

重引入地生境对普氏野马胃肠道 寄生虫疾病感染的风险评估

熊宇^① 闫利平^① 唐丽萍^① 周智超^① 王晓婷^②
何伦^② 浩仁塔本^③ 菊花^③ 胡德夫^① 张东^{①*}

① 北京林业大学生态与自然保护学院 北京 100086; ② 中国野生动物保护协会 北京 100714;

③ 内蒙古大青山国家级自然保护区管理局 呼和浩特 010010

摘要: 野生动物重引入是保护濒危种群的重要措施之一,但重引入放归地存在的疾病风险会影响重引入物种的健康并导致重引入项目的失败。疾病风险评估是用于识别、确定风险因子优先级和设计防控策略以应对风险的重要方法。为评估普氏野马 (*Equus przewalskii*) 重引入内蒙古大青山国家级自然保护区的疾病风险,本研究在传统文献研究的基础上,结合保护区内4个村庄83份家养马科动物粪便中寄生虫卵检测结果,进行专家赋分,确定威胁因子并评级,对影响普氏野马种群健康重要因素之一的寄生虫疾病进行风险评估,并提出相应的防控建议。本研究共确定了44种胃肠道寄生虫疾病,病原体分别隶属于5纲7目8科19属;其中高风险寄生虫疾病10种,中风险13种,低风险21种。小井村、奎素村和滴水村均为低风险区域,而厂汉脑包村属于高风险区域。重引入地周围的家马 (*E. caballus*) 和家驴 (*E. asinus*) 有与放归普氏野马交叉感染寄生虫的风险,但经严格的防控措施后,可以放归普氏野马。建议保护区内村庄限定家养马科动物活动范围,定期为家畜驱虫并清理圈舍,严格实行禁牧政策,增设远离村庄的普氏野马水源地,并对放归后普氏野马种群的寄生虫疾病进行长期监测与防控,从而有效防止寄生虫疾病的发生和传播。

关键词: 重引入; 疾病风险评估; 普氏野马; 寄生虫

中图分类号: Q958 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2022) 06-866-14

Risk Assessment of Gastrointestinal Parasitic Disease Infection in Reintroduced Habitats of Przewalski's Horse

XIONG Yu^① YAN Li-Ping^① TANG Li-Ping^① ZHOU Zhi-Chao^① WANG Xiao-Ting^②
HE Lun^② HAOREN Taben^③ JU Hua^③ HU De-Fu^① ZHANG Dong^{①*}

① School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100086;

② China Wildlife Conservation Association, Beijing 100714;

③ Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve Administration, Hohhot 010010, China

基金项目 北京林业大学杰出青年人才培养计划项目 (No. 2019JQ0318), 国家林业和草原局委托项目 (No. DGJHT2020044);

* 通讯作者, E-mail: ernest8445@163.com;

第一作者介绍 熊宇, 男, 硕士研究生; 研究方向: 野生动物生理免疫与疫源疫病防控; E-mail: xiongy@bjfu.edu.cn.

收稿日期: 2022-02-16, 修回日期: 2022-08-23 DOI: 10.13859/j.cjz.202206007

Abstract: [Objectives] Wildlife reintroduction is an important means of protecting endangered populations, but the risk of disease at the release site may affect the health of the introduced species, leading to the failure of reintroduction projects. Disease risk assessment (DRA) is used to identify, prioritize, and design mitigation strategies to address these risks. The purpose of this study was to assess the gastrointestinal parasitic diseases risk of Przewalski's Horse (*Equus przewalskii*) reintroduced to the Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve for the first time, and put forward corresponding prevention and control suggestions. **[Methods]** On the basis of traditional literature research and combined with field investigation results, this study conducted the expert review, identified, and rated the threat factors, and assessed the risk assessment of parasitic diseases, one of the important factors affecting the health of Przewalski's Horse population in China. Among them, the field investigation clarified the infection intensity of the eggs, and the molecular identification of the parasite species was carried out by metabarcoding. The taxonomy of each OTU representative sequence was analyzed by BLAST against the Nematode ITS2 v.1.0.0 database using confidence threshold of 0.97. The results of the field survey, such as the distance from the release site, infection rate, infection intensity, and parasite species, were used as the basis for assigning points. **[Results]** A total of 44 parasites were identified, belonging to 5 classes, 7 orders, 8 families, and 19 genera, causing 10 high-risk parasitic diseases, 13 medium-risk parasitic diseases, and 21 low-risk parasitic diseases (Appendix 3). The domestic horses and donkeys in the reintroduction site carried *Parascaris equorum*, *Cylicocyclus nassatus*, *Cylicostephanus longibursatus*, and *Cylicostephanus goldi*, which are at higher risk of disease in Przewalski's Horse (Table 3). Xiaojing Village, Kuisu Village. and Dishui Village were all low-risk areas, while Changhan Naobao Village was not banned for grazing and carried *Poteriostomum ratzii*, which had not been documented and had not been found in Przewalski's Horse parasites worldwide (Table 3). It is therefore identified as a high-risk area. Domestic horses and donkeys around reintroduced sites are at risk of cross-infection with parasites from released Przewalski's Horses, whether in direct or indirect contact. **[Conclusion]** This study considered that with appropriate disease prevention and control measures, Przewalski's Horse could be reintroduced to the Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve. It is suggested that the villages in the Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve should limit the range of activities of domestic horses and donkeys, regularly deworm the livestock, clean stalls, strictly implement the policy of banning grazing, and increase the water source of Przewalski's Horses far away from villages. Long-term monitoring of parasitic diseases of reintroduced population is also suggested, to effectively prevent the occurrence and spread of parasitic diseases.

Key words: Reintroduction; Disease risk assessment; Przewalski's Horse; Parasites

普氏野马 (*Equus przewalskii*) 是世界仅存的野马, 是开展马科动物乃至有蹄类动物演化研究至关重要的物种 (Librado et al. 2021)。自 1880 年被发现以来, 普氏野马一直是动物分类学、动物形态学、保护生物学研究领域的热点物种 (Benirschke et al. 1965, Orlando et al. 2013, Tarav et al. 2017, Jota et al. 2021a, b)。

经过圈养扩繁、半散放、野外放归, 我国已成功将普氏野马放归至蒙新区三个荒漠景观自然保护区 (Jiang et al. 2019), 种群数量亦由 1985 年的 11 匹扩增至 700 余匹。为增加我国普氏野马的种群规模, 扩大自然分布区域, 我国于 2021 年 9 月由新疆维吾尔自治区野马繁殖研究中心运输 12 匹野马放归至内蒙古大青山国家

级自然保护区，这是重引入普氏野马在我国首次回归森林草原生态系统。

寄生虫疾病是导致有蹄类动物重引入项目部分甚至完全失败最关键的问题之一 (Larkin et al. 2003, Kock et al. 2010)。以马副蛔虫病及马胃蝇蛆病为代表的致死性寄生虫疾病，可造成普氏野马倒毙，且感染率高，感染强度大 (恩特马克等 2003, Liu et al. 2018)，是威胁普氏野马种群健康的重要疾病生态因素 (Xia et al. 2014)。因此，对于此类健康风险的评估是普氏野马重引入过程中必不可少的环节。有蹄类动物寄生虫病的种间传播与寄主系统发育关系和生境共享有关 (Stephens et al. 2019)，研究发现野马与其他马科动物感染的寄生虫有明显一致性 (徐显曾等 1995, 王文婷等 2016)。本文针对普氏野马回归森林草原生态系统进程中，与同域分布的家养马科动物生态位重叠的现状，研究了内蒙古大青山国家级自然保护区内普氏野马放归地周边 15 km 内村庄的家马 (*E. caballus*)、家驴 (*E. asinus*) 的寄生虫感染情况；使用 IUCN 疾病风险评估手册 (Armstrong et al. 2003, Jakob-Hoff et al. 2014)，并结合文献研究与实地调查，首次对普氏野马重引入地进行寄生虫疾病风险评估并提出相应的防控建议，以期保障普氏野马在大青山保护区的成功放归，同时为未来我国濒危物种重引入工作提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究地点

内蒙古大青山国家级自然保护区地处阴山山脉东段，处于由半湿润向干旱半干旱区的过渡地带，属于内蒙古东部森林草原及草原植被气候区。年均气温 5.8 °C，年均降水 351 mm，降水量最大的月份为每年的 6 ~ 8 月。主要乔木树种包括白桦 (*Betula platyphylla*)、山杨 (*Populus davidiana*)、油松 (*Pinus tabulaeformis*) 等；灌丛植物以虎榛子 (*Ostryopsis davidiana*)、三裂绣线菊 (*Spiraea trilobata*) 等为主；草本

植物有本氏针茅 (*Stipa bungeana*)、大针茅 (*S. grandis*)、克氏针茅 (*S. krylovii*)、苔草 (*Cyperaceae carex*)、羊草 (*Leymus chinensis*)、百里香 (*Thymus serpyllum*) 等。土壤呈微酸性，以棕壤、褐土等为主。研究地点包括内蒙古呼和浩特市新城区小井村、奎素村、滴水村，以及乌兰察布市卓资县厂汉脑包村 (表 1)，涵盖了放归地 15 km 内的所有饲养家马和家驴的村庄。

1.2 文献研究方法

本研究通过中国学术期刊网络出版总库 (CNKI)、中国学术期刊数据库 (万方)、PubMed、Science Direct 数据库检索 1980 年至 2021 年间发表的内蒙古地区家马、家驴胃肠道寄生虫及世界范围内普氏野马胃肠道寄生虫相关文献 (Armstrong et al. 2003, Jakob-Hoff et al. 2014)。

1.3 实地研究方法

本研究于 2020 年 10 月 20 日至 27 日，对放归普氏野马区域 15 km 内村庄家养马科动物进行粪便样品采集。

1.3.1 样品采集及保存 采集家马和家驴的新鲜粪便，装入自封袋中。取 3 g 粪便样品在 -20 °C 条件下保存，用于寄生虫分子鉴定；取 1 g 样品浸泡福尔马林中 4 °C 保存，用于虫卵镜检；每个样品重复取样 3 次。依据 Pearl (2006)

表 1 内蒙古大青山国家级自然保护区家马、家驴粪便采集地点

Table 1 Collection sites for feces of domestic horses and donkeys in Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve

地点 Site	东经 Longitude	北纬 Latitude	海拔 (m) Altitude	与放归点距离 (km) Distance from the release site
小井 Xiaojing	111°51'21"	41°5'13"	1 709	6.1
厂汉脑包 Changhan Naobao	111°59'45"	41°04'50"	1 646	10.4
奎素 Kuisu	111°54'05"	40°56'18"	1 195	13.6
滴水 Dishui	111°43'03"	40°58'52"	1 791	15.0

针对近似随机样本选择提出的样品采集量建议, 共采集马科动物粪便 83 份, 其中家马 52 份, 家驴 31 份。

1.3.2 虫卵镜检与计数 将福尔马林保存的粪便样品, 采用漂浮法对线虫 (Nematoda)、马副蛔虫 (*Parascaris equorum*)、绦虫 (Cestoda) 虫卵以及球虫 (*Coccidium*) 和隐孢子虫 (*Cryptosporidium*) 卵囊进行镜检及计数, 另采用沉淀法对吸虫虫卵进行镜检。

1.3.3 分子鉴定 马科动物圆线科线虫 (Strongylidae) 虫卵形态相似, 无法基于形态特征进行区分, 因此对镜检发现圆线虫卵的样本, 采用漂浮法富集虫卵后提取其 DNA 再进行宏条形码 (metabarcoding) 扩增和测序。DNA 提取及生物信息分析方法改良自 Davey 等 (2021)。将同村庄的 3 个 3 g 子样品在 57 ml 水中均质化, 并通过约 1 000 μm 的筛子进行筛分。再将悬浮液分成 3 个 15 ml 管并在 1 550 r/min 下离心 3 min, 弃去上清液。其后将 300 μg 沉淀物从离心管转移到 2 ml FastDNA™ Spin Kit for Soil (MP Biomedicals™) 管中 (Davey et al. 2021)。

根据 FastDNA™ Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, Germany) 说明书提取 2 ml 经过富集处理的粪便样品的 DNA, 使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量, 使用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度; 使用靶向寄生线虫进化枝 V 区的 NC1 和 NC2 引物组对核糖体 DNA (rDNA) 的 ITS2 区域进行 PCR 扩增 (Gasser et al. 1993)。使用 ABI GeneAmp® 9700 型 PCR 仪, 扩增程序如下, 95 °C 预变性 5 min; 95 °C 变性 1 min, 54 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 1 min, 35 个循环; 72 °C 稳定延伸 5 min, 最后在 4 °C 进行保存。PCR 反应体系为, 5 \times TransStart FastPfu 缓冲液 4 μl , 2.5 mmol/L dNTPs 2 μl , 上下游引物 (5 $\mu\text{mol/L}$) 各 0.8 μl , TransStart FastPfu DNA 聚合酶 0.4 μl , 模板 DNA 10 ng, 使用去离子水补足至 20 μl 。使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 利用 AxyPrep

DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收产物纯化, 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 并用 Quantus™ Fluorometer (Promega, USA) 对回收产物进行检测定量。

使用 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit 建库。接头链接; 使用磁珠筛选去除接头自连片段; 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集; 磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库。利用 Illumina 公司 Miseq 平台进行双端测序, 读长为 300 bp (PE300) (上海美吉生物医药科技有限公司)。所得原始数据已上传至 NCBI 数据库 (登录号: PRJNA799683)。

使用 fastp (Chen et al. 2018) (<https://github.com/OpenGene/fastp>, version 0.20.0) 软件对原始测序序列进行质控, 再使用 FLASH (Magoč et al. 2011) (<http://www.cbcb.umd.edu/software/flash>, version 1.2.7) 软件进行拼接得到操作分类单元 (operational taxonomic unit, OUT): 过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基, 设置 50 bp 的窗口, 如果窗口内的平均质量值低于 20, 从窗口开始截去后端碱基, 去除质控后读长在 50 bp 以下、含 N 碱基的 reads; 根据 PE reads 之间的 overlap 关系, 将成对 reads 拼接 (merge) 成一条序列, 最小 overlap 长度为 30 bp; 拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 2%, 筛选不符合序列; 根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品, 并调整序列方向, barcode 允许的错配数为 0, 最大引物错配数为 2。

使用 UPARSE (Edgar 2013) 软件 (<http://drive5.com/uparse/>, version 7.1), 根据 97% (Edgar 2013) 的相似度对 OTU 进行聚类并剔除嵌合体。以 Nematode ITS2 v.1.0.0 数据库 (<http://www.nemabiome.ca>) (Avramenko et al. 2017, Workentine et al. 2020) 为参考, 利用 BLAST (<http://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/executables/blast+/LATEST/>) 对每条序列进行物种分类注释, 设置相似度阈值为 97%。

1.3.4 风险评估 马科动物不同寄生虫疾病风险评估主要包括 12 个评估指标: 该种寄生虫

疾病的感染可能性、暴露可能性、被感染可能性、传播可能性、对个体危害程度、对种群危害程度、对评估方案的重要性、家畜传染野马的可能性、家畜互相传播的可能性、野马互相传播的可能性、野马传染家畜的可能性和对放归的重要性。各项风险评估指标的赋分与评级由专家组参考本研究实地调查结果中感染率、感染强度以及与放归地距离数据，并结合文献研究等多方面因素评议而定。每一个评估指标被赋予不同的分值范围，分值从高到低表示该项目可能产生的影响风险的高低 (Armstrong et al. 2003, Jakob-Hoff et al. 2014)。如果专家赋分存在差异，则在专家组内进行讨论，直到达成统一方案。评估专家组由来自北京林业大学、中国野生动物保护协会和内蒙古大青山国家级自然保护区管理局的 6 位专家组成。

2 结果

2.1 文献研究结果

检索到并纳入本研究的文献共有 10 篇，其中内蒙古地区家马、家驴胃肠道寄生虫与世界范围内普氏野马感染胃肠道寄生虫均包括原生动物

门 (Protozoa)、扁形动物门 (Platyhelminthes)、线虫动物门 (Nematoda) 及节肢动物门 (Arthropoda) (附录 1, 2)。其中，马副蛔虫、胃蝇属 (*Gastrophilus*)、圆线科线虫、马尖尾线虫 (*Oxyuris equi*)、蝇柔线虫 (*Habronema muscae*) 和裸头绦虫属 (*Anoplocephala*) 为普氏野马与家养马科动物共患寄生虫，有互相交叉感染的风险。

2.2 镜检结果及感染情况

对大青山保护区家马和家驴粪便样品进行镜检，发现虫卵均为圆线科线虫与马副蛔虫 (图 1)。4 个村庄马科动物具体感染情况见表 2，其中滴水村的家驴未检出虫卵。

2.3 分子鉴定结果

对寄生虫卵镜检检测呈阳性的样本，通过宏条形码技术进行物种鉴定 (表 3)。质控后，各样本中有效 ITS2 序列为 4 955 ~ 11 974 条，总序列数为 30 807 条。分子鉴定结果中，大部分寄生虫种类均有感染普氏野马的记录，仅有在厂汉脑包村家马中发现的拉氏杯口线虫 (*Poteriostomum ratzii*) 为内蒙古地区新记录种，且未在世界范围内普氏野马体内发现。

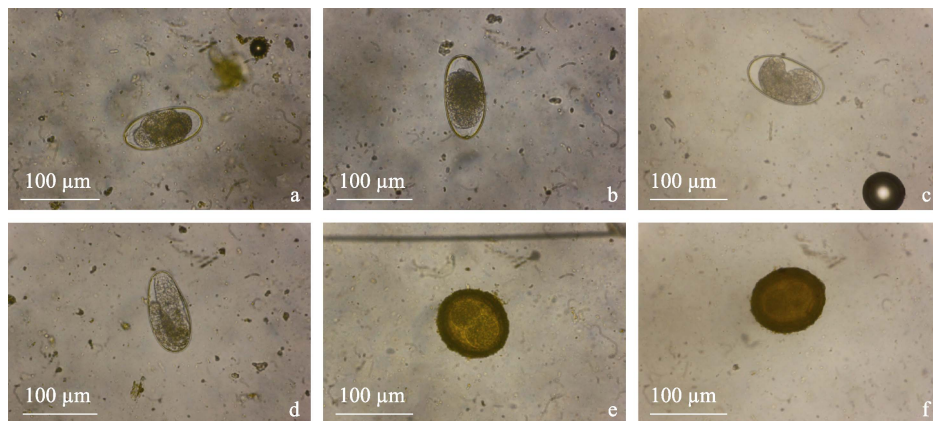


图 1 内蒙古大青山国家级自然保护区家马、家驴寄生线虫虫卵外部结构 (400 ×)

Fig. 1 External structure of nematode eggs of domestic horses and donkeys in Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve (400 ×)

a ~ d. 依次为多细胞期、桑葚期、蝌蚪期、仔虫期圆线科线虫虫卵；e 和 f. 二细胞期马副蛔虫虫卵。

a - d. Strongylidae nematode eggs in multiple cell stage, morula stage, tadpole stage, pre-larva stage; e and f. *Parascaris equorum* eggs in 2-cell stage.

表 2 内蒙古大青山国家级自然保护区家养马科动物线虫感染情况

Table 2 Nematode infection in domestic equines in Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve

地点 Site	物种 Species	检验样品数 Number of test samples	阳性样品数 Number of positive samples	线虫感染率 (%) The nematode infection rate	虫卵数量 (个/g) Number of eggs
小井 Xiaojing	家马 <i>Equus caballus</i>	13	11	84.6	131
	家驴 <i>E. asinus</i>	24	3	12.5	21
厂汉脑包 Changhan Naobao	家马 <i>E. caballus</i>	9	9	100.0	139
奎素 Kuisu	家马 <i>E. caballus</i>	30	28	93.3	257
滴水 Dishui	家驴 <i>E. asinus</i>	7	0	0.0	0

线虫感染率包括线虫动物门马副蛔虫及圆线科线虫感染率。

The nematode infection rate includes the nematode phylum *Parascaris equorum* and Strongylidae nematode infection rate.

同域分布在小井村的家马和家驴均感染鼻状杯环线虫 (*Cylicocycclus nassatus*) 和长伞杯冠线虫 (*Cylicostephanus longibursatus*)，表明同一地区的家马和家驴之间可能存在交叉感染，但情况并不严重。小井村、奎素村和厂汉脑包村三地的家马共感染的寄生虫仅有鼻状杯环线虫、蝶状盘口线虫 (*Cyathostomum pateratum*) 和长伞杯冠线虫，其他均为各地区所独有的寄生虫种类。

2.4 放归普氏野马寄生虫疾病感染风险评估

本研究在大青山保护区共确定 44 种马科动物寄生虫疾病 (附录 3)，病原体隶属于 5 纲 7 目 8 科 19 属；其中，疾病风险最高的寄生虫共 10 种，包括马副蛔虫、肠胃蝇 (*G. intestinalis*)、鼻胃蝇 (*G. nasalis*) 等胃蝇属昆虫以及鼻状杯环线虫等圆线科线虫；中风险寄生虫 13 种，除胃蝇属昆虫与圆线科线虫外，还包括蝇柔属蝇柔线虫；而马尖尾线虫、艾美耳球虫 (*Eimeria*)、隐孢子虫及裸头绦虫均为低风险寄生虫。

3 讨论

亲缘关系较近的宿主动物体内寄生虫物种具有更高的相似性，因此近缘物种间寄生虫疾病传播和感染的几率更大 (Torchin et al. 2003)。普氏野马与外来宿主不同，其回归森林草原生态系统，又重新延续了与放归地家马和家驴共患寄生虫的协同演化历史。根据实地

调查与专家赋分的风险评估结果，本研究认为在经过严格防控措施后，可以将普氏野马放归至内蒙古大青山国家级自然保护区。

高风险寄生虫疾病中，马副蛔虫、鼻状杯环线虫、长伞杯冠线虫、高氏杯冠线虫 (*C. goldi*)、辐射杯环线虫 (*C. radiatus*) 和碗形盘口线虫 (*C. catinatum*) 均属于马科动物胃肠道寄生线虫，对马匹有机械性损伤，引起衰弱、疲乏、消瘦等症状，特别是会引起幼驹的生长迟缓、食欲减退、胃肠炎，严重者死亡 (李士田 1992, 恩特马克等 2003, 范秀兰 2007, Taylor et al. 2016)。本研究在评估过程中也考虑了无法通过镜检或分子检测方法检出的胃蝇属寄生虫。胃蝇属昆虫对马匹身体有高度危害能力，可导致马匹消化道穿孔、溃疡、糜烂，甚至死亡 (Huang et al. 2016, Liu et al. 2016)。在我国唯一实现野马真正野化的新疆卡拉麦里山有蹄类野生动物自然保护区，野马的胃蝇蛆病感染率一直保持 100%，对当地野马种群健康产生较大威胁 (张博茹等 2016)。胃蝇成虫具备飞行能力，会寻找宿主并在针茅属植物上产卵 (Liu et al. 2015)，而针茅是大青山保护区内草本植物的优势种 (王云霓等 2019)。根据张明等 (2015) 的研究，内蒙古地区的胃蝇感染较严重，且包括我国已记录的全部 6 种胃蝇，故胃蝇属昆虫对放归野马存在较高的威胁。这些研究有助于厘清在荒漠草原生态系统与森林草原生态系统中普氏野马寄生虫的不同侵染机

表 3 内蒙古大青山国家级自然保护区家马、家驴粪便虫卵分子鉴定结果

Table 3 Molecular identification of nematode eggs of domestic equines in Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve

地点 Site	宿主 Host species	寄生虫种类 Parasite species	
小井 Xiaojing	家马 <i>Equus caballus</i>	大唇片冠环线虫 <i>Coronocyclus labiatus</i>	
		小唇片冠环线虫 <i>C. labratus</i>	
		辐射杯环线虫 <i>Cylicocyclus radiatus</i>	
		鼻状杯环线虫 <i>C. nassatus</i> [#]	
		长形杯环线虫 <i>C. elongatus</i>	
		蝶状盅口线虫 <i>Cyathostomum pateratum</i> [*]	
		长伞杯环线虫 <i>Cylicostephanus longibursatus</i> ^{*#}	
		高氏杯环线虫 <i>C. goldi</i>	
		真臂副杯口线虫 <i>Parapoteriostomum euproctus</i>	
		家驴 <i>E. asinus</i>	四刺盅口线虫 <i>C. tetracanthum</i>
		鼻状杯环线虫 <i>C. nassatus</i> [#]	
		长伞杯环线虫 <i>C. longibursatus</i> [#]	
		耳状杯环线虫 <i>C. auriculatus</i>	
		日本三齿线虫 <i>Triodontophorus nipponicus</i>	
厂汉脑包 Changhan Naobao	家马 <i>E. caballus</i>	鼻状杯环线虫 <i>C. nassatus</i> ^{*#}	
		高氏杯环线虫 <i>C. goldi</i>	
		长伞杯环线虫 <i>C. longibursatus</i> ^{*#}	
		蝶状盅口线虫 <i>C. pateratum</i> [*]	
		真臂副杯口线虫 <i>P. euproctus</i>	
		冠状盅口线虫 <i>C. catinatum</i>	
		拉氏杯口线虫 <i>Poteriostomum ratzii</i>	
奎素 Kuisu	家马 <i>E. caballus</i>	碗形盅口线虫 <i>C. catinatum</i>	
		显形杯环线虫 <i>C. insigne</i>	
		长伞杯环线虫 <i>C. longibursatus</i> ^{*#}	
		蝶状盅口线虫 <i>C. pateratum</i> [*]	
		鼻状杯环线虫 <i>C. nassatus</i> ^{*#}	
		大唇片冠环线虫 <i>C. labiatus</i>	
		不等齿杯口线虫 <i>P. imparidentatum</i>	
高氏杯环线虫 <i>C. goldi</i>			

* 为三地家马共感染寄生虫；# 为家马和家驴共感染寄生虫。拉氏杯口线虫在内蒙古地区无文献记录且未在世界范围内野马寄生虫中发现。

* Parasite infestation of domestic horses shared in three villages; # Domestic horse and donkey shared parasites. *Poteriostomum ratzii* has not been recorded in Inner Mongolia and not been found in Przewalski's Horse parasites worldwide.

制，找到重要的环境限定因子，探索野马寄生虫疾病研究中的关键问题。

软放归有助于提高放归个体存活率，即通过半散放、提供食物供应等措施，使放归个体延时放归以预先适应新环境 (Bright et al. 1994)。野马在放归初期处于大围栏内，与家养马科动物直接接触的可能性较低；软放归阶段，野马活动范围扩大，健康状况可能受到周围村落马科动物寄生虫病感染情况的影响。除滴水村外，其余三地家马和家驴均感染马副蛔虫及圆线科寄生虫。小井村作为与放归点直线距离最近的村庄，线虫感染率及感染强度均为三地最低，由于严格实行《内蒙古自治区草畜平衡和禁牧休牧条例》(国家林业和草原局 2021)，该地家养马科动物与放归野马不会发生直接接触，属低风险区域。奎素村的家马饲养均采用规模化马场的方式，而非进行野外放牧，不会主动扩散到野放区域，因此该区域也属于低风险区。但由于许多寄生虫在土壤中完成其生命周期中寄主体外发育阶段，包括吸虫、绦虫和线虫 (Lyons et al. 2009)，虫卵可能通过土壤、水源等方式传播，因此，野马在采食含有感染阶段寄生虫的植物时仍有感染的风险 (Sokół et al. 2015)。厂汉脑包村家马的线虫感染率最高，并携带有无文献记录且未在世界范围内野马寄生虫中发现的拉氏杯口线虫，重引入的宿主种群对放归地特有的寄生虫种类免疫较低，野马可能特别容易受到寄生虫感染及其不利影响，导致比同域马科动物更容易爆发严重的感染 (Tompkins et al. 2011)。与此同时，厂汉脑包村在采样期间未能实行禁牧，其携带的寄生虫有较大风险感染放归野马，属高风险区域，应在野马完全野放前及时采取防控措施。

4 拟放归普氏野马寄生虫疾病风险控制建议

随着内蒙古大青山国家级自然保护区不断加强管理，原住户陆续迁出，同域分布的家养马科动物数量逐渐减少。基于本研究调查结果，

对保护区内重引入普氏野马寄生虫疾病防控提出以下建议。

限定活动范围：建议保护区内所有村庄严格执行禁牧政策，特别是将普氏野马从大围栏完全野放后。对于有家养马科动物的村庄，建议在 5 km 内安装围栏，以隔离普氏野马与家养马科动物的交流，减少寄生虫通过土壤、水源、媒介生物等方式的扩散和传播。

改造水源地点：水源地及其周围是线虫、胃蝇属寄生虫传播的关键节点（Liu et al. 2015），建议人工增设远离村庄的水源地，对普氏野马利用率高的水源进行定期检测，防止寄生虫、细菌和病毒引起的疾病发生。

日常监测驱虫：防治措施不及时可能造成群体中的寄生虫疾病大流行（Jota et al. 2021b）。应对村庄的家马、家驴进行长期监测与定期驱虫，并定期对圈舍消毒杀菌。在半散放阶段的转场、调群及野放前应对野马进行驱虫。在每年温度最高和最低时对马匹进行驱虫管理，该时间段的虫卵成活率较低，适合驱虫（Salas-Romero et al. 2017）。同时，母马产马驹后半个月也需要进行驱虫。每次驱虫后及时打扫排出的粪便和虫体，必要时进行二次驱虫。将围栏内消毒和自然光曝晒相结合，及时清理场地内的垃圾、马匹排泄物等，要将粪便运到与围栏相隔较远的地方进行集中消毒处理。

参 考 文 献

- Armstrong D P, Jakob-Hoff R, Seal U S. 2003. Animal Movements and Disease Risk: a Workbook. Apple Valley, Minnesota: Conservation Breeding Specialist Group (SSC/IUCN).
- Avramenko R W, Redman E M, Lewis R, et al. 2017. The use of nemabiome metabarcoding to explore gastro-intestinal nematode species diversity and anthelmintic treatment effectiveness in beef calves. *International Journal for Parasitology*, 47(13): 893–902.
- Benirschke K, Malouf N, Low R J, et al. 1965. Chromosome complement: Differences between *Equus caballus* and *Equus przewalskii*, Poliakoff. *Science*, 148(3668): 382–383.
- Bright P W, Morris P A. 1994. Animal translocation for conservation: performance of dormice in relation to release methods, origin and season. *Journal of Applied Ecology*, 31(4): 699–708.
- Chen S, Zhou Y, Chen Y, et al. 2018. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*, 34(17): i884–i890.
- Davey M L, Utaaker K S, Fossey F. 2021. Characterizing parasitic nematode faunas in faeces and soil using DNA metabarcoding. *Parasites & Vectors*, 14(1): 422.
- Edgar R C. 2013. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*, 10(10): 996–998.
- Gasser R B, Chilton N B, Hoste H, et al. 1993. Rapid sequencing of rDNA from single worms and eggs of parasitic helminths. *Nucleic Acids Research*, 21(10): 2525–2526.
- Huang H Q, Zhang B R, Chu H J, et al. 2016. *Gasterophilus* (Diptera, Gasterophilidae) infestation of equids in the Kalamaili Nature Reserve, China. *Parasite*, 23(3): 36.
- Jakob-Hoff R M, MacDiarmid S C, Lees C, et al. 2014. *Manual of Procedures for Wildlife Disease Risk Analysis*. Paris: World Organisation for Animal Health, 160.
- Jiang Z G, Zong H. 2019. Reintroduction of the Przewalski's Horse in China: status quo and outlook. *Nature Conservation Research*. 4(Suppl 2): 15–22.
- Jota B C, Sós E, Szabados T, et al. 2021a. Intestinal parasites in Przewalski's horses (*Equus ferus przewalskii*): a field survey at the Hortobágy National Park, Hungary. *Journal of Helminthology*, 95(3): e39.
- Jota B C, Sós E, de Carvalho L M. 2021b. Gastrointestinal parasitism in Przewalski Horses (*Equus ferus przewalskii*). *Acta Parasitologica*, 66(4): 1095–1101.
- Kock R A, Woodford M H, Rossiter P B. 2010. Disease risks associated with the translocation of wildlife. *Revue Scientifique et Technique*, 29(2): 329–350.
- Larkin J L, Alexy K J, Bolin D C, et al. 2003. Meningeal worm in a reintroduced elk population in Kentucky. *Journal of Wildlife Diseases*, 39(3): 588–592.
- Librado P, Orlando L. 2021. Genomics and the evolutionary history of equids. *Annual Review of Animal Biosciences*, 9(1): 81–101.
- Liu S H, Hu D F, Li K. 2015. Oviposition site selection by *Gasterophilus pecorum* (Diptera: Gasterophilidae) in its habitat

- in Kalamaili Nature Reserve, Xinjiang, China. *Parasite*, 22(4): 34.
- Liu S H, Hu D F, Li K. 2018. Parasites observed in the proximal alimentary tract of a Przewalski's horse in China. *Equine Veterinary Education*, 30(6): 20–23.
- Liu S H, Li K, Hu D F. 2016. The incidence and species composition of *Gasterophilus* (Diptera, Gasterophilidae) causing equine myiasis in northern Xinjiang, China. *Veterinary Parasitology*, 217(1): 36–38.
- Lyons E T, Tolliver S C, Collins S S. 2009. Probable reason why small strongyle EPG counts are returning “early” after ivermectin treatment of horses on a farm in Central Kentucky. *Parasitology Research*, 104(3): 569–574.
- Magoč T, Salzberg S L. 2011. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. *Bioinformatics*, 27(21): 2957–2963.
- Orlando L, Ginolhac A, Zhang G J, et al. 2013. Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature*, 499(7456): 74–78.
- Pearl D L. 2006. *Veterinary Epidemiology*, 3rd ed. The Canadian Veterinary Journal, 47(11): 1117.
- Salas-Romero J, Gómez-Cabrera K A, Aguilera-Valle L A, et al. 2017. Helminth egg excretion in horses kept under tropical conditions—prevalence, distribution and risk factors. *Veterinary Parasitology*, 243(1): 256–259.
- Sokół R, Raś-Noryńska M, Michalczyk M, et al. 2015. Estimation of infection of internal parasites in horses from different type of farms. *Annals of Parasitology*, 61(3): 189–192.
- Stephens P R, Altizer S, Ezenwa V O, et al. 2019. Parasite sharing in wild ungulates and their predators: Effects of phylogeny, range overlap, and trophic links. *Journal of Animal Ecology*, 88(7): 1017–1028.
- Tarav M, Tokunaga M, Kondo T, et al. 2017. Problems in the protection of reintroduced Przewalski's Horses (*Equus ferus przewalskii*) caused by piroplasmosis. *Journal of Wildlife Diseases*, 53(4): 911–915.
- Taylor M A, Coop R L, Richard L. 2016. *Veterinary Parasitology*. 4th ed. West Sussex: Wiley-Blackwell, 524–564.
- Tompkins D M, Dunn A M, Smith M J, et al. 2011. Wildlife diseases: From individuals to ecosystems. *Journal of Animal Ecology*, 80(1): 19–38.
- Torchin M E, Lafferty K D, Dobson A P, et al. 2003. Introduced species and their missing parasites. *Nature*, 421(6923): 628–630.
- Workentine M L, Chen R, Zhu S, et al. 2020. A database for ITS2 sequences from nematodes. *BMC Genetics*, 21(1): 74.
- Xia C J, Cao J, Zhang H F, et al. 2014. Reintroduction of Przewalski's Horse (*Equus ferus przewalskii*) in Xinjiang, China: The Status and Experience. *Biological Conservation*, 177(9): 142–47.
- 恩特马克, 张赫凡. 2003. 普氏野马幼驹马副蛔虫病 3 例. *中国草食动物*, 23(5): 48.
- 范秀兰. 2007. 马副蛔虫造成肠阻塞致死病例. *中兽医学杂志*, 35(4): 35.
- 国家林业和草原局. 2021. 内蒙古自治区草畜平衡和禁牧休牧条例. *内蒙古林业*, 64(9): 12–14.
- 李士田. 1992. 幼驹寄生马副蛔虫 1968 条的病例报告. *辽宁畜牧兽医*, 21(3): 36–37.
- 王文婷, 肖洒, 黄河清, 等. 2016. 我国蒙新区、青藏区马胃蝇多样性及感染分析. *林业科学*, 52(2): 134–139.
- 王云霓, 王晓江, 海龙. 2019. 内蒙古大青山森林生态系统健康风险评价. *内蒙古林业科技*, 45(1): 29–33.
- 徐显曾, 黄燕, 胡景辉, 等. 1995. 新疆普氏野马的寄生虫及其驱除. *中国兽医杂志*, 43(7): 16.
- 张博茹, 张肖钰, 张玲, 等. 2016. 普氏野马野化和圈养种群马胃蝇蛆病调查分析. *中国媒介生物学及控制杂志*, 27(3): 244–247.
- 张明, 刘佳佳, 张连根, 等. 2015. 内蒙古多伦县马胃蝇蛆病感染调查. *中国媒介生物学及控制杂志*, 26(6): 595–596.

附录 1 文献记录内蒙古地区家马、家驴感染胃肠道寄生虫种类

Appendix 1 Documentary records of gastrointestinal parasites in domestic horses and donkeys in Inner Mongolia

原生动植物门 Protozoa	扁形动物门 Platyhelminthes	线虫动物门 Nematoda	节肢动物门 Arthropoda	文献 References
	大裸头绦虫 <i>Anoplocephala magna</i> 叶状裸头绦虫 <i>A. perfoliata</i>	马尖尾线虫 <i>Oxyuris equi</i> 马圆线虫 <i>Strongylus equinus</i> 无齿圆线虫 <i>S. edentatus</i> 普通圆线虫 <i>S. vulgaris</i> 锯齿三齿线虫 <i>Triodontophorus serratus</i> 短尾三齿线虫 <i>T. brevicauda</i> 熊氏三齿线虫 <i>T. hsiungi</i> 粗壮食道齿线虫 <i>Oesophagodontus robustus</i> 四刺盅口线虫 <i>Cyathostomum tetracanthum</i> 碗形盅口线虫 <i>C. catinatum</i> 冠状盅口线虫 <i>C. catinatum</i> 唇片盅口线虫 <i>C. labiatum</i> 蝶状盅口线虫 <i>C. pateratum</i> 辐射杯环线虫 <i>Cylicocyclus radiatus</i> 耳状杯环线虫 <i>C. auriculatus</i> 细口杯环线虫 <i>C. leptostomum</i> 鼻状杯环线虫 <i>C. nassatus</i> 双冠双冠线虫 <i>Cylicodontophorus bicoronatus</i> 长伞杯冠线虫 <i>Cylicostephanus longibursatus</i> 小杯杯冠线虫 <i>C. calicatus</i> 高氏杯冠线虫 <i>C. goldi</i> 微小杯冠线虫 <i>C. minutus</i> 斯氏杯冠线虫 <i>C. skrjabini</i> 头似辐首线虫 <i>Gyalocephalus capitatus</i> 不等齿杯口线虫 <i>Poteriostomum imparidentatum</i>	肠胃蝇 <i>Gasterophilus intestinalis</i> 红尾胃蝇 <i>G. haemorrhoidalis</i>	吴力人等 1995
球虫 <i>Coccidium</i> 隐孢子虫 <i>Cryptosporidium</i>		圆线虫 <i>Strongyle</i> 蛔虫 <i>Parascaris equorum</i>		菅复春 2012
			肠胃蝇 <i>G. intestinalis</i> 鼻胃蝇 <i>G. nasalis</i> 红尾胃蝇 <i>G. haemorrhoidalis</i> 黑腹胃蝇 <i>G. pecorum</i> 黑角胃蝇 <i>G. nigricornis</i> 裸节胃蝇 <i>G. inermis</i>	张明等 2015
		马线虫		梁薇 2014
		马蛲虫 <i>O. equi</i> 柔线虫 <i>Habronema</i> 圆线虫 <i>Strongyle</i> 食道齿线虫 <i>Oesophagodontus</i> 三齿线虫 <i>Triodontophorus</i>	胃蝇 <i>Gasterophilus</i>	李鑫等 2020

附录 2 世界范围普氏野马寄生虫研究

Appendix 2 Research on Przewalski's Horse parasites worldwide

年份 Year	寄生虫种类 Parasite species	地区 Site	文献 References
2006	裸头绦虫 <i>Anoplocephalidae</i>	东欧 East Europe	Slivinska et al. 2006
	马副蛔虫 <i>Parascaris equorum</i>		
	马尖尾线虫 <i>Oxyuris equi</i>		
	盅口线虫 <i>Cyathostomum</i>		
	杯口线虫 <i>Poteriostomum</i>		
	普通圆线虫 <i>Strongylus vulgaris</i>		
	马圆线虫 <i>S. equinus</i>		
	锯齿三齿线虫 <i>Triodontophorus serratus</i>		
	肠胃蝇 <i>Gasterophilus intestinalis</i>		
	鼻胃蝇 <i>G. nasalis</i>		
2009	马副蛔虫 <i>P. equorum</i>	东欧 East Europe	Kuzmina et al. 2009
	马尖尾线虫 <i>O. equi</i>		
	盅口线虫 <i>Cyathostomum</i>		
	杯口线虫 <i>Poteriostomum</i>		
	普通圆线虫 <i>S. vulgaris</i>		
	马圆线虫 <i>S. equinus</i>		
	锯齿三齿线虫 <i>T. serratus</i>		
2011	蝇柔线虫 <i>Habronema muscae</i>	东亚 East Asia	Painer et al. 2011
	裸头绦虫 <i>Anoplocephalidae</i>		
	马副蛔虫 <i>P. equorum</i>		
	魏氏类圆线虫 <i>Strongyloides westeri</i>		
	盅口线虫 <i>Cyathostomum</i>		
	艾氏毛圆线虫 <i>Trichostrongylus axei</i>		
	安氏网尾线虫 <i>Dictyocaulus arnfieldi</i>		
肠胃蝇 <i>G. intestinalis</i>			
2017	盅口线虫 <i>Cyathostomum</i>	东欧 East Europe	Kuzmina et al. 2017
	普通圆线虫 <i>S. vulgaris</i>		
	锯齿三齿线虫 <i>T. serratus</i>		
	蝇柔线虫 <i>H. muscae</i>		
	肠胃蝇 <i>G. intestinalis</i>		
2019	马副蛔虫 <i>P. equorum</i>	中欧 Central Europe	Jota et al. 2021a
	马尖尾线虫 <i>O. equi</i>		
	盅口线虫 <i>Cyathostomum</i>		
	杯口线虫 <i>Poteriostomum</i>		
	普通圆线虫 <i>S. vulgaris</i>		
	马圆线虫 <i>S. equinus</i>		
	无齿圆线虫 <i>S. edentatus</i>		
	锯齿三齿线虫 <i>T. serratus</i>		
艾氏毛圆线虫 <i>T. axei</i>			

附录 3 内蒙古大青山国家级自然保护区放归普氏野马胃肠道寄生虫疾病感染风险评估表

附录 3 Inner Mongolia Daqingshan National Nature Reserve reintroduction Przewalski's Horse gastrointestinal parasitic diseases risk assessment form	感染可能性 Likelihood of susceptibility	暴露可能性 Likelihood of exposure	被感染可能性 Likelihood of becoming infected	传播可能性 Likelihood of transmitting to others	对个体危害程度 Severity to the individual if clinical	对种群危害程度 Severity for the population	对评估方案重要性 Estimated significance to the programme	家畜传染野马的可能性 Probability of transmission from livestock to Przewalski's Horses	家畜互相传播的可能性 Probability of transmission between livestock	野马互相传播的可能性 Probability of transmission between Przewalski's Horses	野马传染家畜的可能性 Probability of transmission from Przewalski's Horses to livestock	对放归的重要性 Updated significance to the programme
副蛔虫 <i>Parascaris equorum</i>	5	5	5	5	4	3	27	3	3	3	3	39
肠胃蝇 <i>Gasterophilus intestinalis</i>	5	5	5	5	4	2	26	3	2	3	0	34
鼻胃蝇 <i>G. nasalis</i>	4	4	5	5	4	2	24	2	2	3	0	31
鼻状杯环线虫 <i>Cyllococyclus nassatus</i>	5	5	4	4	2	1	21	3	3	3	1	31
长伞杯冠线虫 <i>Cylicostephanus longibursatus</i>	5	5	4	4	2	1	21	3	3	3	1	31
高氏杯冠线虫 <i>C. goldi</i>	5	5	4	4	2	1	21	3	2	3	1	30
辐射杯环线虫 <i>C. radiatus</i>	5	5	4	4	2	1	21	3	1	3	1	29
红尾胃蝇 <i>G. haemorrhoidalis</i>	3	3	5	5	4	2	22	1	2	3	0	28
黑腹胃蝇 <i>G. pecorum</i>	2	2	5	5	4	2	20	1	2	3	1	27
碗形盘口线虫 <i>Cyathostomum catinatum</i>	4	5	4	4	2	1	20	2	1	3	1	27
黑角胃蝇 <i>G. nigricornis</i>	1	1	5	5	4	2	18	1	2	3	0	24
裸节胃蝇 <i>G. inermis</i>	1	1	5	5	4	2	18	1	2	3	0	24
蝶状盘口线虫 <i>C. pateratum</i>	4	2	4	4	2	1	17	3	3	1	0	24
日本三齿线虫 <i>Triodontophorus nipponicus</i>	1	5	0	4	2	2	14	3	1	3	1	22
四刺盘口线虫 <i>C. tetracanthum</i>	4	2	4	4	2	1	17	3	1	1	0	22
耳状杯环线虫 <i>C. auriculatus</i>	4	2	4	4	2	1	17	3	1	1	0	22
大唇片冠环线虫 <i>Coronocyclus labiatus</i>	1	5	0	4	2	1	13	3	2	3	1	22
真臂副杯口线虫 <i>Parapoterostomum euproctus</i>	1	5	0	4	2	1	13	3	2	3	1	22
小唇片冠环线虫 <i>C. labratus</i>	1	5	0	4	2	1	13	3	1	3	1	21
长形杯环线虫 <i>C. elongatus</i>	1	5	0	4	2	1	13	3	0	3	1	20

续附录 3

寄生虫种类 Gastrointestinal parasite species	感染可 能性 Likelihood of susceptibility	暴露可 能性 Likelihood of exposure	被感染 可能性 Likelihood of becoming infected	传播可 能性 Likelihood of transmitting to others	对个体 危害程度 Severity to the individual if clinical	对种群危 害程度 Severity for the population	对评估方 案重要性 Estimated significance to the programme	家畜传染野 马的可能性 Probability of transmission from Przewalski's Horses	家畜互相 传播的 可能性 Probability of transmission between livestocks	野马互相传播 的可能性 Probability of transmission between Przewalski's Horses	野马传染家 畜的可能性 Probability of transmission from Przewalski's Horses to livestocks	对放归的 重要性 Updated significance to the programme
显形环线虫 <i>C. insignis</i>	1	5	0	4	2	1	13	2	1	3	1	20
不等齿杯口线虫 <i>Poterostrongylus imparidentatum</i>	3	2	4	4	2	1	16	2	1	1	0	20
蝇柔线虫 <i>Habronema muscae</i>	1	4	3	5	1	1	15	0	0	2	3	20
马圆线虫 <i>Strongylus equinus</i>	1	3	3	4	3	1	15	0	0	3	1	19
无齿圆线虫 <i>S. edentatus</i>	1	3	3	4	3	1	15	0	0	3	1	19
锯齿三齿线虫 <i>T. serratus</i>	1	3	3	4	2	2	15	0	0	3	1	19
短尾三齿线虫 <i>T. brevicauda</i>	1	3	3	4	2	2	15	0	0	3	1	19
粗壮食道齿线虫 <i>Oesophagodontus robustus</i>	1	3	3	4	2	2	15	0	0	3	1	19
冠状环线虫 <i>C. coronatus</i>	3	2	4	4	2	1	16	1	1	1	0	19
头似辐首线虫 <i>Gyalocephalus capitatus</i>	1	3	3	4	2	2	15	0	0	3	1	19
双冠双冠线虫 <i>Cylicodontophorus bicoronatus</i>	1	3	3	4	2	1	14	0	0	3	1	18
小杯冠线虫 <i>C. calicatus</i>	1	3	3	4	2	1	14	0	0	3	1	18
微小杯冠线虫 <i>C. minutus</i>	1	3	3	4	2	1	14	0	0	3	1	18
拉氏杯口线虫 <i>P. ratzii</i>	2	2	4	4	2	1	15	1	1	1	0	18
马尖尾线虫 <i>Oxyuris equi</i>	1	3	3	3	1	1	12	0	0	3	1	16
普通圆线虫 <i>S. vulgaris</i>	0	0	1	4	4	1	10	0	0	0	0	10
大裸头缘虫 <i>Anoplocephala magna</i>	0	0	0	5	2	1	8	0	0	1	0	9
叶状裸头缘虫 <i>A. perfoliata</i>	0	0	0	5	2	1	8	0	0	1	0	9
熊氏三齿线虫 <i>T. hsiungi</i>	0	0	1	4	2	2	9	0	0	0	0	9
艾美耳球虫 <i>Eimeria</i>	0	0	0	5	1	1	7	0	0	1	0	8
隐孢子虫 <i>Cryptosporidium</i>	0	0	0	5	1	1	7	0	0	1	0	8
唇片盅口线虫 <i>C. labiatum</i>	0	0	1	4	2	1	8	0	0	0	0	8

