

准噶尔盆地鼠疫自然疫源地大沙鼠寄生蚤群落结构及其鼠疫流行病学分析

张渝疆 阿扎提 雒涛 阿布力克木 王启果 阿不力米提 李冰
孟卫卫 郭荣 戴翔 曹汉礼

【摘要】 目的 了解准噶尔盆地鼠疫自然疫源地大沙鼠体蚤群落的结构,解释其体蚤群落结构与动物鼠疫流行的关系。方法 采用群落生态研究方法分析 2005—2010 年采自准噶尔盆地的大沙鼠体蚤,采用统计学方法分析所得到的各聚类群落与动物鼠疫流行的病原学和血清学相关指标。结果 大沙鼠体蚤具有复杂群落结构,体蚤群落 19 种,但常见仅 3 种,16 种为稀有种类,蚤群落平均丰富度和多样性较高,分别为 1.66 和 1.5556,优势度不显著,为 0.332,均匀性适中(0.5283)。群落蚤类间具有共寄生性,染蚤率、蚤指数及主要寄生蚤的比例变化是影响体蚤类群落结构的关键因素,可分为 5 个聚类群。结论 准噶尔盆地大沙鼠体蚤群落存在地理区域异质性,并与动物鼠疫流行强度相关。

【关键词】 鼠疫;大沙鼠;寄生蚤;群落;准噶尔盆地

Community structure of Great Gerbils (*Rhombomys opimus*) parasitic fleas in Junggar Basin focus and related epizootiological characteristics on plague ZHANG Yu-jiang, AZATI, LUO Tao, ABULIKEMU, WANG Qi-guo, ABULIMITI, LI Bing, MENG Wei-wei, GUO Rong, DAI Xiang, CAO Han-li. Xinjiang Uygur Autonomous Regional Center for Disease Control and Prevention, Urumqi 830002, China

Corresponding author: CAO Han-li, Email: chl2621215@126.com

This work was supported by grants from the Key Research Program Foundation of Xinjiang Uygur Autonomous Region (No. 200933120), the Industry Research Special Foundation of China Ministry of Health (No. 201202021), and the National Natural Science Foundation of China (No. 30960348).

【Abstract】 Objective To understand the community structure of *Rhombomys opimus* parasitic fleas in the natural plague focus in Junggar Basin, so as to explain the relationship between the community structure and the prevalence of animal plague in this area. **Methods** The body fleas of *R. opimus* which were collected in 2005–2010 from the Junggar Basin was analysed by community ecology method, an each clustered flea community was compared with information of pathogenic and serological indicators of animal plague epidemic by statistic method. **Results** The community structure of *R. opimus* parasitic fleas included 19 species and was very complicated, with only 3 were identified as ‘common’ species but the others belonged to ‘rare’ species. Both the average richness and diversity of flea community were higher, as 1.66 and 1.5556, with dominance not obvious (0.332) and the homogeneity as moderate (0.5283). The community structure of *R. opimus* parasitic fleas could be changed by the following factors as: the rates of flea parasitic/flea index and the proportions of main fleas etc. The flea community could be divided into 5 clusters according to the above said elements. All these data showed that the fleas of *R. opimus* parasitic fleas possess the nature of multi-parasitism. **Conclusions** The community of *R. opimus* parasitic fleas existed heterogeneous of geographic region, and this phenomenon associated with the animal plague epidemic strength.

【Key words】 Plague; Great Gerbils; Parasitic fleas; Community; Junggar Basin

鼠疫存在于特定的生态环境中,是由鼠疫菌、鼠疫菌赖以生存的宿主(主要是啮齿动物),以及传播

鼠疫菌的媒介(主要为寄生在啮齿动物的蚤类)形成一种不依赖于人类且在特定动物间循环的自然疫源性疾病。在全球范围内,因鼠疫自然疫源地构成的生态景观、地理地貌、动物植物等不同而呈现多样性^[1]。在我国,现已发现 12 种类型的鼠疫自然疫源地,其中准噶尔盆地鼠疫自然疫源地是 2005 年在新疆地区发现的一类新型鼠疫自然疫源地^[2],与

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.011.012

基金项目:新疆维吾尔自治区科技计划(200933120);卫生行业科研专项(201202021);国家自然科学基金(30960348)

作者单位:830002 乌鲁木齐,新疆维吾尔自治区疾病预防控制中心

通信作者:曹汉礼, Email: chl2621215@126.com

中亚荒漠鼠疫自然疫源地的地理生态景观相似,是典型的平原荒漠型鼠疫自然疫源地。现已调查证实,准噶尔盆地鼠疫疫源地的主要宿主动物是大沙鼠(*Rhombomys opimus*),其寄生蚤种类多达 16 种,蚤类群落的构成复杂,并在粗鬃客蚤(*Xenopsylla hirtipes*)、簇鬃客蚤(*Xenopsylla skrjabini*)、臀突客蚤(*Xenopsylla minax*)、同形客蚤指名亚种(*Xenopsylla conformis conformis*)和长吻角头蚤(*Echidnophaga oschanini*)分离出多株鼠疫菌^[2]。前期对该疫源地不同鼠种体蚤群落的研究,已发现大沙鼠体蚤群落在该疫源地动物鼠疫流行中的作用列各鼠体蚤群落的第一层次^[3]。因此,系统分析大沙鼠体蚤群落构成及其与动物鼠疫流行的关系,对了解和认识该鼠疫疫源地具有重要意义。

资料与方法

1. 资料:来源于 2005—2010 年捕获于准噶尔盆地鼠疫自然疫源地 14 个采集地区的活体大沙鼠,捕获的大沙鼠均单只检蚤、分类鉴定计数。大沙鼠采集地区分布见图 1。

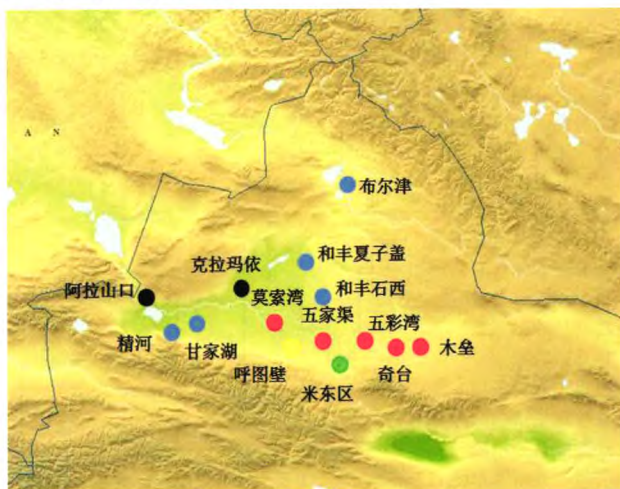


图 1 准噶尔盆地大沙鼠采集地区分布

2. 方法:

(1) 染蚤率和蚤指数:按公式计算。

$$\begin{aligned} \text{染蚤率} &= \frac{\text{带蚤鼠数}}{\text{检蚤总鼠数(同种动物)}} \times 100\% \\ \text{总蚤指数} &= \frac{\text{总蚤数}}{\text{检蚤总鼠数(同种动物)}} \\ \text{各蚤指数} &= \frac{\text{某种蚤检蚤数}}{\text{检蚤鼠数(同种动物)}} \\ \text{某种蚤的染蚤率} &= \frac{\text{带某种蚤的鼠数}}{\text{检蚤总鼠数(同种动物)}} \times 100\% \end{aligned}$$

(2) 丰富度、平均种类丰富度和相对稀有种类

数:按张骏等方法计算。即平均种类丰富度 $Sa = \sum Si/M$, 相对稀有种类数 $R = 100 \times Sr/S$ (S 为鼠体蚤类种类数, Si 为每个采集点捕获某种鼠类蚤类种类数, Sr 为未达到总数量 5% 的种类数, M 为采集点数)。

(3) 多样性、均匀性和优势度:见公式(1)~(3)。

$$H' = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i \tag{1}$$

式中 H' 为群落的多样性指数; P_i 为物种 i 的个体数占群落中总个体数的比例; S 为群落中的物种数。

$$J = H/H_{\max} (H_{\max} = \ln S) \tag{2}$$

式中 J 为均匀性指数, H 为实测多样性值, H_{\max} 是理论上群落多样性的最大值, S 为种类数。

$$C' = - \sum_{i=1}^S (N_i/N)^2 = \sum_{i=1}^S (P_i)^2 \tag{3}$$

式中 C' 为群落优势度指数; N_i 为物种 i 的个体数; N 为群落中所有物种的总个体数; P_i 为物种 i 的个体数占群落中总个体数的比例; S 为群落中的物种数。

3. 统计学分析:以蚤类群落组成的染蚤率、总蚤指数、各蚤指数为变量,采用 SPSS 17.0 软件对准噶尔盆地鼠疫疫源地鼠体蚤类群落进行聚类分析。对应各聚类群,进行 2005—2012 年准噶尔区域各采集点鼠疫菌检出数和大沙鼠血清鼠疫抗体阳性数统计分析。

结 果

1. 鼠体蚤群落组成:在准噶尔盆地鼠疫疫源地 14 个区域共采集大沙鼠 2422 只,蚤 22 188 匹(8 科 10 属 19 种)。大沙鼠平均染蚤率为 85.1%,总蚤指数为 9.16,其中簇鬃客蚤占 52.9%,是疫源地大沙鼠的主要鼠体蚤,其次为臀突客蚤和粗鬃客蚤,分别占 16.8% 和 12.9%,其他 16 种蚤占 17.3%(表 1)。不同区域大沙鼠主要鼠体蚤组成有差异,其中克拉玛依以西大沙鼠主要鼠体蚤为臀突客蚤,而呼图壁以东区域则以簇鬃客蚤为主。西部区域阿拉山口、乌苏和克拉玛依 3 个地区臀突客蚤占大沙鼠体蚤总数的 62.4%,簇鬃客蚤占 2.5%,而东部区域两种蚤则分别占 0.3% 和 70.2%。

2. 鼠体蚤群落结构:对准噶尔盆地鼠疫疫源地大沙鼠体蚤群落的 6 项指标分析表明,该区域大沙鼠体蚤群落的蚤种数达 19 种,但仅有 3 种为常见种,其余 16 种为稀有种类,蚤群落平均丰富度和多样性较高,分别为 1.66 和 1.5556,优势度不显著,为 0.332,均匀性适中,为 0.5283。但不同区域蚤类群落的结构有所不同(表 2)。

表 1 准噶尔盆地鼠疫疫源地大沙鼠体蚤群落组成

捕获地点	宿主只数	染蚤率 (%)	总蚤指数	蚤 指 数																					
				Xs	Xm	Xh	Nll	Cl	Pr	Pt	Eo	Xcc	Nt	Cdd	Re	Sm	Nut	Sc	Et	Ok	Sl	Mes			
乌鲁木齐市米东区	140	97.1	24.71	18.943	0.243	3.750	0.693	0.200	0.000	0.007	0.229	0.607	0.000	0.014	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
昌吉市五家渠	82	91.5	10.29	7.780	0.000	0.085	1.195	0.561	0.000	0.073	0.037	0.390	0.000	0.037	0.024	0.073	0.000	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012
玛纳斯县漠索湾	414	85.7	6.81	4.862	0.068	1.205	0.039	0.007	0.213	0.220	0.002	0.002	0.000	0.000	0.005	0.036	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
博乐市阿拉山口	276	88.4	10.66	0.029	7.112	0.935	0.899	0.138	1.159	0.120	0.105	0.000	0.004	0.054	0.101	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004
布尔津县	42	66.7	5.67	4.024	0.143	0.024	0.810	0.262	0.000	0.000	0.000	0.190	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
和布克赛尔县夏子盖	88	85.2	7.25	4.977	0.023	0.000	1.182	0.193	0.011	0.000	0.568	0.000	0.000	0.011	0.034	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
和布克赛尔县石西油田	113	82.3	6.11	5.044	0.000	0.000	0.230	0.177	0.027	0.071	0.018	0.000	0.345	0.159	0.027	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
呼图壁县马桥城	46	93.5	16.67	11.609	2.087	0.000	1.348	0.457	0.000	0.891	0.000	0.000	0.000	0.043	0.239	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
吉木萨尔县五彩湾	516	89.3	8.60	5.944	0.000	1.692	0.190	0.136	0.000	0.219	0.308	0.019	0.043	0.035	0.008	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.002	0.000	0.000
乌苏市甘家湖	45	64.4	6.29	0.489	3.578	1.000	0.689	0.378	0.000	0.000	0.067	0.000	0.067	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
精河县沙山子	168	65.5	3.29	1.815	0.024	0.452	0.202	0.280	0.000	0.304	0.071	0.000	0.036	0.036	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
克拉玛依市白碱滩	309	79.9	8.03	0.372	4.644	0.583	0.307	0.748	0.997	0.058	0.107	0.036	0.000	0.039	0.013	0.029	0.061	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
木垒县北沙窝	68	91.2	10.75	6.397	0.000	2.412	0.294	0.147	0.485	0.235	0.279	0.029	0.000	0.191	0.191	0.000	0.000	0.088	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
奇台县北沙窝	115	89.6	11.36	6.748	0.009	2.087	0.191	0.496	0.000	1.383	0.078	0.113	0.183	0.052	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
合计	2422	85.1	9.16	4.872	1.523	1.171	0.422	0.255	0.307	0.219	0.143	0.066	0.037	0.039	0.033	0.022	0.033	0.009	0.004	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001

注: Xs 簇鬃客蚤; Xm 臀突客蚤; Xh 粗鬃客蚤; Nll 秃病蚤指名亚种(*Nosopsyllus laeviceps laeviceps*); Cl 叶状切唇蚤突高亚种(*Coptosylla lamellifer ardua*); Pr 后弯怪蚤(*Paradoxopsyllus repandus*); Pt 无额突怪蚤(*Paradoxopsyllus teretifrons*); Eo 长吻角头蚤(*Echidnophaga oschanini*); Xcc 同形客蚤指名亚种(*Xenopsylla conformis conformis*); Nt 四鬃病蚤(*Nosopsyllus tersus*); Cdd 修长栉眼蚤指名亚种(*Ctenophthalmus dolichus dolichus*); Re 宽臂纤蚤(*Rhadinopsylla cedestis*); Sm 千午狭蚤(*Stenoponia meridiana*); Nut 土库曼病蚤指名亚种(*Nosopsyllus turkmenicus turkmenicus*); Sc 重要狭蚤(*Stenoponia conspecta*); Et 铁氏角头蚤(*Echidnophaga tiscadaea*); Ok 长突眼蚤(*Ophthalmopsylla kiritschenkoii*); Sl 长鬃合板蚤(*Synosternus longispinus*); Mes 真凶中蚤精河亚种(*Mesopsylla eucta shikho*)

表 2 准噶尔盆地鼠疫疫源地大沙鼠体蚤群落结构参数

地点	丰富度	稀有种类数	平均丰富度	优势度	多样性	均匀性
乌鲁木齐市米东区	10	8	2.29	0.6125	0.9230	0.3568
昌吉市五家渠	12	7	1.83	0.5895	1.0741	0.3714
玛纳斯县漠索湾	12	10	1.39	0.5439	1.1780	0.4323
博乐市阿拉山口	12	8	1.68	0.4723	1.0169	0.4741
布尔津县	7	5	1.24	0.5300	0.8331	0.5226
和布克赛尔县夏子盖	9	6	1.51	0.5060	0.7669	0.4686
和布克赛尔县石西油田	10	8	1.28	0.6887	0.8140	0.3331
呼图壁县马桥城	7	3	2.18	0.5107	1.0139	0.4183
吉木萨尔县五彩湾	14	12	1.77	0.5190	1.3394	0.3842
乌苏市甘家湖	8	3	1.37	0.3708	1.5018	0.6441
精河县沙山子	10	5	1.05	0.3438	1.4878	0.6522
克拉玛依市白碱滩	14	10	1.66	0.3682	1.3186	0.5638
木垒县北沙窝	11	9	2.30	0.4093	1.2692	0.5499
奇台县北沙窝	11	8	1.82	0.4043	0.8217	0.5293
合计	19	16	1.66	0.3320	1.5556	0.5283

3. 鼠体蚤群落空间聚类: 以不同区域大沙鼠体蚤群落的各蚤指数、群落结构参数为变量, 采用组内平方 Euclidean 距离聚类法得到聚类图(图 2)。

由聚类图可见, 以 CASE 值 5 为标准, 不同地区大沙鼠体蚤群落可归纳为 5 个聚类群, 即准噶尔中东部群(A)、准噶尔边缘群(B)、准噶尔西部阿拉山口-克拉玛依群(C)、准噶尔中南缘呼图壁群(D)和准噶尔东南缘米东群(E)。

对 5 个群的蚤类群落分析表明, 不同区域大沙

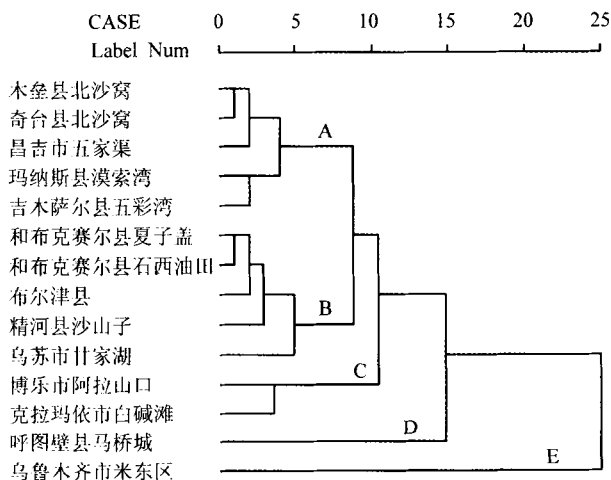


图 2 准噶尔盆地鼠疫疫源地大沙鼠寄生蚤群落的空间聚类图

鼠体蚤群落存在一定程度的差异。准噶尔中东部群(A)的簇鬃客蚤平均比率显著高于其他组, 差异有统计学意义($t = -61.756, P = 0.000$); 准噶尔北部和西南边缘群(B)染蚤率显著低于其他组, 差异有统计学意义($t = -3.341, P = 0.013$); 准噶尔西部阿拉山口-克拉玛依群(C)的臀突客蚤比率显著高于其他组, 差异有统计学意义($t = -4.663, P = 0.001$); 准噶尔东南缘米东群(E)和准噶尔中南缘呼图壁群(D)总蚤指数显著高于其他组, 差异有统计学意义($t = -17.122, P = 0.000; t = -12.223, P = 0.000$), 但两

者间臀突客蚤和粗鬃客蚤占体蚤总数的比率呈相反趋势,前者分别为 1.0% 和 15.2%,后者为 12.5% 和 0。当然在这 5 个蚤类群中还存在与其他群落指标的不同(表 2)。

4. 鼠体蚤类群落与鼠疫流行病学指标的相关性:根据准噶尔盆地不同区域大沙鼠体蚤群落结构参数构建的聚类群在鼠疫流行病学指标(鼠疫菌检出株数和血清学阳性率)上有差异(表 3)。群(B)组包括 5 个行政区,未分离出鼠疫菌,亦未确定任何一个行政区为鼠疫疫源县(市),大沙鼠血清阳性率最低(1.4%),远低于准噶尔盆地区域大沙鼠平均阳性率(7.9%),与其他群落组的差异有统计学意义($t=3.663, P=0.004$),属低流行组;群(A)组包括 5 个行政区,已有 4 个(80.0%)确定为鼠疫疫源县(市),分离出鼠疫菌数最多(占整个疫源地分离菌株数的 54.1%),大沙鼠血清阳性率最高(12.5%),与其他群落组的差异有统计学意义($t=3.444, P=0.005$),属高流行组;群(C)组的 2 个行政区均以判定为鼠疫疫源县(市),分离出鼠疫菌株数仅次于群(A)组,占疫源地分离菌株数的 32.4%,大沙鼠血清阳性率也仅次于群(A)组,为 8.4%,两组差异无统计学意义($t=1.843, P=0.139$),而与低流行群(B、D、E)组的差异有统计学意义($t=-9.352, P=0.000$);群(D)和群(E)均为现鼠疫疫源县(市),但两组的鼠疫流行强度均低于群(A)组和群(C)组,但高于低流行的群(B)组,大沙鼠血清阳性率分别为 2.7% 和 4.0%,与高流行组的群(A)、(C)组和低流行的群(B)组的差异均无统计学意义($t=-2.458, P=0.054; t=1.829, P=0.136$)。

表 3 准噶尔盆地大沙鼠蚤类群落与其鼠疫流行病学相关性

大沙鼠蚤类群落群	覆盖区域	已确定鼠疫疫源县	已检出鼠疫菌株数	大沙鼠血清阳性率(%)
A	木垒县北沙窝、奇台县北沙窝、吉木萨尔县五彩湾、昌吉市五家渠、玛纳斯县漠索湾	奇台、吉木萨尔、昌吉、玛纳斯	20	12.5
B	和布克赛尔县夏子盖、和布克赛尔县石西油田、布尔津县、精河县沙山子、乌苏市甘家湖		0	1.4
C	博乐市阿拉山口、克拉玛依市白碱滩	博乐、克拉玛依	12	8.4
D	呼图壁县马桥城	呼图壁	3	2.7
E	乌鲁木齐市米东区	乌鲁木齐市米东区	2	4.0

讨 论

准噶尔盆地鼠疫自然疫源地是一个复杂的鼠疫生态系统,多种动物和媒介共同参与了该疫源地动

物鼠疫流行^[2]。现有研究从实验生物学角度肯定了大沙鼠可作为鼠疫的保存宿主^[4],且其在该疫源地的分布、数量及其体蚤与其他鼠体蚤群落对比研究均已充分证实,大沙鼠及其体蚤在该疫源地动物鼠疫流行中是最重要的关键因子^[2,3]。此外, Davis 和 Nils 等对中亚哈萨克斯坦大沙鼠鼠疫的长期研究表明,大沙鼠动物鼠疫的流行与大沙鼠种群动态有密切关系^[5-8]。同时,对大沙鼠及其寄生蚤的种群间关系研究也表明,大沙鼠寄生蚤的群落结构依赖于大沙鼠的种群动态变化^[9],反映出大沙鼠鼠疫疫源地动物鼠疫与其宿主和媒介间的密切关系。基于上述原因,本研究从大沙鼠体蚤群落结构入手,结合动物鼠疫流行的关键指标,解析该疫源地中大沙鼠体蚤与动物鼠疫流行间的关系,得到一些新的有意义发现。

首先,大沙鼠体蚤群落结构复杂,其体蚤多样性为 1.5556 (>1.0),属复杂性群落结构,种类丰富度也多达 19 种,远高于该疫源地其他啮齿动物携带的体蚤种类数^[3],也高于山地或高原鼠疫疫源地的主要宿主黄鼠、旱獭等的体蚤种类携带数^[10,11],与荒漠类型的长爪沙鼠类似^[12]。从群落结构分析表明,群落的优势度不明显,为 0.332,均匀性适中(0.5283),稀有种类数占 84.2%,说明大沙鼠体蚤各种类间具有一定共适应性,预示大沙鼠体蚤中不仅是一种主要媒介蚤在动物鼠疫流行中起重要作用,可能存在多种蚤类共同发挥着媒介效应,有必要对其他更多的蚤类进行鼠疫流行病学研究;另一方面这种多媒介共寄生现象,也表明大沙鼠可为多种蚤类提供共同的生活环境,奠定了大沙鼠可作为该疫源地主要宿主动物的重要生态和生理学基础。

其次,从准噶尔盆地鼠疫疫源地的大区域尺度出发,大沙鼠体蚤群落存在一定区域内的异质性。本研究中以不同地区大沙鼠体蚤群落各项指标为变量获得的聚类图形,可以将准噶尔盆地鼠疫疫源地不同区域大沙鼠体蚤分为 5 个聚类群,而每个聚类群均存在于一定的范围空间内,其群落构成的指标值间差异有统计学意义,这些差异主要表现在体蚤群落的染蚤率、总蚤指数、主要蚤种(粗鬃客蚤、臀突客蚤和簇鬃客蚤)比例等方面,反映出准噶尔盆地大沙鼠体蚤的复杂性和区域构成上的不均匀性。

最后,对比分析大沙鼠蚤类群落不同聚类群的鼠疫流行病学、病原学和血清学指标,表明不同类群间存在鼠疫流行强度上的差异。位于准噶尔盆地北部和西南边缘群(B),由于其染蚤率、总蚤指数低而与其他类群存在显著性差异,因此该区域至今尚未

判别任何行政区为鼠疫疫源县(市),鼠疫流行病学指标也反映出该聚类群属低强度鼠疫流行群。与此相反,其他几个类群均是现鼠疫流行区域,但流行强度因群落构成的不同而有差异。准噶尔盆地中东部群(A)具有高比例的簇鬃客蚤而与其他类群存在显著性差异,因此该群所在区域也是该疫源地动物鼠疫流行最活跃的地区。准噶尔盆地西部群(C)存在高比例的臀突客蚤,中南缘群(D)和东南缘群(E)具有高总蚤指数均与区域内较高的动物鼠疫流行指标相对应。由此反映出大沙鼠体蚤群落结构的差异与动物鼠疫流行存在一定程度的相关性。其一,染蚤率、总蚤指数与动物鼠疫强度呈正相关,此结论可解释 2009 年乌鲁木齐市米东区发生动物鼠疫猛烈流行的原因^[13];其二,大沙鼠体蚤群落中主要蚤类构成与动物鼠疫强度相关,特别是簇鬃客蚤和臀突客蚤的重要媒介作用,这不仅符合两种蚤是该疫源地大沙鼠主要寄生蚤^[2],也与既往大沙鼠体蚤鼠疫菌检出相关数量一致(2005—2012 年该疫源地从簇鬃客蚤分离鼠疫菌 2 株、臀突客蚤分离鼠疫菌 7 株,分别占大沙鼠体蚤分离鼠疫菌总数的 16.7% 和 58.3%^[2,13-15])。

综上所述,准噶尔盆地大沙鼠体蚤群落结构复杂,不仅表现在群落蚤类组成多样,也表现在群落结构的地理区域不同,在蚤种类构成、丰富度、染蚤率和总蚤指数等关键指标上均有变化,且这种变化与准噶尔盆地动物鼠疫流行强度密切相关。提示可根据大沙鼠体蚤群落结构的关键指标预测动物间鼠疫流行趋势,达到预测预警鼠疫流行和危害的目的。

参 考 文 献

- [1] Yu DZ. Plague epizootiology. Beijing: Technology Publishing House, 2009: 27-65. (in Chinese)
俞东征. 鼠疫动物流行病学. 北京: 科学技术出版社, 2009: 27-65.
- [2] Zhang YJ, Dai X, Abulimiti, et al. Study on the situation of plague in Junggar Basin of China. Chin J Epidemiol, 2008, 29 (2): 136-144. (in Chinese)
张渝疆, 戴翔, 阿不力米提, 等. 准噶尔盆地鼠疫调查. 中华流行病学杂志, 2008, 29(2): 136-144.
- [3] Wang QG, Cao HL, Meng WW, et al. The community structure of parasitic fleas on main rats and its role in the Junggar Basin plague natural foci. Chin J Vector Biol Control, 2013, 24 (1): 11-16. (in Chinese)
王启国, 曹汉礼, 孟卫卫, 等. 准噶尔盆地鼠疫自然疫源地鼠体蚤类群落及其在动物鼠疫流行病学中的作用分析. 中国媒介生物学及控制杂志, 2013, 24(1): 11-16.
- [4] Zhang YJ, Dai X, Wang XH, et al. Dynamics of *Yersinia pestis* and its antibody response in Great Gerbils (*Rhombomys opimus*) by Subcutaneous infection. PLoS One, 2012, 7(10): e46820.
- [5] Davis S, Begon M, Bruyn LD, et al. Predictive thresholds for plague in Kazakhstan. Science, 2004, 304: 736-738.
- [6] Begon M, Klassovskiy N, Ageyev V, et al. Epizootologic parameters for plague in Kazakhstan. Emerg Infect Dis, 2006, 12 (2): 268-273.
- [7] Davis S, Trapman P, Leirs H, et al. The abundance threshold for plague as a critical percolation phenomenon. Nature, 2008, 453: 634-637.
- [8] Park S, Chan KS, Viljugrein H, et al. Statistical analysis of the dynamics of antibody loss a disease-causing agent: plague in nature population of great gerbils as an example. J R Soc Interface, 2007, 4: 57-64.
- [9] Frigessi A, Holden M, Marshall C, et al. Bayesian population dynamics of interacting species: great gerbils and fleas in Kazakhstan. Biometrics, 2005, 61: 230-238.
- [10] Zhang HY, Sheng GJ, Tang GH. Xinjiang plague. Urumqi: Editorial Department of Endemic Diseases Bulletin, 1994: 22-24. (in Chinese)
张鸿猷, 盛广吉, 汤国厚. 新疆鼠疫. 乌鲁木齐: 地方病通报编辑部, 1994: 22-24.
- [11] Ji SL, He JG, Sun X, et al. Plague. Beijing: People's Medical Publishing House, 1988: 198-205. (in Chinese)
纪树立, 贺建国, 孙玺, 等. 鼠疫. 北京: 人民卫生出版社, 1988: 198-205.
- [12] Liu J, Shi G. Inner Mongolia Flea. Hohhot: Inner Mongolia People's Publishing House, 2009: 12. (in Chinese)
刘俊, 石泉. 内蒙古蚤类. 呼和浩特: 内蒙古人民出版社, 2009: 12.
- [13] Zhang YJ, Dai X. Control and surveillance of plague in Xinjiang in 2009. Chin J Ctrl Endem Dis, 2010, 25 Suppl: S53-57. (in Chinese)
张渝疆, 戴翔. 新疆维吾尔自治区 2009 年鼠疫监测及防治. 中国地方病防治杂志, 2010, 25 增刊: 53-57.
- [14] Zhang YJ, Liu QM. Surveillance of plague in Xinjiang in 2010. Chin J Ctrl Endem Dis, 2011, 26 Suppl: S80-82. (in Chinese)
张渝疆, 刘全民. 新疆维吾尔自治区 2010 年鼠疫监测结果. 中国地方病防治杂志, 2011, 26 增刊: 80-82.
- [15] Zhang YJ, Liu QM. Surveillance of plague in Xinjiang in 2011. Chin J Ctrl Endem Dis, 2012, 27 Suppl: S62-64. (in Chinese)
张渝疆, 刘全民. 新疆维吾尔自治区 2011 年鼠疫监测结果. 中国地方病防治杂志, 2012, 27 增刊: 62-64.

(收稿日期: 2013-07-12)

(本文编辑: 张林东)