·重要食源性寄生虫病:广州管圆线虫病防控专题·

应用*cytb*序列鉴定野鼠粪便中的广州管圆线虫感染

吕进微，林　玉，冯耀宇，肖立华，元冬娟
(华南农业大学兽医学院,广东 广州 510642)

摘　要:【目的】应用多种分子标记,评估其在鉴定广州市花都区花山镇野鼠粪便中的广州管圆线虫的有效性,并分析野鼠的感染状况。【方法】捕获广州花都区花山镇 128 只野鼠,采集野鼠粪便,采用 FastDNA SPIN Kit for Soil 试剂盒提取粪便总 DNA,通过 PCR 扩增获得 *cytb*、*cox I* 和 ITS2 片段,PCR 产物经测序鉴定,并对测序产物进行系统发育分析。【结果】通过 PCR 扩增和测序鉴定,仅有 5 份样本扩增出的 *cytb* 序列没有套峰,可以准确鉴定为广州管圆线虫。结果表明该地区褐家鼠的广州管圆线虫感染率为 7.58%(5/66),而黄胸鼠、黄毛鼠、臭鼩鼱及板齿鼠中未检测到 *cytb* 序列,表明褐家鼠是广州管圆线虫的适宜宿主,且 *cytb* 序列适用于从野鼠粪便中鉴定广州管圆线虫的感染情况。【结论】*Cytb* 序列是鉴定野鼠粪便中广州管圆线虫的良好分子标记,可以用于长期监测野鼠中的广州管圆线虫流行情况和危害潜力。

关键词:广州管圆线虫;*cytb*;野鼠;粪便;调查
中图分类号:S855.9　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1672-3554(2026)01-0011-06
DOI:10.11714/jsysu.med.YX20250099

Identification of *Angiostrongylus cantonensis* in Wild Rodent Feces via *cytb* Sequences

LÜ Jinwei, LIN Yu, FENG Yaoyu, XIAO Lihua, YUAN Dongjuan
(College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)
Correspondence to: YUAN Dongjuan; E-mail: yuandj@scau.edu.cn

Abstract:【Objective】Several molecular markers were evaluated for their reliability in detecting *Angiostrongylus cantonensis* in wild rodent feces and for determining the infection status of these rodents.【Methods】A total of 128 wild rodents were captured in Huashan Town, Huadu district, Guangzhou. Their fecal samples were collected and total DNA was extracted with the FastDNA SPIN Kit for Soil. PCR amplification was performed to obtain *cytb*, *cox I* and ITS2 gene fragments, followed by Sanger sequencing and phylogenetical analysis.【Results】Among all 128 fecal samples, only 5 had clean PCR bands and unambiguous *cytb* sequences suitable for reliable species identification. The infection rate of *A. cantonensis* was 7.58% (5/66) in *Rattus norvegicus*, whereas no *cytb* fragments were detected in *Rattus tanezumi*, *Rattus losea*, *Suncus murinus* and *Bandicota indica*. These data indicate that *R. norvegicus* is a highly suitable host for *A. cantonensis*, and the *cytb* gene serves as an effective molecular marker for detecting *A. cantonensis* in wild rodent feces.【Conclusion】The *cytb* is an effective molecular marker for detecting *A. cantonensis* in wild rodent feces, enabling long-term surveillance of its prevalence and potential public health threat.

Key words: *Angiostrongylus cantonensis*; *cytb*; wild rodent; feces; investigation
[J SUN Yat-sen Univ(Med Sci),2026,47(1):11-16]

收稿日期:2025-08-04　　**录用日期:**2025-12-15
基金项目:广东省基础与应用基础研究基金(2023A1515011964,2024A1515011658)
作者简介:吕进微,第一作者,研究方向:人兽共患寄生线虫的寄生适应性机制,E-mail:13984152960@163.com;元冬娟,通信作者,副研究员,研究方向:野生动物寄生线虫的分子流行病学,重要人兽共患寄生线虫的寄生适应性机制,E-mail:yuandj@scau.edu.cn

广州管圆线虫(*Angiostrongylus cantonensis*, *Ac*)是一种重要的人兽共患寄生线虫,由陈心陶教授于1933年首次发现于广州家鼠肺部[1]。广州管圆线虫感染可引起人嗜酸性粒细胞增多性脑膜炎或脑膜脑炎,主要表现为一系列神经症状,如呕吐、持续头痛、认知障碍、休克,甚至死亡等[2]。1945年,中国台湾省首次报道人体感染广州管圆线虫的病例[3];至今全球报道病例2 900余例,其中75%的病例发生在泰国、中国台湾、福建、广东、海南及湖南[2]。广州管圆线虫具有宿主寄生适应性,在适宜宿主大鼠体内,虫体可由脑迁移入肺发育为成虫并产卵,虫卵孵化为L1期幼虫后,经咳嗽反射及吞咽动作进入消化道,随后随粪便排出体外。而小鼠、人、犬、猴等哺乳动物作为非适宜宿主,虫体在其中的发育停滞于宿主脑内,无法发育为成虫并产卵[4-6]。适宜宿主野鼠也是广州管圆线虫病的保虫宿主,是维持广州管圆线虫自然疫源性和导致广州管圆线虫病流行的关键因素[7]。因此,全面了解和掌握当地野鼠感染广州管圆线虫的情况,对制定针对性防治对策具有重要意义。检测野鼠感染广州管圆线虫的常见方法是解剖野鼠肺部获得成虫进行形态和分子鉴定[8]。然而,该方法存在一定局限性:其一,解剖操作需处死动物,难以实现对同一宿主的动态监测,且不符合动物伦理倡导的"3R"原则(替代、减少、优化);其二,成虫仅在感染后期出现于肺部,对低虫荷样本易造成漏检;其三,形态学鉴定依赖经验,存在种间特征相似导致的误判风险,常常需要结合分子鉴定。近年来,研究者也开始探索粪便抗原检测、血清抗体筛查等非损伤性检测技术,通过检测虫卵、循环抗原或特异性抗体,以期实现野鼠感染情况的高效、活体监测。然而分子生物学方法以其高灵敏度和强特异性,在野鼠感染监测技术中持续发挥不可替代的作用。为此,结合分子鉴定方法,进一步优化非损伤性技术,将有助于推动监测体系的完善。线粒体或核糖体基因作为分子标记,已被广泛应用于分离的广州管圆线虫的分子鉴定,常用的分子标记包括小亚基核糖体RNA(SSU rRNA)基因[9]、核糖体内部转录间隔区2(internal transcribed spacers 2, ITS2)[10]、线粒体细胞色素C氧化酶亚基Ⅰ(cytochrome c oxidase subunit I, *cox I*)[11]和细胞色素b(cytochrome b, *cytb*)[12]等。此外,*cox* Ⅰ序列能够区分广州管圆线虫的不同地理分离株[13],并鉴定其不同的单倍型[14];*cytb*序列因具有较高的突变率和变异性,可用于分析广州管圆线虫种群内的分化情况[12]。ITS2序列在不同地理来源的广州管圆线虫间存在一定变异,可用于区分不同地理分离株及其单倍型[15]。综上所述,从分子水平研究广州管圆线虫的遗传多样性,可为该物种的分子溯源、预警及监测提供有力支持。本研究旨在建立快速识别野鼠肠道中广州管圆线虫L1期幼虫的检测技术。从野外捕获野鼠,收集野鼠肠道中的粪便,提取粪便总DNA后通过PCR扩增多种分子标记基因,经测序分析比对,筛选适用于鉴定的分子标记。

1 材料与方法

1.1 野鼠的捕获和粪便的收集

根据历史资料,在广州花都区花山镇以鼠笼和粘鼠板等方式捕获野鼠,其遗传背景为自然野生群体,未经人工选择和培育。根据形态特征进行种类鉴定,具体种类组成为66只褐家鼠、26只黄胸鼠、17只黄毛鼠、17只臭鼩鼱、2只板齿鼠。根据文献记载[16-19],按照体质量划分褐家鼠、黄胸鼠和黄毛鼠的年龄段,具体划分标准为:褐家鼠幼年≤80 g,亚成年81~130 g,成年>130 g;黄胸鼠和黄毛鼠幼年≤40 g,亚成年41~75 g,成年>75 g。褐家鼠有17只幼年,2只亚成年,47只成年;黄胸鼠有4只幼年,1只亚成年,21只成年;黄毛鼠有1只幼年,16只成年;臭鼩鼱和板齿鼠均成年。

完成物种鉴定和年龄判定后,安乐死并解剖获取野鼠粪便,将粪便与重铬酸钾按照1:1进行均匀混合后4 ℃保存[20]。本实验的所有操作均严格遵循《实验动物管理条例》和《医学实验动物管理实施细则》的规定,符合国家相关法律法规和伦理要求。动物伦理审查编号为:2023F187。

1.2 粪便总DNA提取

采用FastDNA SPIN Kit for Soil试剂盒(MP Biomedicals,美国)提取野鼠粪便总DNA,具体操作参考试剂盒说明书。

1.3 目的基因片段扩增

以每只野鼠粪便总DNA样品为模板,采用50 μL PCR反应体系扩增。*Cox I*、ITS2的PCR反应体系为:18 μL去离子水、25 μL Fermentas Mix(2×)、上下引物各2.5 μL、2 μL样品DNA。*Cox I*及ITS2的PCR反应程序为:94 ℃预变性5 min;94 ℃变性45 s,58 ℃退火45 s,68 ℃延伸1 min,共35个循

环；最后68 ℃延伸7 min。*Cytb*的PCR反应体系为：20.5 μL去离子水、25 μL Fermentas Mix(2×)、上下引物各1.25 μL、2 μL样品总DNA。PCR反应程序为：94 ℃预变性5 min；94 ℃变性45 s，50 ℃退火45 s，68 ℃延伸1 min，共35个循环；最后68 ℃延伸7 min。其中PCR扩增反应所用的引物及其序列见表1。

表1　特异性基因扩增引物序列

Table 1　Specific primer sequences for gene amplification

Gene	Primer Sequences	Fragment length/bp
cox I	F1：5′-TTTTTTGGGCATCCTGAG-GTTTAT-3′	605
	R1：5′-CGAGGATAACCATGTA-AACCAGC-3′	
ITS2	F1：5′-ACGTCTGGTTCAGGGTT-GTT-3′	730
	R1：5′-TTAGTTTCTTTTCCTCC-GCT-3′	
cytb	F1：5′-TGAATAGACAGAATTTTA-AGAG-3′	853
	R1：5′-ATCAACTTAACATTA-CAGAAAC-3′	

cox I：cytochrome c oxidase subunit Ⅰ；ITS2：Internal transcribed spacer 2；*cytb*：cytochrome b.

1.4　基因序列的收集和系统发育树构建

从GenBank数据库中获取广州管圆线虫不同地理株的29条线粒体*cytb*序列，加入本研究中获得的*cytb*序列，使用ClustalX v1.83软件进行同源性比对分析，采用MEGA X软件应用最大似然(maximum-Likelihood，ML)法构建系统发育树[21]，以马来管圆线虫作为外群对照。

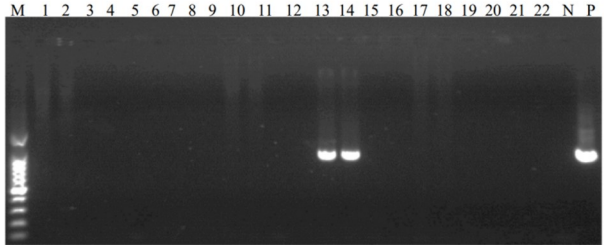
1.5　统计方法

使用SPSS 27.0软件进行统计学分析，采用Fisher′s精确检验对不同种类野鼠的广州管圆线虫感染率进行比较，$P < 0.05$被认为具有统计学意义。

2　结　果

2.1　花都野鼠粪便中广州管圆线虫分子标记的扩增和鉴定

从128只野鼠粪便中提取总DNA，依据针对广州管圆线虫*cox I*、*cytb*和ITS2片段设计的特异性引物(表1)，经PCR扩增后成功获得相应片段。部分PCR产物的凝胶电泳结果如图1所示。电泳结果显示：有3个样本扩增出605 bp的*cox I*片段，5个样本扩增出853 bp的*cytb*片段，7个样本扩增出730 bp的ITS2片段。将PCR产物送上海生工生物工程有限公司测序后，可知*cox I*和ITS2的测序信号差，其中*cox I*存在间断套峰，ITS2存在连续套峰。*Cytb*片段的测序峰图信号清晰，将测序结果在GenBank数据库中进行同源比对后发现，其与广州管圆线虫*cytb*序列(GenBank accession：HQ540548.1)一致性达到99.11%。由此可知，从野鼠粪便总DNA中扩增的*cytb*序列可用于鉴定广州管圆线虫。



M：100 bp DNA ladder；1-22：PCR amplicons generated from total DNA of wild rodent feces；N：Negative control；P：Positive control.

图1　部分野鼠样品广州管圆线虫*cytb*基因片段的凝胶电泳

Fig. 1　Gel electrophoresis of *cytb* fragments of *A. cantonensis* from partial fecal samples of wild rodents

2.2　花都区花山镇适宜寄生野鼠的广州管圆线虫感染率

对128份野鼠粪便样本总DNA进行分子鉴定，结果显示广州管圆线虫阳性样品5份(表2)，总感染率为3.91%(5/128)。Fisher′s精确检验结果显示，不同鼠种间的感染率差异无统计学意义($P = 0.388$)。其中，褐家鼠感染率为7.58%(5/66)，而在黄胸鼠、黄毛鼠、臭鼩鼱和板齿鼠粪便中，均未检测出广州管圆线虫L1期幼虫(表2)。

2.3　基于cytb序列的广州管圆线虫地理株的系统发育分析

从GenBank数据库检索广州管圆线虫*cytb*序列，并将其与在花都区花山镇野鼠中检出的5个*cytb*序列进行同源比对。运用MEGA X软件，采用最大似然法建立系统发育树(图2)。结果表明，源自花都区花山镇的5个广州管圆线虫*cytb*序列具有高度一致性，在系统发育树上单独聚成1个小分支。进一步分析发现，该分支与夏威夷的广州管圆线虫*cytb*序列一致性，高于其与来自泰国不同

表2 不同品种野鼠的广州管圆线虫感染率

Table 2 Infection rates of *A. cantonensis* in different species of wild rodents

Wild Rodent Species	Number of tests/*n*	Number of positives/*n*	Positive rate/%
Rattus tanezumi	26	0	0.00
Rattus norvegicus	66	5	7.58
Rattus losea	17	0	0.00
Suncus murinus	17	0	0.00
Bandicota indica	2	0	0.00
Total	128	5	3.91

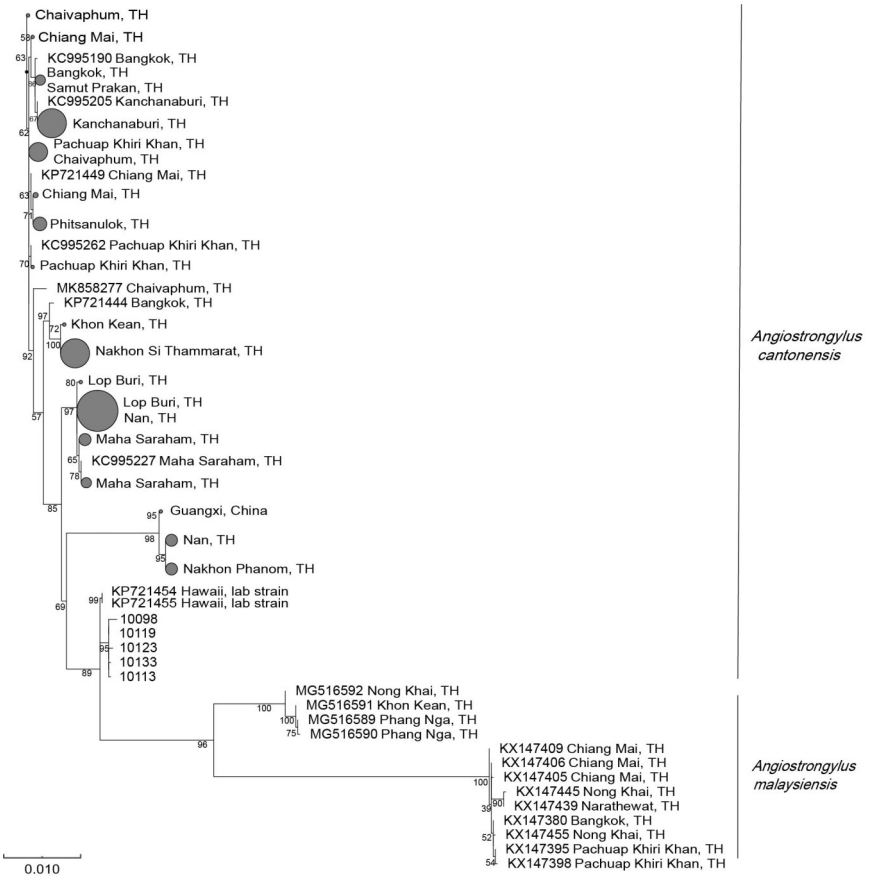
Fisher's exact test revealed no significant differences in the positive rates among the groups ($P = 0.388$).

省份间以及同一省份的广州管圆线虫*cytb*序列(图2)。

3 讨论

广州管圆线虫有明显的宿主寄生适宜性,在适宜宿主体内,虫体从宿主脑部迁移入肺部发育为成虫并产卵,虫卵在肺部孵化为L1期幼虫后,经咳嗽及吞咽进入消化道,最终随粪便排出体外。本研究分析的广州市花都区花山镇的5种野鼠中,仅在褐家鼠粪便中检出广州管圆线虫L1期幼虫,检出率为7.58%。已有研究指出褐家鼠是广州管圆线虫的适宜宿主[22],本研究结果与之相符。因此,在广州市广泛分布的褐家鼠是开展广州管圆线虫流行情况监测的重点对象。此外,尽管本研究对野鼠进行解剖后采集粪便,考虑到分子检测技术的高灵敏性和特异性,后续可以直接采集野外环境中的鼠粪进行常规监测。

已有的分子标记,包括ITS2、*cox I*和*cytb*等,通常用于对分离获得的广州管圆线虫进行分子鉴定。由于直接以虫体DNA样本为模板,通常容易扩增



The circle size corresponds to sequence abundance: larger circles indicate much more number of sequences. TH represents Thailand.

图2 基于广州管圆线虫*cytb*建立的最大似然系统发育树

Fig. 2 Maximum-likelihood phylogenetic tree inferred from *A. cantonensis cytb* sequences

获得PCR产物。然而，直接从野鼠粪便总DNA中扩增分子标记基因的片段时，常面临DNA样本复杂、虫体基因拷贝数低及引物扩增特异性不足等问题，导致难以获得有效的扩增产物，或产物出现套峰等现象，影响结果判定。为此，需要筛选适用的引物。本研究使用3对引物分别扩增ITS2、*cox I*和*cytb*基因片段，发现*cox I*和ITS2的扩增产物存在套峰和信号差的情况，仅*cytb*能提供有效的序列用于分子鉴定。已有研究发现，广州管圆线虫的*cox I*序列在不同个体及地理种群间存在较大的变异性，可形成16个不同的*cox I*单倍型[23]。因此，这种套峰的存在可能与所扩增序列在个体间存在一定程度的遗传变异有关[24]，后续可选择相对保守区域，重新设计*cox I*和ITS2的扩增引物，使其成为适用的分子标记。

目前，关于广州管圆线虫*cytb*序列已研究报道了20种单倍型。其中，泰国有17种（*Ac*1–*Ac*15、*Ac*19和*Ac*20）[12, 25]，中国有2种（*Ac*16和*Ac*18），夏威夷有1种（*Ac*17）[26]。在广州管圆线虫的*cytb*单倍型分布中，泰国呈现出随机分布的特点，不同省份乃至同一省份的广州管圆线虫*cytb*序列存在差异，这表明多种基因型的广州管圆线虫虫株在泰国广泛流行，且可能有多个起源。本研究分析的花都区花山镇5份阳性样品与来自夏威夷的2个广州管圆线虫实验株具有较高的同源性。然而，Yong等[27]对夏威夷的这2个实验株描述不够清晰。鉴于部分*cytb*序列具有较高的突变率和适度的变异性，这使其成为检测广州管圆线虫种群基因多态性的潜在分子标记。

参考文献

[1] Chen HT. A preliminary report on a survey of animal parasites of Canton, China, rats[J]. Lingnan Sci J, 1933, 12(1): 65–74.

[2] Melinda DC, Anniesha DN, Amelia BT, et al. *Angiostrongylus cantonensis* meningoencephalitis in three pediatric patients in florida, USA [J]. J Pediatric Infect Dis Soc, 2024, 13(12): 113.

[3] Beaver PC, Rosen L. Menorandum on the first of *Angiostrongylus* in man, by nomura and lin, 1945[J]. Am J Trop Med Hyg, 1964, 13: 589–590.

[4] 李曰进，许艳，郗夏颖，等. 广州管圆线虫病的研究进展[J]. 中国病原生物学杂志，2022，17(8)：978–981.
Li YJ, Xu Y, Chi XY, et al. Research advances in *Angiostrongyliasis cantonensis*[J]. J Pathogen Biol, 2022, 17(8): 978–981.

[5] Griffin CD, Ezenwa VO, Cowie RH. Insights into the biology of the rat lungworm, *Angiostrongylus cantonensis*[J]. Parasit Vectors, 2025, 18(1): 163.

[6] Maminirina LA, Bodoarison ZI, Rajerison M, et al. *Angiostrongylus cantonensis* lungworms in definitive and intermediate hosts, Madagascar, 2024[J]. Emerg Infect Dis, 2025, 31(10): 2054–2056.

[7] Tokiwa T, Harunari T, Tanikawa T, et al. Phylogenetic relationships of rat lungworm, *Angiostrongylus cantonensis*, isolated from different geographical regions revealed widespread multiple lineages[J]. Parasitol Int, 2012, 61(3): 431–436.

[8] 刘珍，刘嘉华，马芷璇，等. 广州管圆线虫感染对不同宿主免疫系统的影响[J]. 中山大学学报(医学科学版)，2021，42(5)：714–720.
Liu Z, Liu JH, Ma ZX, et al. Effect of *Angiostrongylus cantonensis* infection on the immune system in different hosts[J]. J Sun Yat-Sen Univ(Med Sci), 2021, 42(5): 714–720.

[9] 徐方方，苏晓艺，龙绍蓉，等. 分子标记在医学蠕虫遗传多态性研究中的应用[J]. 中国热带医学，2023，23(1)：83–89.
Xu FF, Su XY, Long SR, et al. Application of molecular markers in the study of genetic polymorphism of medical nematodes[J]. Chin Trop Med, 2023, 23(1): 83–89.

[10] María TG, Mercedes GS, Antonio O, et al. Update on the first finding of the rat lungworm, *Angiostrongylus cantonensis*, in *Rattus* spp. in continental Europe, Valencia, Spain, 2022[J]. Pathogens, 2023, 12(4): 567.

[11] Vitta A, Polsut W, Fukruksa C, et al. Levels of infection with the lungworm *Angiostrongylus cantonensis* in terrestrial snails from Thailand, with *Cryptozona siamensis* as a new intermediate host[J]. J Helminthol, 2016, 90(6): 737–741.

[12] Dusitsittipon S, Thaenkham U, Watthanakulpanich D, et al. Genetic differences in the rat lungworm, *Angiostrongylus cantonensis* (Nematoda: *Angiostrongylidae*), in Thailand[J]. J Helminthol, 2015, 89(5): 545–551.

[13] 高澜琳，谢汉国，林陈鑫，等. 基于CO Ⅰ的褐云玛瑙螺广州管圆线虫系统进化分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志，2023，41(6)：756–759.
Gao LL, Xie HG, Lin CX, et al. Phylogenetic analysis of *Angiostrongylus cantonensis* in *Pomacea canaliculata* based

on COI[J]. Chin J Parasitol Parasit Dis, 2023, 41(6): 756-759.

[14] Červená B, Modrý D, Fecková B, et al. Low diversity of *Angiostrongylus cantonensis* complete mitochondrial DNA sequences from Australia, Hawaii, French Polynesia and the Canary Islands revealed using whole genome next-generation sequencing[J]. Parasit Vectors, 2019, 12(1): 241.

[15] 刘金苓, 陈慧莹, 刘仟惠, 等. 入侵软体动物感染广州管圆线虫的特性及检测研究进展[J]. 生态科学, 2024, 43(5): 216-222.
Liu JL, Chen HY, Liu QH, et al. Research progress on the characteristics and detection of *Angiostrongylus cantonensis* infection in invasive mollusks [J]. Ecological Sci, 2024, 43(5): 216-222.

[16] 郭志南, 苏成豪, 陈国伟, 等. 黄毛鼠种群年龄划分的研究[J]. 中华卫生杀虫药械, 2014, 20(4): 332-335.
Guo ZN, Su CH, Chen GW, et al. Study on age classification of the rat population[J]. Chin J Hyg Insectic Equip, 2014, 20(4): 332-335.

[17] 杨高乾. 贵州褐家鼠种群繁殖特征变化规律[J]. 植物医学, 2023, 2(2): 69-73.
Yang GQ. Patterns of reproductive trait variation in the population of *Rattus norvegicus* in Guizhou[J]. Plant Health Med, 2023, 2(2): 69-73.

[18] 杨再学, 金星, 周朝霞, 等. 黄胸鼠种群年龄鉴定和种群繁殖研究[J]. 贵州农业科学, 2006, (S1): 21-23; +26.
Yang ZX, Jin X, Zhou CX, et al. Age identification and reproduction research of the *Rattus tanezumi* Population[J]. Guizhou Agric Sci, 2006, (S1): 21-23; +26.

[19] 杨再学, 郑元利, 潘世昌, 等. 褐家鼠的年龄鉴定及种群年龄组成[J]. 中国农学通报, 2009, 25(14): 218-223.
Yang ZX, Zheng YL, Pan SC, et al. Age determination and population age structure of the *Rattus norvegicus*[J]. Chin Agric Sci Bulletin, 2009, 25(14): 218-223.

[20] 常正山. 寄生虫标本的采集和保存[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2006,(S1): 76-81.
Chang ZS. Collection and preservation of parasite specimens [J]. Chin J Parasitol Parasit Dis, 2006, (S1): 76-81.

[21] Sudhir K, Glen S, Michael L, et al. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms[J]. Mol Biol Evol, 2018, 35(6): 1547-1549.

[22] 张骥, 李杨, 姚丹成, 等. 中国大陆广州管圆线虫鼠类终末宿主感染率的Meta分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2021, 37(3): 252-258.
Zhang J, Li Y, Yao D, et al. Meta analysis of *Angiostrongylus cantonensis* infection rate in rodent definitive hosts in China's mainland[J]. Chin J Zoonoses, 2021, 37(3): 252-258.

[23] 王敏, 吕山. 广州管圆线虫线粒体*cox 1*基因碱基置换饱和度分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2014, 32(3): 205-209.
Wang M, Lü S. Analysis of base substitution saturation in mitochondrial *cox1* gene of *Angiostrongylus cantonensis* [J]. Chin J Parasitol Parasit Dis, 2014, 32(3): 205-209.

[24] 吕山, 张仪, 郭云海, 等. 广州管圆线虫线粒体基因组比较分析[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2014, 26(2): 175-179.
Lü S, Zhang Y, Guo YH, et al. Comparative analysis of the mitochondrial genome of *Angiostrongylus cantonensis* [J]. Chin J Schistosomiasis Control, 2014, 26(2): 175-179.

[25] Abdulhakam D, Pichamon J, Chanakan S, et al. Genetic characterization of *Angiostrongylus* larvae and their intermediate host, *Achatina fulica*, in Thailand[J]. PLoS One, 2019, 14(9): e0223257.

[26] Yong HS, Eamsobhana P, Song SL, et al. Molecular phylogeography of *Angiostrongylus cantonensis* (Nematoda: *Angiostrongylidae*) and genetic relationships with congeners using *cytochrome b* gene marker[J]. Acta Trop, 2015, 148: 66-71.

(编辑 余 菁)