

中国鼠疫自然疫源地分型研究

II. 鼠疫自然疫源地分型方法研究

方喜业 杨瑞馥 刘起勇 董兴齐 张荣祖 许磊

【关键词】 鼠疫自然疫源地分型方法; 鼠疫生物地理群落指征; 两级分型法; 三项指征命名法

A novel method for typing natural plague foci in China II. Research on the typing methods for natural plague foci FANG Xi-ye¹, YANG Rui-fu², LIU Qi-yong³, DONG Xing-qi⁴, ZHANG Rong-zu⁵, XU Lei⁶. 1 Institute of Laboratory Animal Sciences of Chinese Academy of Medical Sciences, Compared Medical Research Center of Peking Union Medical College, Beijing 100021, China; 2 Institute of Microbiology and Epidemiology, Academy of Military Medical Sciences; 3 State Key Laboratory for Infectious Disease Prevention and Control, National Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention; 4 Yunnan Provincial Institute of Endemic Disease Control and Research; 5 Institute of Geography, Chinese Academy of Sciences; 6 Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences

Corresponding authors: FANG Xi-ye, Email: xiye Fang@hotmail.com; YANG Yui-fu, Email: yangrf@nic.bmi.ac.cn

【Key words】 Natural plague foci typing methods; Biogeographical indications plague community; Two classification methods; Three indications nomenclature

自然界千姿百态, 自然地理环境变化万千, 直接反映到鼠疫自然疫源地, 进而影响到物种生存起源进化和遗传演化的发展。动物鼠疫在自然界的存在是以鼠疫菌、鼠疫宿主、鼠疫媒介之间食物链和空间接触为基础, 在进化中形成鼠疫生物群落, 并在一定鼠疫生物地理环境条件下自然组合形成鼠疫生物地理群落——即鼠疫自然疫源地。鼠疫生物地理群落受相应生态、生理、遗传诸多因素的影响, 相互依赖, 相互制约, 相互适应, 自然选择, 同步进化, 维持鼠疫自然疫源性, 维护鼠疫生物群落的种族延续。从生态学视角看鼠疫自然疫源地, 可以看做是依附于陆生生态系统中特殊的鼠疫生物群落, 在进化历史的长河中形成了牢固的统一体“鼠疫生物地理群落超有机体”。

鼠疫自然疫源地客观上存在类型差异, 早已为人们所公认。动物鼠疫的流行和鼠疫病原体的存在, 并不是在任何地方、任何时间都能保持的。与此相反, 不同鼠疫自然疫源地在时空分布上存在悬殊

的差别。即使在同一块鼠疫自然疫源地, 也存在好发区、波及区和非疫源地区。在动物鼠疫的流行时间上, 则存在年际和季节之间的差别。在相对独立的鼠疫自然疫源地之间的鼠疫宿主、媒介、病原体的差别就更为显著。对此, 人们很早就试图对鼠疫自然疫源地进行科学分类和分型研究。到目前为止, 至少有几十种不同的分型法模式, 都各有侧重, 但往往带有一定的人为性和片面性。人们试图尽可能客观的将鼠疫自然疫源地的差别区分开来, 然而由于调查研究不充分, 掌握鼠疫资源不完整, 现在还没能做到对鼠疫自然疫源地科学分类。长期以来, 学术界做了不懈的努力, 建立了不同分型标准和分型模式。现就国内外具有代表性的分型法模式做简要介绍。

一、单一学科分型法模式

1. 鼠疫菌生物型分型法模式: 是鼠疫菌最早最原始的分型法模式。由于分型指标简单、分辨率低, 还不能作为鼠疫自然疫源地分型标准, 但是鼠疫菌生物型是鼠疫菌起源进化最稳定的指征, 素有“鼠疫菌起源进化活化石”之称, 是鼠疫自然疫源地分型研究不可或缺的指征标准。1951年, Devignat 根据鼠疫菌对硝酸盐还原和对甘油的酵解能力将鼠疫菌分为三个生物型: 古典生物型(Biovers)、中世纪生物型(Mediaevalis)、东方生物型(Orientals)。1997年周冬生根据鼠疫菌对阿胶糖酵解能力, 提出第四个生物型: 田鼠生物型(Microtus)。

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.02.024

作者单位: 100021 北京, 中国医学科学院实验动物研究所 协和医学院比较医学研究中心(方喜业); 中国军事医学科学院微生物流行病学研究所(杨瑞馥); 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 传染病预防控制国家重点实验室(刘起勇); 云南省地方病研究所(董兴齐); 中国科学院地理研究所(张荣祖); 中国科学院动物研究所(许磊)
通信作者: 方喜业, Email: xiye Fang@hotmail.com; 杨瑞馥, Email: yangrf@nic.bmi.ac.cn

2. 鼠疫菌生态型分型法模式:1990年,纪树立根据鼠疫菌对糖醇酵解能力、脱氮、营养性、血色素沉着稳定性、电泳型、内毒素含量多项指标,将中国鼠疫菌分为A、B、C、D、E 5群,17个生态型。作为区划中国鼠疫自然疫源地分型研究指标。

3. 鼠疫菌 DFR 基因组型/MLVA 基因组型分型法模式:方法先进、稳定性高、操作简便、重复性好、分辨率高,是鼠疫自然疫源地较好的分型法。它解决了传统表型分型法分辨率低、不稳定的难题。应用分子生物学技术深化了对鼠疫菌基因组学的应用研究,推动了鼠疫生物学的研究进展,为鼠疫科学的发展开辟了一片新天地^[1-7]。

4. 鼠疫宿主分型法模式:1965年,Леви^[8]根据鼠疫宿主的生物学特征将其分为旱獭型、黄鼠型、沙鼠型、家鼠型、田鼠型5型。因其粗放并未得到推广。

5. 鼠疫自然疫源地地理分布与空间结构分型法模式,最具有代表性的有:

(1)1959年Фенюк^[9]提出地带性分型法模式,根据鼠疫自然疫源地地理分布与空间结构,把鼠疫自然疫源地划分为若干不同地带性等级。鼠疫自然疫源地带:世界鼠疫自然疫源地;独立鼠疫自然疫源地:洲际之间疫源地;相对独立鼠疫自然疫源地:由若干中疫源地组成的由江、河、湖、海、高山、沙漠等较大自然屏障隔绝而形成的相对独立的疫源地;中疫源地:由若干基础疫源地组成的有较明显自然景观差异的疫源地;基础疫源地:有较明显的自然生境差异的疫源地。

(2)1965年,Ралль^[10]根据疫源地牢固程度、宿主及动物鼠疫流行特点,将疫源地划分为一次性鼠疫自然疫源地、二次性鼠疫自然疫源地、牢固而积极活动的疫源地和不稳固的活动性弱的疫源地、边缘输入性疫源地,将亚洲鼠疫自然疫源地分为16个不同类型。

二、综合学科分型法模式

1. 鼠疫菌型与鼠疫自然疫源地分型法模式:1973年,Мартиневский^[11]鼠疫菌类型与鼠疫自然疫源地分型联系起来。将世界部分鼠疫自然疫源地获得的559个鼠疫菌株分成16个类型,并与鼠疫自然疫源地相关性做了分析。

2. 鼠疫生物地理群落指征分型法模式:1981年,方喜业提出了鼠疫生物地理群落指征,两级分型法,三项指征命名法。1988年在《中国鼠疫自然疫源地》一文中正式发表,30年来在国内已被广泛应用^[12]。

中国鼠疫自然疫源地分型研究经历了30年,经

几代中国鼠疫学者用集体的智慧整合了百年中国鼠疫科学研究成果,分析了中国乃至世界鼠疫自然疫源地生物学的基本规律,寻求到鼠疫生物地理群落指征,两级分型法,三项指征命名法^[13-30]。回顾鼠疫自然疫源地分型研究的历史,“方法学”在现代科学研究中具有非常重要的意义。往往由于技术方法不当导致失败的经验教训屡见不鲜。在此侧重对鼠疫生物地理群落指征,两级分型法,三项指征命名法做重点介绍。

三、鼠疫生物地理群落指征、两级分型法、三项指征命名法

1. 鼠疫生物地理群落指征:鼠疫生物地理群落是由四大要素(指征)组成:指征一:鼠疫生态地理景观型;指征二:鼠疫菌主要基因组型;指征三:鼠疫主要宿主;指征四:鼠疫主要媒介。

(1)鼠疫生态地理景观型指征标准:①将鼠疫动物疫情资料标注到鼠疫生态地理景观图上,做到鼠疫主要宿主分布、鼠疫主要媒介分布、鼠疫菌主要基因组型疫点分布三要素整合。②将鼠疫主要宿主、鼠疫主要媒介疫点分布连接起来,作为鼠疫生态地理景观型一级分型指标。将鼠疫菌主要基因组型疫点分布区连接起来,作为生态地理景观亚型二级分型指标。③根据鼠疫生态地理景观指征标准,确定鼠疫生态地理景观型和鼠疫生态地理景观亚型特征。

(2)鼠疫菌主要基因组型指征标准:①鼠疫菌差异区段(DFR)基因组型分型法。②鼠疫菌多位点串联重复序列(MLVA)基因组型分型法。③鼠疫菌生物型分型法。④将分布在各鼠疫自然疫源地与宿主、媒介、鼠疫生态地理景观型具有相关性的鼠疫菌优势基因组型,定为鼠疫菌主要基因组型,其余定为次要基因组型。⑤鼠疫菌主要基因组型指征命名标准:首发地名(或具有代表性意义的地名)+鼠疫菌DFR主要基因组型/鼠疫菌MLVA主要基因组型。⑥鼠疫菌生物型,根据鼠疫菌对糖醇代谢的不同和鼠疫主要宿主的不同,将鼠疫菌划分为4个生物型:古典生物型、中世纪生物型、东方生物型、田鼠生物型。

(3)鼠疫主要宿主指征标准:①鼠疫菌主要基因组型的长期优势带菌者;②与鼠疫菌主要基因组型生态位相适应的宿主;③具有鼠疫菌主要基因组型相对感受性、敏感性、抗性的宿主;④具有频率较高菌血症的宿主;⑤冬眠或隐性带菌的宿主;⑥各疫源地分布广泛的优势动物宿主;⑦具季节性、周期性的动物鼠疫的宿主;⑧洞穴结构,直接为媒介昆虫,间接为鼠疫菌生存创造了稳定的小气候生态

环境的鼠疫主要宿主;⑨对形成鼠疫生物群落,维持鼠疫自然疫源性,维护鼠疫生物群落种族延续起主要作用宿主。

(4)鼠疫主要媒介指征标准:①鼠疫的特异性传播媒介;②鼠疫主要宿主的主要寄生蚤;③具有能形成相对较高频率菌栓的媒介;④与鼠疫菌主要基因组型生态位相适应媒介;⑤具有传播鼠疫菌的特异性结构与功能和主动寻求寄主本能的媒介。

2. 鼠疫生物地理群落指征两级分型法:第一级:鼠疫自然疫源地型=鼠疫生态地理景观型+鼠疫主要宿主;第二级:鼠疫自然疫源地亚型=鼠疫生态地理景观亚型+鼠疫主要宿主+鼠疫菌主要基因组型。

3. 鼠疫生物地理群落三项指征命名法:指征一:鼠疫生态地理景观型;指征二:鼠疫主要宿主;指征三:鼠疫菌主要基因组型。三项指征命名法中未采用鼠疫主要媒介指征,因为鼠疫主要媒介都是鼠疫主要宿主的主要寄生蚤,故略去。根据鼠疫生物地理群落指征标准建立了标准模式图(图1)。

四、鼠疫生物地理群落指征分型标准命名

1. 鼠疫生态地理景观型、鼠疫生态地理景观亚型分型标准命名:

A 天山森林草原鼠疫生态地理景观型: A1 西段森林草原鼠疫生态地理景观亚型; A2 中段森林草原鼠疫生态地理景观亚型; A3 东段森林草原鼠疫生态地理景观亚型。

B 帕米尔高原南天山高寒草原鼠疫生态地理景观型: B1 帕米尔高原(南天山)高寒草原鼠疫生态地理景观亚型。

C 青藏高原高寒草甸草原,高寒草原鼠疫生态地理景观型: C1 巴颜喀拉山高寒草甸草原鼠疫生态地理景观亚型; C2 念唐古拉山高寒草甸草原鼠疫生态地理景观亚型; C3 祁连

山高寒草甸草原鼠疫生态地理景观亚型; C4 中昆仑山高寒草原鼠疫生态地理景观亚型; C5 冈底斯山唐古拉山高寒草原鼠疫生态地理景观亚型。

D 蒙古高原典型草原鼠疫生态地理景观型: D1 呼伦贝尔典型草原鼠疫生态地理景观亚型。

E 察哈尔丘陵松辽平原典型草原鼠疫生态地理景观型: E1 察哈尔丘陵(松辽平原)典型草原鼠疫生态地理景观亚型。

F 甘宁黄土高原荒漠草原鼠疫生态地理景观型: F1 甘宁黄土高原半荒漠草原鼠疫生态地理景观亚型。

G 蒙古高原荒漠草原鼠疫生态地理景观型: G1 鄂尔多斯荒漠草原鼠疫生态地理景观亚型。

H 准噶尔盆地荒漠鼠疫生态地理景观型: H1 阿拉山口荒漠鼠疫生态地理景观亚型。

I 青藏高原高寒草甸草原鼠疫生态地理景观型: I1 石渠高寒草甸草原鼠疫生态地理景观亚型。

J 蒙古高原荒漠草原鼠疫生态地理景观型: J1 锡林郭勒荒漠草原鼠疫生态地理景观亚型。

K 滇西南横断山三江并流纵谷鼠疫生态地理景观型: K1 横断山三江并流纵谷剑川鼠疫生态地理景观亚型; K2 横断山三江并流纵谷丽江鼠疫生态地理景观亚型。

L 滇闽粤川平原居民区农田鼠疫生态地理景观型: L1 滇闽粤川平原(居民区农田)鼠疫生态地理景观亚型。

2. 鼠疫主要宿主标准命名: 灰旱獭(*Marmota baibacina*, Brunalt, 1843), 长尾旱獭(*Marmota caudata*, Jaguemont, 1844), 喜马拉雅旱獭(*Marmota himalayana*, Hodgson, 1841), 西伯利亚旱獭(*Marmota sibirica*, Radde, 1862), 长尾黄鼠(*Spermophilus undulatus*, Pallas, 1778), 达乌尔黄鼠(*Spermophilus dauricus*, Brundt, 1843), 阿拉善黄鼠(*Spermophilus alashanicus*, Büchner, 1888), 长爪沙鼠(*Meriones unguiculatus*, Milne-Edwards, 1867), 大沙鼠(*Rhombomys opimus*, Lichtenstein, 1823), 青海田鼠(*Lasiopodomys fuscus*, Büchner, 1889), 布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii*, Radde, 1861), 玉龙绒鼠(*Eotuenomys proditor*, Hinton, 1923), 高山姬鼠(齐氏姬鼠)(*Apodemus chevrieri*, Milne-Edwards, 1868), 黄胸鼠(*Rattus tanezumi*, Temminck, 1844)。

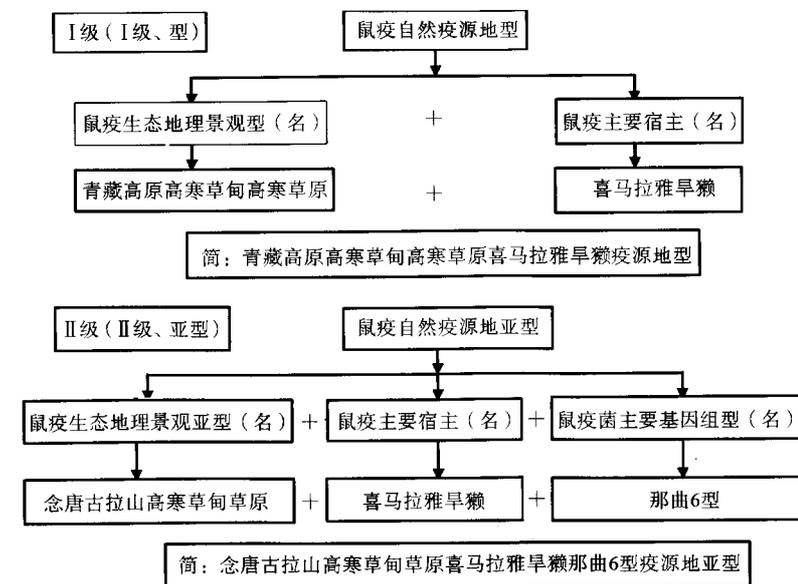


图1 鼠疫生物地理群落指征、两级分型法、三项指征命名法标准模式图

(*Meriones unguiculatus*, Milne-Edwards, 1867), 大沙鼠(*Rhombomys opimus*, Lichtenstein, 1823), 青海田鼠(*Lasiopodomys fuscus*, Büchner, 1889), 布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii*, Radde, 1861), 玉龙绒鼠(*Eotuenomys proditor*, Hinton, 1923), 高山姬鼠(齐氏姬鼠)(*Apodemus chevrieri*, Milne-Edwards, 1868), 黄胸鼠(*Rattus tanezumi*, Temminck, 1844)。

3. 鼠疫主要媒介标准命名: 人蚤(*Pulex irritans*), 印鼠客蚤(*Xenopsylla cheopis*), 同形客蚤指名亚种(*Xenopsylla conformis conformis*), 簇鬃客蚤(*Xenopsylla skrjabini*), 二齿新蚤(*Neopsylla bidentatiformis*), 阿巴盖新蚤

(*Neopsylla abagaitui*), 近代新蚤东方亚种(*Neopsylla pleskei orientalis*), 特新蚤指名亚种(*Neopsylla specialis*), 锐额狭臀蚤(*Stenischia angustifrontis*), 腹窦纤蚤深广亚种(*Rhadinopsylla li ventricosa*), 光亮额蚤(*Frontopsylla luculenta*), 棕形额蚤指名亚种(*Frontopsylla spadix spadix*), 角尖眼蚤指名亚种(*Ophthalmopsylla praefecta praefecta*), 原双蚤田野亚种(*Amphipsylla primaries mitis*), 直缘双蚤指名亚种(*Amphipsylla tuta tuta*), 谢氏山蚤(*Oropsylla silantiewi*), 方形黄鼠蚤蒙古亚种(*Citellophilus tesquorum mongolicus*), 方形黄鼠蚤松江亚种(*Citellophilus tesquorum sungaris*), 方形黄鼠蚤七河亚种(*Citellophilus tesquorum dzetysuensis*), 细沟盖蚤(*Callopsylla sparsolis*), 斧形盖蚤(*Callopsylla dolabris*), 秃病蚤蒙冀亚种(*Nosopsyllus laeviceps kuzenkovi*), 秃病蚤田鼠亚种(*Nosopsyllus laeviceps ellobii*), 不等单蚤(*Monopsyllus anisus*), 缓慢细蚤(*Leptopsylla segnis*), 臀突客蚤(*Xenopsylla minax*), 长吻角头蚤(*Echidnophaga oschanini*), 矩凹黄鼠蚤原始亚种(*Citellophilus lebedewi princeps*)。(注:黑体字为中国鼠疫特异性主要媒介)。

4. 鼠疫菌主要基因组型标准命名:

(1) 鼠疫菌 DFR/MLVA 主要基因组型标准命名: 见表1。

表1 鼠疫菌 DFR/MLVA 主要基因组型标准命名

疫源地型 排序代码	疫源地 亚型代码	DFR	MLVA
A	A1	温泉 1a 型	12 型
	A2	精河 3 型	14 型
	A3	玛纳斯 2a 型	3 型
B	B1	乌恰 4a 型	10 型
C	C1	扎多 5 型	44、45 型
	C2	那曲 6 型	34 型
	C3	祁连 8 型	26 型
	C4	和田 11 型	106 型
	C5	仲巴 10 型	75 型
D	D1	满洲里 10' 型	待定
E	E1	通辽 10 ² 型	81 型
F	F1	海原 13 型	114 型
G	G1	二连 11' 型	102 型
H	H1	阿拉山口 15 型	待定
	I1	石渠 14' 型	67 型
J	J1	阿巴嘎 14' 型	68、70 型
K	K1	剑川 7 型	48 型
	K2	待定	待定
L	L1	弥渡 9 型	59 型

(2) 鼠疫菌生物型标准命名: ①古典生物型、②中世纪生物型、③东方生物型、④田鼠生物型。

5. 中国鼠疫自然疫源地分型标准命名:

鼠疫自然疫源地型排序代码是用英文字母; 鼠疫自然疫源地亚型排序代码是用阿拉伯数字。

A 天山森林草原灰旱獭长尾黄鼠疫源地型: A1 西段森林草原灰旱獭长尾黄鼠温泉 1a 型疫源地亚型; A2 中段森林草原灰旱獭长尾黄鼠精河 3 型疫源地亚型; A3 东段森林草原灰旱獭长尾黄鼠玛纳斯 2a 型疫源地亚型。

B 帕米尔高原南天山高寒草原长尾旱獭灰旱獭疫源地型: B1 帕米尔高原(南天山)高寒草原长尾旱獭灰旱獭乌恰 4a 型疫源地亚型。

C 青藏高原高寒草甸草原, 高寒草原喜马拉雅旱獭疫源地型: C1 巴颜喀拉山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭扎多 5 型疫源地亚型; C2 念唐古拉山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭那曲 6 型疫源地亚型; C3 祁连山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭祁连 8 型疫源地亚型; C4 中昆仑山高寒草原喜马拉雅旱獭和田 11 型疫源地亚型; C5 冈底斯山唐古拉山高寒草原喜马拉雅旱獭仲巴 10' 型疫源地亚型。

D 蒙古高原典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠疫源地型: D1 呼伦贝尔典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠满洲里 10' 型疫源地亚型。

E 察哈尔丘陵松辽平原典型草原达乌尔黄鼠疫源地型: E1 察哈尔丘陵(松辽平原)典型草原达乌尔黄鼠通辽 10² 型疫源地亚型。

F 甘宁黄土高原荒漠草原阿拉善黄鼠疫源地型: F1 甘宁黄土高原半荒漠草原阿拉善黄鼠海原 13 型疫源地亚型。

G 蒙古高原荒漠草原长爪沙鼠疫源地型: G1 鄂尔多斯荒漠草原长爪沙鼠二连 11' 型疫源地亚型。

H 准噶尔盆地荒漠大沙鼠疫源地型: H1 阿拉山口荒漠大沙鼠阿拉山口 15 型疫源地亚型。

I 青藏高原高寒草甸草原青海田鼠疫源地型: I1 石渠高寒草甸草原青海田鼠石渠 14' 型疫源地亚型。

J 蒙古高原荒漠草原布氏田鼠疫源地型: J1 锡林郭勒荒漠草原布氏田鼠阿巴嘎 14' 型疫源地亚型。

K 滇西南横断山三江并流纵谷玉龙绒鼠高山姬鼠疫源地型: K1 横断山三江并流纵谷剑川玉龙绒鼠高山姬鼠剑川 7 型疫源地亚型; K2 横断山三江并流纵谷丽江玉龙绒鼠高山姬鼠(基因组型待定)疫源地亚型。

L 滇闽粤川平原居民区农田黄胸鼠疫源地型: L1 滇闽粤川平原(居民区农田)黄胸鼠弥渡 9 型疫源地亚型。

五、鼠疫自然疫源地分型的依据

鼠疫自然疫源地是由鼠疫菌、鼠疫宿主、鼠疫媒介和鼠疫生态地理景观四大要素组成。从某种意义上说, 鼠疫生态地理景观更为重要, 可以认为它是形成鼠疫自然疫源地的基础的基础。以喜马拉雅旱獭鼠疫自然疫源地为例, 虽然分布很广, 几乎遍布蒙古区、青藏区、西南区、中南区四大动物区系范围, 在这广大区域中自然地理环境型多样, 那里既有藏北高

原、昆仑山、横断山、喜马拉雅极高山,也有青藏高原半湿润区草甸与针叶林带、青藏高原半干旱区森林与草甸草原带、青藏高原干旱区干旱荒漠带、高寒荒漠带。上述这些都是较大的景观型,如果再进一步划分,就会更加繁杂多样。不是所有地块都能形成鼠疫自然疫源地,而能形成鼠疫自然疫源地发育最佳区域是青藏高原高寒草甸草原高寒草原带。这是因为鼠疫生态地理景观要素(气候、土壤、植被)决定了鼠疫主要宿主分布,而鼠疫主要宿主又决定了鼠疫媒介和鼠疫病原体的分布。因此,鼠疫生态地理景观型也就决定了喜马拉雅旱獭鼠疫自然疫源地的分布,同时也决定了鼠疫宿主、鼠疫媒介种属和鼠疫菌基因组型。鼠疫病原体也不是在任何条件下都能保存下来的。如果随意选择一块地区,人为投放鼠疫菌或带菌鼠蚤,有可能会暂时造成人间鼠疫的流行,但却不一定能在该地区长期扎根保存下来,形成鼠疫生物群落,构成鼠疫自然疫源地。在抗日战争时期,日本“731”细菌部队在中国南方投放过细菌弹(菌蚤),结果就是这样。所以,鼠疫自然疫源地四大要素是最佳反映鼠疫自然疫源地原生态结构,代表鼠疫自然疫源地最稳定的指征标准。采用四大要素作为区划鼠疫自然疫源地分型指征是科学的选择。

本文采取鼠疫自然疫源地指征两级分型法,是考虑到鼠疫自然疫源地型、鼠疫自然疫源地亚型的主从关系。采用三项指征命名法,是因为它既能概括鼠疫自然疫源地原生态结构,又能直观反映鼠疫自然疫源地生物学特征的最佳命名法。通过命名便可了解该鼠疫自然疫源地型的生物学基本规律及其鼠疫生态地理景观型、鼠疫菌主要基因组型、鼠疫主要宿主、鼠疫主要媒介的生物学特征。

如果日后能开展国际合作,采用鼠疫生物地理群落指征,两级分型法,三项指征命名法,很有可能对全球的鼠疫自然疫源地进行分型。

参 考 文 献

- [1] Song Y, Tong Z, Wang J, et al. Complete genome sequence of *Yersinia pestis* strain 91001, an isolate avirulent to humans. *DNA Res*, 2004, 11(3): 179-197.
- [2] Zhou D, Han Y, Dai E, et al. Identification of signature genes for rapid and specific characterization of *Yersinia pestis*. *Microbiol Immunol*, 2004, 48(4): 263-269.
- [3] Zhou D, Tong Z, Song Y, et al. Genetics of metabolic variations between *Yersinia pestis* biovars and the proposal of a new biovar, *microtus*. *J Bacteriol*, 2004, 186(15): 5147-5152.
- [4] Wang X, Zhou D, Qin L, et al. Genomic comparison of *Yersinia pestis* and *Yersinia pseudotuberculosis* by combination of suppression subtractive hybridization and DNA microarray. *Arch Microbiol*, 2006, 186(2): 151-159.
- [5] Wang X, Han Y, Li Y, et al. *Yersinia* genome diversity disclosed by *Yersinia pestis* genome-wide DNA microarray. *Can J Microbiol*, 2007, 53(11): 1211-1221.
- [6] Li Y, Cui Y, Hauck Y, et al. Genotyping and phylogenetic analysis of *Yersinia pestis* by MLVA: insights into the worldwide expansion of Central Asia plague foci. *PLoS One*, 2009, 4(6): e6000.
- [7] 崔玉军. 鼠疫耶尔森氏菌基因组多态性数据库及鉴定溯源系统研究(博士学位论文). 北京: 军事医学科学院微生物流行病学研究所, 2008.
- [8] Леви МИ. Природная Очаговость и Эпизоотология Чумы 133. Мед Москва, 1965.
- [9] Фенюк БК. Экологические Факторы очаговости и Эпизоотологии Чумы Грызунов 2. Значение Второстепенных Носителей Чумы. Тд. Научн. Конфер. Поевщ 25-летию юб. ин-та "Микроб" август 1944г Ф37-50 Изд. ин-та "Микроб" Саратов, 1948.
- [10] Ралль ЮМ. Природная Очаговость и Эпизоотология Чумы 1229. Мед Москва, 1965.
- [11] Мартиневский ИЛ: Генетика, 1979(12): 2134.
- [12] 方喜业. 鼠疫自然疫源地. 北京: 人民卫生出版社, 1988.
- [13] 内蒙古鼠防所. 内蒙古地区鼠疫杆菌的菌型及其分布. 鼠疫防治参考资料, 1978(5): 105.
- [14] 滕云峰. 新疆鼠疫自然疫源地的分布特征及其类型的划分. 中华流行病学杂志, 1979, 5 特1: 15-19.
- [15] 纪树立, 贺建国, 滕云峰. 中国鼠疫自然疫源地发现与研究. 中华流行病学杂志, 1990, 11 特1: 1-42.
- [16] 方喜业. 中国鼠疫自然疫源地分型研究. 北京: 中国医学科学院流行病学微生物学研究所, 1978.
- [17] 方喜业. 中国鼠疫自然疫源地的分型及其动物流行病学的研究. 北京: 中国医学科学院流行病学微生物学研究所, 1980.
- [18] 方喜业, 王光明. 鼠疫动物病学. 西宁: 青海省地方病防治研究所, 1981.
- [19] 纪树立. 鼠疫. 北京: 人民卫生出版社, 1988.
- [20] 贺雄, 王虎, 王祖郎, 等. 现代鼠疫概论. 北京: 科学出版社, 2010.
- [21] 刘纪有, 张万荣. 内蒙古鼠疫. 呼和浩特: 内蒙古人民出版社, 1997.
- [22] 张鸿猷, 盛广吉, 汤国厚. 新疆鼠疫. 地方病通报编辑部, 1994.
- [23] 云南省流行病研究所. 云南省流行病资料汇编. 大理: 云南省流行病研究所, 1973.
- [24] 朱锦沁. 青海自然疫源地生物学特性及流行病学意义研究. 西宁: 青海地方病预防控制中心, 1995.
- [25] 江森林, 刘振才. 吉林省鼠疫自然疫源地现状研究. 长春: 吉林人民出版社, 2007.
- [26] 甘肃省医学科学研究所. 地方病研究资料选辑. 兰州: 甘肃省地方病防治研究所, 1963(3): 8-14.
- [27] 秦长青. 甘宁黄土高原阿拉善黄鼠疫源地. 中国鼠疫自然疫源地. 人民卫生出版社, 1988: 162-187.
- [28] 曾庆国. 西藏地区流行病学与医学动物. 拉萨: 西藏军区后勤卫生部, 1975.
- [29] 俞东征. 鼠疫动物流行病学. 北京: 科学出版社, 2009.
- [30] 方喜业, 王光明. 中国鼠疫菌种内类型分型准则及命名的探讨. 北京: 中国医学科学院流行病学微生物学研究所, 1980.

(收稿日期: 2011-12-06)

(本文编辑: 尹廉)