

论著

核糖体小亚基RNA和细胞色素氧化酶亚单位II基因在中国利什曼原虫系统发育学分析中应用的比较

曹得萍<sup>1</sup> 廖琳<sup>2</sup> 陈达丽<sup>2</sup> 陈建平<sup>2\*</sup>

1810001 西宁, 青海大学医学院病原生物学教研室; 2610041 成都, 四川大学华西医学中心寄生虫学教研室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 目的 比较核糖体小亚基RNA (small subunit ribosomal RNA, SSUrRNA) 和细胞色素氧化酶亚单位II (cytochrome oxidase II, COX II) 这两种分子标志在中国利什曼原虫系统发育学分析中的不同。方法 提取利什曼原虫各虫株核基因组和线粒体基因组, PCR方法扩增中国不同地区利什曼原虫SSUrRNA和COX II基因, 扩增产物送上海生工生物工程技术有限公司测序, 序列碱基通过Clustal X软件比对, 用DAMBE软件进行单倍型分析、Mega4软件计算遗传距离, Mrbayes3.1.2软件构建贝叶斯进化树。结果 COX II分析结果表明, 流行于中国的利什曼原虫株未形成一个单系群; GS7和XJ771属于杜氏利什曼原虫复合体; 10株利什曼原虫形成的6个单倍型 (MHOM/CN/93/GS7, IPHL/CN/77/XJ771, MHOM/CN/84/JS1和MGER/CN/60/GS-GER20除外) 形成1个单系群; 而SSUrRNA分析结果表明: 11株利什曼原虫 (IPHL/CN/77/XJ771, MHOM/CN/93/GS7, MRHO/CN/88/KXG-2, MHOM/CN/84/JS1, MGER/CN/60/GS-GER20除外) 形成一个独立枝; 江苏株JS1和热带利什曼原虫聚在一起, 不与杜氏利什曼原虫聚在一起。结论 SSUrRNA 和 COX II得出的结果较一致, 但COX II基因在分析利什曼原虫的系统发育关系时, 可能是一个更可靠的遗传标志。

**关键词** [中国利什曼原虫](#); [前鞭毛体](#); [系统发育学](#); [核糖体小亚基RNA](#); [细胞色素氧化酶亚单位II](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4122.2014.01.006

通讯作者:

陈建平 [jpchen007@163.com](mailto:jpchen007@163.com)

作者个人主页: [曹得萍<sup>1</sup> 廖琳<sup>2</sup> 陈达丽<sup>2</sup> 陈建平<sup>2\\*</sup>](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(4533KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(OKB\)](#)

▶ [参考文献 \[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“中国利什曼原虫; 前鞭毛体; 系统发育学; 核糖体小亚基RNA; 细胞色素氧化酶亚单位II”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [曹得萍<sup>1</sup> 廖琳<sup>2</sup> 陈达丽<sup>2</sup> 陈建平<sup>2\\*</sup>](#)