

引用格式:

潘海钰, 张雪玲, 麻林坤, 马平平, 李容, 吴雅丽, 邓园萍, 刘国华. 中国七省(区)牛蜱的种类鉴定及其携带无形体的分子检测[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(6): 723–729.

PAN H Y, ZHANG X L, MA L K, MA P P, LI R, WU Y L, DENG Y P, LIU G H. Identification of tick species in cattle and detection of *Anaplasma* spp. in these ticks in 7 provinces and regions of China[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2023, 49(6): 723–729.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



# 中国七省(区)牛蜱的种类鉴定及其携带无形体的分子检测

潘海钰<sup>1</sup>, 张雪玲<sup>1</sup>, 麻林坤<sup>2</sup>, 马平平<sup>1</sup>, 李容<sup>1</sup>, 吴雅丽<sup>1</sup>, 邓园萍<sup>1</sup>, 刘国华<sup>1\*</sup>

(1.湖南农业大学动物医学院, 湖南 长沙 410128; 2.吉首市吉凤街道办事处, 湖南 吉首 416007)

**摘要:** 为了确定牛体表寄生硬蜱的种类及其携带无形体的状况, 从河南、湖南、海南、四川、贵州、广东和广西采集牛体表寄生硬蜱 572 只, 通过形态学和分子生物学方法对硬蜱进行种类鉴定; 同时用 PCR 方法检测硬蜱体中无形体感染情况。经形态学和分子生物学鉴定, 结果 572 只牛硬蜱均为微小扇头蜱, 且存在 A、B、C 等 3 个分支。基于无形体的 16S rRNA 基因序列分析的结果表明, 微小扇头蜱携带无形体, 其阳性率为 38.8%(222/572), 其中边缘无形体、山羊无形体、扁平无形体和嗜吞噬细胞无形体分别为 23.6%(135/572)、7.3%(15/572)、5.3%(42/572)、2.6%(30/572), 仅在湖南的牛蜱中发现存在无形体混合感染情况。微小扇头蜱 C 分支的发现尚属首次, 且以边缘无形体感染率最高。

**关键词:** 牛蜱; 微小扇头蜱; 物种鉴定; 无形体; 中国 7 省(区)

中图分类号: S852.74\*6 文献标志码: A 文章编号: 1007–1032(2023)06–0723–07

## Identification of tick species in cattle and detection of *Anaplasma* spp. in these ticks in 7 provinces and regions of China

PAN Haiyu<sup>1</sup>, ZHANG Xueling<sup>1</sup>, MA Linkun<sup>2</sup>, MA Pingping<sup>1</sup>, LI Rong<sup>1</sup>,  
WU Yali<sup>1</sup>, DENG Yuanping<sup>1</sup>, LIU Guohua<sup>1\*</sup>

(1.College of Veterinary Medicine, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2.Community Office of Jifeng, Jishou, Hunan 416007, China)

**Abstract:** To identify the species of ticks in cattle and to investigate the *Anaplasma* spp. in ticks, 572 ticks were collected from 7 provinces and regions(Henan, Hunan, Hainan, Sichuan, Guizhou, Guangdong and Guangxi) of China. Morphological and molecular biological methods were used to identify the species of these ticks, and PCR was conducted to analyze *Anaplasma* infection in these ticks. Sequence analysis showed that 572 ticks were identified as *Rhipicephalus microplus*(*R. microplus*), and three clades(A, B and C) of *R. microplus* were found. the sequence of 16S rRNA gene of *Anaplasmas* amplified from ticks showed *R. microplus* carried the *Anaplasmas*. The prevalence of *Anaplasmas* in ticks was 38.8%(222/572), and the prevalence of *Anaplasmas marginale*, *Anaplasmas capra*, *Anaplasmas platys* and *Anaplasmas phagocytophilum* were 23.6%(135/572), 7.3%(15/572), 5.3%(42/572), 2.6%(30/572), respectively. Co-infection of *Anaplasma* species was only found in ticks from Hunan Province. This is the first report of *R. microplus* clade C in China, and *Anaplasma margina* is the common *Anaplasma* species.

**Keywords:** cattle ticks; *Rhipicephalus microplus*; species identification; *Anaplasma*; 7 provinces and regions in China

蜱是寄生于哺乳动物、鸟类和两栖类动物等体表的吸血性外寄生虫, 不仅叮咬吸血, 还是多种疾

收稿日期: 2023–06–20 修回日期: 2023–11–08  
基金项目: 国家自然科学基金面上项目(32172884); 湖南省教育厅重点项目(22A0148)  
作者简介: 潘海钰(1999—), 女, 湖南常德人, 硕士研究生, 主要从事蜱传病原分子检测与防控技术研究, 1067695407@qq.com; \*通信作者, 刘国华, 博士, 教授, 主要从事动物重要寄生虫病检测与防控技术研究, liuguohua5202008@163.com

病病原的传播媒介<sup>[1]</sup>。中国蜱种类丰富,包括血蜱属、硬蜱属、扇头蜱属等。粒形硬蜱主要分布于西南、华南地区,长角血蜱、微小扇头蜱在四川、湖南、湖北、贵州等地区均有记载<sup>[2-4]</sup>。微小扇头蜱是中国南方地区农业害虫<sup>[5]</sup>,主要寄生于牛、羊和犬等动物的体表,叮咬宿主,导致它们消瘦、贫血、皮毛质量降低和生产性能下降。以往研究<sup>[6]</sup>表明,微小扇头蜱包括 A、B、C、D、E 等 5 个分支,但在中国仅有 A 和 B 2 个分支。此外,微小扇头蜱作为全球家畜农业生态系统中重要的疾病传播媒介<sup>[7]</sup>,可携带大量病原<sup>[8]</sup>,如埃立克体、无形体、斑点热群立克次体等<sup>[9-11]</sup>。近年,在湖南、广西、四川等省(区)采集的微小扇头蜱中检测出斑点热群立克次体、无形体、埃立克次体等病原<sup>[12-14]</sup>。在贵州省牛、羊携带的微小扇头蜱中首次检测到新发立克次体 *Rickettsia fournieri*<sup>[15]</sup>。任晴等<sup>[16]</sup>、王钊等<sup>[17]</sup>、付婷婷等<sup>[18]</sup>分别检测了河北、浙江、陕西等地长角血蜱、血红扇头蜱中携带的病原种类,发现多种人畜共患病原体。

无形体属于无形体科立克次体目,可通过蜱叮咬或破损皮肤黏膜接触含病原体的体液和血液进行传播<sup>[19-20]</sup>。无形体包括 8 个公认的种<sup>[21]</sup>及部分暂定种<sup>[22-23]</sup>。自发现嗜吞噬细胞无形体引起人类粒细胞无形体病<sup>[10]</sup>以来,2010—2021 年,陆续有绵羊无形体<sup>[24]</sup>、扁平无形体<sup>[25]</sup>、牛无形体变种<sup>[26]</sup>和山羊无形体<sup>[27]</sup>感染人类的病例的报道,其中山羊无形体、牛无形体已有感染人的报道<sup>[27-29]</sup>,证实了无形体与人类疾病密切相关。牛无形体和边缘无形体是重要的动物病原体,宿主范围广泛,主要危害牛的健康<sup>[30-31]</sup>,给畜牧业造成巨大经济损失。

笔者采集中国 7 省(区)牛体表的蜱虫 572 只,进行了形态学和分子生物学鉴定,并对其携带的无形体进行分子检测,以期对动物寄生蜱种类分布研究及预防蜱传疾病提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

2015 年 8 月至 2019 年 3 月,分别自河南、湖南、海南、四川、贵州、广东和广西等 7 省(区)的牛场采集硬蜱 572 只,其中,河南 50 只、湖南 420 只、海南 37 只、四川 30 只、贵州 8 只、广东 20

只、广西 7 只,均置于有标记的收集管中,记录采集地点、数量和时间,于液氮中保存。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 牛硬蜱样品的鉴定

将牛硬蜱从液氮中取出,用滤纸吸干体表水分,根据《中国经济昆虫志 第 39 册》<sup>[32]</sup>,在体式显微镜下观察其形态并进行鉴定。此外,参照 YI 等<sup>[33]</sup>的方法对蜱虫进行分子生物学鉴定。

#### 1.2.2 牛硬蜱携带无形体的检测

根据 Promega 公司的 DNA 提取试剂盒说明书提取硬蜱组织 DNA。以提取的 DNA 为模板,使用边缘无形体、嗜吞噬细胞无形体的通用引物<sup>[34]</sup>、山羊无形体的特异性引物<sup>[35]</sup>巢式 PCR 扩增;使用扁平无形体的特异性引物<sup>[36]</sup>,采用半巢式 PCR 的方法进行扩增。巢式和半巢式 PCR 反应体系:10×Buffer 2.5 μL, dNTPs 2.0 μL, 上、下游引物各 0.5 μL, DNA 模板 2.0 μL, Takara 公司的 r Taq DNA 聚合酶 0.25 μL, ddH<sub>2</sub>O 补足至 25 μL。扩增边缘无形体、嗜吞噬细胞无形体的体系中,10×Buffer 2.5 μL, dNTPs 2.5 μL, 上、下游引物为 1.5 μL, DNA 模板 2.0 μL, r Taq DNA 聚合酶为 0.4 μL, ddH<sub>2</sub>O 补足至 25 μL。

#### 1.2.3 PCR 扩增产物检测及序列分析

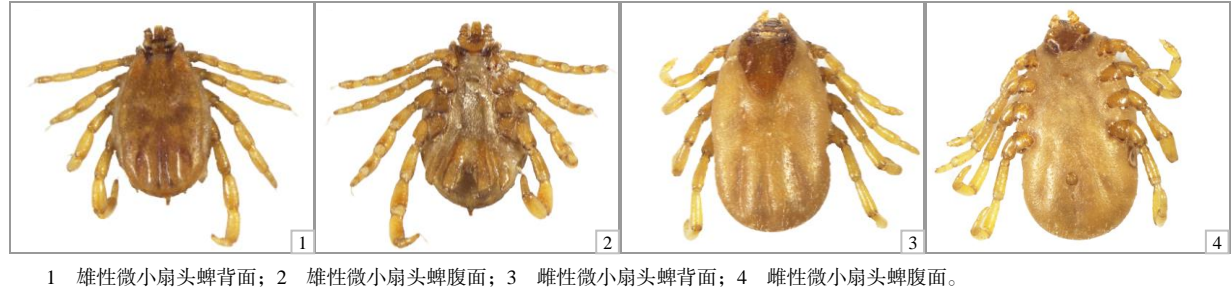
PCR 扩增产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测,阳性产物送华大基因股份有限公司测序。登录 NCBI 网站,采用 BLAST 进行在线比对,找出与目标序列高度同源的序列,同时从 GenBank 数据库下载相应基因序列,用 MEGA 5.05 软件,邻接法(NJ)、设置 Bootstrap 值为 1000 构建系统发育树。

## 2 结果与分析

### 2.1 7 省(区)牛硬蜱的种类

观察 7 省(区)572 只硬蜱的形态,发现其形态一致:硬蜱的假头基呈六边形,无缘垛,有眼但小,口下板齿式 4/4;气门板呈长圆形,尾突呈三角形,肛侧板长,副肛侧板稍短,初步鉴定为微小扇头蜱(图 1)。测序结果显示,微小扇头蜱 *cox1* 基因片段的大小为 817 bp,与 GenBank 数据库中的微小扇头蜱的相应基因序列同源性大于 99%,可进一步确定

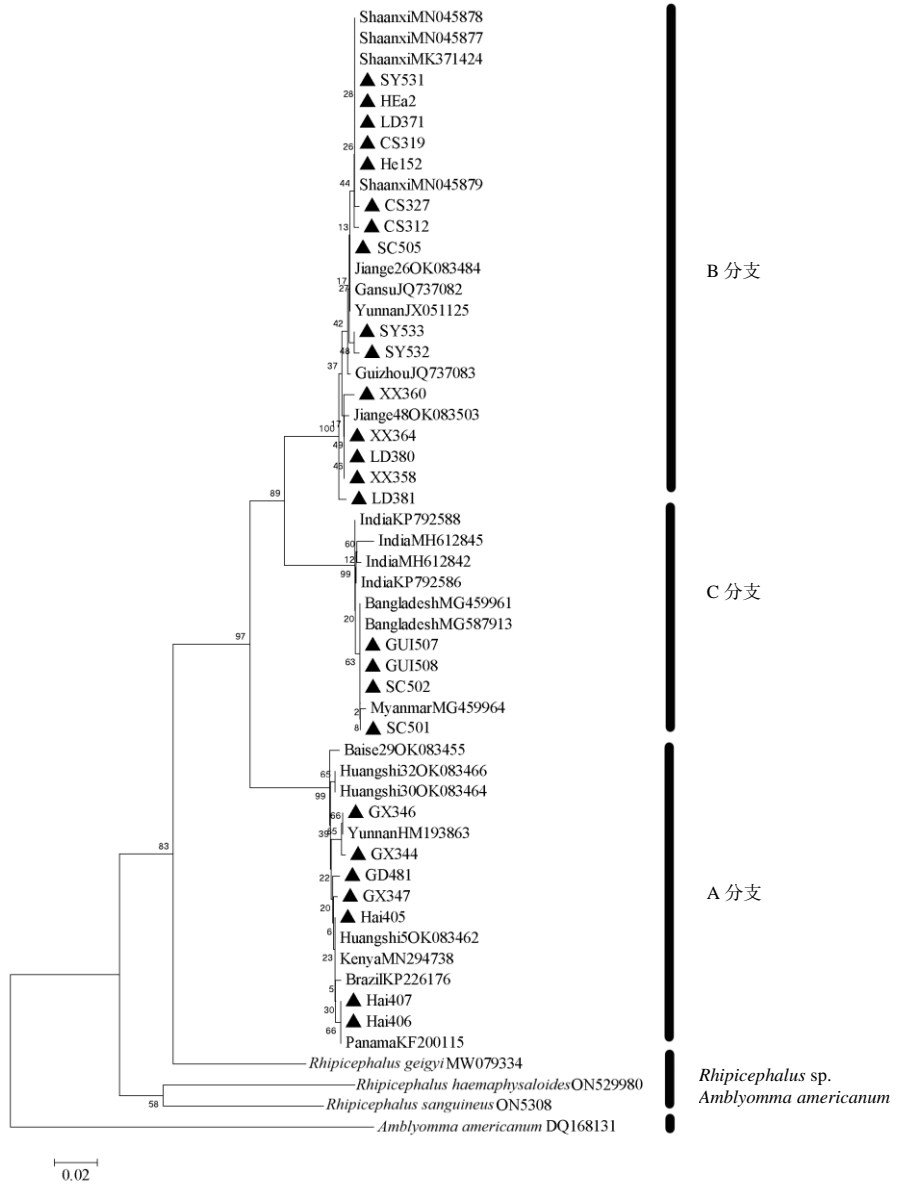
所采集的硬蜱样本属于微小扇头蜱。系统发育树(图 2)显示, 572 只微小扇头蜱分别聚在 A、B、C 等 3 个分支, 广东、广西、海南等地的微小扇头蜱属于 A 分支; 湖南、河南的为 B 分支; 贵州的为 C 分支, 四川的微小扇头蜱属于 B 和 C 分支。



1 雄性微小扇头蜱背面; 2 雄性微小扇头蜱腹面; 3 雌性微小扇头蜱背面; 4 雌性微小扇头蜱腹面。

图 1 微小扇头蜱的形态

Fig.1 Morphological identification of *Rhipicephalus microplus*



▲ 为微小扇头蜱序列。

图 2 基于 *cox1* 基因的微小扇头蜱的系统发育树

Fig.2 Phylogenetic analysis based on *cox1* of *Rhipicephalus microplus*

2.2 微小扇头蜱携带无形体的检测结果

在牛微小扇头蜱中检测到无形体，总检出率为 38.8%(222/572)，其中边缘无形体、山羊无形体、扁平无形体和嗜吞噬细胞无形体的感染率分别为 23.6%、7.3%、5.3%、2.6%(表 1)。湖南的微小扇头蜱检测到 2 种无形体混合感染，其中边缘无形体、山羊无形体混合感染率为 2.6%(15/572)，嗜吞噬细胞无形体和山羊无形体的混合感染率为 0.2%(1/572)(表 2)。此外，在湖南的微小扇头蜱中还检测到 3 种无形体混合感染，其中山羊无形体、扁平无形体和边缘无形体混合感染率为 1%(6/572)；山羊无形体、扁平无形体、嗜吞噬细胞无形体混合感染率 0.2%(1/572)(表 2)。

表 2 7 省(区)微小扇头蜱无形体的混合感染率

采集地 样本数/个		阳性样本数(感染率/%)						
		边缘无形体+山羊无形体	边缘无形体+扁平无形体	嗜吞噬细胞无形体+扁平无形体	嗜吞噬细胞无形体+山羊无形体	山羊无形体+扁平无形体	山羊无形体+嗜吞噬细胞无形体	边缘无形体+山羊无形体+扁平无形体
河南	50	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
湖南	420	15(3.6)	14(3.3)	1(0.2)	1(0.2)	1(0.2)	1(0.2)	6(1.4)
贵州	8	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
海南	37	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
四川	30	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
广东	20	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
广西	7	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)	0(0)
合计	572	15(2.6)	14(2.4)	1(0.2)	1(0.2)	1(0.2)	1(0.2)	6(1.0)

括号内数据为感染率。

2.3 微小扇头蜱 4 种无形体的系统发育

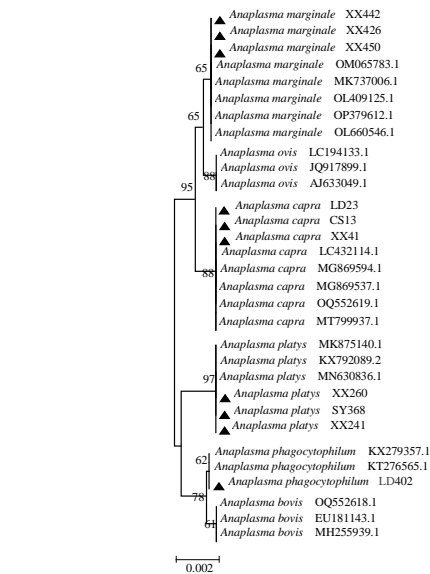
微小扇头蜱 4 种无形体扩增得到的基因序列与已知的相应无形体种的序列同源性均大于 99%。将获得的序列结合 GenBank 下载的其他序列，运用 MEGA 5.05 软件构建系统发育进化树(图 3)，结果得到的序列与已知的相应无形体种的序列均位于同一进化分支上。将获得的无形体序列上传至 NCBI 的 GenBank 数据库中，获得序列登录号依次为 OQ991259(XX260)、OQ991261(SY368)、OQ991260(XX241)、OQ852763(LD23)、OQ852762(CS13)、OQ852764(XX41)、OQ991251(LD402)、OQ983905(XX442)、OQ983903(XX450)、OQ983904(XX426)。

表 1 7 省(区)微小扇头蜱 4 种无形体的感染率

Table 1 Infection of 4 *Anaplasma* species in *Rhipicephalus microplus* from 7 provinces and regions of China

采集地	样本数/个	阳性样本数(感染率/%)			
		边缘无形体	嗜吞噬细胞无形体	山羊无形体	扁平无形体
河南	50	3(6.0)	0(0)	0(0)	0(0)
湖南	420	116(27.6)	14(3.3)	38(9.0)	30(7.1)
贵州	8	3(37.5)	0(0)	0(0)	0(0)
海南	37	11(29.7)	0(0)	0(0)	0(0)
四川	30	1(3.3)	1(3.3)	1(3.3)	0(0)
广东	20	1(5.0)	0(0)	1(5.0)	0(0)
广西	7	0(0)	0(0)	2(28.6)	0(0)
合计	572	135(23.6)	15(2.6)	42(7.3)	30(5.3)

括号内数据为感染率。



▲为无形体序列。

图 3 基于 16S rRNA 基因的微小扇头蜱无形体的进化树

Fig.3 Phylogenetic tree of *Anaplasma* based on 16S rRNA gene

### 3 讨论

所采集的牛体表硬蜱经形态学和分子生物学鉴定为微小扇头蜱,表明微小扇头蜱是南方地区牛的优势蜱种<sup>[4,37]</sup>。微小扇头蜱在广东、广西、贵州、云南等省(区)牛群中流行,每年夏秋季流行率较高<sup>[38-40]</sup>,给畜牧业带来了巨大的经济损失。有研究<sup>[41-42]</sup>表明,基于线粒体 *cox1* 基因序列可将微小扇头蜱划分为 5 个分支。笔者建立的基于线粒体 *cox1* 基因序列的系统发育树显示,这些微小扇头蜱聚集在 A、B 和 C 等 3 个分支。而先前研究认为,中国微小扇头蜱仅存在 A、B 2 个分支<sup>[6]</sup>,此次发现贵州和四川均存在 C 分支,表明中国南方地区的微小扇头蜱具有丰富的遗传多样性。

在 572 只微小扇头蜱中检测到 222 个无形体阳性样,总阳性率为 38.8%,其中边缘无形体、山羊无形体、扁平无形体和嗜吞噬细胞无形体的感染率分别为 23.6%、7.3%、5.3%、2.6%。扇头蜱属是牛无形体病病原边缘无形体最重要的传播媒介<sup>[43]</sup>,该病原在全球以及中国大部分省份普遍存在<sup>[44-46]</sup>。研究<sup>[12]</sup>表明,四川省微小扇头蜱中边缘无形体感染率为 12.5%,贵州省毕节市的感染率为 43.48%<sup>[47]</sup>。本研究中边缘无形体的感染率达 23.6%,除广西外,其余 6 省均有检出,以湖南、贵州、海南的感染率较高,显示边缘无形体已在南方地区普遍流行。扁平无形体主要感染脊椎动物,感染蜱的报道相对较少,武汉 354 只微小扇头蜱中仅有 1 只扁平无形体阳性株<sup>[48]</sup>,四川的检出率仅 0.83%<sup>[12]</sup>。本研究中,扁平无形体的感染率为 5.3%,主要分布在湖南,其他省(区)均未检出,表明该病原可能存在地方性流行。2015 年,山羊无形体被认为是一个新物种,并被证明是一种可感染人类的病原体,它的症状与流感疾病相似,表现为发烧、头晕、头疼、发冷、肌疼等<sup>[27]</sup>。目前,许多分子流行病学调查显示,山羊无形体在农村地区广泛分布,从湖北(12.12%)<sup>[12]</sup>、安康(36.6%)<sup>[49]</sup>等地微小扇头蜱中曾检测到该病原。本次调查结果显示,湖南、四川、广东、广西等省(区)微小扇头蜱中均存在山羊无形体感染,应进一步研究该病原在当地人群的感染情况。嗜吞噬细胞无形体广泛分布于哺乳动物和蜱中,是人粒细胞无形体病(HGA)的病原体。自 1994 年美国首次报道人

患 HGA 之后,其在全球分布范围逐渐扩大,感染数量不断增加,曾多次发现人感染或疑似感染 HGA 的病例<sup>[50]</sup>。此次湖南和四川省均检出该病原,提示湖南、四川存在该病原的分布,且有感染 HGA 的风险,故应增强当地居民对无形体病的防控意识。此外,仅在湖南的牛蜱中存在多种无形体混合感染情况,表明湖南的无形体感染较为严重。为避免蜱传无形体病对人和动物造成危害,应重点对蜱传无形体进行综合防控。

### 参考文献:

- [1] ZHANG Y K, ZHANG X Y, LIU J Z. Ticks(Acari: Ixodoidea) in China: geographical distribution, host diversity, and specificity[J]. Archives of Insect Biochemistry and Physiology, 2019, 102(3): e21544.
- [2] YAWA M, NYANGIWE N, KADZERE C T, et al. In search of the *Rhipicephalus(Boophilus) microplus* in the western-central regions of the Eastern Cape Province, South Africa[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2019, 10(3): 564-567.
- [3] MAHLOBO-SHWABEDE S I C, ZISHIRI O T, THEKISOE O M M, et al. Ticks of domestic animals in Lesotho: morphological and molecular characterization[J]. Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports, 2022, 29: 100691.
- [4] ZHAO G P, WANG Y X, FAN Z W, et al. Mapping ticks and tick-borne pathogens in China[J]. Nature Communications, 2021, 12(1): 1075.
- [5] ANDERSON J F, MAGNARELLI L A. Biology of ticks[J]. Infection Disease Clinics of North America, 2008, 22(2): 195-215.
- [6] VAN LUN L, TEE T S, LING K K, et al. Molecular characterisation of the tick *Rhipicephalus microplus* in Malaysia: new insights into the cryptic diversity and distinct genetic assemblages throughout the world[J]. Parasites & Vectors, 2015, 8(1): 341.
- [7] SUNGIRAI M, BARON S, VAN DER MERWE N A, et al. Population structure and genetic diversity of *Rhipicephalus microplus* in Zimbabwe[J]. Acta Tropica, 2018, 180: 42-46.
- [8] SHI J M, HU Z H, DENG F, et al. Tickborne viruses[J]. Virologica Sinica, 2018, 33(1): 21-43.
- [9] ZHANG X L, DENG Y P, YANG T, et al. Metagenomics of the midgut microbiome of *Rhipicephalus microplus* from China[J]. Parasites & Vectors, 2022, 15(1): 48.

- [10] DUMLER J S, CHOI K S, GARCIA-GARCIA J C, et al. Human granulocytic anaplasmosis and *Anaplasma phagocytophilum*[J]. Emerging Infectious Diseases, 2005, 11(12): 1828–1834.
- [11] MADISON-ANTENUCCI S, KRAMER L D, GEBHARDT L L, et al. Emerging tick-borne diseases[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2020, 33(2): e00083–18.
- [12] LU M, TIAN J H, PAN X L, et al. Identification of *Rickettsia* spp., *Anaplasma* spp., and an *Ehrlichia canis*-like agent in *Rhipicephalus microplus* from southwest and south-central China[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2022, 13(2): 101884.
- [13] XU J, GU X L, JIANG Z Z, et al. Pathogenic *Rickettsia*, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* in *Rhipicephalus microplus* ticks collected from cattle and laboratory hatched tick larvae[J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2023, 17(8): e0011546.
- [14] 刘鑫, 向阳, 央金措, 等. 四川省炉霍县牦牛源蜱传斑点热群立克次体和无形体分子检测及遗传进化分析[J]. 西南农业学报, 2023, 12(8): 1–13.
- [15] 向昱龙, 周敬祝, 张燕, 等. 贵州省少数民族自治州微小扇头蜱的宏基因组分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2023, 34(3): 319–325.
- [16] 任晴, 李美辰, 张家铭, 等. 蜱传人兽共患无形体和立克次体的分子生物学鉴定[J]. 承德医学院学报, 2023, 40(3): 190–195.
- [17] 王钊, 陈学秋, 杜振东, 等. 浙江省重要蜱传病原体流行情况调查[J]. 中国兽医学报, 2023, 43(6): 1222–1227.
- [18] 付婷婷, 白新鸽, 汤芳, 等. 陕西和辽宁部分地区羊源媒介蜱类及其携带病原体调查[J]. 中国兽医杂志, 2023, 59(6): 1–8.
- [19] ZHANG X L, ZHANG B W, MASOUDI A, et al. Comprehensive analysis of protein expression levels and phosphorylation levels in host skin in response to tick (*Haemaphysalis longicornis*) bite[J]. Journal of Proteomics, 2020, 226: 103898.
- [20] RAZAI M S, DOERHOLT K, GALIZA E, et al. Tick bite[J]. BMJ, 2020: m3029.
- [21] RAR V, TKACHEV S, TIKUNOVA N. Genetic diversity of *Anaplasma* bacteria: twenty years later[J]. Infection, Genetics and Evolution, 2021, 91: 104833.
- [22] LU M, MENG C, LI Y L, et al. *Rickettsia* sp. and *Anaplasma* spp. in *Haemaphysalis longicornis* from Shandong province of China, with evidence of a novel species “*Candidatus Anaplasma Shandongensis*”[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2023, 14(1): 102082.
- [23] BARGUL J L, KIDAMBASI K O, GETAHUN M N, et al. Transmission of “*Candidatus Anaplasma camelii*” to mice and rabbits by camel-specific keds, *Hippobosca camelina*[J]. PLoS Neglected Tropical Disease, 2021, 15(8): e0009671.
- [24] CHOCHLAKIS D, IOANNOU I, TSELENTIS Y, et al. Human anaplasmosis and *Anaplasma ovis* variant[J]. Emerging Infectious Diseases, 2010, 16(6): 1031–1032.
- [25] ARRAGA-ALVARADO C M, QUROLLO B A, PARRA O C, et al. Case report: molecular evidence of *Anaplasma platys* infection in two women from Venezuela[J]. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 2014, 91(6): 1161–1165.
- [26] KARPATY S E, KINGRY L, PRITT B S, et al. *Anaplasma bovis*-like infections in humans, United States, 2015–2017[J]. Emerging Infectious Diseases, 2023, 29(9): 1904–1907.
- [27] LI H, ZHENG Y C, MA L, et al. Human infection with a novel tick-borne *Anaplasma* species in China: a surveillance study[J]. The Lancet Infectious Diseases, 2015, 15(6): 663–670.
- [28] LU M, LI F, LIAO Y, et al. Epidemiology and diversity of rickettsiales bacteria in humans and Animals in Jiangsu and Jiangxi provinces, China[J]. Scientific Reports, 2019, 9(1): 13176.
- [29] PENG Y S, LU C Y, YAN Y Q, et al. The first detection of *Anaplasma capra*, an emerging zoonotic *Anaplasma* sp., in erythrocytes[J]. Emerging Microbes & Infections, 2021, 10(1): 226–234.
- [30] JURKOVIĆ D, MIHALJEVIĆ Ž, DUVNJAK S, et al. First reports of indigenous lethal infection with *Anaplasma marginale*, *Anaplasma bovis* and *Theileria orientalis* in Croatian cattle[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2020, 11(5): 101469.
- [31] GUO W P, TIE W F, MENG S, et al. Extensive genetic diversity of *Anaplasma bovis* in ruminants in Xi'an, China[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2020, 11(5): 101477.
- [32] 邓国藩, 姜在阶. 中国经济昆虫志: 第 39 册[M]. 北京: 科学出版社, 1991.
- [33] YI J N, JIN Y C, LIU J H, et al. Genetic variation in three mitochondrial genes among cattle tick *Rhipicephalus microplus* originating from four provinces of China[J]. Tropical Biomedicine, 2019, 36(1): 297–303.
- [34] WEN B H, JIAN R, ZHANG Y Z, et al. Simultaneous detection of *Anaplasma marginale* and a new *Ehrlichia* species closely related to *Ehrlichia chaffeensis* by

- sequence analyses of 16S ribosomal DNA in *Boophilus microplus* ticks from Tibet[J]. Journal of Clinical Microbiology, 2002, 40(9): 3286–3290.
- [35] YANG J F, LIU Z J, NIU Q L, et al. Molecular survey and characterization of a novel *Anaplasma* species closely related to *Anaplasma capra* in ticks, northwestern China[J]. Parasites & Vectors, 2016, 9(1): 603.
- [36] MARTIN A R, BROWN G K, HUGH DUNSTAN R, et al. *Anaplasma platys*: an improved PCR for its detection in dogs[J]. Experimental Parasitology, 2005, 109(3): 176–180.
- [37] CHEN Z, YANG X J, BU F J, et al. Ticks(Acari: Ixodoidea: Argasidae, Ixodidae) of China[J]. Experiment and Applied Acarology, 2010, 51(4): 393–404.
- [38] XIANG Y, ZHOU J, YU F, et al. Characterization of bacterial communities in ticks parasitizing cattle in a touristic location in southwestern China[J]. Experiment and Applied Acarology, 2023, 90(1/2): 119–135.
- [39] LI J, CHEN Z H, JIANG L, et al. Characterization of cattle-origin ticks from Southern China[J]. Acta Tropica, 2018, 187: 92–98.
- [40] SHI J M, SHEN S, WU H, et al. Metagenomic profiling of viruses associated with *Rhipicephalus microplus* ticks in Yunnan Province, China[J]. Virologica Sinica, 2021, 36(4): 623–635.
- [41] ROY B C, ESTRADA-PEN˜A A, KRÜCKEN J, et al. Morphological and phylogenetic analyses of *Rhipicephalus microplus* ticks from Bangladesh, Pakistan and Myanmar[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2018, 9(5): 1069–1079.
- [42] BURGER T D, SHAO R F, BARKER S C. Phylogenetic analysis of mitochondrial genome sequences indicates that the cattle tick, *Rhipicephalus(Boophilus) microplus*, contains a cryptic species[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, 76: 241–253.
- [43] RIBEIRO M F B, LIMA J D. Morphology and development of *Anaplasma marginale* in midgut of engorged female ticks of *Boophilus microplus*[J]. Veterinary Parasitology, 1996, 61(1/2): 31–39.
- [44] KAMANI J, SCHAEER J, UMAR A G, et al. Molecular detection and genetic characterization of *Anaplasma marginale* and *Anaplasma platys* in cattle in Nigeria[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2022, 13(4): 101955.
- [45] KOCAN K M, DE LA FUENTE J, BLOUIN E F, et al. The natural history of *Anaplasma marginale*[J]. Veterinary Parasitology, 2010, 167(2/3/4): 95–107.
- [46] YANG J F, HAN R, LIU Z J, et al. Insight into the genetic diversity of *Anaplasma marginale* in cattle from ten provinces of China[J]. Parasites & Vectors, 2017, 10(1): 1–7.
- [47] LU M, MENG C, GAO X, et al. Diversity of rickettsiales in *Rhipicephalus microplus* ticks collected in domestic ruminants in Guizhou Province, China[J]. Pathogens, 2022, 11(10): 1108.
- [48] LU M, TIAN J H, YU B, et al. Extensive diversity of rickettsiales bacteria in ticks from Wuhan, China[J]. Ticks and Tick-Borne Diseases, 2017, 8(4): 574–580.
- [49] GUO W P, ZHANG B, WANG Y H, et al. Molecular identification and characterization of *Anaplasma capra* and *Anaplasma platys*-like in *Rhipicephalus microplus* in Ankang, Northwest China[J]. BMC infectious Diseases, 2019, 19(1): 434.
- [50] WANG F, YAN M, LIU A, et al. The Seroprevalence of *Anaplasma phagocytophilum* in global human populations: a systematic review and meta-analysis[J]. Transboundary and Emerging Diseases, 2020: tbed.13548.
- 责任编辑: 罗慧敏  
英文编辑: 罗 维