

DOI:10.13350/j.cjpb.240210

• 调查研究 •

# 四川省甘孜州棘球蚴病流行区家犬肠道蠕虫感染情况调查\*

邓雪莹<sup>1</sup>, 王旭<sup>1</sup>, 蒺媯<sup>1</sup>, 韩帅<sup>1</sup>, 张凯歌<sup>1</sup>, 廖沙<sup>2</sup>, 丹巴泽里<sup>3</sup>, 官亚宜<sup>1</sup>, 谢宜<sup>4</sup>, 陈齐鲁<sup>1</sup>, 伍卫平<sup>1\*\*</sup>

(1. 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所(国家热带病研究中心), 国家卫生健康委员会寄生虫病原与媒介生物学重点实验室, 世界卫生组织热带病合作中心, 国家级热带病国际联合研究中心, 上海 200025; 2. 四川省疾病预防控制中心; 3. 甘孜藏族自治州疾病预防控制中心; 4. 中华人民共和国上海海关)

**【摘要】** 目的 调查四川省甘孜州棘球蚴病流行区家犬肠道蠕虫感染情况, 为当地人兽共患寄生虫病的防控提供参考。方法 于2023年4月在四川省甘孜州的道孚县, 白玉县, 德格县和石渠县四个棘球蚴病流行县的18个自然村养犬户院内收集新鲜家犬粪便, 提取粪样DNA, 通过PCR扩增核糖体的18SrRNA基因、线粒体的cox 1基因和nad 1基因进行虫种鉴定, 产物序列在NCBI数据库中进行比对分析以鉴定虫种, 统计家犬粪便的蠕虫检出率。结果 本次调查采集家犬粪样道孚县48份, 白玉县46份, 德格县49份和石渠县47份, 190份家犬粪便中有20份检出寄生虫DNA, 寄生虫总检出率为10.53%。不同年龄段的犬只蠕虫检出率差异有统计学意义( $\chi^2=8.839, P<0.05$ ), 其中5~10岁的犬只蠕虫检出率最高, 为10.87%(10/53)。虫种检出率为: 狮弓蛔线虫4.74%(9/190), 狭首钩刺线虫2.63%(5/190), *Chronogaster typica*和蛇形毛圆线虫检出率均为1.05%(2/190), *Leidynema portentosae*, 四翼无刺线虫, *Diplogasteroides luxuriosae*和食道口线虫检出率均为0.53%(1/190)。190份家犬粪便均未检测出棘球绦虫DNA。虫种检出率差异有统计学意义( $\chi^2=21.22, P<0.05$ )。其中同时检出2种蠕虫的占10%(2/20)。家犬粪便蠕虫检出率德格县为14.29%(7/49), 石渠县检出率为12.77%(6/47), 道孚县检出率为10.42%(5/48), 白玉县检出率为4.35%(2/46)。不同采样点的检出率之间无统计学意义( $\chi^2=3.851, P=0.415$ )。狭首钩刺线虫在四县的检出率差异有统计学意义( $\chi^2=8.439, P<0.05$ ), 德格县的狭首钩刺线虫检出率最高, 为8.16%(4/49)。结论 四川省甘孜州棘球蚴病流行区家犬肠道内存在多种蠕虫感染, 且部分地区检出率较高, 棘球绦虫感染率为0, 当地居民依旧存在一定的犬源性寄生虫感染风险。

**【关键词】** 棘球绦虫流行区; 家犬; 蠕虫; 人兽共患寄生虫病

**【文献标识码】** A **【文章编号】** 1673-5234(2024)02-0177-06

[*Journal of Pathogen Biology*. 2024 Feb;19(2):177-182.]

## Investigation of intestinal worm infection in dogs in Echinococcosis endemic area in Ganzi Prefecture, Sichuan Province

DENG Xueying<sup>1</sup>, WANG Xu<sup>1</sup>, KUI Yan<sup>1</sup>, HAN Shuai<sup>1</sup>, ZHANG Kaige<sup>1</sup>, LIAO Sha<sup>2</sup>, DANBA Zeli<sup>3</sup>, GUAN Yayi<sup>1</sup>, XIE Yi<sup>4</sup>, CHEN Qilu<sup>1</sup>, WU Weiping<sup>1</sup> (1. National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention (Chinese Center for Tropical Diseases Research); NHC Key Laboratory of Parasite and Vector Biology; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Shanghai 200025, China; 2. Sichuan Provincial Center for Disease Control and Prevention; 3. Center for Disease Control and Prevention of Ganzi Tibetan Autonomous Prefecture; 4. Shanghai Customs of the People's Republic of China)\*\*\*

**【Abstract】** **Objective** To investigate the intestinal worm infection of domestic dogs in the Echinococcosis endemic area of Ganzi Prefecture, Sichuan Province, and to provide reference for the prevention and control of zoonotic parasitic diseases in local people. **Methods** In April 2023, fresh dog feces were collected from dog households in 18 natural villages in four Echinococcosis endemic counties of DaoFu, Baiyu, Dege and Shiqu, Sichuan Province, and DNA samples were extracted. The 18SrRNA gene of the ribosome, the *cox 1* gene of the mitochondria and the *nad 1* gene were amplified by PCR to identify the worm species. The product sequences were compared and analyzed in the NCBI database to identify the worm species, and the worm detection rate in the feces of domestic dogs was calculated. Statistical analysis was

\* **【基金项目】** 国家重点研发计划项目(No. 2021YFC2300800, 2021YFC2300804)。

\*\* **【通讯作者】** 伍卫平, E-mail: wuwp@nipd.chinacdc.cn

**【作者简介】** 邓雪莹(1999-), 女, 四川甘孜人, 硕士研究生, 主要从事棘球蚴病流行病学相关研究。E-mail: dengxy7699@163.com

performed using SPSS 26.0 software (SPSS, Chicago, USA). The chi-square test was used to compare ratios or component ratios at a significance level of  $\alpha=0.05$ . The Fisher exact test is used to compare data that does not meet the requirements of the chi-square test. **Results** 48 dog feces samples were collected from Daofu County, 46 from Baiyu County, 49 from Dege County and 47 from Shiqu County. Parasite DNA was detected in 20 of 190 dog faeces, and the total parasite detection rate was 10.53%. There was significant difference in worm detection rate among dogs of different ages ( $\chi^2=8.839, P<0.05$ ), the highest worm detection rate was 10.87% (10/53) in dogs aged 5 to 10 years. Parasites detected included *Toxascaris leonine* 4.74% (9/190), *Uncinaria stenocephala* 2.63% (5/190), *Chronogaster typical* 1.05% (2/190), *Trichostrongylus ophiiformis* 1.05% (2/190), *Leidynema portentosae* 1.05% (2/190), *Aspicularis tetraoptera* 1.05% (2/190), *Diplogasteroides luxuriosae* 1.05% (2/190) and *Oesophagostomum nematodes* 0.53% (1/190). No *Echinococcus sp.* DNA was detected in 190 dog faeces. The difference of species detection rate was statistically significant ( $\chi^2=21.22, P<0.05$ ). Two kinds of worms were detected at the same sample in 10% (2/20). The detection rate of fecal worm in domestic dogs was 14.29% (7/49) in Dege County, 12.77% (6/47) in Shiqu County, 10.42% (5/48) in Daofu County and 4.35% (2/46) in Baiyu County. There was no statistical significance between the detection rates of different sampling area ( $\chi^2=3.851, P=0.415$ ). There was significant difference in the detection rate of *U. stenocephala* in four counties ( $\chi^2=8.439, P<0.05$ ), the highest detection rate was 8.16% (4/49) in Dege County. **Conclusion** In the endemic areas of Echinococcosis in Ganzi Prefecture, Sichuan Province, there were various worm infections in the intestinal tract of domestic dogs, and the detection rate was high in some areas, although the infection rate of *Echinococcus sp.* was 0. Local residents still have a certain risk of infection of canine parasitic nematodes.

**【Key words】** Echinococcus endemic area; domestic dog; worm; zoonotic parasitic disease

我国牧民向来有养犬的传统,主要目的是看家护院以及协助放牧,同时犬是多种人兽共感染寄生虫的主要宿主,常引起人类感染,严重危害人体健康。在我国牧区,家犬的生活环境较差,以及放牧时可能接触到野外环境中的流浪犬或野生动物<sup>[1]</sup>,增加了其感染肠道寄生虫的风险。根据2014年四川省少数民族地区肠道蠕虫感染现状调查显示,四川省藏族地区和彝族地区带绦虫病高度流行,且牧民为蠕虫感染的重点人群<sup>[2]</sup>,提示要加强该地区的人群肠道蠕虫病的防控。

四川省甘孜藏族自治州(甘孜州)地处四川省西部,青藏高原东部,幅员面积15.3万km<sup>2</sup>,下辖1个县级市,17个县,平均海拔3500m,人口110.33万,其中藏族占79.4%<sup>[3]</sup>。为更好的了解四川省甘孜州家犬肠道蠕虫的感染情况,本研究采用分子生物学技术检测2023年四川省甘孜州部分自然村家犬肠道蠕虫感染情况,为犬的驱虫防治、规范管理和人兽共患寄生虫病防控提供参考。

## 材料与方 法

### 1 调查点选取

选择四川省甘孜州的道孚县、白玉县、德格县和石渠县四个棘球蚴病流行县的18个自然村作为调查点。

### 2 样品的采集与处理

在调查村的所有养犬户院内,选择较为新鲜的犬粪进行采集,一犬一份,所有犬只均采集。粪便采集后分别保存于50mL离心管中并编号。粪样处理前置于一80℃冷冻1周以灭活蠕虫虫卵感染性。

### 3 主要试剂和仪器

DNA提取试剂盒[QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit(50)]购自德国Qiagen公司,Ex Taq™ PCR预混液(2×)、2%牛血清蛋白、去RNA酶水购自大连市TaKaRa公司,琼脂糖粉购自西班牙Biowest公司,50×TAE缓冲液购自北京市索莱宝科技有限公司。PCR仪(型号CFX96)、凝胶成像仪(型号Doc™ XR+)为美国Bio-Rad公司产品,Bio-Rad Gel JY300C电泳仪为北京市北京君意东方电泳设备有限公司产品。

## 4 PCR扩增动物粪样蠕虫DNA

**4.1 粪样处理及DNA提取** 粪样过滤后,4℃、3000g离心30min,弃上清,留沉淀备用。取0.25g粪样,参考DNA提取试剂盒说明书提取粪样蠕虫DNA。

**4.2 PCR扩增** 参考Boufana等<sup>[4]</sup>的方法,取粪便DNA,分别使用18S核糖体RNA(18SrRNA)基因序列引物<sup>[5]</sup>,线粒体细胞色素c氧化酶亚基1(cytochrome c oxidase subunit 1, *cox 1*)基因序列引物<sup>[6]</sup>和线粒体NADH脱氢酶亚基(NADH dehydrogenase subunit 1, *nad 1*)基因序列引物<sup>[4]</sup> PCR扩增相应目的基因,检测粪样中蠕虫的感染情况(表1)。PCR反应体系(25μL):上、下游引物各1μL, Ex Taq™ PCR Premix(2×)12μL,牛血清蛋白0.5μL,模板DNA2μL, RNase-free Water 9μL。PCR反应均在Bio-Rad DNA Engine Dyad PCR仪器上进行,扩增反应条件:94℃预变性5min;94℃变性30s,退火30s(退火温度根据引物选择),72℃延伸30s,共

35个循环;72℃下再延伸10min。PCR产物4℃保存。所有反应均设置一组阳性对照和阴性对照以控制实验过程中的污染。PCR产物经2%琼脂糖凝胶电泳,凝胶成像仪观察并拍照。

表1 引物序列及目的基因PCR扩增产物长度  
Table 1 Sequences of the primers and amplicon lengths of PCR products of target genes

| 目的基因<br>Target genes       | 引物序列(5'→3')<br>Primers sequence   | 产物长度<br>(bp)<br>Amplicon lengths | 退火温度<br>(℃)<br>Annealing temperature | 参考文献<br>Reference |
|----------------------------|---|----------------------------------|--------------------------------------|-------------------|
| <i>cox1</i><br>(Taeniidae) | FP:5'-TTGAATTTGCCACGTTTGAATGC-3'<br>RP:5'-GAACCTAACGACATAACATAATGA-3'           | 874                              | 52                                   | [6]               |
| <i>nad1(Eg)</i>            | FP:5'-GTTTTTGGCTGCCGAGAAAC-3'<br>RP:5'-AATTAATGGAATAATAACAACTTA<br>ATCAACAAT-3' | 226                              | 62                                   | [5]               |
| <i>cox1(Em)</i>            | FP:5'-GTCATATTTGTTTAAAGTAAAGTGG-3'<br>RP:5'-CACTCTTATTACTAGAAATTAAG-3'          | 243                              | 52                                   | [5]               |
| <i>nad1(Es)</i>            | FP:5'-TTATTCTCAGTCTCGTAAGGGTCCG-3'<br>RP:5'-CAATAACCAACTACATCAATAATT-3'         | 442                              | 60                                   | [5]               |
| 18S rRNA<br>(Nematode A)   | FP:5'-CACCCGTGAGGATTGACAG-3'<br>RP:5'-CGATCACGGAGGATTTTCAA-3'                   | 320 - 335                        | 53                                   | [8]               |
| 18S rRNA<br>(Nematode B)   | FP:5'-CGTCATTTGCTGCGGTTAAAA-3'<br>RP:5'-CCGTCTTCGAACCTCTGAC-3'                  | 380 - 410                        | 55                                   | [8]               |
| 18S rRNA<br>(Nematode C)   | FP:5'-AGTGGAGCATGCGGCTTAAT-3'<br>RP:5'-TGCAATTCCTTCCAGTC-3'                     | 380 - 440                        | 55                                   | [8]               |

4.3 扩增产物的测序和比对分析 将PCR阳性产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行双向测序。测序结果在NCBI数据库中进行比对分析,获取粪样感染蠕虫的虫种信息。

## 5 质量控制

问卷调查员负责入户与户主面对面逐条询问调查。其入选条件包括熟练掌握汉藏双语,熟悉当地交通地形;所有调查员均进行调查问卷培训,问卷均在现场及时复核确认无误。尽可能采集新鲜犬粪,采集粪便的一次性筷子不重复使用。实验室检测中,犬粪DNA提取与PCR检测操作分别在不同的实验室进行,防止实验室污染;同一份粪便DNA样本进行多次重复检测,阳性结果出现两次及以上,并均通过测序确认的视为阳性结果。

## 6 数据整理分析

将初始数据整理并导入WPS电子表格2016(金山股份有限公司,北京,中国),并使用SPSS 26.0软件(SPSS,芝加哥,美国)进行统计分析。使用卡方检验在 $\alpha=0.05$ 的显著性水平下进行比率或成分比率之间的比较。Fisher精确检验用于比较不符合卡方检验要求的数据。

## 结 果

## 1 寄生虫检出情况

共采集家犬犬粪190份,其中20份检测出蠕虫,检出率为10.53%。共检测出8种蠕虫,其中以狮弓蛔线虫检出率最高为4.74%(9/190),其次为狭首钩刺线虫2.63%(5/190),*Chronogaster typical*和蛇形毛圆线虫检出率均为1.05%(2/190),*Leidynema portentosae*、四翼无刺线虫、*Diplogasteroides luxuriosae*和食道口线虫检出率均为0.53%(1/190)。不同虫种检出率差异有统计学意义( $\chi^2=21.22, P<0.05$ ),说明此次调查中家犬感染主要以犬科动物肠道寄生虫为主,其他非犬科动物肠道寄生虫均为偶然感染。在20份检出蠕虫DNA的粪样中,同时检出2种寄生虫的占10%(2/20),一份同时检测出蛇形毛圆线虫和*O. muntiacum*,一份同时检测出*C. typica*和狮弓蛔线虫。其余粪样均只检测出一种蠕虫。本调查检测出的蠕虫均为线虫,棘球绦虫检出率为0,优势虫种为狮弓蛔线虫(表2)。

表2 家犬犬粪寄生虫DNA检测结果  
Table 2 Canine fecal parasite DNA detection results of domestic dogs

| 分类<br>classification | 寄生虫<br>Parasite                    | 阳性份数<br>No. positive | 阳性检出率%<br>Positive rate/% | 95%置信区间<br>95% CI |
|----------------------|------------------------------------|----------------------|---------------------------|-------------------|
| 犬科动物<br>肠道寄生虫        | 狮弓蛔线虫                              | 9                    | 4.74 <sup>a</sup>         | 1.70-7.80         |
|                      | 狭首钩刺线虫                             | 5                    | 2.63 <sup>a</sup>         | 0.3-4.90          |
|                      | 蛇形毛圆线虫                             | 2                    | 1.05 <sup>b</sup>         | 0.00-2.50         |
| 非犬科<br>动物肠道<br>寄生虫   | <i>Chronogaster typical</i>        | 2                    | 1.05 <sup>b</sup>         | 0.00-2.50         |
|                      | <i>Leidynema portentosae</i>       | 1                    | 0.53 <sup>b</sup>         | 0.00-1.60         |
|                      | 四翼无刺线虫                             | 1                    | 0.53 <sup>b</sup>         | 0.00-1.60         |
|                      | <i>Diplogasteroides luxuriosae</i> | 1                    | 0.53 <sup>b</sup>         | 0.00-1.60         |
|                      | 食道口线虫                              | 1                    | 0.53 <sup>b</sup>         | 0.00-1.60         |
| 合计 Total             |                                    | 22 <sup>c</sup>      | 10.53                     |                   |

注:a,b,字母不同表示差异有统计学意义( $P<0.05$ ),字母相同表示差异无统计学意义( $P>0.05$ );c,因存在混合感染,检出的22个寄生虫包含在20份粪样中。

## 2 家犬感染情况

道孚县,白玉县,德格县和石渠县共调查144户,采集犬粪190份。养犬户中调查前一个月对犬只进行规范驱虫的占83.33%(120/144),调查的190只犬以雄性为主88.42%(168/190),犬龄集中在10岁以下87.89%(167/190),其中去过牧场的犬只占65.79%(125/190)。粪便蠕虫检测阳性犬只20只,其中不同年龄段的犬只粪便蠕虫检出率差异有统计学意义( $\chi^2=8.839, P<0.05$ ),其中5~10岁的犬只粪便蠕虫检出率最高,为10.87%(10/53)。此外,性别,是否去过牧场以及一个月前是否规范驱虫对于犬只粪便蠕虫检出率差异均无统计学意义( $\chi^2=3.020, 0.724, 0.023, P=0.082, 0.395, 0.880$ )(表3)。

表3 粪便蠕虫检测阳性犬只感染情况  
Table 3 Infection of dogs that tested positive for fecal worms

| 虫种<br>Parasite                    | 年龄<br>Age                     |                                |                              | 性别<br>Sex                      |                               | 是否去牧场<br>Go to pasture or not   |                               | 一个月前是否规范驱虫<br>Deworming regulated a month ago |                               |
|-----------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|------------------------------|--------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|-------------------------------|---|-------------------------------|
|                                   | 0~5岁<br>0~5<br>years old      | 5~10岁<br>5~10<br>years old     | >10岁<br>>10<br>years old     | 雄性<br>Male                     | 雌性<br>Female                  | 是<br>Yes                        | 否<br>No                       | 是<br>Yes                                      | 否<br>No                       |
|                                   | 狮弓蛔线虫                         | 6                              | 2                            | 1                              | 6                             | 3                               | 7                             | 2   | 9                             |
| 狭首钩刺线虫                            | 1                             | 3                              | 1                            | 4                              | 1                             | 3                               | 2                             | 3   | 2                             |
| 蛇形毛圆线虫                            | 1                             | 1                              | 0                            | 2                              | 0                             | 1                               | 1                             | 2   | 0                             |
| <i>Chronogaster typical</i>       | 0                             | 2                              | 0                            | 1                              | 1                             | 1                               | 1                             | 2   | 0                             |
| <i>Leidynema portentosae</i>      | 0                             | 1                              | 0                            | 1                              | 0                             | 0                               | 1                             | 0   | 1                             |
| 四翼无刺线虫                            | 0                             | 1                              | 0                            | 1                              | 0                             | 1                               | 0                             | 1   | 0                             |
| <i>Diplogasteroides uxoriosae</i> | 0                             | 1                              | 0                            | 1                              | 0                             | 1                               | 0                             | 1   | 0                             |
| 食道口线虫                             | 0                             | 1                              | 0                            | 1                              | 0                             | 1                               | 0                             | 1   | 0                             |
| 合计<br>Total                       | 7.02% <sup>a</sup><br>(8/114) | 18.87% <sup>a</sup><br>(10/53) | 8.71% <sup>b</sup><br>(2/23) | 8.93% <sup>c</sup><br>(15/168) | 22.73% <sup>c</sup><br>(5/22) | 10.40% <sup>c</sup><br>(13/125) | 10.77% <sup>c</sup><br>(7/65) | 10.24% <sup>c</sup><br>(17/166)               | 12.50% <sup>c</sup><br>(3/24) |

注:a、b、字母不同表示差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),字母相同表示差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),c表示差异无统计学意义且两两比较差异也无统计学意义( $P > 0.05$ )。

### 3 不同县犬粪蠕虫检出情况

本次调查采集家犬粪样道孚县 48 份,白玉县 46 份,德格县 49 份和石渠县 47 份,四县均检出狮弓蛔线虫,不同采样点的检出率之间无统计学意义( $\chi^2 = 3.851, P = 0.415$ )。其中犬粪蠕虫检出率德格县为 14.29%(7/49),优势虫种为狭首钩刺线虫;石渠县检

出率为 12.77%(6/47),优势虫种为狮弓蛔线虫;道孚县检出率为 10.42%(5/48),优势虫种为蛇形毛圆线虫;白玉县检出率为 4.35%(2/46)。狭首钩刺线虫在四县的检出率差异有统计学意义( $\chi^2 = 8.439, P < 0.05$ ),德格县的狭首钩刺线虫检出率最高(表 4)。

表4 不同县家犬肠道蠕虫感染情况差异比较  
Table 4 Comparison of intestinal worm infection in dogs in different counties

| 虫种<br>Parasite                     | 石渠县 Shiqu                |                          | 白玉县 Baiyu  |                          | 德格县 Dege                 |                          | 道孚县 Daofu                |                          | 合计 Total      |             |
|------------------------------------|--------------------------|--------------------------|------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|---------------|-------------|
|                                    | 检出率(%)                   | 95%<br>CI                | 检出率(%)     | 95%<br>CI                | 检出率(%)                   | 95%<br>CI                | 检出率(%)                   | 95%<br>CI                | 检出率(%)        | 95%<br>CI   |
|                                    | 狮弓蛔线虫                    | 8.51 <sup>c</sup> (4/47) | 0.20-16.80 | 4.35 <sup>c</sup> (2/46) | 0.00-10.50               | 4.08 <sup>c</sup> (2/49) | 0.00-9.80                | 4.17 <sup>c</sup> (2/48) | 0.00-10.50    | 4.74(9/190) |
| 狭首钩刺线虫                             | 2.13 <sup>a</sup> (1/47) | 0.00-6.40                | 0(0/46)    |                          | 8.16 <sup>b</sup> (4/49) | 0.20-16.10               | 0(0/49)                  |                          | 2.63(5/190)   | 0.3-4.90    |
| 蛇形毛圆线虫                             | 0(0/47)                  |                          | 0(0/46)    |                          | 0(0/49)                  |                          | 4.17 <sup>c</sup> (2/48) | 0.00-10.50               | 1.05(2/190)   | 0.00-2.50   |
| <i>Chronogaster typical</i>        | 0(0/47)                  |                          | 0(0/46)    |                          | 2.04 <sup>c</sup> (1/49) | 0.00-6.10                | 2.08 <sup>c</sup> (1/48) | 0.00-6.30                | 1.05(2/190)   | 0.00-2.50   |
| <i>Leidynema portentosae</i>       | 0(0/47)                  |                          | 0(0/46)    |                          | 0(0/49)                  |                          | 2.08 <sup>c</sup> (1/48) | 0.00-6.30                | 0.53(1/190)   | 0.00-1.60   |
| 四翼无刺线虫                             | 0(0/47)                  |                          | 0(0/46)    |                          | 0(0/49)                  |                          | 2.08 <sup>c</sup> (1/48) | 0.00-6.30                | 0.53(1/190)   | 0.00-1.60   |
| <i>Diplogasteroides luxoriosae</i> | 2.13 <sup>a</sup> (1/47) | 0.00-6.40                | 0(0/46)    |                          | 0(0/49)                  |                          | 0(0/48)                  |                          | 0.53(1/190)   | 0.00-1.60   |
| 食道口线虫                              | 0(0/47)                  |                          | 0(0/46)    |                          | 0(0/49)                  |                          | 2.08 <sup>c</sup> (1/48) | 0.00-6.30                | 0.53(1/190)   | 0.00-1.60   |
| 合计 Total                           | 12.77(6/47)              | 2.90-22.70               | 4.35(2/46) | 0.00-10.50               | 14.29(7/49)              | 4.10-24.40               | 10.42(5/48)              | 1.50-19.40               | 10.53(20/190) | 6.10-14.90  |

注:a、b、字母不同表示差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),字母相同表示差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),c表示差异无统计学意义且两两比较差异也无统计学意义( $P > 0.05$ )。

## 讨论

本研究中共检测出 8 种蠕虫,不同蠕虫间的检出率差异有显著性,检出率较高的两种蠕虫为狮弓蛔线虫和狭首钩刺线虫,德格县狭首钩刺线虫检出率最高。狮弓蛔线虫,狭首钩刺线虫和蛇形毛圆线虫均为人兽共患寄生虫。

狮弓蛔线虫是一种新出现的人兽共患寄生虫<sup>[7]</sup>。犬和猫是狮弓蛔线虫的最终宿主,小型啮齿动物可以是它们的中间宿主,而兔子,鸡,牛,羊,猪和蚯蚓均可作为其转续宿主,狮弓蛔线虫虫卵在这些有脊椎动物体内孵化为幼虫,并造成内脏幼虫移行症。全球犬狮

弓蛔线虫的感染率为 2.9%(2.2%~3.7%),其中东地中海地区的总感染率最高,为 7.2%(3.5%~12.0%),感染率较高的国家包括:伊朗(10.8%)、印度和西班牙(5.3%)、斯洛伐克(5.0%)和加拿大(3.6%)<sup>[8]</sup>。在本研究中,狮弓蛔线虫的检出率最高,且四县均有检出,对该地区的人群和家畜造成较大威胁,因此需要对当地人群进行健康教育以及加强家犬的肠道寄生虫驱虫。

狭首钩刺线虫是钩口科,钩刺属线虫的一种,常寄生于猫、犬、猪、狐、狼、獾和貉的小肠,也可寄生于人体。犬科动物是其主要的宿主,广泛分布于世界范围内野生犬科动物中<sup>[9]</sup>。人类感染主要见于钩虫丝状蚴

通过侵入未受保护的皮肤,幼虫通过皮肤迁移可引起炎症导致皮肤幼虫移行症 CLM<sup>[10]</sup>,在欧洲,包括英国、德国、意大利和塞尔维亚都有过人类 CLM 的病例报道<sup>[11]</sup>。我国的三江源区域<sup>[9]</sup>,青海省囊谦县<sup>[12]</sup>,大兴安岭地区<sup>[13]</sup>均在犬粪便中检测出狭首钩刺线虫,本调查中,德格县的狭首钩刺线虫检出率最高,这提示德格县应该加强人群和犬只感染狭首钩刺线虫的筛查,做好犬只驱虫,以及人群健康教育等防控工作。有关四川省甘孜州家犬感染狭首钩刺线虫的报道较少,其具体感染情况还需要进一步研究。

除上述线虫外,本次调查中还发现了一些非犬科动物寄生线虫。蛇形毛圆线虫一种人兽共患寄生虫,常见于反刍动物的肠道中,是牛羊体内最常见的毛圆属线虫。人体感染是由于摄入被其第三期感染性幼虫污染的食物<sup>[14]</sup>。食道口线虫是鹿子胃肠道常见寄生虫<sup>[12]</sup>。*L. portentosae* 和 *D. luxuriosae* 为蟑螂等昆虫肠道寄生虫<sup>[12,15]</sup>。四翼无刺线虫是实验室感染动物模型的重要寄生虫<sup>[16]</sup>。这些寄生虫的检出,可能与家犬的捕食习性有关。

本调查以家犬为研究对象,和其他对甘孜州野外犬科动物的肠道寄生虫调查<sup>[17]</sup>结果(36.43%,47/129)对比,检出率差异有统计学意义( $\chi^2 = 31.083, P < 0.05$ ),表明家犬肠道寄生虫检出率低于野外犬科动物,这可能是由于家犬做到了驱虫和拴养,有效降低了家犬肠道寄生虫的感染。5~10岁的犬只粪便蠕虫检出率最高,和 Duncan 等<sup>[18]</sup>的调查结果一致,表明应对有5~10岁犬只的牧民肠道寄生虫筛查以及健康教育,并加强对5~10岁犬只的驱虫管理。

四川省甘孜州作为棘球蚴病流行区,根据2018-2022年四川省甘孜州棘球蚴病监测结果分析<sup>[19]</sup>显示,截至2022年,甘孜州人群患病率为0.01%,低于2016年<sup>[20]</sup>的0.158%,甘孜州2018-2022年犬的棘球绦虫感染率显著降低,提示甘孜州棘球蚴病防治工作取得巨大成效。在本调查中,家犬粪便棘球绦虫检出率为0,进一步表明当地棘球蚴病防治效果突出,但家犬肠道蠕虫检出率高于大兴安岭地区<sup>[13]</sup>(8.42%,17/202),新疆维吾尔自治区呼图壁县<sup>[21]</sup>(7.87%,14/178)等地区,表明家犬粪便未检测出棘球绦虫可能主要是因为当地进行棘球蚴病的健康教育,居民不再向犬只投喂家畜内脏以及拴养犬只,阻断了棘球绦虫的传播循环。但由于棘球蚴病流行区犬驱虫药为吡喹酮,主要针对绦虫和吸虫的驱除,可能对于线虫的驱虫效果不佳<sup>[22]</sup>,这使得人群暴露在其他兽共患肠道线虫的风险下。阿苯达唑为一高效低毒的广谱驱虫药,临床上对线虫敏感,绦虫、吸虫也有较强作用<sup>[22]</sup>,因此建议相关部门是否可以将阿苯达唑纳入当地犬驱虫药

物,和吡喹酮联合用药,增加驱虫的广谱性,并定时对犬驱虫效果进行评估,改良驱虫手段以保证驱虫效果,从而保障人畜健康。

综上所述,四川省甘孜州棘球蚴病流行区家犬肠道内存在多种蠕虫感染,且部分地区检出率较高,棘球绦虫感染率为0,当地居民依旧存在一定的犬源性寄生虫感染风险。其中德格县家犬狭首钩刺线虫检出率最高,犬只年龄是犬只感染肠道蠕虫的影响因素,5~10岁的犬只肠道蠕虫感染率最高,建议加强重点犬只的管理以及建议使用阿苯达唑-吡喹酮联合用药以增强驱虫效果。由于本次调查样本量相对较小,存在影响家犬感染的因素被掩盖的可能性,建议后续研究应结合实际情况适当增加样本量,并可以选择不同月份、分批次调查,来分析时间(季节)对于家犬肠道蠕虫感染的影响,为开展科学有效的犬源性寄生虫病防控提供参考依据。

#### 【参考文献】

- [1] Gong QL, Ge GY, Wang Q, et al. Meta-analysis of the prevalence of *Echinococcus* in dogs in China from 2010 to 2019 [J]. PLoS Negl Trop Dis, 2021, 15(4): e0009268.
- [2] 陈兴旺, 钟波, 张骥, 等. 四川省少数民族地区肠道蠕虫感染现状调查 [J]. 预防医学情报杂志, 2014, 30(11): 908-911.
- [3] 刀吉, 刘继蓉, 鲁明德, 等. 1962-2012年四川省甘孜藏族自治州棘球蚴病流行病学分析 [J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2015, 13(2): 73-80.
- [4] Boufana B, Umhang G, Qiu J, et al. Development of three PCR assays for the differentiation between *Echinococcus shiquicus*, *E. granulosus* (G1 genotype), and *E. multilocularis* DNA in the co-endemic region of Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. Am J Trop Med Hyg, 2013, 88(4): 795-802.
- [5] Cannon MV, Bogale H, Rutt L, et al. A high-throughput sequencing assay to comprehensively detect and characterize unicellular eukaryotes and helminths from biological and environmental samples [J]. Microbiome, 2018, 6(1): 195.
- [6] Jiang WB, Liu N, Zhang GT, et al. Specific detection of *Echinococcus* spp. from the Tibetan fox (*Vulpes ferrilata*) and the red fox (*V. vulpes*) using copro-DNA PCR analysis [J]. Parasitol Res, 2012, 111(4): 1531-1539.
- [7] Jin YC, Li XY, Liu JH, et al. Comparative analysis of mitochondrial DNA datasets indicates that *Toxascaris leonine* represents a species complex [J]. Parasites Vectors, 2019, 12(1): 194.
- [8] Rostami A, Riahi SM, Fallah OV, et al. Global Prevalence estimates of *Toxascaris leonina* Infection in Dogs and Cats [J]. Pathogens, 2020, 9(6): 503.
- [9] 张志平, 胡广卫, 赵全邦, 等. 三江源地区发现狭头钩刺线虫 [J]. 畜牧兽医科技信息, 2019, 11.
- [10] Hotez PJ, Brooker S, Bethony JM, et al. Hookworm infection [J]. New Eng J Med, 2004, 351(8): 799-807.
- [11] Bowman DD, Montgomery SP, Zajac AM, et al. Hookworms of dogs and cats as agents of cutaneous larva migrans [J]. Trends

- Parasitol, 2010, 26(4):162-167.
- [12] Chen Q, Wang X, Li C, et al. Investigation of parasitic nematodes detected in the feces of wild carnivores in the Eastern Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. Pathogens, 2022, 11(12):1520.
- [13] 谢宜, 王莹, 王旭, 等. 基于高通量测序的家犬粪便寄生虫病原调查[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2023, 41(3):325-330.
- [14] 王逢会, 王波波, 蔡葵蒸. 蛇形毛圆线虫单种分离株的建立[J]. 甘肃农业大学学报, 2017, 52(5):7-12.
- [15] Kanzaki N, Ide T. *Diplogasteroides luxuriosaen.* sp. associated with *Acalolepta luxuriosa* (Coleoptera: Cerambycidae) from Japan [J]. Nematology, 2016, 18(2):221-233.
- [16] Wang CR, Lou Y, Gao JF, et al. Comparative analyses of the complete mitochondrial genomes of the two murine pinworms *Aspiculuris tetraptera* and *Syphacia obvelata* [J]. Gene, 2016, 585(1):71-75.
- [17] 李春阳, 王旭, 陈齐鲁, 等. 基于分子生物学技术对四川省石渠县野外犬科动物蠕虫感染情况调查[J]. 中国病原生物学杂志, 2022, 17(6):675-681.
- [18] Duncan KT, Koons NR, Litherland MA, et al. Prevalence of intestinal parasites in fecal samples and estimation of parasite contamination from dog parks in central Oklahoma [J]. Vet Parasitol Reg Stud Reports, 2020, 19:100362.
- [19] 高海军, 丹巴泽里, 凌攀, 等. 2018-2022年四川省甘孜藏区棘球蚴病监测结果分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(11):1311-1314, 1319.
- [20] 康殿巨, 张俊杰, 斯郎格玛, 等. 2016-2019年四川省甘孜州棘球蚴病综合防治效果评估[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2021, 39(2):150-155.
- [21] 方晨, 邓金华, 赵辰昊, 等. 呼图壁县家犬肠道寄生虫感染情况调查报告[J]. 当代畜牧, 2019(14):49-50.
- [22] 冯兴明, 张金宝, 石磊, 等. 羊体内寄生虫的驱虫试验[J]. 畜牧兽医杂志, 2018, 37(5):85-88.
- 【收稿日期】 2023-10-08 【修回日期】 2023-01-10
- 
- (上接 176 页)
- [6] Lemma W. Description of malaria epidemics and normal transmissions using rainfall variability in Gondar Zuria highland District, Ethiopia [J]. Heliyon, 2021, 7(8):e07653.
- [7] Rouamba T, Nakanabo-Diallo S, Derra K, et al. Socioeconomic and environmental factors associated with malaria hotspots in the Nanoro demographic surveillance area, Burkina Faso [J]. BMC public health, 2019, 19(1):249.
- [8] Vandembroucke JP, von Elm E, Altman DG, et al. Strengthening the reporting of observational studies in epidemiology (STROBE): explanation and elaboration [J]. Ann Intern Med, 2007, 147(8):W163-94.
- [9] Rupinski MT, Dunlap WP. Approximating pearson product-moment correlations from kendall's tau and spearman's rho [J]. Educat Psychol Measure, 2016, 56(3):419-429.
- [10] Michael Borenstein, Larry V Hedges, Julian PT Higgins, Hannah R Rothstein. Introduction to meta-analysis [M]. United States: Wiley, 2009.
- [11] Tegegne E, Alemu Gelaye K, Dessie A, et al. Spatio-Temporal Variation of Malaria Incidence and Risk Factors in West Gojjam Zone, Northwest Ethiopia [J]. Environ Heal Insight, 2022, 16:11786302221095702.
- [12] Dutta S, Jagtap M, Balasubramaniam R, et al. A pilot study on assessing the effect of climate on the incidence of vector borne disease at Pune and Pimpri-Chinchwad area, Maharashtra [J]. Mausam, 2021, 72(2):399-414.
- [13] Adeola AM, Botai JO, Rautenbach H, et al. Climatic variables and malaria morbidity in mutale local municipality, South Africa: A 19-year data analysis [J]. Int J Environ Res Public Health, 2017, 14(11):1360.
- [14] 温亮, 林明和, 李承毅, 等. 疟疾与气象因素关系不同模型预测效果比较[J]. 中国公共卫生, 2017, 33(6):942-945.
- [15] Chirebvu E, Chimbari MJ, Ngwenya BN, et al. Clinical malaria transmission trends and its association with climatic variables in tubu village, botswana: a retrospective analysis [J]. PloS one, 2016, 11(3):e0139843.
- [16] Sena L, Deressa W, Ali A. Correlation of Climate Variability and Malaria: A Retrospective Comparative Study, Southwest Ethiopia [J]. Ethiop J Heal Sci, 2015, 25(2):129-138.
- [17] 曾晓露. 海南地区疟疾疫情分布特征及环境影响因素研究[D]. 重庆: 第三军医大学, 2015.
- [18] 成芳. 气候因素与江苏省常见传染病发病关联的研究[D]. 南京: 南京信息工程大学, 2014.
- [19] 樊雯婧. 合肥市疟疾发病预测数学模型应用及发病现况的流行病学研究[D]. 合肥: 安徽医科大学, 2013.
- [20] Gao HW, Wang LP, Liang S, et al. Change in rainfall drives malaria re-emergence in Anhui Province, China [J]. PloS one, 2012, 7(8):e43686.
- [21] Alemu A, Abebe G, Tsegaye W, et al. Climatic variables and malaria transmission dynamics in Jimma town, South West Ethiopia [J]. Parasit Vect, 2011, 4:30.
- [22] Zhang Y, Bi P, Hiller JE. Meteorological variables and malaria in a Chinese temperate city: A twenty-year time-series data analysis [J]. Environ Intern, 2010, 36(5):439-445.
- [23] Devi NP, Jauhari RK. Climatic variables and malaria incidence in Dehradun, Uttaranchal, India [J]. J Vect Born Dis, 2006, 43(1):21-28.
- [24] Bi P, Tong S, Donald K, et al. Climatic variables and transmission of malaria: A 12-year data analysis in Shuchen County, China [J]. Public Heal Rep, 2003, 118(1):65-71.
- [25] 夏菁, 蔡顺祥, 林文, 等. 湖北省 2004-2009 年疟疾发病率与气象因素关系[J]. 热带医学杂志, 2016, 16(7):937-940, 944.
- [26] Bashar K, Tuno N. Seasonal abundance of Anopheles mosquitoes and their association with meteorological factors and malaria incidence in Bangladesh [J]. Parasit Vect, 2014, 7:442.
- [27] 赵星. 气象因子与疟疾的高维交互作用关系的流行病学研究[C]//中国气象学会. 第 33 届中国气象学会年会 S16 气候环境变化与人体健康, 2016:6.
- [28] Zhao X, Chen F, Feng Z, et al. The temporal lagged association between meteorological factors and malaria in 30 counties in south-west China: a multilevel distributed lag non-linear analysis [J]. Malaria J, 2014, 13:57.
- [29] 刘起勇. 气候变化对中国媒介生物传染病的影响及应对——重大研究发现及未来研究建议[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2021, 32(1):1-11.
- [30] Paaajmans KP, Blanford S, Bell AS, et al. Influence of climate on malaria transmission depends on daily temperature variation [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2010, 107(34):15135-15139.
- [31] Huang F, Zhou S, Zhang S, et al. Temporal correlation analysis between malaria and meteorological factors in Motuo County, Tibet [J]. Malaria J, 2011, 10:54.
- [32] 齐小秋. 疟疾防治手册. 第 3 版[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2007.
- 【收稿日期】 2023-08-04 【修回日期】 2023-11-01