

这种基于实验室分子分型技术的食源性疾病主动监测模式能通过病原学的监测,发现没有被报告的暴发,有早期预警的作用。广东省的沙门菌主动监测系统,从病例发病到疾控中心实验室完成病原菌株的 PFGE 分子分型分析,时间间隔达 2~4 周,流行病学人员获得结果再去追溯病例,由于回忆偏倚,病例往往难以提供较为真实、准确和全面的食物暴露信息。新型分析技术的发现,对政府目前的卫生监督管理和疾病预防工作机制既是机遇,也是挑战,建议政府加强职能部门间的沟通和协调,有针对性地对此类型基于主动监测技术发现的暴发事件进行演练,通过演练检验部门之间协调机制运转是否畅通,为日后可能发生的因受污染商品的广泛流通而产生的食源性疾病暴发做好应对准备。

志谢 本项目研究得到 Pulse Net China、广东省内各监测哨点医院及辖区疾病预防控制中心的大力支持和帮助,在此表示感谢!

参考文献

- [1] 冉陆. 世界卫生组织全球沙门氏菌监测网 2001 - 2005 年规划简介[J]. 中国食品卫生杂志, 2001, 13(5): 44-46.
- [2] 刘红露, 张京云, 冯泽惠, 等. 脉冲场凝胶电泳分型技术在追溯 O139 霍乱传染来源中的应用[J]. 中华流行病学杂志, 2006, 27(2): 102-106.
- [3] Rounds J M, Hedberg C W, Meyer S, et al. *Salmonella enterica* pulsed-field gel electrophoresis clusters, Minnesota, USA, 2001-2007[J]. Emerg Infect Dis, 2010, 16(11): 1678-1685.
- [4] Centers for Disease Control and Prevention. Standardized laboratory protocol for molecular subtyping of *Escherichia coli* O157: H7, non-typhoidal *Salmonella* serotypes, and *Shigella sonnei* by pulsed field gel electrophoresis (PFGE) [EB/OL]. (2006-06-01) [2012-08-27] http://www.cdc.gov/pulsenet/protocols/ecoli_salmonella_shigella_protocols.pdf.
- [5] Shah N, Dholakia A P. A note on isolation of *Salmonella weltevreden* from emu (*Dromiceus novaehollandiae*) [J]. Indian Vet J, 1987, 64(9): 801-802.
- [6] Investigation Update: Outbreak of *Salmonella* Typhimurium infections, 2008-2009 [EB/OL]. (2009-04-29) [2012-07-31]. <http://www.cdc.gov/salmonella/typhimurium/update.html>.
- [7] Centers for Disease Control and Prevention. Multistate outbreak of *Salmonella* serotype Tennessee infections associated with peanut butter-United States, 2006-2007 [J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep, 2007, 56(21): 521-524.
- [8] Centers for Disease Control and Prevention. Multistate outbreak of *Salmonella* infections associated with peanut butter and peanut butter-containing products-United States, 2008-2009 [J]. MMWR Morb Mortal Wkly Rep, 2009, 58(4): 85-90.

调查研究

黄海海域鲈鱼感染异尖线虫三期幼虫初步调查

李健^{1,2}, 郭佳妮¹, 周君波¹, 施维¹, 李雯雯¹, 方芳¹, 黄维义^{1,2}

- (1. 广西大学动物科学技术学院, 广西南宁 530005;
2. 广西大学食品与质量安全研究中心, 广西南宁 530005)

摘要:目的 了解异尖线虫三期幼虫在黄海海域鲈鱼体内的感染情况。方法 2010年5月—2011年1月抽取产自黄海海域的鲜活鲈鱼(*Pneumatophorus japonicus*) 113尾(15~20尾/月), 分别检查、记录每个个体的体腔、内脏器官、背部、腹部、尾部鱼肉等感染线虫的情况, 将所获线虫经乳酸酚透明液透明后于光镜下进行常规的形态学鉴定, 并随机取192条(30~35条/月)线虫全基因组进行聚合酶链反应-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)分析鉴定。结果 有98尾鲈鱼感染异尖属线虫三期幼虫, 感染率为86.7%; 共检出4770条异尖线虫, 感染强度为5~194条/尾不等, 平均感染强度为42.2条/尾; 体腔和内脏器官感染虫数占鱼体总感染虫数的88.7%(4229/4770), 腹部肌肉感染虫数占鱼体全身肌肉总感染虫数的87.2%(470/539); 感染强度随鱼体重量增加而增大; 所有检出的异尖线虫依据其形态鉴定均为异尖属线虫I型幼虫; 192条异尖属线虫分别为派氏异尖线虫191条、典型异尖线虫1条。结论 黄海海域鲈鱼中异尖属线虫三期幼虫的感染情况比较严重, 且感染程度与季节、鲈鱼体重、身体部位有一定关系, 检出的异尖属线虫三期幼虫经RFLP分析以派氏异尖线虫为主, 这对今后卫生检疫与渔业生产加工出口有一定的提示和指导意义。

关键词: 黄海; 鲈鱼; 异尖线虫三期幼虫; 感染; 寄生虫; 海鱼

中图分类号: Q915.862; R155.5⁺5 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2013)01-0056-06

收稿日期: 2012-05-13

作者简介: 李健 男 硕士 助理实验师 研究方向为寄生虫分类学鉴定与家畜寄生虫病防治研究 E-mail: leejiانشin@163.com

通信作者: 黄维义 女 教授 研究方向为家畜寄生虫病防治研究 E-mail: wyhuang2005y@yahoo.com.cn/wyhuang@gux.edu.cn

Preliminary investigation of *Anisakis* sp. 3rd stage larvae infection of *Pneumatophorus japonicus* from the Yellow Sea area, China

Li Jian, Guo Jiani, Zhou Junbo, Shi Wei, Li Wenwen, Fang Fang, Huang Weiyi

(College of Animal Science and Technology, Guangxi University, Nanning 530005, China)

Abstract: Objective To investigate the *Anisakis* sp. 3rd stage larvae infection of *Pneumatophorus japonicus* in the Yellow Sea area. **Methods** 113 live fish (15–20 per month) of *Pneumatophorus japonicus* were collected from the Yellow Sea area during May 2010 and January 2011, then dissected to examine and record the quantities of nematodes in the coelom, visceral organ, back muscle, abdominal muscle and tail muscle, respectively. All nematodes transparented by iactophenol clearing solution were identified by morphology, and 192 of them (30–35 per month) were classified by PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism). **Results** 86.7% of 98 fish were infected with *Anisakis* sp. 3rd stage larvae. A total of 4 770 larvae were collected with the infection intensity of 5–194 per fish and the average of 42.2 per fish. 88.7% (4 229/4 770) of the larvae were detected in the coelom and visceral organ, while 87.2% (470/539) from body muscles were founded in the abdomen. The infection intensity rose up with the increase of body weight. The larvae observed were all *Anisakis* type I and 192 of them were classified as *A. pegrefii* (191) and *A. typica* (1). **Conclusion** The *Anisakis* sp. 3rd stage larvae infection of *P. japonicus* was serious which correlated with season, body weight and different body parts. The infection was identified as *A. pegrefii* by RFLP. The results could provide references to healthy quarantine and fisheries.

Key words: Yellow sea; *Pneumatophorus japonicus*; *Anisakis* sp. 3rd stage larvae; Infection; Parasite; Marine Fish

鲈鱼 (*Pneumatophorus japonicus*) 隶属于脊索动物门 (*Chordata*), 硬骨鱼纲 (*Vertebrata*), 鲈形目 (*Perciformes*), 鲭科 (*Scombridae*), 鲈属 (*Pneumatophorus*), 又称青花鱼、鲈巴鱼、鲭鱼, 是生活在远洋暖水中上层深海鱼类, 现已成为许多国家和地区最重要的经济鱼类之一。2006 年在我国重点捕捞海域的黄海就捕捞了 2.53×10^5 吨的鲈鱼^[1]。由于饮食方式的多样化, 生吃或烧烤海鱼逐渐流行, 人体通过海洋食品感染食源性寄生虫病例报道增多。其中误食带有异尖线虫第三期幼虫的海产品而引起的急腹症, 称为异尖线虫病 (*Anisakiasis*)。异尖线虫隶属于线虫动物门 (*Nemathelminthes*), 尾感器纲 (*Phasmidea*), 蛔目 (*Ascaridida*), 异尖科 (*Anisakidae*), 该科的异尖属 (*Anisakis*) 线虫三期幼虫与伪新地属 (*Pseudoterranova*) 的迷惑伪新地线虫 (*P. decipiens*) 三期幼虫同被认为是该病的致病原^[2]。据 Suzuki^[3] 报道 99% 的异尖线虫病患者中分离到的病原体为狭义简单异尖线虫 (*A. simplex sensu stricto*)。异尖属线虫与伪新地属的成虫寄生于海洋哺乳类动物, 第三期幼虫寄生于其生活史中的第二中间宿主海洋鱼类, 20 多个国家或地区已有上百种海鱼可作为异尖线虫的第二中间宿主, 其中鳕鱼、青鱼、鲈鱼、大麻哈鱼、鲭鱼、鲹鱼以及太平洋岩鱼等检出率较高^[4]。而我国的北部湾、东海、黄海、渤海、辽河、图们江及黑龙江的鱼类共有 56 种感染^[5-7]。联合国粮农组织 (FAO) 在 2004 年海产品

安全与质量的风险评估中, 列出异尖线虫是水产品中最重要的生物危害因子之一, 因此调查异尖线虫在黄海鲈鱼中的感染情况具有重要的公共卫生意义。为此, 笔者于 2010 年 5 月—2011 年 1 月对黄海海域的鲈鱼进行抽样, 查找其感染强度与内在分布情况的规律, 并对检获线虫进行 RFLP 分子鉴定, 查明异尖线虫的具体虫种。

1 材料和方法

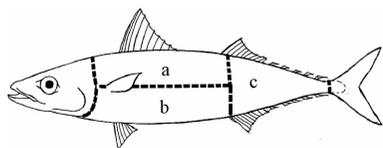
1.1 鲈鱼采样

鲜活鲈鱼 113 尾 (15~20 尾/月) 购于青岛农贸市场, 由青岛渔民在黄海海域的威海沿岸海域、青岛胶州湾和日照沿岸海域捕获。鱼体部位的划分: 为便于检查鱼体带虫情况, 本实验划分鱼体的各部位与解剖学各器官定义稍有不同, 具体如下: 吻端到鳃盖后缘为头部, 不包含咽和食管 (保持胃肠腔的完整性); 头部后、泄殖腔前 (去掉内脏器官) 为躯干部, 再以鲈鱼的鱼骨为界, 分为背部 (图 1a) 和腹部 (图 1b); 泄殖孔后的部位为尾部 (图 1c); 食管及胃肠壁外、体腔黏膜内为体腔部; 食管及胃肠内为胃肠部 (见图 1)。

1.2 仪器和试剂

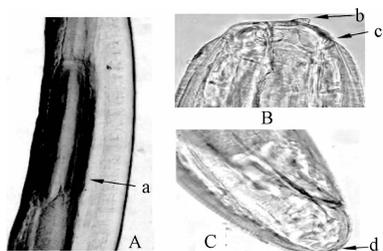
DNA 提取试剂盒 (德国 QIAGEN 公司), 限制性内切酶 *Hinf* I 和 *Hha* I (Fermentas 公司), 光学显微镜及其软件 (Motic-BA400)。

1.3 样品处理、形态学鉴定



a:背部肌肉;b:腹部肌肉;c:尾部肌肉

图1 鲈鱼鱼体部位划分示意图

Figure 1 Schematic diagram of division of fish parts of
Pneumatophorus japonicas

A:中部;B:头部;C:尾部 a:小胃;b:钻齿;c:排泄孔;d:尾突

图2 异尖属线虫三期幼虫

Figure 2 *Anisakis* sp. 3rd stage larvae

测量鱼体长度按周碧云^[8]的L1计算方法,即从鱼体吻端至侧线鳞的最后一个鳞片末端的定义。从泄殖腔处剪开体腔,检查鱼体体腔、胃肠等部位。沿肌肉纤维方向撕开,如发现线虫,把虫体挑到相应编号的培养皿中,用超纯水清洗,将活线虫置于沸腾酒精中,至虫体完全伸直。使用乳酸苯酚透明液进行透明处理,置于显微镜下逐条观察,按黄维义^[9]描述的虫体形态进行形态学鉴定。

1.4 虫种分子鉴定

1.4.1 虫体DNA提取与PCR扩增

从70%乙醇保存液中取出单个虫体,按照DNA提取试剂盒使用说明书提取虫体的全基因组DNA, -20℃保存备用。异尖属线虫rDNA ITS区的扩增引物设计参照D'Amelio(2000年)^[10],扩增的ITS区包括ITS-1、5.8S基因、ITS-2和28S基因,其上游引物 primer A (5'-GTC GAA TTC GTA GGT GAA CCT GCG GAA GGA TCA-3')和下游引物 primer B (5'-GCC GGA TCC GAA TCC TGG TTA GTT TCT TTT CCT-3')由北京六合华大基因科技股份有限公司合成,预期扩增的片段大小约为1 000 bp。PCR反应体系为:10×PCR缓冲液2.5 μl, MgCl₂ (25 mmol/L) 2.5 μl, 三磷酸脱氧核糖核苷酸(dNTP, 2.5 mmol/L) 2.5 μl, 上下游引物(10 μmol/L)各0.5 μl, Taq DNA聚合酶(5U/μl) 0.2 μl, DNA模板2.0 μl, 加ddH₂O至25 μl。反应条件为:94℃ 5 min; 94℃ 45 s, 56℃ 45 s, 72℃ 1 min, 共35个循环;72℃ 7 min。所得PCR产物将进行RFLP分析鉴定。

1.4.2 PCR-RFLP分析鉴定

运用限制性内切酶 *Hinf* I 和 *Hha* I 酶切PCR产物进行RFLP分析,对异尖属线虫I型幼虫进行分子鉴定。酶切反应体系为:1×Buffer Tango 2.5 μl, *Hinf* I(或*Hha* I)0.5 μl, PCR产物10 μl, 加ddH₂O至20 μl。将酶切产物37℃水浴6 h后,用2.0%琼脂糖凝胶电泳,凝胶成像仪观察并拍照。参照杜春霞^[11]的实验,其中经限制性内切酶*Hinf* I酶切后,派氏异尖线虫的酶切片段分别为370 bp、300 bp和250 bp, 典型异尖线虫的酶切片段为620 bp和350 bp;经限制性内切酶*Hha* I酶切后,派氏异尖线虫的酶切片段为320 bp、240 bp、180 bp、160 bp和140 bp。

2 结果

2.1 样品检测与形态鉴定结果

检出的线虫呈无色或乳白色,线性,部分虫体外层包裹有淡黄色的膜,活虫游动如蚯蚓状,一端眼可见明显白色小点,为小胃;固定透明后,测量虫体全长1~3 cm不等。在显微镜下看到虫体头端钻齿呈偏直角三角形倒勾向腹侧,无颈乳突、肠盲囊和胃盲囊,小胃呈长形,胃肠交接处呈平接或斜接(图2A),排泄孔在腹侧唇下缘(图2B),尾端有尾突(图2C),以上特征与异尖属线虫第三期幼虫的形态学特征相符,表明从鲈鱼体内所采集的线虫全为异尖属线虫第三期幼虫,并且均为属于异尖属线虫的I型幼虫。

2.2 鲈鱼感染情况

本次调查先后共抽取鲈鱼113尾,体重范围:55.8~640.5 g,体长范围:16.3~36.7 cm。其中有98尾鲈鱼检出感染异尖属线虫三期幼虫,检出率为86.7%,感染强度范围5~194条/尾,平均感染强度为48.7条/尾,感染虫数最多的是2010年5月的1尾重541.0 g的鲈鱼,共检出194条。检查的9个月中九月份的检出率为0%,其他8个月份的检出率均为100%(详见表1)。

2.3 鲈鱼不同部位的感染情况

本次调查发现鲈鱼不同部位的感染率不同,详见表2。幼虫感染以体腔和内脏器官为最多,体腔、内脏器官感染虫数占鱼体总感染虫数的88.7%;肌肉中尤以腹部肌肉感染率为最高,腹部感染虫数占全身肌肉总感染数的87.2%。

2.4 鲈鱼不同体重的感染情况

把鲈鱼以体重为指标分为6组(<200 g、200~300 g、300~400 g、400~500 g、500~600 g、>600 g)分别统计,详见表3。结果表明,异尖线虫

表1 鲈鱼鱼体信息及其异尖属线虫三期幼虫感染情况

Table 1 The information of *P. japonicus* and infection with *Anisakis* sp. 3rd stage larvae

时间 (年-月)	阳性数/检查数 (尾)	平均体重 (g)	平均体长 (cm)	感染虫数 (条)	感染虫数范围 (条)	平均感染强度 (条/尾)
2010-05	15/15	518.3	34.8	928	14 ~ 194	61.9
2010-06	15/15	531.2	33.0	867	18 ~ 153	57.8
2010-09	0/15	69.4	18.0	0	0	0
2010-10	18/18	426.1	29.8	1 166	12 ~ 158	64.8
2010-11	15/15	281.2	26.6	503	8 ~ 86	33.5
2010-12	15/15	314.8	27.9	599	8 ~ 111	39.3
2011-01	20/20	367.4	28.5	707	5 ~ 191	35.4
合计	98/113			4 770		

表2 鲈鱼不同部位的异尖属线虫三期幼虫寄生情况

Table 2 Parasitization rate of *Anisakis* sp. 3rd stage larvae found in the different parts of *P. Japonicus*

时间 (年-月)	阳性数 (尾)	体表虫数 (条)	头部虫数 (条)	体腔虫数 (条)	胃肠虫数 (条)	腹肉虫数 (条)	背肉虫数 (条)	尾肉虫数 (条)	共计
2010-05	15	2	0	756	131	30	7	2	928
2010-06	15	0	0	722	9	119	14	3	867
2010-09	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2010-10	18	0	0	815	7	301	42	1	1 166
2010-11	15	0	0	487	3	13	0	0	503
2010-12	15	0	0	599	0	0	0	0	599
2011-01	20	0	0	700	0	7	0	0	707
合计	98	2	0	4 079	150	470	63	6	4 770

表3 鲈鱼体重与异尖线虫感染关系

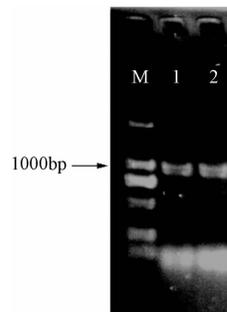
Table 3 Correlation between weight of *P. japonicus* and infection of *Anisakis* sp. 3rd stage larvae

体重 (g)	检查数 (尾)	阳性数 (尾)	平均体长 (cm)	感染虫数 (条)	平均感染强度 (条/尾)	感染虫数范围 (条)
<200	16	1	23.6	8	8	8 ~ 8
200 ~ 300	15	15	25.8	586	39.1	8 ~ 91
300 ~ 400	39	39	28.5	1 297	33.3	5 ~ 191
400 ~ 500	17	17	31.7	887	52.2	7 ~ 111
500 ~ 600	23	23	33.6	1 619	70.4	14 ~ 194
>600	3	3	35.4	373	124.3	69 ~ 153
合计	98	98		4 770		

三期幼虫的感染强度随鱼体重增加而增大。

2.5 分子鉴定结果

先后抽取异尖属线虫 I 型幼虫共 192 条 (30 ~ 35 条/月), 逐条抽提其全基因组 DNA 并扩增其 rDNA ITS 区, 扩增片段与预期片段一致, 约 1 000 bp, 见图 3。ITS 区的扩增产物分别用限制性内切酶 *Hha* I 和 *Hinf* I 进行酶切, 酶切电泳图见图 4。192 条异尖属线虫 I 型幼虫经 PCR-RFLP 分析鉴定, 其中派氏异尖线虫 191 条 (99.5%)、典型异尖线虫 1 条 (0.5%), 表明黄海鱼类寄生的异尖属线虫绝大多数为派氏异尖线虫。



M: Marker; 1: 派氏异尖线虫; 2: 典型异尖线虫

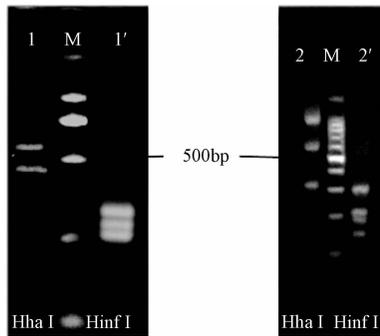
图3 异尖属线虫 ITS 区的 PCR 扩增产物电泳图

Figure 3 The profile of ITS PCR products from *Anisakis* sp. 3rd stage larvae

3 讨论

在本调查中鲈鱼的异尖属线虫三期幼虫总检出率为 86.7%, 除九月份的样本检出率为 0 外, 其余月份异尖线虫检出率均为 100%。对所有数据比较、分析后发现九月份批次鲈鱼样本较其他月份体

重、年龄偏小 (平均体重仅为 69.4 g), 为黄海开海初期中小型渔船近海作业所得, 而大型渔船因台风推迟出海未归, 难买到个体较大的鲈鱼。根据林景祺^[12]的研究: ①黄海成年鲈鱼生活在水深 20 m 以上的海域, 主要摄食细长脚蛾、太平洋磷虾、鳀鱼等,



M: Marker; 1, 1': 派氏异尖线虫; 2, 2': 典型异尖线虫

图4 异尖属线虫 ITS 区的 *Hha* I 和 *Hinf* I 酶切电泳图

Figure 4 The profile of ITS PCR products from *Anisakis* sp. 3rd stage larvae with the restriction enzyme *Hha* I and *Hinf* I

而幼鱼在沿岸育肥,主要摄食细长脚蛾幼体、鲢鱼幼体、梭鱼幼体和虾蟹幼体等;②不同体重的鲈鱼摄食种类也不相同,且随着体重的增加存在食物转换现象。经推测,0 检出率的原因可能为九月份捕捞的鲈鱼体重、年龄偏小,属于当年生鲈鱼幼鱼,生长环境与摄食种类导致其还未食入携带异尖属线虫二期幼虫的第一中间宿主。因此该结果不能作为鲈鱼异尖线虫感染率在不同时期数量变化的数据支撑,而可能支持不同年龄、体重的鲈鱼感染程度的差异。从所获数据推论,体重200 g以下的鲈鱼感染机会少,而体重300 g以上的鲈鱼可能100%感染。李孝军等^[6]对东海海鱼和软体动物的异尖线虫感染情况所做的调查发现,鱼体重与感染幼虫的数量不呈正比,在本文的结果“2.4”中可以看出将黄海鲈鱼以一定的体重范围进行分组后发现,随着体重的增加感染幼虫的数量呈增长的趋势。不同种类的海鱼由于本身生长环境有所差异,比较其感染强度与体重是否呈正相关是没有意义的,进而推断同一海域内生长的同一种群,其感染强度往往与体重呈正相关。黄维义^[13]在法国的研究也支持这一推断。

鲈鱼鱼体各部位感染情况以体腔和内脏器官为最严重。而腹部鱼肉内从2010年5-10月间感染率递增(除9月以及7、8月的封海期),推断这种现象产生的原因是食入的异尖线虫由肠道钻入体腔进而钻进各种脏器,再由体腔钻入肌肉组织,腹部鱼肉相较背部、尾部更贴近体腔,而且更为松软,利于侵入。本次调查发现,5、6月两个月份,检出的幼虫在鱼体内不形成包裹、也没有定植,均以游离态寄生;但在同年12月及次年1月检出的大多数线虫出现定植现象,以包裹的形式寄生在鱼体肠黏膜、脂肪体等部位。推断这一现象是由于异尖线虫在其第二中间宿主内寄生的特性决定的,一旦异尖线虫钻入肌肉后会自然成团形成包裹。若将带有

包裹的线虫放入20℃的超纯水中,数小时后,大多数线虫会从包裹中游出。进一步观察发现温度25℃左右时,线虫运动较为活跃;温度10℃左右时,大多数线虫逐渐停止运动并卷缩为圆盘状;温度5℃左右时,线虫会出现凝集抱团现象。将虫体置于37℃的溶液中,虫体活跃,长时期内不见死亡,异尖科下其他属的线虫置于此温度时会瞬间死亡,通过此生理特性的区别可区分出异尖属线虫与异尖科下其他属的线虫^[14]。

此次对黄海捕获鲈鱼中检获的所有异尖属线虫三期幼虫进行形态学鉴定后发现均为I型幼虫,但仅凭形态学分类的方法是无法确定其具体种的,进一步RFLP分析的结果表明派氏异尖线虫占绝大多数,为优势种,该结果与前人调查相似。日本学者Umehara^[15-16]的研究结果显示,日本西毗邻的各海域(包括我国黄海海域)以及日本海均以派氏异尖线虫为优势种,韩国学者Min Hwa Lee^[17]调查的结果也同样如此。我国杜春霞^[11]的研究结果显示,黄海鱼类寄生异尖属线虫的种类有派氏异尖线虫、典型异尖线虫及派氏异尖线虫与狭义简单异尖线虫的杂交体,其中派氏异尖线虫为优势种,占总数的98%。在目前的病例报道统计中,98%异尖线虫病患者中检出的病原种均为狭义简单异尖线虫,而此前的调查结果与本研究结果均指向黄海的异尖属线虫优势种为派氏异尖线虫,且未见有狭义简单异尖线虫的报道。就此推断,我国至今未见异尖线虫病病例报道的原因是由于我国海鱼体内并未感染有致病种,该推断尚需要进一步的研究以及扩大调查范围,而且必须通过动物实验证实。欧盟在关于鱼类食品安全控制中规定,在所有鱼或鱼类食品加工中,必须通过目检把任何可见的寄生虫挑出,当寄生严重时必须经过冰冻或加热处理^[18]。黄海是我国重要的生产基地,并且是渔业出口的重要来源,因此掌握该海域各主要经济鱼类异尖线虫的感染情况,对鱼类食品加工与渔业出口具有重要意义。

致谢 本文得到中国海洋大学水产品安全实验室曹立民老师的指导,特此志谢!

参考文献

- [1] 郑晓琼,李纲,陈新军.基于环境因子的东、黄海鲈鱼剩余产量模型及应用[J].海洋湖沼通报,2010,(3):41-48.
- [2] 刘劲松,吴绍强,陈虹虹,等.大亚湾市售海鱼异尖线虫幼虫感染情况的调查[J].中国动物检疫,2005,22(7):39.
- [3] Suzuki J, Murata R, Hosaka M, et al. Risk factors for human *Anisakis* infection and association between the geographic origins of *Scomber japonicus* and anisakid nematodes[J]. Int J Food Microbiol, 2010, 137(1):88-93.