

• 综 述 •

## 西部地区蜱虫携带致病性病毒现状<sup>\*</sup>

李 倩, 李加恒, 甘 军, 刘小云, 吴铖韵, 杨玉霖, 石清明<sup>△</sup>, 叶晓磊<sup>▲</sup>

(西部战区疾病预防控制中心, 甘肃 兰州 730030)

**[摘 要]** 蜱传疾病已成为全球性的健康问题, 蜱传病毒则被认为是重要的致病因子。近年来, 在新疆、西藏等地的蜱内已分离出多种新型病毒。该文主要对我国西部地区蜱虫携带致病性病毒现状进行了简要概述, 以期开展蜱传病毒性疾病系统研究和综合防控提供参考。

**[关键词]** 蜱; 西部地区; 蜱传病毒; 综述

DOI:10.3969/j.issn.1009-5519.2025.11.027

中图法分类号: R384.4

文章编号: 1009-5519(2025)11-2644-05

文献标识码: A

### The current situation of ticks carrying pathogenic viruses in the western region<sup>\*</sup>

LI Qian, LI Jiaheng, GAN Jun, LIU Xiaoyun, WU Chengyun, YANG Yulin,

SHI Qingming<sup>△</sup>, YE Xiaolei<sup>▲</sup>

(Center for Disease Control and Prevention in Western Theater Command,

Lanzhou, Gansu 730030, China)

**[Abstract]** Tick-borne diseases have become a global health problem, with tick-borne viruses recognized as significant pathogenic factors. In recent years, a variety of novel viruses have been isolated from ticks in Xinjiang, Tibet and other places. This article mainly provides a brief overview of the current situation of pathogenic viruses carried by ticks in the western region of our country, with the aim of providing a reference for the systematic research and comprehensive prevention and control of tick-borne viral diseases.

**[Key words]** Tick; Western regions; Tick-borne virus; Review

蜱是一种吸血节肢动物, 主要寄生于哺乳动物的体表, 是仅次于蚊的第二大自然疫源性疾病传播媒介, 可以储存和传播病毒、细菌、立克次体、螺旋体及其他病原体。近年来, 随着经济发展和人类活动增加, 蜱传病毒(tick-borne virus, TBVs)受到越来越多关注, 被视为动物和人类健康威胁的主要因素之一<sup>[1]</sup>。迄今为止, 已有 100 多种 TBV 被分离鉴定出来, 可被分类为 2 目 9 科 12 属, 此外, 还有一些 TBV 尚无明确分类<sup>[2]</sup>。

我国西部地区涵盖森林、草地、湿地等多种适宜蜱虫生存的自然生态, 已在多个地区发现蜱虫分布。随着西部大开发力度的加大、林牧业资源综合开发及西北旅游业发展, 人群活动范围逐步拓展, 与蜱接触机会逐渐增多, 感染蜱虫携带病原体的机会也在上升; 加之新发或再发蜱传疾病种类和发病例数日益增加, 以及边境地区输入性蜱传病毒病威胁持续增加, 这些均对人群健康构成严重威胁, 加大对该地区蜱媒传染病的监管和防控, 具有重要的公共卫生意义。本文对我国西部地区(内蒙古除外)11 个省级行政区蜱虫携带致病性病毒现状做一综述, 旨在为进一步开展

相关研究及采取防控措施提供参考。

#### 1 黄病毒科(Flaviviridae)

黄病毒科家族由一大类单链正义 RNA 病毒组成, 包括寨卡病毒(zika virus, ZIKV)和蜱传脑炎病毒(tick-borne encephalitis virus, TBEV)等多种病原体。大多数黄病毒主要通过节肢动物媒介传播, 可感染人类和哺乳动物, 近年来, 我国西部地区在多地检测到蜱传黄病毒科病毒, 提示随着全球气候变化, 蜱传黄病毒对我国西部地区的威胁逐渐加剧。

**1.1 TBEV** TBEV 属于正黄病毒属(Orthoflavivirus), 在我国又称森林脑炎。患者表现为发热、头痛、颈部僵硬, 随后进展为脑膜脑炎或脑脊髓炎, 严重者可致意识障碍、瘫痪甚至死亡, 病死率高达 20%~40%<sup>[3]</sup>。硬蜱(Ixodidae)是其传播媒介和储存宿主, 其宿主主要是小型哺乳动物, 如啮齿动物、刺猬、狐狸等<sup>[4]</sup>。TBEV 通常分为远东型、西伯利亚型和欧洲型 3 个亚型<sup>[3]</sup>。我国西部地区主要是远东型和西伯利亚型, 此外, 在我国青藏高原旱獭体内发现了一种新的基因型, 被命名为喜马拉雅型<sup>[5]</sup>。2000—2023 年, TBEV 流行率呈现逐渐上升趋势<sup>[6]</sup>, 目前, 我国新疆

<sup>\*</sup> 基金项目: 军队医学重大课题(AWS16J021); 后勤科研重大项目(AWS21J007)。

<sup>△</sup> 通信作者, E-mail: shiqingming1980@qq.com; <sup>▲</sup> 共同通信作者, E-mail: yexlcdc@foxmail.com。

和云南被认为是 TBEV 的自然流行区<sup>[5,7]</sup>。新疆天山、阿尔泰山区、夏尔希里自然保护区全沟硬蜱(*Ixodes persulcatus*)、森林革蜱(*Dermacentor silvarum*)，均被检出 TBEV，检出率高达 36.8%~76.1%<sup>[8-12]</sup>；云南则是在高黎贡山的卵形硬蜱(*Ixodes ovatus*)、临沧地区的微小牛蜱中检出<sup>[7,13]</sup>。虽然新疆 TBE 病例少，但人群中 TBEV 血清阳性率却较高，其血清感染率为 16.24%~35.4%<sup>[14-16]</sup>。有研究报道，云南和西藏也存在人群感染<sup>[7,17]</sup>。

**1.2 喀什病毒(karshi virus, KSIV)** KSIV 属于正黄病毒属(*Orthoflavivirus*)，与 TBEV 存在血清学交叉反应。在新疆天山山脉附近县市的残缘璃眼蜱(*Hyalomma detritum*)、亚洲璃眼蜱(*Hyalomma asiaticum*)、草原革蜱(*Dermacentor nuttalli*)中，KSIV 检出率分别为 28.57%、8.77%、2.48%<sup>[18]</sup>。目前，我国仅在新疆的家养绵羊和野生土拨鼠检测到 KSIV，暂未报告人群感染 KSIV，但与新疆接壤的巴基斯坦人血清阳性率为 1.10%<sup>[19]</sup>。

**1.3 荆门蜱病毒(jingmen tick virus, JMTV)** JMTV 属于分段黄病毒样病毒(*Segmented flavivirus-like viruses*)，荆门病毒组(*Jingmenvirus Group*)，于 2010 年在我国湖北省荆门地区收集的微小牛蜱中被发现<sup>[20]</sup>，对人类具有致病性<sup>[21]</sup>，引起发热、头痛、精神沉郁、乏力和头晕等。JMTV 是第 1 个起源于未分段病毒的分段 RNA 病毒<sup>[22]</sup>。JMTV 已在多种蜱虫和其他昆虫中被检测出<sup>[23]</sup>，能够感染多种哺乳动物，包括牛、啮齿动物、蝙蝠和人类<sup>[24-25]</sup>，新疆地区报道啮齿类动物肝脏阳性率为 25.6%<sup>[26]</sup>。JMTV 在我国西部多个地区的蜱虫样本中检出，如新疆博乐市残缘璃眼蜱检出率高达 14.5%<sup>[26]</sup>，贵州、云南的长角血蜱(*Haemaphysalis ongicornis*)、微小扇头蜱(*Rhipicephalus microplus*)、中华硬蜱(*Ixodes sinensis*)，广西的爪哇花蜱(*Amblyomma javanense*)也皆有检出<sup>[25,27-28]</sup>。除此之外，通过皮肤活检和血液样本开展的高通量测序已证实，JMTV 可以感染人类并导致轻度至重度疾病<sup>[25]</sup>。

**1.4 阿龙山病毒(alongshan virus, ALSV)** ALSV 也属于 *Jingmenvirus Group*，2019 年在中国东北蜱叮咬患者中首次被检出，患者主要表现为发热、头痛、乏力和皮疹等症状<sup>[29]</sup>。ALSV 已在亚洲(中国、俄罗斯)和欧洲(芬兰、法国、德国、瑞士)的节肢动物和各种哺乳动物如鹿、马、人类样本中被发现<sup>[30]</sup>。陕西地区尖跗硬蜱(*Ixodes acutitarsus*)中检出率 70.0%，感染率远远高于内蒙古和黑龙江地区，表明尖跗硬蜱可能是 ALSV 的潜在传播媒介。此外，汉中地区的发热门诊患者的检出率为 0.95%<sup>[31]</sup>。

## 2 内罗病毒科(Nairoviridae)

Nairoviridae 是一类主要通过蜱传播的病毒，属于负链 RNA 病毒。诺罗病毒(*Norovirus*)和正内罗

病毒(*Orthonairovirus*)可以引起人类发热性疾病。几种正内罗病毒可以感染哺乳动物，导致轻微甚至致命的疾病<sup>[32]</sup>。我国新疆等地区均有蜱传内罗病毒科的相关报道。

**2.1 克里米亚-刚果出血热病毒(crimean-congo Hemorrhagic Fever Virus, CCHFV)** CCHFV 又称新疆出血热病毒，属于 *Orthonairovirus*，人感染后会出现高热、肌肉疼痛、胃肠道不适等，严重者会出现中度至重度出血热，病死率高<sup>[33]</sup>。CCHFV 主要传播媒介是亚洲璃眼蜱及其亚种亚东璃眼蜱(*hyalomma asiaticum kozlovi*)，其可以有效地感染多种家畜、野生动物，如牛、野兔、小型啮齿动物等<sup>[34]</sup>。1965 年，新疆维吾尔自治区巴楚县首次记录了新疆出血热疫情，病死率高达 50%<sup>[35]</sup>。此后，新疆不同地区报告了居民中的疫情和零星病例。尽管 2003 年之后没有新的病例报告，但仍可以从新疆不同地区收集的蜱虫中持续检测和分离出病原体 CCHFV，检出率在 2.6%~17.9%<sup>[36-38]</sup>。此外，云南省亚洲璃眼蜱中也检出 CCHFV，其样本检出率为 14.3%<sup>[39]</sup>。

**2.2 塔城蜱病毒 1(tacheng tick virus 1, TcTV-1)** TcTV-1 属于 *Orthonairovirus*，正纳罗病毒属塔城病毒种(*Orthonairovirus tachengense*)，2015 年在新疆边缘革蜱(*Dermacentor marginatus*)中被高通量测序发现<sup>[40]</sup>。TcTV-1 可感染多种动物，如牛、羊、大沙鼠等。2018 年新疆塔城 1 例女患者，被蜱虫叮咬后出现发热和皮疹症状，之后从患者体液分离出 TcTV-1 病毒。流行病学调查显示，当地牧民群体血清中存在抗 TcTV-1 IgG(10.1%)和 IgM(4.8%)抗体，边缘革蜱、森林革蜱、草原革蜱以及亚洲璃眼蜱皆有检出，检出率为 4.8%~14.3%<sup>[41]</sup>。

**2.3 塔姆迪病毒(tamdy virus, TAMV)** TAMV 属于 *orthonairovirus*，于 1971 年在乌兹别克斯坦首次被发现，之后在亚洲频繁出现，但我国首次报告是 2019 年，ZHOU 等<sup>[42]</sup>从新疆亚洲璃眼蜱中分离出 TAMV。MOMING 等<sup>[43]</sup>报道 TAMV 可感染家畜和野生啮齿动物，如：绵羊、犬、土拨鼠等。TAMV 在新疆的亚洲璃眼蜱、草原革蜱中被检出，检出率分别为 7.89%~45.45%、3.30%，且同一地区，发热患者 TAMV 阳性率远高于健康人群，提示 TAMV 可能具有较强的人群感染致病潜力<sup>[44]</sup>。

**2.4 大别山蜱病毒(dabieshan tick virus, DTV)** DTV 属于 *Orthonairovirus*，于 2015 年在我国湖北省大别山地区的长角血蜱中发现<sup>[40]</sup>，是一种新型蜱媒病毒，可经卵传播，可感染家畜绵羊。WANG 等<sup>[45]</sup>报道，DTV 在云南、贵州蜱虫中检出率分别为 2.43%、3.28%。除西部地区外，DTV 在我国山东、浙江等地广泛分布。

## 3 白纤病毒科(Phenuiviridae)

Phenuiviridae 由具有 2~8 个负链或双链 RNA

片段的病毒组成,基因组总长度为 8.1~25.1 kb。可通过白蛉、蚊子和蜱虫等节肢动物传播,能够感染人类和其他多种哺乳动物<sup>[46]</sup>。一旦感染,可引起多种临床综合征,包括短暂的自限性发热性疾病、视网膜炎、脑炎、脑膜脑炎和致命性出血热等<sup>[47]</sup>。除 SFTSV 外,Phenuiviridae 蜱传病毒均为近年来新发现的病毒,如古尔图病毒(guertu virus,GTV)、塔城蜱病毒 2(tacheng tick virus 2,TcTV-2)等。

3.1 发热伴血小板减少综合征病毒(severe fever with thrombocytopenia syndrome virus,SFTSV)

SFTSV 属于班达病毒属(Bandavirus),于 2011 年在中国分离成功。该病毒可引起重症发热伴血小板减少综合征(severe fever with thrombocytopenia syndrome,SFTS)<sup>[48]</sup>。SFTS 患者临床症状主要包括高热、血小板水平降低、白细胞水平降低、胃肠道症状等<sup>[49]</sup>,严重者会出现神经系统症状甚至死亡<sup>[50]</sup>。SFTS 病例在我国广泛分布,目前我国已有 27 个省份报告 SFTS 病例,病例分布由高发区向西南、东北、东部、西部呈逐步扩张趋势<sup>[51]</sup>,目前新疆地区也有相关病例报道<sup>[52]</sup>。SFTSV 是我国危害最为严重的蜱媒病毒之一,其主要传播媒介是长角血蜱。SFTSV 在我国多个蜱种均有检出,但西部地区蜱虫检出相关报告很少,仅陕西省的嗜群血蜱(Haemaphysalis concinna)、长角血蜱检测到 SFTSV,检出率分别为 21.25%、3.07%<sup>[53-54]</sup>。

3.2 塔城蜱病毒 2(tacheng tick virus 2,TcTV-2)

TcTV-2 是一种两节段白纤病毒,属于 Uukuvirus,同 TcTV-1 一起于 2015 年在同一项研究中被报道,在我国西部主要流行于新疆地区。2019 年,在新疆 1 例发热、皮疹、头痛等症状的患者体液中分离出 TcTV-2,随后在当地的边缘革蜱、森林革蜱、草原革蜱以及亚洲璃眼蜱均检出 TcTV-2,检出率为 5.5%~16.7%<sup>[55]</sup>。JIA 等<sup>[56]</sup>在新疆的蜱叮患者、牧民、亚洲獾、红狐及亚洲璃眼蜱中皆检出阳性,其中蜱叮患者和亚洲璃眼蜱阳性率分别为 12.77%、13.69%。

3.3 古尔图病毒(Guertu virus,GTV) GTV 属于 Bandavirus 属,与两种高病死率的病毒 SFTSV 和哈特兰病毒(heartland virus,HRTV)有非常密切的进化关系。SHEN 等<sup>[57]</sup>于 2018 年在新疆古尔图山区草原革蜱中首次鉴定和分离出一种名为 Guertu 病毒的新型布尼亚病毒。其能够感染动物和人类细胞系,对小鼠具有致病性。此外,血清学调查表明,GTV 可感染人类,是一种潜在的人畜共患病原体<sup>[59]</sup>。

4 其他病毒

塔城蜱病毒 5(tacheng tick virus 5,TcTV-5)属于楚病毒科(Chuviridae)、非病毒属(Mivirus),于 2015 年同 TcTV-1 一起被报道。TcTV-5 在新疆地区多个县市的多种蜱中被检测到,阳性率为 3.33%至 36.11%,其在人血液样本中的阳性率为 2.50%<sup>[58]</sup>。

目前的研究主要集中在检测和流行病学分析上,尚无直接证据表明 TcTV-5 具有确切的致病性。

此外,随着高通量测序技术的发展,越来越多的新型 TBV 或 TBV 的新型基因型在我国西部被发现。如与已知 JMTV 的相似度为 88.7%~96.3%的四川蜱病毒(Sichuan tick virus)<sup>[59]</sup>,在青海湖附近草原革蜱中发现的新疆蜱相关病毒 1(XJTAV1)、青海湖病毒 1(QHLV1)、青海湖病毒 2(QHLV2)和青海湖病毒 3(QHLV3)<sup>[60]</sup>。

5 小 结

近年来,随着全球气候变暖、环境改变以及国际交往交流更加便捷频繁,蜱传疾病传播距离更远、范围不断扩大,其带来的潜在公共卫生风险受到更多关注。2022 年,WHO 聚焦全球虫媒病毒防控发起一项倡议,旨在提高全球对虫媒病毒流行风险和大流行潜在风险的警惕,并倡议要关注蜱媒病毒,一些疾病可能导致人和动物严重感染,甚至出现大流行。伴随着我国西部地区城镇化进程不断推进和生态环境日益改善,蜱媒疾病的自然疫源地有逐步扩大趋势,新的蜱媒病毒不断被发现和鉴定出来。我国西北地区因多样化生态,存在蜱媒病毒的自然疫源地,特别是随着我国与“一带一路”沿线国家贸易、运输、旅游增多,蜱媒病毒疾病跨境传播风险也不断加大。但由于疾病早期一般缺少特异临床症状,且公众对相关疾病认知不足,在一定程度上影响早期诊断和有效防控;加之新的蜱媒病毒出现和流行范围拓展,给公共健康带来潜在威胁,因此构建有效的综合防控手段十分必要。

该地区医疗单位应当加强西部地区蜱虫生态学监测并建立病原体检测鉴定平台,可依托反向病原学研究技术快速提升病原鉴定识别能力,建立健全蜱媒病毒检测评估体系,在重要区域或自然疫源地设立采样点,定期采集被叮咬患者及动物样本,分离鉴定携带病原,开展长期流行病学监测,绘制蜱虫及病原分布图谱,动态评估疾病传播扩散风险。此外,还需宣传普及防控知识,提高公众认知和自我防护意识,加强防治技术研究储备,针对高流行及高致病性蜱传病毒开发特异性疫苗、药物等,建立综合性防控平台,为有效防控蜱媒病毒病暴发流行、降低公共健康威胁提供有力支撑。

参考文献

[1] DE LA FUENTE J, KOCAN K M, CONTRERAS M. Prevention and control strategies for ticks and pathogen transmission[J]. Rev Sci Tech, 2015, 34(1): 249-264.  
[2] SHI J M, HU Z H, DENG F, et al. Tick-Borne viruses [J]. Virol Sin, 2018, 33(1): 21-43.  
[3] BAI Y, XIAO J, MOMING A, et al. Identification and characterization of new Siberian subtype of tick-borne en-

cephalitis virus isolates revealed genetic variations of the Chinese strains [J]. *Infection Genetics and Evolution*, 2024, 124:105660.

[4] KWASNIK M, ROLA J, ROZEK W. Tick-Borne Encephalitis-Review of the current status[J]. *J Clin Med*, 2023, 12(20):6603.

[5] DAI X Y, SHANG G B, LU S, et al. A new subtype of eastern tick-borne encephalitis virus discovered in Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2018, 7(1):74.

[6] QIN H, XIN X, TANG Q, et al. The prevalence of Tick-Borne encephalitis virus in the ticks and humans of China from 2000 to 2023: a systematic review and meta-analysis [J]. *Vet Sci*, 2025, 12(2):146.

[7] 黄文丽, 侯宗柳, 自登云, 等. 云南森林脑炎病毒的调查 [J]. *中国预防兽医学报*, 2001, 23(3):231-233.

[8] 郑重, 张桂林, 曾凡本, 等. 新疆地区人群森林脑炎血清流行病学调查 [J]. *解放军预防医学杂志*, 2016, 34(6):806-808.

[9] 孙响, 张桂林, 刘然, 等. 新疆阿勒泰山地蜱传脑炎疫源地调查 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2015, 31(12):1189-1192.

[10] 张桂林, 孙响, 刘然, 等. 新疆中哈边境地区分离到远东型和西伯利亚型蜱传脑炎病毒 [J]. *中国人兽共患病学报*, 2017, 33(4):312-315.

[11] 张桂林, 刘然, 孙响, 等. 新疆夏尔希里自然保护区蜱传脑炎疫源地调查 [J]. *中华流行病学杂志*, 2013, 34(5):438-442.

[12] 谢杏初, 于心, 张挺秀, 等. 新疆天山、阿尔泰山山地森林脑炎自然疫源地考察报告 [J]. *地方病通报*, 1991, 6(3):109-114.

[13] 刘然, 张桂林, 刘晓明, 等. 我国新疆首次检出西伯利亚型蜱传脑炎病毒 [J]. *病毒学报*, 2016, 32(1):26-31.

[14] 杨蓝萍, 张天寿, 袁晓平, 等. 从云南蝙蝠及牛蜱中分离出两株森林脑炎病毒 [J]. *中国人兽共患病杂志*, 1993, 8(1):22-23.

[15] 孙响, 张桂林, 郑重, 等. 新疆北部林区工作人员蜱传疾病的血清学调查研究 [J]. *寄生虫与医学昆虫学报*, 2016, 23(3):158-163.

[16] 赵焱, 刘然, 张桂林, 等. 新疆北部某边防部队蜱传疾病血清流行病学调查 [J]. *解放军预防医学杂志*, 2014, 32(4):324-325.

[17] 马仕金, 卢登明. 西藏米林森林脑炎血清流行病学调查 [J]. *西南国防医药*, 1997(4):255-256.

[18] BAI Y, ZHANG Y F, SU Z Y, et al. Discovery of tick-borne karshi virus implies misinterpretation of the tick-borne encephalitis virus seroprevalence in northwest China [J]. *Front Microbiol*, 2022, 13:872067.

[19] CHEN S Y, SAQIB M, KHAN H S, et al. Risk of infection with arboviruses in a healthy population in pakistan based on seroprevalence [J]. *Virol Sin*, 2024, 39(3):369-377.

[20] QIN X C, SHI M, TIAN J H, et al. A tick-borne segmented RNA virus contains genome segments derived from unsegmented viral ancestors [J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2014, 111(18):6744-6749.

[21] WU Z, ZHANG M, ZHANG Y L, et al. Jingmen tick virus: an emerging arbovirus with a global threat [J]. *mSphere*, 2023, 8(5):e0028123.

[22] VANDEGRIFT K J, KAPOOR A. The ecology of new constituents of the tick virome and their relevance to public health [J]. *Viruses*, 2019, 11(6):529.

[23] WEBSTER C L, WALDRON F M, ROBERTSON S, et al. The discovery, distribution, and evolution of viruses associated with drosophila melanogaster [J]. *PLoS Biol*, 2015, 13(7):e1002210.

[24] GUO J J, LIN X D, CHEN Y M, et al. Diversity and circulation of Jingmen tick virus in ticks and mammals [J]. *Virus Evol*, 2020, 6(2):veaa051.

[25] JIA N, LIU H B, NI X B, et al. Emergence of human infection with Jingmen tick virus in China: a retrospective study [J]. *EBioMedicine*, 2019, 43:317-324.

[26] 余竹梅, 熊衍文, 王文, 等. 中国北方地区蜱携带荆门蜱病毒的分子流行特征分析 [J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2020, 31(3):272-276.

[27] PANG Z, JIN Y T, PAN M, et al. Geographical distribution and phylogenetic analysis of Jingmen tick virus in China [J]. *Science*, 2022, 25(9):105007.

[28] WU Z, CHEN J H, ZHANG L L, et al. Molecular evidence for potential transovarial transmission of Jingmen tick virus in haemaphysalis longicornis fed on cattle from Yunnan province, China [J]. *J Med Virol*, 2023, 95(1):e28357.

[29] WANG Z D, WANG B, WEI F, et al. A new segmented virus associated with human febrile illness in China [J]. *N Engl J Med*, 2019, 380(22):2116-2125.

[30] GÖMER A, LANG A, JANSHOFF S, et al. Epidemiology and global spread of emerging tick-borne Alongshan virus [J]. *Emerg Microbes Infect*, 2024, 13(1):2404271.

[31] GUAN R, WEI N, CAO M, et al. Prevalence of three important tick-borne pathogens in ticks and humans in Shaanxi province, Northwest China [J]. *Parasitol Int*, 2025, 104:102980.

[32] KUHN J H, ALKHOVSKY S V, AVŠIČ-ŽUPANC T, et al. ICTV virus taxonomy profile: nairoviridae 2024 [J]. *J Gen Virol*, 2024, 105(4):001974.

[33] SHAHHOSSEINI N, WONG G, BABUADZE G, et al. Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Asia, Africa and Europe [J]. *Microorganisms*, 2021, 9(9):1907.

[34] SPENGLER J R, BERGERON É, ROLLIN P E. Seroepidemiological studies of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in domestic and wild animals [J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2016, 10(1):e0004210.

[35] PAPA A N, MA B J, KOUIDOU S, et al. Genetic characterization of the M RNA segment of Crimean Congo hemorrhagic fever virus strains, China [J]. *Emerg Infect Dis*, 2002, 8(1):50-53.

[36] SUN S R, DAI X, AISHAN M H T, et al. Epidemiology and phylogenetic analysis of crimean-congo hemorrhagic

- fever viruses in Xinjiang, China[J]. J Clin Microbiol, 2009, 47(8):2536-2543.
- [37] MOMING A, YUE X H, SHEN S, et al. Prevalence and phylogenetic analysis of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks from different ecosystems in Xinjiang, China[J]. Virol Sin, 2018, 33(1):67-73.
- [38] GUO R, SHEN S, ZHANG Y F, et al. A new strain of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus isolated from Xinjiang, China[J]. Virol Sin, 2017, 32(1):80-88.
- [39] XIA H, LI P, YANG J L, et al. Epidemiological survey of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Yunnan, China, 2008[J]. Int J Infect Dis, 2011, 15(7):e459-e463.
- [40] LI C X, SHI M, TIAN J H, et al. Unprecedented genomic diversity of RNA viruses in arthropods reveals the ancestry of negative-sense RNA viruses[J]. Elife, 2015, 4:e05378.
- [41] LIU X, ZHANG X, WANG Z, et al. A tentative tamdy orthonairovirus related to febrile illness in northwestern China[J]. Clin Infect Dis, 2020, 70(10):2155-2160.
- [42] ZHOU H, MA Z H, HU T, et al. Tamdy virus in ixodid ticks infesting bactrian camels, Xinjiang, China, 2018[J]. Emerg Infect Dis, 2019, 25(11):2136-2138.
- [43] MOMING A, SHEN S, FANG Y H, et al. Evidence of human exposure to tamdy virus, northwest China[J]. Emerg Infect Dis, 2021, 27(12):3166-3170.
- [44] ABULIMITI M, YUAN B, CHEN S Y, et al. Epidemiological surveys revealed the risk of TAMV spill-over from ticks to hosts[J]. Infect Dis (Auckl), 2024, 56(1):59-65.
- [45] WANG A, PANG Z, LIU L, et al. Detection and phylogenetic analysis of a novel Tick-Borne virus in Yunnan and Guizhou provinces, southwestern China[J]. Pathogens, 2021, 10(9):1143.
- [46] MATSUNO K, WEISEND C, KAJIHARA M, et al. Comprehensive molecular detection of tick-borne phleboviruses leads to the retrospective identification of taxonomically unassigned bunyaviruses and the discovery of a novel member of the genus phlebovirus[J]. J Virol, 2015, 89(1):594-604.
- [47] PALACIOS G, SAVJI N, TRAVASSOS DA ROSA A, et al. Characterization of the uukuniemi virus group(phlebovirus; bunyaviridae); evidence for seven distinct species[J]. J Virol, 2013, 87(6):3187-3195.
- [48] LI D X. A highly pathogenic new bunyavirus emerged in China[J]. Emerg Microbes Infect, 2013, 2(1):e1.
- [49] GONG L, ZHANG L, WU J B, et al. Clinical progress and risk factors for death from severe fever with thrombocytopenia syndrome:a multihospital retrospective investigation in Anhui, China[J]. Am J Trop Med Hyg, 2021, 104(4):1425-1431.
- [50] LI J C, ZHAO J, LI H, et al. Epidemiology, clinical characteristics, and treatment of severe fever with thrombocytopenia syndrome[J]. Infectious Medicine, 2022, 1(1):40-49.
- [51] 岳玉娟, 任东升, 鲁亮. 2010-2021 年中国发热伴血小板减少综合征流行病学分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(7):824-830.
- [52] ZHU L Y, YIN F F, MOMING A, et al. First case of laboratory-confirmed severe fever with thrombocytopenia syndrome disease revealed the risk of SFTSV infection in Xinjiang, China[J]. Emerg Microbes Infect, 2019, 8(1):1122-1125.
- [53] TIAN H Y, YU P B, CHOWELL G, et al. Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in humans, domesticated animals, ticks, and mosquitoes, Shaanxi province, China[J]. Am J Trop Med Hyg, 2017, 96(6):1346-1349.
- [54] 贺真, 付婷, 严敏, 等. 秦岭地区常见蜱虫携带病原体流行病学特征分析[J]. 临床医学进展, 2023, 13(11):16961-16967.
- [55] DONG Z H, YANG M H, WANG Z D, et al. Human tacheng tick virus 2 infection, China, 2019[J]. Emerg Infect Dis, 2021, 27(2):594-598.
- [56] JIA Y Q, ZHANG Y, WU X C, et al. Clinical and historical infection of Tacheng tick virus 2: a retrospective investigation[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2024, 18(6):e0012168.
- [57] SHEN S, DUAN X M, WANG B, et al. A novel tick-borne phlebovirus, closely related to severe fever with thrombocytopenia syndrome virus and Heartland virus, is a potential pathogen[J]. Emerg Microbes Infect, 2018, 7(1):95.
- [58] 李逢时, 赵姗姗, 谭文波, 等. 2019-2021 年新疆维吾尔自治区蜱与人感染塔城蜱病毒 5 的监测分析[J]. 疾病监测, 2023, 38(11):1377-1380.
- [59] HUANG L, LIU S S, CHEN L, et al. Identification of novel Jingmen tick virus from parasitic ticks fed on a giant panda and goats in Sichuan province, southwestern China[J]. Front Microbiol, 2023, 14:1179173.
- [60] FANG Y H, WANG J, SUN J Q, et al. RNA viromes of Dermacentor nuttalli ticks reveal a novel uukuvirus in Qinghai province, China[J]. Virol Sin, 2024, 39(4):537-545.

(收稿日期:2025-03-11 修回日期:2025-07-13)