

马爱军, 俞进, 段真真, 等. 新疆阿克苏地区羊无形体感染情况调查 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (4): 71-77.

MA A J, YU J, DUAN Z Z, et al. A survey of sheep *Anaplasma* infections in Aksu, Xinjiang [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (4): 71-77.

## 新疆阿克苏地区羊无形体感染情况调查

马爱军<sup>1,2</sup>, 俞进<sup>3</sup>, 段真真<sup>3</sup>, 李佳<sup>4\*</sup>, 刘凯强<sup>3</sup>,  
诺明达来<sup>1</sup>, 巴音查汗·盖力克<sup>1</sup>

(1. 新疆农业大学动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052;

2. 新疆阿克苏地区农业科技创新中心, 新疆 阿克苏 843000;

3. 新疆阿克苏地区动物疫病控制诊断中心, 新疆 阿克苏 843000;

4. 新疆阿克苏西域牧业发展有限责任公司, 新疆 阿克苏 843000)

**摘要:** 旨在了解新疆阿克苏地区绵羊无形体 (*Anaplasma ovis*) 及嗜吞噬细胞无形体 (*Anaplasma phagocytophilum*) 感染情况及分子特征。分别从阿克苏地区下辖9个县市采集羊全血共计540份。分别以编码热休克蛋白60 (HSP60) 的 *groEL* 基因、16S rDNA 基因的部分序列 (SSAP2) 为靶基因, 运用PCR方法检测其携带绵羊无形体和嗜吞噬细胞无形体情况; 选择强阳性样本测序, 运用MegaAlign进行同源性比对, 运用Mega 11.0构建系统发育树。结果: 无形体的总体感染率为44.81% (242/540), 其中绵羊无形体感染率为35.74% (193/540), 嗜吞噬细胞无形体感染率为11.67% (63/540), 混合感染率为2.60% (14/540)。不同县市无形体感染率存在显著性差异 ( $P < 0.001$ )。在不同饲养环境下, 散养户的绵羊无形体感染率最高, 为57.22% (103/180), 不同饲养环境下绵羊无形体的总体感染率差异显著 ( $P < 0.001$ )。本调查结果表明, 新疆阿克苏地区是绵羊无形体及嗜吞噬细胞无形体流行区, 应该加强无形体的防控与检疫。

**关键词:** 羊; 绵羊无形体; 嗜吞噬细胞无形体; 进化分析; 阿克苏地区

中图分类号: S858.26 文献标志码: A 文章编号: 0529-5130(2025)04-0071-07

## A survey of sheep *Anaplasma* infections in Aksu, Xinjiang

MA Aijun<sup>1,2</sup>, YU Jin<sup>3</sup>, DUAN Zhenzhen<sup>3</sup>, LI Jia<sup>4\*</sup>, LIU Kaiqiang<sup>3</sup>,  
Nuomingdalai<sup>1</sup>, GAILIKE Bayinchahan<sup>1</sup>

(1. College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China;

2. Xinjiang Aksu Region Agricultural Science and Technology Innovation Centre, Aksu 843000, China;

3. Aksu Animal Husbandry and Veterinary Bureau of Xinjiang, Aksu 843000, China;

4. Xinjiang Aksu Western Herd Development Co., Ltd., Aksu 843000, China)

**Abstract:** In order to understand the prevalence of *Anaplasma ovis* and the infection of *Anaplasma phagocytophilum* in the Aksu region, and the molecular characteristics of the pathogen. A total of 540 sheep blood samples were collected from sheep in nine counties and cities under the jurisdiction of Aksu Prefecture. The polymerase chain reaction (PCR) method was used to detect the presence of the pathogens by targeting the genes encoding HSP60 (*groEL*) and a subsequence gene of 16S rDNA (SSAP2). Then, strong positive samples for sequencing were selected, MegaAlign for homology comparison was used, and Mega 11.0 was used to construct a phylogenetic tree. The results were as follows: The overall prevalence of *Anaplasma* infection was 44.81% (242/540), with a prevalence of *A. ovis* infection being 35.74% (193/540) and 11.67% (63/540) in *A. phagocytophilum*, and 2.60% (14/540) in mixed infections. There was a significant difference in the prevalence of *Anaplasma* infection among different counties ( $P < 0.001$ ). In different breeding environments, the *Anaplasma* infection rate of the free-range households was the highest at 57.22% (103/180). Statistically significant differences were found in the overall number of *Anaplasma* infections in different rearing environments ( $P < 0.001$ ). The Aksu region of Xinjiang is an endemic area for *A. ovis* and *A. phagocytophilum*, and should continue to strengthen the prevention, control and quarantine of the anamorphs.

**Keywords:** sheep; *A. ovis*; *A. phagocytophilum*; phylogenetic analysis; Aksu region

收稿日期: 2024-04-10; 修回日期: 2025-02-21

基金项目: 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目 (2022D01F89); 中日蝉传原虫病防控技术合作研究项目 (2021E01001)

第一作者: 马爱军, 男, 硕士

\* 通信作者: 李佳, 高级兽医师, 研究方向为动物疫病诊断与防控, E-mail: 474645214@qq.com。

无形体病是由无形体引起的一种血液性寄生虫病,通过蜱虫传播给脊椎动物宿主<sup>[1]</sup>。无形体(*Anaplasma*)隶属立克次氏体目(Rickettsiales),无形体科(*Anaplasmataceae*)<sup>[2]</sup>。在脊椎动物宿主中,不同的无形体可以感染不同的血细胞,包括红细胞、粒细胞、单核细胞和血小板<sup>[2-3]</sup>。2001年,基于16S rRNA和*groEL*基因序列分析,无形体属包括6个物种:牛无形体(*A. bovis*)、中央无形体(*A. centrale*)、边缘无形体(*A. marginale*)、绵羊无形体(*A. ovis*)、嗜吞噬细胞无形体(*A. phagocytophilum*)和扁平无形体(*A. platys*)<sup>[3-4]</sup>。目前,该属又提出2个新的物种,暂时命名为*A. odocoilei*和*A. capra*<sup>[5]</sup>。羊感染的常见病原有绵羊无形体和嗜吞噬细胞无形体等。

无形体的流行特征随地区、时间及人群的分布具有显著的差异。地区分布方面,绵羊无形体在世界上许多国家流行,据报道,美国蒙大拿州绵羊无形体的阳性率为39%,乌干达地区绵羊和山羊的阳性率为79.1%,意大利西西里岛的阳性率为37%,法国科西嘉岛的阳性率为52%<sup>[6-8]</sup>。嗜吞噬细胞无形体在各个国家的感染率相较于绵羊无形体较低。在丹麦,1/4绵羊的嗜吞噬细胞无形体检测为阳性<sup>[9]</sup>;挪威羔羊感染率最高,检测阳性率为37.5%<sup>[10]</sup>;赞比亚阳性率为9%。在我国云南省、甘肃省河西走廊区域、广东省、安徽省及新疆维吾尔自治区等地区的绵羊均存在无形体感染情况<sup>[11]</sup>。时间分布方面,无形体主要随蜱虫的活动周期流行,集中在5—10月,这与蜱的季节性消长和活动频率呈正相关,一年中蜱的生活史活跃阶段具有交叉性,会造成一年中出现多次活动周期的高峰<sup>[12]</sup>。一项针对嗜吞噬细胞无形体的调查发现,83%的患者是在农牧区从事养殖工作的人员。主要表现症状多发生在年迈的或体弱多病的患者身上,该疾病的死亡率大约为0.7%<sup>[13]</sup>。

羊在感染无形体后主要的临床症状为发热、虚弱无力、流产、食欲减退、消瘦、黄疸、黏膜苍白、产乳量降低等。最为重要的是,无形体感染可能会诱发更为严重的其他疾病,并带来危及生命的后果和经济负担<sup>[14-15]</sup>。

阿克苏地区地处南疆腹地,地理、气候条件多样,蜱及蜱传疾病广泛流行。无形体病作为常见的一种蜱传疾病,其流行给养羊业造成了一定的困扰。本研究对阿克苏地区无形体感染的流行情况进行调查监测,探明其流行规律,分析其演化过程中的分子流行病学特性,为后续针对阿克苏地区无形体感染的精准防控提供数据支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品来源

2023年8—11月,从新疆阿克苏地区各县市随机采集540份羊抗凝血样品。被采集羊多数伴有结膜苍白、消瘦、被毛粗乱等症状,部分有发热表现。通过对比观察,散养户与规模场羊的体态、精神状态存在明显差异,散养户羊偏瘦小、被毛粗乱。采集样本信息如下:分别在阿克苏地区阿克苏市、库车市、温宿县、乌什县、柯坪县、阿瓦提县、新和县、沙雅县及拜城县,分别选取2个乡镇,每个乡镇抽检2个村,每个村抽检2个组,每个组抽检5家农户;每个县还需抽检2个规模场,1个交易市场,1个屠宰场。按照如上规律,共采集9个县市的样品,每个县市采集60份羊全血,合计540份羊全血。

### 1.2 主要试剂

DNA提取试剂盒、DNA凝胶回收试剂盒、GoldenView™核酸染料均购自江苏康为世纪生物科技有限公司;DH5 $\alpha$ 感受态细胞、pMD19-T Vector、Solution I均购自北京宝日医生物技术有限公司;DL2000 DNA Marker、琼脂糖、10% NaOH溶液、1 $\times$  PBS均购自北京鼎国生物技术有限公司。

### 1.3 DNA提取

吸取200  $\mu$ L血液,加入Proteinase K混匀,按照血液基因组DNA提取试剂盒步骤提取DNA。具体步骤如下:加入200  $\mu$ L Buffer GL,震荡混匀,56  $^{\circ}$ C孵育10 min,加入200  $\mu$ L无水乙醇。将所得溶液全部加入到已装入收集管的吸附柱中,用试剂盒中提供的Buffer GW1、GW2先后洗涤3次,室温晾干吸附柱。在新的离心管中向吸附柱加入100  $\mu$ L Buffer GE,室温放置5 min,通过离心收集DNA溶液,-20  $^{\circ}$ C保存。

### 1.4 分子生物学鉴定

用于检测绵羊无形体及嗜吞噬细胞无形体的引物分别参照文献[16-17]中编码热休克蛋白60(HSP60)的*groEL*基因及16S rDNA基因的部分序列(SSAP2),在NCBI网站中查找已知序列比对验证,引物由北京新时代众合科技有限公司合成,引物序列详见表1。

以提取的全血DNA为模板,运用*groEL*及SSAP2基因引物分别检测绵羊无形体与嗜吞噬细胞无形体。PCR反应体系25  $\mu$ L: Mix 12.5  $\mu$ L,上下游引物各1  $\mu$ L,模板DNA 1  $\mu$ L, ddH<sub>2</sub>O 9.5  $\mu$ L。*groEL*扩增条件为:94  $^{\circ}$ C预变性5 min;94  $^{\circ}$ C变性30 s,65  $^{\circ}$ C退火30 s,72  $^{\circ}$ C延伸30 s,循环32次;最后72  $^{\circ}$ C延伸5 min。SSAP2基因扩增条件为:94  $^{\circ}$ C预

变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 56 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 循环 35 次; 最后 72 °C 延伸 5 min。阳性对照为阿克苏地区动物疫病控制诊断中心保存的经测序确定的阳性 DNA, 阴性对照为 ddH<sub>2</sub>O。

表 1 引物序列

引物名称	引物序列 (5'→3')	片段大小/bp
<i>groEL</i> -F	GGGAAGTTGGCAAAGAT	977
<i>groEL</i> -R	GTTAGCGTAGTTCATGGTGT	
SSAP2-F	GCTGAATGTGGGGATAATTTAT	641
SSAP2-R	ATGGCTGCTTCCTTTCGGTTA	

## 1.5 同源性比对及系统发育分析

将测序得到的立克次体 *groEL* 和 SSAP2 基因序列, 运用 SeqMan 软件进行核苷酸序列处理后进行 BLAST 分析, 以评估与先前报道的序列的相似性水平, 使用 MegAlign 软件作序列间同源性比对。在

GenBank 数据库下载参考序列及外群序列, 通过 MEGA 11.0 软件, 使用邻接法 (NJ) 计算操作分类单元之间的遗传距离, 使用具有 1 000 次迭代的自举过程, 构建系统进化树。

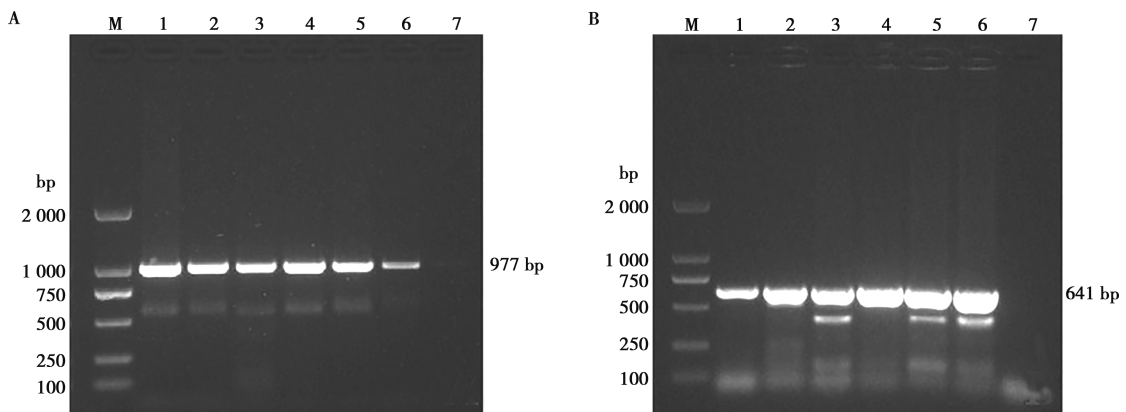
## 1.6 数据统计分析

运用 Excel 软件统计不同采样点及不同饲养环境感染情况, 运用 SPSS 27.0 统计学软件对不同采样点、不同饲养环境、不同病原体之间感染情况进行卡方检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 无形体 PCR 检测

以 *groEL* 和 SSAP2 作为靶基因, 运用 PCR 的方法检测羊感染绵羊无形体及嗜吞噬细胞无形体的情况, 经琼脂糖凝胶电泳分析, 分别在 977 bp 和 641 bp 处出现目的条带, 条带大小与预期片段大小一致, 见图 1。



M. DL2000 DNA Marker; 1~5. 检测样本; 6. 阳性对照; 7. 阴性对照。

图 1 绵羊无形体 (A) 和嗜吞噬细胞无形体 (B) 的 PCR 检测

## 2.2 无形体感染情况

### 2.2.1 不同县市羊感染无形体检测

从阿克苏地区 9 个县市共采集羊全血 540 份, 通过 PCR 检测无形体, 结果表明 (表 2), 阿克苏地区绵羊无形体感染率为 35.74% (193/540), 嗜吞噬细胞无形体感染率为 11.67% (63/540), 两者之间差异性显著 ( $\chi^2 = 86.525$ ,  $P < 0.001$ )。无形体阳性样本总数为 242 份, 总体感染率为 44.81% (242/540), 其中绵羊无形体和嗜吞噬细胞无形体混合感染样本数为 14 份, 混合感染率为 2.60% (14/540)。感染率最高的是库车市, 为 61.67% (37/60), 感染率最低的是拜城县, 为 21.67% (13/60)。

统计分析发现, 阿克苏地区 9 个县市绵羊无形体的感染存在显著性差异 ( $\chi^2 = 66.634$ ,  $P < 0.001$ )。

排除未检测到嗜吞噬细胞无形体的地区, 对剩余县市进行卡方检验, 发现阿克苏不同县市嗜吞噬细胞无形体的感染存在显著性差异 ( $\chi^2 = 53.968$ ,  $P < 0.001$ ); 总体无形体感染也存在显著性差异 ( $\chi^2 = 31.599$ ,  $P < 0.001$ ), 而阿克苏地区不同县市绵羊无形体和嗜吞噬细胞无形体两者的混合感染不存在显著性差异 ( $\chi^2 = 4.705$ ,  $P > 0.05$ ), 详见表 2。

### 2.2.2 不同饲养环境无形体检测

在不同饲养模式下采样, 对阿克苏地区的无形体感染情况进行统计分析发现, 散养户的羊无形体感染率最高, 为 57.22% (103/180), 规模场的羊无形体感染率最低, 为 32.78% (59/180)。其中混合感染率最高的是散养户, 为 3.89% (7/180)。因此可以断定, 优化养殖结构、科学地饲喂、养殖可以降低无

形体的感染。其中也可以证实，从普遍的临床症状如发热、贫血、消瘦、食欲不振、四肢僵硬、关节肿大及乳酸堆积等可以一定程度上判断是否为无形体的感染。

统计分析发现，不同饲养环境下的绵羊无形体感染率存在显著性差异 ( $\chi^2 = 22.561, P < 0.001$ )；不同饲养环境的嗜吞噬细胞无形体感染率存在显著性差异 ( $\chi^2 = 10.404, P < 0.05$ )；不同饲养环境无形体总体感染率差异显著 ( $\chi^2 = 29.038, P < 0.001$ )，详见表 3。

表 2 阿克苏地区不同县市羊感染无形体阳性率统计 %

采样地点	样品份数	绵羊无形体感染率	嗜吞噬细胞无形体感染率	混合感染率	共计感染率
库车市	60	61.67	0	0	61.67
沙雅县	60	31.67	0	0	31.67
新和县	60	46.67	0	0	46.67
拜城县	60	21.67	1.67	1.67	21.67
阿克苏市	60	13.33	25.00	1.67	36.67
温宿县	60	21.67	31.67	8.33	45.00
阿瓦提县	60	56.67	3.33	3.33	56.67
乌什县	60	48.33	5.00	3.33	50.00
柯坪县	60	20.00	38.33	5.00	53.33
合计	540	35.74	11.67	2.60	44.81

表 3 阿克苏地区不同饲养环境羊感染无形体阳性率统计 %

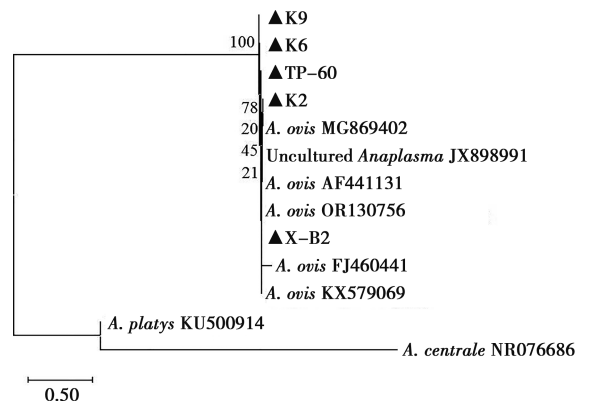
采样点	样品份数	绵羊无形体感染率	嗜吞噬细胞无形体感染率	混合感染率	共计感染率
散养户	180	48.33	12.78	3.89	57.22
交易市场	90	37.78	20.00	3.33	54.44
规模场	180	25.56	9.44	2.22	32.78
屠宰场	90	28.89	5.56	0	34.44
合计	540	35.74	11.67	2.60	44.81

### 2.3 基于 groEL 基因序列同源性比对及遗传进化分析

从 193 份绵羊无形体阳性样品中抽取 35 个强阳性样本进行测序，测序成功 26 个序列，经 BLAST 比对分析显示，全部为绵羊无形体。取其中 5 个样品为代表进行分析，分别为来自阿克苏市屠宰场、拜城县散养户、库车市散养户、乌什县规模场、柯坪县牛羊交易市场采集的羊全血。测序后与 GenBank 库中的绵羊无形体序列比对（登录号：KX579069、AF441131、MG869402、JX898991、FJ460441、

OR130756、KX579069、AF441131、MG869402、KX579069、AF441131、MG869402、KX579069、AF441131、MG869402），结果同源性分别为 98.1%~98.9%、92.0%~98.8%、99.1%~99.8%、98.6%~99.1%、98.6%~99.1%。

以中央无形体和扁平无形体为外群，基于无形体 groEL 基因构建系统发育树。由图 2 可知，代表样品 K9、T-60、K6、TP-60、K2 及 X-B2 与 GenBank 中公布的绵羊无形体序列聚为一簇，且遗传距离接近，与外群序列中央无形体（NR076686）、扁平无形体（KU500914）无聚集且遗传距离远，见图 2。



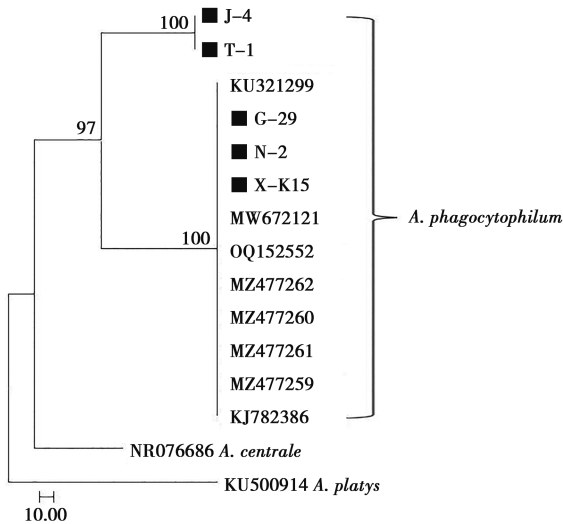
注：▲为本研究获得的代表性序列。

图 2 基于无形体 groEL 基因构建的系统进化树

### 2.4 基于 SSAP2 基因同源性比对及系统发育分析

从 63 份嗜吞噬细胞无形体阳性样品中抽取 25 个强阳性样本进行测序，测序成功 17 个序列，经 BLAST 比对分析显示，全部为嗜吞噬细胞无形体。取其中 5 个样品为代表进行分析，分别为来自沙雅县散户、乌什县散户、阿克苏市屠宰场、柯坪县交易市场、阿瓦提规模场采集的羊全血。测序后与 GenBank 库中的嗜吞噬细胞无形体序列比对（登录号：OQ152552、KJ782386、MZ477259、MZ477261、KU321299、MW672121），结果同源性分别为 99.8%~100%、99.8%~100%、99.8%~100%、99.7%~100% 和 99.4%~100%。

以中央无形体和扁平无形体为外群，基于无形体 SSAP2 基因构建系统发育树。由图 3 可知，序列代表样品 J-4、T-1、G-29、N-2 及 X-K15 与 GenBank 中公布的嗜吞噬细胞无形体序列聚为一簇，且遗传距离接近，与外群序列中央无形体（NR076686）、扁平无形体（KU500914）无聚集且遗传距离远。

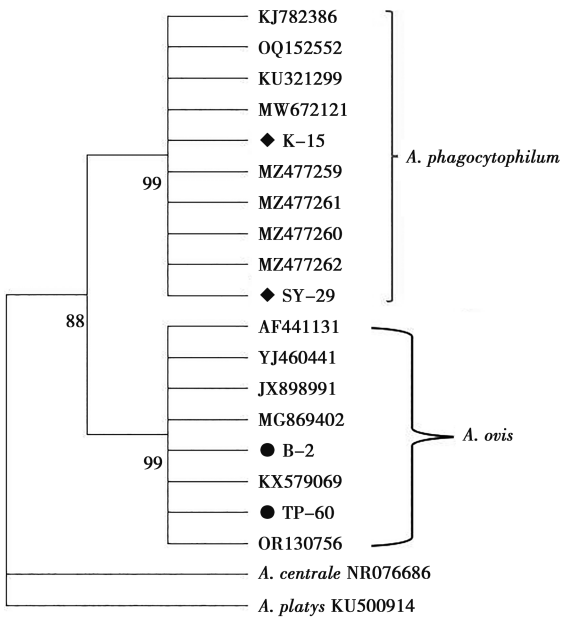


注：■为本研究获得的代表性序列。

图3 基于SSAP2基因构建的系统进化树

### 2.5 多基因联合序列分析

以中央无形体与扁平无形体为外群，基于嗜吞噬细胞无形体SSAP2和绵羊无形体groEL基因构建系统发育树（图4）。



注：◆●为本研究获得的代表性序列。

图4 基于无形体groEL及SSAP2基因构建的系统进化树

从进化树上（图4）可以看出：多基因联合的结构拓扑合理，平均自展值>88，分析序列（TP-60、B-2、K-15、SY-29）分别与参考序列（GenBank中公布的已知序列）聚为一簇。本研究获得的基因序列groEL及SSAP2单独与对应的2种立克次体成为一

簇，且自展值在88~99。参考《伯杰细菌鉴定手册》（第八版），结合序列比对分析得知：嗜吞噬细胞无形体与绵羊无形体共属于无形体属，在树中两者属于姐妹分支，遗传关系稍远，与外群序列中央无形体、扁平无形体无聚集且遗传距离远。本研究获得的序列分别与已知嗜吞噬细胞无形体及绵羊无形体序列无差异，同源比对结果显示相似度皆>90%。

### 3 讨论

目前无形体的检测方法多样，如血涂片镜检、抗体检测、血液生化以及分子生物学等<sup>[16]</sup>。基层兽医常用的检测方法是血涂片镜检，但由于不同种的无形体形态在显微镜下没有显著的差异，因此无法确定无形体的种类。其他抗体、粪便检测等方法在检测无形体感染时均存在一定的差异，随着科研的进步，分子生物学检测更快速、灵敏、准确，结合临床症状及流行病学，运用分子生物学技术综合分析，能够更加准确地检测无形体的感染情况<sup>[18-19]</sup>。

人的无形体病通常无特异性的临床症状，也有文献报道无形体病患者表现出临床症状<sup>[20-23]</sup>，但缺乏证据。动物的无形体病可能与其他常见的症状，如发热、流涎、贫血、黄疸、消瘦、犊牛生长缓慢、奶牛产奶量减少等有关。因此，分子检测是更为准确的一种判定方法<sup>[23]</sup>。正因为无明确的临床症状，更容易出现误诊、错诊的情况，造成不必要的损失，我国普遍将初期症状称为“不明高热”等。虽然无形体无明显的临床症状，但危害性很强，在普通症状发生的同时，后期会引起弥散性血管内凝血、多器官功能衰竭、癫痫及昏迷，最终会导致死亡。

在我国，无形体广泛流行，河南、湖北、浙江及贵州省山羊血样本PCR检测无形体16S rRNA基因和msp2基因，结果平均感染率为6.1%<sup>[24]</sup>。甘肃省南部、藏族自治州绵羊无形体16S rRNA基因检出率42.9%（21/49），山羊38.5%（51/158），牦牛32.3%，犏牛35.0%（7/20）<sup>[25]</sup>。2019年，李佳等<sup>[26]</sup>检测阿克苏地区绵羊无形体阳性率为33.16%（320/965），嗜吞噬细胞无形体阳性率为29.43%（284/965），混合感染率为15.54%（150/965），总体阳性率为47.05%（454/965）。本研究检测到阿克苏地区绵羊无形体阳性率为35.74%，嗜吞噬细胞无形体阳性率为11.67%，混合感染率为2.60%，总体阳性率为44.81%，与李佳等<sup>[26]</sup>报道相比，绵羊无形体与总体感染率相差不大，嗜吞噬细胞无形体与混合感染呈现下降的趋势。在不同饲养模式下，散养户的阳性率最高，为57.22%，规模场的阳性率最低，为32.78%。从无形体的感染率分析，规模化养殖相较

于散养优势很大, 因为规模化养殖可将疾病预防控制得更好。从全国的感染情况来看: 绵羊无形体与嗜吞噬细胞无形体在全国各地的绵羊种群中传播, 但感染程度因地域而异。因此, 这些变化可能与不同的饲养系统、气候条件和蜱虫种群中嗜吞噬细胞的发生有关<sup>[18]</sup>。

目前检测无形体的靶基因较多, 其中 16S rRNA 由于在进化过程具有高度保守性, 现已被作为标记基因广泛应用于无形体分类鉴定中<sup>[16]</sup>。虽然 16S rRNA 在病原微生物分子分类学鉴定中具有重要作用, 但是在鉴定同一个属不同种, 特别是进化关系上相近的种间仍有一定的局限性<sup>[16,27-28]</sup>。本研究通过 2 个基因联合系统发育分析发现, 绵羊无形体与嗜吞噬细胞无形体同属于无形体属, 在树中两者属于姐妹分支, 遗传关系稍远。从不同饲养模式下采集的羊全血中检测到的绵羊无形体与 GenBank 中公布的基因序列相似度为 92.0%~99.8%; 从不同饲养模式下采集的羊全血中检测到的嗜吞噬细胞无形体与 GenBank 中公布的基因序列相似度为 99.4%~100%, 用测序得到的基因序列构建系统发育树得知, 绵羊无形体与嗜吞噬细胞无形体分别聚为一簇。

## 4 结论

对阿克苏地区下辖的 9 个县市的绵羊无形体与嗜吞噬细胞无形体感染进行流行病学调查表明, 绵羊无形体在每个县市的羊群几乎都存在感染, 其感染率为 35.74%; 嗜吞噬细胞无形体阳性率较低, 为 11.67%。调查结果提示, 当地的羊群普遍存在无形体感染, 应加强绵羊无形体及嗜吞噬细胞无形体的监测。

## 参考文献:

- [1] 段真真, 李佳, 古力拜克然木·阿吾提, 等. 阿克苏地区牛感染嗜吞噬细胞无浆体病情况调查分析 [J]. 当代畜牧, 2019 (8): 16-17.
- [2] ATIF F A. Alpha proteobacteria of genus *Anaplasma* (Rickettsiales: Anaplasmataceae): epidemiology and characteristics of *Anaplasma* species related to veterinary and public health importance [J]. Parasitology, 2016, 143 (6): 659-685.
- [3] DUMLER J S, BARBET A F, BEKKER C P, et al. Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: unification of some species of *Ehrlichia* with *Anaplasma*, *Cowdria* with *Ehrlichia* and *Ehrlichia* with *Neorickettsia*, descriptions of six new species combinations and designation of *Ehrlichia equi* and 'HGE agent' as subjective synonyms of *Ehrlichia phagocytophila* [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2001, 51 (Pt 6): 2145-2165.
- [4] LI H, ZHENG Y C, MA L, et al. Human infection with a novel tick-borne *Anaplasma* species in China: a surveillance study [J]. Lancet Infect Dis, 2015, 15 (6): 663-670.
- [5] CALCHI A C, VULTÃO J G, ALVES M H, et al. *Ehrlichia* spp. and *Anaplasma* spp. in Xenarthra mammals from Brazil, with evidence of novel 'Candidatus *Anaplasma* spp' [J]. Scientific Reports, 2020, 10 (1): 12615.
- [6] RENNEKER S, ABDO J, SALIH D E A, et al. Can *Anaplasma ovis* in small ruminants be neglected any longer? [J]. Transbound Emerg Dis, 2013, 60 (Suppl 2): 105-112.
- [7] KASOZI K I, WELBURN S C, BATHIHA G E, et al. Molecular epidemiology of anaplasmosis in small ruminants along a human-livestock-wildlife interface in Uganda [J]. Heliyon, 2021, 7 (1): e05688.
- [8] DE LA FUENTE J, ATKINSON M W, HOGG J T, et al. Genetic characterization of *Anaplasma ovis* strains from bighorn sheep in Montana [J]. J Wildl Dis, 2006, 42 (2): 381-385.
- [9] CABEZAS-CRUZ A, GALLOIS M, FONTUGNE M, et al. Epidemiology and genetic diversity of *Anaplasma ovis* in goats in Corsica, France [J]. Parasit Vectors, 2019, 12 (1): 3.
- [10] STUEN S, PETERSEN K S, GRANQUIST E G, et al. *Anaplasma phagocytophilum* variants in sympatric red deer (*Cervus elaphus*) and sheep in southern Norway [J]. Ticks Tick Borne Dis, 2013, 4 (3): 197-201.
- [11] 何军, 王艳, 胡万富, 等. 安徽省广德县山区易感动物无形体检测结果分析 [J]. 中华疾病控制杂志, 2010, 14 (4): 362-364.
- [12] 周琦, 贺真, 邵中军. 嗜吞噬细胞无形体的流行特征及临床诊断进展 [J]. 中华卫生杀虫药械, 2022, 28 (2): 184-187.
- [13] ZHANG L, WANG G, LIU Q, et al. Molecular analysis of *Anaplasma phagocytophilum* isolated from patients with febrile diseases of unknown etiology in China [J]. PLoS One, 2013, 8 (2): e57155.
- [14] KOCAN K M, DE LA FUENTE J, BLOUIN E F, et al. *Anaplasma marginale* (Rickettsiales: Anaplasmataceae): recent advances in defining host-pathogen adaptations of a tick-borne rickettsia [J]. Parasitology, 2004, 129: 285-300.
- [15] 金紫薇, 罗慧丽, 石文玉, 等. 新疆南疆部分地方品种羊无浆体的分子检测与鉴定 [J]. 动物医学进展, 2022, 43 (2): 59-63.
- [16] 周作勇, 王芝英, 胡世君, 等. 山羊无浆体 16S rRNA、MSP4 和 GroEL (HSP60) 基因的克隆测序及分析 [J]. 中国兽医学报, 2014, 34 (3): 415-21.
- [17] KAWAHARA M, RIKIHISA Y, LIN Q, et al. Novel genetic variants of *Anaplasma phagocytophilum*, *Anaplasma bovis*, *Anaplasma centrale*, and a novel *Ehrlichia* sp. in wild deer and ticks on two major islands in Japan [J]. Appl Environ Microbiol, 2006, 72 (2): 1102-1109.
- [18] BAUER B U, RAILEANU C, TAUCHMANN O, et al. *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma ovis*: emerging pathogens in the German sheep population [J]. Pathogens, 2021, 10 (10): 1298.
- [19] 王珂, 桂雨阳, 李迅, 等. 蜱传嗜吞噬细胞无形体分子生物学检测方法的研究进展 [J]. 预防医学论坛, 2023, 29 (4): 311-420.
- [20] LI H, ZHOU Y, WANG W, et al. The clinical characteristics and outcomes of patients with human granulocytic anaplasmosis in China [J]. Int J Infect Dis, 2011, 15 (12): 859-866.
- [21] 朱有, 韩冰, 李绍民, 等. 人粒细胞无形体病 45 例临床分析

- [J]. 临床医学, 2010, 30 (4): 47-50.
- [22] 徐能鹏, 熊怡祥, 万禧伟, 等. 人粒细胞无形体病六例临床分析 [J]. 临床内科杂志, 2008 (11): 746.
- [23] 张丽娟. 中国嗜吞噬细胞无形体及无形体病研究进展 [J]. 疾病监测, 2014, 29 (5): 409-414.
- [24] LIU Z, MA M, WANG Z, et al. Molecular survey and genetic identification of *Anaplasma* species in goats from central and southern China [J]. Appl Environ Microbiol, 2012, 78 (2): 464-470.
- [25] YANG J, LIU Z, GUAN G, et al. Prevalence of *Anaplasma phagocytophilum* in ruminants, rodents and ticks in Gansu, north-western China [J]. J Med Microbiol, 2013, 62 (Pt 2): 254-258.
- [26] 李佳, 段真真, 杨世忠, 等. 阿克苏地区羊感染无浆体病情况调查分析 [J]. 现代农业科技, 2019 (18): 167-170.
- [27] ZHOU Z, NIE K, TANG C, et al. Phylogenetic analysis of the genus *Anaplasma* in Southwestern China based on 16S rRNA sequence [J]. Res Vet Sci, 2010, 89 (2): 262-265.
- [28] MARTINEZ-MURCIA A J. Phylogenetic positions of *Aeromonas encheleia*, *Aeromonas popoffii*, *Aeromonas* DNA hybridization group 11 and *Aeromonas* group 501 [J]. Int J Syst Bacteriol, 1999, 49 (Pt 4): 1403-1408.

· 信息 ·

## 倡导健康养殖新理念 解读疫病防控新技术 欢迎订阅 2025年《畜牧与兽医》

ISSN 0529-5130, CN 32-1192/S

《畜牧与兽医》月刊由教育部主管、南京农业大学主办。1935年创刊,由原中央大学畜牧兽医系编辑出版,著名兽医学家罗清生教授任主编,至今已有90年的办刊历史。始终遵循“为社会服务,为畜牧生产服务”和“理论与实践相结合,普及与提高并举”的办刊宗旨。本刊连续入选中国科技核心期刊(中国科技论文统计源期刊)、《中文核心期刊要目总览》,先后荣获华东地区优秀期刊、江苏期刊方阵双效期刊、江苏省优秀科技期刊、全国高校优秀期刊、全国畜牧兽医类优秀期刊等。

**读者对象:** 畜牧、兽医科技工作者和大专院校师生等。

**主要内容:** 主要刊登畜牧、兽医两学科各领域的研究报告、文献综述等。主要栏目有遗传繁育、动物营养、环境卫生、基础兽医、预防兽医、临床兽医和专题综述等。

**征订办法:** 本刊为月刊,大16开,定价:28.00元,全年12期共336.00元。邮发代号:28-42,全国各地邮局均可订阅。邮局漏订者可直接汇款至本刊杂志社补订。

**地址:** 江苏省南京市江北新区滨江大道666号南京农业大学行政楼A320《畜牧与兽医》编辑部

**邮编:** 210031

**电话:** 025-84395701 (编辑部)

**E-mail:** muyizz@njau.edu.cn