

DOI: 10.5846/stxb202205201430

张科, 张钰, 王臣, 葛炎, 初红军, 张彦豹, 张东, 李凯. 放归普氏野马核心区黑腹胃蝇疫源分布特点. 生态学报, 2023, 43(14): 5840-5849.

Zhang K, Zhang Y, Wang C, Ge Y, Chu H J, Zhang Y B, Zhang D, Li K. Distribution characteristics of epidemic focus of *Gasterophilus pecorum* (Diptera: Gasterophilidae) in the core habitat of released Przewalski's horses. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(14): 5840-5849.

放归普氏野马核心区黑腹胃蝇疫源分布特点

张 科^{1,2}, 张 钰¹, 王 臣³, 葛 炎³, 初红军⁴, 张彦豹⁵, 张 东¹, 李 凯^{1,*}

¹ 北京林业大学生态与自然保护学院, 北京 100083

² 中国科学院西北高原生物研究所高原生物适应与进化重点实验室, 西宁 810001

³ 新疆卡拉麦里山有蹄类自然保护区, 昌吉 831100

⁴ 新疆林业科学院森林生态研究所, 乌鲁木齐 830063

⁵ 新疆野马繁育研究中心, 乌鲁木齐 831700

摘要: 黑腹胃蝇是新疆荒漠草原优势种马胃蝇, 对放归至当地普氏野马构成了严重威胁。该蝇将卵产在牧草上并以此感染采食者——马科动物, 其幼虫于宿主消化道营寄生生活, 至三龄老熟幼虫随宿主粪便进入环境化蛹, 成为当年新的疫源。于黑腹胃蝇幼虫两个发生峰期(4—5 月和 8 月)对普氏野马核心区新鲜粪便和黑腹胃蝇幼虫点位进行了调查, 采用最小凸多边形法(MCP)和固定核域法(FKE)计算粪便分布范围, 并通过核密度分析(KDE)辨识幼虫聚集区域和特征。结果表明: (1) 在黑腹胃蝇种群第一、第二峰期, 野马采食草场拥有最多的胃蝇幼虫采集占比(57.25%、41.94%), 其次是驴道、山坡、水源地区域; (2) 最小凸多边形法(95%利用率)和固定核域法(95%利用率, 0.006 带宽值)均能较好估算野马粪便分布范围, 第一峰期普氏野马粪便范围(60—70 km²)稍大于第二峰期(50—60 km²)。在所调查的八个水源地, 两个发生高峰期均包含红柳、5 号、6 号 3 个水源地, 并形成了以水源地为重要支撑点、依托毗邻草场交叉传播的连续、非均匀疫源地分布特点; (3) 水源地附近草场具有更高的黑腹胃蝇幼虫分布密度, 但其在第一、第二峰期空间位置存在一定差异, 至最近水源地平均距离分别为(1367±831) m、(1756±1297) m。荒漠草原水源地及其毗邻草场是普氏野马活动和聚集的主要场所, 由此成为黑腹胃蝇发生的重要平台, 承载着“黑腹胃蝇-牧草-马科动物”演绎关系。普氏野马既是马胃蝇寄生的受害者也是马胃蝇的传播者, 其与水源地的紧密关系使之成为当地马胃蝇蛆病流行的重要参与者。黑腹胃蝇种群双峰发育增加了宿主感染机率, 加重了当地马科动物感染程度, 这也是该地区普氏野马连续重度感染黑腹胃蝇的重要原因之一。

关键词: 荒漠草原; 黑腹胃蝇幼虫; 普氏野马粪便; 疫源地; 水源地

Distribution characteristics of epidemic focus of *Gasterophilus pecorum* (Diptera: Gasterophilidae) in the core habitat of released Przewalski's horses

ZHANG Ke^{1,2}, ZHANG Yu¹, WANG Chen³, GE Yan³, CHU Hongjun⁴, ZHANG Yanbao⁵, ZHANG Dong¹, LI Kai^{1,*}

¹ School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

² Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, China

³ Mt. Kalamaili Ungulate Nature Reserve, Changji 831100, China

⁴ Institute of Forest Ecology, Xinjiang Academy of Forestry, Urumqi 830063, China

⁵ Xinjiang Research Centre for Breeding Przewalski's Horse, Urumqi 831700, China

Abstract: *Gasterophilus pecorum* is the dominant horse bot fly in the desert steppe of Xinjiang, which poses a serious threat

基金项目: 新疆自然保护区调查与国家公园潜力区科学考察项目(2021xjkk1201); 国家林草局野生动植物保护司物种保护项目(2019123)

收稿日期: 2022-05-20; **网络出版日期:** 2023-04-11

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: jiujiu@bjfu.edu.cn

to the Przewalski's horses released to the local area. The fly lays its eggs on the grass and infects the herbivore, equines. The larvae are parasitic in the digestive tract of the host, and when they develop to the third instar, the mature larvae enter the environment with the hosts' feces to pupate and become a new epidemic focus in that year. In order to understand the distribution and characteristics of contaminated area of the *G. pecorum*, the fresh feces of Przewalski's horses and the sites of *G. pecorum* larvae were investigated in the two larvae peak periods (April—May, August) in the core habitat of released Przewalski's horses in Kalamaili Ungulate Nature Reserve, Xinjiang in 2021. The feces distribution range was calculated with Minimum Convex Polygon (MCP) and Fixed Kernel Estimator (FKE), and the larvae aggregation area and characteristics were identified with Kernel Density Estimation (KDE). The results showed that: (1) in the first and second peak periods of *G. pecorum* larvae population, the largest proportion (57.25% and 41.94%) of larvae was found in the grassland where the Przewalski's horses graze, followed by donkey road (the path for equines to the water source in formation), hillside and water source area. (2) The methods of Minimum Convex Polygon (95% utility probability percentage) and Fixed Kernel Estimator (95% utility probability percentage and 0.006 bandwidth) could well estimate the distribution range of Przewalski's horse feces, and the distribution range in the first peak period (60—70 km²) was slightly larger than that in the second peak period (50—60 km²). In eight water sources investigated, the three water sources, Hongliu, No. 5 and No. 6 were included in the two peak periods and a continuous and non-uniform distribution of the epidemic focus was formed with the water source as an important support point and relying on the adjacent grassland to cross spread. (3) The distribution density of *G. pecorum* larvae was higher in the grassland near the water source, but there was a certain difference in the spatial locations in the two peaks, with the average distance to the nearest water source being (1367±831) and (1756±1297) m, respectively. The water source of desert steppe and its adjacent grassland were the main places where the Przewalski's horses roam and gather, which was an important platform for the occurrence of *G. pecorum*, carrying the deductive relationship of *G. pecorum*-herbage-equine. The Przewalski's horses were not only the victim, but also the spreader of the parasitism, and its close relationship with the water source made it an important participant in the local myiasis epidemic. The bimodal development of *G. pecorum* population increased the probability of host infection and aggravated the infection degree of local equines, which is also one of the important reasons why the Przewalski's horses in this area suffer from *G. pecorum* constantly and severely.

Key Words: desert steppe; *Gasterophilus pecorum* larvae; Przewalski's horse feces; epidemic focus; water source

胃蝇蛆病是严重威胁马科动物消化道健康的一种寄生虫疾病,其病原体为胃蝇科胃蝇属幼虫,全世界共记录 9 种,中国新疆地区已报道 6 种^[1-2]。在世界大部分国家和地区,肠、鼻胃蝇为马科动物主要流行病原体^[3-4],而由于气候和环境,新疆卡拉麦里有蹄类自然保护区形成了以黑腹胃蝇(>90%)为绝对优势种、多种类胃蝇共存的独特胃蝇区系特征,并且该地区普氏野马种群高感染量(1900 只/匹)也远高于世界其他地区(<500 只/匹),成为重引入普氏野马健康管理和野化进程中的一大阻碍^[5]。

胃蝇属物种为变态发育,分为卵、幼虫、蛹和成虫四个虫态,一年一代^[6]。幼虫在宿主消化道汲取营养,发育成熟后随粪便排出体外,就近钻土化蛹和躲避天敌,经蛹期发育、破壳羽化为成虫^[7-8],寄生蝇成虫羽化后一般在很短的时间内即可交配、产卵,随后感染宿主^[9-10]。与同属八种胃蝇不同,黑腹胃蝇不将卵直接产在宿主体表,而是产在当地一种广泛分布植物镰芒针茅上,这种植物同时也是马科动物最喜食植物^[11-12],普氏野马采食带有黑腹胃蝇卵的针茅后从而被感染。

水源是荒漠地区野生动物生存所依赖的重要生态因子,影响着荒漠动物的种群分布、数量等^[13-14]。普氏野马每日会从采食草场前往水源地饮水,尤其是旱季,这些野生动物更容易聚集在水源地及附近区域^[15-16]。由于黑腹胃蝇幼虫随野马粪便排出,在一个月蛹期发育后羽化为成虫,从而具有大规律侵染这片草场的能力。这些与马科动物粪便相关联的黑腹胃蝇幼虫在离开宿主后会污染野马活动区域,马科动物在其幼虫种群高峰

期的活动范围也因此决定着一个多月后的黑腹胃蝇重灾区。黑腹胃蝇在该地区为双峰种群分布,分别在春季和夏末秋初两个时期集中离开宿主,对宿主形成双倍侵染压力^[17]。因此,本研究在黑腹胃蝇两个种群高峰期跟踪普氏野马种群,调查其新鲜粪便及黑腹胃蝇幼虫分布特征,明晰黑腹胃蝇污染重点和潜在区域,为普氏野马寄生虫生态防控提供合理建议。

1 材料与方法

1.1 研究地区

卡拉麦里山有蹄类自然保护区(88°30′—90°03′E,40°36′—46°00′N)位于中国新疆准格尔盆地(图1),面积为14856.48 km²,属于典型温带大陆性气候,夏季炎热干燥,冬季寒冷漫长。年均温2.4℃,最热月7月均温为25—30℃,极端温度可至50℃,最冷月1月均温在-20℃以下,极端温度低至-38℃;年降雨量约为160 mm,年蒸发量为2000 mm左右^[18]。该地区水资源紧缺,现存水源地多为浅层裂隙溢出水源地及人工水源,旱季容易造成荒漠动物在水源地聚集。保护区为典型荒漠景观,区内分布有放归普氏野马、蒙古野驴、鹅喉羚等野生动物,以及季节性迁徙家马;植被组成较为简单,分布稀疏,盖度一般为20—30%^[19]。

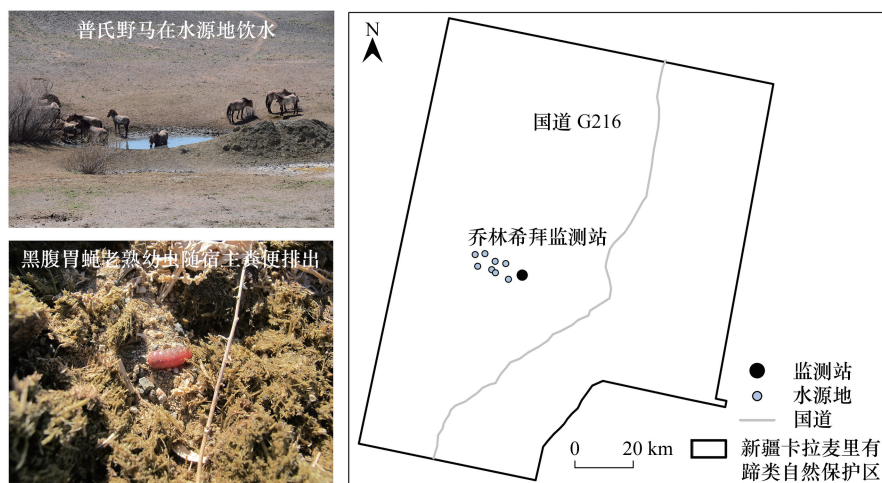


图1 研究地点和对象

Fig.1 The site and object of study

1.2 调查方法

2021年黑腹胃蝇两个种群集中期(4—5、8月)^[17],本研究在卡山保护区核心区域保持一段距离跟踪普氏野马群体,观察其排粪行为;待普氏野马家族群离开一定距离,前往排粪点用镊子拨开新鲜粪便,将幼虫从粪便中分离出来(图1),幼虫暂存于洁净50 mL离心管中,然后立即被带回实验室于体视镜下进行鉴定。采用手持全球定位系统(GPS)仪(佳明 eTrex309x)记录新鲜粪便经纬度、海拔及粪便所处地形;期间以≥5天/周频次开展调查,调查时间为:9:30—20:00,调查区域涉及卡山保护区野马频繁利用水源地及草场范围。

根据野马活动习性,每1—2日会前往水源地饮水,因此将其粪便点位分为近水源地区域(≤50 m)、驴道(马科动物队形前往水源地的路径)、自由采食草场、山坡(站休区域)4个类型。调查涉及8个野马种群(繁殖群:10、9、8、8、13、7匹;公马群:3、2匹),共计60匹放归野马;共涉及8个水源地(5个永久性水源地,3个人工水源地)及其辐射草场区域。在记录粪便信息的同时,同时检查新鲜粪便(≤5 min)中黑腹胃蝇幼虫数量。幼虫鉴定方法参考已发表文献中胃蝇属三龄幼虫鉴定方法^[20],依据体色、体长、各体节宽、棘刺排列及尖锐程度、头部口钩等特征进行鉴定。

1.3 数据分析

1.3.1 粪便分布范围

本研究将所有获取的粪便点位通过 RStudio R 包 *adehabitatHR* 进行预处理^[21],然后借助 ArcGIS 10.2 的 Home Range Tool 2.0 插件^[22]分别使用最小凸多边形法(MCP)^[23]和固定核域法(FKE)^[24-25]进行估算,以获取粪便的多边形矢量及平面家域。本研究分别计算了 100%、95%、75% 3 个百分比下的 MCP 粪便面积;鉴于 FKE 最大估计百分比为 95%^[26],并且 95% MCP 可以较为准确的估计动物活动范围^[25,27],本研究结果也表明 95% 利用率位能较合理估算粪便点位分布情况。因此在 95% FKE 带宽分别设定为 0.003、0.006、0.0093 个值,以比较不同带宽值对 FKE 家域估计的影响,并计算了 95% 水平 FKE 粪便分布面积。结合野马活动习性和实际情况,确定 MCP 和 FKE 方法估算粪便分布面积的相关参数,本研究发现黑腹胃蝇两个种群集中期普氏野马活动空间有一定重叠,因此使用 ArcGIS 10.2 中 ArcToolbox-Analysis Tool-Overlay Analysis-Intersect 空间处理模块计算两个时期的交叉面积。

1.3.2 幼虫分布

核密度分析(KDE)可以体现出分析目标在空间上的集聚情况,一般多用于点数据聚集分析^[28-29]。该方法将空间中任意一点周围区域作为密度的计算范围,通过观察点密度空间变化来分析点要素的空间分布特征^[30]。在一定范围内,像元值越小,搜索半径越大,分辨率越高。本研究最初使用默认系统参数分析,但考虑到双峰时期默认参数不一致,可能会导致两个峰期结果出现偏差。因此,本研究固定两个峰期的搜索半径与像元值一致,从而得到比较合适的分析结果,以便直观对比两个时期的差异。借用 ArcGIS 10.2 中 ArcToolbox—Spatial Analyst—Kernel Density 模块计算黑腹胃蝇幼虫空间分布及密集程度,像元值设定为 30,搜索半径为 1500 m。并将幼虫采集点进行叠加分析以获取整体核密度值(核密度值越大,密集程度越深的地区代表黑腹胃蝇幼虫分布位点越集中,幼虫数量越多),辨识出野马频繁活动幼虫聚集特征区域。

1.3.3 粪便点至水源地距离

结合保护区核心区域水源点分布情况,通过 RStudio R 包 *geosphere*^[31]计算每个粪便点位到 8 个水源地的直线距离,并筛选出离每个粪便点位最近的水源地及确定相应的距离;远离水源地方向每隔 100 m 统计不同距离范围内粪便数量及比例。

2 结果与分析

2.1 粪便和幼虫采集

在黑腹胃蝇两个幼虫集中期,共调查 1791 堆普氏野马新鲜粪便(表 1),其中第一峰期调查 1162 堆,含虫粪便为 142 堆,粪便含虫率为 12.31%;第二峰期共调查 629 堆,含虫粪便为 82 堆,粪便含虫率为 13.04%,两个时期粪便含黑腹胃蝇幼虫比例较为接近。

在不同地形中,粪便分布比例有所差异,在两个时期均以草场最多,其次为驴道和山坡;幼虫也呈现出类似的规律,草场和驴道区域幼虫数量较多,第一峰期两个地形共发现 85.13% 幼虫,第二峰期为 77.42%。两个峰期均粪便含虫量(幼虫数/粪堆数)较为接近,第一时期、第二峰期分别为 0.23、0.20 只/堆。但在不同地形中,两个峰期均粪便含虫量却呈现出差异性,在第一峰期,驴道(0.29 只/堆)、草场(0.24 只/堆)为均粪便含虫量较多场所,第二峰期则是在水源地(0.37 只/堆)、草场(0.34 只/堆)和驴道(0.23 只/堆)(表 1)。

水源地,水源地及半径 50 m 范围区域;驴道,马科动物前往水源点饮水的小径;草场,普氏野马采食植物区域;山坡,为草场凸起小山丘,植物稀少或无,一般高出平面 5—20 m,包含坡腰、坡顶,主要为马群站休、警示之地。

在含幼虫的粪便中,仅发现 1 只幼虫的情况最多,第一峰期、第二峰期分别为 60.56%、73.17%;多于 3 只的情况较少,第一(9.15%)、第二峰期(4.88%)均不超过 10%。第一峰期粪便最多发现 13 只,多于第二峰期 8 只。第一、二峰期有幼虫粪便平均含虫量为 1.9、1.5 只(图 2)。

表 1 粪便和幼虫在不同区域的数量和比例

Table 1 Number and proportion of feces and larvae in different areas

调查类型 Investigation types	时期 Periods	水源地 Water source	驴道 Donkey road	草场 Grassland	山坡 Hillside	共计 Total
粪便 Feces/堆	第一峰期	24	262	640	236	1162
		2.07%	22.54%	55.08%	20.31%	100%
	第二峰期	27	191	256	155	629
幼虫 Larvae/只	第一峰期	4	75	154	36	269
		1.49%	27.88%	57.25%	13.38%	100%
	第二峰期	10	44	52	18	124
均粪便含虫量(幼虫/粪堆) Larvae/feces	第一峰期	0.17	0.29	0.24	0.15	0.23
		8.06%	35.48%	41.94%	14.52%	100%
	第二峰期	0.37	0.23	0.34	0.12	0.20

2.2 两个感染期宿主粪便的空间分布

本研究通过最小凸多边形法 MCP 和固定核域法 FKE 两种方法分别计算了两个时期普氏野马新鲜粪便分布范围,不同参数展现出不同的计算结果(表 2)。MCP 中百分比利用率越高,两个时期粪便分布范围及重叠区域也越大。100% MCP 包含了两个时期所有粪便点位,还囊括了部分野马很少活动的区域,有一定误差;95% MCP 则筛选了部分偏远点位,粪便分布范围较为合理;75% MCP 则过度剔除了粪便分布点位,不能较为合理去估算真实情况(图 3)。

FKE 中,粪便范围随着带宽值增加而变大(图 3)。在 0.003 带宽值下,粪便分布轮廓边缘锯齿状过于明显;0.009 带宽值下,分布范围包含了一部分未有野马粪便区域;而 0.006 带宽值则能较好反应粪便分布情况。与 95% MCP 相比,95% FKE 对点位的计算更加精准化,消除了部分没有粪便点位分布的区域,但带宽值过低会使得粪便分布呈现割裂状。

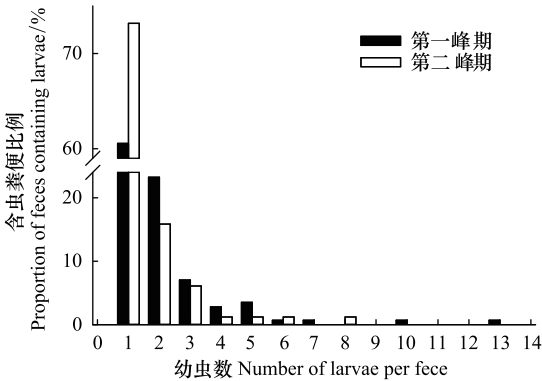


图 2 幼虫频度分布

Fig.2 Larvae frequency distribution

表 2 最小凸多边形法和固定核域法方法下两个高峰期宿主粪便分布范围

Table 2 Distribution range of host feces in two peak periods under MCP and FKE

方法 Methods	参数说明 Parameter description	参数设置 Parameter setting	第一峰期 Peak I /km ²	第二峰期 Peak II /km ²	峰期相交 Intersect/km ²
最小凸多边形法 MCP	利用百分率	100%	76.85	74.01	28.47
	95%	60.42	50.37	27.26	
	75%	26.18	28.47	6.64	
固定核域法 FKE	带宽值	0.009	86.20	82.76	50.66
	0.006	71.01	62.01	35.02	
	0.003	55.18	39.61	20.38	

MCP:最小凸多边形法 Minimum convex polygon;FKE:固定核域法 Fixed kernel estimator

研究结果表明 95% FKE 中 0.006 带宽值和 95% MCP 均能相对准确描述普氏野马粪便分布情况,两种方法对第一峰期(60.42、71.01 m²)、第二峰期(50.37、62.01 m²)、两峰期相交(27.26、35.02 m²)的面积估算较为接近(表 2)。另外,粪便分布图表明(图 3),第一峰期(春季)普氏野马粪便主要位于红柳、5 号水源地西北方向,而第二峰期(夏末秋初)时则位于红柳、5 号水源地东南方向及牧办水源地以北。两个高峰期粪便交叉重

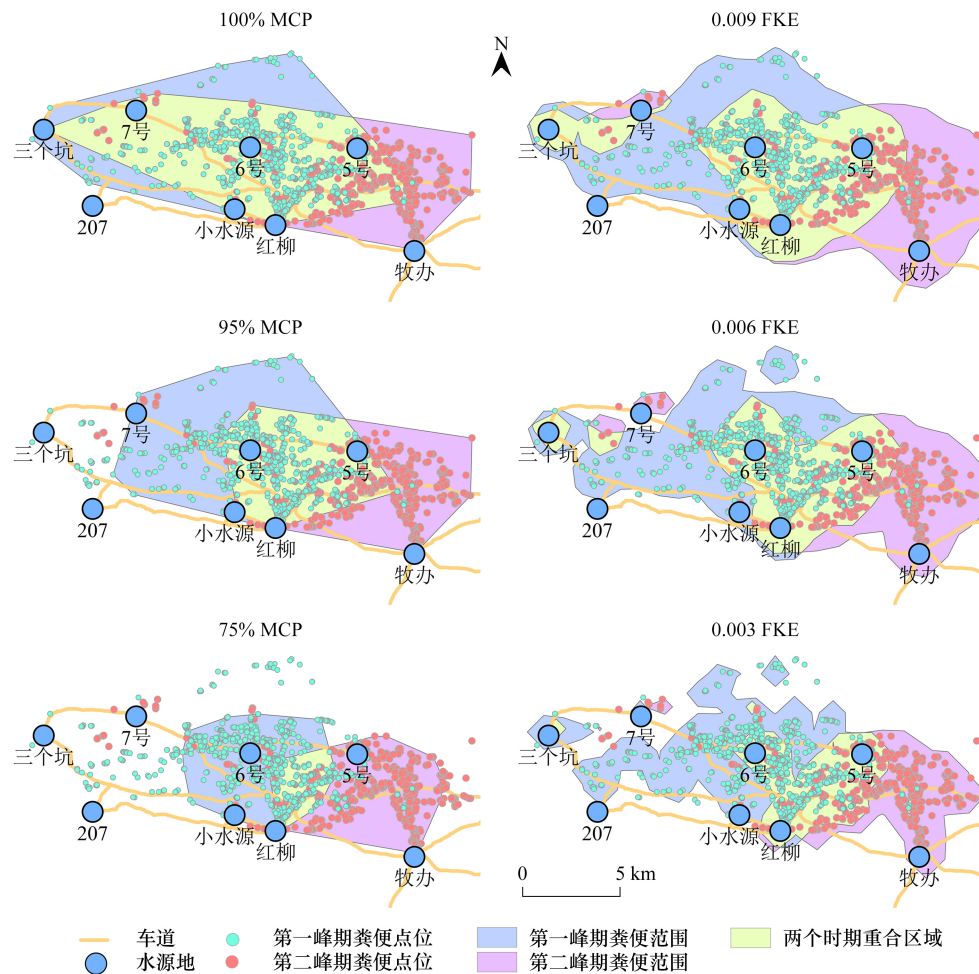


图3 最小凸多边形法和固定核域法分析两个峰期普氏野马粪便分布范围

Fig.3 Fecal distribution of Przewalski's horses in two peak periods by MCP and FKE

MCP:最小凸多边形法 Minimum Convex Polygon;FKE:固定核域法 Fixed Kernel Estimator

叠区域主要位于红柳、5号、6号水源地所围成的区域范围。

粪便距离水源地结果表明(图4),两个时期野马粪便在近水源地区域(≤ 100 m)保持较高比例分布,随着远离水源地,粪便密度有所下降,后又在1000—2000 m范围内上升并保持高粪便数量,在2500 m以上距离时逐渐减少。第一、第二峰期粪便距最近水源地的平均距离分别为(1446 ± 817) m、(2206 ± 1381) m。

2.3 胃蝇幼虫空间分布特征

胃蝇幼虫核密度图显示(图5),两个时期幼虫分布集中于水源地及附近区域。第一峰期幼虫主要分布于六号水源地北方1—2 km,以及红柳、5号水源地附近区域;而第二峰期幼虫则分布在红柳、6号、5号水源地所包围区域,以及牧办水源地以北区域。第一、第二峰期幼虫至最近水源地平均距离分别为:(1367 ± 831) m、(1756 ± 1297) m。

3 讨论

胃蝇幼虫随粪便离开宿主、进入环境就意味着新一轮感染期的开始^[17],而马科动物在胃蝇幼虫发生期的排粪行为会使草场成为疫源地。幼虫离开宿主后会在10 min内就近选择松软沙土或粪便下作为蛹期发育稳定场所,以及规避捕食者^[6],在经过一个月蛹期发育后,胃蝇会在粪便附近钻出蛹壳和羽化。马科动物粪便作为成熟幼虫化蛹基质平台^[16],其空间分布与胃蝇幼虫新一轮生活史息息相关,成为荒漠草原胃蝇新一轮重

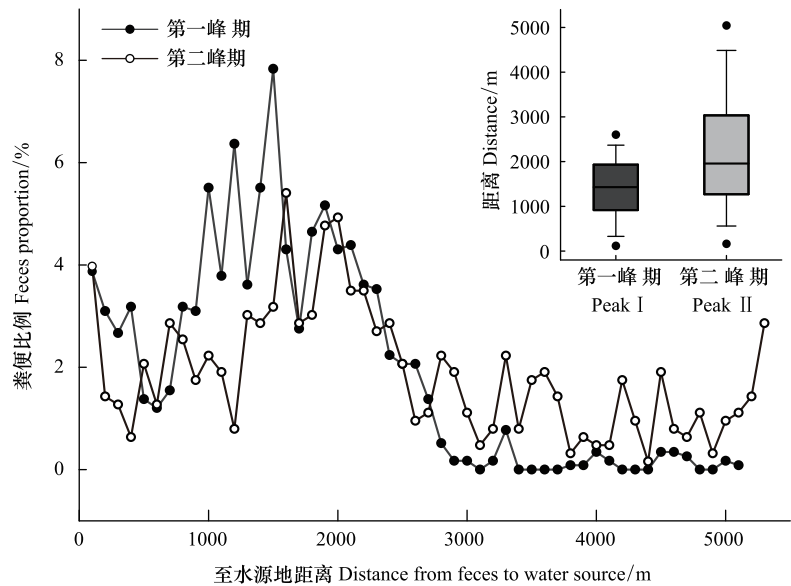


图 4 粪便至最近水源地距离

Fig.4 The distance from feces to the nearest water source

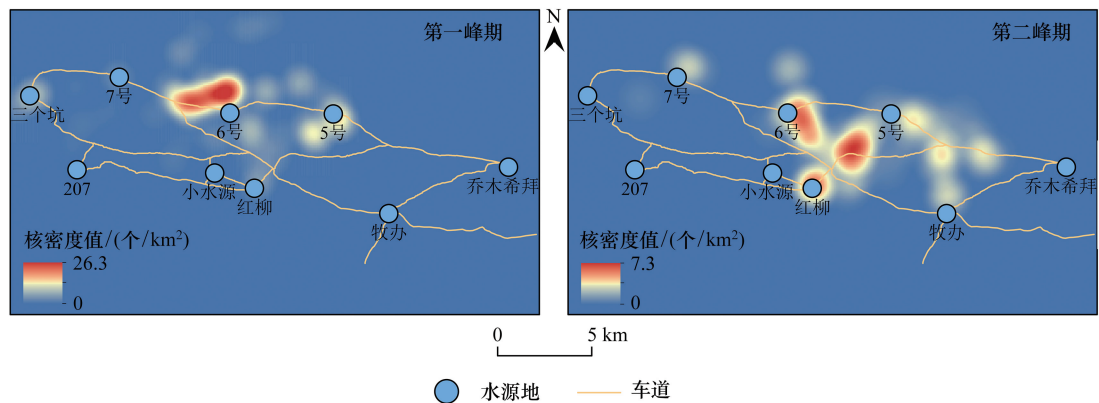


图 5 两个峰期幼虫核密度分布

Fig.5 Distribution of larvae kernel density estimation at two peak periods

要侵袭地点,宿主粪便所覆盖范围是草场的潜在污染区域。

MCP 是目前动物家域估算算法中应用最广泛的一种算法,但容易忽视偏远位点^[32];而 FKE 受极端点影响较少,能更为准确地计算出家域的面积,但带宽值的选择有一定争议^[33]。因此,本研究同时采取两种方法估算黑腹胃蝇幼虫种群两个高峰期粪便分布范围。结果表明,95% MCP、0.006 带宽下 95% FKE 均能较好拟合普氏野马粪便分布范围;并且 FKE 估算面积要稍大于 MCP,这与刘晓庆等^[25]研究藏狐家域时,相同百分比利用率下 FKE 估算面积要大于 MCP 的结果较为一致。

季节影响着动物活动范围^[34–35]。本研究发现第一峰期(春季)普氏野马新鲜粪便范围稍大于第二峰期(夏末)。王渊等^[36]也发现新疆卡山保护区放归普氏野马种群春季家域大于夏季;Lugauer^[37]在蒙古国也得到类似的结果。这与春季卡山保护区所处温度低于夏季、雨水条件更好、植物处于生长期及许多荒漠短命植物的出现等综合因素有关^[38–40],更适宜的生存条件使得普氏野马种群能探索更广阔的区域。而夏季高温导致野生动物需水量增加,使得普氏野马避免离开水源地过远,同时增加站休时间来调节身体水热平衡^[41]。

普氏野马在不同地形的粪便数量、比例反映了其活动时间分配和规律。陈金良等^[42]观察到普氏野马 44% 时间用于采食、31% 为站休、16% 为运动相关活动; Van Dierendonck 等^[43]在蒙古国呼斯坦诺鲁(Hustain Nuruu)保护区也观察到放归野马群体 50% 时间在进食。较多时间处于采食状态,意味着更多粪便被排在草场区域,这与本研究在草场区域监测到较多新鲜粪便结果一致;同时,草场也是胃蝇幼虫绝对数量最多的区域。普氏野马是单胃动物,小肠、大肠功能发达,这种消化系统决定了其“多吃快排”的特点^[44],食物在其消化道滞留时间短,这也是其一日中多次排粪的原因。即使处于炎热夏季,为获取足够的营养物质,也花费较长时间用于采食,只是采食时间避开了一天中最炎热的中午^[43,45]。

水源是限制荒漠动物生存的重要因子,同时也是野生动物聚集的重要区域^[16,46]。在所调查的八个水源地及其临近草场,黑腹胃蝇两个发生峰期的粪便分布范围均包含红柳、5 号、6 号 3 个水源地及其围成区域,面积为 25—35 km²,这也是该地区最严重的黑腹胃蝇潜在污染区域。放归野马在黑腹胃蝇发生峰期的活动分布是寄生虫潜在的疫源场所,而野马在黑腹胃蝇幼虫两个发生峰期的随机排粪行为导致幼虫分布点也同样具有随机性,这也导致了黑腹胃蝇幼虫分布在空间上也随之呈现季节差异。核密度分析结果表明两个峰期幼虫均集中于水源地及附近区域,其聚集核心点距离水源地不超过 2 km,而幼虫就近钻土化蛹、羽化后产卵于植物的生物学习性^[6],使得近水源地及毗邻草场成为黑腹胃蝇重点疫源区域。另外,驴道是野生马科动物通往水源地的固定小径,动物利用程度较高^[16],普氏野马在前往水源地过程中沿驴道排下大量粪便,这使得驴道场所,尤其靠近水源地的部分是疫源严重区域。Huang 等^[47]的调查结果也发现黑腹胃蝇卵聚集于水源地区域,并且在驴道区域,距水源点越近,蝇卵密度越大。虽然水源滋养了许多荒漠野生动物,但寄生虫在水源地的高密度聚集也使得水源地及临近草场成为动物再次被感染的重点疫源区域,这种情况可能也反应在其他类型寄生虫和荒漠动物宿主上。

4 结论

普氏野马在黑腹胃蝇幼虫高峰期的排粪行为会携带幼虫进入环境中、污染野马活动区域,它们既是蝇蛆病受害者,也是寄生虫传播者。这种污染现象会在一个月后的成虫高峰期具体体现,即发展为胃蝇疫源区域,对宿主形成极大的寄生胁迫效应。荒漠地区水源地及其附近区域是普氏野马的重要活动和聚集场所,也是黑腹胃蝇疫源重点区域,高密度蝇卵使得对水源有着极大需求的野生马科动物极易被侵染。尤其是黑腹胃蝇一年中存在的两次集中发生期,增加了宿主感染机率,加重了当地马科动物感染程度,这也是该地区普氏野马连续重度感染黑腹胃蝇的重要原因之一。放归普氏野马胃蝇生态防控工作应多关注于水源地及临近草场区域,避免马科动物粪便在水源地的过度堆积引起感染加剧。

参考文献(References):

- [1] Zumpt F. Myiasis in Man and Animals in the Old World. A Textbook for Physicians, Veterinarians and Zoologists. London: Butterworths, 1965.
- [2] Huang H Q, Zhang K, Zhang B R, Liu S H, Chu H J, Qi Y J, Zhang D, Li K. Analysis on the relationship between winter precipitation and the annual variation of horse stomach fly community in arid desert steppe, Northwest China (2007-2019). Integrative Zoology, 2022, 17(1): 128-138.
- [3] Pandey V S, Ouhelli H, Verhulst A. Epidemiological observations on *Gasterophilus intestinalis* and *G. nasalis* in donkeys from Morocco. Veterinary Parasitology, 1992, 41(3/4): 285-292.
- [4] Otranto D, Milillo P, Capelli G, Colwell D D. Species composition of *Gasterophilus* spp. (Diptera, Oestridae) causing equine gastric myiasis in southern Italy: parasite biodiversity and risks for extinction. Veterinary Parasitology, 2005, 133(1): 111-118.
- [5] Huang H Q, Zhang B R, Chu H J, Zhang D, Li K. *Gasterophilus* (Diptera, Gasterophilidae) infestation of equids in the Kalamaili Nature Reserve, China. Parasite, 2016, 23: 36.
- [6] Colwell D D, Scholl P J. The Oestrid Flies: Biology, Host-Parasite Relationships, Impact and Management. Wallingford, UK: CABI Pub, 2006.
- [7] Cogley T P, Cogley M C. Field observations of the host-parasite relationship associated with the common horse bot fly, *Gasterophilus intestinalis*. Veterinary Parasitology, 2000, 88(1/2): 93-105.

- [8] Pilo C, Altea A, Scala A. Gasterophilosis in horses in *Sardinia* (Italy): effect of meteorological variables on adult egg-laying activity and presence of larvae in the digestive tract, and update of species. *Parasitology Research*, 2015, 114(5): 1693-1702.
- [9] Weintraub J. Inducing mating and oviposition of the warble flies *Hypoderma bovis* (L.) and *H. Lineatum* (De Vill.) (Diptera: Oestridae) in captivity. *The Canadian Entomologist*, 1961, 93(2): 149-156.
- [10] Minúr J, Breev K A. Laboratory and field rearing of the warble fly *Hypoderma bovis* (De Geer) (Diptera, Hypodermatidae) in the research of its population ecology. *Folia Parasitologica*, 1982, 29(4): 351-360.
- [11] Liu S H, Hu D F, Li K. Oviposition site selection by *Gasterophilus pecorum* (Diptera: Gasterophilidae) in its habitat in Kalamaili Nature Reserve, Xinjiang, China. *Parasite*, 2015, 22: 34.
- [12] Zhou R, Zhang K, Zhang T G, Zhou T, Chu H J, Ge Y, Wang C, Li K. Identification of volatile components from oviposition and non-oviposition plants of *Gasterophilus pecorum* (Diptera: Gasterophilidae). *Scientific Reports*, 2020, 10: 15731.
- [13] Scheibe K M, Eichhorn K, Kalz B, Streich W J, Scheibe A. Water consumption and watering behavior of Przewalski horses (*Equus ferus przewalskii*) in a semireserve. *Zoo Biology*, 1998, 17(3): 181-192.
- [14] Saltz D, Rowen M, Rubenstein D I. The effect of space - use patterns of reintroduced Asiatic wild ass on effective population size. *Conservation Biology*, 2000, 14(6): 1852-1861.
- [15] Duncan P, Group I E S, Nature W F F. Zebras, Asses, and Horses: An Action Plan for the Conservation of Wild Equids. Gland: IUCN, 1992.
- [16] 黄河清, 初红军, 曹杰, 布兰, 胡德夫, 张东, 李凯. 干旱荒漠草原马胃蝇蛆病疫源地感染源分布——以卡拉麦里山有蹄类自然保护区为例. *林业科学*, 2017, 53(11): 142-149.
- [17] Zhang K, Huang H Q, Zhou R, Zhang B R, Wang C, Ente M K, Li B L, Zhang D, Li K. The impact of temperature on the life cycle of *Gasterophilus pecorum* in northwest China. *Parasites & Vectors*, 2021, 14(1): 129.
- [18] Zhang Y J, Cao Q, Rubenstein D I, Zang S, Songer M, Leingruber P, Chu H J, Cao J, Li K, Hu D F. Water use patterns of sympatric Przewalski's horse and khulan: interspecific comparison reveals niche differences. *PLoS One*, 2015, 10(7): e0132094.
- [19] Zang S, Cao Q, Keremu A, Liu S H, Zhang Y J, Hu D F. Food patch particularity and forging strategy of reintroduced Przewalski's horse in North Xinjiang, China. *Turkish Journal of Zoology*, 2017, 41: 924-930.
- [20] Li X Y, Chen Y O, Wang Q K, Li K, Pape T, Zhang D. Molecular and morphological characterization of third instar Palaearctic horse stomach bot fly larvae (Oestridae: Gasterophilinae, *Gasterophilus*). *Veterinary Parasitology*, 2018, 262: 56-74.
- [21] Calenge C. The package "adehabitat" for the R software: a tool for the analysis of space and habitat use by animals. *Ecological Modelling*, 2006, 197(3/4): 516-519.
- [22] Rodgers A R, Kie J G, Wright D, Beyer H L, Carr A P. HRT: Home Range Tools for ArcGIS. Version 2.0. Ontario: Ontario Ministry of Natural Resources and Forestry, Centre for Northern Forest Ecosystem Research, 2015. (2016-01-26) [2022-01-19]. <http://www.jennessent.com/arcgis/HRT/index.html>
- [23] Eddy W F. A new convex hull algorithm for planar sets. *ACM Transactions on Mathematical Software*, 1977, 3(4): 398-403.
- [24] Horne J S, Garton E O. Likelihood cross-validation versus least squares cross-validation for choosing the smoothing parameter in kernel home-range analysis. *Journal of Wildlife Management*, 2006, 70(3): 641-648.
- [25] 刘晓庆, 王小明, 王正寰, 刘群秀, 马波. 固定核空间法和最小凸多边形法估计藏狐家域的比较. *兽类学报*, 2010, 30(2): 163-170.
- [26] Worton B J. Using Monte Carlo simulation to evaluate kernel-based home range estimators. *The Journal of Wildlife Management*, 1995, 59(4): 794.
- [27] Foguekem D, Tchamba M, MacAllister M, Ngassam P, Loomis M. Application of Arcview Animal Movement Analysis Extension as a tool for monitoring elephant movement: preliminary results from northern Cameroon. *Pachyderm*, 2007.
- [28] 张晋东, Vanessa HULL, 欧阳志云. 家域研究进展. *生态学报*, 2013, 33(11): 3269-3279.
- [29] Ruda A, Kolejka J, Silwal A T. Spatial concentrations of wildlife attacks on humans in chitwan National Park, Nepal. *Animals*, 2020, 10(1): 153.
- [30] 朱战强, 张蕾, 翁时秀. 环城游憩带视角下的大都市游憩空间特征研究——以广州市为例. *中山大学学报: 自然科学版: 中英文*, 2022, 61(3): 83-92.
- [31] Robert J H. Geosphere: Spherical Trigonometry. R package version 1.5-14. (2021-10-13) [2022-01-10]. <https://cran.r-project.org/web/packages/geosphere/index.html>.
- [32] 官天培, 葛宝明, 谌利民, 游章强, 唐中海, 刘昊, 宋延龄. 四川羚牛的家域与忠诚度. *生态学报*, 2015, 35(6): 1862-1868.
- [33] Kie J G. A rule-based ad hoc method for selecting a bandwidth in kernel home-range analyses. *Animal Biotelemetry*, 2013, 1(1): 1-12.
- [34] Beier P, McCullough D R. Factors influencing white-tailed deer activity patterns and habitat use. *Wildlife Monographs*, 1990, 109: 3-51.
- [35] Zweifel-Schielly B, Kreuzer M, Ewald K C, Suter W. Habitat selection by an Alpine ungulate: the significance of forage characteristics varies with

- scale and season. *Ecography*, 2009, 32(1): 103-113.
- [36] 王渊, 初红军, 韩丽丽, 陶永善, 布兰, 刘钊, 蒋志刚. 野放普氏野马 (*Equus przewalskii*) 家域面积及其影响因素. *生态学报*, 2016, 36(2): 545-553.
- [37] Lugauer B. Differences of Movement Pattern Between Asiatic Wild Ass (*Equus hemionus*) and Przewalski's horse (*Equus ferus przewalskii*) [D]. Vienna: University of Vienna, 2010.
- [38] 张永军, 胡德夫, 季荣, 曹青, 初红军. 放归普氏野马粪便含水量及颗粒大小的季节变化及性别差异. *干旱区地理*, 2014, 37(2): 259-264.
- [39] 朱思雨, 刘善辉. 新疆卡拉麦里自然保护区野马放归区植物群落分类与排序. *林业资源管理*, 2019(3): 80-85.
- [40] 吴兵, 初雯雯, 吴洪潘, 任松柏, 贺雷, 葛炎, 布兰, 初红军. 卡拉麦里山有蹄类自然保护区水源野放普氏野马的活动节律: 基于红外相机监测数据. *动物学杂志*, 2017, 52(4): 545-554.
- [41] Kaczensky P, Sheehy D P, Johnson D E, Walzer C, Lkhagvasuren D, Sheehy C M. Room to Roam? The Threat to Khulan (Wild Ass) from Human Intrusion. Washington, D. C.: World Bank Group, 2006. [2022-01-28]. <http://documents.worldbank.org/curated/en/559701468060257075/Mongolia-Room-to-roam-the-threat-to-Khulan-wild-ass-from-human-intrusion>
- [42] 陈金良, 胡德夫, 李凯, 曹杰, 孟玉萍, 崔媛媛. 圈养和放归成年雌性普氏野马 (*Equus przewalskii*) 夏季昼间的摄食行为. *生态学报*, 2008, 28(3): 1104-1108.
- [43] Van Dierendonck M C, Bandi N, Batdorj D, Dügerlham S, Munkhtsog B. Behavioural observations of reintroduced Takhi or Przewalski horses (*Equus ferus przewalskii*) in Mongolia. *Applied Animal Behaviour Science*, 1996, 50(2): 95-114.
- [44] Li Y M, Zhang K, Liu Y, Li K, Hu D F, Wronski T. Community composition and diversity of intestinal microbiota in captive and reintroduced Przewalski's horse (*Equus ferus przewalskii*). *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1821.
- [45] King S R B. Home range and habitat use of free-ranging Przewalski horses at Hustai National Park, Mongolia. *Applied Animal Behaviour Science*, 2002, 78(2/3/4): 103-113.
- [46] Kaczensky P, Ganbaatar O, von Wehrden H, Walzer C. Resource selection by sympatric wild equids in the Mongolian Gobi. *Journal of Applied Ecology*, 2008, 45(6): 1762-1769.
- [47] Huang H Q, Zhang K, Shao C L, Wang C, Ente M K, Wang Z B, Zhang D, Li K. Spatial distribution of *Gasterophilus pecorum* (Diptera) eggs in the desert steppe of the Kalamaili Nature Reserve (Xinjiang, China). *BMC Ecology and Evolution*, 2021, 21(1): 169.