

DOI:10.13350/j.cjpb.230904

• 论著 •

## 福建省蚤类携带巴尔通体调查及基因特征分析\*

念宇炜<sup>1</sup>,周淑姮<sup>2</sup>,王加熊<sup>2</sup>,韩腾伟<sup>2</sup>,郑奎城<sup>1,2\*\*</sup>,肖方震<sup>1,2\*\*</sup>

(1. 福建医科大学公共卫生学院, 福建福州 350122; 2. 福建省疾病预防控制中心, 福建省人兽共患病研究重点实验室)

**【摘要】** 目的 了解福建省蚤类携带巴尔通体(*Bartonella spp.*)情况以及基因特征。方法 在福建省晋江市、平和县、三明市沙县区、上杭县及古田县采用笼日法捕获鼠类并采集其体表寄生蚤,对蚤类进行鉴定分类。提取蚤标本DNA,采用qPCR扩增巴尔通体 *ssrA* 基因,阳性样品采用PCR扩增巴尔通体 *gltA* 基因并测序,进行序列比对分析。

**结果** 共采集各类蚤 632 匹,qPCR 扩增巴尔通体 *ssrA* 基因阳性 226 匹,巴尔通体感染率 35.76%。其中,印鼠客蚤、不等单蚤、缓慢细蚤、近端远棒蚤感染率分别为 36.45%(222/609)、12.50%(1/8)、16.67%(1/6)、100.00%(2/2),适存病蚤、猫蚤、福建新蚤均未检出巴尔通体。不同蚤种跳蚤巴尔通体感染率差异无统计学意义( $P>0.05$ )。5 个采样点采集的蚤类均检出巴尔通体,其中晋江市感染率为 46.60%(89/191),平和县为 33.95%(55/162),古田县为 31.50%(40/127),沙县区为 24.21%(23/95),上杭县为 33.33%(19/57)。不同地区蚤类巴尔通体感染率差异具有统计学意义( $\chi^2=16.663, P<0.05$ )。不同性别( $\chi^2=14.250$ )、宿主( $\chi^2=15.301$ )、生境( $\chi^2=13.264$ )的蚤类巴尔通体感染率差异均有统计学意义(均  $P<0.05$ )。福建省蚤类感染的巴尔通体存在 *B. tribocorum*、*B. queenslandensis*、*B. elizabethae*、*B. rochalimae* 和 *B. coopersplainsensis* 等 5 种巴尔通体基因型,其中 *B. tribocorum* 占 36%,为福建省优势种。**结论** 福建省蚤类巴尔通体感染率较高且具有多样性特征,存在将巴尔通体传染给人及动物的风险。

**【关键词】** 巴尔通体;蚤;调查;遗传进化分析

**【中图分类号】** R384.3

**【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1673-5234(2023)09-1012-05

[Journal of Pathogen Biology. 2023 Sep;18(9):1012-1016.]

**Genotype characteristics of *Bartonella* and the infection in fleas in Fujian Province, China**

NIAN Yuwei<sup>1</sup>, ZHOU Shuheng<sup>2</sup>, WANG Jiexiong<sup>2</sup>, HAN Tengwei<sup>2</sup>, ZHENG Kuicheng<sup>1,2</sup>, XIAO Fangzhen<sup>1,2</sup> (1. Public Health School of Fujian Medical University, Fuzhou 350122, China; 2. Fujian Provincial Key Laboratory of Zoonosis Research, Fujian Provincial Center for Disease Control and Prevention) \*\*

**【Abstract】 Objective** To investigate the infection and genetic characteristics of *Bartonella* in fleas in Fujian Province.

**Methods** Fleas were collected from the body surface of rats caught by live-capture trap in Jinjiang, Pinghe, Shaxian, Sanming, Shanghang and Gutian, which were sorted and identified. The fleas were detected for *Bartonella ssrA* gene by qPCR. *Bartonella gltA* gene of positive samples were amplified by PCR. The PCR products were sequenced and underwent phylogenetic analysis. Infection rates were compared using the Chi-square test or Fisher's precision probability test.

**Results** In total, 632 fleas were collected, the positive rate was 35.76%. Among different rodent species, the positive rates of *Bartonella* were 36.45%, 12.50%, 16.67%, 100.00% for *Xenopsylla cheopis*, *Monopsyllus anisus*, *Leptopsylla*, *Aviostivalius klossi*. *Bartonella* was not detected in *Nosopsyllus nicanus*, *Ctenocephalides felis*, *Neopsylla fukienensis*. There was no significant statistical differences between different flea species ( $P>0.05$ ). In terms of regions, *Bartonella* were detected at all sampling sites. The prevalence in Jinjiang was 46.60%, 33.95% in Pinghe, 31.50% in Gutian, 24.21% in Shaxian, and 33.33% in Shanghang, with a statistical difference in the infection rate between the five regions ( $\chi^2=16.663, P<0.05$ ). The differences in positivity rates across sexes ( $\chi^2=14.250$ ), hosts ( $\chi^2=15.301$ ), habitats ( $\chi^2=13.264$ ) were statistically significant ( $P<0.05$ ). There are five *Bartonella* genotypes in Fujian Province, including *B. tribocorum*, *B. queenslandensis*, *B. elizabethae*, *B. rochalimae* and *B. coopersplainsensis*, of which *B. tribocorum* accounted for 36% and is the dominant genotype in Fujian Province. **Conclusion** There are High infection rate and diversity characteristics of flea *Bartonella* in Fujian Province, which has the risk of causing disease to humans and animals.

**【Key words】** *Bartonella*; flea; investigation; phylogenetic analysis

\* **【基金项目】** 国家科技重大专项(No. 2017ZX10103008);福建省医学创新课题(No. 2022CXA034);福建省医学创新课题(No. 2020CXB010)。

\*\* **【通讯作者】** 肖方震, E-mail: 18642028@qq.com; 郑奎城, E-mail: kingdadi9909@126.com

**【作者简介】** 念宇炜(1999-),男,福建三明人,在读硕士研究生,主要从事病媒生物及人兽共患病研究。E-mail: 782472676@qq.com

随着新冠肺炎疫情席卷全球,新发传染病的发生和传播已成为全球性的公共卫生问题。巴尔通体病是一种人兽共患传染病,也是近年来国内新发传染病之一,其主要通过跳蚤等吸血节肢动物作为传播媒介感染哺乳动物及人类。目前已确认的巴尔通体多达 40 余种,其中部分巴尔通体种及亚种对人体具有致病性<sup>[1]</sup>,可导致心内膜炎、淋巴结肿大和视网膜神经炎等症状。蚤类能够携带高度多样性的巴尔通体菌属,在国外已有多跳蚤被证实感染人畜共患巴尔通体种,如汉赛巴尔通体(*B. henselae*)<sup>[2]</sup>、克氏巴尔通体(*B. clarridgeiae*)<sup>[3]</sup>、五日热巴尔通体(*B. quintan*)<sup>[4]</sup>、格拉汉姆巴尔通体(*B. grahamii*)<sup>[5]</sup>、伊丽莎白巴尔通体(*B. elizabetha*)<sup>[6]</sup>等。

福建省作为我国重要的外贸大省及沿海开放省份,人员和货物流动频繁,且福建省位于亚热带地区,属亚热带湿润季风气候,森林覆盖率高,加之沿海地区常年温暖湿润,为跳蚤的生长和繁殖提供了适宜的生态环境。本研究拟调查福建省部分地区的蚤类感染巴尔通体情况,分析福建省蚤类感染巴尔通体的流行特征和分子生物学特征。

## 材料与方法

### 1 标本采集

在福建省内陆和沿海选取 5 个点,包括晋江市、平和县、沙县区、上杭县及古田县,采用笼日法捕鼠(晚放晨收)并鉴定鼠种。从鼠类体表及装鼠布袋中收集蚤类,每只动物采集跳蚤 1~2 只(若存在不止一种跳蚤,则每种跳蚤各采集 1 只),经分类鉴定后计数登记,分装于盛有 75%酒精的试管中,-20℃保存。

### 2 蚤类鉴定

参考《中国动物志:昆虫纲蚤目》<sup>[7]</sup>,用体视显微镜观察蚤的颊栉、眼鬃、前胸栉、臀前鬃、雄性抱器体、雌性第七腹板等部位的形态特征,进行形态学分类鉴定,对于难以鉴定的种类采用基于 CO I 基因的 DNA 条形码鉴定技术辅助鉴定<sup>[8]</sup>。

### 3 蚤类感染巴尔通体检测

**3.1 DNA 提取** 将跳蚤置于室温下解冻,移至研磨管中,采用研磨机将其研碎,然后加入 200 μL 菌体消化液及 20 μL 蛋白酶 K 溶液,充分混匀,按照细菌基因组 DNA 提取试剂盒(西安天隆科技有限公司)说明书提取蚤基因组 DNA,置于-20℃保存备用。

**3.2 巴尔通体 *ssrA* 基因实时荧光定量 PCR 扩增** 按照文献<sup>[9]</sup>设计 *ssrA* 基因巴尔通体种属特异性引物,正向引物和反向引物分别为 *ssrA*-F 和 *ssrA*-R,探针为 *ssrA*-P(表 1),引物和探针由上海生工生物工程有限公司合成。总反应体系(20 μL):模板 DNA 3

μL,10 μmol/L 正向引物和反向引物各 0.4 μL,10 μmol/L 探针 0.2 μL, Premix Ex Taq 酶 10 μL,加去离子水至 20 μL。扩增程序:95℃预变性 5 min;95℃变性 15 s,60℃退火 45 s,共 45 个循环。CT 值≤35 判定为阳性。试验设置阳性对照和空白对照。

表 1 目的基因 PCR 扩增引物  
Table 1 Primer sequences used in this study

基因 Gene	引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer Sequence	扩增产物 大小(bp) Size
<i>ssrA</i>	<i>ssrA</i> -F	F:GCTATGGTAATAAATGG ACAATGAAATAAAA	301
	<i>ssrA</i> -R	R:GCTTCTGTTGCCAGGTG	
	<i>ssrA</i> -P	P:FAM-ACCCGCTTAAACC TGCACG-BHQ1	
<i>gltA</i>	BhCS. 781p	F:GGGGACCAGCTCATGGTGG	379
	BhCS. 1137n	R:AATGCAAAAAGAACAGTAAACA	

**3.3 巴尔通体 *gltA* 基因 PCR 扩增** 对 *ssrA* 基因扩增阳性标本应用栗冬梅等<sup>[10]</sup>选择的引物对巴尔通体 *gltA* 基因进行 PCR 扩增,正向引物和反向引物分别为 BhCS. 781p 和 BhCS. 1137n(表 1),引物由上海生工生物工程有限公司合成。反应体系(25 μL):模板 DNA 3 μL,10 μmol/L 正向引物和反向引物各 11 μL, Premi Taq 酶 12.5 μL,加去离子水至 25 μL。扩增程序:94℃预变性 5 min;94℃变性 30 s,58℃退火 30 s,72℃延伸 30 s,共 35 个循环;72℃再延伸 5 min。取 PCR 产物进行 1.5%琼脂糖凝胶电泳分析。

**3.4 目的基因 PCR 产物测序分析及系统发育分析** 将 42%的阳性扩增产物送交上海生工生物工程有限公司进行测序,得到的 DNA 序列通过美国国家生物技术信息中心(NCBI)的 BLAST 工具进行同源性比对分析。下载相关参考序列,应用 BioEdit 软件对序列进行剪接,应用 MEGA 11 软件采用邻接法(Neighbor-joining method),bootstrap 1000 构建系统发育树。

### 4 统计分析

采用 SPSS 23.0 统计软件进行统计学分析。率的比较采用  $\chi^2$  检验和 Fisher's 概率确切法,检验水准为  $\alpha=0.05$ 。

## 结果

### 1 蚤类捕获情况

本次调查从 5 个采样点共捕获褐家鼠、黄胸鼠等啮齿动物以及臭鼯 466 只,体表采集蚤类 7 种共 632 匹。其中,印鼠客蚤 609 匹,为优势蚤种,占总蚤数的 96.36%(609/632)。其它蚤种包括不等单蚤 8 匹、缓慢细蚤 6 匹、猫蚤 5 匹、适存病蚤 1 匹、福建新蚤

1 匹、近端远棒蚤 2 匹(表 2)。

表 2 调查地区的蚤种构成与分布  
Table 2 Distribution of fleas in survey area of Fujian Province

地区 Region	蚤种 Flea species					累计 Total
	印鼠客蚤 <i>X. cheopis</i>	不等单蚤 <i>M. anisus</i>	缓慢细蚤 <i>L. segnis</i>	猫蚤 <i>C. felis</i>	其它 Others	
晋江市	190	0	0	0	1	191
平和县	161	0	1	0	0	162
古田县	114	3	2	5	3	127
沙县区	90	4	1	0	0	95
上杭县	54	1	2	0	0	57
合计 Total	609	8	6	5	4	632

## 2 蚤类巴尔通体感染情况

**2.1 不同蚤种巴尔通体感染情况** 在 7 种蚤类 632 份标本中, 蚤类感染巴尔通体总感染率为 35. 76% (226/632)。其中, 印鼠客蚤、不等单蚤、缓慢细蚤、近端远棒蚤感染率分别为 36. 45% (222/609)、12. 50% (1/8)、16. 67% (1/6)、100. 00% (2/2)。其余蚤种均未检测出巴尔通体。不同蚤种间巴尔通体感染率差异无统计学意义( $P > 0. 05$ )。

**2.2 雌、雄蚤类巴尔通体感染情况** 雌蚤巴尔通体感染率为 40. 91% (171/418), 雄蚤巴尔通体感染率为 25. 70% (55/214), 差异有统计学意义( $\chi^2 = 14. 250, P < 0. 01$ )。

**2.3 不同地区蚤类巴尔通体感染情况** 5 个市(县、区)采集的蚤类均有巴尔通体感染情况, 其中晋江市采集的蚤类感染率为 46. 60% (89/191), 平和县为 33. 95% (55/162), 古田县为 31. 50% (40/127), 沙县区为 24. 21% (23/95), 上杭县为 33. 33% (19/57), 差异有统计学意义( $\chi^2 = 16. 663, P < 0. 01$ )。

**2.4 不同宿主寄生蚤类巴尔通体感染情况** 此次调查共从褐家鼠、黄胸鼠、黄毛鼠、白腹巨鼠、板齿鼠、小家鼠、针毛鼠等 7 种啮齿动物及臭鼬体表采集蚤类, 除白腹巨鼠、板齿鼠、针毛鼠体表寄生蚤未检测出巴尔通体, 其余鼠种寄生蚤均检出巴尔通体, 其中褐家鼠、黄胸鼠、黄毛鼠、小家鼠、臭鼬体表寄生蚤巴尔通体感染率分别为 40. 71% (160/393)、27. 89% (53/190)、31. 03% (9/29)、37. 50% (3/8)、50. 00% (1/2) 差异有统计学意义( $\chi^2 = 15. 301, P < 0. 05$ )。

**2.5 不同生境蚤类巴尔通体感染情况** 采自居民区鼠类寄生蚤巴尔通体感染率为 31. 12% (136/437), 采自野外鼠类寄生蚤巴尔通体感染率为 46. 15% (90/195), 差异有统计学意义( $\chi^2 = 13. 264, P < 0. 01$ )。

巴尔通体 *ssrA* 基因荧光定量 PCR 扩增结果见图 1。不同生境、不同宿主、不同地区蚤类, 以及不同蚤种和雌、雄蚤巴尔通体感染情况见表 3。

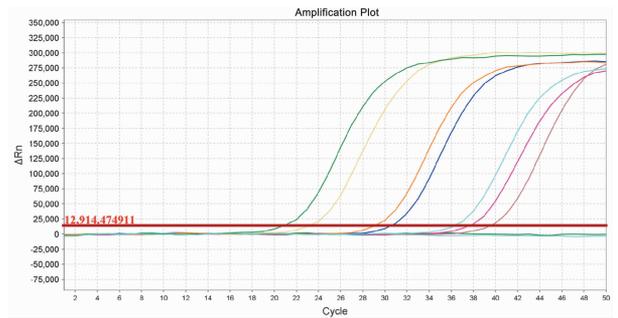
表 3 福建省部分地区蚤类巴尔通体感染情况

Table 3 *Bartonella* prevalence of fleas in part of Fujian Province

特征 Characteristics	蚤数 No. of fleas	感染数 No. of infections	感染率 (%) Infection rate	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	P 值 P value	
蚤种	印鼠客蚤	609	222	36. 45	9. 061	>0. 05b
	不等单蚤	8	1	12. 5		
	缓慢细蚤	6	1	16. 67		
	适存病蚤	1	-	0		
	猫蚤	5	-	0		
	近端远棒蚤	2	2	100		
	福建新蚤	1	-	0		
性别	雄	418	171	40. 91	14. 25	<0. 01a
	雌	214	55	25. 7		
地区	晋江市	191	89	46. 6	16. 663	<0. 01a
	平和县	162	55	33. 95		
	古田县	127	40	31. 5		
	沙县区	95	23	24. 21		
	上杭县	57	19	33. 33		
	褐家鼠	393	160	40. 71		
	黄胸鼠	190	53	27. 89		
宿主	黄毛鼠	8	3	37. 5	15. 301	<0. 05b
	白腹巨鼠	7	-	0		
	板齿鼠	2	-	0		
	小家鼠	2	-	50		
生境	针毛鼠	1	-	0	13. 264	<0. 01a
	臭鼬	29	9	31. 03		
	居民区	437	136	31. 12		
	野外	195	90	46. 15		

注:“-”表示未捕获到。“a”表示  $\chi^2$  检验;“b”表示 Fisher 的概率确切法。

Notes:“-” indicates not captured. “a” indicates Chi-square test; “b” indicates Fisher’s precision probability test.



P 阳性对照 N 阴性对照

图 1 荧光定量 PCR 扩增巴尔通体 *ssrA* 基因

P Positive control N Negative control.

Fig. 1 Amplification of *Bartonella ssrA* gene by qPCR

## 3 蚤类巴尔通体 *gltA* 基因系统发育分析

对 42% (95/226) 的巴尔通体 *ssrA* 基因阳性蚤标本进行 *gltA* 基因 PCR 扩增并测序, 同源性为 84. 1% ~ 100%。经 NCBI 进行 BLAST 比对, 基于 *gltA* 基因共鉴定出 5 种巴尔通体, 分别为特立波窃巴尔通体 (*B. tribocorum*)、昆州巴尔通体 (*B. queenslandensis*)、伊丽莎白巴尔通体 (*B. elizabethae*)、罗氏巴尔通体 (*B. rochalimae*) 和库珀巴尔通体 (*B. cooper-splainsensis*), 其中特立波窃巴尔通体 (*B. triboco-*

rum)为福建省优势种。特立波窃巴尔通体(*B. tribocorum*)与来自于泰国的KT324580和福建的MW771088处于同一分支,同源性100%。昆州巴尔通体(*B. queenslandensis*)与来自于泰国的KT324558和福建的MW771064处于同一分支,同源性95.51%~100%。伊丽莎白巴尔通体(*B. elizabethae*)与来自于泰国、中国台湾的JX158352、GU056192以及福建的MW771077、MW771078处于同一分支,同源性99.15%~100%。罗氏巴尔通体(*B. rochalimae*)与来自于美国的MG027988和福建的MW771100处于同一分支,同源性100%。库珀巴尔通体(*B. coopersplainsensis*)与来自于澳大利亚的HQ444160和福建的MW771106处于同一分支,同源性94.36%~98.52%(图2)。



▲ 巴尔通体参考株(*Bartonella* reference strain) ○ 福建省啮齿动物样本(Rodent samples from Fujian Province)<sup>[11]</sup> ■ 外群序列(Outgroup)

图2 基于巴尔通体 *gltA* 基因序列构建的系统进化树

▲ *Bartonella* reference strain ● Rodent samples from Fujian Province<sup>[11]</sup> ■ Outgroup

Fig. 2 Phylogenetic tree based on the *gltA* gene of *Bartonella*

## 讨论

巴尔通体可在宿主动物中引起潜伏性和复发性感染<sup>[12]</sup>,导致巴尔通体在啮齿动物中的高感染率。此外,巴尔通体的有效传播被认为是维持巴尔通体在自然环境中的高流行率必不可少的因素。啮齿动物为巴尔通体最大的储存宿主,而在侵扰啮齿动物的体外寄生虫中,跳蚤被认为是巴尔通体的主要媒介<sup>[13]</sup>。有研究发现,跳蚤不仅是巴尔通体传播的主要媒介之一,也是巴尔通体的重要传染源<sup>[14]</sup>。跳蚤能够携带高度多

样性的巴尔通体种,并且在巴尔通体与啮齿动物之间表现出很高的传播效率<sup>[15]</sup>。

目前对于巴尔通体的传染源尤其是啮齿动物的感染情况报道较多,但对传播媒介的调查相对较少。美国<sup>[16]</sup>、法国<sup>[3]</sup>、智利<sup>[17]</sup>、日本<sup>[18]</sup>等国家报道的蚤类巴尔通体DNA检测阳性率由13.1%到40%不等。近年国内关于跳蚤感染巴尔通体的研究取得了一定进展,栗冬梅等<sup>[10,19]</sup>报道猫栉首蚤和缓慢细蚤感染巴尔通体,并从猫栉首蚤中分离出巴尔通体,但仍然缺少关于巴尔通体传播媒介的调查研究报告。青海省曾对蚤类携带巴尔通体进行了调查,感染率为12.77%<sup>[20]</sup>。本次调查福建省部分地区蚤类巴尔通体感染率为35.76%,高于青海省的调查结果。但这些差异可能受到多种因素的影响,蚤类间巴尔通体的流行很大程度上取决于不同地区跳蚤及其宿主的种类<sup>[21]</sup>。本次调查蚤类巴尔通体感染率显著高于文献<sup>[11,22]</sup>调查的福建省啮齿动物巴尔通体感染率(14.57%~14.90%),福建省跳蚤如此高的巴尔通体感染率可能是由于其所具有的频繁进食以及从一个宿主转移到另一个宿主的能力<sup>[23]</sup>。本次调查采集的蚤类主要为印鼠客蚤,作为优势蚤种,与以往调查的福建省蚤类分布<sup>[24]</sup>相符。不同蚤种巴尔通体的感染率差异无统计学意义,这可能是因为除印鼠客蚤外的其他蚤种数量及感染数量过少所致。但多种蚤类中检出巴尔通体,提示携带巴尔通体的蚤类具有多样性,可通过扩大样本量进行检测以了解不同蚤种巴尔通体感染的真实情况。本次调查捕获的鼠类绝大部分为家栖鼠,且其蚤类感染率较高,这与印鼠客蚤主要寄生于家栖鼠的宿主选择性<sup>[7]</sup>一致。跳蚤的宿主选择性是巴尔通体传播的重要影响因素,不同鼠种间相互接触发生寄生虫交换<sup>[25]</sup>,增加了蚤类感染巴尔通体的几率,也是导致本次调查蚤类感染率较高的可能原因。

雌性蚤类较雄性吸血量大,吸血频率高,吸血时间长,这也解释了本次调查中雌性蚤类巴尔通体感染率高于雄性的原因。不同地区和生境同样会影响蚤类的丰度、生命周期及寄生习性,间接影响在蚤类的巴尔通体感染率<sup>[26]</sup>。本次调查中不同地区以及生境中的蚤类均有巴尔通体感染情况,且感染率较高,反映出蚤类有较大的机会与人类接触并传播疾病,应引起高度重视。

巴尔通体 *gltA* 基因的系统发育分析显示,福建省蚤类感染的巴尔通体有5种基因型,分别为 *B. tribocorum*、*B. queenslandensis*、*B. elizabethae*、*B. rochalimae* 和 *B. coopersplainsensis*,表明福建省蚤类感染的巴尔通体具有高度多样性。其中,*B. tribocorum*、*B. elizabethae*、*B. rochalimae* 是本次调查中主

要的巴尔通体基因型,并且均具有人类致病性,可引起心内膜炎、心肌炎、发热和神经系统疾病等。巴尔通体基因型的高多样性可能是蚤类频繁的宿主更换及其高效传播巴尔通体所导致的结果<sup>[15]</sup>。将文献[11]调查的福建省啮齿动物感染的巴尔通体序列与本次检测结果进行比对分析,同源率为96.17%~100%,如此高的同源性说明巴尔通体在啮齿动物和跳蚤中的高度适应,提示跳蚤可能对啮齿动物间传播巴尔通体起着潜在的媒介作用。已经证明跳蚤在实验条件下能传播巴尔通体。Bowen等<sup>[5]</sup>报道与野外捕获的蚤共饲养4周后的堤岸田鼠75%(21/28)发生巴尔通体感染。巴尔通体在不同物种间的适应性增加了人类以及其他动物感染巴尔通体的风险。前期调查中还检测出了*B. grahamii*、*B. rattimassiliensis*、*B. phoceensis*、*B. japonica*,但本次调查未检测出上述巴尔通体,同样可通过扩大样本量进行检测,以期全面地了解巴尔通体在福建省的分布多样性。

随着人们的活动范围扩大,人类与野生动物的接触越来越频繁,这无疑增加了被跳蚤叮咬的可能性,增大了感染巴尔通体的风险。本次调查结果表明福建省蚤类存在巴尔通体感染,但关于跳蚤的媒介能力尚未确定,有待进一步研究。

#### 【参考文献】

- [1] Krugel M, Krol N, Kempf VAJ, et al. Emerging rodent-associated *Bartonella*: a threat for human health? [J]. Parasit Vectors, 2022, 15(1): 113.
- [2] Chomel BB, Kasten RW, Floyd-Hawkins K, et al. Experimental transmission of *Bartonella henselae* by the cat flea [J]. J Clin Microbiol, 1996, 34(8): 1952-1956.
- [3] Rolain JM, Franc M, Davoust B, et al. Molecular detection of *Bartonella quintana*, *B. koehlerae*, *B. henselae*, *B. clarridgeiae*, *Rickettsia felis*, and *Wolbachia pipientis* in cat fleas, France [J]. Emerg Infect Dis, 2003, 9(3): 338-342.
- [4] Sasaki T, Poudel SK, Isawa H, et al. First molecular evidence of *Bartonella Quintana* in *Pediculus humanus capitis* (Phthiraptera: Pediculidae), collected from Nepalese children [J]. J Med Entomol, 2006, 43(1): 110-112.
- [5] Bown KJ, Bennet M, Begon M. Flea-borne *Bartonella grahamii* and *Bartonella taylorii* in bank voles [J]. Emerg Infect Dis, 2004, 10(4): 684-687.
- [6] De Sousa R, Edouard-Fournier P, Santos-Silva M, et al. Molecular detection of *Rickettsia felis*, *Rickettsia typhi* and two genotypes closely related to *Bartonella elizabethae* [J]. Am J Trop Med Hyg, 2006, 75(4): 727-731.
- [7] 柳支英. 中国动物志: 昆虫纲·蚤目 [M]. 北京: 科学出版社, 1986.
- [8] 尹小平, 刘戈, 王安东, 等. DNA条形码技术在蚤类鉴定中的应用 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2019, 30(5): 561-563.
- [9] Diaz MH, Bai Y, Malania L, et al. Development of a novel genus-specific real-time PCR assay for detection and differentiation of *Bartonella* species and genotypes [J]. J Clin Microbiol, 2012, 50(5): 1645-1649.
- [10] 栗冬梅, 刘起勇, 俞东征, 等. 用PCR方法检出蚤类携带巴尔通体 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2005: 5-8.
- [11] Liu H, Han T, Liu W, et al. Epidemiological characteristics and genetic diversity of *Bartonella* species in rodents from southeastern China [J]. Zoonoses And Public Health, 2022, 69(3): 224-234.
- [12] Kosoy M, Mandel E, Green D, et al. Prospective studies of *Bartonella* of rodents. Part II. Diverse infections in a single rodent community [J]. Vector Borne Zoonotic Dis (Larchmont, NY), 2004, 4(4): 296-305.
- [13] Billeter SA, Levy MG, Chomel BB, et al. Vector transmission of *Bartonella* species with emphasis on the potential for tick transmission [J]. Med Vet Entomol, 2008, 22(1): 1-15.
- [14] Birtles RJ. *Bartonellae* as elegant hemotropic parasites [J]. Annals New York Aca Sci, 2005, 1063: 270-279.
- [15] Brinkerhoff RJ, Kabeya H, Inoue K, et al. Detection of multiple *Bartonella* species in digestive and reproductive tissues of fleas collected from sympatric mammals [J]. ISME J, 2010, 4(7): 955-958.
- [16] Stevenson H L, Bai Y, Kosoy M Y, et al. Detection of novel *Bartonella* strains and *Yersinia pestis* in prairie dogs and their fleas (Siphonaptera: Ceratophyllidae and Pulicidae) using multiplex polymerase chain reaction [J]. J Med Entomol, 2003, 40(3): 329-337.
- [17] Muller A, Gutierrez R, Seguel M, et al. Molecular survey of *Bartonella spp.* in rodents and fleas from Chile [J]. Acta Tropica, 2020, 212: 105672.
- [18] Kabeya H, Inoue K, Izumi Y, et al. *Bartonella* species in wild rodents and fleas from them in Japan [J]. J Vet Med Sci, 2011, 73(12): 1561-1567.
- [19] 栗冬梅, 刘起勇, 俞东征, 等. 蚤、蜱中巴尔通体的分离培养及检测鉴定 [J]. 中国人兽共患病杂志, 2005: 1052-1058, 1074.
- [20] 郑道, 吴培进, 魏荣杰, 等. 青海省部分地区蚤类巴尔通体、鼠疫菌感染状况调查 [J]. 现代预防医学, 2014, 41: 1112-1114, 1117.
- [21] Krasnov BR, Shenbrot GI, Medvedev SG, et al. Host-habitat relations as an important determinant of spatial distribution of flea assemblages (Siphonaptera) on rodents in the Negev Desert [J]. Parasitology, 1997, 114(Pt 2): 159-173.
- [22] 肖方震, 林代华, 周淑姮, 等. 福建省鼠类感染巴尔通体调查及序列分析 [J]. 中国人兽共患病学报, 2017, 33: 607-612.
- [23] Kosoy M, Hayman DT, Chan KS. *Bartonella* bacteria in nature: where does population variability end and a species start? [J]. Infect Gen Evolut, 2012, 12(5): 894-904.
- [24] 周淑姮, 林代华, 陈亮, 等. 福建省蚤类区系分布 [J]. 中国地方病防治杂志, 2013, 28: 172-176.
- [25] Krasnov BR, Poulin R, Shenbrot GI, et al. Ectoparasitic "jacks-of-all-trades": relationship between abundance and host specificity in fleas (Siphonaptera) parasitic on small mammals [J]. Am Nat, 2004, 164(4): 506-216.
- [26] 李雪云. 广东省鼠形动物携带巴尔通体的调查和全基因组测序分析 [D]. 广州: 南方医科大学, 2018.

【收稿日期】 2023-03-23 【修回日期】 2023-06-12