

北京地区发现喜鹊感染鸡蛔虫

高思潮^{①②#} 胡斌^{①#} 王嘉敏^① 王业^① 李高建^① 韩姝伊^①
黄妍奕^① 李文超^② 何宏轩^{①*}

① 中国科学院动物研究所 北京 100101; ② 安徽科技学院 凤阳 233100

摘要: 本研究从首都师范大学校园内死亡的喜鹊 (*Pica serica*) 肠道中分离出一种线性寄生虫。共剖检 11 只死亡喜鹊, 其中 7 只体内发现该线虫寄生。通过解剖观察发现, 这些死亡的喜鹊肠道中存在着大量长度 4 ~ 15 cm 的线性寄生虫。随后, 利用体视显微镜和扫描电镜观察其形态学特征, 并结合 *COX1* 基因序列分析其系统发育关系, 最终将该寄生虫鉴定为鸡蛔虫 (*Ascaridia galli*)。本研究发现, 城市自然环境中的喜鹊存在鸡蛔虫感染现象, 这不仅拓宽了对这种鸡蛔虫宿主范围的了解, 而且进一步证实城市野生留鸟在维护公共健康方面扮演了重要角色。

关键词: 喜鹊; 鸡蛔虫; 物种鉴定

中图分类号: R38 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263 (2025) 06-937-06

Pica serica Found to Be Infected With *Ascaridia galli* in Beijing

GAO Si-Chao^{①②#} HU Bin^{①#} WANG Jia-Min^① WANG Ye^① LI Gao-Jian^① HAN Shu-Yi^①
HUANG Yan-Yi^① LI Wen-Chao^② HE Hong-Xuan^{①*}

① Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101; ② Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China

Abstract: Wild birds play a significant role in the maintenance and transmission of various zoonotic pathogens. Among them, the Oriental Magpie *Pica serica* is considered a representative terrestrial wild bird species. Elucidating its role in the transmission of zoonotic pathogens is of particular importance. In this study, deceased Oriental Magpies were collected from the campus of Capital Normal University, and comprehensive morphological and molecular analyses were performed on their intestinal parasitic nematodes. First, necropsies of deceased Oriental Magpies revealed a significant number of cylindrical parasites, measuring 4 to 15 cm in length, in their intestines. A stereoscopic zoom microscope (SZM) and a scanning electron microscope (SEM) were subsequently used to examine the morphological characteristics. Genomic DNA was then extracted from *Ascaridia galli*, and the cytochrome oxidase subunit I (*COX1*) gene was amplified via

基金项目 科技基础资源调查专项, 北京市野生动物疫源疫病主动监测和预警项目;

* 通讯作者, E-mail: hehx@ioz.ac.cn;

共同第一作者 高思潮, 男, 硕士研究生; 研究方向: 鸟类人兽共患寄生虫学; E-mail: gaosichao1998@163.com;

胡斌, 男, 博士研究生; 研究方向: 鸟类疫病生态学; E-mail: hubin@ioz.ac.cn。

收稿日期: 2024-05-16, 修回日期: 2025-07-13 DOI: 10.13859/j.cjz.202524120 CSTR: 32109.14.cjz.24120

polymerase chain reaction (PCR). Positive clones were sequenced to identify target DNA inserts. The resulting sequences were assembled manually via BioEdit (v7.0.9) and aligned with *A. galli* reference sequences from GenBank by BLAST. A phylogenetic tree was constructed via the Neighbor-Joining (NJ) method with 1 000 bootstrap replicates in MEGA 9, along with a barcoding gap assessment. The parasite exhibited a three-lipped anterior oral aperture, a visible anus at the tail end, and a vulva anterior to the anus, which suggested that this specimen was female *A. galli* (Fig. 1). Subsequent phylogenetic analysis indicated that the parasite sequence obtained clustered with reference sequences of *A. galli* from chicken hosts (Fig. 2), with sequence similarity greater than 90%, conclusively identifying the parasite as *A. galli*. This study identified *A. galli* in Oriental Magpies inhabiting urban natural environments, thereby expanding current knowledge of the parasite's host range and highlighting the important role of wild urban-dwelling birds in public health surveillance.

Key words: *Pica serica*; *Ascaridia galli*; Species identification

野生鸟类因其流动性和对病原体传播的影响,在人畜共患病原体的储存和传播中扮演着重要的角色(Hamer et al. 2012, Rizzoli et al. 2015)。野生鸟类可携带多种病原微生物,包括禽流感病毒、西尼罗河热病毒、伯氏疏螺旋体以及多种致病菌和寄生虫,如弯曲杆菌属(*Campylobacter*)、沙门氏菌属(*Salmonella*)细菌及弓形虫(*Toxoplasma gondii*)等(Abulreesh et al. 2007, Contreras et al. 2016, Du et al. 2019)。喜鹊(*Pica serica*)是一种广泛分布于欧亚大陆的雀形目(Passeriformes)鸦科(Corvidae)鹊属的野生鸟类(Lee et al. 2003),能够很好地适应城市环境,其作为传播媒介可携带多种病原体,因此对人类健康和安

全存在潜在威胁。鸡蛔虫(*Ascaridia galli*)隶属蛔目(Ascaridida)禽蛔科(Ascaridiidae)禽蛔属,是鸟类线虫,也是全世界家禽中最常见的线虫之一(Urbanowicz et al. 2018),主要寄生于家禽和野生鸟类的小肠中,偶尔也在食道内发现(Schwarz et al. 2011, Sharma et al. 2019)。鸡蛔虫呈淡黄色至白色,线状,两侧对称,雌虫通常较雄虫体型大(Marcos-Atxutegi et al. 2009, Faizullah et al. 2022)。宿主一旦出现鸡蛔虫感染,不仅会阻碍其生长发育,还会引起强烈的免疫和炎症反应,甚至死亡。

本研究收集了北京地区死亡喜鹊的肠道寄生线虫,利用形态学和分子生物学方法对其进行物种鉴定。

1 材料与方法

1.1 喜鹊尸体解剖及寄生虫样本采集

2022年6月11日,在北京市海淀区首都师范大学校园内(39°55'48" N, 116°18'20" E)发现11只喜鹊死亡。体表观察未发现任何明显的伤口,剖检发现7只喜鹊肠道内存在大量线虫寄生。使用PBS洗涤虫体,观察和记录虫体的外部结构和形态特征。将寄生虫在4℃下保存,用于后期提取DNA。

1.2 寄生虫形态学观察

选取形态最完整、具有代表性的寄生虫个体,利用体视显微镜(尼康SMZ800N,尼康精机上海有限公司)和扫描电镜(FEI, Quattro S, Thermo Fisher Scientific/FEI)进行形态学鉴定。用PBS缓冲液洗涤线虫虫体3次,每次15 min,然后放入1%福尔马林溶液中固定2 h后,取出并置于体视显微镜下观察。先将该寄生虫固定于2.5%的戊二醛溶液中,4℃过夜。随后,将标本放入二甲胍酸钠缓冲液中过夜。然后,对样本进行乙醇梯度脱水,临界点干燥及喷金处理后,最终通过扫描电镜进行观察与记录。

1.3 基于 *COX1* 基因的分子系统发育分析

使用天根生化技术有限公司的 DNA 提取试剂盒,分别提取了 17 份线虫个体组织样本和 7 份喜鹊粪便样本中的 DNA。使用线虫 *COX1* 基因引物进行 PCR 特异性扩增,上游引物 (JB3) 5'-TTT TTT GGG CAT CCT GAG TTT AT-3',下游引物 (JB4.5) 5'-TAA AGA AAC AAT GAA ATG-3' (Chen et al. 2022), 基因序列长度约 441 bp。所有 PCR 阳性产物均纯化后送往华大基因测序 (中国北京) 进行双向测序。所得序列通过 BioEdit (v7.0.9) 软件进行处理,然后手动拼接和校正。将该基因序列提交 GenBank 并进行 Blast 搜索、比较,鉴定该寄生虫的具体物种信息。最后,基于 *COX1* 基因序列,以本实验获得的喜鹊株线虫 (GenBank 序列号 OP881429) 以及从 NCBI 中下载的其他源鸡蛔虫虫株 (KT613893.1、KT613899.1、KT613898.1、KT613897.1、KT613892.1) 和狮弓蛔虫 (*Toxascaris leonina*, MT942619.1、AJ920064.1、KC293933.1、AJ920063.1、KC293930.1、MH795159.1、OM867280.1、JF780948.1、OM867286.1、OM867285.1)、犬弓首蛔虫 (*Toxocara canis*, JF780943.1)、猫弓

首蛔虫 (*T. cati*, AJ920057.1)、西氏贝蛔虫 (*Baylisascaris schroederi*, EU628682.1)、浣熊贝氏蛔虫 (*B. procyonis*, KC172104.1) 的 *COX1* 为内群,以丝状蛇蛔线虫 (*Ophidascaris filaria*, MH285589.1) 为外群,利用 MEGA 9.0 软件以邻接法 (neighbor-joining, NJ) 构建系统发育树,通过 bootstrap (1 000 次重复) 对各分支进行支持率检验,以推断本研究中所发现寄生虫和 GenBank 上其他已知寄生虫基因型的系统发育关系。

2 结果

2.1 鸡蛔虫体视显微镜和扫描电镜观察

在体视显微镜下,观察到虫体呈现淡黄色,圆筒形,体表角质层 (stratum corneum, SC) 具有横纹 (striation)。虫体前端有突出的口器 (oral aperture, OA), 分为 3 叶,大小几乎相等;表皮至食管区增厚,虫体细长,两端逐渐尖锐,中部可见幼虫。该寄生虫长度在 4~15 cm 之间,平均长度约为 6.7 cm,躯干 (trunk) 长度为 4.1~7.5 cm,宽度为 0.2~0.5 cm (图 1a~d)。扫描电镜观察 (图 1e~g),可以清晰地看到覆盖在虫体躯干表面角质

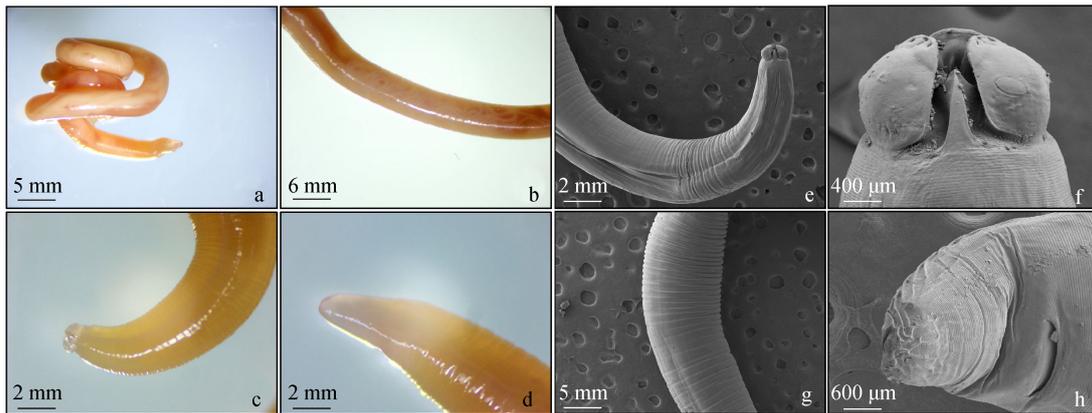


图 1 寄生虫体视显微镜和扫描电镜观察

Fig. 1 Observations on the body of the worm by stereoscopic zoom microscopy and scanning electron microscopy

a~d 为体视显微镜拍摄, e~h 为扫描电镜拍摄。a. 寄生虫整体形态; b. 虫体中部形态; c. 成虫头部; d. 成虫尾端; e. 虫体头部; f. 头部口器放大图像; g. 中部放大图像; h. 生殖孔放大图像。

a - d were captured by a stereoscopic zoom microscope, and e - h were captured by a scanning electron microscope. a. Whole-body morphology; b. Mid-body region; c. Head region of an adult worm; d. Tail end of the adult worm; e. SEM image of the anterior end; f. Magnified view of oral structures; g. Magnified view of the mid-body region; h. Magnified view of the vulva.

层的线条(图 1g), 头部有 3 叶唇瓣 (labellum), 每个唇瓣有明显的肉质突出, 唇长 (labellum length, LL) 大于唇宽 (labellum width, LW, 图 1e, f)。虫体表面无乳突 (mastoid process, MP), 尾部呈锥形, 较长 (图 1d), 肛门 (anus) 处呈直的横缝状, 无吸盘 (suction cup, SC), 肛门前有阴门 (vulva, 图 1d, h)。通过体视显微镜与扫描电镜观察, 基于虫体呈淡黄色, 两端稍尖、中部呈圆柱状, 口器具有典型三片唇特征, 与鸡蛔虫描述一致, 初步判断该寄生虫为鸡蛔虫, 且由于观察个体仅有一条生殖孔, 未观察到交合刺及尾翼等雄虫特征, 判定为雌虫。

2.2 分子遗传特征

获得北京市喜鹊鸡蛔虫分离株的 *COX1* 基因序列, 长度为 441 bp, 已提交到 GenBank 数据库, 登录号为 OP881429。基于邻接法构建的系统发育树中, 本研究所获得的寄生虫 *COX1* 序列与宿主为鸡的鸡蛔虫序列聚成一簇 (图 2), 且同源性大于 90%, 因此最终判定该寄生虫为鸡蛔虫。

2.3 寄生虫感染状态检测

在 11 只死亡喜鹊中, 有 7 只检测出鸡蛔虫成虫, 感染率为 63.6%, 共检出 17 只鸡蛔虫, 提取 11 只喜鹊粪便 DNA 进行复测, 与上述结果一致。

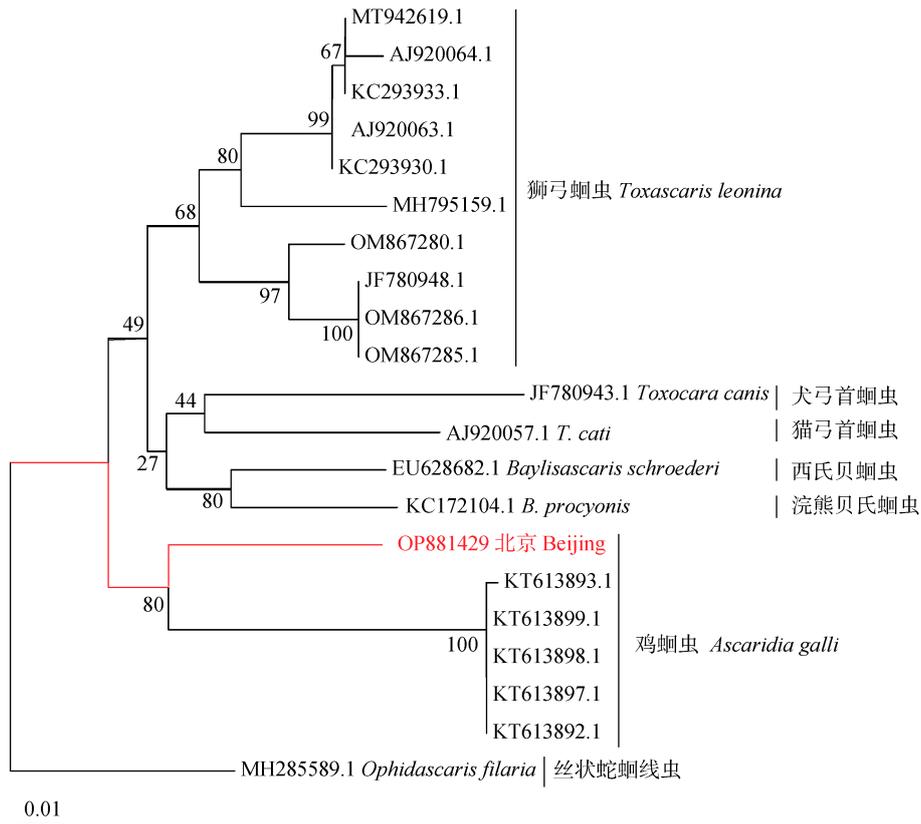


图 2 基于 *COX1* 基因部分序列构建的鸡蛔虫邻接法系统发育树

Fig. 2 Neighbor-joining phylogenetic tree of *Ascaridia galli* based on partial *COX1* gene sequences

分支上的数字表示该分支在 1 000 次自展法重复抽样中的支持率 (%)；标尺表示该进化树中序列间的遗传距离为 0.01；图中红色分支表示本研究中获取的代表性序列。

The numbers on the branches indicate the bootstrap support values calculated from 1 000 replicates; the scale bar indicates a genetic distance of 0.01 substitutions per site among sequences in the phylogenetic tree; the red branch in the tree denotes the representative sequence obtained in this study.

3 讨论

在以往的研究当中，对寄生虫进行识别和分类时，主要依赖于形态学特征、宿主特异性和寄生虫寄生的位置，这些方法在很大程度上取决于样本的完整性和识别者的经验（Nadler et al. 2011, Hasegawa et al. 2022）。为了提高物种识别的准确性，本研究使用体视显微镜和扫描电镜对从野生喜鹊肠道中分离出的寄生虫进行了形态学观察，初步鉴定为鸡蛔虫。但是，在体视显微镜和扫描电镜的观察中，发现寄生虫的直径在样本处理过程中会因处理方法有所增大，这可能会导致观测尺寸与真实大小之间存在一定的差异。采用分子生物学技术扩增了该线虫的 *COX1* 基因序列，最终确认该寄生虫为鸡蛔虫。基于 *COX1* 基因构建的进化树显示，鸡蛔虫与犬弓首蛔虫以及猫弓首蛔虫亲缘进化关系较近，且同源性大于 88%。鸡蛔虫的种群结构、遗传多样性和种系发育已有深入研究，例如，Shuai 等（2023）分析了鸡蛔虫的全基因组序列，Malatji 等（2016）利用 *COX1* 基因探讨了鸡蛔虫的遗传结构，黄潇航等（2022）通过扩增 18S rRNA 基因鉴定了宿主为番鸭（*Cairina moschata*）的鸡蛔虫，贺峻琳等（2022）通过扩增 *pcox1* 基因（442 bp）鉴定了宿主为蓝孔雀（*Pavo cristatus*）的鸡蛔虫，Malatji 等（2016）通过 *COX1* 基因（510 bp）鉴定了来自南非地区宿主为家鸡（*Gallus gallus domesticus*）的鸡蛔虫，Faizullah 等（2022）通过 *COX1* 基因（533 bp）确认了宿主为鹌鹑（*Coturnix coturnix*）的鸡蛔虫。上述研究表明，分子生物学方法具有较高的准确性，适用于鸡蛔虫的鉴定。

相较于城市留鸟，候鸟能够跨越生态障碍（例如海洋），可能传播寄生虫等多种病原体而格外受到关注（Malatji et al. 2016）。然而，作为城市中的伴生动物，喜鹊等城市留鸟在公共卫生问题上的潜在危害往往被忽视，这可能与它们全年栖息在同一地区，传播传染病的区域

有限有关（Daszak et al. 2000, Domagalski 2000）。在某些地区，野生鸟类可能通过迁徙、排泄物或接触水源等方式，将病原体以直接或间接的方式传播至家禽养殖区或人类活动区域，从而引发周期性暴发，并促使病原体在局部地区持续存在（Daszak et al. 2000, Domagalski 2000）。鸡蛔虫是家养动物中常见的寄生虫，在本研究中喜鹊受到鸡蛔虫感染，可能是与它们与家养动物的接触有关。由此推断，在寄生虫的传播网络中可能存在涉及野生候鸟-留鸟-家养动物的传播循环，这需要更多的研究来证实。因此，我们建议加强对城市留鸟的主动监测，制定行之有效的措施预防疫病的暴发。

参 考 文 献

- Abulreesh H H, Goulder R, Scott G W. 2007. Wild birds and human pathogens in the context of ringing and migration. *Ringling & Migration*, 23(4): 193–200.
- Chen S Y, Qiu Q G, Mo H L, et al. 2022. Molecular identification and phylogenetic analysis of ascarids in wild animals. *Frontiers in Veterinary Science*, 9: 891672.
- Contreras A, Gómez-Martín A, Paterna A, et al. 2016. Epidemiological role of birds in the transmission and maintenance of zoonoses. *Revue Scientifique et Technique*, 35(3): 845–862.
- Daszak P, Cunningham A A, Hyatt A D. 2000. Emerging infectious diseases of wildlife—threats to biodiversity and human health. *Science*, 287(5452): 443–449.
- Domagalski R. 2000. The 2000 Wisconsin Christmas bird counts. *The Passenger Pigeon*, 62: 251–281.
- Du J, Luo J, Huang J J, et al. 2019. Emergence of genetic diversity and multi-drug resistant *Campylobacter jejuni* from wild birds in Beijing, China. *Frontiers in Microbiology*, 10: 2433.
- Faizullah, Jan S U, Taj K, et al. 2022. Morphological and molecular evidences of *Ascaridia galli* in migratory quail *Coturnix coturnix japonica* from Baluchistan Pakistan. *Brazilian Journal of Biology*, 82: e258647.
- Hamer S A, Goldberg T L, Kitron U D, et al. 2012. Wild birds and

- urban ecology of ticks and tick-borne pathogens, Chicago, Illinois, USA, 2005-2010. *Emerging Infectious Diseases*, 18(10): 1589–1595.
- Hasegawa R, Katahira H, Koizumi I. 2022. *Salmincola markewitschi* or *S. carpionis* (Copepoda: Lernaeopodidae)? A requirement for taxonomic revision due to their high morphological variations. *Folia Parasitologica*, 69: 2022.025.
- Lee S I, Parr C S, Hwang Y, et al. 2003. Phylogeny of magpies (genus *Pica*) inferred from mtDNA data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 29(2): 250–257.
- Malatji D P, Tsotetsi A M, van Marle-Koster E, et al. 2016. Population genetic structure of *Ascaridia galli* of extensively raised chickens of South Africa. *Veterinary Parasitology*, 216: 89–92.
- Marcos-Atxutegi C, Gandolfi B, Arangüena T, et al. 2009. Antibody and inflammatory responses in laying hens with experimental primary infections of *Ascaridia galli*. *Veterinary Parasitology*, 161(1/2): 69–75.
- Nadler S A, DE León G P. 2011. Integrating molecular and morphological approaches for characterizing parasite cryptic species: implications for parasitology. *Parasitology*, 138(13): 1688–1709.
- Rizzoli A, Bolzoni L, Chadwick E A, et al. 2015. Understanding West Nile virus ecology in Europe: *Culex pipiens* host feeding preference in a hotspot of virus emergence. *Parasites & Vectors*, 8: 213.
- Schwarz A, Gaulty M, Abel H, et al. 2011. Immunopathogenesis of *Ascaridia galli* infection in layer chicken. *Developmental & Comparative Immunology*, 35(7): 774–784.
- Sharma N, Hunt P W, Hine B C, et al. 2019. The impacts of *Ascaridia galli* on performance, health, and immune responses of laying hens: new insights into an old problem. *Poultry Science*, 98(12): 6517–6526.
- Shuai Y J, Xue Q Q, Zou M H, et al. 2023. The complete mitochondrial genome of the chicken roundworm *Ascaridia galli* (Nematoda: Ascaridiidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 8(10): 1029–1031.
- Urbanowicz J, Gaweł A, Bobrek K. 2018. *Ascaridia galli* isolates with ITS1-5.8rRNA-ITS2 fragment homologous to *Ascaridia columbae*. *Acta Parasitologica*, 63(3): 640–644.
- 贺峻琳, 龚腾芳, 谭磊, 等. 2022. 孔雀源蛔虫分子鉴定及其遗传进化分析. *中国动物传染病学报*, 30(3): 189–195.
- 黄满航, 彭佳佳, 张龙, 等. 2022. 鸭源蛔虫分子生物学鉴定及临床病理分析. *中国兽医杂志*, 58(12): 21–24.