

图们江流域边境地区蜱携带斑点热群立克次体调查研究

李基旭¹ Jong-Yul Roh² Won-Il Park² 朴文³ 金光俊⁴ 吴仲镐⁵ 宋振海⁵
全圣焕⁶ 朴光明⁷ 宋浩⁷ Shin-Hyeong Cho²

¹延边朝鲜族自治州疾病预防控制中心病媒科, 延吉 133001; ²韩国疾病预防控制中心媒介分析科, 清州 363951; ³珲春市疾病预防控制中心 133300; ⁴珲春市疾病预防控制中心卫生监测科 133300; ⁵图们市疾病预防控制中心病媒科 133100; ⁶和龙市疾病预防控制中心传染病科 133500; ⁷龙井市疾病预防控制中心病媒科 133400

通信作者: Shin-Hyeong Cho, Email: cho4u@korea.kr; 电话: 82-43-719-8520

【摘要】 目的 了解吉林省延边朝鲜族自治州(延边州)图们江流域边境地区游离蜱携带斑点热群立克次体(SFGR)情况及基因型分布。方法 2017年4—9月,在延边州图们江流域边境地区的珲春、图们、和龙、龙井市用布旗法采集游离蜱进行分类鉴定;采用PCR方法检测蜱体内SFGR *ompA* 基因,通过基因测序鉴定其种类,并进行系统进化分析。计算采用SFGR的组阳性率和最低感染率(MIR),比较不同特征蜱虫间组阳性率的差异。结果 本研究共采集蜱虫3 079只,共分成536个组,SFGR核酸组阳性率为39.7%(213组),MIR为6.9%。森林革蜱、嗜群血蜱、日本血蜱、长角血蜱、全沟硬蜱SFGR核酸组阳性率分别为80.4%(41/51)、14.0%(25/179)、20.2%(18/89)、78.9%(101/128)和25.9%(21/81)($P<0.001$);MIR分别为19.4%、3.0%、3.4%、10.8%和5.9%。雌性成虫、雄性成虫、若虫和幼虫SFGR核酸组阳性率分别为36.4%(95/261)、34.2%(67/196)、56.3%(40/71)和7/8($P<0.001$);而MIR分别为7.9%、7.7%、4.9%和3.5%。共鉴定5种SFGR基因型,分别为立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii*、拉欧蒂立克次体、黑龙江立克次体、新塔拉塞维奇立克次体和立克次体 *Rickettsia monacensis*,其同源性均达到了98%~100%。*Candidatus Rickettsia longicornii*、拉欧蒂立克次体、黑龙江立克次体、新塔拉塞维奇立克次体与已知种进化关系较近;*Rickettsia monacensis* 进化关系较远。结论 图们江流域边境地区蜱类SFGR感染普遍,存在常见蜱种感染SFGR基因型多样性和携带SFGR蜱虫种类多样性。

【关键词】 蜱; 立克次体感染; 序列分析; 斑点热群立克次体; 聚合酶链式反应

基金项目: 韩国疾病预防控制中心热带病与媒介传染病国际检测体系援助项目

DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2019.11.011

Investigation and research on ticks carrying spotted fever group rickettsia in the border area of Tumen River Basin

Li Jixu¹, Jong-Yul Roh², Won-Il Park², Piao Wen³, Jin Guangjun⁴, Wu Zhonggao⁵, Song Zhenhai⁵, Quan Shenghuan⁶, Piao Guangming⁷, Song Hao⁷, Shin-Hyeong Cho²

¹Division of Vector Control, Yanbian Center for Disease Control and Prevention Yanji 133001, China; ²Division of Vectors and Parasitic Diseases, Korea Center for Disease Control and Prevention, Cheongju 363951, Korea; ³Hunchun Center for Disease Control and Prevention, Hunchun 133300, China; ⁴Division of Health surveillance, Hunchun Center for Disease Control and Prevention, Hunchun 133300, China; ⁵Division of Vector Control, Tumen Center for Disease Control and Prevention, Tumen 133100, China; ⁶Division of Infectious Disease Control, Helong Center for Disease Control and Prevention, Helong 133500, China; ⁷Division of Vector Control, Longjing Center for Disease Control and Prevention, Longjing 133400, China

Corresponding author: SHIN-Hyeong Cho, Email: cho4u@korea.kr, Tel: 82-43-719-8520

【Abstract】 Objective To understand the situation and genotype distribution of spotted fever group rickettsia (SFGR) in the border area of Tumen River Basin in free ticks in Yanbian Korean

Autonomous Prefecture (Yanbian Prefecture), Jilin Province. **Methods** From April to September, 2017, ticks were collected using flagging method from Hunchun, Tumen, Helong and Longjing cities in the Tumen River basin of Yanbian Prefecture. *Outer membrane protein A (ompA)* was detected by Polymerase Chain Reaction (PCR), then, the species were identified by gene sequencing and analyzed systematically. The positive rate of pools and MIR (minimum infection rate per 100 ticks, MIR) of SFGR were calculated, and the difference of positive rate of pools among ticks with different characteristics was compared by Chi-square test. **Results** A total of 3 079 ticks were collected and divided into 536 pools. The positive rate of pools of SFGR nucleic acid was 39.7% (213 pools). The MIR of SFGR was 6.9%. The positive rate of pools of SFGR in *Dermacentor silvarum*, *Haemaphysalis concinna*, *Haemaphysalis japonica*, *Haemaphysalis longicornis* and *Ixodes persulcatus* were 80.4% (41/51), 14.0% (25/179), 20.2% (18/89), 78.9% (101/128) and 25.9% (21/81), and the difference was statistically significant ($P < 0.001$). There was statistical difference in the positive rate of pools of SFGR in developmental stages of ticks ($P < 0.001$); the positive rate of pools of female adults, male adults, nymph and larvae were 36.4% (95/261), 34.2% (67/196), 56.3% (40/71) and 7/8, and the MIR was 7.9%, 7.7%, 4.9% and 3.5%. The five genotype was detected which was *Candidatus Rickettsia longicornii*, *Rickettsia raoultii*, *Rickettsia heilongjiangensis*, *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, *Rickettsia monacensis* and have 98% – 100% homology with known gene sequences. *Candidatus Rickettsia longicornii*, *Rickettsia raoultii*, *Rickettsia heilongjiangensis* and *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* showed close evolutionary relationship with known specie (have 98% – 100% homology with known gene sequences); *Rickettsia monacensis* showed Far from evolutionary relationship with known species (have 98% homology with known gene sequences). **Conclusion** SFGR infection of ticks is common in the border areas of the Tumen River Basin. There was high diversity in SFGR species and tick species in the areas surveyed.

【Key words】 Ticks; Rickettsia infections; Spotted fever group rickettsia; Sequence analysis; Polymerase chain reaction

Fund program: International Laboratory Installation and Collaborative Research on Neglected Tropical and Vector-borne Diseases, Korea Center for Disease Control and Prevention

DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2019.11.011

斑点热群立克次体疾病(斑点热病)是由蜱(螨、蚤)传播的立克次体病,其病原体为斑点热群立克次体(spotted fever group rickettsia, SFGR)。SFGR 属于立克次体目,立克次体科,立克次体属,是一类原核生物型、短小棒状或球形状的微生物,可在革兰阴性专性细胞内繁殖^[1]。据文献报道,目前对人体有致病性的 SFGR 为 16 种。自 1962 年中国首次从黑龙江省东方田鼠中分离出西伯利亚立克次体(HL-84 株)以来^[2],被发现的 SFGR 种类不断增多^[1,3-4],给传统自然疫源地以及边境地区的人群带来新的健康威胁。吉林省延边朝鲜族自治州(延边州)位于图们江流域中、朝、俄三国交界处,地处古北界东北区长白山地东亚区,其森林、湿地、水域和山地交互混杂,非常适宜蜱类栖息,一直是我国重要的蜱传疾病自然疫源地。前期,笔者在该区域的全沟硬蜱中首次发现了新塔拉塞维奇立克次体^[5],已有文献报道其可以导致临床病例^[6,8]。另据文献记载,目前,我国存在 8 种基因型的 SFGR^[7],其中,黑龙江立克次体、西伯利亚立克次体、拉欧蒂立克次体和新塔拉塞维奇立克次体可感染人类并致其发病^[6,8-11]。因此,本研究在该地区开展了媒介宿主 SFGR 的感染率调查。

材料与方法

1. 蜱虫采集:于 2017 年 4—9 月,在吉林省延边州图们江流域 4 个边境城市(珲春、图们、和龙、龙井市)使用布旗法^[4]采集游离蜱:使用 150 cm × 100 cm 见方的白棉布旗在每个城市的县灌木丛林、草地等地扫捕蜱虫,每月采集 1~2 次,共采集了 3 079 只。

2. 蜱虫分类:参照《中国重要医学昆虫分类学与鉴别》^[12]和《Ticks of Japan, Korea and The Ryukyu Islands》^[13]进行形态学分类。

3. 样品前处理:筛选新鲜蜱按种类、地区进行分组,其中,蜱成虫最多 5 只为 1 组,若虫最多 15 只为 1 组,幼虫最多 30 只为 1 组,共分成 536 组,其中蜱成虫 457 组,若虫 71 组,幼虫 8 组。每组蜱先用磷酸缓冲盐溶液冲洗 3 次后,再用德国 Qiagen 公司生产的组织破碎仪(TissueLyser II)进行研磨。

4. 核酸提取:使用江苏硕世生物科技股份有限公司生产的核酸提取盒,采用磁珠法提取研磨液中的 SFGR 核酸。

5. SFGR *ompA* 基因扩增:采用 PCR 方法扩增 SFGR *ompA* 基因片段,引物设计参照文献[1],引物

由上海生工生物工程股份有限公司合成,扩增产物目的片段长度为 632 bp,试剂为美国 Promega 公司生产的 PCR 预混试剂(Promega Gotaq @ Colorless Master Mix)。扩增体系为上下游引物(浓度:10 $\mu\text{mol/L}$)各 0.5 μl , DNA 模板 3 μl , 配制 25 μl 体系。反应条件为 95 $^{\circ}\text{C}$ 2 min, 1 个循环; 95 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 45 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 5 min, 1 个循环。反应结束后,使用德国 Qiagen 公司生产的毛细管电泳系统(QIAxcel@ Advanced)检测特异条带。

6. SFGR 基因测序和遗传进化分析:阳性扩增产物由上海生工生物工程股份有限公司进行测序,并使用 DNA Star 软件进行基因序列拼接和校正,与美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI) DNA 序列数据库中默认序列进行一致性分析,并用 Mega 5.0 软件构建系统进化树。

7. 统计学分析:使用 Excel 2007 软件进行数据整理与统计分析。相对数采用率表示。病原感染情况使用组阳性率和最低感染率(minimum infection rate per 100 ticks, MIR)^[4]来表示。组阳性率=阳性组数/总组数 $\times 100\%$; MIR=阳性组数/阳性组蜱虫数 $\times 100\%$ 。采用 χ^2 检验比较不同特征蜱虫间 SFGR 的组阳性率的差异。双侧检验,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结 果

1. 蜱虫基本情况:共采集蜱虫 3 079 只,龙井、和龙市分别以嗜群血蜱、全沟硬蜱为主,分别占 63.6%(827/1 300)、57.6%(338/587),琿春、图们市均以长角血蜱为主,分别占 70.1%(597/852)、99.4%(338/340)。详见表 1。

2. SFGR 核酸的 PCR 扩增结果:536 组共检测到 213 组 SFGR 核酸阳性,组阳性率为 39.7%,SFGR 的 MIR 为 6.9%,阳性样品均出现长度为 573~609 bp 的条带。4 个城市均检测到了蜱虫 SFGR,龙井、和龙、琿春和图们市的组阳性率分别为 24.5%

(65/265)、31.0%(35/113)、58.1%(50/86)和 87.5%(63/72),差异有统计学意义($\chi^2=109.97, P<0.001$), MIR 分别为 5.0%、6.0%、5.9% 和 18.5%。森林革蜱、嗜群血蜱、日本血蜱、长角血蜱、全沟硬蜱 SFGR 的组阳性率分别为 80.4%(41/51)、14.0%(25/179)、20.2%(18/89)、78.9%(101/128)和 25.9%(21/81),差异有统计学意义($\chi^2=188.55, P<0.001$), MIR 分别为 19.4%、3.0%、3.4%、10.8% 和 5.9%。详见表 2。

3. SFGR 基因序列测定和种类鉴定:对 213 组 SFGR 核酸阳性扩增产物进行测序,去除无法明确蜱种类的幼蜱组序列和无法正确测序的样品组序列,得到 178 组基因序列,经过与 GenBank 中默认的 SFGR *ompA* 基因序列进行同源性分析,共鉴定 5 种 SFGR 基因型,分别为立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii*、拉欧蒂立克次体、黑龙江立克次体、新塔拉塞维奇立克次体和立克次体 *Rickettsia monacensi*, 其同源性均达到了 98%~100%。

4. 不同蜱种 SFGR 基因型分布:在 SFGR 阳性的森林革蜱组(41 组)中,拉欧蒂立克次体被检出的最多,为 40 组,仅 1 组检测出了黑龙江立克次体;嗜群血蜱组(11 组)中,黑龙江立克次体被检出最多,为 9 组,其余分别为拉欧蒂立克次体和立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii*,各 1 组;在日本血蜱组(8 组)中,7 组检测出了拉欧蒂立克次体,1 组检测出了立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii*;而所有长角血蜱组(99 组)均只检出了立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii*;在全沟硬蜱组中,新塔拉塞维奇立克次体被检出的最多,为 17 组,其余分别为立克次体 *Candidatus Rickettsia longicornii* 和 *Rickettsia monacensis*,各 1 组。

5. 不同蜱种不同成长阶段 SFGR 检测结果:蜱虫不同成长阶段的 SFGR 核酸组阳性率差异有统计学意义($\chi^2=19.54, P<0.001$);雌性成虫、雄性成虫、若虫和幼虫的 MIR 分别为 7.9%、7.7%、4.9% 和 3.5%。将蜱成虫按性别分层,其中,不同种类雌虫间 SFGR 核酸组阳性率差异有统计学意义($\chi^2=$

表 1 图们江流域 4 个边境城市的蜱种构成情况[只(%)]

城市	总只数	森林革蜱	嗜群血蜱	日本血蜱	长角血蜱	全沟硬蜱	其他
龙井	1 300	181(13.9)	827(63.6)	281(21.6)	0	10(0.8)	1(0.1)
和龙	587	3(0.5)	5(0.9)	241(41.1)	0	338(57.6)	0(0.0)
琿春	852	27(3.2)	11(1.3)	3(0.4)	597(70.1)	11(1.3)	200(23.5)
图们	340	0	2(0.6)	0	338(99.4)	0	0
合计	3 079	211(6.9)	845(27.4)	525(17.1)	935(30.4)	359(11.7)	201(6.5)

表2 图们江流域4个边境城市不同蜱种斑点热群立克次体核酸组阳性情况及MIR比较

蜱虫种类	龙井市				和龙市				珲春市			
	组数	阳性组数 [只(%)]	阳性组蜱 虫数	MIR (%)	组数	阳性组数 [只(%)]	阳性组蜱 虫数	MIR (%)	组数	阳性组数 [只(%)]	阳性组蜱 虫数	MIR (%)
森林革蜱	40	36(90.0)	181	19.9	3	2/3	3	66.7	8	3(3/8)	27	11.1
嗜群血蜱	167	24(14.4)	827	2.9	4	1(1/4)	5	20.0	7	0	14	0.0
日本血蜱	53	4(7.5)	281	1.4	34	13(38.2)	241	5.4	2	1(1/2)	3	33.3
长角血蜱	0	0	0	0.0	0	0	0	0.0	57	38(66.7)	597	6.4
全沟硬蜱	4	1(1/4)	10	10.0	72	19(26.4)	338	5.6	5	1(1/5)	11	9.1
其他	1	0	1	0.0	0	0	0	0.0	7	7/7	200	3.5
合计	265	65(24.5)	1300	5.0	113	35(31.0)	587	6.0	86	50(58.1)	852	5.9

蜱虫种类	图们市				合计			
	组数	阳性组数[只(%)]	阳性组蜱虫数	MIR(%)	组数	阳性组数[只(%)]	阳性组蜱虫数	MIR(%)
森林革蜱	0	0	0	0	51	41(80.4)	211	19.4
嗜群血蜱	1	0	2	0.0	179	25(14.0)	848	3.0
日本血蜱	0	0	0	0	89	18(20.2)	525	3.4
长角血蜱	71	63(88.7)	338	18.6	128	101(78.9)	935	10.8
全沟硬蜱	0	0	0	0	81	21(25.9)	359	5.9
其他	0	0	0	0	8	7/8	201	3.5
合计	72	63(87.5)	340	18.5	536	213(39.7)	3 079	6.9

注: MIR:最低感染率,公式为:阳性组数/阳性组蜱虫数×100%;龙井、和龙、珲春和图们市的组阳性率差异有统计学意义($\chi^2 = 109.97, P < 0.001$),森林革蜱、嗜群血蜱、日本血蜱、长角血蜱、全沟硬蜱的组阳性率差异有统计学意义($\chi^2 = 188.55, P < 0.001$)

96.76, $P < 0.001$),森林革蜱、嗜群血蜱、日本血蜱、长角血蜱、全沟硬蜱 MIR 分别为 19.5%、2.2%、13.7%、2.0% 和 7.5%;不同种类雄虫间差异也有统计学差异($\chi^2 = 74.79, P < 0.001$)。详见表3。

6.SFGR序列测定及遗传进化分析:选择有代表性的18个基因序列(NCBI GenBank 登录号:MK391458-MK391459, MK391462-MK391464, MK391466-MK391478)分基因型构建系统进化树,结果显示,该地区蜱携带的 *Candidatus Rickettsia longicornii* 与中国株(HQ651815、AF169629、MF590726)和韩国株(MG906676)处于同一个分支;拉欧蒂立克次体与中国株(MF511254、MF511255、MF511260、

KX506738)和意大利株(MH532247、MH532248、MH532249)处于同一个分支;黑龙江立克次体与俄罗斯株(AH012829)处于同一个分支;新塔拉塞维奇立克次体与中国株(KT384425、KF008247)和蒙古株(KU361217)处于同一个分支;以上同源率为98%~100%。*Rickettsia monacensis* 与已知株进化关系较远,同源率为98%。详见图1。

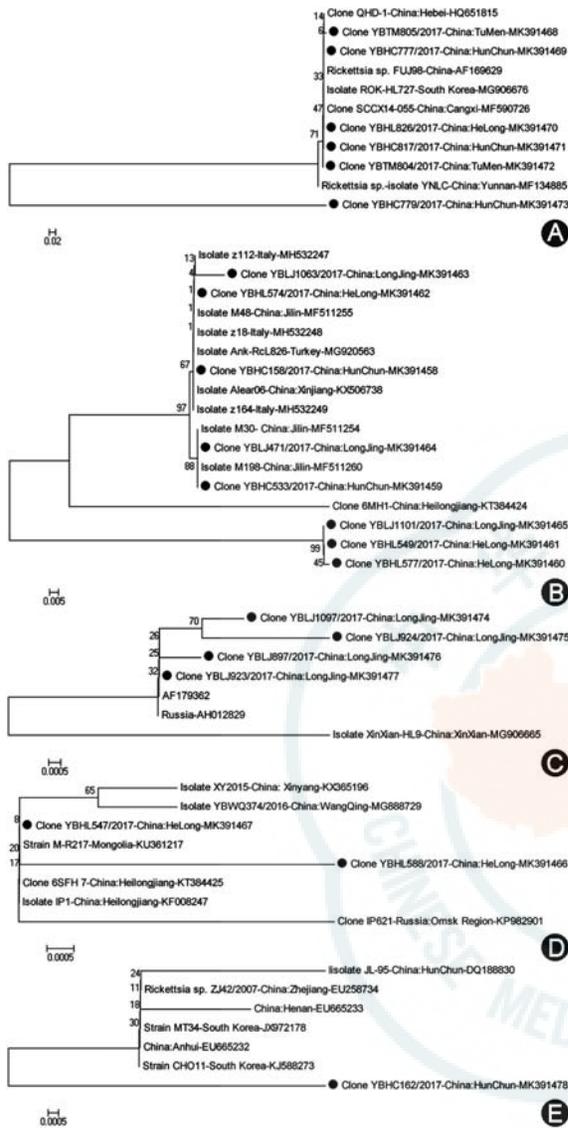
讨论

蜱是以刺吸方式传播疾病的一种重要的医学节肢动物。据统计,世界上约有10%的蜱类携带病

表3 延边朝鲜族自治州4个边境城市不同蜱种不同成长阶段斑点热群立克次体感染率比较

种类	雌性成虫				雄性成虫				若虫				幼虫			
	总组数	阳性组数 [只(%)]	蜱虫数	MIR (%)	总组数	阳性组数 [只(%)]	蜱虫数	MIR (%)	总组数	阳性组数 [只(%)]	蜱虫数	MIR (%)	总组数	阳性组数 [只(%)]	蜱虫数	MIR (%)
森林革蜱	35	29(82.9)	149	19.5	16	12/16	62	19.4	0	0	0	0	0	0	0	0
嗜群血蜱	77	8(10.4)	371	2.2	99	17(17.2)	451	3.8	3	0	26	0.0	0	0	0	0
日本血蜱	59	40(67.8)	291	13.7	11	2(2/11)	35	5.7	19	8(8/19)	199	4.0	0	0	0	0
长角血蜱	48	4(8.3)	205	2.0	38	32(84.2)	167	19.2	42	29(69.0)	563	5.2	0	0	0	0
全沟硬蜱	42	14(33.3)	187	7.5	32	4(12.5)	151	2.6	7	3(3/7)	21	14.3	0	0	0	0
其他	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	7/8	201	3.5
合计	261	95(36.4)	1 203	7.9	196	67(34.2)	866	7.7	71	40(56.3)	809	4.9	8	7/8	201	3.5

注: MIR:最小感染率;不同种类雌虫间组阳性率差异有统计学意义($\chi^2=96.76, P < 0.001$);不同种类雄虫间组阳性率差异有统计学意义($\chi^2=74.79, P < 0.001$);不同成长阶段组阳性率差异有统计学意义($\chi^2=19.54, P < 0.001$)



把 178 个 SFGR 基因序列先进行系统进化分析,选择系统进化关系上相近和有代表性的 18 个基因序列(用黑色圆圈标示)分基因型与 NCBI GenBank 中相关序列构建系统进化树
图 1 图们江流域 4 个边境城市蜱中 SFGR 系统进化树分析
 图 A: *Candidatus Rickettsia longicornii*; 图 B: 拉欧蒂立克次体; 图 C: 黑龙江立克次体; 图 D: 新塔拉塞维奇立克次体; 图 E: *Rickettsia monacensis*

原体^[14-15]。斑点热群立克次体病是由蜱传播的自然疫源性疾病。图们江流域中朝俄边境地区因森林覆盖率高,适宜蜱类生长繁殖,其常见蜱种为森林革蜱、全沟硬蜱、嗜群血蜱、日本血蜱、长角血蜱等^[16-17]。另据研究报道,该区域部分人群 SFGR 感染具有普遍性^[18]。本研究以前期调查为基础^[6],采用 SFGR *ompA* 基因扩增和序列分析方法,对图们江流域边境地区常见蜱种全面进行了 SFGR 感染率调查。本研究发现,所有常见蜱种均携带 SFGR,而且其基因型主要为 *Candidatus Rickettsia*

longicornii、拉欧蒂立克次体、黑龙江立克次体、新塔拉塞维奇立克次体、*Rickettsia monacensis*。*Candidatus Rickettsia longicornii* 是韩国学者首次从长角血蜱中发现并命名的^[19]。据本次调查,*Candidatus Rickettsia longicornii* 基因型基本都由长角血蜱所携带,而且只携带该单一基因型。因此,可以认为长角血蜱为 *Candidatus Rickettsia longicornii* 的主要宿主。有研究表明,长角血蜱主要分布在本研究区域内的珲春和图们市^[16-17],该两市位于图们江下游,以图们江为界与朝鲜隔江相望,珲春市还以陆地为界与俄罗斯毗邻。另据韩国调查资料,韩国本土(朝鲜半岛)的主要蜱种为长角血蜱^[20]。因此,可以推断 SFGR *Candidatus Rickettsia longicornii* 基因型在中国和朝鲜边境地区以及中国、朝鲜、俄罗斯三国交界周边具有广泛分布。目前,虽然还无法确定 *Candidatus Rickettsia longicornii* 基因型对人和动物致病能力,但鉴于该基因型为首次发现的新基因型以及其可能宿主长角血蜱在该地区集中分布等情况,有必要在该地区对其引起足够重视。

本研究还发现,图们江流域边境地区不同蜱种携带 SFGR 基因型具有明显种特异性,尤其在森林革蜱、长角血蜱、嗜群血蜱、全沟硬蜱中明显,而且各蜱种都具有较高感染率。发现,森林革蜱主要携带拉欧蒂立克次体;长角血蜱主要携带 *Candidatus Rickettsia longicornii*;嗜群血蜱主要携带黑龙江立克次体;全沟硬蜱主要携带新塔拉塞维奇立克次体。拉欧蒂立克次体是 2011 年首次在我国新疆的森林革蜱中检测到的^[21],在我国北方地区也有较多分布^[22]。黑龙江立克次体是从我国黑龙江省绥芬河地区森林革蜱和嗜群血蜱中分离的,为远东蜱传斑点热的病原体^[23-24],也主要分布于我国东北地区和俄罗斯远东地区^[11,23]。从地理位置上,图们江流域边境地区位于上述 SFGR 流行区的中心,而且该地区边境线较长,生物跨境迁徙频繁,毗邻国家疫情不明。这些原因可能导致蜱传疾病在该地区跨境传播和暴发流行。更为严重的是,目前,基层临床医务人员都普遍缺乏对斑点热群立克次体病的认识^[24],因此,本地区疾病控制、畜牧、海关检验检疫等部门应加强联防联控工作,加强防病宣传,积极防控斑点热群立克次体病等蜱传疾病暴发流行。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Parola P, Paddock CD, Raoult D. Tick-borne rickettsioses around the world: emerging diseases challenging old concepts [J]. Clin Microbiol Rev, 2005, 18(4): 719-756. DOI: 10.1128/CMR.18.4.719-756.2005.
- [2] 叶晓东, 郑寿贵, 孙毅, 等. 蜱传斑点热群立克次体研究进展 [J]. 中国人兽共患病学报, 2008, 24(4): 368-371. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2008.04.021.
- [3] 范明远. 世界新发现的斑点热 [J]. 预防医学论坛, 2005, 11(1): 119-128. DOI: 10.3969/j.issn.1672-9153. 2005.01.084.
- [4] Jiang J, An H, Lee JS, et al. Molecular characterization of *Haemaphysalis longicornis*-borne rickettsiae, Republic of Korea and China [J]. Ticks Tick Borne Dis, 2018, 9(6): 1606-1613. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.07.013.
- [5] 李基旭, 赵鑫, 金光星, 等. 吉林延边地区蜱复合感染新塔拉塞维奇立克次体及 SFTSV 调查研究 [J]. 中华疾病控制杂志, 2019, 23(5): 561-566. DOI: 10.16462/j.cnki.zhjbkz.2019.05.014.
- [6] Liu W, Li H, Lu QB, et al. *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* infection in eastern central China: a case series [J]. Ann Intern Med, 2016, 164(10): 641-648. DOI: 10.7326/M15-2572.
- [7] Fang LQ, Liu K, Li XL, et al. Emerging tick-borne infections in mainland China: an increasing public health threat [J]. Lancet Infect Dis, 2015, 15(12): 1467-1479. DOI: 10.1016/S1473-3099(15)00177-2.
- [8] Jia N, Zheng YC, Jiang JF, et al. Human infection with *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* [J]. N Engl J Med, 2013, 369(12): 1178-1180. DOI: 10.1056/NEJMc1303004.
- [9] Jia N, Jiang JF, Huo QB, et al. *Rickettsia sibirica* subspecies *sibirica* BJ-90 as a cause of human disease [J]. N Engl J Med, 2013, 369(12): 1176-1178. DOI: 10.1056/NEJMc1303625.
- [10] 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.
- [11] 吴益民, 魏安明, 胡玲美, 等. 从患者血液分离的斑点热群立克次体 H-5 株的鉴定 [J]. 中国人兽共患病杂志, 1998, 14(6): 23-26.
- [12] 陆宝麟, 吴厚永. 中国重要医学昆虫分类与鉴别 [M]. 郑州: 河南科学技术出版社, 2003.
- [13] Yamaguti N, Tipton VJ, Keegan HL, et al. Ticks of Japan, Korea, and the Ryukyu islands [EB/OL]. [2019-04-10]. <https://scholarsarchive.byu.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1066&context=byuscib>.
- [14] Jaarsma RI, Sprong H, Takumi K, et al. *Anaplasma phagocytophilum* evolves in geographical and biotic niches of vertebrates and ticks [J]. Parasit Vectors, 2019, 12(1): 328. DOI: 10.1186/s13071-019-3583-8.
- [15] Jongejan F, Uilenberg G. The global importance of ticks [J]. Parasitology, 2004, 129 Suppl: S3-14. DOI: 10.1017/s0031182004005967.
- [16] 李基旭, 朴文, 吴仲镐, 等. 吉林省延边地区蜱类分布及其携带发热伴血小板减少综合征病毒调查 [J]. 寄生虫与医学昆虫学报, 2017, 24(2): 132-140. DOI: 10.3969/j.issn.1005-0507.2017.02.010.
- [17] 李基旭, 朴文, 金光俊, 等. 图们江流域中朝俄边境地区长角血蜱中 SFTS 病毒监测分析 [J]. 中华疾病控制杂志, 2019, 23(2): 201-205. DOI: 10.16462/j.cnki.zhjbkz.2018.
- [18] 秦哲, 冯立, 秦德柱, 等. 长白山地区几种蜱媒传染病的血清学调查研究 [J]. 中国预防医学杂志, 2013, 14(12): 886-888.
- [19] Jiang J, An H, Lee JS, et al. Molecular characterization of *Haemaphysalis longicornis*-borne rickettsiae, Republic of Korea and China [J]. Ticks Tick Borne Dis, 2018, 9(6): 1606-1613. DOI: 10.1016/j.ttbdis.2018.07.013.
- [20] Yun SM, Song BG, Choi W, et al. First Isolation of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus from *Haemaphysalis longicornis* ticks collected in severe fever with thrombocytopenia syndrome outbreak areas in the republic of Korea [J]. Vector Borne Zoonotic Dis, 2016, 16(1): 66-70. DOI: 10.1089/vbz.2015.1832.
- [21] Tian ZC, Liu GY, Shen H, et al. First report on the occurrence of *Rickettsia slovaca* and *Rickettsia raoultii* in *Dermacentor silvarum* in China [J]. Parasit Vectors, 2012, 5: 19. DOI: 10.1186/1756-3305-5-19.
- [22] 王卓, 王建伟, 于森, 等. 东北地区蜱传斑点热群立克次体的分子流行病学研究 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2018, 29(4): 344-347. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2018.04.005.
- [23] Mediannikov OY, Sidelnikov Y, Ivanov L, et al. Acute tick-borne rickettsiosis caused by *Rickettsia heilongjiangensis* in Russian Far East [J]. Emerg Infect Dis, 2004, 10(5): 810-817. DOI: 10.3201/eid1005.030437.
- [24] 张健之, 范明远. 中国斑点热的研究成就 [J]. 中华流行病学杂志, 1999, 20(2): 71-73. DOI: 10.3760/j.issn.0254-6450.1999.02.002.

(收稿日期: 2019-04-08)

(本文编辑: 梁明修)