

吉林省森林脑炎自然疫源地结构及预测

郭存三* 姜铁梅* 韩忠江* 秦天占* 阙世波* 丁焕然* 林渭淮*
李淑清* 骆洪钧* 张维清* 孙长健** 吕守儒** 潘风#

吉林省自1952年发现森林脑炎(森脑)以来，有关单位先后协作[1~4]对森脑进行了细致的研究，并制定了有效的防治措施，取得了很多的成绩。但是，也发现森脑发病率的波动性及疫源地的可变性。为了掌握疫源地的规律性，1957年以来，我们对疫源地的范围及强度进行了调查并查阅有关资料，对吉林省森脑病毒的生态学、疫源地强度的演变有所了解，并结合防治工作提出了数学预测模型，现摘要报告如下：

吉林省森林景观分类

吉林省林区主要是由长白山主脉及其支脉所组成，植被是温带针阔混交林，根据采伐抚育情况可分成原始林、针阔混交林、过伐次生林(次生林)及人造次生林(人造林)四类。我们在四类林型中13种生境(表1)进行了森脑疫源地的调查。

表1 森脑调查地点的森林景观分类

采伐情况	调查地点的生境
原 始 林	1 针叶混交林
· 针阔混交林	2 阔叶为主针阔混交林(阔针林)
	3 针叶为主针阔混交林(针阔林)
	4 阔叶混交林
	5 阔叶针叶等比林(针阔等比林)
	6 阔针林被采伐后的迹地(采伐迹地)
	7 火烧迹地
	8 落叶松沼泽地
	9 苔草地
次 生 林	10 桦树为主次生林(桦树次生林)
	11 青杨为主次生林(青杨次生林)
	12 桦树次生林
人 造 林	13 人造次生林(人造林)

森脑病毒的生态学

森脑病毒的生态学问题近十几年在国外仍

在进行研究而未能完善的解决，国内也未见系统报导。根据吉林省调查结果的综合分析，我们提出了吉林省森脑自然疫源地的结构及森脑病毒在自然界的循环——森脑病毒的生态学。

一、媒介问题：

1. 病毒在人间传播主要是单媒介，但也偶见其它次要媒介，国内外已自多种蜱、螨及吸血昆虫分离出森脑病毒，吉林省已自全沟蜱、日本血蜱、康辛血蜱、全沟蜱的幼虫、稚虫以及革螨、恙螨分离出森脑病毒，但是由调查证明仅全沟蜱雌性成蜱是人间传播森脑的主要媒介，因此是单媒介，其他蜱、螨昆虫是次要的，其理由如下：①森脑疫源地的主要林型(针阔混交林)中，全沟蜱是优势种；②全沟蜱的季节消长曲线与人间发病曲线相吻合；③疫源地人群及森脑病人主要受全沟蜱雌性成虫叮咬；④全沟蜱的带毒率(森脑)最高；⑤采取防蜱叮咬措施后发病率下降；⑥其他蜱、螨及吸血昆虫不符合上述条件。

2. 疫源地中各种带毒(或血清阳性)动物其体外寄生吸血昆虫是多种多样的，并由体内分出森脑病毒，但是以全沟蜱数量最大，带毒率最高，且可在不同变态期分离出病毒，因此全沟蜱也是动物间传播森脑病毒的主要媒介。

二、宿主问题：大哺乳动物体外主要携带成蜱，仅带少量稚蜱，而未发现幼蜱及螨类；小哺乳动物、鸟类主要带幼、稚蜱，仅个别发现有成蜱吸血，但是在它们的体外可发现大量螨类；各种鼠类(棕背䶄、花鼠、林姬鼠)携带病毒，并自鼠、狗、牛、羊等血清中检查出森脑抗体，因此可以确信，蜱的饲养宿主不是单一

*吉林省卫生防疫站

**湾沟林业局卫生防疫站

#大石头林业局卫生防疫站

的，一般是三宿主的；而病毒贮存宿主也不是单个而是多种类的。但是由于自饥饿的全沟蝉幼、稚、成蝉（包括不吸血的雄蝉）体内分出病毒，而吸血蝉分离率并不高于饥饿蝉，动物血清阳性率较高以及森脑疫源地分布与全沟蝉分布相结合等现象，而使我们认识到森脑病毒主要是在全沟蝉体内循环传递的，全沟蝉不仅是媒介，也是主要病毒贮存宿主。

三、病毒在自然界的循环：成蝉主要寄生于大动物，幼稚蝉、螨主要寄生于小动物，不同昆虫分别起到不同宿主间的媒介作用。当昆虫在寄生动物身上吸血的过程中，就可以将森脑病毒输给易感动物，反过来带毒的动物又可以将病毒输给昆虫，如此循环不已而构成了病毒在宿主和媒介间的传递。不同变态期的全沟蝉不仅起到主要媒介的作用，而且也是病毒的主要贮存宿主，因此根据上述调查结果我们设想病毒在自然界的循环图（图1）。

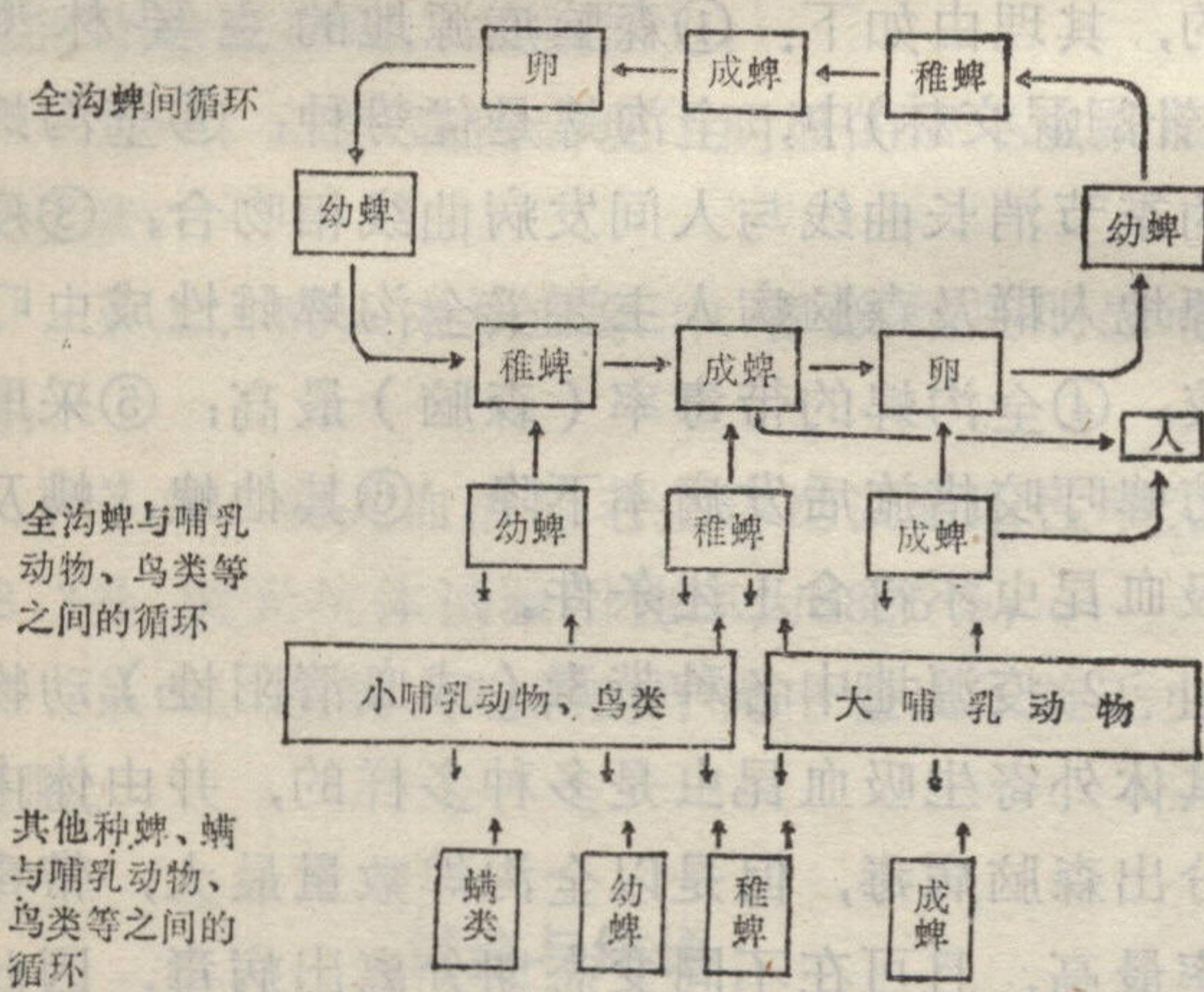


图1 森脑病毒在自然界的循环

不同生境中森脑疫源地的强度及演变

吉林省森林中，存在着森脑自然疫源地早已证实，但是各种林型生境是否皆具有疫源性，疫源地的强度是否一致以及随着森林的抚育更新对疫源地有何影响等问题是我们掌握森脑疫源地的规律性、加强防治工作所必须。

吉林省森脑疫源地在各种林型中分布是不均衡的、但也看出它的规律性以及随着自然环境的变化而疫源地也在演变。

针阔混交林中的阔针林、阔叶林、阔针等

比林、针阔林及其新的采伐迹地中，森脑病毒的分离率最高，且全沟蝉密度也最大，因此这里不仅存在着森脑疫源地而且其强度也最大，只不过随着阔叶树的增多而加强、随着树木的采伐而减弱。由于上述5种生境中所占面积最大，树木已待采，采伐后的迹地也将进入大批人来清林、植树，人们将频繁的接触，因此在这里的森脑疫源地的严重性更有着实际意义。国内外调查皆说明针阔混交林是全沟蝉生长最多的地方，这里不仅存在大量蝉的饲养宿主，由于树木郁闭度大，湿度大还存在全沟蝉生存的最适宜的条件。采伐地虽与前4种生境有明显区别，但由于刚刚采伐，这里也保存前种生境中的动物相，仅数量稍有变化，因此我们认为吉林省针阔林中的5种生境森脑疫源地的性质是相仿的，均可称“强度疫源地”。

桦树林、青杨林及柞树林都是采伐后的次生林（自然更新，在此种生境中全沟蝉大大减少而血蝉相对增多，林姬鼠变成优势鼠种，因此与前者“强度疫源地”来比较有所不同，但自桦树林的蝉中及林姬鼠脑内分离出森脑病毒分离率很低，说明次生林中还是存在森脑疫源地，而其强度虽然比前者减弱，但3种生境中仍有差异，桦树林中全沟蝉较多，青杨林也相仿，但柞树林中全沟蝉已明显减少，而血蝉占绝对优势。疫源地的构成可能是采伐后疫源减弱但未消失，很可能还受附近疫源地的影响而传入。

落叶松沼泽地、苔草地的生境构成了特殊的生物群落，蝉指数最低，全沟蝉最少，康辛血蝉成为优势种，并发现了森林革蝉，未曾由这里的蝉、鼠中分离出病毒，也可能分离数量较少有关，因此尚待进一步调查，但是可以肯定如果存在疫源地那也是微弱的。此外落叶松沼泽地内，地面潮湿，采伐后木材运输不便，而多在冬季地面结冰后采伐及运输，苔草地很少有人入内，因此这两种生境实际意义是较小的。

火烧迹地中未证实森脑疫源地的存在，但当次生林生长茂密，破坏的生物群落恢复，其

森脑疫源又传入也得到证实。

原始林尚缺少资料，有待今后工作弥补。人造林中目前也未证实，但根据火烧迹地情况可以说明如具备一定条件，森脑疫源也可能输入的。

森脑自然疫源地的预测

森脑最早仅在苏联远东发现，但近20~30年来相继有15个国家发现本病，虽然一些国家对森脑进行了研究，但是有些地方其危害仍很大。苏联一些地方近20年来病例不仅增多，而且曾在远东、西伯利亚、哈萨克斯坦、乌拉尔等地流行，尤其苏联的拉脱维亚一些地区（1963~1973）森脑病例直线上升^[5]。各地在调查中不仅发现蝉的带毒率在同一年份由于地区不同而有明显变化外，就是在同一地区，由于不同年份自然带毒率的变化也是很大的，因此一些国家进行了森脑疫源地监测及疫源地强度的研究。虽然一些作者已先后提出了不同的预测方法，但是都强调以蝉的带毒率为指标，尤其提到用单个蝉来分离检测病毒，这样既不经济又费时间，虽近年对病毒检查方法上有所改进^[6, 7]，但仍存在一些问题。我们在调查中曾发现全沟蝉的比重——全沟蝉在总蝉数的构成多少与其携带森脑病毒的高低有明显关系^[3]，以后经过调查（1964~65年）又证实其可重复性。现将结果报告如下：

一、在调查中发现蝉指数与森脑疫源地强度的关系不明显，而与全沟蝉比重有明显关系，即当全沟蝉比重在60%以下时目前皆未证实有森脑疫源地的存在（可能是微弱的），但当全沟蝉比重超过60%时，不仅可由蝉中分离出病毒，而且比重越大阳性也越高。这一现象已在不同林型，以及同林型不同地点、同地点不同样地、同样地不同时间（不同季节）和年份所证实。但是在同样地同时间由蝉分离病毒工作中，由于蝉自然带毒率较低（用二项式校正带毒率最高仅为16.8%），故样本较小时难免由于抽样误差所造成错误的结论。因此，我们认为必须有足够的蝉进行分离病毒才能

有实际意义，而Мишин的方法样本较小，显然难免出现这种误差。根据吉林省调查材料证明：

1. 病毒在自然界的循环是多宿主、多媒介的，但全沟蝉是主要宿主和主要媒介；
2. 各种林型疫源地的强、弱与全沟蝉的多少有明显关系；
3. 全沟蝉带毒率最高；
4. 人受感染主要由于全沟蝉的叮咬。

由29个点的资料可看出，当全沟蝉的比重小于57.1时（9个点）皆未分出森脑病毒，而当其比重在68.1以上时（20个点）除一个点外全分离出病毒，而且全沟蝉比重越大其分离率也越高（图2）而近似一双曲线形。

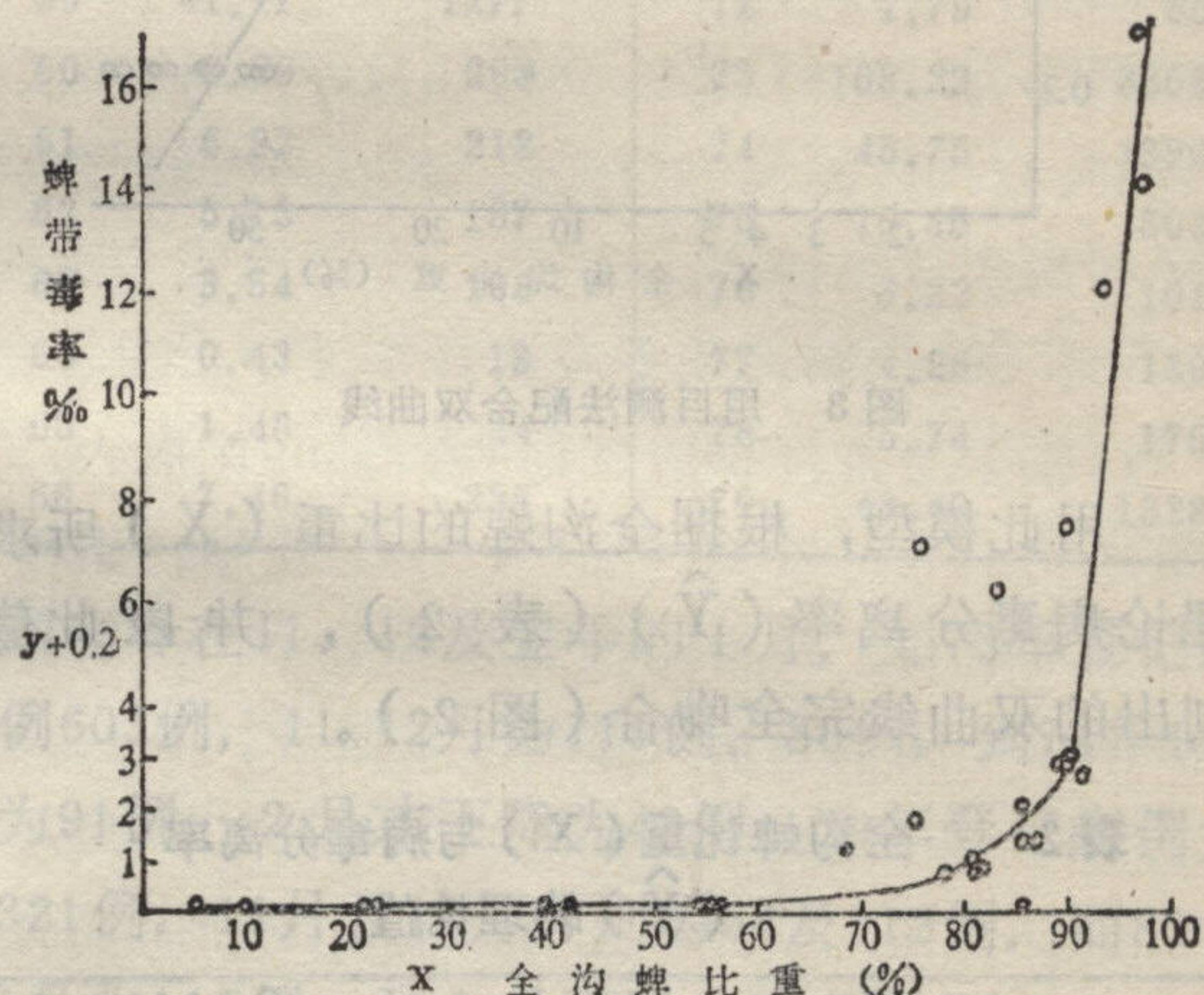


图2 全沟蝉比重与森林脑炎病毒带毒率的关系

为此，我们设想用全沟蝉比重为指标而不用分离病毒，计算出双曲线的数学模型用此来推测带毒率。

①设X：全沟蝉比重：

\hat{Y} ：予测值（蝉带毒率）

②双曲线以对数形式表示而用以下方程：

$$\lg y = a - b \lg (k - x)$$

③设 $\hat{Y} = Y + 0.2$ $k = 100$ 全沟蝉比重理论最大值为100%

④用双对数纸将29对($X^1 Y^1$)制成图3。

⑤以目测法做一直线并取 $P_1 P_2$ 两点

⑥由 $P_1 P_2$ 两点计算出直线方程如下：

$$\frac{\lg y_2 - \lg y_1}{\lg x_2 - \lg x_1} = \frac{\lg \hat{y}_2 - \lg \hat{y}_1}{\lg x_2 - \lg x_1}$$

⑦代入方程而求出数学公式为：

$$\lg(\hat{y} + 0.2) = 2.067 - 1.574 \lg(100 - x)$$

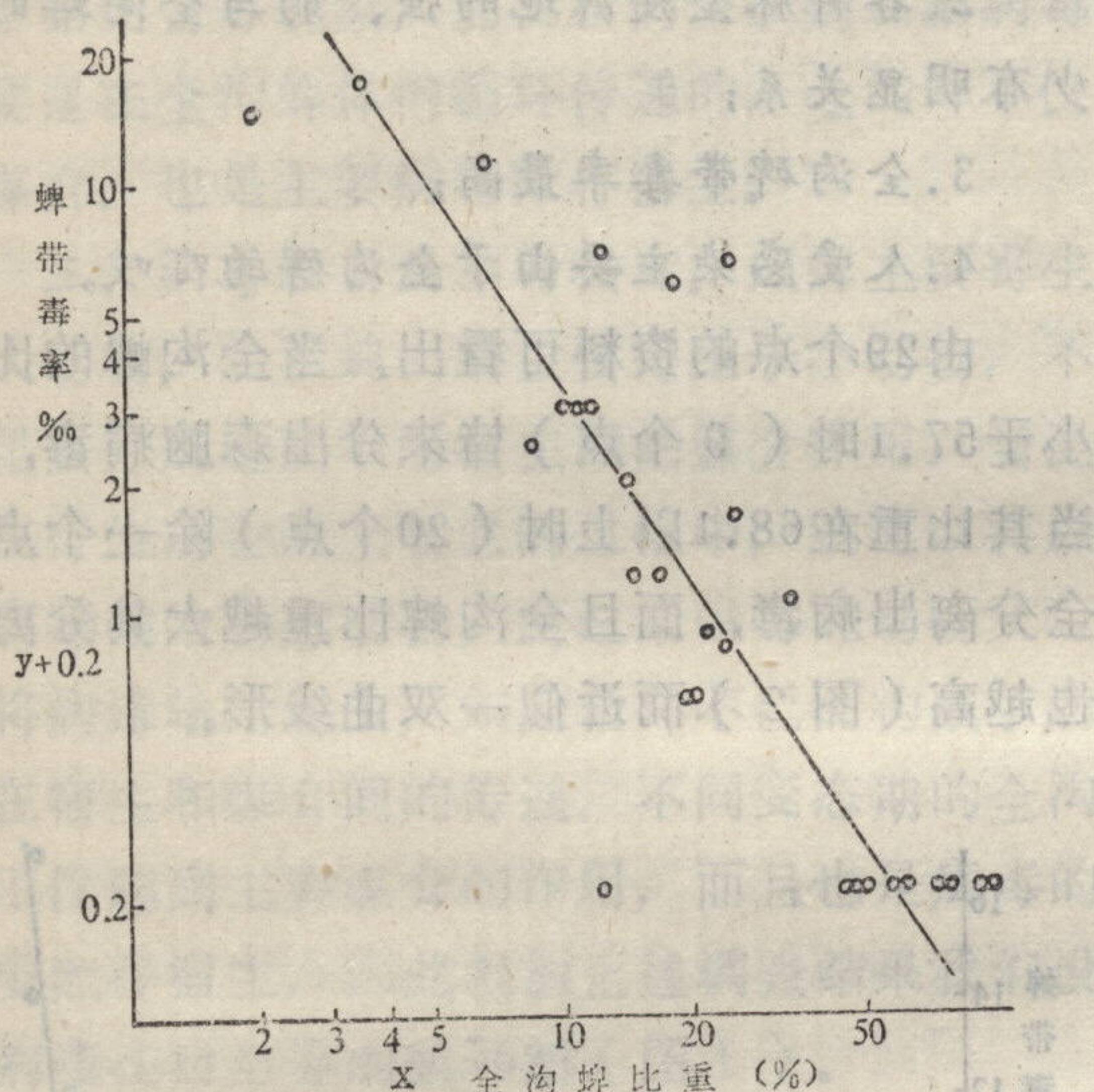


图3 用目测法配合双曲线

用此模型，根据全沟蜱的比重（X）所求理论病毒分离率（ \hat{Y} ）（表2），并以此值划出的双曲线完全吻合（图2）。

表2 全沟蜱比重（X）与病毒分离率（ \hat{Y} ）的理论值

X	\hat{Y}	X	\hat{Y}
0	0	75	0.54
10	0	80	0.84
20	0	85	1.44
30	0	90	2.91
40	0	92	4.22
50	0.05	94	6.75
60	0.15	96	12.96
65	0.23	98	39.00
70	0.34	99	116.49

$$\lg(\hat{Y} + 0.2) = 2.067 - 1.574 \lg(100 - X)$$

此项指标不仅于1962~65年我们在森脑调查工作中不断证实，而且也适用于国内外一些地区[8、9]。这些地区资料通过我们计算，病

毒的分离率高低同样与全沟蜱比重大小有关。

关于蜱指数年度变化，虽然蜱指数与蜱带毒率间未见明显关系，且各年各地及不同生境中蜱指数也不一致，但在一个样地一个年度蜱的季节指数变化中，可见四月下旬蜱指数的多少与全年总的蜱指数多少有极明显的关系（ $r = 0.994$ ）（表3）。

表3 1954~65年蜱指数关系

年份	四月下旬	全年
1954	62.0	38.43
1955	92.2	68.20
1959	6.0	7.83
1960	32.1	20.0
1964	42.1	29.26
1965	1.6	8.35

$$r = 0.994 \quad \text{回归方程 } y = 0.6534 + 1.793$$

二、根据蜱的长年调查资料，可以看出年初与全年的蜱指数是有关系的（表3），但蜱指数与病毒分离率未见明显关系是容易理解的，因为不同地区不同生境中蜱的组成各异，即使在非森林无本病而有蜱的地区，蜱指数也有一定数量，而森脑疫源地强度主要与全沟蜱有关，因此我们在预测疫源地强度（R）时，计算全沟蜱指数更为确切，即： $R = \text{蜱的带毒率} (\hat{Y}) \times \text{蜱指数} \times \text{全沟蜱比重}$ 。此种预测方法不仅简单、快速、准确，并且可避免在分离病毒时由于小样本而带来的抽样误差。

参 考 文 献

- 森林脑炎防治调查研究资料汇编，中国林业出版社，1956，北京。
- 东北自然疫源调查队：东北地区自然疫源地调查报告，1960。
- 吉林省卫生防疫站卫生防疫资料汇编，第6号，1963。
- 刘育京、蒋豫图等：中国人民解放军军事医学科学院院刊，1，1979。
- Бавенко ЛВ и др: Мед Пар Бол, 5: 533, 1975.
- Коникова РЕ и др: Воп Вир, 2: 159, 1970.
- Rehacek J et al: Hyg Epid Micro Immunol, 15 (4): 424, 1971.
- 张宗葆等：流行病学杂志，10: 41, 1965。
- Silber LA et al: Am Rev Sov Med, 5: 3, 1946.