

# 中国鼠疫自然疫源地分型研究

## VII. 中国鼠疫自然疫源地分型生物学特征

方喜业 杨瑞馥 许磊 刘起勇 董兴齐 张荣祖 于心 秦长育 龚正达  
周冬生 崔玉军 李艳君 叶瑞玉 鲁亮 张金桐 李贵昌

**【摘要】** 目的 研究中国鼠疫自然疫源地分型。方法 根据中国鼠疫自然疫源地鼠疫生态地理景观学、鼠疫耶尔森菌基因组学、鼠疫宿主动物学、鼠疫媒介昆虫学特征,提出“鼠疫生物地理群落指征、两级分型法和三项指征命名法”;区划中国鼠疫自然疫源地型及其亚型。结果 中国鼠疫自然疫源地分为12型19亚型。阐明中国鼠疫自然疫源地生物学特征。结论 中国鼠疫自然疫源地型及其亚型的划分,为掌握其生物学基本规律奠定基础。

**【关键词】** 鼠疫自然疫源地;鼠疫生态地理景观学;鼠疫耶尔森菌基因组学;鼠疫宿主动物学;鼠疫媒介昆虫学

**Ecological-geographic landscapes of natural plague foci in China VII. Typing of natural plague foci** FANG Xi-ye<sup>1</sup>, YANG Rui-fu<sup>2</sup>, XU Lei<sup>3</sup>, LIU Qi-yong<sup>4</sup>, DONG Xing-qi<sup>5</sup>, ZHANG Rong-zu<sup>6</sup>, YU Xin<sup>7</sup>, QIN Chang-yu<sup>8</sup>, GONG Zheng-da<sup>5</sup>, ZHOU Dong-sheng<sup>2</sup>, CUI Yu-jun<sup>2</sup>, LI Yan-jun<sup>2</sup>, YE Rui-yu<sup>1</sup>, LU Liang<sup>4</sup>, ZHANG Jin-tong<sup>2</sup>, LI Gui-chang<sup>4</sup>. 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 Institute of Zoology of Chinese Academy of Sciences; 4 National Institute for Communicable Disease Control and Prevention of Chinese Center for Disease Control and Prevention, State Key Laboratory for Infectious Diseases Prevention and Control; 5 Yunnan Provincial Institute of Endemic Disease Control and Prevention; 6 Institute of Geography of Chinese Academy of Sciences; 7 Xinjiang Uygur Autonomous Region Center for Disease Control and Prevention; 8 Ningxia Autonomous Region Center for Disease Control and Prevention

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

This work was supported by a grant from the Ministry of Science and Technology, China (No. 2008ZX10004-010).

**【Abstract】 Objective** To group and characterize natural plague foci in China. **Methods** A novel two-class typing method as well as a three-indication nomenclature method were established to group and characterize the natural plague foci, on the basis of eco-geographical landscapes of plague foci, genetics of *Yersinia pestis*, zoology of rodent reservoirs and the entomology of flea vectors. **Results** A total of 12 distinct natural plague foci (including 19 subtypes) as well as their biological features were characterized. **Conclusion** Natural plague foci in China were grouped and characterized in this study.

**【Key words】** Natural plague foci; Eco-geographical landscapes; Genetics of *Yersinia pestis*; Rodent zoology; Flea entomology

### 中国鼠疫自然疫源地分型研究是揭示中国鼠疫

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.11.011

基金项目: 国家科技重大专项(2008ZX10004-010)

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、周冬生、崔玉军、李艳君、张金桐); 中国科学院动物研究所(许磊); 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、鲁亮、李贵昌); 云南省地方病研究所(董兴齐、龚正达); 中国科学院地理研究所(张荣祖); 新疆维吾尔自治区疾病预防控制中心(于心、叶瑞玉); 宁夏回族自治区疾病预防控制中心(秦长育)

通信作者: 方喜业, Email: xiye Fang@hotmail.com; 杨瑞馥, Email: yangrf@nic.bmi.ac.cn

自然疫源地结构与功能、掌握鼠疫生物学基本规律及建立鼠疫自然疫源地理论体系的基础,有助于揭示鼠疫自然疫源地鼠疫菌起源进化遗传演化规律及对世界鼠疫科学基本规律的认识,也为中国鼠疫预防控制、应急反恐、生物安全及其监测预警技术平台体系建设奠定基础。

### 资料与方法

1. 资料来源: 包括中国鼠疫自然疫源地信息资源(鼠疫宿主、媒介及鼠疫菌基因组型的分布和鼠疫

生物地理群落基础要素)、中国综合自然地理环境要素(综合自然地理、植被、动物区划和动物地理分布)等资料<sup>[1-11]</sup>。

2. 研究方法:包括中国鼠疫生态地理景观型分型法<sup>[12]</sup>,鼠疫菌差异区段/多位点串联重复序列(DFR/MLVA)主要基因组型分型法<sup>[13]</sup>,鼠疫菌生物型分型法<sup>[14]</sup>,鼠疫宿主、媒介分类<sup>[15,16]</sup>,鼠疫生物地理群落指征、两级分型和三项指征命名法<sup>[17]</sup>,中国鼠疫自然疫源地分型<sup>[17]</sup>,中国鼠疫自然疫源地型和亚型区划<sup>[17]</sup>。

### 结 果

1. 中国鼠疫自然疫源地型和亚型分布:根据鼠疫自然疫源地生物地理群落指征、两级分型法和三项指征命名法分型<sup>[17]</sup>,中国鼠疫自然疫源地分为 12 个型 19 个亚型<sup>[1,2]</sup>(图 1)。

2. 中国鼠疫自然疫源地型和亚型生物学特征<sup>[3-10]</sup>:

(1)天山森林草原灰旱獭长尾黄鼠自然疫源地型(A):该疫源地型中国部分于 1955 年由原长春中央鼠疫防治所和新疆防疫队首次证实(该疫源地型早在 1901 年前苏联已记录)。主要宿主为灰旱獭(*Marmota baibacina* Brunalt, 1843)和长尾黄鼠(*Spermophilus undulatus* Pallas, 1778)。主要媒介是谢氏山蚤(*Oropsylla silantiewi*)、方形黄鼠蚤七河亚种(*Citellophilus tesquorum dzetysuensis*)。该疫源地型在我国境内有 3 个疫源地亚型,是天山鼠疫自然疫源地型组成部分(图 1 和表 1)。目前被认为是我国所有疫源地中最古老的疫源地型。

(2)帕米尔高原南天山高寒草原长尾旱獭灰旱獭自然疫源地型(B):该疫源地型位于帕米尔高原北坡,由帕米尔高原包括南天山组成,与前苏联帕米尔阿莱疫源地同属一块疫源地,已于 1956 年由原长春中央鼠疫防治所和新疆防疫队首次证实(图 1 和表 2)。主要宿主为长尾旱獭、灰旱獭,主要媒介

是谢氏山蚤腹窦纤蚤深广亚种(*Rhadinopsylla liventricasa*)。有学者主张应划分为 2 个疫源地亚型,但其生态地理景观、主要宿主和媒介、鼠疫菌主要基因组型完全相同,故将该疫源地划为一个型。

(3)青藏高原高寒草甸草原高寒草原喜马拉雅旱獭自然疫源地型(C):该疫源地型于 1954 年由原长春中央鼠疫防治所和青海鼠疫联合调查队首次证实(图 1 和表 3)。主要宿主是喜马拉雅旱獭(*Marmota himalayana* Hodgson, 1841),主要传播媒介是斧形盖蚤(*Callopsylla dolabris*)、谢氏山蚤。该疫源地是世界分布广、面积大、流行猛烈、危害严重、异常活跃的疫源地,分布于喜马拉雅山脉、冈底斯山、喀拉昆仑山、唐古拉山、巴颜喀拉山、阿尔金山、祁连山、横断山(塔里木盆地、柴达木盆地周边)、三江并流纵谷景观区。由于受多种生态地理环境要素影响,形成了鼠疫生态地理景观的多态性,造就了鼠疫自然疫源地的多样性。该疫源地型有 5 个鼠疫自然疫源地亚型。在鼠疫自然疫源地起源进化、鼠疫菌遗传演化及其生物群落种族延续中发挥重要作用

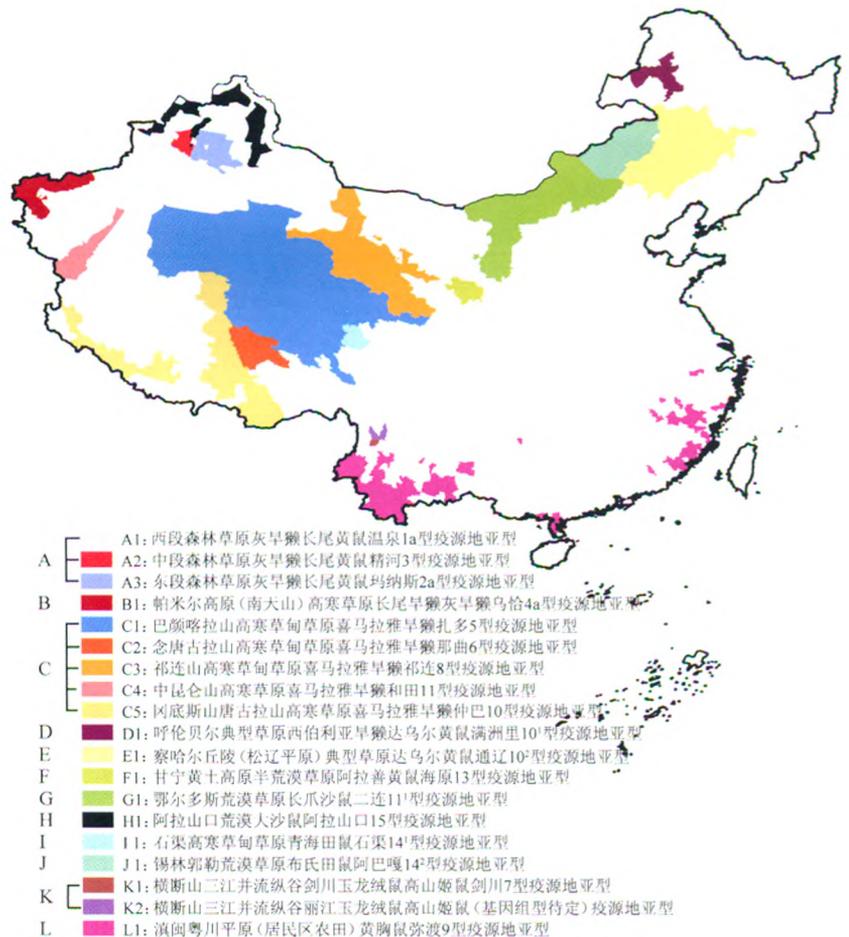


图 1 中国鼠疫自然疫源地型和亚型分布

表 1 天山森林草原灰旱獭长尾黄鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布		
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA				
A	天山森林草原灰旱獭长尾黄鼠型	A1 西段森林草原灰旱獭长尾黄鼠温泉 1a 型	天山森林草原	灰旱獭、长尾黄鼠	谢氏山蚤、方形黄鼠蚤七河亚种	温泉 1a 型	12 型	古典型	尼勒克、温泉、伊宁、精河		
		A2 中段森林草原灰旱獭长尾黄鼠精河 3 型				精河 3 型	14 型			古典型	乌苏、精河
		A3 东段森林草原灰旱獭长尾黄鼠玛纳斯 2a 型				玛纳斯 2a 型	3 型				

用,是具有重要科学研究价值的疫源地。

(4)蒙古高原典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠自然疫源地型(D):该疫源地型最早于 1911 年由巴尔扎特首先证实,是前苏联外贝加尔鼠疫自然疫源地和蒙古国东部鼠疫自然疫源地的延伸部分(图 1 和表 4)。主要宿主是西伯利亚旱獭(*Marmota sibirica* Radde, 1862)、达乌尔黄鼠(*Spermophilus dauricus* Brundt, 1843),主要媒介是谢氏山蚤方形黄鼠蚤蒙古亚种(*Citellophilus tesquorum mongolicus*)。该疫源地型是蒙古高原阿尔泰山、抗爱山形成的鼠疫自然疫源地组成部分。20 世纪初该疫源地型曾十分活跃,其南部边缘的中国境内部分是引发 1910、1920 年东北肺鼠疫大流行的发源地。由于商贸超数量捕獭,从 1923 年后该疫源地型中国境内部分再未发生动物或人间鼠疫,处于静息状态。

(5)察哈尔丘陵松辽平原典型草原达乌尔黄鼠自然疫源地型(E):该疫源地型最早由伍连德于

1917—1920 年报道。主要宿主是达乌尔黄鼠,次要宿主是褐家鼠(*Rattus norvegicus*);主要媒介是方形黄鼠蚤松江亚种(*Citellophilus tesquorum sungaris*),次要媒介是印鼠客蚤(*Xenopsylla cheopis*),后者在传播人间鼠疫中起着重要作用(图 1 和表 5)。该疫源地型是我国境内相对独立的疫源地型,由察哈尔丘陵和松辽平原两大生态地理景观组成。松辽平原鼠疫自然疫源地景观部分由于大规模“灭鼠拔源”,大面积植树造林,开垦农田,工业用地,致使主要宿主达乌尔黄鼠密度大幅下降,原始典型草原景观发生极大变化。

(6)甘宁黄土高原荒漠草原阿拉善黄鼠自然疫源地型(F):该疫源地型于 1962 年首次由宁夏回族自治区防疫队发现(图 1 和表 6)。主要宿主是阿拉善黄鼠(*Spermophilus alschanicus* Buchner, 1843),主要传播媒介是方形黄鼠蚤蒙古亚种。该疫源地型是黄鼠疫源地中惟一由中世纪生物型鼠疫菌引发的典

表 2 帕米尔高原南天山高寒草原长尾旱獭灰旱獭自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
B	帕米尔高原南天山高寒草原长尾旱獭灰旱獭型	B1 帕米尔高原(南天山)高寒草原长尾旱獭灰旱獭乌恰 4a 型	帕米尔高原南天山高寒草原	长尾旱獭、灰旱獭	谢氏山蚤、腹窦纤蚤深广亚种	乌恰 4a 型	10 型	古典型	乌恰、阿克陶、阿合奇

表 3 青藏高原高寒草甸草原高寒草原喜马拉雅旱獭自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布		
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA				
C	青藏高原高寒草甸草原喜马拉雅旱獭型	C1 巴颜喀拉山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭扎多 5 型	青藏高原高寒草甸草原	喜马拉雅旱獭	斧形盖蚤、谢氏山蚤	扎多 5 型	44、45 型	古典型	都兰、格尔木、冷湖镇、芒崖、玛沁、玛多、称多、玉树、囊谦、扎多、治多、曲麻莱、碌曲、若羌、安多、聂荣、巴青、丁青、昌都、察雅、且末		
		C2 念唐古拉山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭那曲 6 型				那曲 6 型	34 型			古典型	那曲、比如
		C3 祁连山高寒草甸草原喜马拉雅旱獭祁连 8 型				祁连 8 型	26 型			古典型	阿克塞、夏河、玉门、循化、祁连、门源、甘南、会源、德合哈、天峻、都兰、刚察、共和、贵德、海宴、湟源、冯忠、同德、乌兰泽、同仁
		C4 中昆仑山高寒草原喜马拉雅旱獭和田 11 型				和田 11 型	106 型 11 型			中世纪型	和田、洛浦
		C5 冈底斯山唐古拉山高寒草原喜马拉雅旱獭仲巴 10 型				仲巴 10 型	75 型			古典型	仲巴、萨嘎、昂仁、错那、达孜、堆龙德庆、噶尔、加查、拉萨、郎县、林周、隆子、乃东、南林林、尼木、普兰、曲水、墨竹工卡、曲松、当雄

型内陆鼠疫自然疫源地型,对鼠疫菌鼠疫自然疫源地起源与演化研究具有重要意义。

(7)蒙古高原荒漠草原长爪沙鼠自然疫源地型(G):该疫源地型于1954年首次由内蒙古自治区鼠疫防治所记录(图1和表7)。主要宿主是长爪沙鼠(*Meriones unguiculatus* Milne-Edwards, 1867),主要传播媒介是同形客蚤指名亚种(*Xenopsylla conformis conformis*)、秃病蚤蒙冀亚种(*Nosopsyllus laeviceps kuzenkov*)。该疫源地型是我国内陆由中世纪生物型鼠疫菌形成的典型相对独立的鼠疫自然疫源地型,是中世纪生物型鼠疫菌形成的鼠疫自然疫源地典型代表。

(8)准噶尔盆地荒漠大沙鼠自然疫源地型(H):该疫源地型中国境内部分于2005年由新疆维吾尔自治区疾病预防控制中心首次证实(图1和表8),是中亚哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦以梭梭为主要植被形成的荒漠鼠疫自然疫源地型。主要宿主是大沙鼠(*Rhombomys opimus* Lichtenstein, 1823),主要媒介为臂突客蚤(*Xenopsylla minax*)、长吻角头蚤(*Echidnophaga oschanini*)。鼠疫菌主要基因组型暂定为阿拉山口15型,是典型的中世纪生物型鼠疫菌形成的疫源地型。新疆大沙鼠疫源地环绕准噶尔盆

地荒漠大部分地区疫源地面积相当大。该疫源地是中亚哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦大沙鼠疫源地组成部分,其生态地理景观、主要宿主、主要媒介、鼠疫菌基因组型基本相同,二者应是统一的疫源地型。

(9)青藏高原高寒草甸草原青海田鼠自然疫源地型(I):该疫源地型于1987年由四川省石渠县疾病预防控制中心发现,主要宿主是青海田鼠(*Lasiopodomys fuscus* Büchner, 1889),主要传播媒介是细钩盖蚤(*Callopsylla sparsilis*)和直缘双蚤指名亚种(*Amphipsylla tuta tuta*) (图1和表9)。该疫源地型与布氏田鼠疫源地型的鼠疫菌生物学特征基本类同,二者有许多相似的生物学特性,只引发有限动物鼠疫,对人 不致病。

(10)蒙古高原荒漠草原布氏田鼠自然疫源地型(J):该疫源地型我国境内部分由前内蒙古自治区锡林郭勒盟卫生防疫站于1970年首次发现(图1和表10)。主要宿主是布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii* Radde, 1861),主要传播媒介是原双蚤田野亚种(*Amphipsylla primaries mitis*)。该疫源地型是蒙古抗爱山阿尔泰山布氏田鼠鼠疫自然疫源地的组成部分,中国布氏田鼠鼠疫自然疫源地型位于南部边缘。该疫源地型鼠疫菌最突出的特点:对实验小鼠、

表4 蒙古高原典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
D	蒙古高原典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠型	D1 呼伦贝尔典型草原西伯利亚旱獭达乌尔黄鼠满洲里10'亚型	蒙古高原典型草原	西伯利亚旱獭、达乌尔黄鼠	谢氏山蚤、方形黄鼠蚤蒙古亚种	满洲里10'型	待定	古典型	满洲里、喜桂图、陈巴尔虎

表5 察哈尔丘陵松辽平原典型草原达乌尔黄鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
E	察哈尔丘陵松辽平原典型草原达乌尔黄鼠型	E1 察哈尔丘陵(松辽平原)典型草原达乌尔黄鼠通辽10'亚型	察哈尔丘陵松辽平原典型草原	达乌尔黄鼠	方形黄鼠蚤松江亚种	通辽10'型	81型	古典型	通辽、泰来、农安、榆树、扶余、前郭、干安、大安、镇赉、白城、洮安、通榆、长岭、双辽、怀德、建平、阜新、扎赉特、科右前、乌兰浩特、突泉、科右中、科左后、库伦、奈曼、开鲁、阿鲁科尔沁、巴林左、翁牛特、敖汉、赤峰、喀喇沁、克什克腾、林西、正蓝、正镶白、镶黄、化德、商都、西苏、康保

表6 甘宁黄土高原荒漠草原阿拉善黄鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
F	甘宁黄土高原荒漠草原阿拉善黄鼠型	F1 甘宁黄土高原半荒漠草原阿拉善黄鼠海原13型	甘宁黄土高原荒漠草原	阿拉善黄鼠	方形黄鼠蚤蒙古亚种	海原13型	114型	中世纪型	海原、固原、西吉、会宁、靖远

表7 蒙古高原荒漠草原长爪沙鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
G	蒙古高原荒漠草原长爪沙鼠型	G1 鄂尔多斯荒漠草原长爪沙鼠二连11'亚型	蒙古高原荒漠草原	长爪沙鼠	同形客蚤	二连11'型	102型	中世纪型	康保、化德、商都、正蓝、正镶白、镶黄、西苏、东苏、太仆寺、二连、察右后、四子王、武川、达茂、固阳、包头、白云、乌拉特中后、乌拉特前、杭锦后、临河、鄂托克、鄂托克前、陶乐、银川、灵武、盐池

长爪沙鼠呈现高感受性、高敏感性,毒力较强,少量菌体(1000个)便引发全部实验种群死亡,但对豚鼠以上的大型动物,如黄鼠、旱獭、羊、猴,包括人在内则完全相反,对人 不致病,呈现低感受性,低敏感性,毒力很弱。

(11)滇西南横断山三江并流纵谷玉龙绒鼠高山姬鼠自然疫源地型(K):该疫源地型于1975年由云南省流行病防治研究所首次发现(图1和表11)。主要宿主是玉龙绒鼠(*Eotuenomys proditor* Hinton, 1923)和 高山姬鼠(*Apodemus chevrieri* Milne-Edwards, 1868),主要媒介是锐额狭臂蚤(*Stenischia angustifratis*)和特新蚤(*Neopsylla specialis*)。该疫源地型滇闽粤川平原居民区农田黄胸鼠自然疫源地型都位于横断山中段,是印度板块和大陆板块衔接段;为青藏高原与云贵高原交会处及三江并流纵谷景观区;是古北界和东洋界动物区系的接合部。气候、土壤、植被、地形、地貌的水平、垂直变化均颇为明显,形成了显著差异的地理环境多态性,促成了生物和鼠疫自然疫源地的多样性。在这一景观区分布的鼠疫宿主、媒介、鼠疫菌基因组型、种类种群数量,明显高于其他景观区。该疫源地型的主要宿主目前并不能确切落实,还有待进一步证实。(注:因目前该疫源地型主要宿主资料不足,还不能确定是同一主要宿

主还是不同主要宿主,现将该疫源地型暂定为同一主要宿主的两个亚型。如果日后工作确定两个亚型的主要宿主是两个不同主要宿主,再改成两个疫源地型,各自一个疫源地亚型。)

(12)滇闽粤川平原居民区农田黄胸鼠自然疫源地型(L):耶尔森氏和北里氏于1894年在中国香港首次发现鼠疫菌,从而确定了该疫源地型(图1和表12)。主要宿主是黄胸鼠(*Rattus tanezumii* Temminck, 1844),主要媒介是印鼠客蚤(*Xenopsylla cheopis*),鼠疫菌DFR主要基因组型是弥漫9型、MLVA基因组型是59型,鼠疫菌生物型是东方生物型。该疫源地位于滇西南横断山区三江并流纵谷景观区是东方生物型鼠疫菌的发源地,是引发第三次世界鼠疫自然疫源地的原发地,是形成世界次生性鼠疫自然疫源地的起源地。东方生物型鼠疫菌是鼠疫菌领域扩张的典型事例,是当代现世纪对环境生态位最适应、最活跃、最具生命力的鼠疫菌型,并为鼠疫菌起源进化最突出的代表。

### 讨 论

中国鼠疫自然疫源地分型研究是我国鼠疫研究成果的总结与继承<sup>[18-23]</sup>。本研究遵循“进化论”生物地理群落整体观、动态进化等生物科学理念<sup>[24-30]</sup>,分

表8 准噶尔盆地荒漠大沙鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
H	准噶尔盆地荒漠大沙鼠型	H1阿拉山口荒漠大沙鼠阿拉山口15亚型	准噶尔盆地荒漠	大沙鼠	臂突客蚤、长角头蚤	阿拉山口15型	待定	中世纪型	阿拉山口、克拉玛依

表9 青藏高原高寒草甸草原青海田鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
I	青藏高原高寒草甸草原青海田鼠型	I1石渠高寒草甸草原青海田鼠石渠14'亚型	青藏高原高寒草甸草原	青海田鼠	细钩盖蚤、直缘双蚤指名亚种	石渠14'型	67型	田鼠生物型	石渠

表10 蒙古高原荒漠草原布氏田鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
J	蒙古高原荒漠草原布氏田鼠型	J1锡林郭勒荒漠草原布氏田鼠阿巴嘎14'亚型	蒙古高原荒漠草原	布氏田鼠	原双蚤、田野亚种	阿巴嘎14'型	68型、70型	田鼠生物型	东苏、阿巴嘎、阿巴哈纳尔、西乌、东乌

表11 滇西南横断山三江并流纵谷玉龙绒鼠高山姬鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态地理景观型	主要宿主	主要媒介	主要基因组型		鼠疫菌生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
K	滇西南横断山三江并流纵谷玉龙绒鼠高山姬鼠型	K1横断山三江并流纵谷剑川玉龙绒鼠高山姬鼠剑川7亚型	滇西南横断山三江并流纵谷	玉龙绒鼠、高山姬鼠	锐额狭臂蚤、特新蚤指名亚种	剑川7型	48型	古典型	剑川
		K2横断山三江并流纵谷丽江玉龙绒鼠高山姬鼠亚型(基因组型待定)							

表12 滇闽粤川平原居民区农田黄胸鼠自然疫源地型生物学特征

疫源地型 代码	鼠疫自然疫源地		鼠疫生态 地理景观型	主要 宿主	主要 媒介	主要基因组型		鼠疫菌 生物型	地区分布
	型(I级)	亚型(II级)				DFR	MLVA		
L	滇闽粤川 平原居民 区农田黄 胸鼠型	L1 滇闽粤 川平原(居 民区农田) 黄胸鼠弥 渡9亚型	滇闽粤川 平原居民 区农田	黄胸鼠	印鼠 客蚤	弥渡 9型	59型	东方型	剑川、大理、下关、祥云、巍山、保山、腾冲、施甸、龙陵、潞西、梁河、盈江、瑞丽、合浦、廉江、遂溪、海康、永定、华安、南靖、漳浦、漳州、龙海、晋江、南安、安溪、永春、德化、仙游、莆田、闽侯、福州、古田、周宁、建阳、邵武、光泽、政和、浦城、温州、乐清、瑞安、方成、庆元、上饶、万年、临安、南城

析了中国鼠疫自然疫源地鼠疫菌及其起源、进化和遗传的规律；建立了中国鼠疫自然疫源地分型理论体系及区划标准；提出了直观反映鼠疫自然疫源地结构原生态基本规律的“鼠疫自然疫源地生物地理群落两级分型法和三项指征命名法”，明确阐述了鼠疫自然疫源地型、亚型及其生物学特征。

中国鼠疫自然疫源地分型研究，不仅说明了生物学的基本规律，揭示了中国鼠疫自然疫源地乃至世界鼠疫自然疫源地生物学特征<sup>[31-48]</sup>。为中国鼠疫预防控制、应急反恐、生物安全、监测预报、软件技术平台体系建设提供了科学依据。有助于自然疫源性疾病生物学基础理论建设，有助于对世界鼠疫自然疫源地基本规律的认识。我国凭借百余年中国鼠疫科学资源和独有的鼠疫菌种库、鼠疫宿主和媒介、鼠疫自然疫源地类型多样性等资源，为准确监测预报鼠疫应急事件，精确预警、生物安全、恐怖事件提供科学依据，为促进国际合作创造了条件<sup>[6,11,49-54]</sup>。

参 考 文 献

[1] Ji SL, He JG, Teng YF, et al. The discovery and research for natural plague foci in China. Chin J Epidemiol, 1990, 11 Suppl 1: 1-42. (in Chinese)  
纪树立, 贺建国, 滕云峰, 等. 中国鼠疫自然疫源地的发现与研究. 中华流行病学杂志, 1990, 11(特1): 1-42.

[2] Fang XY. Natural focuses of plague in China. Beijing: People's Medical Publishing House, 1990: 1-33. (in Chinese)  
方喜业. 中国鼠疫自然疫源地. 北京: 人民卫生出版社, 1990: 1-33.

[3] Zhang G, Zhang GJ, Wang SR, et al. Survey of natural focuses of plague and epidemic situations in China. Chin J Ctrl Endem Dis, 2002, 17(2): 101. (in Chinese)  
张贵, 张贵军, 王身荣, 等. 中国鼠疫自然疫源地及疫情概况. 中国地方病防治杂志, 2002, 17(2): 101.

[4] Xiao DL, Sun XH, Gang SL. Plague prevention in China (1991-2000). Beijing: Ministry of Health of the People's Republic of China, 2003. (in Chinese)  
肖东楼, 孙新华, 江森林. 中国鼠疫及其防治(1991-2000). 北京: 中华人民共和国卫生部疾病控制局, 2003.

[5] Huang BW. Sixty years of studies on integrated physical geography. Beijing: China Meteorological Press, 1993. (in Chinese)  
黄炳维. 自然地理综合工作六十年. 北京: 气象出版社, 1993.

[6] Lin ZG. China climate. Beijing: China Meteorological Press, 1987. (in Chinese)  
林之光. 中国气候. 北京: 气象出版社, 1987.

[7] Institute of Botany, the Chinese Academy of Sciences. Vegetation Division of China. Beijing: Science Press, 1959. (in Chinese)  
中国科学院植物研究所. 中国植被区划. 北京: 科学出版社,

1959.

[8] Zhang RZ. Zoogeography of China. Beijing: Science Press, 2004: 1-5, 167-393. (in Chinese)  
张荣祖. 中国动物地理. 北京: 科学出版社, 2004: 1-5, 167-393.

[9] Zhang RZ. Chinese mammal distribution. Beijing: China Forestry Publishing House, 1997. (in Chinese)  
张荣祖. 中国哺乳动物分布. 北京: 中国林业出版社, 1997.

[10] Yang QY, Zheng D, Wu SH. Study of Ecological geographic system in China. Progress in Natural Science, 2002, 12(3): 287-291. (in Chinese)  
杨勤业, 郑度, 吴绍洪. 中国的生态地域系统研究. 自然科学进展, 2002, 12(3): 287-291.

[11] Liu YP, Tan JA, Shen RL. The atlas of plague and its environment in the People's Republic of China. Beijing: Science Press, 2000: 36-73. (in Chinese)  
刘云鹏, 谭见安, 沈尔礼. 中华人民共和国鼠疫与地理环境图集. 北京: 科学出版社, 2000: 36-73.

[12] Fang XY, Xu L, Liu QY, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China I. Ecological geographic landscapes of natural plague foci. Chin J Epidemiol, 2011, 32(12): 1232-1236. (in Chinese)  
方喜业, 许磊, 刘起勇, 等. 中国鼠疫自然疫源地分型研究 I. 生态地理景观特征. 中华流行病学杂志, 2011, 32(12): 1232-1236.

[13] Fang XY, Zhou DS, Cui YJ, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China III. Biological characteristics of major DFR/MLVA-based genotypes of *Yersinia pestis*, China. Chin J Epidemiol, 2012, 33(5): 536-539. (in Chinese)  
方喜业, 周冬生, 崔玉军, 等. 中国鼠疫自然疫源地分型研究 III. 鼠疫耶尔森菌 DFR/MLVA 主要基因组型生物学特征. 中华流行病学杂志, 2012, 33(5): 536-539.

[14] Fang XY, Zhou DS, Cui YJ, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China IV. Characterization of biovars of *Yersinia pestis*, China. Chin J Epidemiol, 2012, 33(6): 626-629. (in Chinese)  
方喜业, 周冬生, 崔玉军, 等. 中国鼠疫自然疫源地分型研究 IV. 鼠疫耶尔森菌生物型生物学特征的探讨. 中华流行病学杂志, 2012, 33(6): 626-629.

[15] Qin CY, Xu L, Zhang RZ, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China V. Biological characteristics of major natural reservoirs of *Yersinia pestis*. Chin J Epidemiol, 2012, 33(7): 692-697. (in Chinese)  
秦长育, 许磊, 张荣祖, 等. 中国鼠疫自然疫源地分型研究 V. 鼠疫宿主生物学特征. 中华流行病学杂志, 2012, 33(7): 692-697.

[16] Gong ZD, Yu X, Liu QY, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China VI. Biological characteristics of natural vectors of *Yersinia pestis*. Chin J Epidemiol, 2012, 33(8): 818-822. (in Chinese)  
龚正达, 于心, 刘起勇, 等. 中国鼠疫自然疫源地分型研究 VI. 鼠疫主要媒介生物学特征. 中华流行病学杂志, 2012, 33(8): 818-822.

[17] Fang XY, Yang RF, Liu QY, et al. Ecological geographic landscapes of natural plague foci in China II. Research on the typing methods for natural plague foci. Chin J Epidemiol, 2012, 33(2): 234-238. (in Chinese)

- 方喜业, 杨瑞馥, 刘起勇, 等. 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. 中华流行病学杂志, 2012, 33(2):234-238.
- [18] Wang SC, Song YF. Development of plague study. Beijing: China Environmental Science Press, 1988. (in Chinese)  
王淑纯, 宋延富. 鼠疫研究进展. 北京: 中国环境科学出版社, 1988.
- [19] Ji SL, Yu DZ. Progress of plague research in recent years. Beijing: China Environmental Science Press, 1988: 1-11. (in Chinese)  
纪树立, 俞东征. 近年来鼠疫研究的某些进展. 北京: 中国环境科学出版社, 1988: 1-11.
- [20] Wang SC. Plague surveillance and control. Beijing: China Environmental Science Press, 1988:12-24. (in Chinese)  
王淑纯. 鼠疫的监测和控制. 北京: 中国环境科学出版社, 1988: 12-24.
- [21] Pollitzer R. Plague. World Health Organization Monograph Series No. 22. Geneva: World Health Organ, 1954: 698.
- [22] 中国预防医学中心流行病学微生物学研究所. 中国鼠疫自然疫源地的发现与研究. 中共中央地方病防治领导小组办公室, 1984.
- [23] Geng GY. Epidemiology (I). Beijing: People's Medical Publishing Houses, 1981. (in Chinese)  
耿贯一. 流行病学. 上册. 北京: 人民卫生出版社, 1981.
- [24] Shang JH. Progress of classification of *Yersinia pestis*/progress of plague study. Beijing: China Environmental Science Press, 1988: 79-85. (in Chinese)  
商景宏. 鼠疫菌分类的进展//鼠疫研究进展. 北京: 中国环境科学出版社, 1988:79-85.
- [25] В.М Туманский: ЖМЭИ, 1957(6):3-7.
- [26] 方喜业. 鼠疫论文专辑. 北京: 中华流行病学杂志编辑部, 1982: 86-90.
- [27] Qin CY, Gong Y, Pan XT, et al. Character of *Yersinia pestis* in Ningxia *Spermophilus alashanicus* plague natural foci/progress of plague study. Beijing: China Environmental Science Press, 1988: 288-297. (in Chinese)  
秦长育, 公允, 潘喜田, 等. 宁夏阿拉善黄鼠鼠疫自然疫源地鼠疫菌株特性及其流行病学意义//鼠疫研究进展. 北京: 中国环境科学出版社, 1988:288-297.
- [28] 张旭帆. 鼠疫论文专辑. 北京: 中华流行病学杂志编辑部, 1982: 94-97.
- [29] He JG. Some problems about eliminate plague in Jilin province/progress of plague study. Beijing: China Environmental Science Press, 1988:389-391. (in Chinese)  
贺建国. 关于吉林省根除鼠疫巩固工作的几个问题//鼠疫研究进展. 北京: 中国环境科学出版社, 1988:389-391.
- [30] Darwin C. Origin of species. Wordsworth Editions Ltd., 1998.
- [31] Sun RY. Elementary of animal ecology. Beijing: Beijing Normal University Press, 2001: 383-532. (in Chinese)  
孙儒泳. 动物生态学原理. 北京: 北京师范大学出版社, 2001: 383-532.
- [32] Gage KL. Topley and Wilson's microbiology and microbial infections // Collier L, Balows A, Sussman M. Plague. Vol.3. 9th ed. London: Arnold, 1998:885-904.
- [33] Gage KL. Plague surveillance and Plague manual. Geneva: World Health Organ, 1998: 135-165.
- [34] Gage KL, Ostfeld RS, Olson JG. Nonviral vector-borne zoonoses associated with mammals in the United States. J Mammal, 1995, 76(3):695-715.
- [35] Gage KL, Thomas RF, Monteneri JA. The role of predators in the ecology, epidemiology, and surveillance of plague in the United States. Davis: Univ. Calif. Press, 1994:200-206.
- [36] Inglesby TV, Dennis DT, Henderson DA, et al. Plague as a biological weapon. JAMA, 2000, 283:2281-2290.
- [37] Adair DM, Worsham PL, Hill KK, et al. Diversity in a variable-number tandem repeat from *Yersinia pestis*. J Clin Microbiol, 2000, 38: 1516-1519.
- [38] Alekseev EV. Ecological-geographic characteristics of natural centers of plague (use of the database of epizootiological investigations). Ekologiya, 1992, 6:45-51.
- [39] Anisimov AP. Factors of *Yersinia pestis* providing circulation and persistence of plague pathogen in ecosystems of natural foci. Mol Gen Mikrobiol Virusol, 2002, 4:3-11.
- [40] Anisimov AP, Lindler LE, Pier GB. Intraspecific diversity of *Yersinia pestis*. Clin Microbiol Rec, 2004, 17:434-464.
- [41] Barnes AM. Surveillance and control of bubonic plague in the United States. Symp Zool Soc London, 1982, 50:237-270.
- [42] Burroughs AL. Sylvatic plague studies. The vector efficiency of nine species of fleas compared with *Xenopsylla cheopis*. J Hyg, 1994, 43:371-396.
- [43] Carniel E. Evolution of pathogenic *Yersinia*, some lights in the dark. Adv Exp Med Biol, 2003, 529:3-12.
- [44] Dennis DT. Plague as an emerging disease// Scheld WM, Craig WA, Hughes JM. Emerging infections. Washington DC: ASM Press, 1998:169-183.
- [45] Devignat R. Varieties del espece *Pasteurella pestis* Nouvelle hypothese. Bull World Health Organ, 1951, 4:242-263.
- [46] Domaradsky IV. Is not plague a "protonosis"? Med Parazitol, 1999, 2:10-13.
- [47] Gayskii NA. Infection and immunity in hibernating animals. Izvestiya Irkutskogo Gosudarstvennogo protivochumnogo institute Sibiri I Dalnege Vostoka, Irkutsk. Russ: Irkutsk Antiplague Ins. Siberia Far East, 1944, 5:82-123.
- [48] Gorschkov OV, Savostina EP, Popov YA, et al. Genotyping *Yersinia pestis* strains from various natural foci. Mol Gen Mikrobiol Virusol, 2000, 3:12-17.
- [49] Huang X, Chu MC, Engelthaler DM, et al. Genotyping of a homogeneous group of *Yersinia pestis* strains isolated in the United States. J Clin Microbiol, 2002, 40:1164-1173.
- [50] Hubbert WT, Goldenberg MI. Natural resistance to plague: genetic basis in the vole (*Microtus californicus*). Am J Clin Microbiol, 1970, 40:1164-1173.
- [51] Kalabukhov NL. The structure and dynamics of natural foci of plague. J Hyg Epidemiol Microbiol, 1965, 9:147-159.
- [52] Kucheruk VV. Experience in classification of natural foci of plague in Holarctic Eurasia. Med Parazitol, 1960, 28:5-15.
- [53] Kucheruk VV. Paleogenesis of plague natural foci in connection with history of rodent fauna. Faunai Ekologija Grizunov. Moscow: Izdatelstvo MGU, 1965:5-86.
- [54] Gage KL, Kosoy MY. Natural history of plague: perspectives from more than a century of research. Annu Rev Entomol, 2005, 50:505-528.

(收稿日期:2012-08-15)

(本文编辑:张林东)