

· 综 述 · doi:10.3969/j.issn.1671-8348.2019.24.028

网络首发 http://kns.cnki.net/kcms/detail/50.1097.R.20191008.0828.002.html(2019-10-08)

# Q 热立克次体主要宿主动物、媒介及其疾病影响因素\*

刘思彤综述,尹家祥<sup>△</sup>审校

(大理大学公共卫生学院/预防医学研究所,云南大理 671000)

**[摘要]** Q 热是一种由贝氏柯克斯体(又名 Q 热立克次体,Cb)引起的自然疫源性疾病,呈世界性分布。本文概述了 Cb 主要宿主动物、媒介及其疾病影响因素。探讨 Q 热在动物种群中的流行分布,对有效预防和控制 Q 热的发生,保护人群生命健康有重要意义。

**[关键词]** Q 热;立克次体属;宿主动物;传染媒介;影响因素

**[中图法分类号]** R513.4

**[文献标识码]** A

**[文章编号]** 1671-8348(2019)24-4261-04

## The main host animals, vectors and its disease influencing factors of *Coxiella burnetii*\*

LIU Sitong, YIN Jiaxiang<sup>△</sup>

(School of Public Health/Institute of Preventive Medicine, Dali University, Dali, Yunnan 671000, China)

**[Abstract]** Q fever is a natural focus disease caused by the bacterium, *Coxiella burnetii* (Cb), which is distributed worldwide. This paper summarized the main host animals, vectors and its disease influencing factor of Cb, and explored the epidemic distribution of Q fever in animal populations, which could provide great significance for effectively preventing and controlling the occurrence of Q fever and protecting people's health.

**[Key words]** Q fever; rickettsia; host animals; fomites; influencing factors

Q 热是由贝氏柯克斯体(又名 Q 热立克次体, *Coxiella burnetii*, Cb)引起的自然疫源性疾病,在世界范围内广为流行<sup>[1]</sup>。Cb 是革兰阴性菌,归立克次体科、立克次体族、柯克斯体属,属变形菌纲  $\gamma$  亚群,专性寄生于活细胞内,可在多种宿主动物间传播<sup>[2-4]</sup>。Cb 主要存在于受感染动物的尿液、粪便、羊水等排泄物中,在环境中可存活数年,一定条件下能形成气溶胶,借助风向因素远距离传播 Q 热<sup>[5-6]</sup>。Q 热的暴发与受感染的反刍动物有关<sup>[7-8]</sup>;但也有研究报道,某些野生动物才是维持 Cb 在自然界循环的真正宿主<sup>[9-10]</sup>。本文就 Cb 主要宿主动物、媒介及其疾病影响因素作一综述。

### 1 Cb 宿主动物

**1.1 家养动物** 家养动物中,反刍动物如山羊、绵羊、牛是感染人类的主要来源<sup>[11]</sup>,其次是骆驼和马<sup>[12-13]</sup>。2007—2010 年,Q 热在荷兰暴发流行,感染 Q 热病例数超过 4 000 例,调查发现传染源是感染 Cb 的山羊<sup>[14]</sup>,人们通过吸入受 Cb 感染的气溶胶而致病<sup>[15-16]</sup>。但在大多数 Q 热暴发中,绵羊被认为是最主要的传染源,山羊次之,只有少数传染源是牛科动

物<sup>[17-18]</sup>。受到 Cb 感染的孕兽通过尿液、粪便、血液、阴道分泌物等排出大量的 Cb 污染环境,但不同种类的动物排泄 Cb 的方式不太一致<sup>[19]</sup>。绵羊主要通过阴道分泌物、粪便排泄 Cb;山羊主要通过粪便和血液中的 Cb 污染环境;而牛主要通过奶制品传播 Cb<sup>[2,19]</sup>。骆驼和马被认为是重要的储存宿主,对于维持 Cb 的传播机制起到重要的作用,但具体传播机制尚不清楚<sup>[2,13,19]</sup>。

此外,家养动物中狗和猫也被认为是 Cb 的重要宿主。Cb 的 DNA 曾在健康成年猫的阴道和子宫中检测出来,并证实了 Cb 可以通过猫传播给人类<sup>[20]</sup>。在赞比亚,研究者在家犬体内分离出 Cb 菌株,同时证明家犬的感染可能与人类慢性 Q 热感染有关<sup>[21]</sup>。ROEST 等<sup>[19]</sup>研究表明,猫科动物和犬科动物中 Cb 血清阳性率分别达到 42% 和 22%。在荷兰 Q 热暴发期间,家猫和家狗的 Cb 血清阳性率分别为 10% 和 13%,作为人类的同伴动物,猫和狗被认为是 Cb 传播的重要宿主<sup>[19,22]</sup>。但其传播 Cb 的机制并不明确,有研究认为可能与啮齿动物的频繁接触有关<sup>[20-21]</sup>。

**1.2 野生动物** 啮齿动物分布广泛,种类繁多,是

\* 基金项目:国家自然科学基金项目(81860565);大理大学自然疫源性疾病预防与控制团队(ZKPY2019201)。作者简介:刘思彤(1993—),在读硕士研究生,主要从事自然疫源性疾病预防与控制研究。<sup>△</sup> 通信作者,E-mail: chinayjx@hotmail.com。

Cb 重要的储存宿主<sup>[23]</sup>。目前,已在 35 种不同的啮齿动物中发现了 Cb 感染的证据,分属 26 个不同的种属<sup>[24]</sup>。啮齿动物对 Cb 普遍易感,且具有较高的血清阳性率<sup>[4,25]</sup>。其中褐家鼠的 Cb 血清阳性率最高,各国平均阳性率在 10%~22%,这可能与褐家鼠的群居特性有关<sup>[26]</sup>;在我国,黄胸鼠的血清阳性率仅次于褐家鼠,这可能是由于褐家鼠、黄胸鼠共享栖息环境的习性,从而导致 Cb 在两种动物间传播<sup>[27-28]</sup>。国外报道,黑家鼠的血清阳性率仅次于褐家鼠,且在黑家鼠体内分离出 Cb 菌株,通过对菌株 DNA 的测序分析显示,黑家鼠的感染和反刍动物的感染具有一定的相关性<sup>[29]</sup>。在西班牙农场附近,发现了一些 Cb 检测阳性的啮齿动物,且在农场附近全年都可以检测出受到 Cb 感染的褐家鼠和黑家鼠<sup>[29-30]</sup>,这也证明了啮齿动物的 Cb 感染状况和反刍动物有一定的关联,但关于啮齿动物和反刍动物间的传播机制问题仍在讨论。一些研究认为,啮齿动物是由于和受感染的反刍动物直接接触从而感染 Cb,并不是在自然疫源地上受到感染<sup>[30]</sup>;另一些研究认为,在夏季末期,在疫源地受到 Cb 感染的啮齿动物会通过迁徙行为聚集在农场附近,因为农作物会作为其度过秋冬季的食物来源,而此时正是反刍动物繁殖的时期,Cb 在孕兽体内的感染机制会进一步被激活,从而啮齿动物是 Cb 感染反刍动物的真正来源<sup>[11,18]</sup>。但是啮齿动物对于维持 Cb 传播周期的重要意义有待进一步研究。

Cb 也被发现存在于野生蹄类动物、兔形目动物、野生猫科和犬科动物、鸟类及海洋哺乳类动物中<sup>[17,20,30-31]</sup>。在野生蹄类动物中,红鹿是 Cb 的重要储存宿主<sup>[17,19]</sup>。在伊比利亚,已从不同地域捕获来的红鹿体内分离出不同类型的 Cb 菌株,并显示其中一些特定基因型可感染人类<sup>[9]</sup>;在拉丁美洲国家,三趾树懒被认为是 Q 热暴发的传染源,这种动物生活在城市的边缘地带,与人类接触较多,是引起 Q 热暴发的高危因素<sup>[32]</sup>。在兔形目动物中,野兔可作为感染人类的传染源<sup>[10,17]</sup>。在野生猫科和犬科动物中,野猫的血清阳性率在 33.3%~72.7%<sup>[6]</sup>;狐狸和土狼的血清中 Cb 阳性率较高,分别为 55%和 37.5%<sup>[10,17]</sup>;在鸟类的研究中,已发现 18 目 29 科 190 多种鸟类可感染 Q 热,并可将 Cb 传播给人类<sup>[33]</sup>;在海洋哺乳类动物中,已报道海豹、海狮、海豚等动物可感染 Cb<sup>[19]</sup>。野生动物可传播 Cb,但其在自然疫源地维持方面所起到的作用,仍需深入调查和研究<sup>[10,34]</sup>。

## 2 Cb 传播媒介

蜱被认为是 Cb 最重要的传播媒介<sup>[13]</sup>。蜱是一种节肢动物,是动物体表的皮外寄生虫。蜱总科分为

硬蜱科和软蜱科,硬蜱属种(如矩头蜱属、血蜱属、璃眼蜱属、硬蜱属)和软蜱属种(如钝缘蜱属)均是 Cb 的重要储存和传播媒介<sup>[35]</sup>。自然界中蜱的分布较为广泛,有 40 多种蜱可以感染并传播 Cb<sup>[19]</sup>。在非洲地区,蜱的种类丰富且 Cb 感染率最高,经检测 CbDNA,阳性率为 2.5%~37.0%。其中,某些蜱(如丽色扇头蜱、具尾扇头蜱、彩饰花蜱、宝石花蜱、长喙璃眼蜱等)在局部地区有较高的 Cb 感染率<sup>[35-36]</sup>。在欧非交界的地中海地区,血蜱属和扇头蜱属是 Cb 的重要宿主,某些血蜱属的感染率可达 20.0%<sup>[31]</sup>;在欧洲地区,硬蜱的 Cb 平均感染率为 2.6%<sup>[35]</sup>,在西班牙的加那利群岛上,蜱的感染率为 6.1%,主要以璃眼蜱属和扇头蜱属为主<sup>[29]</sup>;而在欧洲局部地区,蜱的 Cb 感染率非常低<sup>[24,37]</sup>。这说明了蜱在局域内部的 Cb 感染情况具有一定的差别。在北美洲,安氏革蜱、美洲钝眼蜱、西方革蜱、皮革钝缘蜱也被发现可以传播 Cb<sup>[17]</sup>。在我国,蜱的分布范围主要集中在西北部,且 Cb 感染率可达到 10.0%以上,其中,青海血蜱的感染率最高(59.4%)。目前,已从四川的铃头血蜱、新疆的亚洲璃眼蜱和残缘璃眼蜱及内蒙古的亚东璃眼蜱等蜱种中分离出病原体,证实其为当地的主要媒介蜱种<sup>[38]</sup>。

蜱通常被认为是 Cb 感染反刍动物和野生动物的传播媒介,也是维持其传播的载体<sup>[10,17]</sup>,甚至也可以直接将 Cb 传播给人类<sup>[31]</sup>,但其传播机制可能有所不同,有待进一步研究。此外,研究人员从印鼠客蚤和栉头蚤中检测出了 Cb 的 DNA,证实了蚤类动物也可以感染 Cb<sup>[39]</sup>,在地中海地区,蚤类的 Cb 感染率为 16.3%,其中,犬栉头蚤的感染率可高达 38.1%。研究还发现,所有 CbDNA 阳性的犬栉头蚤均寄生于宿主动物狐狸,所有 CbDNA 阳性的印鼠客蚤均来源于鼠类,这说明 Cb 在不同蚤类的分布情况和所寄生的宿主动物有一定的关联,但蚤类在野生动物传播 Cb 的机制也并不明确<sup>[40]</sup>。

## 3 Q 热疾病影响因素

Q 热是一种自然疫源性疾,其病原体、宿主和媒介都是在一定地理景观中存在的生物群落成员,受自然因素和社会因素的影响,其分布也有较为明显的流行特征<sup>[23]</sup>。首先,Cb 病原结构决定了其易于传播的特点,包括小细胞变异株(small cell variant, SCV)和大细胞变异株(large cell variant, LCV),外界环境中 Cb 以类似孢子结构的 SCV 发育形态存活,在极端环境中可保持 Cb 的感染性长达几个月<sup>[3,11]</sup>,并通过气溶胶进行病原扩散,侵入宿主细胞后以 LCV 发育形态进行快速繁殖,以极低的剂量和高传播率在人类和宿主动物之间维持 Cb 的病原循环<sup>[11,19]</sup>;Cb 还可以

与多种病原体存在交叉感染,病原体之间传播周期重叠会使 Cb 的传播机制变得更为复杂<sup>[24,28]</sup>。其次,宿主、媒介的生活状态、物种密度、行为习惯、排菌途径、栖息地内部环境都会影响着 Q 热的流行分布<sup>[18,20,37]</sup>。Q 热暴发多发生在牧场、屠宰场和肉类加工厂,流行病学调查显示与反刍动物直接接触是 Q 热感染的高危因素,也因此被认为是一种职业病<sup>[1,23]</sup>。人类与野生动物(尤其是野生啮齿类动物)的接触也会感染 Q 热<sup>[6,9-10]</sup>。现研究已表明,动物和人类共享栖息地是导致人类 Q 热感染的高危因素,许多动物的活动范围更集中于森林边缘地带,即更靠近人类居住的地方,具有广泛的地理分布特征<sup>[24,26,32]</sup>,但具体传播机制并不清楚,有待于研究。此外,气候地理环境因素也会影响 Q 热的流行分布,Q 热多发生在热带亚热带地区,在平原地区流行分布较少,多发生在丘陵、山地;温暖、多风、干燥的气候环境有利于 Q 热的传播,其中风向因素被视为 Q 热暴发流行的高危因素之一<sup>[17,19,27,32]</sup>,Q 热流行地区多分布在一些国家主导风向的下风侧,且温暖多风的春季也是 Q 热的好发季节<sup>[1,29]</sup>;在全球气候变暖趋势的影响下,Q 热的流行地带会逐渐向温带寒带迁移,其疫源地范围将会进一步扩大<sup>[3]</sup>。

综上所述,随着生态旅游的发展,人们有更多的机会与自然接触,有可能破坏动物栖息地的生态环境,同时也增大了感染 Cb 的风险,危害旅游人群的健康。因此,深入研究 Cb 宿主动物种类、传播媒介及影响 Q 热流行发生的相关因素,对预防和控制 Q 热,保护人民健康,促进社会经济的发展有着重要意义。

## 参考文献

- [1] MOSTAFAVI E, RASTAD H, KHALILI M. Q fever: an emerging public health concern in Iran[J]. *Asian J Epidemiol*, 2012, 5(3): 66-74.
- [2] MOHAMMED O B, JARELNABI A A, ALJUMAAH R S, et al. Coxiella burnetii, the causative agent of Q fever in Saudi Arabia: molecular detection from camel and other domestic livestock [J]. *Asian Pacific J Tropical Med*, 2014, 7(9): 715-719.
- [3] HARTELT K, PLUTA S, OEHME R, et al. Spread of ticks and tick-borne diseases in Germany due to global warming [J]. *Parasitol Res*, 2008, 103 (Suppl): S109-116.
- [4] FORONDA P, PLATA-LUIS J, DEL CASTILLO-FIGUERUELO B, et al. Serological survey of antibodies to Toxoplasma gondii and Coxiella burnetii in rodents in north-western African islands (Canary Islands and Cape Verde) [J]. *Onderstepoort J Vet Res*, 2015, 82(1): e1-4.
- [5] OPSTEEGH M, HOGERWERF L, NOOIJEN S, et al. Experimental Inoculation of Male Rats with Coxiella burnetii: Successful Infection but No Transmission to Cage Mates [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2012, 78(16): 5661-5665.
- [6] CANDELA M G, CABALLOL A, ATANCE P M. Wide exposure to Coxiella burnetii in ruminant and feline species living in a natural environment: zoonoses in a human-livestock-wildlife interface [J]. *Epidemiol Infect*, 2017, 145(3): 478-481.
- [7] KWAK W, CHU H, HWANG S, et al. Epidemiological characteristics of serologically confirmed Q fever cases in South Korea, 2006 - 2011 [J]. *Osong Public Health Res Perspect*, 2013, 4(1): 34-38.
- [8] VAN DER HOEK W, Dijkstra F, Schimmer B, et al. Q fever in the Netherlands: an update on the epidemiology and control measures [J]. *Euro Surveill*, 2010, 15(12): pii: 19520.
- [9] GONZÁLEZ-BARRIO D, HAGEN F, TILBURG J J, et al. Coxiella burnetii Genotypes in Iberian Wildlife [J]. *Microb Ecol*, 2016, 72(4): 890-897.
- [10] PSAROULAKI A, CHOCHLAKIS D, ANGELAKIS E, et al. Coxiella burnetii in wildlife and ticks in an endemic area [J]. *Trans R Soc Trop Med Hyg*, 2014, 108(10): 625-631.
- [11] GÜRTLER L, BAUERFEIND U, BLÜMEL J, et al. Coxiella burnetii - pathogenic agent of Q (Query) fever [J]. *Transfus Med Hemother*, 2014, 41(1): 60-72.
- [12] DOOSTI A, ARSHI A, SADEGHI M. Investigation of Coxiella burnetii, in Iranian camels [J]. *Comp Clin Pathol*, 2014, 23: 43-46.
- [13] SEO M G, LEE S H, VANBIK D, et al. Detection and genotyping of Coxiella burnetii and Coxiella-like bacteria in horses in South Korea [J]. *PLoS One*, 2016, 11(5): e0156710.
- [14] SCHIMMER B, TER SCHEGGET R, WEGDAM M, et al. The use of a geographic information system to identify a dairy goat farm as the most likely source of an urban Q-fever outbreak [J]. *BMC Infect Dis*, 2010, 10(1): 69.
- [15] VAN DER HOEK W, HUNINK J, VELLEMA P, et al. Q fever in The Netherlands: the role of local environmental conditions [J]. *Int J Environ Health Res*, 2011, 21(6): 441-451.
- [16] DE BRUIN A, DE GROOT A, DE HEER L, et al. Detection of Coxiella burnetii in complex matrices by using multiplex quantitative PCR during a major Q fever outbreak in the Netherlands [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2011, 77(18): 6516-6523.

- [17] MCQUISTON J H, CHILDS J E. Q fever in humans and animals in the United States[J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2002, 2(3): 179-191.
- [18] MEERBURG B G, REUSKEN C B E M. The role of wild rodents in spread and transmission of *Coxiella burnetii* needs further elucidation[J]. *Wildlife Res*, 2011, 38(7): 617-625.
- [19] ROEST H I, BOSSERS A, VAN ZIJDERVELD F G, et al. Clinical microbiology of *Coxiella burnetii* and relevant aspects for the diagnosis and control of the zoonotic disease Q fever[J]. *Vet Q*, 2013, 33(3): 148-160.
- [20] MEREDITH A L, CLEVELAND S C, DENWOOD M J, et al. *Coxiella burnetii* (Q-fever) seroprevalence in prey and predators in the United Kingdom: evaluation of infection in wild rodents, foxes and domestic cats using a modified ELISA[J]. *Transbound Emerg Dis*, 2015, 62(6): 639-649.
- [21] CHITANGA S, SIMULUNDU E, SIMUUNZA M C, et al. First molecular detection and genetic characterization of *Coxiella burnetii*, in Zambian dogs and rodents[J]. *Parasit Vectors*, 2018, 11(1): 40.
- [22] ROEST H I, TILBURG J J, VAN DER HOEK W, et al. The Q fever epidemic in The Netherlands: history, onset, response and reflection[J]. *Epidemiol Infect*, 2011, 139(1): 1-12.
- [23] 范泉水. 西南地区自然疫源性疾病与医学动物[M]. 北京: 军事医学科学出版社, 2013: 261-263.
- [24] ROZENTAL T, FERREIRA M S, GUTERRESA, et al. Zoonotic pathogens in Atlantic Forest wild rodents in Brazil: *Bartonella* and *Coxiella* infections[J]. *Acta Tropica*, 2017, 168: 64-73.
- [25] LIU L, XU B L, FU Y G, et al. *Coxiella burnetii* in Rodents on Heixiazhi Island at the Sino-Russian Border[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2013, 88(4): 770-773.
- [26] REUSKEN C, VAN DER PLAATS R, OPSTEEGH M, et al. *Coxiella burnetii* (Q fever) in *Rattus norvegicus* and *Rattus rattus* at livestock farms and urban locations in the Netherlands; could *Rattus* spp. represent reservoirs for (re) introduction? [J]. *Pre Vet Med*, 2011, 101(1-2): 124-130.
- [27] 吴志伟. 河南省立克次体流行病学调查[D]. 山东大学, 2005.
- [28] 章域震, 王勇, 杨卫红, 等. 云南省曲靖市啮齿动物的立克次体血清学和分子流行病学调查[J]. *中国人兽共患病学报*, 2015, 31(1): 35-40.
- [29] BOLAÑOSRIVERO M, CARRANZARODRÍGUEZ C, RODRÍGUEZ N F, et al. Detection of *Coxiella burnetii* DNA in peridomestic and wild animals and ticks in an endemic region (Canary Islands, Spain) [J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2017, 17(9): 630-634.
- [30] PASCUCCI I, DI D M, DALL'ACQUA F, et al. Detection of Lyme Disease and Q Fever Agents in Wild Rodents in Central Italy[J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2015, 15(7): 404-411.
- [31] VARELA-CASTRO L, ZUDDAS C, ORTEGA N, et al. On the possible role of ticks in the eco-epidemiology of *Coxiella burnetii*, in a Mediterranean ecosystem[J]. *Ticks Tick Borne Dis*, 2018, 9(3): 687-694.
- [32] MILLION M, RAOULT D. Recent advances in the study of Q fever epidemiology, diagnosis and management[J]. *J Infect*, 2015, 71(4): S2-S9.
- [33] 肖军, 杨尹章, 涂文姬, 等. 昆明市主要陆生野生动物疫源种类及其监测策略[J]. *林业调查规划*, 2017, 42(3): 88-95.
- [34] 冯晓妍, 吴敏, 罗敏. 我国 Q 热流行病学研究进展[J]. *医学动物防制*, 2010, 26(3): 219-220.
- [35] KAMANI J, BANETH G, GUTIÁÉRREZ R, et al. *Coxiella burnetii* and *Rickettsia conorii*: Two zoonotic pathogens in peridomestic rodents and their ectoparasites in Nigeria[J]. *Ticks Tick Borne Dis*, 2017, 9(1): 86-92.
- [36] NDEEREH D, MUCHEMI G, THAIYAH A, et al. Molecular survey of *Coxiella burnetii*, in wildlife and ticks at wildlife - livestock interfaces in Kenya[J]. *Exp Appl Acarol*, 2017, 72(3): 277-289.
- [37] PLUTA S, HARTELT K, OEHME R, et al. Prevalence of *Coxiella burnetii* and *Rickettsia* spp. in ticks and rodents in southern Germany[J]. *Ticks Tick Borne Dis*, 2010, 1(3): 145-147.
- [38] 张芳, 刘增加. 我国西北部分地区 Q 热分子流行病学调查[J]. *中国病原生物学杂志*, 2011(3): 183-185.
- [39] LOFTIS A D, REEVES W K, SZUMLAS D E, et al. Surveillance of Egyptian fleas for agents of public health significance; *Anaplasma*, *Bartonella*, *Coxiella*, *Ehrlichia*, *Rickettsia*, and *Yersinia pestis*[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2006, 75(1): 41-48.
- [40] PSAROULAKI A, CHOCHLAKIS D, IOANNOU I, et al. Presence of *Coxiella burnetii* in fleas in Cyprus[J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2014, 14(9): 685-687.