

# 基于层次贝叶斯法的沙门氏菌食品污染率统计分析

吴宪<sup>1</sup>, 杨永恒<sup>2</sup>, 包永明<sup>1,2\*</sup>

(1. 大连理工大学生物工程学院, 辽宁大连 116024) (2. 大连理工大学海洋科学与技术学院, 辽宁盘锦 124221)

**摘要:** 为系统性研究我国大陆范围内食品中沙门氏菌污染状况, 基于贝叶斯估计方法, 利用文献挖掘 (Literature mining) 所得的数据, 建立层次贝叶斯模型 (Hierarchical Bayesian model), 对我国市售食品中沙门氏菌污染率进行可靠统计。结果表明, 我国大陆地区市售食品的沙门氏菌平均污染率, 2004~2018 年为 5.91% (95% 置信区间为 4.69%~7.27%), 在 2.02%~8.29% 范围内波动; 市售食品中污染率最高的是肉与肉制品, 污染率为 8.45%; 黑龙江省、上海市和四川省是食品沙门氏菌污染严重地区, 食品污染率分别为 12.05%、11.53% 和 10.68%; 肠道沙门氏菌亚群 I, 以及既可感染人又可感染动物的沙门氏菌种群是主要的病原菌类型; 肠炎沙门氏菌 (*Salmonella enteritidis*)、德尔卑沙门氏菌 (*Salmonella derby*) 和鼠伤寒沙门氏菌 (*Salmonella typhimurium*) 是主要的食品污染菌种类型, 食品污染率分别为 22.10%、15.23% 和 12.54%。因此, 卫生和市场监管部门应加强肉与肉制品的监管, 注重因地制宜, 针对主要病原菌类型和优势菌种制定防范策略, 以保障食品卫生安全。

**关键词:** 层次贝叶斯; 沙门氏菌; 文献挖掘; 污染率; WinBUGS

文章编号: 1673-9078(2021)09-325-332

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2021.9.1204

## *Salmonella* Contamination Rate in Food based on A Hierarchical Bayesian Model

WU Xian<sup>1</sup>, YANG Yong-heng<sup>2</sup>, BAO Yong-ming<sup>1,2\*</sup>

(1. School of Bioengineering, Dalian University of Technology, Dalian 116024, China)

(2. School of Ocean Science and Technology, Dalian University of Technology, Panjin 124221, China)

**Abstract:** To systematically investigate the prevalence of *Salmonella* in food in mainland China, a hierarchical Bayesian model based on data obtained from literature mining was established to reliably estimate the *Salmonella* contamination rate of commercially available food. The average *Salmonella* contamination rate of the examined food was 5.91% in 2004~2018 (95% confidence interval, 4.69%~7.27%). The contamination rate fluctuated from 2.02% to 8.29%. The highest contamination rate of 8.45% was found in raw meat and meat products. In Sichuan province, Shanghai city, and Heilongjiang province, food contamination by *Salmonella* was high (12.05%, 11.53%, and 10.68%, respectively). The main pathogenic types were *S. enterica* serotype 1 and *Salmonella* infecting animals and humans. The main species of contaminating *Salmonella* were *S. enteritidis*, *S. derby*, and *S. typhimurium*, with contamination rates of 22.10%, 15.23%, and 12.54%, respectively. Health and market regulators should strengthen the monitoring of meat and meat products according to local conditions and formulate preventive strategies for the main pathogenic types and dominant species of *Salmonella* to ensure food hygiene and safety.

**Key words:** hierarchical Bayesian; *Salmonella*; literature mining; contamination rate; WinBUGS

引文格式:

吴宪, 杨永恒, 包永明. 基于层次贝叶斯法的沙门氏菌食品污染率统计分析[J]. 现代食品科技, 2021, 37(9): 325-332

WU Xian, YANG Yong-heng, BAO Yong-ming. *Salmonella* contamination rate in food based on a hierarchical bayesian model [J]. Modern Food Science and Technology, 2021, 37(9): 325-332

沙门氏菌 (*Salmonella*) 是一种重要的食源性致

收稿日期: 2020-12-26

作者简介: 吴宪 (1996-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 生物统计, E-mail: mixian\_nice@163.com; 共同第一作者: 杨永恒 (1983-), 男, 博士, 讲师, 研究方向: 食品质量与安全, E-mail: y-yongheng@dlut.edu.cn

通讯作者: 包永明 (1963-), 男, 博士, 教授, 研究方向: 功能食品, 生物催化转化, 食品微生物, E-mail: biosci@dlut.edu.cn

病菌, 由它引起的食物中毒人数已居我国食源性致病菌致病人数首位<sup>[1]</sup>。食用沙门氏菌污染的食品是人畜感染的主要原因, 因此对食品中沙门氏菌污染状况的研究有重要的公共卫生意义。我国大陆范围内, 有关食品中沙门氏菌污染状况尚未进行系统性研究, 食品污染数据的采集和利用成为难题。导致这种现象的原因, 一方面是监测能力的客观限制, 我国食源性疾

病监管机构也仅能报告所有食源性疾病的一小部分，故无法从整体上真正了解到我国国内关于沙门氏菌的污染情况。另一方面，沙门氏菌食品污染的相关报告主要来自特定地区和特定市场的研究报告，因为不同研究的抽样规模、抽样时间和抽样地点的不同，这些研究结果有一定的局限性。如甘肃省的一项研究，报告了酒泉市 2018 年市售冷冻羊肉中沙门氏菌污染状况，273 份样本中分离出 85 株沙门氏菌菌株<sup>[2]</sup>；而在河南省报告了 508 份市售食品样品中检出沙门氏菌 39 株<sup>[3]</sup>。可见，经典频率学派的统计方法，受样本量和抽样误差的影响，不能很好的反映全国的食品污染率及影响因素。因而全面了解食品中沙门氏菌污染状况和提出更为精准的污染情况估计方法，成为亟待解决的问题。

近年来，贝叶斯统计被广泛应用在临床、食品、经济等各领域。与频率统计方法不同，贝叶斯统计方法不仅综合了总体信息和样本信息，还可利用从前人的研究中获得先验信息进行统计推断。贝叶斯方法不依赖传统的大样本理论，在小样本情况下仍能兼顾估计精度<sup>[4]</sup>。贝叶斯方法中的层次贝叶斯模型的提出，更能有效解决不同实验室下测量的数据结果而导致的系统误差问题<sup>[5]</sup>。在计算没有显性表达式的贝叶斯后验分布时，MCMC (Markov Chain Monte Carlo) 发挥了重要作用<sup>[6]</sup>。MCMC 是指蒙特卡罗方法通过马尔科夫链的条件概率做 Gibbs 抽样，当抽样次数  $n \rightarrow \infty$  时，马尔科夫链趋于收敛。本文拟采用文献综述法提取不同地区报告的监测数据，提出使用层次贝叶斯模型，用以 Gibbs 抽样为基础的 MCMC 算法计算后验分布，从而得出污染率的估计值。

## 1 材料与方法

### 1.1 文献检索和选择标准

本研究在三个中文数据库中国知网、万方、维普中全面获得中国大陆沙门氏菌污染市售食品的研究数据。检索关键词为“沙门氏菌”、“食品”、“监测”、“污染”。检索年限为 2004 年 1 月至 2020 年 4 月，共检索文献 10084 篇。

本文全文筛选后得到的有效文献需要满足以下几点要求：

- (1) 文献中必须包含年份、省份、菌种类型或食品种类中任一类别数据；
- (2) 文献作者从中国市场直接或间接采样检测，并告知样品总数及样品中沙门氏菌污染数量。若任何样品中均未检测到污染，则污染数记录为 0；
- (3) 文献作者的研究是原始研究，而非对相同实验数据做二次统计研究；
- (4) 考虑到文献题录数据更新延迟，只选取文献在 2004 年至 2018 年的检测结果纳入数据。

从每一篇有效文献中，提取了以下信息加入数据集：

- (1) 抽样年份、地点和食品种类；
- (2) 沙门氏菌的分类学信息；
- (3) 食品总数和检测到食品中沙门氏菌阳性结果数。

其中，当一篇文献资料中可提取两个或两个以上省份或年份采集样本时，则每个省份或年份的数据被独立提取<sup>[7]</sup>。在下文中，我们将沙门氏菌污染市售食品的污染率称为沙门氏菌食品污染率。

### 1.2 模型描述

#### 1.2.1 模型结构

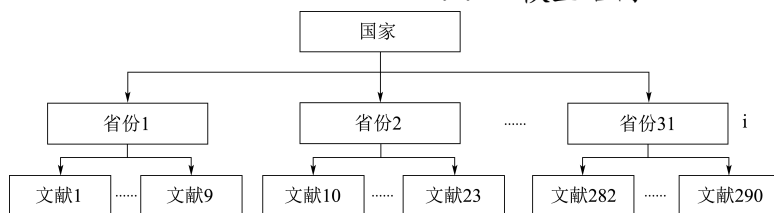


图 1 二维三层模型构建示意图

Fig.1 Schematic diagram showing the construction of the two-dimensional and three-layer

本文所有模型均采用图 1 所示的二维三层结构构建。由于每一篇文献来自不同的实验室，所以假设诸  $p_{ij}$  相互独立，且服从共同的分布这样的多层先验假设更为合理<sup>[8]</sup>。

#### 1.2.2 模型建立

对于不同省份，本文建立层次贝叶斯模型，在这个模型中， $p_{ij}$  表示沙门氏菌在第  $i$  个省第  $j$  篇文献中的

食品污染率， $n_{ij}$  是第  $j$  篇文献的样本量，模型建立如下：

$$r_{ij} \sim \text{Binomial}(p_{ij}, n_{ij}), \quad b_{ij} \sim N(\mu, \tau) \quad (1)$$

$$\log it p_{ij} = b_{ij} \quad (2)$$

$$R = \frac{e^{\mu}}{1 + e^{\mu}} \cdot \log(N) \quad (3)$$

$$R_i = \frac{\sum_{j=1}^{column} p_{ij}}{n_i} \quad (4)$$

其中  $\tau = \sigma^2$ , R 代表全国总体的沙门氏菌食品污染率,  $R_i$  代表第 i 个省份的沙门氏菌食品污染率。假设  $\sigma \sim U(0,10)$ , 并为总体平均污染率指定一个标准的非信息先验值  $\mu \sim N(0, 1.00E^{-6})$ 。

本文的研究模型均采用与上述省份模型相似的模型来估计沙门氏菌食品污染率。对于年份, 用时间总体代替国家总体, 不同年份代替不同省份。对于食品类型, 沙门氏菌可污染各类食品, 本研究主要选取肉制品、水产品、豆制品、蛋类、蔬菜和米面制品为主要研究对象, 其余类别合并成一组。这是因为在现有的沙门氏菌污染报道、发病报道和本文采集的数据集中, 这六类食品出现的频率最高, 造成影响最为严重<sup>[9]</sup>。在最新的分类体系中, 根据 DNA 同源性分类, 沙门氏菌由六个亚群组成<sup>[10]</sup>。此外, 根据病原学, 可将沙门氏菌分为仅感染人、感染人和动物和仅感染动物三大类别<sup>[11]</sup>。本文采取最新的分类方式, 并且对于亚群 I 给出病原学分类的统计结果。

## 2 结果与讨论

### 2.1 文献检索及筛选结果

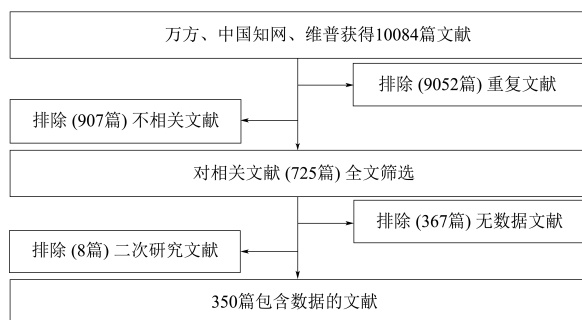


图2 文献挖掘流程及结果

Fig.2 Overview of literature mining process and results

依据文献标题、文献收录期刊名和文献作者是否相同, 对 10084 篇文章去重处理。本文使用 EndNote X9 导入文献题录, 剔除 9052 篇重复的文献后, 剩余 1032 篇文章。根据摘要和关键词判定剩余文献中与本文毫无相关的 307 篇文章, 同样将它们剔除, 再对剔除后的剩余文献做全文筛选。

根据本文有效文献标准, 剔除了 8 篇二次研究文献、367 篇无数据可采集的文献, 筛选出研究沙门氏

菌污染食品的污染率估计的 350 篇有效文献, 具体情况如图 2 所示。

### 2.2 模型建立及敛散性分析

在使用 Gibbs 抽样方法时, 需要确定马氏链的收敛性, 以保证模型的准确性分析。目前, 对马氏链的收敛性, 没有全能的统一方法, 实际应用中, 常通过图形或数量的方法做出判断。图形方法包括样本路径图和遍历均值图, 数量方法包括 MC 误差法和 Gelman-Rubin 法<sup>[8]</sup>。

由于 Gibbs 抽样不是从平稳分布开始, 为避免对后验参数分布产生影响<sup>[12]</sup>, 本文采用前 1000 次迭代为“退火”(burn-in), 从 1001 次开始进行了 10000 次迭代。模型建立及分析使用的软件是 WinBUGS 1.4.3。

#### 2.2.1 样本路径图

样本路径如图 3 所示, 参数  $\mu$  和  $\sigma$  的后验样本的样本路径图在近似平行线区域内随机波动, 这就表明马氏链是收敛的, 在其他参数中也可以得到同样的结果<sup>[13]</sup>。

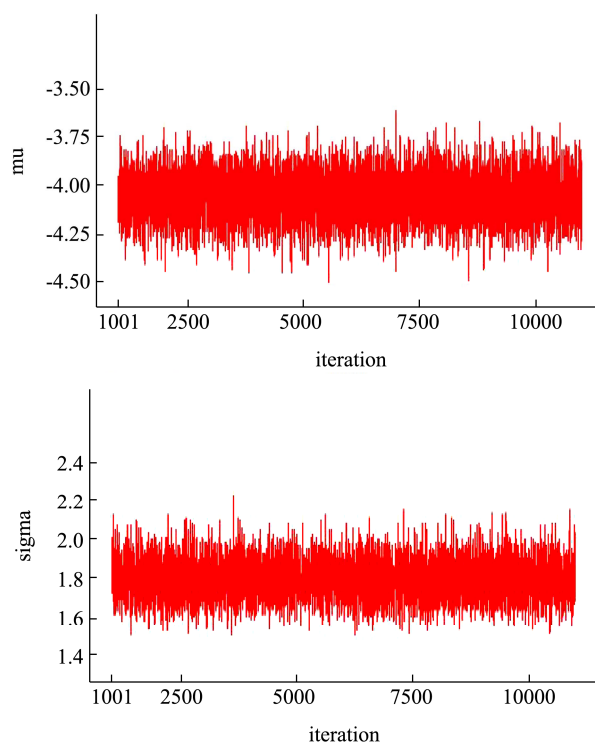


图3 样本路径图

Fig.3 The Sample-path

#### 2.2.2 参数误差

表1  $\mu$ 和 $\sigma$ 的估计结果及参数误差

Table 1 Estimation results and parameter errors of  $\mu$  and  $\sigma$  value

变量	均值	95%置信区间	SD	MC error	MC error<5% SD
$\mu$	-4.25	-4.45~4.06	9.78E-02	1.30E-03	TRUE
$\sigma$	1.60	1.45~1.77	8.11E-02	1.30E-03	TRUE

表2 沙门氏菌在每个省份的食品污染率

Table 2 Food contamination rates of *Salmonella* in each province

省份	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD/%	MC error	MC error<5% SD
安徽省	7.72	6.01~9.47	9	0.89	9.00E-05	TRUE
北京	3.93	2.94~5.24	14	0.59	6.20E-05	TRUE
福建省	3.45	2.33~4.82	7	0.65	6.04E-05	TRUE
甘肃省	1.37	1.10~1.68	12	0.15	1.41E-05	TRUE
广东省	5.44	4.71~6.20	22	0.38	4.30E-05	TRUE
贵州省	7.58	5.57~9.73	8	1.06	1.13E-04	TRUE
海南省	2.62	0.84~5.42	2	1.20	1.27E-04	TRUE
河北省	4.26	3.35~5.32	11	0.50	4.51E-05	TRUE
河南省	6.83	5.94~7.86	23	0.49	4.81E-05	TRUE
黑龙江省	10.68	7.22~14.07	7	1.77	1.53E-04	TRUE
湖北省	3.04	1.67~5.26	5	0.94	9.84E-05	TRUE
湖南省	2.64	1.93~3.46	8	0.39	4.56E-05	TRUE
吉林省	1.08	0.71~1.61	8	0.23	2.34E-05	TRUE
江苏省	5.19	4.70~5.70	28	0.26	2.42E-05	TRUE
江西省	2.25	1.97~2.59	5	0.16	1.60E-05	TRUE
辽宁省	2.76	1.99~3.63	11	0.41	4.01E-05	TRUE
青海省	0.85	0.25~1.86	2	0.43	4.16E-05	TRUE
山东省	5.04	3.94~6.45	12	0.64	6.44E-05	TRUE
山西省	5.67	4.00~7.56	4	0.91	8.93E-05	TRUE
陕西省	8.60	7.72~9.56	10	0.47	4.74E-05	TRUE
上海	11.53	10.32~12.76	5	0.62	6.28E-05	TRUE
四川省	12.05	10.37~13.69	11	0.86	8.54E-05	TRUE
云南省	3.51	2.91~4.18	12	0.32	3.26E-05	TRUE
浙江省	6.11	4.99~7.32	8	0.59	6.18E-05	TRUE
广西壮族自治区	3.95	3.61~4.34	20	0.19	1.87E-05	TRUE
内蒙古自治区	4.65	4.04~5.28	14	0.32	3.18E-05	TRUE
宁夏回族自治区	1.70	1.18~2.34	3	0.29	3.21E-05	TRUE
新疆维吾尔自治区	4.33	3.57~5.18	9	0.41	3.90E-05	TRUE

表1显示贝叶斯估计值和估计偏差,可以看到 $\mu$ 和 $\sigma$ 的MC误差小于5%SD,这说明模型拟合效果较好,参数的估计值是正确的,在其他参数中也可以得到同样的结果<sup>[14]</sup>。

### 2.2.3 后验核密度

通常核密度估计可用于参数后验分布形状的可视化,本文得到的参数的后验核密度如图4所示,可以看出 $\mu$ 和 $\sigma$ 的核密度曲线为单峰值、平滑且都相对峰值对称,这同样说明参数的估计结果较为精准<sup>[15]</sup>,在其他参数中也可以得到同样的结果。

综上,判断本文所建立的模型可行,参数估计结果也较为精准。

## 2.3 统计结果

### 2.3.1 食品沙门氏菌污染率地理分布分析

现有研究中,我国大陆沙门氏菌食品污染率范围是1.82%~74.60%,数值不一<sup>[16]</sup>。本文建立模型对我国沙门氏菌食品污染率做出统计,为5.91%±0.66%(95%的置信区间为4.69%~7.27%)。中国大陆31个省级行政区域中,排除重庆、西藏自治区以及天津样本量为1的省市,沙门氏菌的食品污染率在1.18%~14.07%之间。四川省、上海和黑龙江省食品污染率排在前三位,食品污染率分别为12.05%、11.53%和10.68%,见表2。

若把食品污染率划分为0~2%、2%~4%、4%~6%、6%~8%和8%以上这五个级别,我国大陆污染情况为:黑龙江省、上海、广东省、贵州省、四川省和陕西省等地区以及我国华东北地区,食品污染率普遍可达

到三等级及以上, 食品污染程度普遍较重。其他区域食品污染程度普遍较轻, 均未达到三等级。

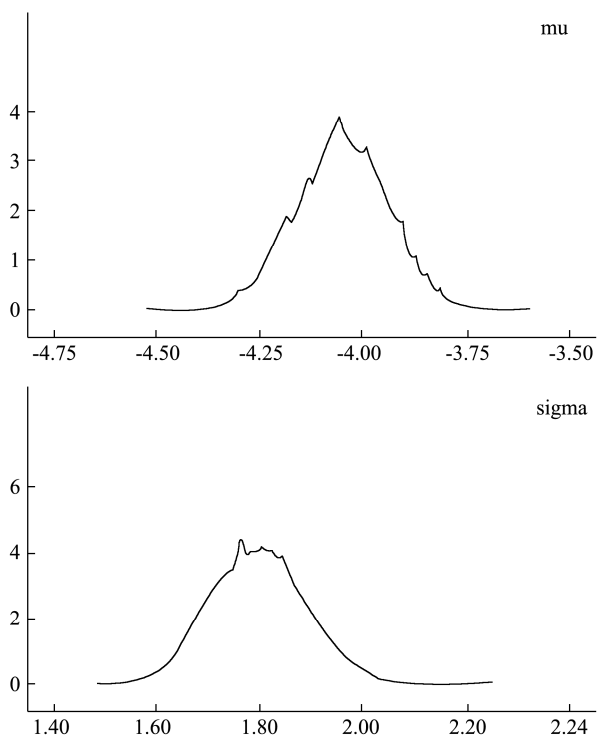


图4 参数后验分布的核密度估计

Fig.4 The kernel density estimator of the parameter posterior distribution

### 2.3.2 食品沙门氏菌污染率趋势分析

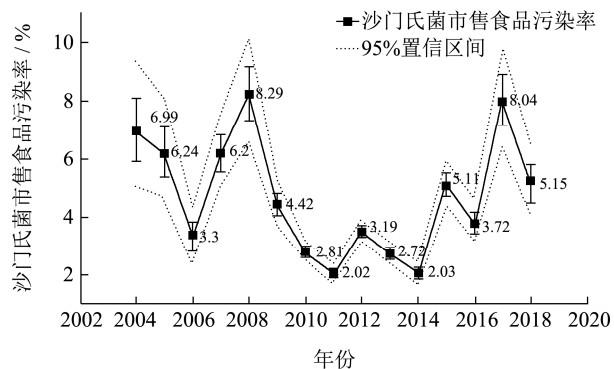


图5 沙门氏菌食品污染率的时间趋势图

Fig.5 Time trends in food contamination rates of *Salmonella*

2004~2018年, 我国每年沙门氏菌对市售食品的污染率在2.02%~8.29%范围内波动, 且没有明显的上升下降趋势, 见图5。虽然在过去的15年间社会经济和食品科技得到了长足的发展, 公众和国家对于沙门氏菌与食品安全的相关事件愈发关注, 但是15年来中国大陆的沙门氏菌污染率依然维持在一个较高的水平, 并未出现下滑趋势, 一些年份甚至接近了9%, 这说明对沙门氏菌的相关预防并没有产生较大作用。

### 2.3.3 不同食品种类沙门氏菌污染率

如表3所示, 不同种类的食品中沙门氏菌食品污

染率不同, 在0.58%~8.45%之间。其中, 肉与肉制品的污染率为8.45%, 其次是水产品的污染率为3.23%和蔬菜与食用菌的污染率为2.51%。肉与肉制品的污染率显著高于其他各类产品, 这与国内其他学者的相关研究相一致<sup>[17]</sup>, 但肉制品的污染率与现有文献粗略估计的20%结果有较大偏差<sup>[18]</sup>, 这是因为现有文献是在特定一次或几次实验观察到的污染率的均值。肉制品污染率较高的主要原因有以下三点: 首先肉制品中含较多脂肪和蛋白质, 且水分含量较高, 为微生物生长提供有利条件<sup>[19]</sup>。其次我国畜禽屠宰法规、标准体系的不完善<sup>[20]</sup>。第三, 肉类在加工过程中极易造成微生物污染等, 如操作不当、作业不规范、加工环境中生熟不分, 导致本被杀灭的沙门氏菌重新污染肉制品<sup>[21]</sup>。有研究表明, 沙门氏菌引起的食物中毒事件中, 肉制品和果蔬爆发最多<sup>[22]</sup>。这提示市售沙门氏菌食品污染率与沙门氏菌引起的食源性感染可能有必然联系。此外, 蛋与蛋制品的污染率仅为1.66%, 这与人们对生禽蛋易受沙门氏菌污染的认知不尽相同<sup>[23]</sup>, 通过相关研究推测有关部门对蛋制品关注度较高<sup>[24]</sup>、市售监管到位, 所以市售蛋与蛋制品相对污染较小。

### 2.3.4 不同种群食品沙门氏菌污染率分析

由表4可知, 在沙门氏菌的不同种群中, 肠道沙门氏菌亚群I为主要食品污染类型, 污染率估计为85.6%, 而其他的沙门氏菌亚群造成的污染程度相对较小。

如表5可知, 既可感染人又可感染动物的沙门氏菌种群是主要的病原污染型, 从这类沙门氏菌种群与仅感染人的沙门氏菌种群中选取常见的12个菌种, 污染率结果如表6所示, 其中肠炎沙门氏菌(*S. enteritidis*)、德尔卑沙门氏菌(*S. derby*)和鼠伤寒沙门氏菌(*S. typhimurium*)是主要优势菌种, 食品污染率分别为22.10%、15.23%和12.54%。从近年来沙门氏菌食物中毒报道看, 沙门氏菌发病的优势菌种主要为肠炎沙门氏菌(*S. enteritidis*)和鼠伤寒沙门氏菌(*S. typhimurium*)<sup>[25]</sup>, 这说明市售食品的优势菌种与食物中毒的优势菌种相同。有理由推测, 人们购买的食物未经加工或因处理方法不当产生交叉污染, 从而导致食物中毒事件发生, 这与牛惠敏报道一致<sup>[26]</sup>。

### 2.4 模型可靠性验证

以食物类型为例, 将所有数据随机分为两部分, 两个子数据集A和B分别用模型得到结果如表7和表8所示。由95%的置信区间重叠可以看出, 两个子数据集得出的结果无显著差异, 判断该模型可靠。年份、省份和种群采用相同方法验证了模型的可靠性。

表3 沙门氏菌在不同食品中的污染率

Table 3 Food contamination rates of *Salmonella* in foods

食品种类	污染率/%	95 置信区间/%	文献数量	SD	MC error	MC error<5% SD
肉与肉制品	8.45	8.06~8.86	202	2.04E-03	2.07E-05	TRUE
水产品	3.23	2.83~3.64	111	2.11E-03	2.30E-05	TRUE
豆与豆制品	1.38	0.99~1.88	81	2.25E-03	2.31E-05	TRUE
蛋与蛋制品	2.00	1.45~2.77	45	3.33E-03	3.90E-05	TRUE
蔬菜与食用菌	2.51	2.04~3.03	60	2.48E-03	2.29E-05	TRUE
米面及其制品	0.74	0.52~1.03	114	1.31E-03	1.50E-05	TRUE
其他	0.58	0.41~0.78	247	9.58E-04	1.27E-05	TRUE

表4 不同沙门氏菌种群的食物污染率

Table 4 Contamination rates in *Salmonella* groups

种群类别	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD	MC error	MC error<5% SD
肠道沙门氏菌亚群 I	85.60	83.93~86.99	53	7.71E-03	8.69E-05	TRUE
肠道沙门菌萨拉姆亚群 II	3.89	2.19~6.12	7	1.01E-02	1.09E-04	TRUE
邦戈尔沙门氏菌、其他亚群	10.51	-	-	-	-	-

表5 肠道沙门氏菌亚群 I 中不同感染类别的食品污染率

Table 5 Contamination rates in etiological classification of *Salmonella* subgroup I

感染类别	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD	MC error	MC error<5% SD
仅感染人	8.19	6.24~10.40	31	1.07E-02	1.12E-04	TRUE
仅感染动物	12.46	11.17~13.85	39	6.81E-03	7.07E-05	TRUE
感染人和动物	69.79	67.55~71.92	56	1.12E-02	1.00E-04	TRUE
其他未确定感染类型	9.56	-	-	-	-	-

表6 不同沙门氏菌的食物污染率

Table 6 Food contamination rates in different species of *Salmonella*

菌种	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD/%	MC error	MC error<5% SD
<i>S. derby</i>	15.23	13.66~16.96	38	0.84	8.66E-05	TRUE
<i>S. enteritidis</i>	22.10	20.41~23.87	44	0.89	8.68E-05	TRUE
<i>S. thompson</i>	5.88	4.59~7.34	24	0.70	7.67E-05	TRUE
<i>S. agona</i>	8.62	7.36~10.08	31	0.70	8.17E-05	TRUE
<i>S. new port</i>	6.22	5.05~7.58	13	0.65	5.46E-05	TRUE
<i>S. rissen</i>	6.46	4.72~8.56	15	0.98	9.19E-05	TRUE
<i>S. senftenberg</i>	7.82	5.84~10.41	22	1.16	1.01E-05	TRUE
<i>S. infantis</i>	2.28	1.50~3.30	11	0.46	4.94E-05	TRUE
<i>S. london</i>	6.90	5.69~8.27	25	0.66	7.17E-05	TRUE
<i>S. typhimurium</i>	12.54	11.07~14.11	42	0.77	8.16E-05	TRUE
<i>S. braenderup</i>	3.50	2.17~5.19	9	0.77	8.08E-05	TRUE
<i>S. kentucky</i>	3.68	2.51~5.17	10	0.68	6.54E-05	TRUE

表7 数据集 A 所得模型结果

Table 7 Results from the model of dataset A

食品种类	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD	MC error	MC error<5% SD
肉与肉制品	8.49	7.94~9.11	85	2.99E-03	3.05E-05	TRUE
水产品	2.97	2.41~3.64	60	3.11E-03	3.18E-05	TRUE
豆与豆制品	1.73	1.13~2.55	40	3.65E-03	3.85E-05	TRUE

转下页

接上页

蛋与蛋制品	2.57	1.83~3.63	25	4.62E-03	4.51E-05	TRUE
蔬菜与食用菌	1.64	0.93~2.64	22	4.41E-03	4.77E-05	TRUE
米面及其制品	0.84	0.52~1.31	50	2.00E-03	2.27E-05	TRUE
其他	0.62	0.39~0.92	102	1.35E-03	1.99E-05	TRUE

表 8 数据集 B 所得模型结果

Table 8 Results from the model of dataset B

食品种类	污染率/%	95%置信区间/%	文献数量	SD	MC error	MC error<5% SD
肉与肉制品	8.11	7.62~8.63	98	2.56E-03	2.81E-05	TRUE
水产品	3.04	2.49~3.69	38	3.08E-03	3.33E-05	TRUE
豆与豆制品	1.17	0.73~1.76	42	2.62E-03	3.12E-05	TRUE
蛋与蛋制品	1.51	0.74~2.59	22	4.78E-03	4.92E-05	TRUE
蔬菜与食用菌	0.73	0.37~1.29	30	2.38E-03	2.42E-05	TRUE
米面及其制品	0.65	0.39~1.04	64	1.66E-03	2.48E-05	TRUE
其他	0.56	0.34~0.86	100	1.32E-03	2.05E-05	TRUE

### 3 结论

3.1 本研究系统分析沙门氏菌在中国大陆的食品污染情况，解决了在报告数据局限的情况下，沙门氏菌食品污染率的统计问题。在技术层面，与经典统计学模型比较，层次贝叶斯模型能够更好地避免样本量和抽样误差的局限；在应用层面，层次贝叶斯方法可应用于统计其他食源性致病菌的污染率。此外，基于本文所得结果，可做进一步探究，例如研究食品污染率与发病率的关系、优势菌种的致病特性和优势菌种的耐药性监测等，以更好的保障公众食品安全。

3.2 依据本文研究结果，对卫生和市场监管部门提出针对性建议：对污染率较高地区加强监管，如四川省、黑龙江省和上海等；在抽检过程中，要加大市售肉制品的污染检查监督；对污染优势菌种，如肠炎沙门氏菌 (*S. enteritidis*)、德尔卑沙门氏菌 (*S. derby*) 和鼠伤寒沙门氏菌 (*S. typhimurium*) 重点关注，以进一步降低市售食品中沙门氏菌的污染率。由于食品污染菌种可引起食物中毒，卫生和市场监管部门应通过媒体、科普引导消费者注意厨房卫生和生熟分离等以预防食源性疾病。

### 参考文献

[1] LUO Qing-ying, LI Shan-shan, LIU Shu-kun, et al. Foodborne illness outbreaks in China, 2000-2014 [J]. International Journal of Clinical and Experimental Medicine, 2017, 10(3): 5821-5831

[2] 李鹏. 2018 年酒泉市市售冷冻羊肉沙门氏菌污染情况调查与分析[J]. 中国动物传染病学报, 2020, 28(3): 91-96

LI Peng. Investigation and analysis of *Salmonella* contamination in frozen muttons in 2018 in Jiuquan [J].

Chinese Journal of Animal Infectious Diseases, 2020, 28(3): 91-96

[3] 李会, 全志琴, 路立立, 等. 2015-2018 年洛阳市食品中沙门氏菌污染状况及血清型分布情况[J]. 河南预防医学杂志, 2019, 30(10): 797-800

LI Hui, TONG Zhi-qing, LU Li-li, et al. Contamination status and serotype distribution of *Salmonella* in foods in Luoyang from 2015 to 2018 [J]. Henan Journal of Preventive Medicine, 2019, 30(10): 797-800

[4] Muthén Bengt, Asparouhov Tihomir. Bayesian structural equation modeling: a more flexible representation of substantive theory [J]. Psychol Methods, 2012, 17(3): 313-335

[5] Marc C Kennedy, Victoria J Roelofs, Clive W Anderson, et al. A hierarchical Bayesian model for extreme pesticide residues [J]. Food and Chemical Toxicology, 2011, 49(1): 222-232

[6] Bekele B Nebiyu, Yu Shen. A Bayesian approach to jointly modeling toxicity and biomarker expression in a phase I/II dose-finding trial [J]. Biometrics, 2005, 61(2): 344-354

[7] YANG Yong-heng, WEI Li-juan, PEI Jia-nan. Application of Bayesian statistics to model incidence of *Vibrio parahaemolyticus* associated with fishery products and their geographical distribution in China [J]. Food Science and Technology, 2020, 130

[8] 茆诗松, 汤银才. 贝叶斯统计[M]. 北京: 中国统计出版社, 2012

MAO Shi-song, TANG Yin-cai. Bayesian Statistical [M]. Beijing: China Statistics Press, 2012

[9] Soler-García A Angel, De Jesús J Antonio, Taylor Kishana, et al. Differentiation of *Salmonella* strains from the SARA,

- SARB and SARC reference collections by using three genes PCR-RFLP and the 2100 agilentbioanalyzer [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5: 417
- [10] Fitzgerald Collette, Sherwood Rachel, Gheesling L Linda, et al. Molecular analysis of the rfb O antigen gene cluster of *Salmonella enterica* serogroup O:6,14 and development of a serogroup-specific PCR assay [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(10): 6099-6105
- [11] 张璐,张雪伟,袁宗辉,等. 畜禽沙门氏菌病防制研究进展[J]. *中国畜牧兽医*,2017,44(7):2103-2111  
ZHANG Lu, ZHANG Xue-wei, YUAN Zong-hui, et al. Research progress on salmonellosis prevention and control in livestock and poultry [J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2017, 44(7): 2103-2111
- [12] Tan Sarah, Makela Susanna, Heller Daliah, et al. A Bayesian evidence synthesis approach to estimate disease prevalence in hard-to-reach populations: hepatitis C in New York city [J]. *Epidemics*, 2018, 23: 96-109
- [13] Saibaba K Arvind, Bardsley Johnathan, Brown D Andrew, et al. Efficient marginalization-based MCMC methods for hierarchical Bayesian inverse problems [J]. *SIAM/ASA Journal on Uncertainty Quantification*, 2019, 7(3): 1105-1131
- [14] 杨宝林,汪俊生.基于 MCMC 模拟的我国东中西部邮政业技术效率评价的对比分析[J].*财经界(学术版)*,2012,30(20): 32-33  
YANG Bao-lin, WANG Jun-sheng. Comparative analysis of technical efficiency evaluation of postal industry in eastern, central and western China based on MCMC simulation [J]. *Money China*, 2012, 30(20): 32-33
- [15] Beavers P Daniel, Stamey D James, Bekele B Nebiyu. A Bayesian model to assess a binary measurement system when no gold standard system is available [J]. *Journal of Quality Technology*, 2011, 43(1): 16-27
- [16] 黄玉柳.食品中沙门氏菌污染状况及预防措施[J].*广东农业科学*,2010,37(6):225-226  
HUANG Yu-liu. *Salmonella* contamination in food and preventive measures [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2010, 37(6): 225-226
- [17] 邹颜秋硕,杨祖顺,田云屏,等.2014~2018 年云南省食源性沙门氏菌耐药监测分析[J].*食品安全质量检测学报*,2019, 10(22):7601-7605  
ZOU Yan-qishuo, YANG Zun-shun, TIAN Yun-ping, et al. Drug resistance analysis of food-borne *Salmonella* in Yunnan from 2014 to 2018 [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2019, 10(22): 7601-7605
- [18] 韩晗,韦晓婷,魏昶,等.沙门氏菌对食品的污染及其导致的食源性疾病[J].*江苏农业科学*,2016,44(5):15-20  
HAN Han, WEI Xiao-ting, WEI Yi, et al. Food contamination and foodborne diseases caused by *Salmonella* [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2016, 44(5): 15-20
- [19] Bohrer M Benjamin. An investigation of the formulation and nutritional composition of modern meat analogue products [J]. *Food Science and Human Wellness*, 2019, 8(4): 320-329
- [20] 贝君,王珂雯,程雅晴,等.我国肉制品安全风险及监管建议[J].*食品安全质量检测学报*,2020,11(16):5540-5546  
BEI Jun, WANG Ke-wen, CHENG Ya-qing, et al. Safety risks and supervision suggestions of meat products in China [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2020, 11(16): 5540-5546
- [21] Godínez-oviedo Angélica, Sampedro Parra Fernando, Machuca Vergara J Jessica, et al. Food consumer behavior and *Salmonella* exposure self-perception in the central region of Mexico [J]. *Journal of Food Science*, 2020, 85(3): 2907-2915
- [22] 李光辉,高雪丽,郭卫芸,等.1996-2015 年间沙门氏菌食物中毒事件特征分析[J].*食品工业*,2018,39(5):253-255  
LI Guang-hui, GAO Xue-li, GUO Wei-yun, et al. Epidemiological analysis of *Salmonella* food poisoning events in China during 1996-2015 [J]. *The Food Industry*, 2018, 39(5): 253-255
- [23] Chousalkar Kapil, Gast Richard, Martelli Francesca, et al. Review of egg-related salmonellosis and reduction strategies in United States, Australia, United Kingdom and New Zealand [J]. *Critical Reviews in Microbiology*, 2018, 44(3): 290-303
- [24] 孙得发.饲料厂及种鸡场沙门氏菌的控制策略探讨[J].*中国畜牧杂志*,2018,54(8):117-120  
SUN De-fa. Strategies discussion of *Salmonella* control in feed mill and breeder farm [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2018, 54(8): 117-120
- [25] LIANG Bing-shao, XIE Yong-qiang, HE Shu-jun, et al. A prevalence, serotypes, and drug resistance of nontyphoidal *Salmonella* among paediatric patients in a tertiary hospital in Guangzhou, China, 2014-2016 [J]. *Journal of Infection and Public Health*, 2019, 12(2): 252-257
- [26] 牛惠敏,杨玲,王艳芬.一起肯塔基沙门氏菌食物中毒事件调查[J].*医学动物防制*,2017,33(8):888-889  
NIU Hui-min, YANG Ling, WANG Yan-fen. Investigation on food poisoning incident of *Salmonella* Kentucky [J]. *Journal of Medical Pest Control*, 2017, 33(8): 888-889