

贝类中致病微生物的检测技术及其组织分布

王大鹏, 史贤明*

上海交通大学农业与生物学院食品科学与工程系, 陆伯勋食品安全研究中心, 中美食品安全联合研究中心, 上海 200240

摘要: 贝类是食源性致病微生物的重要传播载体之一, 因食用贝类导致食源性疾病的发病率逐年升高。因此, 贝类食用安全监测与控制成为食品安全研究的重点。近几年, 笔者在贝类中主要致病微生物分子检测、累积分布和控制等方面开展了一系列研究。本文结合国内外的研究进展, 对贝类中致病微生物的检测方法、组织分布、净化以及流行病学等方面展开论述。综合国内外研究结论发现, 分子检测方法已成为贝类中致病微生物检测的主要手段。另外, 贝类中致病微生物主要累积富集在鳃组织和消化腺(包括肠胃和消化盲囊)中, 这为致病微生物的检测靶向性提供了理论指导。

关键词: 贝类, 致病微生物, 检测, 分布

中图分类号: Q935 文献标识码: A 文章编号: 0001-6209(2011)10-1304-06

近年来, 我国的海水养殖业取得了长足发展。2007年全国水产养殖总产量占世界水产养殖产量的70%; 其中海水养殖产量为1384万吨, 占到水产养殖产量的41%。我国经济贝类占海水养殖产量的75%, 产业规模和产量居世界首位。随着养殖水域的污染日趋严重, 贝类中食源性致病微生物的污染率也逐渐增高^[1-2]。我国农业部曾对沿海贝类污染情况进行普查, 结果发现大部分贝类中重金属都符合食品卫生标准的要求, 唯有大肠菌群超标严重, 超标率高达77.86%, 最高达到欧盟限值标准的800倍。因此, 研究贝类中食源性致病微生物的检测与控制方法对于保障人们食用安全具有重要意义。

贝类属于滤食性动物, 具有很强的滤食能力。所以, 贝类便成为了食源性致病微生物的主要传播载体^[3-4]。其中, 常见的食源性致病微生物有: 副溶血性弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)、创伤弧菌(*Vibrio*

vulnificus)、沙门氏菌(*Salmonella*)、诺如病毒(Noroviruses)、轮状病毒(Rotaviruses)和甲型肝炎病毒(Hepatitis A virus)等。对国内13个监测地区1992-2001年食源性疾病资料进行回顾性分析, 结果表明: 致病微生物引起的食源性疾病事件数和涉及人数最多, 分别占总体的38.5%和50.9%^[5]。到2003年, 该数据分别激增到46.4%和60.4%^[6]。所以, 从例行食源性致病微生物检测到进出口检验检疫等, 都对食源性疾病的预防和控制提出了相当高的要求。

1 贝类中食源性致病微生物的检测

作为食源性致病微生物的重要传播载体之一, 贝类中食源性致病微生物的检测和监测逐渐受到人们的重视^[4,7-8]。据报道, 牡蛎中主要食源性病毒检

基金项目: 国家自然科学基金(31000063); 上海市科委项目(10142201300); 新进教师基金(NQN201008)

* 通信作者。Tel/Fax: +86-21-34206616; E-mail: xmshi@sju.edu.cn

作者简介: 王大鹏(1979-), 男, 山东潍坊人, 助理研究员, 博士, 主要从事水产品食品安全监测与控制。E-mail: multo@yahoo.cn

收稿日期: 2011-03-11; 修回日期: 2011-05-03

出率为 14.7%^[4], 副溶血弧菌的检出率为 29.2%, 菌落总数超标率为 41.7%^[9]。另外, 在贝类食源性致病微生物检测中, 食源性病毒的检测直接以消化腺为检测靶组织^[10]; 食源性致病菌的检测目前却笼统地以贝类个体为检测对象^[3,9]。虽然在新版副溶血弧菌国家标准检测方法 (GB/T 4789.7-2008) 中, 甲壳类水产品检测取整个动物或者动物的中心部分 (包括肠和鳃) 作为检测对象; 但是贝类仍以全部内容物 (贝肉和体液) 作为检测对象。至今没有关于贝类中食源性致病菌检测靶组织的文献报道。

1.1 食源性致病菌的检测

随着分子生物学方法的飞速发展, 诸如 PCR、Real-time PCR、含内标 PCR、MNP (Most Probable Number)-PCR 和环介导等温扩增技术 (LAMP, Loop-mediated isothermal Amplification) 等一系列高效便捷的检测方法应运而生, 并不断应用于贝类中食源性致病菌的检测。但是, 因贝类体内抑制剂导致 PCR 假阴性的现象一直困扰着贝类中食源性致病菌分子检测方法的发展。为了解决这个瓶颈问题, 国内外学者将 IAC (Internal Amplification Control) 引入 PCR 体系。2007 年, Nordstrom 等以副溶血弧菌种属特异性基因 *tlh*、毒素基因 *tdh* 和 *trh* 为检测靶点, 建立含 IAC 的多重 Real-time PCR 方法检测牡蛎中副溶血弧菌。该方法在 10^4 CFU 副溶血弧菌背景下, 致病性副溶血弧菌的检测灵敏度为 <10 CFU/反应^[11]。另外, 针对 PCR 方法所固有的假阳性问题, 我们团队利用生物信息学技术自行挖掘获得种属特异性分子检测靶序列, 并以这些序列为检测靶点建立了副溶血弧菌含内标 PCR 方法; 人工污染和实际样品检测结果均证实该方法的有效性^[12]。上述研究结果均发现: 体系中 IAC 常被牡蛎样本中 PCR 抑制剂所抑制^[11-12]。这充分证明在实际样本检测体系中添加 IAC 是必要的。

实际牡蛎样本的 PCR 检测结果显示, 牡蛎样本中副溶血弧菌分离率为 33%; 其中 *tdh* 和 *trh* 阳性菌株分离率分别为 19% 和 26%^[11]。Cai 等尝试利用 Real-time PCR 方法直接检测贝类中副溶血弧菌, 其检出率高达 50%^[13]; Kim 等建立 Real-time PCR 方法的检测限达到 1.5 CFU/g^[14]。另外, LAMP 技术被用于牡蛎中创伤弧菌的检测^[15]。研究发现, 该技术纯培养物的检测限为 20 CFU/反应, 灵敏度较 PCR 提高一个数量级; 人工污染牡蛎样本经 5 h 增

菌后, 其检测限为 7 CFU/g^[15]。该技术也被用于牡蛎中致病性副溶血弧菌的检测^[16]。

贝类属于滤食性动物, 其可以同时传播多少种食源性致病菌, 其带菌量如何, 至今还没有相关报道。目前, 贝类中食源性致病菌的检测通常先进行预期目标致病菌前增菌培养, 然后对疑似致病菌进行进一步鉴定。在增菌处理过程中, 一些生长缓慢的致病菌会被掩盖, 甚至不能增殖, 从而导致贝类携带致病菌种类不清, 造成贝类食品安全监测漏洞。所以, 建立贝类传播的食源性致病菌菌谱, 便成为亟待解决的问题。另外, 研究贝类体内致病菌主要累积吸附组织以提高食源性致病菌的检测靶向性和检出率。

1.2 食源性病毒的检测

食源性病毒是导致人类急性病毒性腹泻的罪魁祸首, 对人类饮食安全造成威胁。目前可用于食源性病毒检测的方法主要有分子检测方法、免疫学方法和电泳法等。但大部分食源性病毒无法体外培养, 所以贝类中食源性病毒的检测仍以 RT-PCR 等分子检测方法为主。其他方法用于贝类中食源性病毒污染的检测鲜有报道。

RT-PCR 等分子检测方法是贝类中食源性病毒检测的主要手段, 且多以贝类消化腺等组织作为食源性病毒检测的靶组织。以 RT-PCR 方法对北亚得里亚海域进行贝类污染调查, 结果发现诺如病毒和甲型肝炎病毒的阳性率分别达 14% 和 6%^[17]。我们曾对广东省部分沿海城市 136 份市售牡蛎中轮状病毒、诺如病毒和甲型肝炎病毒进行 RT-PCR 检测, 结果显示病毒阳性率为 14.7%; 3 种食源性病毒的检出率分别为: 8.82%、1.47% 和 5.15%^[4]。与食源性致病菌相比, 上述报道中食源性病毒的检出率不高^[4,17]。其中, 影响检出率的主要原因是食源性病毒富集效率低且大部分食源性病毒无法体外增殖。另外, 研究发现: 牡蛎鳃组织中食源性病毒检出率高于其他组织^[4,10]。所以, 研究食源性病毒在贝类不同组织中吸附累积的变化规律, 是提高检测靶向性和检出率的突破口。

2 食源性致病微生物在贝类组织中的分布

2.1 食源性致病菌在贝类组织中分布的研究

有关食源性致病菌在贝类组织中分布的研究较

少。Cabello 等将含有绿荧光蛋白 (Green Fluorescent Protein, GFP) 重组质粒载体的副溶血弧菌 (ATCC 17802) 人工污染牡蛎后, 利用 GFP 示踪研究副溶血弧菌在牡蛎体内的分布状况^[18]。但是, 该研究仅笼统评价了鳃和内脏团等部分组织, 未对牡蛎其他组织进行比较研究。我们团队利用副溶血弧菌标准菌株 (ATCC 17802) 人工污染牡蛎并分别以干净海水和二氧化氯进行净化处理, 结果发现牡蛎不同组织中均有该菌的检出, 且以鳃组织和消化腺中副溶血弧菌带菌量较高^[19-20]。所以, 副溶血弧菌可在消化腺 (包括肠胃和消化盲囊) 和鳃组织中高效富集^[18, 20]。但是, 创伤弧菌在牡蛎部分组织中累积分布与副溶血弧菌有较大差异。研究发现: 创伤弧菌可在淋巴、闭壳肌和外套膜中大量增殖^[21]。综上所述, 贝类中食源性致病菌累积富集组织仍然没有统一的认识。

2.2 食源性病毒在贝类组织中分布的研究

食源性病毒在贝类组织中分布的研究相对较多。以诺如病毒为例, Schweb 等曾利用 RT-PCR 方法对贝类中该病毒的组织分布进行评价, 结果发现在消化腺中该病毒累积量最大^[22]。Le Guyader 等利用免疫化学方法对诺如病毒污染牡蛎进行组织分布研究, 也同样获得类似的结果^[23]。我们以临床腹泻样本纯化的诺如病毒人工污染牡蛎, 利用单克隆抗体对污染牡蛎组织 (包括肠胃、消化盲囊、鳃、上前纤毛和闭壳肌等) 进行免疫组织化学分析。免疫组织化学结果显示: 除肌肉等个别组织, 其他组织均有显色反应, 尤其是鳃和消化腺; 且鳃的显色强度要高于其他组织器官^[10]。我们推测: 鳃中病毒载量较大, 这对于牡蛎中食源性病毒污染检测具有很好的指导意义。在免疫组化结果中, 可以看到在消化腺 (尤其是肠胃) 中病毒吸附具有很强的偏好性, 我们推测该部位病毒吸附是特异性的^[10, 23]; 肠胃外表面吸附病毒的部位呈点状分布而内侧的肌肉并没有任何显色斑点, 说明在机体内部的肌肉组织是不能累积病毒的。相对地, 鳃组织和外套膜上前纤毛中显色部位没有明显的差异, 我们推测该部位病毒是非特异性吸附。此外, Saitoh 等以河蚬的鳃和消化盲囊为检测对象进行诺如病毒污染的检测, 结果发现这两种组织中病毒的阳性率最高^[24]。

其他病毒在贝类中累积分布的研究结果都大同小异。Romalde 利用原位杂交的方法对以甲型肝炎

病毒人工污染牡蛎样本进行分析, 结果表明该病毒在牡蛎消化腺中累积量最大; 闭壳肌没有杂交信号^[25]。Hernroth 等以 35 型腺病毒人工污染的贝类 (包括牡蛎和贻贝) 为研究对象, 结果表明鳃和消化腺可以累积病毒, 而且两者的病毒载量没有明显差异^[26]。我们的研究结果发现: 在鳃、胃肠、消化盲囊、上前纤毛和闭壳肌中均可检出食源性病毒; 以前两者检出率最高^[4]。所以, 揭示贝类组织致病微生物累积富集的偏好性, 研究贝类组织中微生态区系的组成及丰度对贝类食品安全监测与控制具有决定性意义。

3 流行病学

贝类中食源性致病微生物的污染量受季节性影响较大。流行病学数据表明: 夏季贝类中食源性致病菌污染率最高; 冬季食源性病毒污染率最高。对法国牡蛎进行为期 3 年的食源性病毒监测, 结果发现冬季时病毒污染率最高, 星状病毒、诺如病毒、肠道病毒和轮状病毒的阳性率分别高达 17%、23%、19% 和 27%^[27]。在对牡蛎中副溶血弧菌进行季节性变化分析的结果显示: 夏季副溶血弧菌污染率最高, 其浓度为 $10 - 10^4$ CFU/g (致病性菌株分离率为 21.8%), 菌浓度跟水温有直接相关性但与盐度相关性不大^[13, 18]; 研究还发现致病性菌株的流行与水温呈负相关, 并推测致病性副溶血弧菌比非致病性副溶血弧菌更耐低温^[28]。另外, 适宜条件下牡蛎体内副溶血弧菌可迅速增殖。退潮时牡蛎大多裸露在海水外, 在太阳的照射下体内温度急剧上升, 从而使得体内致病菌大量增殖; 涨潮时, 牡蛎重新浸泡在海水中, 这时致病菌在牡蛎滤食过程中排出体外, 造成其他牡蛎污染。研究表明: 在一个潮汐过程 (退潮到涨潮) 中牡蛎体内致病性副溶血弧菌浓度可增殖 16 倍^[29]; 还有研究表明: 牡蛎在 26℃ 条件放置 24 h, 其体内副溶血弧菌菌量增加 790 倍^[30]。所以, 市售牡蛎体内致病菌含量要远高于养殖场中的牡蛎^[30]。这就为贝类食品安全埋下隐患。

4 贝类净化

贝类的污染率较高, 如何确保其达到人们食用的卫生标准也成为我们关注的焦点? 针对污染贝类

进行净化成为保障贝类产业健康发展的一个有效途径。研究表明:仅利用干净海水进行牡蛎中食源性致病微生物净化是不可行的^[19, 31]。目前,常用的贝类净化方法都是物理处理法,其中包括:紫外线、臭氧、高压、电流、X射线和冷冻储存等^[20];但是,很多净化方法对贝类都有损伤。这不适于口感和风味要求很高的贝类净化;且现有方法耗费大,不适宜大规模净化处理贝类。化学消毒剂成本低,易于渗透到贝类组织中,并显现出良好的净化效果。de Abreu Correa等以氯(1mg/L)和紫外线(254nm)处理人工污染牡蛎,12 h后,牡蛎中没有沙门氏菌检出^[32]。我们以20 mg/L的二氧化氯处理人工污染牡蛎的研究结果表明:处理6 h后,牡蛎中无副溶血弧菌检出^[20]。此外,蔡俊鹏等利用蛭弧菌处理海产品中常见弧菌,结果表明对副溶血弧菌、非O1非O139群霍乱弧菌及溶藻弧菌的裂解率分别达到88.9%、83.3%和81.8%^[33],显示出蛭弧菌作为生物消除剂的巨大潜在应用价值。但是,如何评价净化措施是否对贝类品质产生影响是一个需要探讨的问题。所以,探索经济高效的贝类净化方案是贝类产业健康发展的保障。此外,研究食源性致病微生物在贝类不同组织中累积分布及消长规律是控制和预防贝类食品安全的有效途径。

5 总结

贝类中致病微生物的来源主要有以下3种途径:(1)海洋水体自身存在的致病微生物;(2)养殖水体受到生活和生产污水的污染;(3)贝类加工过程中受到微生物污染。其中,饲养水体污染是贝类中食源性致病微生物的主要来源。因此,监测与控制贝类中食源性致病微生物的根本在于监控其源头——养殖水体。加强生活和生产(尤其是医院等医疗机构)污水处理力度,杜绝致病微生物的扩散,防止对饮用水和农业产品源头生产的二次污染,从而降低贝类食品安全的风险。

参考文献

- [1] Wang S, Duan H, Zhang W, Li JW. Analysis of bacterial foodborne disease outbreaks in China between 1994 and 2005. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 2007, 51(1): 8-13.
- [2] 王美珍, 王国良, 薛超波, 董志国, 潘雪央. 杭州湾南岸滩涂贝类养殖环境中微生物数量分布及其类群. *水产学报 (Journal of Fisheries of China)*, 2005, 29(5): 682-687.
- [3] Parveen S, Hettiarachchi KA, Bowers JC, Jones JL, Tamplin ML, McKay R, Beatty W, Brohawn K, Dasilva LV, Depaola A. Seasonal distribution of total and pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in Chesapeake Bay oysters and waters. *International Journal of Food Microbiology*, 2008, 128(2): 354-361.
- [4] Wang DP, Wu QP, Yao L, Wei MK, Kou XX, Zhang JM. New target tissue for food-borne virus detection in oysters. *Letters in Applied Microbiology*, 2008, 47(5): 405-409.
- [5] 刘秀梅, 陈艳, 王晓英, 计融. 1992~2001年食源性疾病暴发资料分析——国家食源性疾病预防网. *卫生研究 (Journal of Hygiene Research)*, 2004, 33(6): 725-727.
- [6] 刘秀梅, 程苏云, 陈艳, 袁宝君, 戴建华, 马群飞, 戴昌芳, 严纪文. 2003年中国部分沿海地区零售海产品中副溶血性弧菌污染状况的主动监测. *中国食品卫生杂志 (Chinese Journal of Food Hygiene)*, 2005, 17(2): 97-99.
- [7] Kingsley DH. An RNA extraction protocol for shellfish-borne viruses. *Journal of Virological Methods*, 2007, 141(1): 58-62.
- [8] Lees D. Viruses and bivalve shellfish. *International Journal of Food Microbiology*, 2000, 59(1-2): 81-116.
- [9] 鲁健章, 陈瑞英, 沈晓盛, 刘承初, 苏意诚. 上海市市售带壳牡蛎微生物污染状况调查. *中国食品卫生杂志 (Chinese Journal of Food Hygiene)*, 2007, 19(1): 18-20.
- [10] Wang DP, Wu QP, Kou XX, Yao L, Zhang JM. Distribution of norovirus in oyster tissues. *Journal of Applied Microbiology*, 2008, 105(6): 1966-1972.
- [11] Nordstrom JL, Vickery MC, Blackstone GM, Murray SL, DePaola A. Development of a multiplex real-time PCR assay with an internal amplification control for the detection of total and pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* bacteria in oysters. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(18): 5840-5847.
- [12] 何晓华, 余水静, 陈万义, 施春雷, 孟江洪, 史贤明. 添加有扩增内标的副溶血弧菌PCR检测方法. *微生物学报 (Acta Microbiologica Sinica)*, 2010, 50(3): 387-394.

- [13] Cai TX ,Jiang LY ,Yang CB ,Huang KH. Application of real-time PCR for quantitative detection of *Vibrio parahaemolyticus* from seafood in eastern China. *FEMS Immunology and Medical Microbiology* , 2006 ,46 (2) : 180-186.
- [14] Kim JS , Lee GG , Kim J , Kwon JY , Kwon ST. The development of rapid real-time PCR detection system for *Vibrio parahaemolyticus* in raw oyster. *Letters in Applied Microbiology* , 2008 , 46(6) :649-654.
- [15] Han F , Ge B. Evaluation of a loop-mediated isothermal amplification assay for detecting *Vibrio vulnificus* in raw oysters. *Foodborne Pathogens Disease* , 2008 , 5 (3) : 311-320.
- [16] Nemoto J , Sugawara C , Akahane K , Hashimoto K , Kojima T , Ikedo M , Konuma H , Hara-Kudo Y. Rapid and specific detection of the thermostable direct hemolysin gene in *Vibrio parahaemolyticus* by loop-mediated isothermal amplification. *Journal of Food Protection* , 2009 , 72(4) :748-754.
- [17] Croci L , Losio MN , Suffredini E , Pavoni E , Di Pasquale S , Fallacara F , Arcangeli G. Assessment of human enteric viruses in shellfish from the northern Adriatic sea. *International Journal of Food Microbiology* , 2007 , 114(2) :252-257.
- [18] Cabello AE , Espejo RT , Romero J. Tracing *Vibrio parahaemolyticus* in oysters (*Tiostrea chilensis*) using a Green Fluorescent Protein tag. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* , 2005 327(2) :157-166.
- [19] Wang DP , Yu SJ , Chen WY , Zhang DD , Shi XM. Enumeration of *Vibrio parahaemolyticus* in oyster tissues following artificial contamination and depuration. *Letters in Applied Microbiology* , 2010 51(1) :104-108.
- [20] Wang DP , Zhang DD , Chen WY , Yu SJ , Shi XM. Retention of *Vibrio parahaemolyticus* in oyster tissues after chlorine dioxide treatment. *International Journal of Food Microbiology* , 2010 , 137(1) :76-80.
- [21] Tamplin ML , Capers GM. Persistence of *Vibrio vulnificus* in tissues of Gulf Coast oysters, *Crassostrea virginica* , exposed to seawater disinfected with UV light. *Applied and Environmental Microbiology* , 1992 ,58 (5) : 1506-1510.
- [22] Schwab KJ , Neill FH , Estes MK , Metcalf TG , Atmar RL. Distribution of Norwalk virus within shellfish following bioaccumulation and subsequent depuration by detection using RT-PCR. *Journal of Food Protection* , 1998 , 61(12) :1674-1680.
- [23] Le Guyader FS , Loisy F , Atmar RL , Hutson AM , Estes MK , Ruvoen-Clouet N , Pommepuy M , Le Pendu J. Norwalk virus-specific binding to oyster digestive tissues. *Emerging Infectious Diseases* , 2006 , 12(6) :931-936.
- [24] Saitoh M , Kimura H , Kozawa K , Nishio O , Shoji A. Detection and phylogenetic analysis of norovirus in *Corbicula fluminea* in a freshwater river in Japan. *Microbiology and immunology* , 2007 , 51(9) :815-822.
- [25] Romalde JL , Estes MK , Szucs G , Atmar RL , Woodley CM , Metcalf TG. In situ detection of hepatitis A virus in cell cultures and shellfish tissues. *Applied and Environmental Microbiology* , 1994 , 60(6) :1921-1926.
- [26] Hemroth B , Allard A. The persistence of infectious adenovirus (type 35) in mussels (*Mytilus edulis*) and oysters (*Ostrea edulis*). *International Journal of Food Microbiology* , 2007 , 113(3) :296-302.
- [27] Le Guyader FS , Haugarreau L , Miossec L , Dubois E , Pommepuy M. Three-year study to assess human enteric viruses in shellfish. *Applied and Environmental Microbiology* , 2000 , 66(8) :3241-3248.
- [28] DePaola A , Nordstrom JL , Bowers JC , Wells JG , Cook DW. Seasonal abundance of total and pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in Alabama oysters. *Applied and Environmental Microbiology* , 2003 , 69(3) :1521-1526.
- [29] Nordstrom JL , Kaysner CA , Blackstone GM , Vickery MC , Bowers JC , DePaola A. Effect of intertidal exposure on *Vibrio parahaemolyticus* levels in Pacific Northwest oysters. *Journal of Food Protection* , 2004 , 67 (10) : 2178-2182.
- [30] Gooch JA , DePaola A , Bowers J , Marshall DL. Growth and survival of *Vibrio parahaemolyticus* in postharvest American oysters. *Journal of Food Protection* , 2002 , 65 (6) :970-974.
- [31] McLeod C , Hay B , Grant C , Greening G , Day D. Inactivation and elimination of human enteric viruses by Pacific oysters. *Journal of Applied Microbiology* , 2009 , 107(6) :1809-1818.
- [32] de Abreu Correa A , Albarnaz JD , Moresco V , Poli CR , Teixeira AL , Oliveira Simoes CM , Monte Barardi CR. Depuration dynamics of oysters (*Crassostrea gigas*) artificially contaminated by *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. *Marine Environmental Research* , 2007 , 63 (5) :479-489.
- [33] 蔡俊鹏, 韩韞, 王志, 宋志萍. 蛭弧菌消除海产品中潜在致病性弧菌的研究. *食品科学(Food Science)* , 2006 , 27(1) :75-78.

Distribution and detection of pathogens in shellfish—A review

Dapeng Wang, Xianming Shi*

School of Agriculture and biology, Bor Luh Food Safety Center and Joint Sino-US Food Safety Research Center, Shanghai Jiaotong University, Shanghai 200240, China

Abstract: Shellfish is one of important vehicles for dissemination of food-borne pathogens. The incidence of food-borne diseases increases every year. Therefore, monitoring and control on the food safety of shellfish is a significant public health concern worldwide. In recent years, our group has studied the pathogens in molecular detection, bioaccumulation and control in shellfish. Based on the our previous studies, the purpose of this article was to provide a review on the pathogens in shellfish in four aspects: the detection methods, distribution, depuration and epidemiology. The molecular methods were widely used in detection of pathogens in shellfish. In addition, the pathogens were bio-accumulated in the gills and digestive glands, including stomach and digestive diverticula, which are good candidate sites for detection of pathogens.

Keywords: shellfish, pathogens, detection, distribution

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31000063), by the Science & Technology Commission of Shanghai Municipality (10142201300) and by the Grant from School of Agriculture and Biology (NQN201008)

* Corresponding author. Tel/Fax: +86-21-34206616; E-mail: xmshi@sjtu.edu.cn

Received: 11 March 2011/Revised: 3 May 2011

科学出版社新书推介

中国真菌志 第三十九卷

郭林 著; 2011年7月出版; 定价: ¥60.00; 书号: 978-7-03-031453-6; 开本: 16; 装帧: 圆脊精装

内容简介: 黑粉菌是重要的植物病原菌, 可引起农作物及牧草的严重病害。本卷简要地介绍了黑粉菌的经济用途、世界黑粉菌的研究简史、黑粉菌的研究进展和黑粉菌新的分类系统, 记述了黑粉菌 8 目 12 科 17 属 115 种, 包括检索表、形态特征和分布。配有 196 幅黑粉菌孢子堆外观特征和黑粉孢子等光学和扫描电子显微照片。书末附有寄主植物各科、属、种上的中国黑粉菌名录, 参考文献和索引。本书可供菌物学科研人员、植物保护工作者、植病检疫工作者以及大专院校相关专业的师生使用和参考。

欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书

联系人: 科学出版社科学销售中心 周文宇

电话: 010-64017301; E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: <http://shop.sciencepress.cn>; 卓越网; 当当网

联系我们:

010-64012501; www.lifescience.com.cn; E-mail: lifescience@mail.sciencep.com

更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目