

四川石渠县牦牛源蜱感染斑点热群立克次体分子流行病学调查

刘城成¹, 唐天才¹, 塔 英², 林宝山², 袁东波³, 郭 莉³, 侯 巍³, 莫 茜³, 阳爱国³, 郝力力¹, 李 锐⁴

摘要:目的 了解四川省石渠县牦牛体表寄生蜱的种类及其斑点热群立克次体的感染情况。方法 采集牦牛体表的蜱,经形态学初步鉴定后,提取蜱总 DNA,PCR 扩增 16S rRNA 基因及斑点热群立克次体 *ompA*、*ompB* 基因,并对扩得阳性产物进行测序和构建进化树分析,从而确定蜱及其携带斑点热群立克次体的种类。结果 在石渠县 4 个乡镇共采集到蜱 818 只,其中西藏革蜱占 78.97% (646/818)、青海血蜱占 21.03% (172/818)。在 818 只蜱中有 408 只扩得斑点热群立克次体 *ompA*、*ompB* 基因,总阳性率为 49.8%。经对比分析,*ompA* 基因总共得到 4 条序列(uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1、*R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3 和 *R.raoultii*.shiqu4),*ompB* 基因也得到 4 条序列(uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1、*R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3 和 *R.raoultii*.shiqu4)。经遗传进化分析显示 *ompA* 基因的 uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 与我国青海未定种的 Uncultured *Rickettsia* sp.(MG228270) 亲缘关系最近;*ompB* 基因的 uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 与韩国未定种的 *Rickettsia* sp.(KC888953) 和 *Candidatus Rickettsia longicornii* (MG906675) 亲缘关系最近;*ompA* 和 *ompB* 基因的 *R.raoultii*.shiqu2-4 与对人有致病性的劳氏立克次体(*R.raoultii*) 的亲缘关系最近。结论 首次在牦牛体表寄生的西藏革蜱中检出劳氏立克次体。石渠县存在西藏革蜱和青海血蜱,蜱传劳氏立克次体感染率较高并且具有感染人的风险。

关键词:斑点热群立克次体;牦牛;蜱;分子流行病学;石渠县

中图分类号:R384.4;S855.9⁺9

文献标识码:A

文章编号:1002-2694(2020)01-0050-06

Molecular detection of spotted fever group rickettsiae-infected ticks collected from yaks in Shiqu County of Sichuan Province, China

LIU Cheng-cheng¹, TANG Tian-cai¹, TA Ying², LIN Bao-shan², YUAN Dong-bo³, GUO Li³, HOU Wei³, MO Xi³, YANG Ai-guo³, HAO Li-li¹, LI Rui⁴

(1. College of Life Science & Technology, Southwest Minzu University, Chengdu 610041, China;

2. Center for Animal Disease Control and Prevention in Abazhou, Maerkang 624000, China;

3. Center for Animal Disease Control and Prevention in Sichuan Province, Chengdu 610041, China;

4. Institute of Quality and Standard for Agro-products, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China)

Abstract: In order to investigate tick species and the percentage of spotted fever group rickettsiae positive in ticks collected from yaks in Shiqu County, Sichuan Province, the ticks were first classified by morphological identification. The total DNA of

ticks was extracted and partial sequences of 16S rRNA of ticks, *ompA* and *ompB* gene of SFG rickettsia were amplified by PCR, respectively. The positive products were sequenced and compared through the NCBI database and phylogenetic trees were constructed based on 16S rRNA, *ompA* and *ompB* for determination of ticks species and spotted fever group rickettsia, respectively. A total of 818 ticks were collected from 4 villages in Shiqu County and only *Dermacentor everestianus* (78.97%, 646/818) and *Haemphysalis qinghaiensis* (21.03%, 172/818) were found. The total infection rate of SFG rickettsia in ticks was 49.8%. Four se-

西南民族大学研究生创新项目(No.CX2019SZ127)

通讯作者:郝力力,Email:leelee_hao@126.com;

ORCID: 0000-0002-9243-1910

李 锐,Email:microvet@163.com;

ORCID: 0000-0003-3739-3066

作者单位:1.西南民族大学/生命科学与技术学院,成都 610041;

2.阿坝州动物疫病预防控制中心,马尔康 62400;

3.四川省动物疫病预防控制中心,成都 610041;

4.浙江省农业科学院农产品质量标准研究所,杭州 310021

quences of *ompA* (Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1, *R.raoultii*.shiqu2, *R.raoultii*.shiqu3 and *R.raoultii*.shiqu4) and four sequences of *ompB* (Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1, *R.raoultii*.shiqu2, *R.raoultii*.shiqu3 and *R.raoultii*.shiqu4) were obtained. Phylogenetic analysis showed that: for *ompA*, uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 had the closest relationship with the uncultured *Rickettsia* sp.(MG228270) isolated from Qinghai; for *ompB*, uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 had the closest relationship with the uncultured *Rickettsia* sp.(KC888953) and *Candidatus Rickettsia longicornii*(MG906675) isolated from Korea. *R.raoultii*.shiqu2-4 for *ompA* and *ompB* gene had the closest relationship with the human pathogenic *R.raoultii*. In this study, *R.raoultii* was first detected in *D.everestianus* from yaks. At present, only *D.everestianus* and *H.qinghaiensis* were found in Shiqu with high infection rate of *R.raoultii* and there exists a high risk of human infection.

Keywords: spotted fever group rickettsiae; yak; ticks; molecular detection; Shiqu County

Supported by the Graduate Students Innovation Program of Southwest Minzu University(No.CX2019SZ127)

Corresponding authors: Hao Li-li, Email: leelee_hao@126.com; Li Rui, Email: microvet@163.com

斑点热群立克次体 (spotted fever group rickettsia, SFGR) 属于立克次体目(Rickettsiales)、立克次体科(Rickettsiaceae)、立克次体属(*Rickettsia*), 是一类专性细胞内寄生的革兰氏阴性原核微生物, 多数为人兽共患病病原体, 其引起的立克次体病在世界各地均有发生。人感染立克次体的病例在欧洲^[1]、美洲^[2]、澳洲^[3]等国家均有报道, 在我国的新疆^[4]、黑龙江^[5]、河南^[6]等地区也从人体内分离到了具有致病性的立克次体。四川省石渠县(35°58′ 50.77″N, 98°06′ 10.58″E)是隶属于四川省甘孜州的纯牧业县, 位于青藏高原东南缘, 境内平均海拔 4 200 m, 辖区面积 25 191 km²。牦牛是当地主要的家畜, 由于经济发展相对滞后以及传统生活方式等因素影响, 养殖方式粗放, 驱虫意识淡薄, 牦牛体表蜱虫寄生严重。由于当地牧民在放牧过程中与牦牛接触频繁, 增加了感染相关蜱传病的风险。目前对该地区蜱种类以及斑点热群立克次体流行状况的研究均为空白。因此, 本研究以牦牛体表寄生蜱为研究对象开展调查, 以期掌握当地蜱的种类及其斑点热群立克次体感染的情况, 为该地区蜱传病的防控提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 蜱采集 于 2018 年 3—8 月从石渠县麻甲乡、德荣玛乡、阿日扎乡及长须干玛乡的牦牛体表采集蜱, 装入收集管, 塞入潮湿脱脂棉, 放入 75% 酒精溶液中, 并置于 4 °C 冰箱保存待检。

1.1.2 主要试剂 组织基因组 DNA 提取试剂盒(TIANamp Genomic DNA Kit)、Trans 2K Plus DNA maker、2x EasyTaq PCR SuperMix(北京全式金公司)、1xTAE 溶液、琼脂糖、引物合成、测序均由生工生物工程技术有限公司(成都公司)完成。

1.1.3 主要器材 电泳仪电源(DYY-6C 型)购于北京六一仪器厂, Leica S9D 体式显微镜购于中辉徕博(北京)仪器有限公司, 台式高速离心机(eppendorf 5402 型) 购于南京学静生物科技有限公司, Bio-Rad 伯乐梯度 PCR 扩增仪(PTC240 型)购于南京学静生物科技有限公司。

1.2 方法

1.2.1 蜱形态分类 根据《中国经济昆虫志》^[7], 采用体式显微镜对蜱初步进行形态学鉴定, 鉴定后选取每个地点不同种类蜱的 20% 进行分子生物学鉴定, 最终确定种类。

1.2.2 DNA 提取 取出用 75% 酒精保存的样品, 无菌水洗涤晾干后延纵向中轴线切割, 分别装入 EP 管, 半只于 -80 °C 冰箱冻存, 另外半只于玻璃研磨器中研碎。采用 EasyPure Genomic DNA Kit 按照说明书提取 DNA, 于 -20 °C 保存备用。

1.2.3 PCR 检测 蜱及斑点热群立克次体的分子鉴定分别采用郭丽萍^[8]和 Oteo、Fernández de Mera^[9-10]建立的方法, 引物见表 1。两种引物扩增均采用 25 μL 的反应体系, 2x EasyTag PCR Super-Mix 12.5 μL、上下游引物各 1 μL(10 μmol/L)、模板 1 μL、ddH₂O 9.5 μL 混匀。设阳性对照(*Rickettsia slovaca* DNA 由本实验室保存)和阴性对照(去离子水)。蜱 16S rRNA 基因扩增程序为: 94 °C 预变性 4 min; 94 °C 变性 15 s, 55 °C 退火 35 s, 72 °C 延伸 30 s, 40 个循环; 72 °C 延伸 8 min; 16 °C 保温; 立克次体 *ompA* 基因扩增程序为: 94 °C 预变性 4 min; 94 °C 变性 15 s, 55 °C 退火 35 s, 72 °C 延伸 35 s, 40 个循环; 72 °C 延伸 8 min; 16 °C 保温; 立克次体 *ompB* 基因扩增程序为: 94 °C 预变性 4 min; 94 °C 变性 15 s, 55 °C 退火 35 s, 72 °C 延伸 40 s, 40 个循环; 72 °C 延伸 8 min; 16 °C 保温。取 2 μL PCR 扩增产物于 1.2% 琼脂糖凝胶中 100 V 电泳 30 min, 凝胶

成像仪中观察结果。

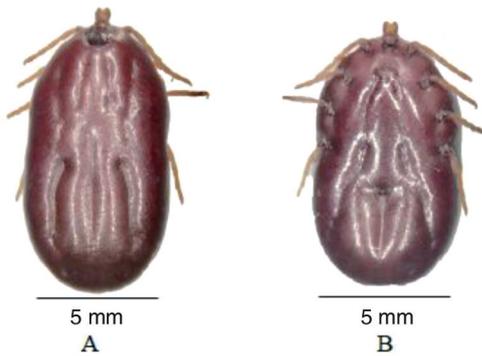
表 1 PCR 引物
Tab.1 PCR primers

鉴定物种	引物序列(5'-3')	靶基因	产物大小 /bp	参考文献
蜱 Tick	16S+1:CTGCTCAATGATTTTTTAAATTGCGG	16S rRNA	460	[10]
	16S-1:CCGGTCTGACAGATCAAGT			
立克次体	Rr190.70p:ATGGCGAATATTTCTCCAAAA	<i>ompA</i>	530	[11]
<i>Rickettsia</i> spp	Rr190.602n:AGTGCAGCATTCGCTCCCCCT	<i>ompB</i>	618	[12]
	<i>ompB</i> -F:GGGTGCTGCTACACAGCAGAA			
	<i>ompB</i> -R:CCGTCACCGATATTAATTGCC			

1.2.4 序列分析及统计分析 阳性样品送生工测序,所得序列用 DNA Star 软件进行拼接分析,在 NCBI 中 blast 进行比对,再应用 MEGA6.0 软件以 Neighbor-Joining 法(bootstrap 值 1000)构建系统进化树,并用 SPSS 软件中 pearson 卡方检验对数据进行统计学分析。 $P < 0.05$ 差异具有统计学意义。

2 结果

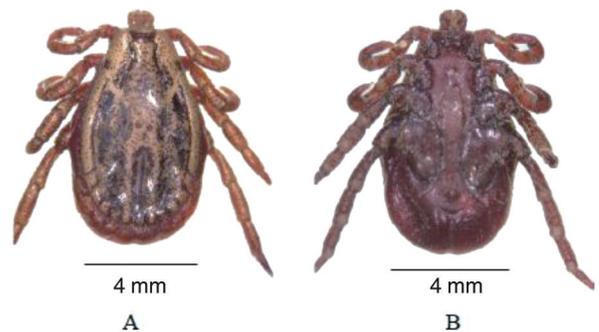
2.1 蜱采集数量及形态鉴定 在石渠县 4 个乡共采集到蜱 818 只,分别是长须干玛乡 234 只,麻甲乡 224 只、德荣玛乡 192 只及阿日扎乡 168 只,经鉴定,青海血蜱 172 只,西藏革蜱 646 只,形态特征分别如图 1、图 2 所示。



A 为青海血蜱背面;B 为青海血蜱腹面

图 1 青海血蜱形态特征

Fig.1 Morphological characteristics of *Haemaphysalis qinghaiensis*



A 为西藏革蜱背面;B 为西藏革蜱腹面

图 2 西藏革蜱形态特征

Fig.2 Morphological characteristics of *Dermacentor everestianus*

2.2 蜱 16S rRNA 基因扩增与遗传进化分析 以提取的蜱组织 DNA 为模板,扩增蜱 16S rRNA 基因片段,均出现目的条带,部分样本片段大小约 430 bp,与预期相符。蜱 16S rRNA 基因序列经拼接、比对后共得 7 条,其中 4 条属于西藏革蜱,3 条属于青海血蜱,分别命名为 *D. everestianus*. shiqu1-4、*H. qinghaiensis*. shiqu1-3。选取 BLAST 比对后源性最高的序列 1-2 条以确定种,即青海血蜱和西藏革蜱,再选取不同地点分离到的青海血蜱和西藏革

蜱的 16S rRNA 序列,最后选取部分不同种类的血蜱和革蜱的 16S rRNA 序列等作为参考序列,构建进化树。如图 3 所示,4 个革蜱分离株与西藏的西藏革蜱(KJ599809、KJ599803)亲缘关系最近,同源性达 98.83%~98.89%。血蜱分离株则与甘肃临洮(MF629859)、甘肃永靖(MF629848)同源性最高,达 99.08%~99.31%;与青海湟源(MF629882)同源性达 98.33%~98.83%。

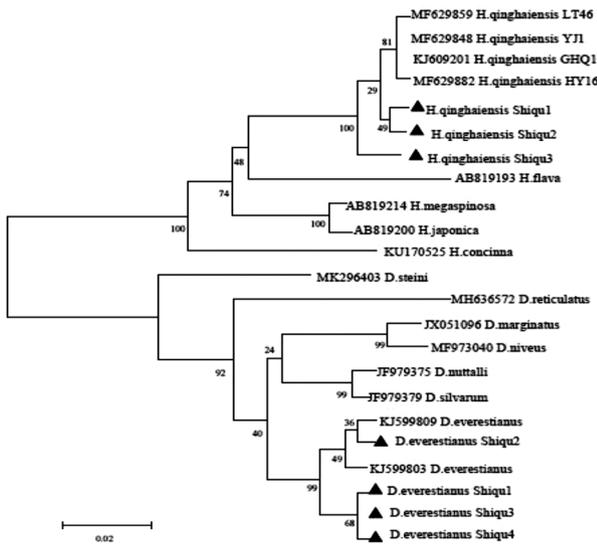
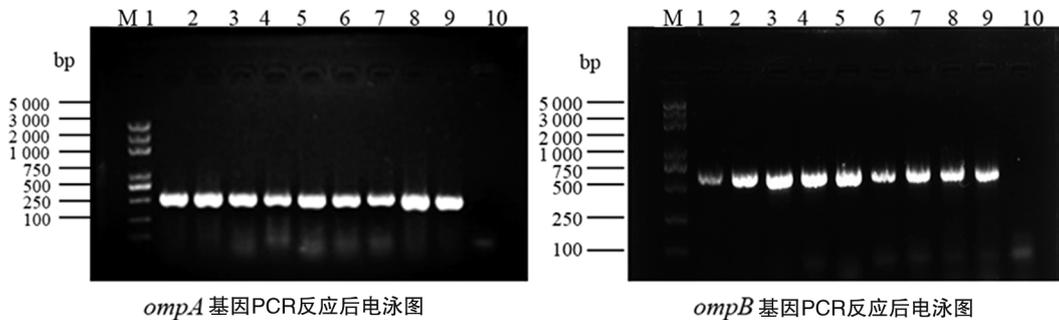


图 3 基于 16S rRNA 基因蜱种系统进化树分析

Fig.3 Phylogenetic analysis of ticks based on 16S rRNA gene

2.3 立克次体 *ompA*、*ompB* 基因 PCR 扩增 以提取的蜱组织 DNA 为模板,扩增立克次体 *ompA*、*ompB* 基因片段,长须干玛乡部分样本电泳如图 4 所示,*ompA* 基因片段大小约 530 bp,*ompB* 基因片段大小约 618 bp,与预期相符。

2.4 立克次体 PCR 检测结果 立克次体检测结果如表 2 所示,在 818 只蜱中,有 408 只蜱检测到斑点热群立克次体,感染率为 49.8% (408/818),选择 100 个阳性样本进行测序并比对,其中未定种的立克次体约 5%,劳氏立克次体约 95%。在 4 个调查点中,德荣玛乡感染率最高,达 58.3%,其余依次是麻甲 53.5%、长须干玛 44.4%及阿日扎乡 42.8%。德荣玛乡蜱斑点热群立克次体感染率高于其他 3 个调查点($\chi^2 = 7.175, P < 0.05$)。在麻甲乡青海血蜱斑点热群立克次体的感染率高于西藏革蜱($\chi^2 = 6.216, P < 0.05$)。



ompA 基因PCR反应后电泳图

ompB 基因PCR反应后电泳图

M:DL 5000 marker;1:阳性对照;2-9:蜱样本;10:阴性对照

图 4 长须干玛乡部份样本 *ompA*、*ompB* 基因 PCR 反应后电泳图

Fig.4 PCR products of *ompA* and *ompB* gene of some samples in Changxuganma Village

表 2 石渠县蜱立克次体 PCR 检测结果统计

Tab.2 Detection results of ticks-borne *Rickettsia* in Shiqu County

调查点	样本数			阳性数			感染率		
	青海血蜱	西藏革蜱	合计	青海血蜱	西藏革蜱	合计	青海血蜱(%)	西藏革蜱(%)	合计(%)
阿日扎	0	168	168	0	72	72	0.00	42.8	42.8
麻甲	172	52	224	100	20	120	58.1	38.4	53.5*
德荣玛	0	192	192	0	112	112	0.00	58.3	58.3
长须干玛	0	234	234	0	104	104	0.00	44.4	44.4
合计	172	646	818	100	308	408	58.1*	47.6	49.8

* $P < 0.05$ 。

2.5 立克次体 *ompA*、*ompB* 基因遗传进化分析 将立克次体 *ompA* 基因序列拼接、比对后共得 4 条序列(约 530 bp),分别命名为 Uncultured *Rickettsia* sp. shiqu1、*R. raoultii*. shiqu2-4, 其中 Uncultured

Rickettsia sp. shiqu1 与 *R. raoultii*. shiqu2、*R. raoultii*. shiqu3、*R. raoultii*. shiqu4 有 31 个碱基的差异;*R. raoultii*. shiqu2 与 *R. raoultii*. shiqu3、*R. raoultii*. shiqu4 仅有 1 个碱基差异;*R. raoultii*. shiqu3

与 *R.raoultii*.shiqu4 仅有 1 个碱基差异。将其与 GenBank 中已有劳氏立克次体 *ompA* 基因进行同源性比较并且选取不同种类立克次体的 *ompA* 基因序列构建系统进化树,对种系亲缘关系进行分析。如图 5 所示,其中 Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 与我国青海未定种的 uncultured *Rickettsia* sp.(MG228270)同源性达 100%,与分离自韩国的长角立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii* (MG906676)同源性为 98.21%,两者有 9 个碱基差异;*R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3、*R.raoultii*.shiqu4 与分离自意大利的 *Rickettsia routlii* z164(MH532249)、分离自我国北京的 IM16 株 (KY474554)和分离自我国黑龙江 *Rickettsia routlii* (JX885458)聚于同一分支,同源性为 98.80%~99.39%;其中 *R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu4 与我国西藏分离到的 *Rickettsia routlii* LYG32 (JQ792137)同源性分别为 99.6%、99.8%,*R.raoultii*.shiqu3 与其同源性达 100%;*R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3 与 *Rickettsia routlii* WYG68(JQ792162)同源性为 99.80%,*R.raoultii*.shiqu4 与其同源性达 100%。

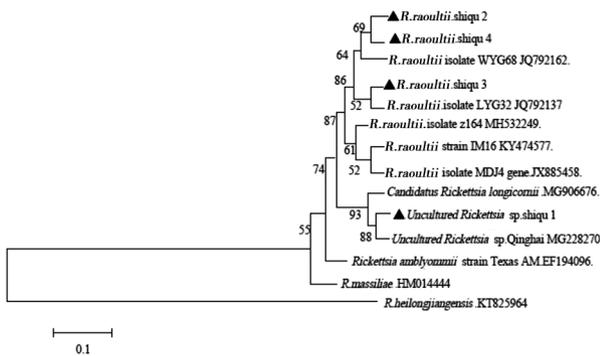


图 5 基于 *ompA* 基因立克次体系统进化树分析

Fig.5 Phylogenetic tree of *Rickettsia* based on the *ompA* gene

将立克次体 *ompB* 基因序列拼接、比对后共得 4 条序列 (约 618 bp), 分别命名为 Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1、*R.raoultii*.shiqu2-4, 其中 Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 与 *R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3、*R.raoultii*.shiqu4 存在 32 个碱基差异;*R.raoultii*.shiqu2 与 *R.raoultii*.shiqu3、*R.raoultii*.shiqu4 仅有 1 个碱基差异;*R.raoultii*.shiqu3、*R.raoultii*.shiqu4 仅有一个碱基差异, 将其与 GenBank 中已有劳氏立克次体 *ompB* 基因进行同源性比较并且选取不同种类立克次体的 *ompB*

基因序列构建系统进化树,对种系亲缘关系进行分析。如图 6 所示,其中 Uncultured *Rickettsia* sp.shiqu1 与韩国分离到未定种的 *Rickettsia* sp.(KC888953)和 *Candidatus Rickettsia longicornii* (MG906675)同源性达 100%;*R.raoultii*.shiqu2、*R.raoultii*.shiqu3、*R.raoultii*.shiqu4 与在俄国分离到的哈巴洛夫斯克株 *Rickettsia raoultii* strain Khabarovsk (DQ365798)同源性分别为 99.47%、99.31%、99.48%;与分离自意大利的 *Rickettsia raoultii* z164(MH532272)同源性分别为 99.30%、99.13%、99.31%。

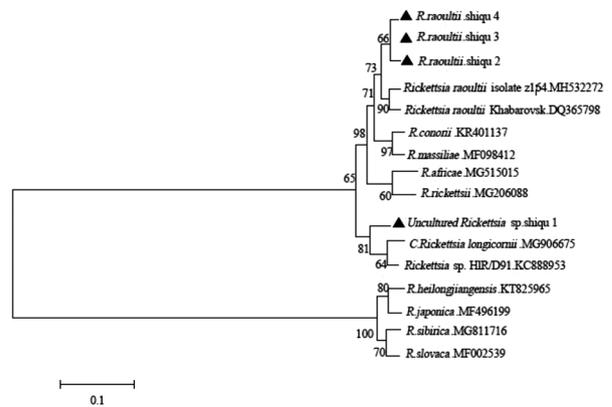


图 6 基于 *ompB* 基因立克次体系统进化树分析

Fig.6 Phylogenetic tree of *Rickettsia* based on the *ompB* gene

3 讨论

本次调查中 4 个乡均采集到西藏革蜱,而青海血蜱只在麻甲乡采集到。每种蜱都有特定的生存环境,西藏革蜱主要生存于我国西藏和尼泊尔海拔 3 500~4 500 m 以上的高山荒漠地区,青海血蜱主要生存于我国青海海拔 2 000~4 200 m 的草丛灌木^[7]。就海拔和地理位置而言,阿日扎、长须干玛及德荣玛位于雅砻江流域亚寒带纯牧区,海拔在 4 300~4 600 m;麻甲乡位于金沙江河谷寒温带半农牧区,海拔为 3 799 m,两区的海拔高度存在明显的差异,这很可能是只在麻甲乡发现青海血蜱的主要原因。

在斑点热群立克次体的鉴定中,依据 Fournie^[11]建立的判定标准,*ompA* 基因是斑点热群立克次体的特异性蛋白基因,如检出了 *ompA* 基因则可以判定为斑点热群立克次体,如没有,则判定斑点热群立克次体必须符合下列 4 项标准的中的两项:与 16S rRNA 同源性>98.8%、*gltA* 同源性>92.7%、*ompB* 同源性>85.8%、*geneD* 同源性>82.2%。这是本研究以 *ompA* 及 *ompB* 基因作为靶基因检测

斑点热群立克次体的依据。检测结果表明该地区蜱中斑点热群立克次体的感染率为 49.8%。值得注意的是,在麻甲乡采集到青海血蜱的数量明显多于西藏革蜱,并且青海血蜱劳氏立克次体的感染率(58.1%)显著高于西藏革蜱(38.4%)。

在本研究中,阳性样本中劳氏立克次体占比高,劳氏立克次体于 1999 年首次分离自革蜱和扇头蜱,根据基因库中的信息,目前至少在 19 种蜱中检测到劳氏立克次体,包括草原革蜱、短小扇头蜱、嗜群血蜱、全沟硬蜱、钝眼螺旋蜱和亚洲璃眼蜱等革蜱属的蜱更多见携带劳氏立克次体^[12],但目前尚无关于西藏革蜱感染劳氏立克次体的数据。本课题首次在西藏革蜱中检出了劳氏立克次体 DNA,并且有很高的检测阳性率。携带劳氏立克次体的血蜱主要有长角血蜱、短垫血蜱、草原血蜱^[13]。在本次调查中,青海血蜱的劳氏立克次体感染率为 58.1% 远远高于高悦等^[14]的检出率(14.9%(11/74))。此次调查的阳性样本中有 5.0% 为未定种立克次体 *Uncultured Rickettsia* sp. shiqu 1,后期我们将应用诸如多位点序列分型(Multilocus sequence typing, MLST)等方法在种的水平上进一步鉴定。

2015—2016 年,内蒙古、河南、山东省报道有 26 人感染劳氏立克次体^[15],从其中 2 例患者的血液中检测到并分离到劳氏立克次体哈巴洛夫斯克株 *R. raoultii* strain Khabarovsk,该致病株与本次在石渠县牦牛体表寄生蜱中检测到的劳氏立克次体具有很高的同源性。因此,在石渠县西藏革蜱和青海血蜱劳氏立克次体高感染率的情况下,是否当地居民对其也具有一定的感染率有必要开展进一步的调查。

综上所述,本次实验首次对石渠县牦牛体表寄生的蜱虫种类及斑点热群立克次体流行情况进行调查,结果表明该地区青海血蜱和西藏革蜱是当地传播劳氏立克次体的重要媒介,并且首次鉴定出西藏革蜱也是携带劳氏立克次体的蜱种之一。石渠县蜱立克次体较高的感染率极大增加了人感染的风险,后期应进一步加强对蜱虫的控制及劳氏立克次体流行情况的监测。

利益冲突:无

引用本文格式:刘城成,唐天才,塔英,等. 四川石渠县牦牛源蜱感染斑点热群立克次体分子流行病学调查[J]. 中国人兽共患病学报,2020,36(1):50-55. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2019.00.183

参考文献:

- [1] Angelakis E, Richet H, Raoult D. *Rickettsia sibirica* mongolitimona infection, France, 2010-2014 [J]. Emerg Infect Dis, 2016, 22(5): 880-882. DOI:10.3201/eid2205.141989
- [2] Zavala-Castro J, Jorge Zavala-Velázquez, Walker D, et al. Severe human infection with *Rickettsia felis* associated with hepatitis in Yucatan, Mexico[J]. Int J Med Microbiol, 2009, 299(7): 0-533. DOI:10.1016/j.ijmm.2009.03.002
- [3] Graves S R, John S. Tick-borne infectious diseases in Australia [J]. Med J Australia Med, 2017, 206(7): 320-324. DOI:10.5694/mja17.00090
- [4] 谢松松,王远志,鲁晓攀,等. 蜱传劳氏立克次体感染致脑膜炎 1 例[J]. 中国感染与化疗杂志, 2018,18(4):431-433. DOI:10.16718/j.1009-7708.2018.04.017
- [5] 吴益民,张志强,王昊. 东北地区几种重要的人兽共患立克次体病[J]. 沈阳部队医药, 2010,11(3): 206-208.
- [6] Li H, Cui X M, Cui N, et al. Human infection with novel spotted fever group *Rickettsia* genotype, China, 2015[J]. Emerg Infect Dis, 2016, 22(12): 2153-2156. DOI: 10.3201/eid2212.160962
- [7] 邓国藩,姜在阶. 中国经济昆虫志.硬蜱科[M]. 北京: 科学出版社, 1991.
- [8] 郭利萍. 新疆边境地区蜱种、蜱传立克次体分布规律及分子特征研究[D].石河子: 石河子大学, 2017.
- [9] Oteo J A, Portillo A, Santibñez S, et al. Cluster of cases of human *Rickettsia felis* infection from Southern Europe (Spain) diagnosed by PCR[J]. J Clin Microbiol, 2006, 44(7): 2669-2671. DOI:10.1128/JCM.00366-06
- [10] Mera I G F D, Ruizfons F, Fuente G D L, et al. Spotted fever group rickettsiae in questing ticks, central Spain[J]. Emerg Infect Dis, 2013, 19(7): 1163-1165. DOI: 10.3201/eid1907.130005
- [11] Fournier P E, Dumler J S, Greub G, et al. Gene sequence-based criteria for identification of New *Rickettsia* isolates and description of *Rickettsia heilongjiangensis* sp. nov[J]. J Clin Microbiol, 2003, 41(12): 5456-5465. DOI:10.1128/JCM.41.12.5456-5465.2003
- [12] Mediannikov O, Matsumoto K, Samoylenko I, et al. *Rickettsia raoultii* sp. nov. a spotted fever group rickettsia associated with *Dermacentor* ticks in Europe and Russia[J]. Int J Syst Evol Micr, 2008, 58(7): 1635-1639. DOI: 10.1099/ijs.0.64952-0
- [13] Guo LP, Mu LM, Xu J, et al. *Rickettsia raoultii* in *Haemaphysalis erinacei* from marbled polecats, China-Kazakhstan border[J]. Parasite Vector, 2015, 8(1): 461.
- [14] 高悦. 青海省蜱种分布及 3 种蜱传细菌、原虫流行病学本底调查[D].长春:吉林农业大学,2018.
- [15] Jia N, Zheng YC, Ma L, et al. Human infections with *Rickettsia raoultii*, China[J]. Emerg Infect Dis, 2014, 20(5): 866-868. DOI:10.3201/eid2005.130995

收稿日期:2019-04-24 编辑:王晓欢