为有统计学意义。

2 结果

2.1 病原微生物分布情况

在 200 例食源性疾病样本中, 共检出病原微生物 165 例, 总检出率为 82.50%。沙门氏菌是检出率最高的病原体, 共 59 例, 占全部阳性样本的 35.76%。其次为诺如病毒 (31 例, 18.79%) 和副溶血性弧菌 (20 例, 12.12%)。通过与占比第二的诺如病毒比较发现, 沙门氏菌的检出率显著高于诺如病毒及其他病原体, 占主导地位, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。见表 1。

表 1 食源性疾病病原微生物分布情况 (n=165)

病原微生物种类	检出例数	构成比 (%)	χ^2	P
沙门氏菌	59	35.76	11.978	0.001
诺如病毒	31	18.79		
副溶血性弧菌	20	12.12	-	-
弯曲菌	15	9.09	-	-
志贺氏菌	12	7.27	-	-
金黄色葡萄球菌	10	6.06	-	-
肠出血性大肠埃希氏菌 O157:H7	7	4.24	-	-
单核细胞增生李斯特氏菌	4	2.42	-	-
其他	7	4.24	-	-

2.2 不同食品来源的病原体检出情况

不同食品来源的病原体分布存在明显差异。动物性食品是食源性疾病的主要源头, 占总阳性样本的62.42%。其中禽肉和禽蛋相关样本中沙门氏菌的检出率最高; 水产品中, 副溶血性弧菌为主要病原体。植物性食品中, 诺如病毒是主要病原体。见表2。

表2 不同食品来源的主要病原体分布

食品来源	检测样本数	主要病原体	检出的例数	检出率 (%)
禽肉和禽蛋	57	沙门氏菌	39	68.42
水产品	34	副溶血性弧菌	18	52.94
猪肉及其制品	28	沙门氏菌	15	53.57
蔬菜水果	25	诺如病毒	12	48.00
乳及乳制品	11	金黄色葡萄球菌	5	45.45
其他食品	10	混合病原体	4	40.00

3 讨论

3.1 主要病原体分布特征及可能原因

本研究结果显示, 沙门氏菌是本地区食源性疾病最常见病原体, 占总阳性样本的35.76%, 这与全球及地区的流行病学数据相符^[4]。沙门氏菌在多种食品基质中广泛存在, 尤其是动物源性食品。其高检出率源于多种因素。沙门氏菌在自然界中分布广泛, 可存在于多种动物的肠道内, 通过食物链传播至人类。该菌对环境有较强的适应能力, 能在适宜条件下在食品中大量繁殖^[5]。而不当的食品处理方式, 如加热不彻底, 也会增加感染风险。

诺如病毒的检出率位居第二(18.79%), 这与现代生活方式中即食食品和餐饮服务的普及有关。诺如病毒有高度传染性, 可通过受污染的食品或人与人接触传播。一项食源性疾病暴发的研究发现, 诺如病毒是导致群体性食源性事件的主要病原体之一。而食品加工者卫生不合规是诺如病毒污染食品的重要因素^[6]。

副溶血性弧菌的检出率为12.12%, 主要与水产品有关, 主要是未彻底加热的海鲜。副溶血性弧菌在温暖水温条件下可快速繁殖^[7]。现在生食水产品的消费量增加, 会进一步提高其感染发生率。

3.2 高风险食品类型分析

由数据显示, 动物性食品是食源性疾病的主要载体, 尤其是禽类及其制品^[8]。这与沙门氏菌在家禽养殖场中泛滥有关。鸡是沙门氏菌的主要储存宿主, 这反映了从农场到餐桌的链条中, 都存在监管问题。而水产品是另一个重要的高风险类别, 主要与副溶血性弧菌有关。随着饮食文化多元化, 生食水产品消费逐渐普及, 此类食品较少加热处理, 无法有效杀灭病原微生物^[9]。尤其在夏季, 水温升高促进弧菌繁殖, 进一步增加了发病风险。

植物性食品, 特别是生食的蔬菜水果, 也是食源性疾病

的传播媒介。这些食品可能在加工或销售过程中受到污染。植物性食品通常直接生食, 缺乏加热杀菌步骤。如果清洗不彻底, 残留的病原体就可能导致感染。

3.3 防控建议

1. 加强食品生产环节监控。养殖环节控制沙门氏菌的传播是减少禽类相关感染的关键。包括改善养殖场卫生条件、实施疫苗接种计划并加强饲料管理。研究表明, 农场级干预措施可显著降低食品动物中沙门氏菌的携带率。

2. 提高食品加工和零售环节的卫生标准。要执行生熟分开原则, 防止交叉污染。食品加工场所要建立完善的消毒程序, 尤其是刀具、砧板和其他直接接触食品的器具。

3. 普及食品安全教育。要向消费者和食品从业人员传播食品安全知识。要有安全食品处理习惯, 譬如充分加热食品、生食果蔬的彻底清洗、餐前便后洗手等。特别需要纠正错误的食用观念。要注意有部分细菌毒素耐热, 一般加热无法消除。

4. 发展快速检测技术。新型检测方法的应用对于识别病原微生物有重要意义。近年来纳米抗体免疫分析、CRISPR-Cas技术、便携式多联检测试纸条等方法的出现, 大大提高了检测的灵敏度。可节约大量检测的时间与经济成本。

综上所述, 沙门氏菌是最主要的食源性致病菌, 动物性食品是食源性疾病的主要传播媒介, 我们需要针对高风险食品和主要病原体采取针对性防控措施。

[参考文献]

- [1]张聪, 陈君石院士权威解读新型冠状病毒与食品安全[J]. 食品安全导刊, 2020(13):45-47.
- [2]曹爽. 食源性疾病监测中原微生物检验结果分析[J]. 中国城乡企业卫生, 2025, 40(10):255-257.
- [3]韩海红, 寇柏洋, 马洁, 等. 2018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):822-829.
- [4]张志敏, 余红, 封会茹, 等. 2016—2023年北京市丰台区食源性疾病中沙门氏菌流行特征及耐药分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(7):315-322.
- [5]柏超凡, 洪梦杰, 赵小青, 等. 常见细菌性食源性疾病研究进展[J]. 食品安全导刊, 2024(1):148-150.
- [6]袁依凡, 郑淑晨, 郎杭涛, 等. 一起诺如病毒引起的酒席食源性疾病事件调查[J]. 食品安全导刊, 2025, 19(27):70-74.
- [7]王燕春. 副溶血性弧菌引发食源性疾病的病原学检测及同源性研究[J]. 中国食品工业, 2024(7):107-109.
- [8]劳杰良. 食源性疾病控制与餐饮食品安全管理探讨[J]. 食品安全导刊, 2022(6):13-15.
- [9]马娟. 食源性疾病监测研究现状与管理建议探讨[J]. 中国卫生产业, 2020, 17(18):172-173+176.

作者简介:

张伟(1978.11-), 男, 汉族, 湖北丹江口人, 大专, 副主任技师, 研究方向为微生物(含病毒)。