

# 青藏高原地区高原鼯鼠寄生蚤调查

陈洪舰<sup>1</sup>, 邓小弓<sup>2</sup>, 申希平<sup>3</sup>, 曹红霞<sup>4</sup>, 马俊英<sup>1</sup>, 张同作<sup>2</sup>, 苏建平<sup>2</sup>, 林恭华<sup>2</sup>

1 青海省地方病预防控制所鼠疫防治科, 西宁 811602; 2 中国科学院西北高原生物研究所, 青海 西宁 810008; 3 兰州大学公共卫生学院流行病学与卫生统计研究所; 4 班玛县草原站

**摘要:** **目的** 调查高原鼯鼠寄生蚤种类, 在种群水平分析蚤的组成和空间分布, 为进一步明确高原鼯鼠寄生蚤的区系特征提供科学依据。 **方法** 用鼯鼠死捕弓箭诱捕鼯鼠, 梳检每只鼯鼠的所有寄生蚤, 在实验室进行种类鉴定和统计分析。 **结果** 在18个样点中共捕获高原鼯鼠282只, 其中染蚤鼠203只, 总染蚤率为71.99%; 共检获体表寄生蚤835匹, 总体蚤指数为2.96匹/只; 聚类分析显示, 所有样点聚成3大支系, 其中A支系副规新蚤占优势, B支系鞍新蚤占优势, C支系感染的总蚤数最少。 **结论** 副规新蚤在青海湖周边占绝对优势, 青海省东南部地区是鞍新蚤特有的分布区, 黄河并未对寄生蚤的区系产生影响。

**关键词:** 蚤类; 高原鼯鼠; 染蚤率; 蚤指数; 区系

中图分类号: S443; R384.3 文献标志码: A 文章编号: 1003-4692(2014)05-0413-03

DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2014.05.007

## Survey of flea faunas on *Eospalax baileyi* in Qinghai-Tibet Plateau, China

CHEN Hong-jian<sup>1</sup>, DENG Xiao-gong<sup>2</sup>, SHEN Xi-ping<sup>3</sup>, CAO Hong-xia<sup>4</sup>, MA Jun-ying<sup>1</sup>,

ZHANG Tong-zuo<sup>2</sup>, SU Jian-ping<sup>2</sup>, LIN Gong-hua<sup>2</sup>

1 Qinghai Institute for Endemic Disease Prevention and Control, Xining 811602, Qinghai Province, China; 2 Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, Qinghai Province, China; 3 Department of Epidemiology and Health Statistics, School of Public Health, Lanzhou University; 4 Banma Grassland Station

Corresponding author: LIN Gong-hua, Email: lingonghua@nwipb.cas.cn

Supported by the General Programs of the National Natural Science Foundation of China (No. 31101628) and the West Light Foundation of the Chinese Academy of Sciences to G. Lin

**Abstract: Objective** To investigate the species composition and geographic distribution of fleas on plateau zokors (*Eospalax baileyi*) and consequently to clarify the fauna of zokor fleas in the Qinghai-Tibet Plateau, China. **Methods** Ground arrows were used to kill *E. baileyi*, and all fleas on the zokors were collected by combing and were then identified in the laboratory and analyzed statistically. **Results** A total of 282 *E. baileyi* were captured from 18 sampling sites, and 203 (71.99%) of them were infected by one or more fleas. A total of 835 fleas were collected, with a total flea index of 2.96 individuals per host. The hierarchical cluster analysis grouped the 18 sites into 3 main clades. Clade A was dominated by *Neopsylla paranoma*; clade B was dominated by *N. sellaris*; clade C had the fewest flea individuals. **Conclusion** The area around the Qinghai Lake is dominated by *N. paranoma*, the southeastern area of Qinghai province is a unique region for *N. sellaris*, and the Yellow River seems to have little influence on the fauna of fleas on *E. baileyi*.

**Key words:** Flea; *Eospalax baileyi*; Flea infection rate; Flea index; Fauna

蚤类是重要的医学昆虫类群, 是人和动物多种传染病(尤其是鼠疫)的重要传播媒介。高原鼯鼠(*Eospalax baileyi*)隶属啮齿目、鼯形鼠科(Spalacidae)、鼯鼠亚科(Myospalacinae)、凸颅鼯鼠属, 是青藏高原特有的地下啮齿动物。高原鼯鼠体表寄生多种蚤类<sup>[1-2]</sup>。值得注意的是, 长期以来学界对高原鼯鼠的分类地位

一直存在争议, 或认为是一独立种, 或视为秦岭鼯鼠(*E. rufescens*)或中华鼯鼠(*E. fontanieri*)的高原亚种; 直到近年来, 其作为独立物种的结论才逐渐被接受<sup>[3-4]</sup>。然而, 关于其寄生蚤的分类问题, 却没有得到订正, 这就不可避免地会带来混淆。例如, 在较早的资料中显示高原鼯鼠有22种寄生蚤<sup>[1]</sup>, 然而在最近的资料中, 却仅列出5种<sup>[2]</sup>, 其原因主要与宿主分类地位不清有关。此外, 之前绝大部分对鼯鼠寄生蚤的研究着眼于蚤种鉴定, 而对蚤种组成比例<sup>[5]</sup>和种群间差异则很少涉及。本研究对青海省东部高原鼯鼠主要分布区进行系统采样和物种鉴定, 同时在种群水平分析寄生蚤的组

**基金项目:** 国家自然科学基金青年基金(31101628); 中国科学院“西部之光”人才培养计划“西部博士资助项目”

**作者简介:** 陈洪舰, 男, 研究员, 主要从事鼠疫防控及鼠疫媒介研究, Email: mjy70315@163.com

**通讯作者:** 林恭华, Email: lingonghua@nwipb.cas.cn

成和空间分布,为进一步明确高原鼯鼠寄生蚤的区系特征提供科学依据。

## 1 材料与方 法

**1.1 调查范围** 根据对高原鼯鼠分布和活动情况的了解,于 2012 年 4—5 月选取容易到达且密度较高的区域进行采样。调查范围涉及班玛、大通、贵德、共和、贵南、化隆、河南、湟源、互助、久治、门源、祁连、兴海、泽库共 14 个县 18 个样点,海拔在 2715~3847 m 之间。采样点信息见表 1。

**1.2 调查方法** 采用本课题组自己发明的鼯鼠死捕弓箭诱捕鼯鼠,捕获的个体迅速单只装入自封袋中。在自封袋中倒入少量乙醚,10 min 后仔细梳检每只鼯鼠的所有寄生蚤,分别保存在装有 无水乙醇的离心管中。将所有寄生蚤样品带回,在青海省地方病预防控制所进行种类鉴定。

**1.3 统计学处理** 调查数据采用 Excel 软件进行整

理,用 SPSS 20.0 软件进行统计分析。用分层聚类法(hierarchical cluster analysis)对各样点的蚤种组成进行聚类分析。

$$\text{染蚤率} = \text{染蚤个体数} / \text{总个体数} \times 100\%$$

$$\text{蚤指数} = \text{蚤个体数} / \text{鼯鼠个体数}$$

## 2 结 果

**2.1 寄生蚤组成特征** 在 18 个样点中共捕获高原鼯鼠 282 只,其中染蚤鼠 203 只,总染蚤率为 71.99%。班玛县种群染蚤率最高(100%),河南和互助县次之(均为 93.33%),贵南县 1 号(过马营镇)种群染蚤率最低(11.77%)。共检获体表寄生蚤 835 匹,涵盖 10 个蚤种,总体蚤指数为 2.96 匹/只。平均蚤指数最高的 3 个种群分布在班玛(5.86)、共和(5.50)和祁连 2(5.38),最低的种群是贵南 1(0.18);其中,感染最多的个体发生在向化种群,分别为副规新蚤(*Neopsylla paranoma*)和多刺狭蚤(*Stenoponia polyspina*)。各样点蚤感染情况见表 1。

表 1 采样点分布、样本量和寄生蚤总体信息  
Table 1 Distribution of sampling sites, sample sizes, and information on fleas

采样点	经度	纬度	海拔(m)	宿主数(只)	总蚤数(匹)	染蚤率(%)	蚤指数(匹/只)
班玛 BM	100°33' 49.9"	33°07' 28.3"	3705	14	82	100.00	5.86
大通 DT	101°47' 20.7"	37°09' 7.3"	2988	19	90	84.21	4.74
贵德 GD	101°33' 14.17"	36°17' 57.7"	3119	11	9	36.36	0.82
共和 GH	99°44' 6.0"	37°02' 1.8"	3209	14	77	85.71	5.50
贵南 1(GN1)	101°04' 8.9"	35°46' 32.1"	3255	17	3	11.77	0.18
贵南 2(GN2)	100°27' 42.6"	35°34' 38.6"	3306	19	37	84.21	1.95
贵南 3(GN3)	101°18' 4.4"	35°46' 2.8"	3302	12	34	50.00	2.83
化隆 HL	102°17' 49.7"	36°11' 18.5"	3185	15	27	80.00	1.80
河南 HN	101°33' 35.2"	34°46' 29.6"	3552	15	75	93.33	5.00
湟源 HY	101°04' 41.4"	36°39' 16.6"	3043	16	39	81.25	2.44
互助 HZ	102°15' 21.6"	37°02' 7.3"	2857	15	39	93.33	2.60
久治 1(JZ1)	101°29' 29.6"	33°15' 35.6"	3741	17	26	76.47	1.53
久治 2(JZ2)	100°49' 19.6"	33°36' 17.9"	3847	14	42	71.43	3.00
门源 MY	101°49' 31.6"	37°19' 24.5"	2715	15	35	73.33	2.33
祁连 1(QL1)	100°11' 35.3"	38°06' 14.7"	3213	14	57	85.71	4.07
祁连 2(QL2)	100°31' 31.9"	37°39' 34.5"	3566	16	86	87.50	5.38
兴海 XH	99°55' 7.3"	35°51' 10.7"	3566	14	60	78.57	4.29
泽库 ZK	100°57' 42.2"	35°14' 15.5"	3428	25	17	36.00	0.68

共涉及 10 个蚤种,其中副规新蚤比例最高(70.42%),除贵南 1 种群外都有分布;其次为鞍新蚤(*N. sellaris*, 10.42%)和多刺狭蚤(9.46%),分别在 4 个和 10 个样点中检获;两列纤蚤(*Rhadinopsylla ioffi*)比例最低,仅在兴海种群的 1 只鼯鼠体表检获(表 2)。

**2.2 寄生蚤区系分布** 聚类分析显示,所有样点聚成 3 大支系。祁连 1、祁连 2、兴海、共和、大通聚为一支(A 支系),其特点为副规新蚤数量最多;班玛、河南聚为另一支(B 支系),特点为鞍新蚤占多数,且总物种数最多(分别为 8 种和 6 种);其余 11 个样点聚为

一支(C 支系),总蚤数少于 A、B 2 个支系。在空间分布上,A 支系主要在青海湖周边地区,B 支系 2 个样点距离较远,C 支系分布范围最广,由南到北均有分布(图 1)。

## 3 讨 论

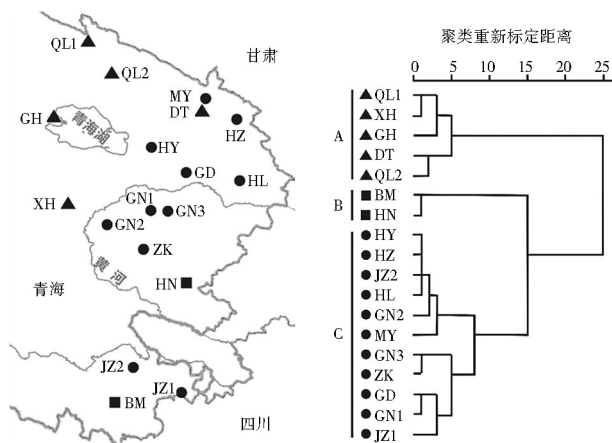
本研究对青藏高原地区的高原鼯鼠进行系统采样,首次取得其种类组成的量化信息,为这一地区的媒介生物学研究提供重要的科学依据。如前所述,由于鼯鼠属各物种的分类地位存在长期争议,给鼯鼠寄生

表 2 高原鼯鼠寄生蚤种类组成与及其地理分布

Table 2 The species composition and geographic distribution of fleas on *E. baileyi*

采样点	副规新蚤	鞍新蚤	多刺狭蚤	多刺双蚤	具钩靴片蚤	短指新北蚤	鼯鼠新北蚤	晔倍蚤	指形盖蚤	两列纤蚤
BM	28	36	0	4	3	2	5	2	2	0
DT	81	0	6	0	2	0	1	0	0	0
GD	4	0	2	0	0	3	0	0	0	0
GH	63	0	14	0	0	0	0	0	0	0
GN1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0
GN2	27	0	10	0	0	0	0	0	0	0
GN3	9	0	25	0	0	0	0	0	0	0
HL	26	0	0	0	0	1	0	0	0	0
HN	25	35	0	0	0	2	6	1	6	0
HY	38	0	1	0	0	0	0	0	0	0
HZ	33	0	1	0	0	5	0	0	0	0
JZ1	15	11	0	0	0	0	0	0	0	0
JZ2	32	5	0	0	0	0	3	2	0	0
MY	24	0	0	11	0	0	0	0	0	0
QL1	55	0	0	0	1	1	0	0	0	0
QL2	72	0	0	1	10	0	0	3	0	0
XH	54	0	3	0	0	1	0	0	0	2
ZK	2	0	15	0	0	0	0	0	0	0
合计	588	87	79	17	16	15	15	8	8	2

注:多刺双蚤 (*Amphipsylla polyspina*)、具钩靴片蚤 (*Calceosylla aduncata*)、短指新北蚤 (*Nearctopsylla brevidigita*)、鼯鼠新北蚤 (*N. myospalaca*)、晔倍蚤 (*Amphalius clarus*)、指形盖蚤 (*Callopsylla digitata*)。



注: QL1. 祁连 1; XH. 兴海; GH. 共和; DT. 大通; QL2. 祁连 2; BM. 班玛; HN. 河南; HY. 湟源; HZ. 互助; JZ1. 久治 1; HL. 化隆; GN2. 贵南 2; MY. 门源; GN3. 贵南 3; ZK. 泽库; GD. 贵德; GN1. 贵南 1; JZ2. 久治 2。

图 1 高原鼯鼠寄生蚤采样点信息和聚类结构

Figure 1 Geographic distribution and hierarchical clustering structure of fleas from *E. baileyi*

蚤调查研究工作带来困扰。鼯鼠属分类不明确的最重要原因之一是这类动物为了适应地下生活方式,在形态上存在趋同性,从而不易区分。近年来的研究发现,利用分子标记可以较好地解决这一问题。以线粒体细胞色素 b 基因 (Cytochrome b) 作为分子标记,构建鼯鼠属多个物种的系统发育树,认为高原鼯鼠、甘肃鼯鼠 (*E. cansus*) 和秦岭鼯鼠等可视为独立的物种<sup>[3]</sup>。林恭

华<sup>[4]</sup>系统分析了鼯鼠属各物种间的遗传距离,发现高原鼯鼠及其近缘的 3 个最易混淆的物种之间遗传距离均达到种间水平,其遗传距离的分布已经超越种内水平距离效应的影响,进一步证实高原鼯鼠可以视为独立物种。本研究所涉及 18 个采样点的鼯鼠,已经利用分子手段证明无一例外是高原鼯鼠物种(待发表),这就为青藏高原地区鼯鼠寄生蚤的调查提供了准确可靠的宿主信息。

研究结果显示,高原鼯鼠寄生蚤类至少有 10 种,介于之前文献中记录的 5 种和 22 种之间。由于较早的文献中对于鼯鼠采样点的记录比较粗略,极有可能导致对宿主物种产生误判。以似升额蚤介中亚种 (*Frontopsylla elatoides intermedia*) 为例,原始文献<sup>[6]</sup>中的采样点为湟中县,除鼯鼠外还从当地采集到阿拉善黄鼠 (*Spermophilus alaschanicus*) 和长尾仓鼠 (*Cricetulus longicaudatus*),由于后 2 种动物往往在较干旱的地方生活,因此同域分布的鼯鼠极有可能是甘肃鼯鼠而非高原鼯鼠。因此我们认为,对于高原鼯鼠的蚤类组成,目前应以本研究结论为准。本研究显示,新蚤属的 2 个物种占检获蚤类的绝大部分,同时也是影响高原鼯鼠寄生蚤区系结构的最重要因素。位于青海湖周边的 A 支系副规新蚤占绝对优势,位于青海省东南部地区的 B 支系鞍新蚤占据优势。除 C 支系的 2 个种群外,与其地理距离最近的久治县的 2 个样点也有一定数目的鞍新蚤,显示青海省东南部地区是鞍新蚤特有的分布区。值得一提的是, B、C 两支系内部种群在黄河两侧都有分布,显示黄河并未对寄生蚤的区系产生影响,尽管高原鼯鼠由于其特殊的生活方式不太可能进行跨河迁移。可能的解释是:①在寄生蚤区系形成之后,黄河才逐渐成为稳定的水系特征;②寄生蚤可借助迁移能力较强的鼯鼠天敌(猛禽或食肉动物)进行长距离迁移。

参考文献

- [1] 蔡理芸,詹心如,吴文贞,等. 青藏高原蚤目志[M]. 西安:陕西科学技术出版社,1997:336.
- [2] 吴厚永,刘泉,龚正达,等. 中国动物志. 昆虫纲. 蚤目[M]. 2 版. 北京:科学出版社,2007:2142.
- [3] Zhou CQ, Zhou KY. The validity of different zokor species and the genus *Eospalax* inferred from mitochondrial gene sequences [J]. Integr Zool, 2008, 3(4):290-298.
- [4] 林恭华. 地下啮齿类:甘肃鼯鼠挖掘器官形态适应与种群遗传学分析[D]. 北京:中国科学院研究生院,2010.
- [5] 吴晓明,史献明,宁智波,等. 河北省草原鼯鼠寄生蚤及流行病学意义的研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2012, 23(2): 154-155.
- [6] 蔡理芸,吴文贞,张荣广. 似升额蚤一新亚种(蚤目:细蚤科)[J]. 动物分类学报, 1987, 12(3):307-310.

收稿日期:2014-06-21