

# 长爪沙鼠的肝毛细线虫感染率与鼠类及猛禽密度的关系

杨进荣<sup>①②</sup> 刘志霄<sup>②</sup> 赛那<sup>③</sup> 孙长乐<sup>③</sup> 林荣凤<sup>④</sup> 师军<sup>③</sup> 王勇<sup>①\*</sup>

① 中国科学院亚热带农业生态研究所 长沙 410125; ② 吉首大学生物资源与环境科学学院 吉首 416000; ③ 内蒙古锡林郭勒盟自然保护区 锡林浩特 026000; ④ 内蒙古锡林郭勒盟阿巴嘎旗疾病预防控制中心 阿巴嘎旗 011400

**摘要:** 为研究鼠类密度和猛禽密度对鼠类肝毛细线虫 (*Capillaria hepatica*) 感染率的影响, 作者于 2004 年 7 月在内蒙古锡林郭勒盟阿巴嘎旗北部和东乌珠穆沁旗西南部典型草原草场选取了 14 个实验样地, 采用洞口计数法 (四分之一圆面积法) 调查估计各实验样地内长爪沙鼠 (*Meriones unguiculatus*) 密度, 同时采用夹线调查法捕获鼠类样本, 进行常规解剖获取肝毛细线虫的感染数据。采用目测计数法统计猛禽的出现频次, 并以其出现频次作为猛禽的相对密度指标。实验样地共捕获长爪沙鼠 1 058 只, 观察到鹰隼类活动 69 只次。数据分析结果表明, 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与鼠类密度之间存在极显著的正相关关系 ( $P < 0.01$ ,  $R^2 = 0.926$ ), 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与猛禽密度之间亦存在极显著的正相关关系 ( $P < 0.01$ ,  $R^2 = 0.853$ )。该结果说明, 长爪沙鼠是肝毛细线虫的主要宿主, 鼠类密度和猛禽密度的升高均会增加长爪沙鼠肝毛细线虫感染率, 猛禽密度和鼠类密度之间还存在叠加效应, 猛禽的捕食作用会加快肝毛细线虫病的传播周期, 加重肝毛细线虫病疫情。

**关键词:** 长爪沙鼠; 肝毛细线虫; 感染率; 鼠类密度; 猛禽密度

**中图分类号:** Q958    **文献标识码:** A    **文章编号:** 0250-3263 (2017) 06-973-07

## Relationship between Infective Characters of *Capillaria hepatica* in Mongolian Gerbil (*Meriones unguiculatus*) and the Density of Rodents and Raptors

YANG Jin-Rong<sup>①②</sup> LIU Zhi-Xiao<sup>②</sup> Saina<sup>③</sup> SUN Chang-Le<sup>③</sup> LIN Rong-Feng<sup>④</sup>  
SHI Jun<sup>③</sup> WANG Yong<sup>①\*</sup>

① Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125; ② College of Biology and Environmental Sciences, Jishou University, Jishou 416000; ③ Xilingol Grassland Nature Reserve, Xilinhot 026000; ④ Abagaqi Centre for Disease Control and Prevention, Abagaqi 011400, China

**Abstract:** To study the relationship between infective characters of *Capillaria hepatica* in Mongolian Gerbil

**基金项目** 农业部农业技术试验示范专项 (No. 13162130108221904);

\* 通讯作者, E-mail: wangy@isa.ac.cn;

**第一作者介绍** 杨进荣, 男, 硕士研究生; 研究方向: 动物生态学; E-mail: love\_jsu@163.com。

收稿日期: 2017-01-13, 修回日期: 2017-04-16 DOI: 10.13859/j.cjz.201706006

(*Meriones unguiculatus*) and the density of rodents and raptors, this research selected 14 experimental areas in Abagaqi and Dongwuzhumuqinqi in Xilinguole League, Inner Mongolia during July 2004. We used the number of burrow method to efficiently investigate the density of *M. unguiculatus*. Standard killing trap method was adopted to capture rodent samples and we observed and counted the density of raptors within 3 km<sup>2</sup> over the experimental area at the same time. Captured rodents were subsequently dissected to check the infection of parasites. The regression analysis was used to analyze the data. Altogether 1 058 rodents were captured, and raptors were observed for 69 times (Table 1). As a result we found that the relationship between infection rate and rodent density was extremely significant ( $P < 0.01$ ,  $R^2 = 0.926$ ), and so did the relationship between infection rate and raptor density ( $P < 0.01$ ,  $R^2 = 0.853$ ). The infection rate would increase with the rising of rodent density and raptor density. Moreover, there is a significant duplicate effect between rodent density and raptor density. The predation of raptors would shorten the diffusion period of *C. hepatica* and aggravate the hepatic capillariasis.

**Key words:** *Meriones unguiculatus*; *Capillaria hepatica*; Infective characters; Rodents density; Raptors density

鼠类作为哺乳动物中种类最多、分布最广、数量最大的类群，在生态系统中起着重要作用（张知彬等 1998）。鼠类是主要的疫源动物，是多种传染性疾病的重要载体（Kruse et al. 2004）。肝毛细线虫病是由肝毛细线虫（*Capillaria hepatica*）成虫寄生在鼠类或其他哺乳动物的肝内而导致的疾病（Nabi et al. 2007）。人类（*Homo sapiens*）感染肝毛细线虫后肝会受损、发炎、纤维化，严重的会导致死亡（Ferreira et al. 1993, Gomes et al. 2006）。肝毛细线虫广泛分布于温带和热带地区，在我国许多省份也有分布，内蒙古锡林郭勒盟地区是肝毛细线虫病自然疫源地之一，该地区栖居着多种草原鼠类，这些鼠类的分布区与疫源地分布区重叠程度很高（宛新荣等 2007a）。

长爪沙鼠（*Meriones unguiculatus*）在我国主要分布在干旱、半干旱的草原地带，成群居生活，有储食越冬的习性。是草原区的主要害鼠（钟文勤等 1985）。因其分布广泛、便于观察研究，是动物行为学、生理生态学等学科良好的实验对象（张学英等 2016），也是医学研究的常用实验动物，是心血管疾病等医学实验的重要模型动物。在传染病学方面，张涛等（2014）通过长期野外监测发现，长爪沙鼠自毙

鼠是鼠疫流行的早期征兆。同时，长爪沙鼠也是卡氏肺孢子虫（*Pneumocystis carinii*）、广州管圆线虫（*Angiostrongylus cantonensis*）和菲律宾毛细线虫（*C. philippinensis*）等人畜共患寄生虫的天然宿主（Cross et al. 1978, 王鉅等 2004, 韦永芳等 2014）。然而长爪沙鼠作为内蒙古肝毛细线虫病自然疫源地的主要鼠种，目前对其与肝毛细线虫的相关研究尚少。

鼠类是寄生虫病的常见宿主，当鼠类的种群密度增大时，会向周围地区扩散。扩散的过程，不仅加剧了疾病的传播，而且扩散鼠类所携带的疾病和当地鼠类会产生交叉感染，大大增加了鼠传疾病的发生几率（宛新荣等 2007a）。已有研究人员先后开展了利用天敌防控鼠害的工作（边疆辉等 2011）。天敌与鼠类种群之间存在着紧密的相互作用关系（杜桂林等 2016），当鼠类的密度增加时，鼠类天敌的数量一般随之增加（Lomolino et al. 2003）。在内蒙古锡林郭勒地区，猛禽是长爪沙鼠的主要捕食者，长爪沙鼠又是肝毛细线虫的主要宿主，那么在猛禽、长爪沙鼠、肝毛细线虫这三者之间是否存在某些关系呢？为了探究这一问题，我们于 2004 年 7 月份在内蒙古锡林郭勒盟阿巴嘎旗和东乌珠穆沁旗的部分草场开展了调

查研究, 旨在分析长爪沙鼠对肝毛细线虫的感染率与样地鼠类和猛禽密度之间的关系, 为探讨捕食者在疾病传染模式上的作用提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究地点

2004年7月份, 锡林郭勒草原北部草场长爪沙鼠密度较高。作者在锡林郭勒盟阿巴嘎旗北部和东乌珠穆沁旗西南部的自然草场选取了14个实验样地, 样地内主要分布着克氏针茅(*Stipa krylovii*)、羊草(*Leymus chinensis*)、黄花苜蓿(*Medicago falcata*)等植物。由于长爪沙鼠在草场上的分布为斑块状, 我们选取的研究样地均在长爪沙鼠分布的斑块上, 每个样地之间的距离大约3~10 km, 样地内长爪沙鼠为优势鼠种, 草场上空也有数量较多的猛禽活动。实验样地内还有布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii*)、黑线仓鼠(*Cricetulus barabensis*)、子午沙鼠(*Meriones meridianus*)、达乌尔黄鼠(*Citellus dauricus*)、五趾跳鼠(*Allactaga sibirica*)等鼠类活动。样地内以鼠类为食的捕食者主要为大鵟(*Buteo hemilasius*)、红隼(*Falco tinnunculus*)、黑耳鸢(*Milvus migrans*)等猛禽以及几种鼬科动物。

### 1.2 实验样地鼠类密度和鼠类样本的调查方法

采用洞口计数法调查各实验样地内长爪沙鼠的密度。即以28.2 m为半径划出面积为0.25 hm<sup>2</sup>的圆形区域, 统计区域内长爪沙鼠的洞口数(施大钊等 1998)。在每个样地中选取8个圆形区域, 合计调查面积为2 hm<sup>2</sup>, 得到每公顷长爪沙鼠的洞口数。以洞口数除以这一区域内总共的捕鼠数即为洞口系数。7月份(夏季)长爪沙鼠的洞口系数为0.12(张知彬等 1998), 据此折算成单位面积的洞口密度, 从而获得长爪沙鼠种群的绝对密度(宛新荣等 2011)。长爪沙鼠密度数据即为洞口数与此系数的乘积。对于实验样本的取样则采用夹捕法, 即在每块样地放置100~200只木制鼠夹, 置于长爪沙鼠的

洞群区域, 连续24 h捕鼠, 白天每2 h检查一次, 收取捕获的鼠类样本。将样本放在密封的塑料桶内, 倒入适量的三氯甲烷熏蒸灭蚤后, 在实验室内进行常规解剖, 观察其肝感染情况(邹永波等 2014)。

### 1.3 肝毛细线虫病感染率的计算

感染肝毛细线虫后, 鼠类肝会出现淡黄色或白色斑点, 严重的会呈现丝状或絮状斑纹(黄正美 1995)。记录肝毛细线虫病的感染率数据, 以发现有肝毛细线虫虫体计为阳性(宛新荣等 2007b)。肝毛细线虫感染率 $r$ 由下式得到:  $r = (a/N) \times 100\%$ , 其中,  $N$ 表示捕获的长爪沙鼠总数,  $a$ 表示捕获的个体中感染肝毛细线虫个体数。

### 1.4 实验样地猛禽密度的调查方法

实验样地中猛禽主要为昼行性鸟类, 其体型较大, 且草原地区视野开阔, 易于观察, 因此可采用目测计数法统计猛禽的出现频次, 并以其出现频次作为其相对密度指标(宋文韬等 2016)。开阔的草原地区视野范围大约为1 km, 考虑到本次实验区域中长爪沙鼠分布为斑块状, 因此采用长3 km宽1 km的调查面积更能反映样地上空猛禽的密度, 即以鼠类调查样线为中轴, 沿中轴方向向两端各延伸至1.5 km, 垂直中轴方向两侧各延伸至0.5 km, 保证猛禽调查区域覆盖鼠类调查区域的上空, 面积为3 km<sup>2</sup>。每个样地共调查3日, 每日统计4次(上午、下午各2次), 以每日观察到的猛禽只次数的平均值表示该样地猛禽密度, 如在3 d时间内在3 km<sup>2</sup>样地中共观察到8只次猛禽, 猛禽密度为 $8 \div 3 \div 3 = 0.89$ , 表示为0.89(8)。

### 1.5 数据处理与分析

对所得数据进行初步整理, 根据洞口系数0.12(张知彬等 1998)将洞口计数法得到的洞口数折算成长爪沙鼠种群的绝对密度; 将各样地3 d内在3 km<sup>2</sup>范围内观察到的猛禽只次数折算成猛禽密度; 将猛禽密度与长爪沙鼠密度的乘积作为一个变量分析两者对寄生虫感染率的叠加关系。采用软件R3.3.2对数据进行回归

分析, 依据数据的分布趋势, 采用线性方程分析肝毛细线虫感染率与沙鼠密度和猛禽密度之间的关系, 采用  $y = kx^{1/3}$  对感染率、鼠类密度与猛禽密度的乘积进行拟合, 其中,  $x$  表示长爪沙鼠密度与猛禽密度的乘积,  $y$  表示长爪沙鼠肝毛细线虫的感染率。所有检验均为双尾。

## 2 结果与分析

本次调查的 14 个实验样地共捕获长爪沙鼠 1 058 只, 观察到鹰隼类活动 69 只次。表 1 所示为本次实验所获取的长爪沙鼠密度、猛禽密度和肝毛细线虫感染率数据。

### 2.1 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与鼠类密度的关系

对表 1 中鼠类密度与感染率的数据进一步分析表明, 长爪沙鼠肝毛细线虫的感染率与鼠类密度之间存在极显著的正相关关系 ( $y =$

$0.296 x + 7.230$ ,  $x$  表示长爪沙鼠密度,  $y$  表示长爪沙鼠肝毛细线虫感染率,  $R^2 = 0.921$ ,  $P < 0.01$ , 图 1)。

该结果表明, 肝毛细线虫感染率明显随长爪沙鼠密度的增加而升高, 当鼠类密度超过 100 ind/hm<sup>2</sup> 时, 感染率可达 40%, 这说明在此次调查的样地中, 长爪沙鼠是肝毛细线虫的重要传播宿主之一, 且肝毛细线虫的感染率与长爪沙鼠密度极显著相关。

### 2.2 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与猛禽密度的关系

长爪沙鼠肝毛细线虫感染率也会随猛禽密度的变化而变化, 回归分析的结果表明, 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与猛禽密度之间也存在极显著的正相关关系 ( $y = 19.617 x + 11.276$ ,  $x$  表示猛禽密度,  $y$  表示长爪沙鼠肝毛细线虫感染率,  $R^2 = 0.870$ ,  $P < 0.01$ , 图 2)。

表 1 长爪沙鼠、猛禽的密度与肝毛细线虫感染率

Table 1 Mongolian Gerbil density, raptor density and the infection rate of *Capillaria hepatica*

样地号 No.	洞口数 (个/hm <sup>2</sup> ) Number of burrows	长爪沙鼠密度 (ind/hm <sup>2</sup> ) Mongolian Gerbil density	猛禽密度(ind/km <sup>2</sup> ) Raptor density	猛禽密度 × 沙鼠密度 Mongolian Gerbil density × Raptor density	感染率 (%) Infection rate
1	723.0	86.76	0.89 (8)*	77.12	30.58 (37/121)**
2	760.5	91.26	1.22 (11)	111.54	32.31 (42/130)
3	923.0	110.80	1.67 (15)	184.67	40.54 (60/148)
4	580.0	69.60	0.67 (6)	46.40	26.47 (27/102)
5	541.5	64.98	0.44 (4)	28.88	27.78 (25/90)
6	308.0	36.96	0.33 (3)	12.32	22.58 (14/62)
7	685.0	82.20	1.00 (9)	82.20	32.58 (29/89)
8	283.5	34.02	0.33 (3)	11.34	17.39 (8/46)
9	321.0	38.52	0.56 (5)	39.23	23.40 (11/47)
10	121.5	14.58	0.11 (2)	1.62	10.26 (4/39)
11	238.5	28.62	0.22 (2)	6.36	11.90 (5/42)
12	102.0	12.24	0 (0)	0	6.82 (3/44)
13	86.5	10.38	0 (0)	0	9.30 (4/43)
14	162.5	19.50	0.22 (2)	4.33	16.36 (9/55)

\* 括号内数据表示 3 d 时间内在 3 km<sup>2</sup> 样地中观察到的猛禽总只次数; \*\* 括号内数据表示肝毛细线虫感染阳性数量与总捕获数量之比。

\* The data in brackets refer to the amount of raptors observed within 3 km<sup>2</sup> during 3 days; \*\* The data in brackets indicate the ratio of infectors to captured gerbils.

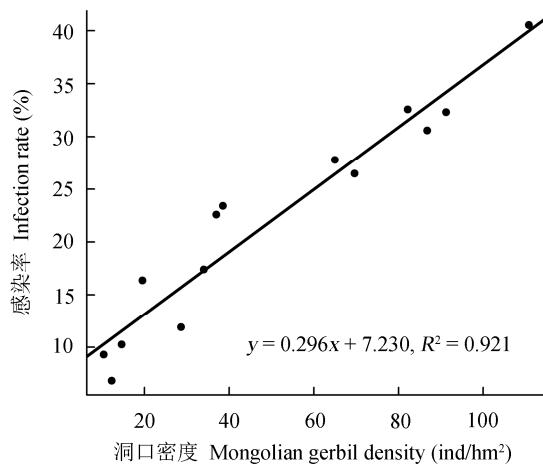


图1 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与鼠类密度的关系

Fig. 1 Relationship between infection rate and Mongolian Gerbil density

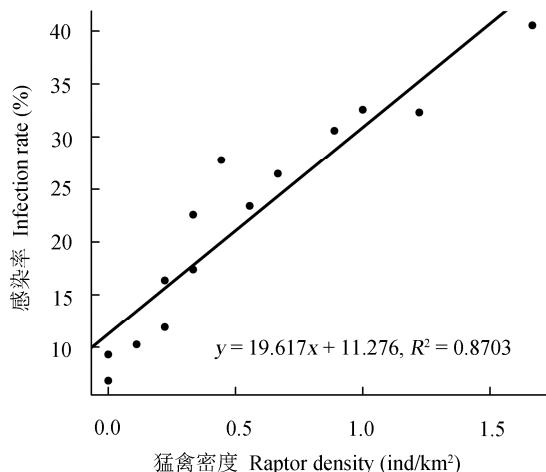


图2 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与猛禽密度的关系

Fig. 2 Relationship between infection rate and raptor density

### 2.3 寄生虫感染率与鼠类密度和猛禽密度的叠加关系

既然鼠类密度和猛禽密度都极显著影响长爪沙鼠肝毛细线虫的感染率, 那么肝毛细线虫的感染率与猛禽密度及鼠密度之间是否存在叠加关系? 为了进一步确定三者之间的关系, 根据数据分布趋势采用  $y = kx^{1/3}$  公式对感染率、鼠类密度与猛禽密度的乘积进行拟合(图3)。长爪沙鼠密度与猛禽密度对长爪沙鼠肝毛细线

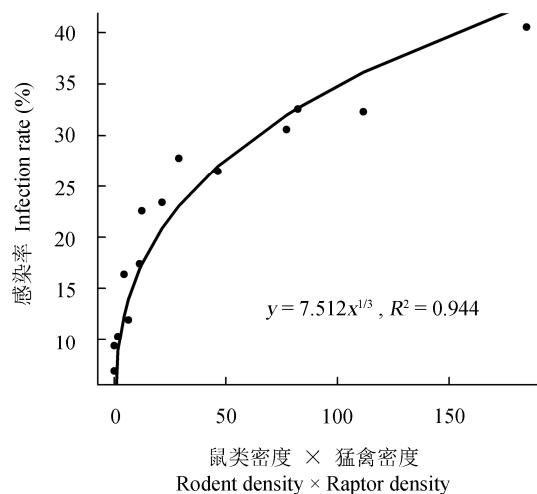


图3 长爪沙鼠肝毛细线虫感染率与鼠类密度和猛禽密度的叠加关系

Fig. 3 Relationship between infection rate and density of Mongolian Gerbil and raptors

虫感染率的影响存在极显著的叠加效应 ( $R^2 = 0.944$ ,  $P < 0.01$ ), 即鼠密度越高, 猛禽密度越高, 则感染率越高。

### 3 讨论

宛新荣等(2007a)对锡林郭勒地区肝毛细线虫病自然疫源地的调查表明, 布氏田鼠分布区与肝毛细线虫自然疫源地分布区重叠度很高(重叠度指数达到1.37), 而长爪沙鼠分布区与疫源地分布区的重叠度很低(重叠度指数为0.16), 其他鼠种分布区与疫源地分布区之间的重叠指数均为0, 因而推断布氏田鼠是肝毛细线虫病的主要宿主。对布氏田鼠肝毛细线虫病感染率的分析则表明, 布氏田鼠种群密度与肝毛细线虫感染率和感染度之间没有明显的相关关系(宛新荣等2007b)。而本研究的结果则表明, 肝毛细线虫的感染率与长爪沙鼠密度极显著相关, 说明长爪沙鼠也是肝毛细线虫的重要传播宿主。

传染性疾病依靠病原体在种内或种间传播, 其传播离不开个体之间的接触, 其感染情况与种群的密度相关。种群密度增加, 不同个

体之间接触机会增大, 携带病原的个体更容易将病原体散播。鼠类种群密度的增加, 疾病的发病率随之升高, 已有研究表明, 汉坦病的爆发与鼠类种群数量的大量增加直接相关(Morse 2001), 鼠类密度与钩体病发病也密切相关, 是钩体病流行预测的重要指标之一(潘会明等 2003)。对鼠疫的研究表明, 仅当鼠类密度达到特定阈值时, 鼠疫才会迅速爆发, 而鼠疫的发生率达到定值时却不再随鼠密度的增大而升高(Davis et al. 2007), 这是由于鼠类密度较低时, 鼠疫传播能力有限, 因而感染率低, 而疫鼠的高致死率又限制了疫情的进一步扩散。肝毛细线虫病是一种慢性疾病, 患病个体不会在短期内死亡, 且其传播周期很长, 只有感染个体死亡后寄生虫卵暴露在环境中才有感染性, 鼠类密度的增大在一定程度上增加了感染的可能性, 因而感染率与鼠类密度相关。然而, 对布氏田鼠肝毛细线虫感染率的调查发现, 感染率与鼠类密度的关系不明显(宛新荣等 2007b), 作者推测这很可能与肝毛细线虫的生活史相关, 且猛禽等捕食者在该疾病传播的过程中起到了重要的作用。

肝毛细线虫的生活史比较简单, 依靠单一宿主就可完成整个生活史过程。鼠类是肝毛细线虫的主要宿主, 鼠类吞食感染性虫卵后, 虫卵在其小肠部位孵化释放出幼虫, 幼虫通过血液循环到达肝, 停留在此处成熟和繁殖, 继而在肝组织中产下大量虫卵, 但这些虫卵不具有感染性, 也不会通过粪便排出体外, 只是堆积在肝组织中, 仅当宿主死亡后被分解或被捕食者取食后通过粪便排出体外, 虫卵释放到环境中充分接触空气后才会发育成感染性虫卵, 完成整个生活周期(Spratt et al. 1986)。寄生虫等疾病有多种传播方式, 除了同种个体之间接触传播, 不同鼠种之间交叉传播外, 还可能会通过捕食者的捕食作用传播。菲律宾毛细线虫能够寄生在以鱼类为食的鸟类体内, 将鸟类作为终末宿主(Cross et al. 1983)。本研究的结果表明, 长爪沙鼠肝毛细线虫的感染率与样地内猛

禽的密度之间存在极显著的正相关关系( $R^2 = 0.870$ ,  $P < 0.01$ ), 猛禽密度越高, 长爪沙鼠肝毛细线虫的感染率也随之显著提高, 这也进一步印证了上述观点。Voríšek 等(1998)发现在普通鵟(*B. buteo*)捕获的鼠中, 感染肉孢子虫的田鼠占更大比例; 对红隼夏季捕到的猎物进行分析也发现, 感染特定寄生虫的普通田鼠(*Microtus arvalis*)数量是未感染田鼠数量的两倍(Hoogenboom et al. 1987)。这说明寄生虫会增加宿主的捕食风险, 被寄生虫感染的个体更容易被捕食者捕获, 这大大提高了寄生虫的传播。猛禽作为鼠类的主要捕食者, 其拥有更强的活动能力和更大的活动范围, 一旦捕食了感染肝毛细线虫的鼠类, 便会通过粪便排泄将虫卵散布到其停留的各个角落, 加速了肝毛细线虫病的感染, 加剧了疫情的扩散。在猛禽密度较高的地区, 应该着重加强对肝毛细线虫等寄生虫的预防和控制, 利用猛禽等捕食者进行鼠类生物防治时也要避免相应的负效应发生。

**致谢** 内蒙古草原动物生态研究站工作人员为野外调查提供大力支持, 特此致谢!

## 参 考 文 献

- Cross J H, Banzon T, Singson C. 1978. Further studies on *Capillaria philippinensis*: development of the parasite in the Mongolian gerbil. The Journal of Parasitology, 64(2): 208–213.
- Cross J H, Basaca-Sevilla V. 1983. Experimental transmission of *Capillaria philippinensis* to birds. Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 77(4): 511–514.
- Davis S, Leirs H, Viljugrein H, et al. 2007. Empirical assessment of a threshold model for sylvatic plague. Journal of The Royal Society Interface, 4(15): 649–657.
- Ferreira L A, Andrade Z A. 1993. *Capillaria hepatica*: a cause of septal fibrosis of the liver. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, 88(3): 441–447.
- Gomes A T, Cunha L M, Bastos C G, et al. 2006. *Capillaria hepatica* in rats: focal parasitic hepatic lesions and septal fibrosis run independent courses. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, 101(8): 895–898.

- Hoogenboom I, Dijkstra C. 1987. *Sarcocystis cernae*: a parasite increasing the risk of predation of its intermediate host, *Microtus arvalis*. *Oecologia*, 74(1): 86–92.
- Kruse H, Kirkemo A M, Handeland K. 2004. Wildlife as source of zoonotic infections. *Emerging infectious diseases*, 10(12): 2067–2072.
- Lomolino M V, Smith G A. 2003. Terrestrial vertebrate communities at black-tailed prairie dog (*Cynomys ludovicianus*) towns. *Biological Conservation*, 115(1): 89–100.
- Morse S S. 2001. Factors in the emergence of infectious diseases. *Plagues and Politics*. UK: Palgrave Macmillan, 8–26.
- Nabi F, Palaha H K, Sekhsaria D, et al. 2007. *Capillaria hepatica* infestation. *Indian Pediatrics*, 44(10): 781.
- Spratt D M, Singleton G R. 1986. Studies on the life-cycle, infectivity and clinical effects of *Capillaria hepatica* (Bancroft) (Nematoda) in mice, *Mus musculus*. *Australian Journal of Zoology*, 34(5): 663–675.
- Vorišek P, Votýpka J, Zvara K, et al. 1998. Heteroxenous coccidia increase the predation risk of parasitized rodents. *Parasitology*, 117(6): 521–524.
- 边疆晖, 曹伊凡, 杜寅, 等. 2011. 艾美耳混合球虫对高原鼠兔致死毒力的初步研究. *兽类学报*, 31(3): 299–305.
- 杜桂林, 洪军, 王勇, 等. 2016. 布氏田鼠秋季家群数量与捕食风险的关系. *动物学杂志*, 51(2): 176–182.
- 黄正美. 1995. 云南省玉溪地区鼠类感染肝毛细线虫调查. *实用寄生虫病杂志*, 3(3): 126.
- 潘会明, 程德明, 阮绍玉, 等. 2003. 鼠类种群数量变动对钩端螺旋体病流行的影响. *中国媒介生物学及控制杂志*, 14(1): 47–49.
- 施大钊, 海淑珍. 1998. 布氏田鼠数量调查方法的比较. *草地学报*, 6(3): 185–190.
- 宋文韬, 王也, 赛那, 等. 2016. 典型草原区鹰隼类密度对啮齿动物密度的数值响应. *动物学杂志*, 51(4): 529–535.
- 宛新荣, 陈立军, 霍英军. 2011. 呼伦贝尔草原啮齿动物生物多样性调查报告. 呼伦贝尔: 内蒙古文化出版社, 85–105.
- 宛新荣, 经宇, 赵天飙, 等. 2007a. 锡林郭勒地区肝毛细线虫病自然疫源地与鼠类分布的关系. *动物学杂志*, 42(1): 14–19.
- 宛新荣, 刘伟, 赵天飙, 等. 2007b. 布氏田鼠肝毛细线虫感染率与其体重的关系. *兽类学报*, 27(2): 165–169.
- 王钜, 王晓辉, 卢静, 等. 2004. 普通环境和清洁级环境中长爪沙鼠寄生虫感染状况观察. *中国比较医学杂志*, 14(3): 132–134.
- 韦永芳, 陈代雄, 梁成结, 等. 2014. 广州管圆线虫在长爪沙鼠体内的发育及其引起的病理损害. *中国人兽共患病学报*, 30(1): 63–66.
- 张涛, 孙伟, 谭卫星, 等. 2014. 自毙鼠在长爪沙鼠鼠疫自然疫源地监测中的作用. *中国媒介生物学及控制杂志*, 25(6): 575–576.
- 张学英, 迟庆生, 刘伟, 等. 2016. 长爪沙鼠的行为和生理生态学研究进展. *中国科学: 生命科学*, 46(1): 120–128.
- 张知彬, 王祖望. 1998. 农业重要害鼠的生态学及控制对策. 北京: 海洋出版社, 209–238.
- 钟文勤, 周庆强, 孙崇潞. 1985. 内蒙古草场鼠害的基本特征及其生态对策. *兽类学报*, 9(4): 241–249.
- 邹永波, 王安蕤, 郭聪, 等. 2014. EP 不育剂对莫氏田鼠种群繁殖的控制效果. *中国媒介生物学及控制杂志*, 25(6): 506–508.