

DOI:10.13350/j.cjpb.230822

· 综述 ·

## 棘球绦虫终末宿主感染情况研究进展

邓雪莹, 黄嫣, 官亚宜, 伍卫平\*

(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)

**【摘要】** 棘球蚴病是由棘球绦虫引起的严重人兽共患寄生虫病, 其中细粒棘球绦虫和多房棘球绦虫的感染率较高, 犬科动物做为其主要终末宿主引起广泛关注。本文综述近年来国内外有关细粒棘球绦虫和多房棘球绦虫终末宿主感染情况研究进展, 以为棘球蚴病防治提供参考。

**【关键词】** 棘球蚴病; 终末宿主; 感染情况; 综述

**【中图分类号】** R532.32

**【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1673-5234(2023)08-0978-05

[Journal of Pathogen Biology. 2023 Aug;18(8):978-982.]

### Research progress in terminal host infection of *Echinococcus aureus*

DENG Xueying, KUI Yan, GUAN Yayi, WU Weiping (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)

**【Abstract】** Echinococcosis is a serious zoonotic parasitic disease caused by *Echinococcus spp.*. The infection rates of *E. granulosus* and *E. multilocularis* at a high level, and the canine animals as the main terminal host of Echinococcosis have attracted extensive attention. In this paper, we review the research progress of *E. granulosus* and *E. multilocularis* terminal host infection in recent years in order to provide reference for the prevention and treatment of echinococcosis.

**【Key words】** echinococcosis; terminal host; status of infection; review

\* 棘球蚴病(echinococcosis)(又称包虫病 hydatidosis), 是由棘球绦虫幼虫(棘球蚴)所引起的人兽共患疾病, 目前公认的有4种能感染人的棘球绦虫, 即: 细粒棘球绦虫(*Echinococcus granulosus*, Eg)、多房棘球绦虫(*Echinococcus multilocularis*, Em)、少节棘球绦虫(*Echinococcus oligarthrus*)和伏氏棘球绦虫(*Echinococcus vogeli*)。我国流行细粒棘球蚴和多房棘球蚴引起的囊型棘球蚴病(cystic echinococcosis, CE)和泡型棘球蚴病(alveolar echinococcosis, AE)<sup>[1]</sup>, 严重影响人群的健康, 并带来了极大的经济负担。犬科动物是细粒棘球绦虫和多房棘球绦虫的主要终末宿主<sup>[1]</sup>, 人主要因摄入的棘球绦虫卵而感染致病。因此了解犬科动物棘球蚴病感染的情况对于棘球蚴病的精准防控有着重要意义, 本文就棘球绦虫终末宿主感染情况研究进展进行综述。

### 1 棘球绦虫分布情况

细粒棘球绦虫呈世界性分布<sup>[1]</sup>。以犬科和猫科动物为终末宿主, 以绵羊、山羊、黄牛等家养牲畜为主要中间宿主<sup>[2]</sup>。犬科棘球绦虫感染率高的区域主要位于欧亚大陆的地中海、俄罗斯联邦以及非洲、大洋洲和南美洲。在我国, 细粒棘球绦虫及多房棘球绦虫主要分布于西藏、新疆、青海、四川、甘肃、内蒙古等西部牧区<sup>[3]</sup>。

多房棘球绦虫的分布仅限于北半球, 主要分布于在中欧和东欧, 北亚和北美部分地区。此外, 其中流行较严重的地区, 包括中欧、波罗的海国家、土耳其、俄罗斯、吉尔吉斯斯坦、蒙古、日本、阿拉斯加西部<sup>[3]</sup>和我国的西部地区, 其典型循环为犬科

食肉动物和啮齿动物间的野生循环, 主要终末宿主为犬科食肉动物<sup>[4]</sup>。

### 2 棘球绦虫终末宿主感染情况

在大多数地中海国家, 家犬的感染率很高, 最高可达65%<sup>[5]</sup>。一项在摩洛哥西北部的 Sidi Kacem 省开展的研究显示, 研究者通过槟榔碱导泻法得出家犬的细粒棘球蚴感染率为35.3%, 且靠近农村屠宰场与高感染率呈正相关。农村地区犬的感染风险(38.0%)高于城市地区(18.8%), 有屠宰场的农村地区(62.7%)高于无屠宰场的农村地区(29.1%)<sup>[6]</sup>。据估计, 利比亚无主犬和家犬中 Eg 抗原阳性率分别为 21.6% 和 25.8%<sup>[7]</sup>。Chaabane-BanaouesR 等<sup>[8]</sup>分别从突尼斯四个不同的气候区(半湿润, 半干旱, 干旱和沙漠)收集了 1 095 份犬粪, 通过分子检测技术得出不同地区的犬粪便被细粒棘球绦虫卵污染指数为 8.3%~41.3%。在斯洛伐克, Jarosova 等<sup>[9]</sup>在 110 份家犬的粪便样本中, 从 3 份粪便中检测到多房棘球绦虫 DNA, 总体阳性率为 2.7%。此外, 家犬也被认为是潜在的重要宿主, 通过与主人一起旅行或非法进口宠物将多房棘球绦虫引入新的非流行区地区, 以及由于它们与人类的密切联系, 在流行区传播多房棘球蚴病<sup>[10-11]</sup>。在我国, 家犬作为细粒棘球绦

\* **【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

虫和多房棘球绦虫的主要终末宿主,同时也是石渠棘球绦虫的潜在终末宿主<sup>[12-13]</sup>。根据2018-2019年全国棘球绦虫病监测分析<sup>[14]</sup>,2019年全国所有监测点筛查犬粪共计63363份,检出棘球绦虫抗原阳性712份,阳性率1.12%。各流行省、自治区和兵团监测点阳性率不同( $\chi^2=50.99, P<0.01$ ),其中最高的为陕西(2.59%),其次为云南(2.03%)和青海(1.40%)。将2016年至2019年各流行省区(兵团)监测点阳性率进行趋势检验,全国监测点阳性率总体呈下降趋势( $Z=18.69, P<0.01$ ),其中陕西省阳性率呈上升趋势( $Z=-3.36, P<0.01$ ),四川、宁夏和新疆生产建设兵团阳性率无明显变化( $P>0.05$ ),其余各省区阳性率均呈下降趋势( $P<0.05$ )。新疆全区犬粪棘球绦虫抗原阳性率为2.63%<sup>[15]</sup>,在新疆喀什地区,研究者用细粒棘球绦虫犬粪抗原ELISA检测试剂盒对收集的760份犬粪样品进行检测,共检测出27份阳性样品,总感染率为3.55%(27/760);其中,牧区5.12%(19/371),农区2.06%(8/389)<sup>[16]</sup>。同样,尉犁县为38.71%<sup>[17]</sup>,泽普县为41.63%<sup>[18]</sup>。在四川西部,董国兴等<sup>[19]</sup>于2021年通过夹心ELISA方法对阿坝州、甘孜州、凉山州以及雅安市的犬粪样本进行检测。结果显示,阿坝县阳性率为1.0%(2/200),德格县阳性率为5.5%(11/200),乡城县阳性率为4.5%(9/200),木里县阳性率为5.0%(10/200),天全县阳性率为0.5%(1/200),其余市(县)均未检测出阳性样本。与2012年(32.3%)、2018年(8.1%)四川省犬细粒棘球绦虫感染率相比,2021年(1%)四川省犬棘球绦虫感染率明显降低。2011-2016年甘肃省<sup>[20]</sup>天祝县犬棘球绦虫感染率由7.38%下降为3.04%,下降55.64%,并呈逐年下降趋势,2011年与2016年感染率比较,差异有统计学意义( $\chi^2=47.8, P<0.001$ )。在内蒙古,王玉莹等<sup>[21]</sup>利用夹心ELISA法,对终末宿主家犬的棘球绦虫抗原检测结果表明,2010-2019年内蒙古自治区犬棘球绦虫抗原阳性率较高的地区主要集中在新巴尔虎右旗和西乌珠穆沁旗,分别为6.734%和3.418%。研究人员分别调查了青海省湟中县<sup>[22]</sup>,民和县<sup>[23]</sup>,都兰县<sup>[24]</sup>,其犬棘球绦虫抗原阳性率分别为12.2%(11/90),2.8%(5/180),53.3%(16/30)。2012-2017年云南省棘球绦虫病流行病学调查中<sup>[25]</sup>,云南省犬棘球绦虫粪抗原总阳性率为4.87%(965/19812),阳性率 $>5.00\%$ 的有隆阳区(8.41%,28/333)、香格里拉市(8.13%,263/3234)、泸水县(7.21%,22/305)、洱源县(7.15%,263/3677)、福贡县(6.54%,20/306)和牟定县(5.18%,16/309),各县之间犬棘球绦虫抗原阳性率差异有统计学意义( $P<0.05$ )。康珠益西等<sup>[26]</sup>于2016年8月-10月调查西藏自治区犬棘球绦虫的感染情况,西藏自治区犬棘球绦虫的犬粪抗原阳性率为6.13%,那曲、阿里、山南、拉萨、昌都、日喀则、林芝等7个地区(市)阳性率依次为10.08%(109/1081)、8.04%(34/423)、6.87%(64/932)、6.30%(66/1047)、5.74%(78/1358)、4.64%(89/1917)和3.59%(18/501),差异有统计学意义( $P<0.01$ )。

根据 $>3\%$ 的终末宿主多房棘球绦虫感染率进行排名,结果从高到低依次为:赤狐、北极狐、金豺、貉和狼<sup>[4]</sup>。尽管关于金豺和北极狐的数据很少,但它们提供了证据,且寄生虫在研究个体中的感染率很高,斯瓦尔巴群岛北极狐为10%(95%CI:6-12)<sup>[27]</sup>,匈牙利金豺为4.7%(95%CI:0.1-15.3)<sup>[28]</sup>,支持这两种动物可能是多房棘球绦虫的重要终末宿主,提示北极狐和

金豺在多房棘球绦虫的维持和传播中可能发挥重要作用<sup>[4]</sup>。

赤狐(*Vulpes vulpes*)作为欧洲地区主要终末宿主,其感染情况引起广泛关注。据估计,赤狐多房棘球绦虫的最高感染率似乎集中在欧洲中部和东北部。Avcioglu等<sup>[29]</sup>应用分子检测技术研究土耳其赤狐多房棘球绦虫感染情况时,查得赤狐尸体肠道中多房棘球绦虫感染率为42%,其中埃尔祖鲁姆作为AE高流行区,赤狐多房棘球绦虫感染率为10.5%。Ziadinov等<sup>[30]</sup>对吉尔吉斯斯坦中部Naryn州的赤狐寄生虫区系进行了研究,以调查多房棘球绦虫在该高流行地区的丰度,对151只赤狐进行了尸检,其中96只(64%)感染多房棘球绦虫,平均每只赤狐感染8669只。城市中也有发现狐狸多房棘球绦虫感染率增高<sup>[29]</sup>,在欧洲的几个城市已经报告了感染多房棘球绦虫的狐狸,城市居民感染的风险一直在增加。在苏黎世发现存在城市活跃的传播循环<sup>[31]</sup>,这可能与人为食物投放有关。埃尔祖鲁姆中心区的狐狸尸体和粪便样本中多房棘球绦虫的相对高感染率表明,这些区域的狐狸已经适应了人类环境<sup>[29]</sup>。赤狐在我国为多房棘球绦虫主要终末宿主。尚婧晔等<sup>[32]</sup>于2016年对在甘孜州石渠县采集的野生犬科动物粪样进行宿主鉴定,发现赤狐棘球绦虫阳性感染率为12.5%。黄荣等<sup>[33]</sup>应用分子检测技术调查青海省野生犬科动物棘球绦虫感染情况时,发现海晏县赤狐棘球绦虫感染率为10.53%(4/38),均为多房棘球绦虫感染。

狼作为细粒棘球绦虫的终末宿主在北半球有广泛的自然分布,在欧洲、意大利、保加利亚和芬兰都报道了这种寄生虫在天然狼群中的存在<sup>[4]</sup>。研究者<sup>[34]</sup>于2012年至2017年在美国怀俄明州调查细粒棘球绦虫在野生犬科动物中的感染和分布情况。通过分子检测技术发现22只灰狼中有14只(63.6%),182只土狼中有1只(0.55%)感染细粒棘球绦虫。在西班牙27只利比亚狼中,检测出4只带有细粒棘球绦虫DNA,阳性率为14.81%<sup>[35]</sup>。Jarosova等<sup>[9]</sup>从斯洛伐克中部和东部三个环境保护程度较好的地点采集狼粪便样本,112份粪样中35.7%检测出了多房棘球绦虫DNA,其中斯洛伐克东北部的波洛尼国家公园的检出率最高(51.2%)。在我国,尚婧晔等<sup>[32]</sup>2016年对在甘孜州石渠县采集的野生犬科动物粪样进行宿主鉴定及棘球绦虫感染情况调查中发现,狼棘球绦虫抗原阳性率为13.2%(7/53)。2014-2018年青海省称多县狼多房棘球绦虫感染率为37.5%(3/8)<sup>[33]</sup>。

貉起源于东亚,1929年至1955年被引入前苏联的欧洲部分地区。在它被引入后的几十年里,它在欧洲迅速扩散<sup>[36]</sup>。在自然条件下,貉在多房棘球绦虫卵污染环境作用还不清楚。据报道,貉体内的多房棘球绦虫感染率在拉脱维亚为14.3%,在爱沙尼亚、立陶宛、波兰等其他欧洲国家和地区,多房棘球绦虫在貉中的感染率为1.6%~8.2%<sup>[37-38]</sup>。

在北极,多房棘球绦虫依靠北极狐或家犬作为其终末宿主,研究者2000年和2004年在挪威斯瓦尔巴特群岛解剖发现北极狐多房棘球绦虫阳性率分别为5.04%(7/139)、41.02%(137/334)<sup>[39]</sup>。其他研究者于1996年至2004年间对捕获的353只北极狐进行解剖发现多房棘球绦虫阳性率为8.5%(30/353)<sup>[40]</sup>。

2013年匈牙利报道射杀的11只金豺中发现其中一只感染多房棘球绦虫,这是欧洲及匈牙利首次报道在金豺中首次发现

多房棘球绦虫的记录<sup>[28]</sup>。值得注意的是,由于栖息地的需要,北极狐被限制在欧洲北部地区和非洲大陆,但金豺种群似乎有从欧洲东部国家和非洲大陆向西迁移的趋势,在考虑多房棘球绦虫未来潜在传播风险时应该考虑到这一点<sup>[4]</sup>。

我国青藏高原东部牧区是世界上 AE 流行最严重的疫区,藏狐和家犬是当地多房棘球绦虫重要的终末宿主,其中藏狐还被证明在已知分布范围内是石渠棘球绦虫的终末宿主<sup>[40]</sup>。四川省西部地区藏狐多房棘球绦虫感染率为 44.4% (76/171)<sup>[41]</sup>。研究者于 2008-2011 在甘孜藏族自治州查藏狐 193 只,解剖发现多房棘球绦虫感染率为 51.8%<sup>[42]</sup>。2012 年,左清秋等<sup>[43]</sup>应用 DNA 条形码技术对 37 份采自四川省石渠县的藏狐粪便进行带绦虫鉴定,得出石渠县藏狐多房棘球绦虫和石渠棘球绦虫的感染率为 8.11%~40.54%。黄荣等<sup>[33]</sup>于 2014-2018 年在青海省称多县应用分子检测技术调查藏狐棘球绦虫感染率为 38.46% (10/26),其中多房棘球绦虫感染率为 7.69% (2/26),石渠棘球绦虫感染率为 30.77% (8/26)。

沙狐是我国内蒙古地区及俄罗斯周边地区主要的多房棘球绦虫终末宿主,国内首次记录内蒙古呼伦贝尔草原沙狐多房棘球绦虫感染率为 33.3% (2/6)<sup>[44]</sup>,大兴安岭北麓沙狐多房棘球绦虫感染率为 6.42% (12/187)<sup>[45]</sup>。研究者于 1998-1999 年在内蒙古新巴尔虎右旗检查捕获的沙狐 36 只,发现其中一只沙狐单独感染西伯利亚棘球绦虫,另一只沙狐混合感染西伯利亚棘球绦虫和多房棘球绦虫<sup>[46]</sup>。另外,棘球绦虫病虽是呼伦贝尔草原上常见的一种寄生虫病,群众称之为“二号癌病”,在啮齿动物(布氏田鼠及长爪田鼠)中多房棘球绦虫感染率高,但未见有人群病例报道,同时不排除存在泡型棘球绦虫的病例,有关本草原人群感染此疾病的情况急待进一步调研<sup>[44]</sup>。

狮子和斑点鬣狗也被证实为棘球绦虫终末宿主,Kagendo 等<sup>[47]</sup>在肯尼亚 6 个野生动物保护区内发现狮子棘球绦虫感染率为 22.95% (20/122),斑点鬣狗棘球绦虫感染率为 13.33% (8/60)。此外,猫也可作为多房棘球绦虫的终末宿主,Petavy 等<sup>[48]</sup>在法国发现 81 只猫中有 3 只自然感染,但平均每只猫只有 9 只多房棘球绦虫。2018 年,崔小玉等<sup>[49]</sup>在青海省玛沁县收集的动物粪便中检测到家猫棘球绦虫阳性率为 60% (3/5),兔棘球绦虫阳性率为 20% (1/5)。

### 3 结语

家犬是细粒棘球绦虫主要的终末宿主,其他野生犬科动物细粒棘球绦虫感染率也较高,可能是捕食了细粒棘球绦虫阳性的家畜或其他有蹄动物。如狼的饮食因地区而异,但它们最大的营养来源是牲畜,其中大部分是腐肉,这是细粒棘球绦虫的潜在来源<sup>[35]</sup>。狐狸在澳大利亚城市很常见,它们很容易接触到在路上被杀死的大型有蹄类动物的尸体,如巨型袋鼠等,也很容易接触到城市附近农场中死亡的羊的尸体<sup>[50]</sup>。因此加强牲畜的管理及道路上动物尸体的回收在降低野生动物感染细粒棘球绦虫的风险具有潜在意义。

多房棘球绦虫病是野生犬科动物人畜共患病中最严重的一种。近年来,人群 AE 在中欧和东欧出现,可能与赤狐和金豺数量的增长有关,特别是由于狂犬病疫苗接种<sup>[51-52]</sup>和这些野生犬科动物动物入侵城市地区。AE 通过野生犬科动物和家犬传播给人类,其中猎人和狩猎护林员的流行病学重要性仍然很大

程度上未知<sup>[53]</sup>。自然栖息地的破坏导致野生动物与家养动物以及人类的接触越来越频繁,从而带来了病原体从森林向家养或共人类循环溢出的风险<sup>[54-55]</sup>。

此外,猫也可作为多房棘球绦虫的终末宿主<sup>[48]</sup>,虽然猫可能比狗更容易感染多房棘球绦虫,但其虫卵的排出量低,估计其在多房棘球绦虫传播方面意义不高。另一方面,狗可能在向人类传播棘球绦虫病方面发挥了非常重要的作用,但与狐狸相比,狗对啮齿动物栖息地的污染可能没有太大影响<sup>[56]</sup>。

狼的主要食物主要是大型有蹄类动物,但也可以辅以各种大型啮齿类动物(麝鼠、海狸、海狸鼠),它们可以从这些动物中感染多房棘球绦虫<sup>[57]</sup>,同时大型犬科动物可以显著影响小型啮齿动物的分布和数量,这可能在很大程度上影响多房棘球绦虫的传播动态,这一事实也必须被考虑在内<sup>[58]</sup>,如在流浪犬具有重要流行病学意义的泡型棘球绦虫病流行区(四川省甘孜州石渠县),将流浪犬控制措施与家犬拴养及犬只月月驱虫措施相结合,可显著降低中间宿主(高原鼠兔,田鼠等)感染多房棘球绦虫的风险,加快 AE 控制进程<sup>[59]</sup>。

近年来随着我国人口流动加大,畜牧业的发展,各地区间牲畜和其他牲畜产品的流通等原因,棘球绦虫病有由牧业区向农业区和城区扩散,并呈由西部和北部向东部和南部蔓延的趋势,我国非流行区也时有棘球绦虫病新发病例报道,多为输入性病例,这提示要加强棘球绦虫病非流行区的监测及管理,加强流行区宿主动物的检疫,限制染疫动物的流动,防止棘球绦虫病蔓延<sup>[60]</sup>。

综上所述,棘球绦虫病在世界多地发生,细粒棘球绦虫和多房棘球绦虫终末宿主涉及多种犬科食肉动物,且感染率相差各异,今后的防控重点还需以确定驱虫重点区域,控制传染源为主。

### 【参考文献】

- [1] Eckert J, Gemmell MA, Meslin FX, et al. WHO/OIE manual on *Echinococcosis* in humans and animals: a public health problem of global concern [M]. World Organisation for Animal Health, 2001.
- [2] Grosso G, Gruttaduria S, Biondi A, et al. Worldwide epidemiology of liver hydatidosis including the Mediterranean area [J]. World J Gastroenterol, 2012, 18(13): 1425-1437.
- [3] Deplazes P, Rinaldi L, Alvarez Rojas CA, et al. Global distribution of alveolar and cystic echinococcosis [J]. Adv Parasitol, 2017, 95: 315-493.
- [4] Oksanen A, Siles-Lucas M, Karamon J, et al. The geographical distribution and prevalence of *Echinococcus multilocularis* in animals in the European Union and adjacent countries: a systematic review and meta-analysis [J]. Parasit Vectors, 2016, 9(1): 519.
- [5] Seimenis A. Overview of the epidemiological situation on echinococcosis in the Mediterranean region [J]. Acta Trop, 2003, 85(2): 191-195.
- [6] Dakkak A, El Berbri I, Petavy AF, et al. Echinococcus granulosus infection in dogs in Sidi Kacem Province (North-West Morocco) [J]. Acta Trop, 2017, 165: 26-32.
- [7] Buishi IE, Njoroge EM, Bouamra O, et al. Canine echinococcosis in northwest Libya: assessment of coproantigen ELISA, and a survey of infection with analysis of risk-factors [J]. Vet Parasitol,

- 2005, 130(3-4):223-232.
- [8] Chaabane-Banaoues R, Oudni-M Rad M, Cabaret J, et al. Infection of dogs with *Echinococcus granulosus*: causes and consequences in an hyperendemic area[J]. Parasit Vectors, 2015, 8:231.
- [9] Jarosova J, Antolova D, Snabel V, et al. The fox tapeworm, *Echinococcus multilocularis*, in grey wolves and dogs in Slovakia: epidemiology and genetic analysis[J]. J Helminthol, 2020, 94:e168.
- [10] Torgerson PR, Craig PS. Risk assessment of importation of dogs infected with *Echinococcus multilocularis* into the UK[J]. Vet Rec. 2009, 165(13):366-368.
- [11] Davidson RK, Romig T, Jenkins E, et al. The impact of globalisation on the distribution of *Echinococcus multilocularis* [J]. Trends Parasitol. 2012, 28(6):239-247.
- [12] Weng X, Mu Z, Wei X, et al. The effects of dog management on *Echinococcus* spp. Prevalence in villages on the eastern Tibetan Plateau, China[J]. Parasit Vectors, 2020, 13(1):207.
- [13] Xiao N, Nakao M, Qiu J, et al. Dual infection of animal hosts with different *Echinococcus* species in the eastern Qinghai-Tibet plateau region of China[J]. Am J Trop Med Hyg, 2006, 75(2):292-294.
- [14] 黄嫣, 伍卫平, 韩帅, 等. 2018-2019 全国棘球蚴病监测分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2021, 16(9):1025-1029.
- [15] 买买提江·吾买尔, 伊斯拉音·乌斯曼, 阿迪力·司马义, 等. 新疆维吾尔自治区动物棘球绦虫感染调查分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2017, 35(2):145-149.
- [16] 努尔麦麦提·麦麦提敏, 姜水兵, 郭良帅. 新疆喀什地区犬细粒棘球绦虫感染情况的调查[J]. 湖北畜牧兽医, 2021, 42(11):5-6.
- [17] 马伟, 布玛丽亚·伊玛木, 闫昊. 新疆尉犁县犬细粒棘球绦虫流行病学调查[J]. 畜牧兽医学(电子版), 2020(15):11-12.
- [18] 马伟, 艾山, 闫昊. 泽普县犬细粒棘球绦虫流行病学调查及风险因素的初探[J]. 新疆畜牧业, 2020, 35(4):29-31.
- [19] 董国兴, 阳爱国, 陈焱, 等. 2021 年川西重点流行地区犬细粒棘球绦虫感染情况监测[J]. 四川畜牧兽医, 2022, 49(6):27-29.
- [20] 张鹏, 蔡开辉. 2011-2016 年甘肃省天祝县犬细粒棘球绦虫感染监测分析[J]. 疾病监测, 2018, 33(8):700-702.
- [21] 王玉莹, 姜晓峰, 郝慧霞, 等. 2010-2019 年内蒙古自治区棘球蚴病流行特征及防治效果分析[J]. 热带病与寄生虫学, 2021, 19(1):6-9, 31.
- [22] 夏玉芬. 用 ELISA 粪抗原检查法调查湟中县犬细粒棘球绦虫的感染情况[J]. 青海畜牧兽医杂志, 2018, 48(3):35-37.
- [23] 张学忠, 李生福. 民和县犬细粒棘球绦虫病防治效果调查[J]. 青海畜牧兽医杂志, 2018, 48(1):37-52.
- [24] 王守政, 杨秀本, 卢秋霞. 都兰县家牧犬细粒棘球绦虫感染情况调查[J]. 中国动物检疫, 2013, 30(5):40-41.
- [25] 李奔福, 吴方伟, 严信留, 等. 2012-2017 年云南省棘球蚴病流行病学分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2019, 37(5):576-582.
- [26] 康珠益西, 郑灿军, 何瑞峰, 等. 西藏自治区犬棘球绦虫感染现状调查与分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2018, 36(1):35-37.
- [27] Stien A, Voutilainen L, Haukisalme V, et al. Intestinal parasites of the Arctic fox in relation to the abundance and distribution of intermediate hosts[J]. Parasitology, 2010, 137(1):149-157.
- [28] Szell Z, Marucci G, Pozio E, et al. *Echinococcus multilocularis* and *Trichinella spiralis* in golden jackals (*Canis aureus*) of Hungary[J]. Vet Parasitol, 2013, 197(1-2):393-396.
- [29] Avcioglu H, Guven E, Balkaya I, et al. *Echinococcus multilocularis* in Red Foxes in Turkey: increasing risk in urban[J]. Acta Tropica, 2021, 216:105826.
- [30] Ziadinov I, Deplazes P, Mathis A, et al. Frequency distribution of *Echinococcus multilocularis* and other helminths of foxes in Kyrgyzstan[J]. Vet Parasitol, 2010, 171(3-4):286-292.
- [31] Heggin D, Ward PI, Deplazes P. Anthelmintic baiting of foxes against urban contamination with *Echinococcus multilocularis* [J]. Emerg Infect Dis, 2003, 9(10):1266-1272.
- [32] 尚婧晔, 张光霞, 丹巴泽里, 等. 基于粪便样本的野生犬科动物物种鉴别与棘球绦虫感染调查[J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(12):3546-3556.
- [33] 黄荣, 朵红, 沈秀英, 等. 青海省野生犬科动物棘球绦虫感染状况调查及防控研究[J]. 青海大学学报(自然科学版), 2021, 39(5):64-68, 76.
- [34] Pipas MJ, Fowler DR, Bardsley KD, et al. Survey of coyotes, red foxes and wolves from Wyoming, USA, for *Echinococcus granulosus* s. l.[J]. Parasitol Res, 2021, 120(4):1335-1340.
- [35] Sobrino R, Gonzalez LM, Vicente J, et al. *Echinococcus granulosus* (Cestoda, Taeniidae) in the Iberian wolf[J]. Parasitol Res, 2006, 99(6):753-756.
- [36] Kauhala K, Kowalczyk R. Invasion of the raccoon dog *Nyctereutes procyonoides* in Europe: History of colonization, features behind its success, and threats to native fauna [J]. Curr Zool, 2011, 57(5):584-598.
- [37] Bruzinskaite-Schmidhalter R, Sarkunas M, Malakauskas A, et al. Helminths of red foxes (*Vulpes vulpes*) and raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*) in Lithuania[J]. Parasitology, 2012, 139(1):120-127.
- [38] Laurimaa L, Suld K, Moks E, et al. First report of the zoonotic tapeworm *Echinococcus multilocularis* in raccoon dogs in Estonia, and comparisons with other countries in Europe[J]. Vet Parasitol, 2015, 212(3-4):200-205.
- [39] Fuglei E, Stien A, Yoccoz NG, et al. Spatial distribution of *Echinococcus multilocularis*, Svalbard, Norway [J]. Emerg Infect Dis, 2008, 14(1):73-75.
- [40] Xiao N, Qiu J, Nakao M, et al. *Echinococcus shiquicus* n. sp., a taeniid cestode from Tibetan fox and plateau pika in China[J]. Int J Parasitol, 2005, 35(6):693-701.
- [41] 邱加闽, 刘凤洁, Schantz Peter, 等. 四川西部藏区包虫病流行病学研究——I. 囊型包虫病与泡型包虫病人群感染特点与分布趋势[J]. 中国人兽共患病杂志, 2000(2):77-80.
- [42] 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]. 寄生虫学与感染性疾病, 2015, 13(2):73-80.
- [43] 左清秋. 藏狐种群带科寄生虫感染情况研究[D]. 上海:华东科技大学, 2016.
- [44] 唐崇惕, 崔贵文, 钱玉春, 等. 内蒙古呼伦贝尔草原多房棘球蚴病原的调查[J]. 动物学报, 1988, 2:172-179.
- [45] 唐崇惕, 崔贵文, 钱玉春, 等. 我国内蒙古大兴安岭北麓泡状肝包虫种类的研究 I. 多房棘球绦虫[J]. 中国人兽共患病学报, 2006, 12:1089-1094.

- [46] 唐崇惕,唐亮,钱玉春,等. 内蒙古东部新巴尔虎右旗泡状肝包虫病病原种类及流行病学调查[J]. 厦门大学学报(自然科学版),2001,2:503-511.
- [47] Kagendo D, Magambo J, Agola E L, et al. A survey for *Echinococcus* spp. of carnivores in six wildlife conservation areas in Kenya[J]. Parasitol Int, 2014, 63(4):604-611.
- [48] Petavy AF, Tenora F, Deblock S, et al. *Echinococcus multilocularis* in domestic cats in France; A potential risk factor for alveolar hydatid disease contamination in humans[J]. Vet Parasitol, 2000, 87(2):151-156.
- [49] 崔小玉. 基于粪便 DNA 的青海省玛沁县棘球绦虫终末宿主感染情况研究[D]. 北京:中国疾病预防控制中心,2020.
- [50] Jenkins DJ, Craig NA. The role of foxes *Vulpes vulpes* in the epidemiology of *Echinococcus granulosus* in urban environments [J]. Med J Aust, 1992, 157(11-12):754-756.
- [51] Deplazes P, van Knapen F, Schweiger A, et al. Role of pet dogs and cats in the transmission of helminthic zoonoses in Europe, with a focus on echinococcosis and toxocarosis[J]. Veterinary Parasitology, 2011, 182(1):41-53.
- [52] Vuitton DA, Demonmerot F, Knapp J, et al. Clinical epidemiology of human AE in Europe[J]. Veterinary Parasitology, 2015, 213(3-4):110-120.
- [53] Dellling C, Bottcher D, Cabrera-Garcia IA, et al. Clinical, pathological and parasitological examinations of a German spaniel with alveolar echinococcosis, Germany, 2018 [J]. Vet Parasitol Reg Stud Reports, 2020, 20:100403.
- [54] Hassell JM, Begon M, Ward MJ, et al. Urbanization and disease emergence: dynamics at the wildlife-livestock-human interface [J]. Trends Ecol Evol, 2017, 32(1):55-67.
- [55] Duscher GG, Leschnik M, Fuehrer HP, et al. Wildlife reservoirs for vector-borne canine, feline and zoonotic infections in Austria [J]. Int J Parasitol Parasites Wildl, 2014, 4(1):88-96.
- [56] Deplazes P, van Knapen F, Schweiger A, et al. Role of pet dogs and cats in the transmission of helminthic zoonoses in Europe, with a focus on echinococcosis and toxocarosis[J]. Vet Parasitol, 2011, 182(1):41-53.
- [57] Romig T, Deplazes P, Jenkins D, et al. Ecology and life cycle patterns of *Echinococcus* Species [J]. Adv Parasitol, 2017, 95:213-314.
- [58] Hegglin D, Bontadina F, Deplazes P. Human-wildlife interactions and zoonotic transmission of *Echinococcus multilocularis* [J]. Trends Parasitol, 2015, 31(5):167-173.
- [59] 杨柳,何伟,王奇,等. 降低流浪犬密度对小型哺乳类动物棘球绦虫感染情况的影响[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2021, 39(2):156-160.
- [60] 韩帅,伍卫平,薛垂召. 2017年全国棘球绦虫非流行区报告病例分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2019, 14(8):901-904, 909
- 【收稿日期】 2023-02-16 【修回日期】 2023-05-06
- 
- (上接 977 页)
- [26] Vythilingam I, Phetsouvanh R, Keokenchanh K, et al. The prevalence of *Anopheles* (Diptera: Culicidae) mosquitoes in Sekong Province, Lao PDR in relation to malaria transmission [J]. Trop Med Int Health, 2003, 8(6):525-535
- [27] Van Bortel W, Trung HD, Thuan le K, et al. The insecticide resistance status of malaria vectors in the Mekong region [J]. Malar J, 2008, 7:102.
- [28] Souris M, Marcombe S, Laforet J, et al. Modeling spatial variation in risk of presence and insecticide resistance for malaria vectors in Laos [J]. PLoS One, 2017, 12(5):e0177274
- [29] Pholsena K. The malaria situation and antimalaria program in Laos [J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 1992, 23 (Suppl 4):39-42.
- [30] Marcombe S, Bobichon J, Somphong B, et al. Insecticide resistance status of malaria vectors in Lao PDR [J]. PLoS One, 2017, 12(4):e0175984
- [31] Schwobel B, Jordan S, Vanisaveth V, et al. Therapeutic efficacy of chloroquine plus sulphadoxine/ pyrimethamine compared with monotherapy with either chloroquine or sulphadoxine/pyrimethamine in uncomplicated *Plasmodium falciparum* malaria in Laos [J]. Trop Med Int Health, 2003, 8(1):19-24
- [32] Dittrich S, Alifrangis M, Stohrer JM, et al. *Falciparum* malaria in the north of Laos: the occurrence and implications of the *Plasmodium falciparum* chloroquine resistance transporter (pfcrt) gene haplotype SVMNT [J]. Trop Med Int Health, 2005, 10 (12):1267-1270
- [33] Mayxay M, Nair S, Sudimack D, et al. Combined molecular and clinical assessment of *Plasmodium falciparum* antimalarial drug resistance in the Lao People's Democratic Republic (Laos) [J]. Am J Trop Med Hyg, 2007, 77(1):36-43.
- [34] Noeld H, Se Y, Schaecher K, et al. Evidence of artemisinin-resistant malaria in western Cambodia [J]. N Engl J Med, 2008, 359:2619-2620.
- [35] Ashley EA, Dhorda M, Fairhurst RM, et al. Spread of artemisinin resistance in *Plasmodium falciparum* malaria [J]. N Engl J Med, 2014, 371(5):411-423
- [36] Iwagami M, Nakatsu M, Khattignavong P, et al. Heterogeneous distribution of k13 mutations in *Plasmodium falciparum* in Laos [J]. Malar J, 2018, 17(1):483
- [37] Hamilton WL, Amato R, van der Pluijm RW, et al. Evolution and expansion of multidrug-resistant malaria in southeast Asia: a genomic epidemiology study [J]. Lancet Infect Dis, 2019, 19(9):943-951
- [38] Imwong M, Dhorda M, Myo Tun K, et al. Molecular epidemiology of resistance to antimalarial drugs in the Greater Mekong sub-region: an observational study [J]. Lancet Infect Dis, 2020, 20 (12):1470-1480
- [39] Marcombe S, Maithaviphet S, Bobichon J, et al. New insights into malaria vector bionomics in Lao PDR: a nationwide entomology survey [J]. Malar J, 2020, 19(1):396.
- 【收稿日期】 2023-02-17 【修回日期】 2023-05-07