



陈澳,张海宁,李志,孟茹,张学勇,付永. 青海省高原鼠兔源囊尾蚴的分子鉴定与进化分析[J]. 中国农业大学学报,2025,30(02):107-114.
CHEN Ao, ZHANG Haining, LI Zhi, MENG Ru, ZHANG Xueyong, FU Yong. Molecular identification and evolutionary analysis of cysticercus derived from *Ochotona curzoniae* in Qinghai Province[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(02): 107-114.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.02.10

青海省高原鼠兔源囊尾蚴的分子鉴定与进化分析

陈澳¹ 张海宁¹ 李志¹ 孟茹² 张学勇¹ 付永^{1*}

(1. 青海大学 畜牧兽医科学院/青海省动物疾病病原诊断与绿色防控技术重点实验室, 西宁 810016;
2. 西宁市动物疫病预防控制中心, 西宁 810003)

摘要 为鉴定青海省高原鼠兔源绦虫囊尾蚴种类,本研究对囊尾蚴样本进行体式显微镜观察,对其线粒体 *COI* 基因进行扩增并测序比对分析,同时利用 Iqtree 和 BEAST v2.6.2 等软件对测序所得的 *COI* 基因进行系统发育及分化时间分析。结果表明:1)体式显微镜下该囊尾蚴的形态特征与带科囊尾蚴相似。2)测序结果发现该序列与 GenBank 中的才氏绦虫 (*Taenia caixuepengi*) 基因序列 (MT882036) 同源,序列相似性达到 98.52%,表明该囊尾蚴属于 *Taenia caixuepengi* 囊尾蚴。3)系统发育树显示,才氏囊尾蚴与豆状带绦虫 (*T. pisiformis*) 亲缘关系最近,两者形成微小分支。4)分化时间分析表明才氏囊尾蚴与豆状带绦虫在 5.79 Mya (95% 置信区间, 3.15~6.87 Mya) 左右分化形成,自展值为 100%。综上,经鉴定青海省高原鼠兔源囊尾蚴为才氏囊尾蚴;利用该囊尾蚴线粒体 *COI* 基因进行的系统发育及分化时间分析表明该囊尾蚴与豆状带绦虫亲缘关系更近。本研究对青海省高原鼠兔源才氏囊尾蚴进行了鉴定与遗传进化分析,为才氏绦虫的分类、鉴定及分子流行病学调查提供理论依据。

关键词 高原鼠兔; 才氏囊尾蚴; 分子鉴定; 系统发育

中图分类号 S852.734 文章编号 1007-4333(2025)02-0107-08 文献标志码 A

Molecular identification and evolutionary analysis of cysticercus derived from *Ochotona curzoniae* in Qinghai Province

CHEN Ao¹, ZHANG Haining¹, LI Zhi¹, MENG Ru², ZHANG Xueyong¹, FU Yong^{1*}

(1. Academy of Animal Science and Veterinary/Qinghai Key Laboratory of Animal Disease Pathogen Diagnosis and Green Prevention Technology, Qinghai University, Xining 810016, China;
2. Xining Animal Disease Control Center, Xining 810003, China)

Abstract To identify the species of cysticercus derived from *Ochotona curzoniae* in Qinghai Province, the cysticercus samples were observed under a somatic microscopy, the mitochondrial *COI* gene sequences of cysticercus samples were amplified and sequenced, and the amplified products were compared. At the same time, the phylogeny and differentiation time of the sequenced *COI* genes were analyzed by Iqtree, BEAST v2.6.2 and other software. The results showed as follows: 1) The morphological characteristics of the cysticercus were similar to those of *Taeniidae* cysticercus in the family Ceratopsidae. 2) The sequencing results showed that the sequence was homologous to the gene sequence of *Taenia caixuepengi* in GenBank (MT882036), with a sequence similarity of 98.52%, indicating that the cysticercus

收稿日期: 2024-04-28

基金项目: 国家自然科学基金项目(32160840);青海省“昆仑英才·高端创新创业人才”项目

第一作者: 陈澳 (ORCID: 0009-0004-6494-7970), 硕士研究生, E-mail: caqhu1@163.com

通讯作者: 付永 (ORCID: 0000-0003-3354-9107), 副研究员, 主要从事人兽共患病致病机制及防控技术研究, E-mail: qhfuyong@163.com

belongs to *Taenia caixuepengi*. 3) The phylogenetic tree showed that *T. pisiformis* was closely related to *T. pisiformis*, forming small branches between the two. 4) The differentiation time analysis showed that *T. caixuepengi* and *T. pisiformis* differentiated at around 5.79Mya (95% confidence interval, 3.15-6.87 Mya) with a bootstrap value of 100%. In conclusion, the cysticercus derived from *O. curzoniae* in Qinghai Province was identified as *T. caixuepengi*. Phylogenetic analysis and differentiation time analysis using the mitochondrial *COI* gene of this cysticercus showed that this cysticercus was more closely related to *T. pisiformis*. In this study, the identification and genetic evolution analysis were performed to provide theoretical basis for the classification, identification and molecular epidemiological investigation of *T. caixuepengi* in Qinghai province.

Keywords *Ochotona curzoniae*; *Taenia caixuepengi*; molecular identification; phylogeny

青海省位于中国西部,雄踞世界屋脊青藏高原的东北部,具有独特的气候、地形和生物特征,是多种生物演化的重要场所^[1-2]。高原鼠兔(*Ochotona curzoniae*)是青藏高原特有物种^[1],主要分布在该地域的高寒草甸和草原地带^[2]。高原鼠兔在青藏高原草原生态中属于初级消费者,同时还是许多自然疫源性疾病的宿主^[3]。目前,高原鼠兔中发现多种病原体且多数为新种,对公共卫生安全构成威胁^[4-5],因此深入研究高原鼠兔所感染的病原体具有重要意义。

绦虫纲(Cestoda)是扁形动物门中的一类寄生蠕虫,主要寄生于脊椎动物群体的腹腔和胸腔^[6],包括鱼类、爬行动物、鸟类和哺乳动物^[7-8],并且会导致寄主出现一系列的感染症状^[9],其幼虫通常需要在1或2个中间宿主体内发育^[10]。圆叶目(Cyclophyllidea)是绦虫纲中最大的分类群^[11]。其中的带科一般认为包括2个有效属即带属(*Taenia*)和棘球属(*Echinococcus*)。当带属绦虫的虫卵被其终末宿主(犬、狐狸等犬科动物)随粪便排出后,会污染附近环境,其中间宿主(小型哺乳类动物)误食被带属绦虫虫卵污染的食物或水后,虫卵会在其腹腔生长发育形成囊尾蚴。带属绦虫主要分布在非洲、亚洲以及拉丁美洲的发展中国家^[12];在我国带属绦虫分布相当广泛,主要分布在西藏、四川等西部地区^[13];但在青海有关带属绦虫感染报道较少。

形态学鉴定是寄生虫鉴定的重要手段之一,但形态学观察很难鉴定变形和受损虫体,也不易区分近缘种、亚种及隐藏种,这给绦虫囊尾蚴的准确分类鉴定造成困难^[14]。许多带属绦虫囊尾蚴在形态上非常相似但虫种不同,因此形态学鉴定在带属绦虫分类和鉴定方面存在明显不足^[15]。随着分子生物学技术的发展,分子鉴定方法可以弥补形态学鉴

定的缺陷,尤其是经典分子靶标(如线粒体基因)已成为寄生虫分类、鉴定、起源与进化等方面研究的有效技术手段^[14]。

根据 Nakao 等^[16]应用线粒体基因在猪带绦虫(*T. solium*)中的分类,以及 Bowles 等^[17]在亚洲带绦虫(*T. asiatica*)的研究可知,线粒体 *COI* 基因已广泛应用于带属绦虫的物种分类、系统发育及鉴别诊断,并且线粒体 *COI* 基因的遗传特性使其可能比任何单一的核标记在区分近缘物种和研究其系统发育关系方面更灵敏^[18]。目前关于带属才氏绦虫的报道较少,更重要的是才氏绦虫分子鉴定及遗传进化等方面基础资料不足;因此,本研究对青海高原鼠兔源才氏绦虫囊尾蚴在体式显微镜下进行了初步的形态学描述,利用PCR扩增得到的线粒体 *COI* 基因对该绦虫的系统发育和分化时间进行了分析,为今后才氏绦虫的分类鉴定、分子流行病学调查以及种群遗传进化研究提供科学依据。

1 方法与材料

1.1 主要材料

2×Easy Taq PCR SuperMix、Trans2K DNA Marker均购自北京全式金生物技术有限公司,荧光染色剂、组织基因组DNA提取试剂盒(W9823)购自天根生化科技(北京)有限公司,PCR引物合成及PCR产物测序均由生工生物工程(上海)股份有限公司完成,其他常规试剂均为国内生产。

1.2 绦虫样本的采集、形态观察及DNA提取

在青海玉树藏族自治州曲麻莱县和果洛藏族自治州玛沁县捕获高原鼠兔(*O. curzoniae*),在鼠兔腹腔中收集到囊尾蚴并放入75%乙醇中保存。将收集到的囊尾蚴用ddH₂O反复冲洗后,用体式显微镜观察并拍照。根据主要形态特征和文献资料

初步诊断囊尾蚴的种类。使用基因组 DNA 提取试剂盒提取囊尾蚴基因组 DNA。

1.3 绦虫 *COI* 基因的扩增和序列分析

根据 *COI* 序列设计引物,引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成,上游引物为:F:TTTTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT;下游引物R:TAAAGAAAGAACATAATGAAAATG^[19]。

其扩增反应体系如下:PCR SuperMix 12.5 μL、上下游引物(浓度 10 μmol/L)各 1.0 μL、模板 DNA 2.0 μL、补充 H₂O 8.5 μL 至 PCR 反应体系为 25 μL。反应条件为:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 30 s、50 ℃退火 30 s、72 ℃延伸 45 s,共 35 个循环;最后 72 ℃延伸 10 min。PCR 扩增完成后,将 PCR 产物用 1% 琼脂

糖凝胶电泳检测,在 120 V 电压下电泳 40 min,在凝胶成像系统上用紫外灯观察,并拍照保存图像。收集阳性 PCR 产物进行测序(生工生物工程(上海)有限公司)。测序结果在 NCBI 中进行 BLAST 比对(URL:https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)。

1.4 系统发育进化分析

在 GenBank 数据库中下载 30 种相关绦虫的线粒体 *COI* 基因序列(表 1)。使用 MAFFT v7.505^[20] 和 TrimAl v1.2^[21] 进行多序列比对,以曼氏血吸虫(*Schistosoma japonicum*)作为外群,利用 Iqtree v2.2.0^[22] 的最大似然法构建系统发育树^[23],使用 tvBOT 在线工具美化^[24]。

表 1 30 种绦虫线粒体 *COI* 基因 GenBank 登录号

Table 1 GenBank entry number of mitochondrial *COI* gene of 30 tapeworms

属名 Genus name	种名 Speices name	GenBank 登录号 GenBank accession
血吸虫属 <i>Schistosoma</i>	<i>Schistosoma japonicum</i>	EU325891
	<i>Taenia solium</i>	S69013
	<i>Taenia pisiformis</i>	KC020710
	<i>Taenia caixuepengi</i> QH	PP140883
	<i>Taenia multiceps</i>	KX511892
	<i>Taenia krabbei</i>	KX962487
	<i>Taenia saginata</i>	AY195858
	<i>Taenia asiatica</i>	AF096242
	<i>Taenia ovis</i>	JX134122
	<i>Taenia omissa</i>	KR095314
	<i>Taenia taeniaeformis</i>	JQ837814
	<i>Taenia martis</i>	FN547887
	<i>Taenia crassiceps</i>	KM538116
	<i>Taenia hydatigena</i>	KR095311
带属 <i>Taenia</i>	<i>Taenia lynciscapreoli</i>	MN117889
	<i>Raillietina tunetensis</i>	EU665476
	<i>Raillietina sonini</i>	EU665479
	<i>Raillietina australis</i>	EU665473
	<i>Raillietina hymenolepidoides</i>	ON228191
瑞利属 <i>Raillietina</i>	<i>Raillietina mahnerti</i>	MN590291
	<i>Catenotaenia henttoneni</i>	OQ693909
链带属 <i>Catenotaenia</i>	<i>Ananchotaenia brasiliensis</i>	KF685929
	<i>Ananchotaenia globata</i>	JX310719
	<i>Ananchotaenia macrocephala</i>	KF685931
	<i>Ananchotaenia kornyushini</i>	MN590285
无钩带属 <i>Ananchotaenia</i>	<i>Echinococcus multilocularis</i>	KC133278
	<i>Echinococcus ortleppi</i>	MK492625
	<i>Echinococcus equinus</i>	EF143834
	<i>Echinococcus shiquicus</i>	KC133275
	<i>Echinococcus granulosus</i>	KF731913
棘球属 <i>Echinococcus</i>		

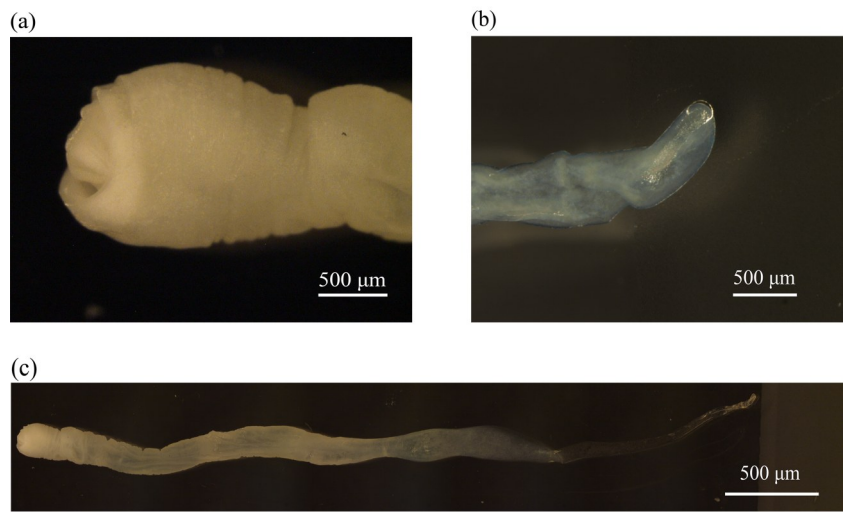
1.5 分化时间分析

系统发育进化树作为分化时间分析参考^[25]。使用软件BEAST2(v2.6.2),选用严格时钟模式(The Strict Clock model),目的是忽略模式中各分支间速率差异。伽马分类计数设定为4,根据位点频率模型的经验,选择HKY模式。Yule模型校准后用作树先验。其他设置如替代率也在本次分析中进行评估。时间校准以之前估计的牛带绦虫(*T. saginata*)和亚洲带绦虫(*T. asiatica*)之间的时间,约为1.66 Mya(95%置信区间,0.26~2.88 Mya),进行校准。从后验样本中每1 000步抽取一次,每次MCMC运行共10 000 000步。其他选项按默认值运行^[26]。

2 结果与分析

2.1 囊尾蚴形态特征

本研究分离到的青海高原鼠兔源囊尾蚴寄生在高原鼠兔腹部,虫体呈细长条形,全虫长37.1 mm左右,头部凹入囊泡,囊泡充满囊液。可大致将虫体分为3部分,头部横截面最大,有皱纹,前端皱纹形成褶皱;中间部占虫体全长80%以上,体表有皱纹,后半段为透明囊体;尾部色浅,体表相对光滑(图1)。该囊尾蚴的形态特征与前人研究中一些带属囊尾蚴的相似^[27],因此从形态特征上将其暂鉴定为带属绦虫囊尾蚴。



(a)囊尾蚴头部;(b)囊尾蚴尾部;(c)囊尾蚴虫体。
(a) Cysticercus head ;(b) Cysticercus tail;(c) Body of cysticercus.

图1 青海高原鼠兔源囊尾蚴体式显微镜观察

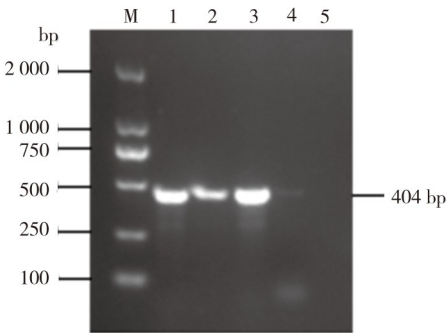
Fig.1 Microscopic observation of cysticercus derived from *Ochotona curzoniae* in Qinghai Province

2.2 囊尾蚴PCR鉴定

对提取到的DNA样品基于线粒体COI基因进行PCR扩增,结果得到404 bp左右的的目的片段(图2)。将扩增后产物回收纯化后送测序,测序结果放入GenBank中用BLAST进行同源性分析,结果表明,该样本与才氏囊尾蚴(*T. caixuepengi*)同源,序列相似性为98.52%。

2.3 系统发育分析

采用Iqtree中最大似然法构建基于线粒体COI基因的种系发育树,以曼氏血吸虫(*S. japonicum*)作为外群。进化树显示,本研究分离出的才氏囊尾蚴(*T. caixuepengi*)与其他带属绦虫序列聚在相同的一个大分支上,和豆状带绦虫(*T. pisiformis*)亲缘关系最近,



M, DNA 标准DL2 000;1~4,线粒体COI基因的扩增产物;
5,阴性对照。
M, DL2 000 DNA marker; 1-4, Products of mitochondrial COI gene amplification; 5, Negative control.

图2 囊尾蚴线粒体COI基因PCR扩增

Fig.2 Cysticercus mitochondrial COI gene amplified by PCR

两者形成微小分支,发育树的自展值(Bootstrap)达到 100%,与其他带属绦虫如亚洲带绦虫(*T. asiatica*)、泡

状绦虫(*T. hydatigena*)、肥头绦虫(*T. crassiceps*)等所属分支较远,能在发育树上得到区分(图3)。

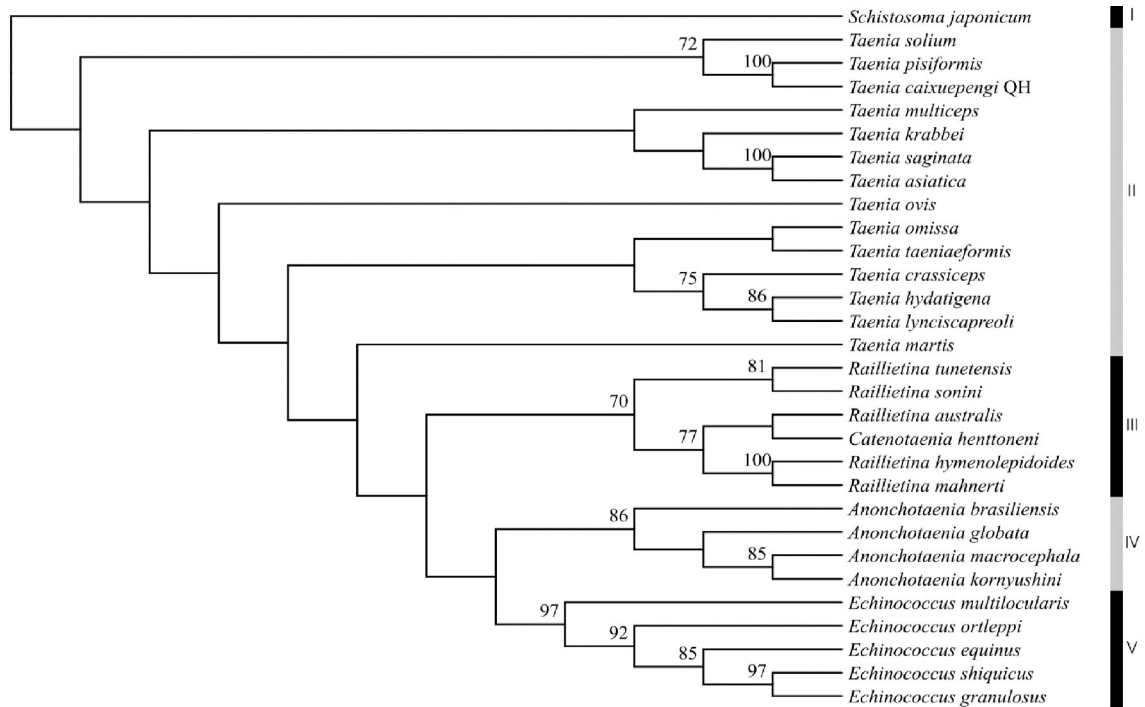


图3 基于才氏绦虫线粒体 COI 基因构建的种系发育树

Fig.3 Germline developmental tree constructed based on the mitochondrial COI gene of *T. caixuepengi*

2.4 分化时间分析

基于线粒体 COI 基因的分化时间分析表明, 3 种棘球属绦虫的平均分化时间为 2.86 Mya(95% 置信区间, 1.07~3.53 Mya), 其中石渠棘球绦虫(*E. shiquicus*)与多房棘球绦虫(*E. multilocularis*)

的分化时间为 1.55 Mya(95% 置信区间, 1.02~3.74 Mya)^[28], 与之前的研究结果相近; 才氏绦虫(*T. caixuepengi*)与豆状带绦虫(*T. pisiformis*)的分化时间为 5.79 Mya(95% 置信区间, 3.15~6.87 Mya)(图4)。

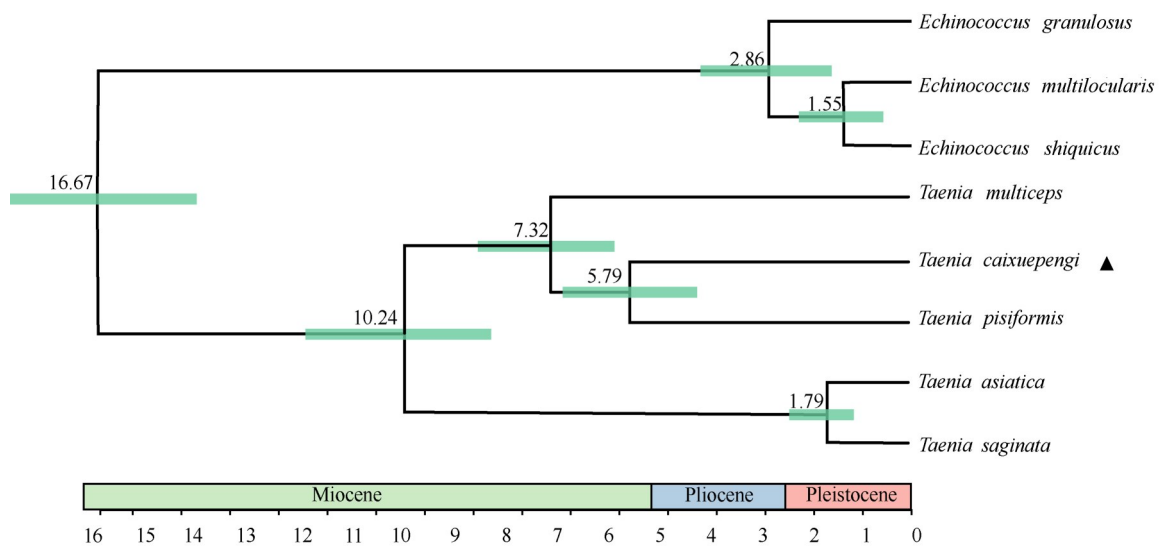


图4 基于线粒体 COI 基因构建才氏绦虫的分化时间

Fig.4 Divergence times construction for *T. caixuepengi* based on the mitochondrial COI gene

3 讨论与结论

青藏高原小型哺乳类动物种类繁多且数量庞大,有大量的关于带属绦虫寄生于小型哺乳类动物的报道^[29]。形态学鉴定带属绦虫种类以及研究虫种分化存在缺陷^[30],导致带属绦虫的分类一直存在争议^[31]。本研究中得到的高原鼠兔源囊尾蚴虽经体式显微镜观察后形态特征与带科囊尾蚴相似,但存在上述干扰,因此本研究进一步通过分子生物学方法确定了该高原鼠兔源囊尾蚴为才氏绦虫囊尾蚴。线粒体基因是一种典型的母系遗传物质,具有许多特性,是研究寄生虫分子进化的理想标志^[32]。通过对线粒体基因序列变异进行分析,可以为物种分类提供更为准确和可靠的分子水平鉴定工具^[33]。本研究利用才氏绦虫线粒体 *COI* 基因对其进行的系统发育分析了才氏绦虫囊尾蚴与其他带属绦虫亲缘关系,结果表明,才氏绦虫与豆状带绦虫亲缘关系最近。

青藏高原板块隆起后,其气候、环境变化导致位于相关地区的寄生虫及其宿主群体都发生进化,这是主要的、非生物性的驱动力^[34]。同地域种群间的遗传漂变和适应性分化会导致物种分化,在寄生虫上,相关联的宿主对其进化有着重要作用^[26]。因宿主可能因环境因素等产生生殖隔离,相应的,寄生虫也会产生同地域物种分化^[35]。古植物学研究表明,在中新世时期,受南亚和东亚板块上季风影响,青藏高原东南部常呈现热带或亚热带气候,环境温暖且潮湿^[36];而在中新世中期开始时,青藏高原板块加速隆起,其中喜马拉雅山和天山海拔显著升高,加之同时期南极冰盖出现,全球气温下降导致了空气环流发生剧变,使得青藏高原和中亚板块的气候逐渐变得寒冷、干燥^[37]。鼠兔属(*Ochotona*)起源时间大约在 14 Mya 左右^[38],而高原鼠兔(*O. curzoniae*)分化时间在中新世晚期,与青藏高原加速隆起的时间接近。本研究结果表明,才氏绦虫的分化时间在 5.79 Mya 左右^[39],可以推测青藏高原板块隆起后形成的高海拔、低氧和高寒环境与之前常年的热带、亚热带气候相比形成了环境变化,鼠兔中偏好低温的种群逐渐向青藏高原靠拢,随着时间推移最终成为如今的高原鼠兔,这也对才氏绦虫的进化产生了至关重要的作用,即高原鼠兔迁移到青藏高原后,地理隔离使其缺乏与同种群间基因

交流,最终导致了才氏绦虫与豆状带绦虫的分化。目前,才氏绦虫中间宿主只发现了高原鼠兔(*O. curzoniae*)^[12],然而青藏高原野生小型哺乳类动物种类丰富,以及犬科动物数量繁多且分布范围广,为才氏绦虫完成生活史循环链提供了条件有利于才氏绦虫的传播,提示今后应更广泛地开展青藏高原野生动物才氏绦虫感染风险监测。本研究丰富了才氏绦虫的分子鉴定和遗传学理论基础,为才氏绦虫的分子流行病学调查提供了更科学的依据。该研究除了传统的形态学鉴定,分子生物学方法也提高了对才氏绦虫的认识,尤其是在才氏绦虫囊尾蚴的鉴定方面。本研究对才氏绦虫的遗传进化和分化时间的分析为以后才氏绦虫的研究提供了一定的数据参考。

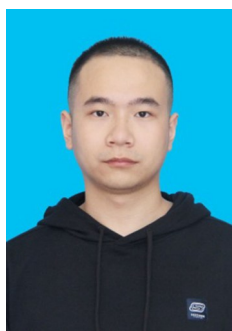
参考文献 Reference

- [1] 苏晓雪,李希来,孙华方,李成一,宋梓涵. 青藏高原高原鼠兔活动节律监测方法研究[J]. 动物学杂志, 2023, 58(4): 630-639
Su X X, Li X L, Sun H F, Li C Y, Song Z H. Study on the monitoring method of plateau pika activity rhythm on the Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2023, 58(4): 630-639 (in Chinese)
- [2] 常勇斌. 高原鼠兔和间颅鼠兔的比较谱系地理学研究[D]. 保定: 河北大学, 2016
Chang Y B. Comparative phylogeography of *Ochotona curzoniae* and *O. cansus*[D]. Baoding: Hebei University, 2016 (in Chinese)
- [3] 伍卫平,王虎,王谦,周晓农,王立英,郑灿军,曹建平,肖宁,王莹,朱曜宇,牛彦麟,薛垂召,曾祥媛,房琦,韩帅,余晴,杨诗杰,付青,白雪飞,田添,李军建,张梦媛,吴文婷,张山山,侯岩岩,冯宇,马育,李斌,李凡卡,郭卫东,杨亚明,吴向林,金小林,张红卫,于石成. 2012—2016年中国棘球蚴病抽样调查分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2018, 4(1): 1-14
Wu W P, Wang H, Wang Q, Zhou X N, Wang L Y, Zheng C J, Cao J P, Xiao N, Wang Y, Zhu Y Y, Niu Y L, Xue C Z, Zeng X M /Y, Fang Q, Han S, Yu Q, Yang S J, Fu Q, Bai X F, Tian T, Li J J, Zhang M Y, Wu W T, Zhang S S, Hou Y Y, Feng Y, Ma X, Li B, Li F K /Q, Guo W D, Yang Y M, Wu X L, Jin X L, Zhang H W, Yu S C. A nationwide sampling survey on echinococcosis in China during 2012-2016 [J]. *Chinese Journal of Parasitology and Parasitic*, 2018, 4(1): 1-14 (in Chinese)
- [4] 张广登. 青海省海南州的啮齿类及有关的自然疫源性疾病[J]. 中国地方病防治杂志, 1989(6): 373-374
Zhang G D. Rodent and related natural epidemic diseases in Hainan Prefecture, Qinghai Province[J]. *Chinese Journal of Control of Endemic Diseases*, 1989(6): 373-374 (in Chinese)
- [5] Meng X L, Wang Y T, Lu S, Lai X H, Jin D, Yang J, Xu J G. *Actinomyces gaoshouyui* sp. nov., isolated from plateau pika (*Ochotona curzoniae*) [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2017, 67(9): 3363-3368
- [6] Xiao N, Qiu J M, Nakao M, Li T Y, Yang W, Chen X W, Schantz P M, Craig P S, Ito A. *Echinococcus shiquicus* n. sp., a taeniid cestode from

- Tibetan fox and plateau pika in China [J]. *International Journal for Parasitology*, 2005, 35(6): 693-701
- [7] Dai X Y, Shang G B, Lu S, Yang J, Xu J G. A new subtype of eastern tick-borne encephalitis virus discovered in Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. *Emerging Microbes & Infections*, 2018, 7(1): 74
- [8] Nguyen M T T, Gabriël S, Abatih E N, Dorny P. A systematic review on the global occurrence of *Taenia hydatigena* in pigs and cattle [J]. *Veterinary Parasitology*, 2016, 226: 97-103
- [9] Wu Y D, Dai G D, Li L, Littlewood D T J, Ohiolei J A, Zhang L S, Guo A M, Wu Y T, Ni X W, Shumuye N A, Li W H, Zhang N Z, Fu B Q, Fu Y, Yan H B, Jia W Z. Expansion of Cyclophyllidea biodiversity in rodents of Qinghai-Tibet Plateau and the “Out of Qinghai-Tibet Plateau” hypothesis of cyclophyllideans [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 747484
- [10] Hoberg E P. Phylogeny of *Taenia*: Species definitions and origins of human parasites [J]. *Parasitology International*, 2006, 55 Suppl: S23-S30
- [11] Nakao M, Lavikainen A, Iwaki T, Haukisalmi V, Konyaev S, Oku Y, Okamoto M, Ito A. Molecular phylogeny of the genus *Taenia* (Cestoda: Taeniidae): Proposals for the resurrection of *Hydatigera* Lamarck, 1816 and the creation of a new genus *Versteria* [J]. *International Journal for Parasitology*, 2013, 43(6): 427-437
- [12] Tappe D, Berkholz J, Mahlke U, Lobeck H, Nagel T, Haeupler A, Muntau B, Racz P, Poppert S. Molecular identification of zoonotic tissue-invasive tapeworm larvae other than *Taenia solium* in suspected human. cysticercosis cases [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2016, 54(1): 172-174
- [13] Dai R S, Liu G H, Song H Q, Lin R Q, Yuan Z G, Li M W, Huang S Y, Liu W, Zhu X Q. Sequence variability -in two mitochondrial DNA regions and internal transcribed spacer among three cestodes infecting animals and humans from China [J]. *Journal of Helminthology*, 2012, 86(2): 245-251
- [14] 谢贤良, 陈云虹, 陈宝建, 陈方美, 廖建平, 谢汉国. 家猫感染东方次睾吸虫形态学特征及分子鉴定 [J]. 中国人兽共患病学报, 2023, 39(3): 249-252
- Xie X L, Chen Y H, Chen B J, Chen F M, Liao J P, Xie H G. Morphological characteristics and molecular identification of *Metorchis orientalis* infection in domestic cats [J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2023, 39(3): 249-252 (in Chinese)
- [15] 杨亚明, 吴向林, 田洪春. 全国人体带绦虫感染现状调查报告 [J]. 中国热带医学, 2019, 19(1): 4-9
- Yang Y M, Wu X L, Tian H C. Investigation report on human *Taenia* infection in China [J]. *China Tropical Medicine*, 2019, 19(1): 4-9 (in Chinese)
- [16] Nakao M, Okamoto M, Sako Y, Yamasaki H, Nakaya K, Ito A. A phylogenetic hypothesis for the distribution of two genotypes of the pig tapeworm *Taenia solium* worldwide [J]. *Parasitology*, 2002, 124(Pt 6): 657-662
- [17] Bowles J, McManus D P. Genetic characterization of the Asian *Taenia*, a newly described taeniid cestode of humans [J]. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1994, 50(1): 33-44
- [18] 杜雪梅, 钟维, 唐天才, 郝力力. 四川省石渠县高原鼠兔棘球蚴感染情况调查 [J]. 中国兽医杂志, 2019, 55(2): 68-70
- Du X M, Zhong W, Tang T C, Hao L L. Investigation of *Echinococcus* infection in plateau ochotona in Shiqu County, Sichuan Province [J]. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 2019, 55(2): 68-70 (in Chinese)
- Chinese)
- [19] Päckert M, Favre A, Schnitzler J, Martens J, Sun Y H, Tietze D T, Hailer F, Michalak I, Strutzenberger P. “Into and Out of” the Qinghai-Tibet Plateau and the Himalayas: Centers of origin and diversification across five clades of Eurasian montane and alpine passerine birds [J]. *Ecology and Evolution*, 2020, 10(17): 9283-9300
- [20] Burland T G. DNASTAR’s Lasergene sequence analysis software [J]. *Methods in Molecular Biology*, 2000, 132: 71-91
- [21] Nakao M, McManus D P, Schantz P M, Craig P S, Ito A. A molecular phylogeny of the genus *Echinococcus* inferred from complete mitochondrial genomes [J]. *Parasitology*, 2007, 134(Pt 5): 713-722
- [22] Katoh K, Standley D M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(4): 772-780
- [23] Capella-Gutiérrez S, Silla-Martínez J M, Gabaldón T. trimAl: A tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(15): 1972-1973
- [24] Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, Minh B Q. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2015, 32(1): 268-274
- [25] Wu Y D, Li L, Fan Y L, Ni X W, Ohiolei J A, Li W H, Li J Q, Zhang N Z, Fu B Q, Yan H B, Jia W Z. Genetic evolution and implications of the mitochondrial genomes of two newly identified *Taenia* spp. in rodents from Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 647119
- [26] Xie J M, Chen Y R, Cai G J, Cai R L, Hu Z, Wang H. Tree Visualization By One Table (tvBOT): A web application for visualizing, modifying and annotating phylogenetic trees [J]. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51(W1): W587-W592
- [27] Scholz T, Waeschenbach A, Oros M, Brabec J, Littlewood D T J. Phylogenetic reconstruction of early diverging tapeworms (Cestoda: Caryophyllidea) reveals ancient radiations in vertebrate hosts and biogeographic regions [J]. *International Journal for Parasitology*, 2021, 51(4): 263-277
- [28] 陈齐鲁, 王旭, 李春阳, 官亚宜. 线粒体基因在带绦虫科分子分类鉴定及系统进化研究中的应用 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2022, 40(6): 767-773
- Chen Q L, Wang X, Li C Y, Guan Y Y. Application of mitochondrial genes in the molecular taxonomic identification and phylogenetic analysis of *Taeniidae* [J]. *Chinese Journal of Parasitology and Parasitic Diseases*, 2022, 40(6): 767-773 (in Chinese)
- [29] Rausch R L, Fay F H. Postoncospheral development and cycle of *Taenia polyacantha* Leuckart, 1856 (Cestoda: Taeniidae). Second part [J]. *Annales De Parasitologie Humaine et Comparée*, 1988, 63(5): 334-348
- [30] de Meeûs T, Michalakakis Y, Renaud F. Santa rosalia revisited: Or why are there so many kinds of parasites in; the garden of earthly delights [J]. *Parasitology Today (Personal Ed)*, 1998, 14(1): 10-13
- [31] Huyse T, Poulin R, Théron A. Speciation in parasites: A population genetics approach [J]. *Trends in Parasitology*, 2005, 21(10): 469-475
- [32] Turelli M, Barton N H, Coyne J A. Theory and speciation [J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2001, 16(7): 330-343
- [33] Favre A, Päckert M, Pauls S U, Jähniß S C, Uhl D, Michalak I, Muellner-Riehl A N. The role of the uplift of the Qinghai-Tibetan Plateau for the evolution of Tibetan biotas [J]. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 2015, 90(1): 236-253
- [34] Jacques F M B, Guo S X, Su T, Xing Y W, Huang Y J, Liu Y S C,

- Ferguson D K, Zhou Z K. Quantitative reconstruction of the Late Miocene monsoon climates of southwest China: A case study of the Lincang flora from Yunnan Province [J]. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 2011, 304(3/4): 318-327
- [35] Lu H Y, Guo Z T. Evolution of the monsoon and dry climate in East Asia during late Cenozoic: A review[J]. *Science China Earth Sciences*, 2014, 57(1): 70-79
- [36] Smith A T, Badingqiuying, Wilson M C, Hogan B W. Functional-trait ecology of the plateau pika *Ochotona curzoniae* in the Qinghai-Tibetan Plateau ecosystem[J]. *Integrative Zoology*, 2019, 14(1): 87-103
- [37] Benton M J. The Red Queen and the Court Jester: Species diversity and the role of biotic and abiotic factors through time[J]. *Science*, 2009, 323(5915): 728-732
- [38] Cenni L, Simoncini A, Massetti L, Rizzoli A, Hauffe H C, Massolo A. Current and future distribution of a parasite with complex life cycle under global change scenarios: *Echinococcus multilocularis* in Europe [J]. *Global Change Biology*, 2023, 29(9): 2436-2449
- [39] Xing Y W, Ree R H. Uplift-driven diversification in the Hengduan Mountains, a temperate biodiversity hotspot [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2017, 114(17): E3444-E3451

责任编辑: 秦梅



第一作者简介: 陈澳, 青海大学在读硕士研究生, 本科毕业于四川农业大学。目前研究方向为棘球绦虫病原生态学。



通讯作者简介: 付永, 副研究员、预防兽医学博士, 硕士导师, 主要致力于高原人兽共患病流行病学、致病机理和防控技术研究。近几年获国际先进成果9项, 研究成果前后发表在《中国人兽共患病学报》、《中国寄生虫学与寄生虫病杂志》、*Nature Communications*、*Proceedings of the National Academy of Sciences*、*Frontiers in Immunology*、*Parasites & Vectors* 等国内外知名期刊30余篇, 制订地方标准3项, 授权专利10项, 主持国家级及省部级项目4项, 其中国家自然科学基金2项, 省部级项目1项, 国家重点实验室开放基金项目1项; 通过科研成果的产出, 为我国畜牧业健康发展保驾护航, 同时为广大人民健康事业做出积极贡献。