

分类号：
学 号：20232014043

密 级：
单位代码：10759

石河子大学

硕 士 学 位 论 文



中亚部分地区锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的流行 特点分析研究

学 位 申 请 人	刘子恒
指 导 教 师	王远志 教授 刘全 教授
申请学位门类级别	医学硕士
学 科、专 业 名 称	基础医学
研 究 方 向	病原生物学
所 在 学 院	医学院

中国·新疆·石河子
2026 年 05 月

分类号：
学 号：20232014043

密 级：
单位代码：10759

石河子大学

硕 士 学 位 论 文



中亚部分地区锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的流行 特点分析研究

学 位 申 请 人	刘子恒
指 导 教 师	王远志 教授 刘全 教授
申请学位门类级别	医学硕士
学 科、专 业 名 称	基础医学
研 究 方 向	病原生物学
所 在 学 院	医学院

中国·新疆·石河子
2026 年 05 月

**Epidemiological Characteristics of *Trypanosoma*, *Leishmania* and
Hepatozoon in parts of Central Asia**

A Dissertation Submitted to

Shihezi University

In Partial Fulfillment of the Requirements

For the Degree of

Master of Medicine

By

Ziheng Liu

(Pathogenic biology)

Dissertation Supervisor:

Prof. Yuanzhi Wang

Prof. Quan Liu

Shihezi Xinjiang China

May, 2026

课题来源

兵团重大科技项目

中亚跨境传染病智能化监测、预警与防控技术研究与应用示范

课题编号：2025AA018

新发突发与重大传染病防控国家科技重大专项


面向主动防控的我国“X 传染病”全景病原图谱及保藏库构建

项目批准号：2025ZD01900100

石河子大学学位论文独创性声明及使用授权声明

学位论文独创性声明


本人所提交的学位论文是在我导师的指导下进行的研究工作及取得的研究成果。据我所知，除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含其他个人已经发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中作了明确的说明并表示谢意。

研究生签名： 


时间：2026 年 5 月 18 日

使用授权声明

本人完全了解石河子大学有关保留、使用学位论文的规定，学校有权保留学位论文并向国家主管部门或指定机构送交论文的电子版和纸质版。有权将学位论文在学校图书馆保存并允许被查阅。有权自行或许可他人将学位论文编入有关数据库提供检索服务。有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

研究生签名： 

时间：2026 年 5 月 18 日

导师签名： 

时间：2026 年 5 月 18 日

摘要

目的：被忽视的热带病（Neglected Tropical Diseases, NTDs）是一类主要在热带和亚热带地区流行的疾病，在被忽视的、边缘的、贫穷的社区的人群中广泛流行，影响全球 10 多亿人，其中黑热病和恰加斯病分别由锥虫科的利什曼原虫和克氏锥虫感染引起。肝簇虫病宿主范围广泛，可感染多种脊椎动物，通过蜱虫传播。然而目前锥虫、利什曼原虫和肝簇虫在新疆及相邻中亚地区的种类和流行情况仍然没有摸清。本研究旨在通过分子检测手段，深入了解该地区的锥虫、利什曼原虫和肝簇虫种类、分布和流行特点，为锥虫病、利什曼病和肝簇虫病的防控提供科学依据。

方法：（1）样本采集：2023 年 9 月-2025 年 10 月，在中国新疆 36 个县市（图木舒克市、胡杨河市、奎屯市、阿拉山口市、石河子市、克拉玛依市、阿勒泰市、乌苏市、北屯市、铁门关市、阿拉尔市、库尔勒市、五家渠市、巴里坤哈萨克自治县、玛纳斯县、托里县、精河县、尼勒克县、霍城县、温泉县、奇台县、洛浦县、巴楚县、尉犁县、于田县、皮山县、策勒县、博湖县、伊吾县、木垒县、和丰县、福海县、乌什县、哈巴河县、呼图壁县、新源县）采集样本，共采集了 206 份人血液，228 只爬行动物，1436 只啮齿动物及其部分体表寄生虫，149 只鼠兔及其部分体表寄生虫，33 只食肉动物，234 份鸟类样本及鸟粪样本，355 只蝙蝠，64 只犬血液，206 头骆驼血液及 2322 只骆驼寄生蜱，147 管（约 200 只）虱蝇，159 管（约 400 只）白蛉，50 管（约 100 只）羊蠕形蚤，779 只新疆境内蜱。另外，本团队在哈萨克斯坦 8 个州（东哈萨克斯坦州、阿拜州、杰特苏州、阿拉木图州、江布尔州、图尔克斯坦州、克孜勒奥尔达州、阿克托别州）采集 849 只蜱虫样本，在吉尔吉斯斯坦奥什州采集 220 份驴内脏样本。（2）物种鉴定：通过形态学与分子生物学对采集样本进行鉴定。分子鉴定包括：爬行动物采用细胞色素 c 氧化酶亚基 I（*COI*）基因，啮齿动物和鼠兔采用 *COI* 基因，蜱采用 16S 核糖体 RNA（*16S rRNA*）与 *COI* 基因等，PCR 扩增产物进行测序确定。（3）锥虫检测：首先，采用瑞氏-姬姆萨染色对血液样本染色进行形态学鉴定；随后，采用 PCR 对锥虫 18S 核糖体 RNA（*18S rRNA*）与甘油醛-3-磷酸脱氢酶基因（*gGAPDH*）进行筛选，对阳性产物进行测序鉴定。（4）利什曼原虫检测：首先，采用免疫层析试纸条对全部血液样本进行筛查；后采用 PCR 对利什曼原虫内源转录间隔区（*ITS*）基因进行筛选，对阳性产物进行测序鉴定。（5）肝簇虫检测：用 PCR 对肝簇虫 *18S rRNA* 基因进行筛选，阳性产物测序。

结果：（1）物种鉴定结果如下：爬行动物隶属于 2 科 3 属 7 种；啮齿动物隶属于 4 科 16 属 24 种；鼠兔均为蒙古鼠兔；食肉动物为 3 科 4 属 4 种；蝙蝠均为伏翼蝠；犬为家犬；鸟及鸟粪样本隶

属于 14 目 19 科 20 属 27 种；骆驼为双峰驼，骆驼寄生蜱为亚洲璃眼蜱；全部医学节肢动物（包括蜱虫、虱蝇、羊蠕形蚤和白蛉）隶属于 2 纲 5 目 8 科 12 属 17 种。（2）研究结果显示，新疆边境及毗邻区域的锥虫及利什曼原虫感染情况呈现出地理差异性和宿主特异性。在爬行动物中，检出一种锥虫：库塞尔锥虫（*Trypanosoma kuseli*），整体阳性率为 6.14%（14/228）。在啮齿动物和鼠兔中发现 3 种不同的锥虫，为库塞尔锥虫、田鼠锥虫（*T. microti*）和鼠兔锥虫（*Trypanosoma sp. pika*），整体阳性率为 6.18%（98/1587）；在其体表寄生虫发现 2 种锥虫，包括 *T. otospermophili* 和鼠兔锥虫，整体阳性率为 5.93%（15/253）。在啮齿动物中发现 2 种利什曼原虫，为都兰利什曼（*Leishmania turanica*）和沙鼠利什曼（*L. gerbilli*），整体阳性率为 1.53%（22/1438）；在啮齿动物中发现 6 种肝簇虫，包括 *Hepatozoon cf. ophisauri*、*H. ophisauri*、*H. ayorgbor*、*H. chinensis* 和两种 *Hepatozoon sp.*，整体阳性率为 5.23%（83/1587）。在食肉动物中检出 2 种肝簇虫，为犬肝簇虫（*H. canis*）和猫肝簇虫（*H. felis*）。在伏翼蝠中检出 1 种锥虫：狄奥尼西锥虫（*T. dionisii*），阳性率为 11.83%（42/355）。在鸟类和鸟粪中检出 1 种锥虫：*T. thomasbancrofti*。在羊虱蝇中检出 1 种锥虫，羊虱蝇锥虫（*T. melophagium*），阳性率为 13.61%（20/147）。在白蛉中检出 2 种利什曼原虫，为都兰利什曼和沙鼠利什曼，整体阳性率为 7.55%（12/159）。此外，我们在哈萨克斯坦境内采集的蜱虫中检出 1 种未定名种锥虫（*Trypanosoma sp.*），阳性率为 1.30%（11/849）。在吉尔吉斯斯坦的驴内脏中检出 2 种未定名种锥虫（*Trypanosoma sp.*），分别属于莱文斯锥虫（*T. lewisi*）群和布氏锥虫（*T. brucei*）群，阳性率分别为 1.36%（3/220）和 11.82%（26/220）。其他样本包括人血样本中未检出锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的核酸存在。

结论：本研究在各种动物中共检出 10 种锥虫，2 种利什曼原虫和 8 种肝簇虫。首次在羊虱蝇中确认羊虱蝇锥虫感染（中国），在长尾黄鼠寄生蚤中确认锥虫 *T. otospermophili* 存在（亚洲），在仓鼠科、松鼠科和跳鼠科成员中检出肝簇虫（世界）。确认了不同病原体在部分中亚地区不同宿主类群中呈现明显的分布差异。在蝙蝠中检出迪奥尼西锥虫，提示当地可能存在自然疫源地。在白蛉和沙鼠中检出的沙鼠利什曼和都兰利什曼，印证了大沙鼠-白蛉-利什曼原虫的传播链条。多种检出的病原体（如库塞尔锥虫、鼠兔锥虫、狄奥尼西锥虫、驴源布氏群锥虫和莱文斯群锥虫）均具有感染人类的风险，提示新疆及毗邻中亚地区存在输入性及本土人兽共患锥虫病和利什曼病的潜在威胁。

关键词：新疆；部分中亚地区；锥虫；利什曼原虫；肝簇虫

论文类型：A（基础研究）

Abstract

Objective: Neglected Tropical Diseases (NTDs) are a group of diseases primarily prevalent in tropical and subtropical regions, widely affecting populations in neglected, marginalized and impoverished communities, impacting over one billion people globally. Among them, visceral leishmaniasis and Chagas disease are caused by infection with *Leishmania* and *Trypanosoma cruzi* of the family Trypanosomatidae, respectively. Hepatozoonosis has a broad host range, capable of infecting various vertebrates, and is transmitted by ticks. However, the species and epidemiological status of *Trypanosoma*, *Leishmania*, and *Hepatozoon* in Xinjiang and adjacent regions of Central Asia remain poorly understood. This study aims to utilize molecular detection methods to gain an in-depth understanding of the species, distribution, and epidemiological characteristics of *Trypanosoma*, *Leishmania*, and *Hepatozoon* in this region, thereby providing a scientific basis for the prevention and control of trypanosomiasis, leishmaniasis, and hepatozoonosis.

Methods:(1) Sample collection: From September 2023 to October 2025, samples were collected from 36 counties/cities in Xinjiang, China (Tumushuke, Huyanghe, Kuitun, Alashankou, Shihezi, Karamay, Altay, Wusu, Beitun, Tiemenguan, Aral, Korla, Wujiaqu, Barkol Kazakh Autonomous County, Manas, Toli, Jinghe, Nilka, Huocheng, Wenquan, Qitai, Luopu, Bachu, Yuli, Yutian, Pishan, Qira, Bohu, Yiwu, Mulei, Hefeng, Fuhai, Wushi, Habahe, Hutubi). A total of 206 human blood samples, 228 reptiles, 1,436 rodents with some of their ectoparasites, 149 pikas with some of their ectoparasites, 33 carnivores, 234 bird samples and bird droppings, 355 bats, 64 dog blood samples, 206 camel blood samples and 2,322 ticks parasitic on camels, 147 tubes (approximately 200 individuals) of sheep keds, 159 tubes (approximately 400 individuals) of sand flies, 50 tubes (approximately 100 individuals) of sheep vermipsyllid fleas and 779 ticks from within Xinjiang were collected. Additionally, our team collected 849 tick samples from 8 regions in Kazakhstan (East Kazakhstan, Abay, Jetisu, Almaty, Jambyl, Turkistan, Kyzylorda, Aktobe) and 220 donkey visceral samples from Osh, Kyrgyzstan. (2) Species identification: Collected samples were identified using morphological and molecular biological methods. Molecular identification included: the cytochrome c oxidase subunit 1 (*COI*) gene for reptiles, rodents and pikas; the 16S ribosomal RNA (*16S rRNA*) and *COI* genes for ticks, etc. PCR amplification products were sequenced for confirmation. (3) *Trypanosoma* detection: First, blood samples were stained using Wright-Giemsa staining for morphological identification. Subsequently, PCR was used to screen the *Trypanosoma* 18S ribosomal RNA

(*18S rRNA*) and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*gGAPDH*) genes, with positive products sequenced for identification. (4) *Leishmania* detection: First, immunochromatographic test strips were used to screen all blood samples. Then, PCR was used to screen the *Leishmania* internal transcribed spacer (*ITS*) gene, with positive products sequenced for identification. (5) *Hepatozoon* detection: PCR was used to screen the *Hepatozoon 18S rRNA* gene, with positive products sequenced.

Results: (1) Species identification results were as follows: reptiles belonged to 2 families, 3 genera, and 7 species; rodents belonged to 4 families, 16 genera, and 24 species; all pikas were identified as Mongolian pika; carnivores belonged to 3 families, 4 genera and 4 species; all bats were identified as *common pipistrelle*; dogs were domestic dogs; bird and bird dropping samples belonged to 14 orders, 19 families, 20 genera and 27 species; camels were *Camelus dromedarius*; ticks parasitic on camels were identified as *Hyalomma asiaticum*; all medical arthropods (including ticks, sheep keds, sheep vermipysyllid fleas and sand flies) belonged to 2 classes, 5 orders, 8 families, 12 genera and 17 species. (2) The study results showed that *Trypanosoma* and *Leishmania* infections in the Xinjiang border areas and adjacent regions exhibited geographical variation and host specificity. In reptiles, one *Trypanosoma* species was detected: *Trypanosoma kuseli*, with an overall positivity rate of 6.14% (14/228). In rodents and pikas, three different *Trypanosoma* species were detected: *T. kuseli*, *Trypanosoma microti*, and *Trypanosoma sp. pika*, with an overall positivity rate of 6.18% (98/1,587); in their ectoparasites, two *Trypanosoma* species were detected, including *Trypanosoma otospermophili* and *Trypanosoma sp. pika*, with an overall positivity rate of 5.93% (15/253). In rodents, two *Leishmania* species were detected: *Leishmania turanica* and *Leishmania gerbilli*, with an overall positivity rate of 1.53% (22/1,438); in rodents, six *Hepatozoon* species were detected, including *Hepatozoon cf. ophisauri*, *Hepatozoon ophisauri*, *Hepatozoon ayorgbor*, *Hepatozoon chinensis*, and two *Hepatozoon sp.*, with an overall positivity rate of 5.23% (83/1,587). In carnivores, two *Hepatozoon* species were detected: *Hepatozoon canis* and *Hepatozoon felis*. In *common pipistrelle* bats, one *Trypanosoma* species was detected: *Trypanosoma dionisii*, with a positivity rate of 11.83% (42/355). In birds and bird droppings, one *Trypanosoma* species was detected: *Trypanosoma thomasbancrofti*. In louse flies, one *Trypanosoma* species was detected: *Trypanosoma melophagium*, with a positivity rate of 13.61% (20/147). In sand flies, two *Leishmania* species were detected: *Leishmania donovani* and *L. gerbilli*, with an overall positivity rate of 7.55% (12/159). Additionally, in ticks collected from Kazakhstan, one unidentified *Trypanosoma* species (*Trypanosoma sp.*) was detected, with a positivity rate of 1.30% (11/849).

In donkey viscera from Kyrgyzstan, two unidentified *Trypanosoma* species (*Trypanosoma* sp.) were detected, belonging to the *Trypanosoma lewisi* group and the *Trypanosoma brucei* group, with positivity rates of 1.36% (3/220) and 11.82% (26/220), respectively. Other samples (including human blood samples) showed no detection of the nucleic acids of *Trypanosoma*, *Leishmania* and *Hepatozoon*.

Conclusion: This study detected a total of 10 *Trypanosoma* species, 2 *Leishmania* species, and 8 *Hepatozoon* species across various animals. For the first time, *Trypanosoma melophagium* infection was confirmed in sheep keds (*Melophagus ovinus*) in China; *Trypanosoma otospermophili* was confirmed in fleas parasitizing long-tailed ground squirrels as a Asian-first record; and *Hepatozoon* was detected in members of the families Cricetidae, Sciuridae, and Dipodidae worldwide. It confirmed that different pathogens exhibit distinct distribution patterns among different host groups in parts of Central Asia. The detection of *Trypanosoma dionisii* in bats suggests the possible existence of a natural focus in the local area. The detection of *Leishmania turanica* and *L. gerbilli* in sand flies and gerbils corroborates the great gerbil-sand fly-*Leishmania* transmission chain. Several detected pathogens (such as *T. kuseli*, *Trypanosoma* sp. *pika*, *T. dionisii*, and the donkey-derived *T. brucei* group and *T. lewisi* group, *L. turanica*, *H. canis* and *H. felis*) pose a potential risk of human infection, suggesting a potential threat of imported and indigenous zoonotic trypanosomiasis and leishmaniasis in Xinjiang and adjacent areas of Central Asia.

Key words: Xinjiang; Parts of Central Asia; *Trypanosoma*; *Leishmania*; *Hepatozoon*

目录

摘要.....	I
中英文缩略词对照表.....	VIII
第1章 引言.....	1
第2章 材料与方法.....	3
2.1 材料.....	3
2.1.1 伦理批准.....	3
2.1.2 中国新疆与中亚部分地区样本采集.....	3
2.1.3 主要仪器与试剂.....	6
2.2 方法.....	7
2.2.1 啮齿动物、鼠兔及其体表寄生虫样本制备.....	7
2.2.2 爬行动物样本制备.....	7
2.2.3 蝙蝠样本制备.....	8
2.2.4 蜚虫、虱蝇、羊蠕形蚤、白蛉样本制备.....	8
2.2.5 血液样本（人、骆驼、犬）的制备.....	8
2.2.6 驴脏器样本的制备.....	9
2.2.7 PCR 模板制备.....	9
2.2.8 各类样本的物种鉴定.....	14
2.2.9 锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的分子生物学鉴定.....	15
2.2.10 测序结果分析及遗传进化树的构建.....	17
第3章 结果.....	18
3.1 样本采集结果.....	18
3.2 物种鉴定结果.....	20
3.2.1 爬行动物鉴定结果.....	20
3.2.2 啮齿动物和鼠兔及其体表寄生虫鉴定结果.....	21
3.2.3 其他动物物种鉴定结果.....	26
3.2.4 蜚虫、虱蝇、羊蠕形蚤、白蛉物种鉴定结果.....	28
3.3 中亚部分地区动物锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析.....	31
3.3.1 爬行动物中锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析.....	31

3.3.2 啮齿动物和鼠兔及其体表寄生虫中锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析	33
3.3.3 蝙蝠中锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析	38
3.3.4 鸟类和鸟粪中锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析	39
3.3.5 蜚虫、虱蝇、羊蠕形蚤、白蛉中锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析	41
3.3.6 吉尔吉斯斯坦进口驴锥虫、利什曼原虫检测结果与系统发育分析	44
3.4 中亚部分地区动物肝簇虫检测结果与系统发育分析	46
3.4.1 啮齿动物中肝簇虫检测结果与系统发育分析	46
3.4.2 食肉动物中肝簇虫检测结果与系统发育分析	48
3.4.3 其他动物中肝簇虫检测结果	50
第4章 讨论	51
4.1 爬行动物中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	52
4.2 啮齿动物和鼠兔中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	53
4.3 食肉动物中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	54
4.4 蝙蝠中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	55
4.5 鸟类中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	55
4.6 医学节肢动物（蜚、虱蝇、白蛉、蠕形蚤）中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	56
4.7 吉尔吉斯斯坦驴中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的研究与分析	57
4.8 小结与展望	58
第5章 结论	59
文献综述	60
附件	69
参考文献	75
致谢	85

中英文缩略词对照表

英文缩写	英文全称	中文名称
Blastn	Basic Local Alignment Search Tool for Nucleotide	基础局部序列比对工具
bp	Base pair	碱基对
CL	cutaneous leishmaniasis	皮肤利什曼病
CNKI	China National Knowledge Infrastructure	中国知网
COI	Cytochrome c Oxidase I	细胞色素 c 氧化酶亚基 I
COII	Cytochrome c Oxidase II	细胞色素 c 氧化酶亚基 II
Cytb	cytochrome b	细胞色素 b 氧化酶
D-loop	displacement loop	D 环
DNA	Deoxyribonucleic acid	脱氧核苷酸
dNTP	Deoxyribonucleoside trephosphate	脱氧核苷三磷酸
GAPDH	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	甘油醛-3-磷酸脱氢酶
GenBank	Gene bank	核苷酸序列资料库
HAT	human African trypanosomiasis	非洲锥虫病
ML	Mucocutaneous Leishmaniasis	皮肤粘膜利什曼病
ML	Maximum-likelihood	最大似然法
mtDNA	mitochondrial DNA	线粒体 DNA
NCBI	National Center for Biotechnology Information	美国国家生物技术信息中心网 站
NJ	Neighbor-Joining	邻接法
NTDs	Neglected Tropical Diseases	被忽视的热带病
PCR	Polymerase Chain Reaction	聚合酶链式反应
RNaseA	Ribonuclease A	核糖核酸酶 A
rpm	Rotation per minute	转/分钟
rRNA	ribosomal RNA	核糖体 RNA
<i>Taq</i> DNA polymerase	<i>Thermus aquaticus</i> DNA polymerase	<i>Taq</i> DNA 聚合酶
VL	visceral leishmaniasis	内脏利什曼病

第1章 引言

被忽视的热带病 (Neglected Tropical Diseases, NTDs) 是一类古老的致贫疾病, 主要流行范围为全球热带和亚热带地区的 149 个发展中国家^[1]。这类疾病多由寄生虫、病毒、细菌和真菌等病原体引起, 主要包括: 恰加斯病、利什曼病、非洲锥虫病等 21 种 (类) 疾病^[2]。这类疾病给全球超 10 亿人造成极具破坏力的人力 (每天因 NTDs 死亡超 3500 人)、社会和经济负担。其流行病学特征复杂, 且其防治受人类活动和社会经济的影响, 致使公共卫生防控面临挑战^[3]。

锥虫科 (Trypanosomatidae) 属于原生动物门 (Protozoa) 鞭毛虫纲 (Mastigophora) 动基体目 (Kinetoplastida), 其下包含约 24 个单细胞原生动物属, 其主要成员 *Trypanosoma* (锥虫属)、*Leishmania* (利什曼原虫属) 因对人致病而得到广泛重视^[4]。锥虫的典型形态为细长的梭形和柳叶形, 在不同宿主和不同的发育阶段, 其形态会发生显著变化^[5]。不同种类的锥虫传播途径不同, 如 *Lotmaria passim* 和 *Crithidia bombi* 两种锥虫, 通过“粪-口”途径, 在全球蜂群中静默流行^[6]。本研究仅针对锥虫科下的锥虫属和利什曼原虫属进行讨论。

在锥虫属中, 有超过 500 种锥虫虫种已被提出, 人、兽感染可引起锥虫病^[7]。克氏锥虫 (*Trypanosoma cruzi*) 引起恰加斯病 (Chagas), 即美洲锥虫病, 约有 700-800 万人感染, 每年约有 1 万人死于恰加斯病^[8]; 布氏冈比亚锥虫 (*T. brucei gambiense*) 和罗德西亚锥虫 (*T. brucei rhodesiense*) 引起人类非洲锥虫病 (HAT)。HAT 在非洲国家间分布不均, 约 4150 万人面临感染风险^[9]。除此之外, 还存在一些宿主广泛的动物锥虫病, 如: 伊氏锥虫 (*Trypanosoma evansi*) 引起的苏拉病, 可感染骆驼、牛、羊、马、犬等多种动物, 在某些情况下, 伊氏锥虫也会感染人^[10]。传播锥虫病的经典传播媒介主要包括采采蝇、锥蝽, 近年也有在蜚虫、白蛉中检出的报道^[11,12]。这些昆虫在吸食患病脊椎动物的血液后被感染, 最终通过昆虫的再次叮咬传播给新的脊椎动物宿主。锥虫独特的双宿主循环 (人、犬、脊椎动物和吸血节肢动物) 使得锥虫病在自然界中广泛传播并持续存在。

利什曼属至少包括 20 多个种, 由利什曼原虫造成的利什曼病在全球每年约有 70-100 万新发病例, 引起大约 3 万人死亡、3.5 亿人处于暴露危险中^[13]。利什曼原虫生活史有前鞭毛体 (promastigote) 和无鞭毛体 (amastigote) 两个时期。前者寄生于白蛉的消化道内, 后者寄生于脊椎动物的单核巨噬细胞内, 可感染超过 70 种动物^[14]。利什曼病有三种病理类型: 内脏利什曼病、皮肤利什曼病和皮肤黏膜利什曼病。其主要传染源包括

人类患者和犬、野鼠、狐狸等野生动物。传播途径主要是媒介传播（白蛉），在中国传播利什曼病的白蛉种主要是中华白蛉、亚历山大白蛉、蒙古白蛉、长管白蛉、吴氏白蛉和安氏白蛉。此外，在特定情况下利什曼病也可发生垂直传播、公用针头、输血和器官移植等造成的非媒介传播^[15,16]。

肝簇虫（*Hepatozoon*）是一类属于顶复门（Apicomplexa）、簇虫纲（Aconoidasida）、簇虫目（Eucoccidiorida）、肝簇虫科（Hepatozoidae）的专性细胞内寄生性原生动物。这类寄生虫在全球范围内广泛分布，能够感染多种脊椎动物宿主，包括哺乳动物、有袋动物、鸟类、爬行动物和两栖动物^[17]。其典型的传播方式是通过吸血节肢动物（如蜱虫）摄入含有寄生虫配子体的血液，随后在节肢动物体内发育形成感染性卵囊，脊椎动物通过捕食带病原的蜱虫获得感染。能传播肝簇虫的蜱虫主要为扇头蜱属和血蜱属，其引起的肝簇虫病在爬行动物和啮齿动物中广泛存在，具有感染家畜的潜在风险^[18]。

新疆维吾尔自治区（以下简称新疆）地处祖国西北，面积约 166.49 万平方公里，约占全国陆地总面积的六分之一。从地缘空间来看，新疆与俄罗斯、蒙古、哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、塔吉克斯坦、阿富汗、巴基斯坦、印度等 8 个国家接壤，边境线长达 5700 多公里，是中国邻国最多、边境线最长的省级行政区，也是“一带一路”建设的核心区和西连东进的重要门户，在地缘政治与区域合作中具有举足轻重的地位。从“中亚地区”的定义来看，狭义中亚主要指哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、塔吉克斯坦、土库曼斯坦、乌兹别克斯坦、阿塞拜疆六国，而广义中亚则根据联合国教科文组织以气候特征与民俗文化为依据的区域划分，新疆、西藏及蒙古国均被纳入中亚地理范畴^[19]。

然而，与上述严峻的疾病防控负担和新疆重要的战略地位形成鲜明对比的是，新疆地区作为典型的中亚生物地理交汇区，迄今仍缺乏针对野生动物、家畜、医学节肢动物中锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的系统性本底调查。新疆南北跨越 15 个纬度，东西跨越 23 个经度，拥有超过 12 种自然景观。全疆已知分布有脊椎动物 733 种，其中两栖爬行类 49 种、哺乳类 136 种、鸟类 487 种^[20]。其高度复杂的生态格局和物种多样性，为本土人兽共患病原体的自然循环与跨物种传播提供了天然条件。同时，近年来哈、吉两国与新疆口岸往来频繁，活畜（马、驴、羊等）进口也带来了输入性传染病跨境传播的潜在风险^[21]。然而，由于缺乏对这些病原体在本地宿主、媒介中的本底数据，目前既无法评估输入病原在本地生态系统中定殖并建立自然疫源地的可能性，也难以制定精准的口岸检疫和早期监测方案，致使潜在风险持续累积。

鉴于上述现状，深入研究锥虫、利什曼原虫和肝簇虫的存在种类、宿主习性，摸清其传播的潜在媒介，对于掌握锥虫病、利什曼病和肝簇虫病的流行规律、预测流行趋势、加强相关的防控防治工作至关重要。

第2章 材料与方法

2.1 材料

2.1.1 伦理批准

本研究涉及的野生啮齿动物及其体表寄生虫的采集在《新疆生产建设兵团草原有害生物普查项目》的支持下进行。其他动物，如爬行动物、鼠兔、野犬血液、骆驼血液等的采集均由石河子大学医学院第一附属医院实验动物伦理委员会严格审核和批准。蝙蝠样本、食肉动物样本由新疆建设兵团林业和草原局交付本实验室，鸟类及鸟粪样本由新疆建设兵团林业和草原局、石河子花园机场和石河子市动物园提供。吉尔吉斯斯坦进口驴内脏由乌恰县屠宰场交付本实验室。哈萨克斯坦地区蜚虫由哈萨克斯坦国立农业大学提供。

本研究相关实验均在加强型二级（P2+）生物实验室（石河子大学医学院）中完成。相关的批准许可及文件编号见附件。

2.1.2 中国新疆与中亚部分地区样本采集

2023年9月-2025年10月，在中国新疆36个县市（图木舒克市、胡杨河市、奎屯市、阿拉山口市、石河子市、克拉玛依市、阿勒泰市、乌苏市、北屯市、铁门关市、阿拉尔市、库尔勒市、五家渠市、富蕴县、玛纳斯县、托里县、精河县、尼勒克县、霍城县、温泉县、奇台县、洛浦县、巴楚县、尉犁县、于田县、皮山县、策勒县、博湖县、伊吾县、木垒县、和丰县、福海县、乌什县、哈巴河县、呼图壁县、新源县）采集样本，共采集了206份人血液，228只爬行动物，1436只啮齿动物及其部分体表寄生虫，149只鼠兔及其部分体表寄生虫，33只食肉动物，234份鸟类样本及鸟粪样本，355只蝙蝠，64只犬血液，206头骆驼血液及2322只骆驼寄生蜚，147管（约200只）虱蝇，159管（约400只）白蛉，50管（约100只）羊蠕形蚤，779只新疆境内蜚。另外，本团队在哈萨克斯坦8个州（东哈萨克斯坦州、阿拜州、杰特苏州、阿拉木图州、江布尔州、图尔克斯坦州、克孜勒奥尔达州、阿克托别州）采集849只蜚虫样本，在吉尔吉斯斯坦奥什州采集220份驴内脏样本。

采集区域详情见图2-1。