

预防兽医

11株螨虫分离株的ITS-2序列分析与系统关系研究

古小彬¹, 张晓谦², 杨光友^{1*}, 贾小勇³, 王帅¹

1. 四川农业大学动物医学院, 雅安 625014; 2. 绵阳市畜牧兽医局, 绵阳 621000;
3. 北京实验动物研究中心, 北京 100012

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为探讨动物体上一些常见寄生螨虫的分类地位, 对11株螨虫分离株的核糖体第二内部转录间隔区(ITS-2)基因序列进行测定, 并从GenBank下载21条螨虫的ITS-2序列, 用UPGMA法构建分子系统树。序列分析结果显示: 6株疥螨分离株ITS-2基因全长均为361 bp, 含有335个保守性位点, 15个变异位点和9个简约信息位点; 序列间的同源性和96.9%~99.7%。5株足螨分离株ITS-2基因存在长度上的变异(225~232 bp), 序列中包括184个保守性位点, 44个变异位点, 9个简约信息位点; 分离自黄牛和奶牛的4株足螨分离株的ITS-2序列同源性为92.4%~97.3%, 而熊猫足螨分离株同黄牛、奶牛足螨分离株的同源性较低(78.7%~82.6%)。UPGMA显示: 32株螨虫分离株分成2个支系, 第1个支系包括疥螨科的疥螨属Sarcoptes和背肛螨属Notoedres; 第2个支系包括痒螨科的足螨属Chorioptes和痒螨属Psoroptes。从分析结果来看, 笔者支持疥螨的单种说法; 而足螨属中分离自熊猫的足螨和痒螨属中分离自水牛的痒螨的分类地位还有待进一步探讨。

关键词 [螨虫分离株](#); [核糖体ITS-2基因](#); [序列分析](#); [分子系统发生](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

杨光友 quangyou1963@yahoo.com.cn

作者个人主页: 古小彬¹; 张晓谦²; 杨光友^{1*}; 贾小勇³; 王帅¹

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(1109KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“螨虫分离株; 核糖体ITS-2基因; 序列分析; 分子系统发生”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [古小彬](#)
- [张晓谦](#)
- [杨光友](#)
- [贾小勇](#)
- [王帅](#)