

DOI:10.13350/j.cjpb.220325

• “一带一路”专题研究 •

# 老挝按蚊种类及分布调查<sup>\*</sup>

曾旭灿,杨锐,吴林波,罗春海,周红宁<sup>\*\*</sup>

(云南省寄生虫病防治所,云南省虫媒传染病防控研究重点实验室,云南省虫媒传染病防控关键技术创新团队,云南普洱 665000)

**【摘要】** 目的 调查老挝按蚊种类及分布情况,为当地媒介控制策略及措施的制定提供依据。方法 2012-2019 年采用成蚊诱蚊灯捕捉法和幼虫勺捕法在老挝 10 省开展按蚊种类调查,并结合以往老挝蚊虫调查相关文献,确定老挝按蚊种类、孳生环境、地理分布及其医学重要性。结果 捕获老挝按蚊隶属 2 亚属 53 种,其中,大劣按蚊、微小按蚊、多斑按蚊、中华按蚊、吉甫按蚊、乌头按蚊、菲律宾按蚊及雪足按蚊属于老挝疟疾媒介按蚊。结论 老挝按蚊种类丰富,多种疟疾媒介按蚊共存,建议老挝相关部门应加强对媒介按蚊的监测及控制,以确保实现 2030 年消除疟疾目标。

**【关键词】** 按蚊种类;地理分布;孳生习性;医学重要性;老挝

**【中图分类号】** R384.1

**【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1673-5234(2022)03-0361-06

[Journal of Pathogen Biology. 2022 Mar;17(3):361-366, 371.]

## Investigation on the distribution of *Anopheles* species in Laos

ZENG Xu-can, YANG Rui, WU Lin-bo, LUO Chun-hai, ZHOU Hong-ning (Yunnan Provincial Key Laboratory of Vector-borne Diseases Control and Research & Yunnan Innovative Team of Key Techniques for Vector Borne Disease Control and Prevention of Yunnan Institute of Parasitic Diseases, Pu'er, Yunnan 665000, China)

**【Abstract】** **Objective** To investigate the compositions and distributions of *Anopheles* species in Laos, providing the basis for formulating effective strategies and measures for vector control. **Methods** Species checklist, breeding environment, distribution and medical importance of *Anopheles* were determined by CDC light traps collecting adult *Anopheles* mosquitoes and spoon method collecting *Anopheles* larvae in 10 provinces of Laos from 2012 to 2019, in combination with previous mosquitoes investigation literatures in Laos. **Results** A total of 53 *Anopheles* species of 2 subgenus were captured in Laos. Among them, *Anopheles dirus*, *Anopheles minimus*, *Anopheles maculatus*, *Anopheles sinensis*, *Anopheles jeyporiensis*, *Anopheles aconitus*, *Anopheles philippinensis* and *Anopheles nivipes* were malaria vectors in Laos. **Conclusion** There were plenty of *Anopheles* species in Laos with multi-malaria vector species coexistence, suggesting that relevant department should be strengthened to surveillance and control of *Anopheles* vectors for ensuring the goal of eliminating malaria in 2030 in Laos.

**【Key words】** *Anopheles* species, Geographical distribution, Breeding habits, Medical importance, Laos

<sup>\*\*\*</sup>老挝位于东南亚中南半岛内陆,东与越南相邻,南接柬埔寨,西邻泰国和缅甸,北与中国接壤,辖 17 个省和 1 个直辖市,人口 723 万。国际河流澜沧江—湄公河贯穿境内,长 1 898 km。年平均气温 24.7 ℃~33.6 ℃,适合蚊虫孳生繁衍<sup>[1]</sup>。为掌握老挝按蚊种类组成及其分布情况,于 2012-2021 年开展了调查,结果报告如下。

## 内容与方法

### 1 蚊虫采集

2012-2019 年,在老挝的波乔、南塔、丰沙里、沙耶武里、乌多姆赛、琅勃拉邦、万象、占巴塞、沙湾拿吉和阿速坡等 10 省采用成蚊诱蚊灯通宵捕蚊法和幼虫勺捕法进行蚊虫种类调查<sup>[2]</sup>。其中,诱蚊灯(型号:1012 型。美国 John W Hock 公司生产)离地悬挂 1.5 m 处,诱捕时间从 19:00 至次日 07:00。收回集蚊袋后-20 ℃冷冻处死捕获成蚊,在体式显微镜下根据董学

书<sup>[3]</sup>和 Rattanarithikul 检索表<sup>[4]</sup>进行形态学鉴定;在蚊虫孳生环境采用勺捕法捕捞按蚊幼虫,获得的幼虫带回实验室饲养羽化后作形态鉴定<sup>[3]</sup>。

### 2 蚊虫种类文献查询

查阅以往老挝蚊虫调查相关文献,确定老挝按蚊种类、孳生环境、地理分布及其医学重要习性。

### 3 统计学分析

采用 Excel 2019 软件进行按蚊种类构成比计算,其中按蚊种类构成比(%)=(某种按蚊捕获数/捕获的按蚊总数)×100%。

\* 【基金项目】 云南省重点研发计划项目(No. 202103AQ100001);澜湄合作专项基金项目(No. 2020399)。

\*\* 【通讯作者】 周红宁,E-mail:zhouhn66@163.com

【作者简介】 曾旭灿(1983-),男,云南人,本科,副主任医师,主要从事寄生虫病防控研究工作。

E-mail:531044248@qq.com

## 结 果

捕获老挝按蚊隶属1亚科、1属、2亚属、53种,其中现场捕获老挝按蚊新纪录8种,即傅氏按蚊 *An. freyi* (Meng, 1957), 簇足按蚊 *An. interruptus* (Puri, 1929)、雷氏按蚊 *An. lesteri* (Baisas and Hu, 1936)、溪流按蚊 *An. fluviatilis* (James, 1902)、劳氏按蚊 *An. ludlowae* (Theobald, 1903)、帕氏按蚊 *An. pattoni* (Christophers, 1926)、带足按蚊 *An. peditaeniatus* (Leicester, 1908)、威氏按蚊 *An. willmori* (James, 1903)。

按蚊科属种分类、习性、分布及医学重要性如下:

按蚊亚科 Subfamily *Anophelinae*

按蚊属 Genus *Anopheles* (Meigen, 1818)

### 1 按蚊亚属 Subgenus *Anopheles* ( Meigen, 1818)

(1) 艾氏按蚊 *An. aitkenii* (James, 1903)

主要孳生环境:山涧、水沟、缓流。

主要分布:琅勃拉邦<sup>[5]</sup>。

(2) 白斑按蚊 *An. albotaeniatus* (Theobald, 1903)<sup>[6]</sup>

主要孳生环境:稻田。

主要分布:沙耶武里。

(3) 银足按蚊 *An. argyropus* (Sellengrebel, 1914)

主要孳生环境:清凉水沟、水塘、稻田、沼泽。

主要分布:沙湾拿吉、丰沙里、沙耶武里、南塔、琅勃拉邦、乌多姆赛。

医学重要性:银足按蚊对马来丝虫易感,可能是马来丝虫媒介<sup>[7]</sup>。

(4) 白寨按蚊 *An. baezai* (Gater, 1933)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:稻田。

主要分布:阿速坡,色功。

医学重要性:白寨按蚊曾有对疟原虫感染的记录<sup>[8]</sup>。

(5) 克氏按蚊 *An. crawfordi* (Reid, 1953)

主要孳生环境:稻田,水沟。

主要分布:南塔。

医学重要性:该蚊对马来丝虫易感,可能是马来丝虫媒介<sup>[7]</sup>。

(6) 巨型按蚊贝氏亚种 *An. gigas baileyi* (Edwards, 1929)<sup>[5,9]</sup>

主要孳生环境:水温冰凉的泉潭、沼泽、水池、小水坑、石穴。

主要分布:琅勃拉邦。

(7) 须喙按蚊 *An. barbirostris* (van der Wulp, 1884)

主要孳生环境:水温较高的水塘、稻田、水沟、蹄印等。

主要分布:波乔、沙湾拿吉、南塔、琅勃拉邦、乌多姆赛、阿速坡、沙耶武里。

医学重要性:属潜在的疟疾媒介种类,泰国西部ELISA法曾检测疟原虫环孢子蛋白(CSP)阳性率1.74%,孟加拉国为2.15%-9.5%<sup>[10-12]</sup>。

(8) 须荫按蚊 *An. barbumbrosus* (Strickland & Chowdhury, 1927)

主要孳生环境:有遮阴的小水塘、水坑、蹄印、稻田等。

主要分布:波乔、沙湾拿吉。

(9) 唐氏按蚊 *An. donaldi* (Reid, 1962)

主要孳生环境:丘陵地区的丛林边缘和沼泽地。

主要分布:阿速坡。

医学重要性:属须喙按蚊种团,可能是马来西亚沙捞越州和州的疟疾媒介<sup>[9,13]</sup>。

(10) 傅氏按蚊 *An. freyi* (Meng, 1957)

主要孳生环境:清凉水沟、具有水生植物的水塘、稻田。

主要分布:波乔。

(11) 霍氏按蚊 *An. hodgkini* (Reid, 1962)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:次生林、橡胶园。

主要分布:琅勃拉邦。

医学重要性:属须喙按蚊种团,在泰国西部曾报道有间日疟原虫环孢子蛋白ELISA(CSP-ELISA)阳性<sup>[14]</sup>。

(12) 赫坎按蚊 *An. hyrcanus* (Pallas, 1771)<sup>[6,15]</sup>

主要孳生环境:有阳光照射的沼泽、灌溉沟、清水坑、稻田。

主要分布:南塔、琅勃拉邦、沙耶武里、波里坎塞、沙拉湾、万象、阿速坡。

(13) 花岛按蚊 *An. insulaeflorum* (Swellengrebel and Swellengrebel de Graaf, 1920)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:清凉水沟、小水塘、有遮阴的缓流、渗出积水。

主要分布:琅勃拉邦。

(14) 簇足按蚊 *An. interruptus* (Puri, 1929)

主要孳生环境:树洞积水。

主要分布:老挝北部地区<sup>[16]</sup>。

(15) 雷氏按蚊 *An. lesteri* (Baisas & Hu, 1936)

主要孳生环境:有遮阴的清水沟、水塘、稻田等。

主要分布:波乔。

医学重要性:在中国,雷氏按蚊子孢子自然感染率高于中华按蚊,属中国重要疟疾媒介种类<sup>[17]</sup>。

(16) 黑色按蚊 *An. nigerrimus* (Giles, 1900)

主要孳生环境:清凉水塘、水沟、稻田。

主要分布:全国性分布<sup>[9]</sup>。

医学重要性:中国云南省黑色按蚊唾液腺自然感染率0.42%(2/480)<sup>[18]</sup>,孟加拉国CSP-ELISA阳性报道(4.40%,4/91)<sup>[11]</sup>。

(17)分离按蚊 *An. separatus* (Leicester, 1908)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:丛林沼泽周围。

主要分布:琅勃拉邦。

(18)中华按蚊 *An. sinensis* (Wiedemann, 1828)

主要孳生环境:稻田、水池、水潭等大积水。

主要分布:波乔、南塔、丰沙里、琅勃拉邦、乌多姆赛。

医学重要性:中华按蚊是中国疟疾重要传播媒介种类,且种群数量较高;在老挝北部丰沙里省属优势蚊种(82.95%,433/522)<sup>[18]</sup>;2015年从南塔省的中华按蚊中检测到版纳病毒阳性率42.86%(3/7)<sup>[19]</sup>。

(19)安氏按蚊 *An. umbrosus* (Theobald, 1903)<sup>[5,20]</sup>

主要孳生环境:丛林沼泽<sup>[8]</sup>。

主要分布:波乔。

医学重要性:属马来西亚重要疟疾媒介种类,孟加拉国CSP-ELISA阳性率2.78%(1/36)<sup>[10]</sup>。

(20)沃氏按蚊 *An. whartoni* (Reid, 1963)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:渗出积水、溪床。

主要分布:琅勃拉邦。

## 2 塞蚊亚属 Subgenus *Cellia* (Theobald, 1902)<sup>[1]</sup>

(21)鸟头按蚊 *An. aconitus* (Donitz, 1902)

主要孳生环境:有水生植物的水沟、池塘、稻田、灌溉沟、渗出积水。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:属老挝次要疟疾媒介种类<sup>[21]</sup>。

(22)环斑按蚊 *An. annularis* (Van der Wulp, 1884)

主要孳生环境:湖泊、池塘、稻田、沟渠和具有丰富水生植被的沼泽,也孳生于大型人工水体。

主要分布:波乔、沙湾拿吉、丰沙里、琅勃拉邦、甘肃省。

医学重要性:潜在疟疾媒介种类,在泰国西部CSP-ELISA阳性率0.72%<sup>[12]</sup>,孟加拉国为7.69%(1/13)<sup>[22]</sup>。

(23)库态按蚊 *An. culicifacies* (Giles, 1901)

主要孳生环境:阳光充足且缓慢流动的溪流、排水沟、稻田、雨水池、浅水池。

主要分布:丰沙里。

医学重要性:属印度南部和斯里兰卡重要疟疾媒介种类<sup>[23,24]</sup>。

(24)大劣按蚊 *An. dirus* (Peyton and Harrison, 1979)

主要孳生环境:有遮荫和腐叶的水坑、蹄印等。

主要分布:沙湾拿吉、占巴塞、琅勃拉邦、沙耶武里。

医学重要性:属森林和丘陵林区主要疟疾媒介种类<sup>[25]</sup>。

(25)达罗比按蚊 *An. dravidicus* (Christophers, 1924)

主要孳生环境:山麓边缘的小水坑水塘、蹄印积水、梯田边积水。

主要分布:琅勃拉邦。

(26)埃氏按蚊 *An. epirooticus* (Linton and Harbach)<sup>[5]</sup>

主要孳生环境:池塘、沼泽、红树林。

主要分布:琅勃拉邦。

医学重要性:属森代克按蚊复合体(Sundaicus Complex),马来西亚等沿海国家的疟疾媒介<sup>[26]</sup>。

(27)溪流按蚊 *An. fluviatilis* (James, 1902)

主要孳生环境:流速缓慢、植被茂密的溪流池、灌溉沟渠、湖边、池塘、沼泽边缘。

主要分布:沙湾拿吉。

医学重要性:印度主要疟疾媒介种类<sup>[27]</sup>。

(28)哈里森按蚊 *An. harrisoni* (Harbach and Manguin, 2007)

主要孳生环境:溪流沟渠边缘。

主要分布:老挝北部地区<sup>[26]</sup>。

医学重要性:属微小按蚊复合体C型,被认为是东洋界山区的主要疟疾媒介<sup>[26]</sup>。

(29)无定按蚊 *An. indefinites* (Ludlow, 1904)

主要孳生环境:小水塘、蹄印、小水沟、浑水塘。

主要分布:丰沙里。

(30)詹氏按蚊 *An. jamesii* (Theobald, 1901)

主要孳生环境:水质清凉的水塘、水沟、沼泽。

主要分布:沙耶武里、波里坎塞<sup>[5,6]</sup>。

(31)吉甫按蚊 *An. jeyporiensis* (James, 1902)

主要孳生环境:凉爽且有丰富漂浮植被的水池、池塘、沼泽洼地和缓慢流动的水体环境。

主要分布:波乔、沙湾拿吉、乌多姆赛、阿速坡。

医学重要性:在印度,吉甫按蚊被认为是疟疾媒介种类,其疟原虫的感染率2.5~4.5%,孟加拉国CSP-ELISA阳性率1.02%(1/98)<sup>[22]</sup>,在老挝和中国云南省被认定为次要疟疾媒介种类,在老挝色功PCR法曾检测到子孢子阳性<sup>[28,29]</sup>。

(32)卡瓦按蚊 *An. karwari* (James, 1903)

主要孳生环境:清涼水沟、小水塘,缓流,有水草的

小水沟。

主要分布:沙湾拿吉、沙耶武里、波里坎塞、沙拉湾。

医学重要性:属潜在疟疾媒介种类,孟加拉国曾检测CSP-ELISA阳性率0.91%(2/219)<sup>[10]</sup>。

(33)可赫按蚊 *An. kochi* (Donitz, 1901)

主要孳生环境:成蚊半家栖,幼虫孳生于水温较高的蹄印、小水坑、浑水塘等。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:2017年占巴塞省调查显示该蚊间日疟原虫子孢子阳性率为2.6%(6/234)<sup>[30]</sup>;孟加拉国CSP-ELISA阳性率为0.77%(2/259)<sup>[10]</sup>。

(34)劳氏按蚊 *An. ludlowae* (Theobald, 1903)

主要孳生环境:有植物遮阴的水塘,水沟等。

主要分布:沙湾拿吉。

(35)多斑按蚊 *An. maculatus* (Theobald, 1901)

主要孳生环境:丘陵地区的小水坑、河床积水、梯田等。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:老挝、印度、马来西亚和泰国疟疾重要媒介种类<sup>[6,31,32]</sup>。

(36)微小按蚊 *An. minimus* (Theobald, 1901)

主要孳生环境:缓慢流动的河流或沟渠,并且边缘有茂密水草或其他植物;也孳生于岩石水坑、稻田等。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:属老挝疟疾主要媒介<sup>[18]</sup>。

(37)雪足按蚊 *An. nivipes* (Theobald, 1903)

主要孳生环境:稻田、池塘、沼泽、缓慢流动的小溪。

主要分布:沙湾拿吉、丰沙里、占巴塞、琅勃拉邦、沙耶武里、波里坎塞、沙拉湾、色功。

医学重要性:老挝疟疾次要媒介种类<sup>[20]</sup>。

(38)诺塔按蚊 *An. notanandai* (Rattanarithikul and Green, 1987)<sup>[32,33]</sup>

主要孳生环境:小水塘、蹄印、渗出积水等

主要分布:阿速坡。

(39)苍白按蚊 *An. pallidus* (Theobald, 1901)

主要孳生环境:水沟,缓流,水塘等。

主要分布:波里坎塞、色功、阿速坡<sup>[6,15]</sup>。

(40)潘巴按蚊 *An. pampanai* (Buttiker and Beales, 1959)<sup>[5,9,20]</sup>

主要孳生环境:水沟,缓流,水塘等。

主要分布:沙拉湾、色功。

医学重要性:越南疟原虫子孢子阳性率1.54% (1/65)<sup>[34]</sup>。

(41)帕氏按蚊 *An. pattoni* (Christophers, 1926)

主要孳生环境:小水坑、渗出积水、石穴等。

主要分布:南塔、丰沙里。

(42)带足按蚊 *An. peditaeniatus* (Leicester, 1908)

主要孳生环境:有水生植物的水沟、沼泽、稻田等。

主要分布:南塔、琅勃拉邦、乌多姆赛。

医学重要性:在泰国,带足按蚊对马来丝虫易感,属潜在媒介种类<sup>[7]</sup>。

(43)菲律宾按蚊 *An. philippinensis* (Ludlow, 1902)

主要孳生环境:水生植物的水塘、沼泽、水沟、稻田、池塘等。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:老挝疟疾次要媒介种类<sup>[20]</sup>。

(44)伪威氏按蚊 *An. pseudowillmori* (Theobald, 1910)

主要孳生环境:小水塘、水坑、蹄印积水、河床积水。

主要分布:丰沙里、沙耶武里、琅勃拉邦。

医学重要性:泰国西北部和缅甸次要疟疾媒介<sup>[26]</sup>。

(45)兰帕按蚊 *An. rampae* (Harbach and Somboon, 2011)

主要孳生环境:水塘、水坑、蹄印等。

主要分布:泰老边境。

(46)塞沃按蚊 *An. sawadwongporni* (Rattanarithikul and Green, 1987)<sup>[35]</sup>

主要孳生环境:山麓边缘的小水塘、蹄印、渗出积水等。

主要分布:阿速坡。

医学重要性:属多斑按蚊种团,泰国疟疾次要媒介,疟原虫子孢子阳性率1%-2%<sup>[31]</sup>;越南疟原虫子孢子阳性率0.04%(2/5081)<sup>[34]</sup>。

(47)美彩按蚊 *An. splendidus* (Koidzumi, 1920)

主要孳生环境:山麓边缘的小水塘、蹄印、渗出积水等。

主要分布:沙湾拿吉、琅勃拉邦、波里坎塞、沙拉湾<sup>[6]</sup>。

(48)浅色按蚊 *An. subpictus* (Grassi, 1899)

主要孳生环境:小水塘、小水坑、蹄印、小水沟、浑水塘。

主要分布:波里坎塞、色功。

医学重要性:属印尼苏拉威西岛主要疟疾媒介,印度果阿邦PCR检测疟原虫子孢子阳性率为2.8%(14/501)<sup>[27]</sup>,孟加拉国CSP-ELISA阳性率为1.54%(1/65)<sup>[11]</sup>。

(49) 森代克按蚊 *An. sundaicus* (Rodenwaldt, 1925)

主要孳生环境:具有藻类漂浮的池塘、沼泽、红树林和岩石坑积水中<sup>[26]</sup>。

主要分布:丰沙里。

医学重要性:沿海国家的重要疟疾媒介,如马来西亚<sup>[26]</sup>。

(50) 棋斑按蚊 *An. tessellates* (Theobald, 1901)

主要孳生环境:小水坑、水塘、蹄印、小水沟。

主要分布:沙湾拿吉、南塔、丰沙里、沙耶武里、乌多姆赛、波里坎塞。

(51) 迷糊按蚊 *An. vagus* (Donitz, 1902)

主要孳生环境:浑浊的水坑、水塘、蹄印积水等。

主要分布:全国性分布。

医学重要性:潜在疟疾媒介种类,在孟加拉国CSP-ELISA 阳性率 0.46% (1/217)-4.31% (5/116)<sup>[10,11]</sup>。

(52) 瓦容按蚊 *An. varuna* (Iyengar, 1924)

主要孳生环境:水沟、池塘。

主要分布:琅勃拉邦、万象。

医学重要性:印度次要疟疾媒介<sup>[36]</sup>。

(53) 威氏按蚊 *An. willmori* (James, 1903)

主要孳生环境:小水塘、水坑、蹄印等。

主要分布:南塔、琅勃拉邦。

医学重要性:孟加拉国 CSP-ELISA 阳性率 25% (2/8)<sup>[22]</sup>。

## 讨 论

捕获老挝按蚊隶属 1 个属 2 个亚属 53 种,其中按蚊亚属 20 种和塞蚊亚属 33 种,与邻国柬埔寨按蚊种类(53 种)<sup>[37]</sup>和越南按蚊种类(52 种)<sup>[38]</sup>基本相似,但低于泰国按蚊种类(73 种)<sup>[39]</sup>,可能与以往老挝按蚊调查较少有关,建议老挝相关部门进一步加强对不同环境按蚊种类的调查。

对以往老挝按蚊种类分布特点分析发现,北部、中部和南部按蚊种类组成和优势按蚊种类分布具有明显差异。如蚊类种类组成,北部按蚊种类(25 种)高于南部(19 种),中部最少(15 种);优势按蚊种类,北部主要为中华按蚊(84.26%, 11844/14056)、棋斑按蚊(8.44%, 1187/14056) 和 迷 糊 按 蚊 (2.60%, 366/14056), 中 部 主 要 为 菲 律 宾 按 蚊 (64.57%, 1934/2995)、中华按蚊(9.88%, 296/2995) 和 可 赫 按 蚊 (7.58%, 227/2995), 南 部 为 迷 糊 按 蚊 (44.48%, 1463/3289)、菲 律 宾 按 蚊 (16.60%, 546/3289) 和 可 赫 按 蚊 (11.83%, 389/3289)<sup>[30,40-43]</sup>。引起上述差异的主要因素可能与老挝北部地区的山系-琅勃拉邦山脉地形复

杂,孳生环境多样性丰富,而中部和南部地理位置以平原为主,孳生环境单一等有关<sup>[1]</sup>。

从按蚊医学重要性来看,老挝疟疾主要传播媒介是微小按蚊、大劣按蚊和多斑按蚊<sup>[44]</sup>。2014-2015 年 Marcombe 等<sup>[21]</sup>采用人诱捕蚊法在老挝 10 省的 10 个村庄进行的调查,微小按蚊叮人率较高(1.18 只/夜),且构成比有从北部(0.40%, 56/14056)、中部(2.2%, 66/2995)到南部(5.59%, 184/3289)逐渐升高趋势;2010 年, Pongvongsa 等<sup>[35]</sup>在老挝沙湾拿吉省捕捉的微小按蚊占按蚊总数仅 2.45%(12/490),主要栖息室内,提示微小按蚊可能以叮吸人血为主。大劣按蚊属老挝南部森林疟疾主要媒介,2010 年在南部沙湾拿吉省种群数量较高(10.40%, 51/490)<sup>[35]</sup>;2002-2004 年,南部阿速坡省大劣按蚊恶性疟原虫子孢子阳性率 0.99%(14/1413)<sup>[45]</sup>。多斑按蚊在东南亚分布广泛,已有研究显示多斑按蚊携带疟原虫子孢子,如泰国西部 CSP-ELISA 阳性率 0.37%<sup>[12]</sup>,孟加拉国 CSP-ELISA 阳性率较高(14.28%, 1/7)<sup>[11]</sup>。以往调查还发现该蚊可能是马来西亚班氏丝虫重要传播媒介<sup>[46]</sup>。对于其他按蚊与疟疾的关系,以往调查结果显示乌头按蚊、雪足按蚊、菲律宾按蚊可能属老挝次要疟疾传播媒介<sup>[20]</sup>。乌头按蚊在老挝子孢子 PCR 阳性率较低(0.06%, 1/1539),但其构成比相对较高(10.88%, 1539/14146)<sup>[21]</sup>。菲律宾按蚊和雪足按蚊形态相似,在孟加拉国 CSP-ELISA 阳性率分别为 0.90%~1.4% 和 0.76%<sup>[11,22,47]</sup>。此外,调查还发现,中华按蚊在老挝构成比较高(60.18%, 12240/20340),且 2017 年占巴塞省该蚊间日疟疟原虫子孢子阳性率为 2.0% (2/100),提示该蚊可能属于当地疟疾媒介<sup>[30]</sup>。

老挝按蚊种类丰富,且多种疟疾媒介种类共存明显,建议相关部门应加强对媒介按蚊的监测及控制,以确保实现 2030 年消除疟疾目标。

## 【参考文献】

- [1] Phonesaly Souksavath. Statistical Yearbook2020 [R]. Vientiane Capital:Lao Statistics Bureau,2021.
- [2] 赵彤言. GB/T 23797-2009 病媒生物密度监测方法 蚊虫[S]. 北京:中国标准出版社,2009.
- [3] 董学书. 中国按蚊分类检索[M]. 昆明:云南科技出版社,2014.
- [4] Rattanarithikul R, Harrison BA, Harbach RE, et al. Illustrated keys to the mosquitoes of Thailand. IV. Anopheles[J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 2006, 37 Suppl 2:1-128.
- [5] Tangena JA, Thammavong P, Malaithong N, et al. Diversity of mosquitoes (Diptera: Culicidae) attracted to human subjects in rubber plantations, secondary forests, and villages in Luang Prabang Province, Northern Lao PDR[J]. J Med Entomol, 2017, 54 (6):1589-1604.
- [6] Vytilingam I, Keokenchanh K, Phommakot S, et al. Preliminary studies of Anopheles mosquitoes in eight provinces in Lao PDR

- [J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 2001, 32:83-87.
- [7] Saeung A, Hempolchom C, Baimai V, et al. Susceptibility of eight species members in the *Anopheles hyrcanus* group to nocturnally subperiodic *Brugia malayi* [J]. Parasit Vectors, 2013, 6:5.
- [8] Wharton RH, Eyles DE, Warren M, et al. Investigations leading to the identification of members of the *Anopheles umbrosus* group as the probable vectors of mouse deer malaria [J]. Bull World Health Organ, 1963, 29(3):357-374.
- [9] Walter Reed Biosystematics Unit. Systematic Catalog of Culicidae [EB/OL]. 2021-03-09. [http://mosquitocatalog.org/adv\\_search.aspx](http://mosquitocatalog.org/adv_search.aspx).
- [10] Al-Amin HM, Elahi R, Mohon AN, et al. Role of underappreciated vectors in malaria transmission in an endemic region of Bangladesh-India border [J]. Parasit Vectors, 2015, 8(1):195.
- [11] Alam MS, Khan MG, Chaudhury N, et al. Prevalence of anopheline species and their *Plasmodium* infection status in epidemic-prone border areas of Bangladesh [J]. Malar J, 2010, 9:15.
- [12] Sriwichai P, Samung Y, Sumruayphol S, et al. Natural human *Plasmodium* infections in major *Anopheles* mosquitoes in western Thailand [J]. Parasit Vectors, 2016, 9(1):17.
- [13] Vythilingam I, Sidavong B, Seng TC, et al. First report of mermithid parasitism (Nematoda: Mermithidae) in mosquitoes (Diptera: Culicidae) from Lao PDR [J]. Trop Biomed, 2005, 22(1):77.
- [14] Coleman RE, Sithiprasasna R, Kankaew P, et al. Naturally occurring mixed infection of *Plasmodium vivax* VK210 and P. vivax VK247 in anopheline mosquitoes (Diptera: Culicidae) in western Thailand [J]. J Med Entomol, 2002, 39(3):556-559.
- [15] Sidavong B, Vythilingam I, Phetsouvanh R, et al. Malaria transmission by *Anopheles dirus* in Attapeu Province, Lao PDR [J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 2004, 35(2):309.
- [16] 王剑, 董学书, 郭晓芳, 等. 老挝北部蚊虫种群组成及孳生习性调查 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2016, 27(6):549-554.
- [17] 黄光全. 我国嗜人按蚊分布、生态、传疟作用及防制效果的研究进展 [J]. 湖北预防医学杂志, 2002, 13(1):16-17.
- [18] Zhang C, Sorcha S, Zhou H, et al. Survey of asymptomatic malaria and mosquito vectors in Muang Khua District of Phongsaly Province, China-Laos Border [J]. Int J Infect Dis, 2020(96):141-147.
- [19] Sorcha S. 老挝南塔省芒新县蚊虫种类及其带毒率调查 [D]. 大理: 大理大学, 2017.
- [20] Marcombe S, Bobichon J, Somphong B, et al. Insecticide resistance status of malaria vectors in Lao PDR [J]. PLoS One, 2017, 12(4):e175984.
- [21] Marcombe S, Maithaviphet S, Bobichon J, et al. New insights into malaria vector bionomics in Lao PDR: a nationwide entomology survey [J]. Malaria J, 2020, 19(1):396.
- [22] Bashar K, Tuno N. Seasonal abundance of *Anopheles* mosquitoes and their association with meteorological factors and malaria incidence in Bangladesh [J]. Parasit Vectors, 2014(7):442.
- [23] Sharma AK, Tyagi V, Singh S, et al. Distribution of *Anopheles* culicifacies and detection of its Sibling Species E from Madhya Pradesh: Central India [J]. J Arthropod Borne Dis, 2014, 8(2):186-196.
- [24] Harischandra IN, Dassanayake RS, De Silva BG. Three sympatric clusters of the malaria vector *Anopheles culicifacies* E (Diptera: Culicidae) detected in Sri Lanka [J]. Parasit Vectors, 2016(9):3.
- [25] Obsomer V, Defourny P, Coosemans M, et al. Predicted distribution of major malaria vectors belonging to the *Anopheles dirus* complex in Asia: ecological niche and environmental influences [J]. PLoS One, 2012, 7(11):e50475.
- [26] Manguin S, Garros C, Dusfour I, et al. Bionomics, taxonomy, and distribution of the major malaria vector taxa of *Anopheles* subgenus *cellia* in Southeast Asia: An updated review [J]. Infect Genet Evol, 2008, 8(4):489-503.
- [27] Kumar A, Hosmani R, Jadhav S, et al. *Anopheles subpictus* carry human malaria parasites in an urban area of Western India and may facilitate perennial malaria transmission [J]. Malaria J, 2016, 15(1):124.
- [28] 董学书. 云南省的传疟媒介及其有关的生态习性 [J]. 中国寄生虫病防治杂志, 2000, 13(2):69-72.
- [29] Vythilingam I, Phetsouvanh R, Keokenchanh K, et al. The prevalence of *Anopheles* (Diptera: Culicidae) mosquitoes in Sekong Province, Lao PDR in relation to malaria transmission [J]. Trop Med Int Health, 2003, 8(6):525-535.
- [30] 王微莉, 杨锐, 罗春海, 等. 老挝占巴塞省按蚊种类及其疟原虫孢子感染情况调查 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2018, 36(5):478-482.
- [31] Marasri N, Overgaard HJ, Sumarnrote A, et al. Abundance and distribution of *Anopheles* mosquitoes in a malaria endemic area along the Thai-Lao border [J]. J Vector Ecol, 2017, 42(2):325-334.
- [32] Hii J, Rueda LM. Malaria vectors in the Greater Mekong Subregion: overview of malaria vectors and remaining challenges [J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 2013, 44(Suppl 1):73-165, 306-307.
- [33] Vythilingam I, Sidavong B, Thim CS, et al. Species composition of mosquitoes of Attapeu Province, Lao People's Democratic Republic [J]. J Am Mosq Control Assoc, 2006, 22(1):140-143.
- [34] Durnez L, Van Bortel W, Denis L, et al. False positive circumsporozoite protein ELISA: a challenge for the estimation of the entomological inoculation rate of malaria and for vector incrimination [J]. Malaria J, 2011, 10(1):195.
- [35] Pongvongsa T, Ha H, Thanh L, et al. Joint malaria surveys lead towards improved cross-border cooperation between Savannakhet province, Laos and Quang Tri province, Vietnam [J]. Malaria J, 2012, 11(1):262.
- [36] Subbarao SK, Nanda N, Rahi M, et al. Biology and bionomics of malaria vectors in India: existing information and what more needs to be known for strategizing elimination of malaria [J]. Malaria J, 2019, 18(1):396.
- [37] Maquart P, Fontenille D, Rahola N, et al. Checklist of the mosquito fauna (Diptera, Culicidae) of Cambodia [J]. Parasite, 2021(28):60.
- [38] Bui P, Darsie RF. Tentative Checklist of the mosquitoes of Vietnam employing new classification for tribe Aedini (Diptera, Culicidae) [J]. J Am Mosq Control Assoc, 2008, 24(2):187-193.

(下转 371 页)

- tol, 2019, 57(4): 69-377.
- [39] Ariey F, Witkowski B, Amarasinghe C, et al. A molecular marker of artemisinin-resistant *Plasmodium falciparum* malaria[J]. Nature, 2014, 505(7481): 50-55.
- [40] Ariey F, Mard D. An Update on artemisinin Resistance[J]. Methods Mol Biol, 2019, 2013: 141-149.
- [41] World Health Organization. WHO updates on artemisinin resistance. World Health Organization[R]. Geneva, Switzerland, 2017.
- [42] Wang Z, Shrestha S, Li X, et al. Prevalence of K13-propeller polymorphisms in *Plasmodium falciparum* from China-Myanmar border in 2007-2012[J]. Malar J, 2015, 14: 168.
- [43] Talundzic E, Okoth SA, Congpuong K, et al. Selection and spread of artemisinin-resistant alleles in Thailand prior to the global artemisinin resistance containment campaign [J]. PLoS Pathog, 2015, 11(4): e1004789.
- [44] Boull M, Witkowski B, Duru V, et al. Artemisinin-resistant *Plasmodium falciparum* K13 mutant alleles, Thailand-Myanmar Border[J]. Emerg Infect Dis, 2016, 22(8): 1503-1505.
- [45] Kobasa T, Talundzic E, Sug-Aram R, et al. Emergence and Spread of kelch13 mutations associated with artemisinin resistance in *Plasmodium falciparum* parasites in 12 Thai Provinces from 2007 to 2016[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2018, 62(4): e02141-17.
- [46] Imwong M, Jindakhad T, Kunasol C, et al. An outbreak of artemisinin resistant falciparum malaria in Eastern Thailand[J]. Sci Rep, 2015(5): 17412.
- [47] 徐超, 黄炳成, 同歌, 等. 恶性疟原虫与耐药性相关分子遗传标记的研究进展[J]. 中国病原生物学杂志, 2016, 11(12): 1149-1153.
- [48] Jiang T, Cheng W, Yao Y, et al. Molecular surveillance of anti-malarial resistance Pfdhfr and Pfhdps polymorphisms in African and Southeast Asia *Plasmodium falciparum* imported parasites to Wuhan, China[J]. Malar J, 2020, 19(1): 434.
- [49] Lozovsky ER, Chookajorn T, Brown KM, et al. Stepwise acquisition of pyrimethamine resistance in the malaria parasite[J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 2009, 106(29): 12025-12030.
- [50] Wang P, Read M, Sims PF, et al. Sulfadoxine resistance in the human malaria parasite *Plasmodium falciparum* is determined by mutations in dihydropteroatesynthetase and an additional factor associated with folateutilization[J]. Mol Microbiol, 1997, 23(5): 979-986.
- [51] Biswas S, Escalante A, Chaiyaroj S, et al. Prevalence of point mutations in the dihydrofolate reductase and dihydropteroate synthetase genes of *Plasmodium falciparum* isolates from India and Thailand: a molecular epidemiologic study [J]. Trop Med Int Health, 2000, 5(10): 737-743.
- [52] Sugaram R, Suwannasin K, Kunasol C, et al. Molecular characterization of *Plasmodium falciparum* antifolate resistance markers in Thailand between 2008 and 2016[J]. Malar J, 2020, 19(1): 107.
- [53] Phompradit P, Chaijaroenkul W, Na-Bangchang K. Cellular mechanisms of action and resistance of *Plasmodium falciparum* to artemisinin[J]. Parasitol Res, 2017, 116(12): 3331-3339.
- [54] Hao M, Jia D, Li Q, et al. In vitro sensitivities of *Plasmodium falciparum* isolates from the China-Myanmar border to piperaquine and association with polymorphisms in candidate genes[J]. Antimicrob Agents Chemother, 2013, 57(4): 1723-1729.
- [55] Gil JP, Fan ony C. *Plasmodium falciparum* multidrug resistance proteins (pfMRPs)[J]. Front Pharmacol, 2021(12): 759422.
- [56] Gupta B, Xu S, Wang Z, et al. *Plasmodium falciparum* multidrug resistance protein 1 (pfmrp1) gene and its association with in vitro drug susceptibility of parasite isolates from north-east Myanmar[J]. J Antimicrob Chemother, 2014, 69(8): 2110-2117.

【收稿日期】 2022-01-11 【修回日期】 2022-03-12

(上接 366 页)

- [39] Rattanarithikul R, Harrison BA, Panthusiri P, et al. Illustrated keys to the mosquitoes of Thailand I. Background; geographic distribution; lists of genera, subgenera, and species; and a key to the genera[J]. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 2005, 36 Suppl 1: 28-43.
- [40] Lee N, 王剑, 徐艳春, 等. 老挝波乔会晒县和敦蓬县居民区蚊虫种类调查[J]. 中国病原生物学杂志, 2020, 15(5): 560-562.
- [41] Vilayvone M, 王剑, 邓艳, 等. 老挝南部沙湾拿吉省农县居民区蚊虫种类构成调查[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2019, 30(6): 672-674.
- [42] Sorcha S, 郭晓芳, 王剑, 等. 老挝南塔省芒新县蚊虫种类调查[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2017, 28(1): 66-68.
- [43] 吴林波, 董学书, 杨锐. 老挝岳乌和邦耐县蚊虫种类及栖息习性调查研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2021, 32(2): 213-216.
- [44] Chen-Hussey V. A cluster-randomised trial to assess whether the

insect repellent N, N-diethyl-m-toluamide (DEET) can provide additional protection against clinical malaria over current best practice in Lao PDR. [D]. London : London School of Hygiene & Tropical Medicine, 2012.

- [45] Vythilingam I, Sidavong B, Chan ST, et al. Epidemiology of malaria in Attapeu Province, Lao PDR in relation to entomological parameters[J]. Trans R Soc Trop Med Hyg, 2005, 99(11): 833-839.
- [46] Pothikasikorn J, Bangs MJ, Boonplueang R, et al. Susceptibility of various mosquitoes of Thailand to nocturnal subperiodic *Wuchereria bancrofti*[J]. J Vector Ecol, 2008, 33(2): 313-320.
- [47] Alam MS, Chakma S, Khan WA, et al. Diversity of anopheline species and their *Plasmodium* infection status in rural Bandarban, Bangladesh[J]. Parasit Vectors, 2012(5): 150.

【收稿日期】 2022-01-11 【修回日期】 2022-03-15