

DOI: 10.13376/j.cbbls/2015050

文章编号: 1004-0374(2015)03-0383-06



王慧, 中国科学院上海生命科学研究院营养科学研究所研究员、博士生导师、研究组长, 食品安全研究中心主任, 国家食品安全风险评估分中心常务副主任, 中科院食品安全重点实验室(筹)主任, 卫生部食品安全风险评估重点实验室副主任。2006年入选上海市“浦江人才计划”, 2007年入选中国科学院“百人计划”, 2011年获上海市科技系统“三八红旗手”称号, 2011年度国家杰出青年科学基金获得者, 2012年入选上海市优秀学术带头人, 2013年获得中国青年女科学家奖, 2014年获明治生命科学奖优秀奖。现任国务院食品安全委员会专家委员会委员, 第一届食品安全国家标准审评委员会委员、微生物分委员会主任委员, 中国毒理学会第六届理事会理事、毒理学替代法与转化毒理学专业委员会常委, 中国抗癌协会肿瘤病因学专业委员会委员, 国家科学技术奖评审专家, 国家自然科学基金委医学部第十四届专家评审组成员, 国家食品和药品监督管理局保健食品和新药审评专家, 国家卫生和计划生育委员会新食品原料评审专家, 上海市第一届食品安全风险评估专家委员会及地方标准审评委员会委员, 上海市食品安全委员会专家组成员, 上海市环境诱变剂学会专家委员会委员。长期从事肿瘤分子靶点、营养药理学、食品安全的基础和应用研究。在 *Nat Genetics*、*PNAS*、*Oncogene*、*Clin Cancer Res*、*JCEM* 等国际杂志发表 SCI 论文 100 余篇, 近 5 年他引 2 500 余次。申请国内外专利 16 项(其中授权 6 项), 担任国内外多个杂志编委。

食品微生物风险评估概述

唐晓阳^{1,2}, 邱红玲^{1,2}, 巴乾^{1,2}, 储瑞蔼^{1,2}, 王慧^{1,2,3*}

(1 中国科学院上海生命科学研究院营养科学研究所食品安全重点实验室(筹), 上海 200031; 2 国家食品安全风险评估中心卫生部食品安全风险评估重点实验室, 北京 100021; 3 上海科技大学生命科学与技术学院, 上海 200031)

摘要: 食源性致病微生物是世界各国共同面临的公共卫生问题, 食品微生物风险评估是国际上公认的用于制定有效的食品安全限量标准和监管措施的必要手段和科学基础, 总目标是为了避免食品中致病微生物引起的食源性疾病的发生, 保障食品安全。现简要概述微生物风险评估的发展现状, 并阐述目前微生物风险评估领域存在的问题、可能的解决方案及可应用的技术手段, 从而为我国食品微生物风险评估提供理论和技术参考。

关键词: 食品安全; 食源性致病微生物; 风险评估

中图分类号: R155; TS201.6 **文献标志码:** A

A review on the microbial risk assessment in foods

TANG Xiao-Yang^{1,2}, QIU Hong-Ling^{1,2}, BA Qian^{1,2}, CHU Rui-Ai^{1,2}, WANG Hui^{1,2,3*}

收稿日期: 2015-01-26

基金项目: 科技部国家科技支撑计划(2012BAK01B00); 国家自然科学基金青年基金项目(31401611); 国家自然科学基金海外及港澳学者合作研究基金项目(81328022); 上海市科委科技创新行动计划项目(12391901300)

*通信作者: E-mail: huiwang@sibs.ac.cn

(1 Key Laboratory of Food Safety Research, Institute for Nutritional Sciences, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200031, China; 2 Key Laboratory of Food Safety Risk Assessment, Ministry of Health, Beijing 100021, China; 3 School of Life Science and Technology, Shanghai Tech University, Shanghai 200031, China)

Abstract: The food-borne illness is the public health problem all over the world. The microbial risk assessment is internationally recognized as a necessary support to the development of effective measures for supervision and administration of food safety and food safety standard, with the aim to reduce the incident of food-borne illnesses caused by pathogenic microorganisms from foods and to guarantee food safety. The present article gives a brief overview of the research progress for the microbial risk assessment, and to introduce the problem and the related possible solution by applicable technology, hoping to present some references for microbial risk assessment in China.

Key words: food safety; food-borne pathogenic microorganism; risk assessment

食品安全问题是全球各国共同面临的公共卫生问题。据世界卫生组织公布的数据,不安全的食品导致了全球每年两百万人死亡^[1]。随着食品生产、销售和消费方式的变化,新的致病微生物及耐药株不断涌现,这些新的问题给各国的食品安全带来了新的挑战。为此,我国于2009年颁布食品安全法,强调和明确了食品安全风险评估在食品安全保障中的重要性。

食源性致病微生物是引起我国食源性疾病的首要危害因素^[2],而微生物风险评估是我国以及世界各国广泛应用的控制食源性疾病的重要科学手段。近年来,预测微生物学技术、组学技术、二代测序技术的不断发展,为微生物风险评估提供了进一步的有效工具。本文简要综述食品微生物风险评估领域的新进展,并探索新的发展思路。

1 微生物风险评估简介

1.1 定义及重要性

根据国际食品法典委员会的定义^[3-4],食品安全风险评估是指对食品中生物性、化学性和物理性危害对人体健康可能造成的不良影响及其程度进行科学评估的过程,包括危害识别、危害特征描述、暴露评估和风险特征描述4部分。风险评估是食品安全监管的重要科学基础^[5]。微生物风险评估关注食源性致病微生物及其毒素,被应用于制定或修订食品安全标准、制定重点监管食品、发现食品中新的危害等方面,为食源性疾病的控制提供科学依据^[6]。

1.2 微生物风险评估的特点

微生物在食品链中受环境影响呈现生长或衰亡的动态变化,开展微生物风险评估时需要考虑多种因素对微生物的影响,如微生物转变为不可培养状态后仍可能存在感染性,环境压力会对致病微生物

的毒力产生影响,微生物产生的毒素在微生物死后依然存在,微生物的基因组会发生变化,微生物可能通过人或动物再感染人等^[7]。因此,微生物风险评估存在很大难度,需引起更多的重视与关注。

1.3 微生物风险评估的步骤

食品微生物风险评估同样分为危害识别、危害特征描述、暴露评估和风险特征描述四部分。

危害识别指对所关注的致病微生物及其毒素的危害进行明确识别,是风险评估中的关键步骤,要求综合临床研究、流行病学研究与监测、动物实验、微生物生物学特性研究、微生物在食品链中的增殖和衰亡的动力学过程及其传播/扩散潜力等多方面信息,对可能存在于食品中能引起健康危害的致病微生物及其毒素进行定性描述,明确致病微生物及其毒素对人体健康的不利影响^[8]。其中部分信息可通过科学文献、食品工业界数据库、政府机构及国际组织(如世界卫生组织、美国食品药品监督管理局、美国环保署、欧洲食品安全局等权威机构)的技术报告获取。

危害特征描述是指对食品中的致病菌及其毒素所产生的不良健康影响的严重程度和时间进行定性或定量描述,需考虑微生物的致病力、宿主的易感性等因素^[9]。

暴露评估是对不同暴露人群摄入的致病菌水平进行描述,需要在食物生产到消费全过程中致病菌及其毒素水平的变化,并与消费人群的膳食数据结合,评估实际消费的食品中致病菌的暴露水平。

风险特征描述是对前3个方面的结果进行综合分析,描述实际摄入的致病菌及其毒素产生不良健康影响的可能性及程度,以及风险评估过程的不确定性和变异性^[9]。

2 微生物风险评估机构及工具概况

2.1 国内外食品安全风险评估机构

国际上主要的食品安全风险评估机构为国际粮农组织、世界卫生组织、美国农业部、美国食品药品监督管理局、美国环保署、欧洲食品安全局、德国联邦风险研究所等, 这些国际机构发布的食品安全风险评估报告和技术指南等技术资料均在其官网上公布, 可为我国开展微生物风险评估提供借鉴。我国微生物风险评估工作主要由国家食品安全风险评估中心负责开展, 承担“从农田到餐桌”全过程食品安全风险管理的技术支撑。

2.2 微生物风险评估中的常用工具

食品安全管理采用基于风险控制的方法, 促使食品产业采用新的技术方法来确保产品的质量与安全, 而非仅仅依靠终产品检测^[10]。微生物在食品链中的消长变化需应用数理统计和数学建模来进行预测。预测软件是开展风险评估的重要工具, 国内外开展食源性致病菌风险评估研究的常用软件包括: (1) Risk Ranger 软件^[11], 用于开展半定量风险评估; (2) sQMRA 软件^[12-13], 用于快速微生物定量风险评估, 从零售阶段开始, 通过分析致病菌增殖和传播相关的关键因素, 获得该食物-致病菌组合导致的感染和发病人数; (3) @risk 软件^[14-16], 用于开展定量微生物风险评估; (4) iRISK 软件^[17], 用于开展风险分级及比较不同的干预及控制措施对公众健康风险的影响。在开展微生物风险评估时, 需根据研究目的、科学问题、可获取的数据类型选择应用软件, 以便快速、结构化、定量或定性地开展风险评估。

2.3 微生物风险评估的对象

微生物风险评估针对主要的食源性致病菌-食品组合开展, 重点关注的食源性致病菌有副溶血性弧菌、沙门氏菌、单增李斯特菌、空肠弯曲菌、金黄色葡萄球菌等^[18-22], 此外, 致病微生物的耐药基因、纳米材料等新食品材料对微生物耐药性的影响等^[23-24]也应引起重视, 以全面评估食源性致病微生物的危害及其导致的疾病负担^[25]。对于我国的食品微生物风险评估工作而言, 由于中外饮食习惯和烹饪方法存在差异, 食品微生物风险评估工作应结合我国的实际情况, 不能简单照搬国外的食品-微生物组合。

3 微生物风险评估中应用的技术方法

3.1 存在问题

目前国内外开展的微生物风险评估研究存在很

多新的问题, 如现有的微生物预测模型能否很好地反映食品中的微生物在食品生产、储存、运输、销售、消费全过程链中的变化; 是否能满足评估工作的需要; 快速发展的分子生物学技术及数据如何应用到微生物风险评估中。这些问题在开展微生物风险评估工作时需要认真思考和关注。

3.2 预测模型研究

微生物的预测模型是支撑微生物风险评估的重要工具^[18], 主要包括微生物动力学模型及剂量-反应关系模型^[26]。

3.2.1 微生物预测模型

国际上已有许多成熟的微生物学数据库可用于构建微生物预测模型, 如英国食品研究所开发的 Combase 数据库等被用于指导生产实践、产品设计和研究^[10]。然而, 为了能更为精准、更切合实际地预测食品中微生物的动态变化, 预测微生物学模型仍有许多基础和技术问题值得深究。

首先, 应加大对随机模型的研究力度。随机模型研究是目前微生物风险评估中的研究热点之一^[27]。传统的微生物预测模型为确定性模型, 其预测结果为点估计值, 即一个确定的条件对应一个微生物数量值^[28]。因为微生物生长衰亡的动态变化呈现差异性, 所以确定性模型提供的点估计信息不足以满足风险分析的需要^[29], 其在食品安全管理中的应用受到质疑。与确定性模型不同, 随机模型考虑到了影响微生物行为的不同因素的差异性, 其预测结果为概率函数而非点估计值, 从而能更切合实际地描述微生物的动态变化, 提高风险评估的准确性。

应对不同的食源性致病菌(如副溶血性弧菌、单增李斯特菌、大肠杆菌、沙门氏菌等)的生长特性、生物膜形成特性、耐热性、耐酸性等, 在不同环境条件下的变异性开展研究, 从而开发可描述不同菌株以上特性变异性的随机模型, 用于评价现行食品安全标准的有效性, 从而为制定切实有效的食品质量与安全保证措施提供更可靠的技术依据^[30-31]。

其次, 发展 individual-based 模型(individual-based modeling, IBM)。当食品中致病菌的数量较低时, IBM 模型的预测效果优于传统模型(traditional population model, TPM)。TPM 模型不能很好地描述单细胞的生长概率, 可能会高估风险, 因此, 采用 TPM 模型估计风险存在很大的不确定性^[32]。数量在 100 以下的致病菌, 因为单个细胞之间存在异质性, 所以采用概率分布的方法替代确定性模型能更

好地描述这种差异性^[33]。故应加强开发 IBM 模型,更好地评价食品中低浓度食源性致病菌的风险。

除此之外,还需开发更准确的符合复杂食品系统的预测模型。在现有建模过程中,除温度、pH 值、水分活度、保鲜剂等需要考虑外,食品中的背景微生物群落、微生物之间的竞争、食品结构的物化性质等都很少被考虑进来,所以有必要开发更精确的预测模型来预测实际食品中微生物的动态变化。

3.2.2 剂量-反应关系模型

现有的剂量-反应关系模型,很多是基于一株致病性菌株建立的(如致病性副溶血性弧菌的剂量-反应关系模型^[34]),并未考虑不同菌株毒力的差异性。剂量-反应关系模型的应用在开展风险评估和进行风险管理时至关重要。收集剂量-反应关系模型的数据的难度在于:需考虑不同菌株之间的差异性,需收集大量的食源性疾病和食物中毒的数据等。动物模型的局限性、人群的易感性以及菌株的高致病性等使得开发有效的剂量-反应关系模型显得尤为复杂。

我国开展剂量-反应关系模型研究的另一难点在于,目前发表的食物中毒资料中,很少有引起食物中毒的食品中致病菌的定量数据,使流行病学数据和食物中毒难以被应用于剂量-反应关系模型的建立和验证。建议在开展流行病学调查和食物中毒处理时,同时对原因食品中的致病菌进行定量检测,为剂量-反应关系模型的开展提供数据储备和积累。

此外,不同数学模型对于剂量-反应关系数据的拟合度也需要考虑。美国食品药品监督管理局开展了单增李斯特菌的剂量-反应关系模型研究,基于人群监测数据和食品调查数据,建立了能描述单增李斯特菌的菌株毒力差异性,宿主易感性的 lognormal-poisson 模型^[35],并提出新建立的 lognormal-poisson 模型与 beta-Poisson 方程相比,能更好地描述单增李斯特菌的食物中毒数据。由此可见,需要根据新的研究数据来更新现有的剂量-反应关系模型,使其更好地应用于风险评估,更准确地评估风险,降低风险评估的不确定性。

3.3 组学数据在风险评估中的应用

随着新技术的发展,越来越多的新数据产生,包括组学数据、分子流行病学数据等。然而,这些新的数据如何应用于风险评估以提升其科学性,是目前国际上广泛关注的热点问题。

如何用新的组学研究数据替代微生物平板计数,是风险评估研究学者们密切关注的问题。组学

技术可为危害识别提供新的工具用于研究微生物群落的异质性,应用比较基因组学方法比较不同菌株间毒力特性的差异,分析和预测致病微生物的致病性。难点在于,新数据的分析和新方法的使用涉及到多学科交叉,需要更多学科背景的学者共同合作完成。在危害特征描述部分,组学可作为研究宿主-微生物之间相互作用的工具(如免疫系统的应答可通过转录组学分析来进行),为致病微生物及其特定毒力基因的表达提供关键信息,并将有助于剂量-反应关系模型的开发^[25]。组学技术的迅速发展可能对未来微生物的风险评估产生影响,为食品的设计和和生产提供更强大的预测模型。图1展示了组学数据如何结合并应用于食品的设计和和生产过程中。

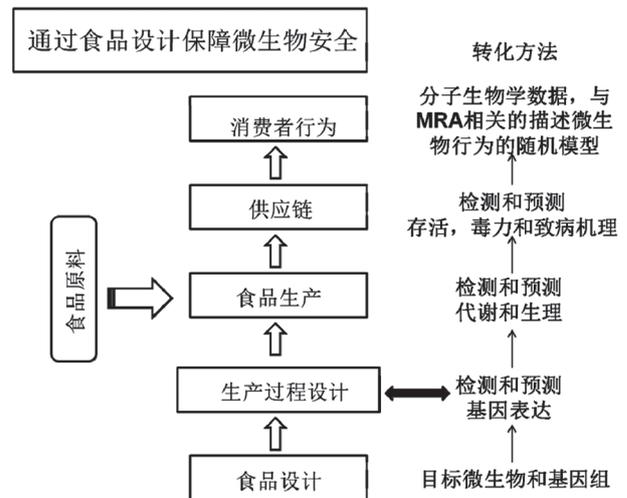


图1 组学数据在食品设计与生产中的应用(及其与微生物风险评估的相关性)^[25]

随着第二代测序技术的发展,致病菌的全基因组测序被越来越广泛地应用于食源性致病菌的研究,全基因组测序不仅可以应用于临床微生物学的研究,同样也可以应用于食品链中污染菌的溯源与跟踪监测、菌种的鉴定、耐药性的测定、毒力因子的测定、疾病爆发监测等方面。然而,以上应用前景需基于大量的数据基础和测序技术的发展以及国内及国际范围内的数据共享^[36-37]。

3.4 微生物引起的食源性疾病负担的估计方法

评估微生物引起的食源性疾病负担需要系统地整合与分析大量的科研信息,如何有效应用已有的科学资料为微生物风险评估提供有价值的支撑是需

要考虑的问题。我国目前开展食源性致病微生物的风险评估一般引用国际上的微生物风险评估报告。然而, 除此之外, 系统文献综述、风险-效益分析、时间序列分析等方法均可作为危害识别、危害特征描述等方面的研究提供新的视角。

系统文献回顾常被用于人类健康研究, 即基于现有相关的科学证据来明确对应科学问题的介绍, 然而系统文献回顾很少用于食品和饲料的风险评估中。2010年, 欧洲食品安全局发布将在食品和饲料的安全性评估中应用系统文献回顾的方法来支持决策的技术指南, 这份指南为食品和饲料安全性评价中需评估的问题、适合应用系统文献回顾方法回答的问题、数据采集、数据陈述、结果分析等提出了建议^[38]。2013年, 系统文献回顾的方法被用于估计我国1964~2010年间单增李斯特菌病的疾病负担^[39]。总之, 在现有科学资料不足的情况下, 系统文献回顾可为不确定性分析提供信息, 为食品安全领域的基础和应用研究服务。

除系统文献回顾之外, 时间序列模型也是可被应用于微生物风险评估的另一新的有力工具, 如应用时间-序列模型预测食源性弯曲杆菌的风险^[40]等, 可作为微生物风险评估中估计疾病负担的另一补充方法, 为食源性疾病的监管和控制提供有效的科学依据。

4 展望

为了更好地控制致病微生物引起的食源性疾病, 未来开展微生物风险评估时, 应充分发挥前沿科学技术的优势, 加强对食源性致病微生物的致病机理、耐药机制的研究; 同时, 使新技术产生的科学数据服务于微生物风险评估, 从更深层次理解食品链中食源性致病微生物的传播、变异等过程, 并以此为依据, 为政府更合理地制定食品安全监管措施及食品安全标准, 为行业提供更清晰明确的食物安全目标、食品生产过程控制, 提供更科学合理的技术支持, 从而更有效地降低食源性疾病, 保障人民的食品安全。

[参 考 文 献]

- [1] WHO. World Health Day 2015: Food safety [EB/OL]. (2015-04-07). <http://www.who.int/campaigns/world-health-day/2015/event/en/>
- [2] Wu Y, Chen Y. Editorial: food safety in China. *J Epidemiol Community Health*, 2013, 67(6): 478-9
- [3] FAO/WHO. Application of risk analysis to food standards issues [C]// Report of a joint FAO/WHO expert consultation, Geneva, Switzerland, 1995
- [4] Commission CA. Principles and guidelines for the conduct of microbial risk assessment. CAC/GL-30, 1999
- [5] 吴永宁. 食品中化学危害暴露组与毒理学测试新技术中国技术路线图. *科学通报*, 2013(26): 2651-6
- [6] Liu S, Xie Z, Zhang W, et al. Risk assessment in Chinese food safety. *Food Control*, 2013, 30(1): 162-7
- [7] The Interagency Microbiological Risk Assessment Guideline Workgroup. Microbial risk assessment guideline: pathogenic organisms with focus on food and water [M]. 2012
- [8] 国家食品安全风险评估中心. 食品安全风险评估工作指南
- [9] 世界卫生组织/联合国粮农组织. 食品安全风险分析-国家食品安全管理机构应用指南. 2008
- [10] Tenenhaus-Aziza F, Ellouze M. Software for predictive microbiology and risk assessment: A description and comparison of tools presented at the ICPMF8 Software Fair. *Food Microbiol*, 2015, 45(Part B): 290-9
- [11] 姬瑞, 曹慧, 徐斐, 等. 即食熟肉制品中主要致病菌的风险排序. *食品科学*, 2014 [Epub ahead of print]
- [12] 朱江辉, 李凤琴. sQMRA在微生物定量风险评估中的应用. *中国食品卫生杂志*, 2011, 23(01): 46-9
- [13] 周少君, 梁辉, 朱海明, 等. 广东省熟肉制品中金黄色葡萄球菌的污染调查及初步风险评价. *中国食品卫生杂志*, 2014, 26(05): 496-500
- [14] 董庆利, 王忻, 姚远, 等. 冷却猪肉中气单胞菌暴露评估的不确定性和变异性. *食品科学*, 2014, 35(15): 21-4
- [15] Yamamoto A, Iwahori Ji, Uddhakul V, et al. Quantitative modeling for risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in bloody clams in southern Thailand. *Int J Food Microbiol*, 2008, 124(1): 70-8
- [16] Iwahori Ji, Yamamoto A, Suzuki H, et al. Quantitative risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in finfish: a model of raw horse mackerel consumption in Japan. *Risk Anal*, 2010, 30(12): 1817-32
- [17] Chen Y, Dennis SB, Hartnett E, et al. FDA-iRISK-A comparative risk assessment system for evaluating and ranking food-hazard pairs: case studies on microbial hazards. *J Food Prot*, 2013, 76(3): 376-85
- [18] 董庆利, 王海梅, Malakar PK, 等. 我国食品微生物定量风险评估的研究进展. *食品科学*, 2014 [Epub ahead of print]
- [19] 高围激, 刘弘, 刘诚, 等. 三疣梭子蟹中副溶血性弧菌定量风险评估探索. *环境与职业医学*, 2011, 28(07): 414-8
- [20] Costa Sobrinho PD, Destro MT, Franco BD, et al. A quantitative risk assessment model for *Vibrio parahaemolyticus* in raw oysters in Sao Paulo State, Brazil. *Int J Food Microbiol*, 2014, 180: 69-77
- [21] Abdullah Sani N, Ariyawansa S, Babji AS, et al. The risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in cooked black tiger shrimps (*Penaeus monodon*) in Malaysia. *Food Control*, 2013, 31(2): 546-52
- [22] Wang J, Guo YC, Li N. Prevalence and risk assessment of *Campylobacter jejuni* in chicken in China. *Biomed Environ Sci*, 2013, 26(4): 243-8

- [23] 刘颖, 陈春英. 纳米材料的安全性研究及其评价. 科学通报, 2011, 56(02): 119-25
- [24] Qiu Z, Yu Y, Chen Z, et al. Nanoalumina promotes the horizontal transfer of multiresistance genes mediated by plasmids across genera. Proc Natl Acad Sci USA, 2012, 109(13): 4944-9
- [25] Brul S, Bassett J, Cook P, et al. 'Omics' technologies in quantitative microbial risk assessment. Trends Food Sci Technol, 2012, 27(1): 12-24
- [26] Havelaar AH, Evers EG, Nauta MJ. Challenges of quantitative microbial risk assessment at EU level. Trends Food Sci Technol, 2008, 19: S26-33
- [27] Van Impe JF, Vercammen D, Van Derlinden E. Toward a next generation of predictive models: a systems biology primer. Food Control, 2013, 29(2): 336-42
- [28] Guevara L, Martinez A, Fernandez PS, et al. Comparison of probabilistic and deterministic predictions of time to growth of *Listeria monocytogenes* as affected by pH and temperature in food. Foodborne Pathog Dis, 2011, 8(1): 141-8
- [29] Lianou A, Koutsoumanis KP. A stochastic approach for integrating strain variability in modeling *Salmonella enterica* growth as a function of pH and water activity. Int J Food Microbiol, 2011, 149(3): 254-61
- [30] Mejlholm O, Bøknæs N, Dalgaard P. Development and validation of a stochastic model for potential growth of *Listeria monocytogenes* in naturally contaminated lightly preserved seafood. Food Microbiol, 2015, 45(Part B): 276-89
- [31] USDA. Interagency risk assessment: *Listeria monocytogenes* in retail delicatessens. 2013
- [32] Augustin JC, Ferrier R, Hezard B, et al. Comparison of individual-based modeling and population approaches for prediction of foodborne pathogens growth. Food Microbiol, 2015, 45, Part B(0): 205-15
- [33] Aspridou Z, Koutsoumanis KP. Individual cell heterogeneity as variability source in population dynamics of microbial inactivation. Food Microbiol, 2015, 45, (Part B): 216-21
- [34] FAO/WHO. Risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in seafood: interpretative summary and technical report. Microbiology Risk Assessment Series no. 16. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy, and World Health Organization, Geneva, Switzerland., 2011
- [35] Pouillot R, Hoelzer K, Chen Y, et al. *Listeria monocytogenes* dose response revisited - incorporating adjustments for variability in strain virulence and host susceptibility. Risk Anal, 2014 [Epub ahead of print]
- [36] Franz E, Delaquis P, Morabito S, et al. Exploiting the explosion of information associated with whole genome sequencing to tackle Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in global food production systems. Int J Food Microbiol, 2014, 187: 57-72
- [37] Didelot X, Bowden R, Wilson DJ, et al. Transforming clinical microbiology with bacterial genome sequencing. Nat Rev Genet, 2012, 13(9): 601-12
- [38] European Food Safety Authority. Application of systematic review methodology to food and feed safety assessments to support decision making. EFSA J, 2010, 8(6): 1637 [90 pp.]
- [39] Feng Y, Wu S, Varma JK, et al. Systematic review of human listeriosis in China, 1964-2010. Trop Med Int Health, 2013, 18(10): 1248-56
- [40] Al-Sakkaf A, Jones G. Comparison of time series models for predicting campylobacteriosis risk in New Zealand. Zoonoses Public Health, 2014, 61(3): 167-74