

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)

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; 序列间的同源性为 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

中图分类号: S852.746

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2009)02-0235-08

Sequence Analysis and Phylogenetic Relationships of 11 Mite Isolates Based on ITS-2 Gene

GU Xiao-bin¹, ZHANG Xiao-qian², YANG Guang-you^{1*}, JIA Xiao-yong³, WANG Shuai¹

(1. College of Veterinary Medicine, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China; 2. Pastoral Bureau of Mianyang, Sichuan Province, Mianyang 621000, China; 3. Beijing Laboratory Animal Research Center, Beijing 100012, China)

Abstract: In order to clarify the taxonomic status of several species of mites which are common causative agents of mange in many animal populations, the second internal transcribed spacer (ITS-2) of the rRNA gene was sequenced and compared with the homologous sequences of 6 *Sarcoptes* isolates, 5 *Chorioptes* isolates, and 21 sequences of mites retrieved from GenBank. The phylogenetic relationships were reconstructed basing on 32 isolates using UPGMA method. The length of ITS-2 was 361 bp in 6 *Sarcoptes* isolates. In these six nucleotide sequences, a total of 335 nucleotide positions were conserved, 15 were variable sites, and 9 were parsimony informative sites. Homology analyses indicated that the identity levels of nucleotide of ITS-2 among the 6 isolates ranged from 96.9% to 99.7%. The length of ITS-2 in 5 *Chorioptes* isolates were different (225-232 bp). The conserved sites, variable sites, parsimony informative sites were 184, 44 and 9, respectively. The sequence identity of *Chorioptes* mites from four kinds of cattle or cow ranged from 92.4% to 97.3%, the one between *Chorioptes* mite from Giant panda and other 4 isolates ranged from 78.7% to 82.6%. A phylogenetic tree constructed using the UPGMA method indi-

收稿日期: 2008-04-08

基金项目: 四川省学术和技术带头人培养基金 (SZ0082)

作者简介: 古小彬 (1982-), 女, 四川自贡人, 博士, 主要从事动物寄生虫分子生物学与免疫学研究, Tel: 0835-2885271, E-mail: guxiaobin198225@126.com

* 通讯作者: 杨光友, 博士, 教授, 主要从事动物寄生虫与寄生虫病学研究, Tel: 0835-2885994, E-mail: guangyou1963@yahoo.com.cn

cates that the mites examined in this study are clustered in the second major clade corresponding to their second families. The first clade includes the genus of *Sarcoptes* and *Notoedres*, the second clade is comprised of the genus of *Chorioptes* and *Psoroptes*. According to the homology analysis and phylogenetic analysis, we support the view that the genus *Sarcoptes* consists of only one species, and the taxonomic status of *Chorioptes* isolates from Giant Panda and the *Psoroptes* isolates from buffalo are still to be verified furtherly.

Key words: mite isolate; the second internal transcribed spacer (ITS-2); sequence analysis; molecular phylogenetics

疥螨、足螨和痒螨为动物体上常见的寄生性螨虫,这些螨虫寄生于多种家畜、家禽和野生动物的表皮内或体表,引起动物出现顽固性的传染性皮肤病,严重危害畜牧业的发展和野生动物健康。对螨虫病原的准确诊断是有效控制螨病的流行及进行深入科学研究的关键。但长期以来,这 3 种螨虫的种间分类还是一个颇具争议的话题。

早期研究认为疥螨具有不同的种^[1-2],这种观点也得到了 Walton 等学者的支持^[3-4];但后来有些学者认为疥螨为单一种,均为人疥螨(*Sarcoptes scabiei*)^[5-8]。对于足螨的分类也存在类似的问题。1957 年以前,人们普遍认为寄生于不同宿主的足螨应根据其宿主命名为不同的种^[9-10];后来有人通过形态学观察、生物学特性及分子系统学研究后提出足螨属的螨应该分为牛足螨(*Chorioptes bovis*)和德州足螨(*C. texanus*) 2 个种^[11-12]。而寄生于大熊猫的足螨(*C. panda*)以及寄生于獾的獾足螨(*C. mydaus*)等,因其研究较少,其分类地位仍有待进一步的探讨。

动物螨虫的传统分类主要是依据其形态学特征和宿主的特异性,但由于虫体形态易受外界环境等因素的影响,很难准确反映种群的真正情况,这种传统研究方法的局限性日益明显。随着分子生物学技术的发展,在国外 DNA 技术已广泛地应用于螨类的分类学研究。目前,已报道了多种寄生于动物的螨虫的核糖体内部转录间隔区(ITS-1 和 ITS-2)及线粒体基因(12S rRNA、16S rRNA 和部分 COI)等基因的序列^[3-4,6-9,12-17]。在我国,有关分子标记基因在疥螨属和足螨属螨虫分类研究中的应用尚未见报道。作者通过分析 32 株动物寄生螨虫分离株的 ITS-2 基因序列,对动物常见寄生螨虫的系统关系问题作进一步的探讨,为我国足螨属和疥螨属螨虫的分类提供分子佐证。

1 材料和方法

1.1 样品采集及基因组 DNA 提取

本研究涉及疥螨科和痒螨科的 4 个属共 32 株动物寄生螨虫分离株。其中 6 株疥螨分离株和 5 株足螨分离株均采自我国四川省的各地区(表 1)。每种动物体表分离的螨虫装入 EP 管内,保存于 -70°C 。螨虫 DNA 的提取,经液氮研磨后,采用酚/酚:氯仿(1:1)/氯仿:异戊醇(24:1)抽提,乙醇沉淀,双蒸水溶解, -20°C 保存。其余 21 株螨虫分离株 ITS-2 序列来自 NCBI 中的 GenBank(表 1)。

1.2 ITS-2 区的扩增、纯化及序列测定

参照猪疥螨(AF129146)、德州足螨(EF191369)的 ITS-2 基因序列设计 2 对特异性扩增引物,引物序列由上海生物工程有限公司合成。扩增疥螨 ITS-2 引物:P1,5'-GATGGCTTCGTTTGTCTG-3'; P2,5'-CGGGTATTCTCGCTTGAT-3';扩增足螨 ITS-2 引物:P3,5'-TCCTATGGCTTCGTTTGTCTG-3'; P4,5'-AACTTCTGCGGGTAATCTCG-3'。PCR 的反应条件:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 1 min,53 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min,30 个循环;最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。使用柱式 DNA 胶回收试剂盒进行 DNA 的回收纯化,回收产物送上海英骏生物有限公司测序。

1.3 数据分析处理

以蜱螨目的长角血蜱(*Haemaphysalis longicornis*)(GenBank 登录号:AF271286)作为系统发育分析的外类群。选取寄生于同一地区不同宿主和相同宿主不同地区的螨虫的 ITS-2 序列构建系统树。所有序列使用 BioEdit(Version 6.0.7)进行人工辅助校对,再分别利用 Clustal X 1.83 程序进行同源性比较,MEGA 2.1 软件进行物种间系统发育 UP-GAM 树的构建,并进行重复 1 000 次的自举检验(Bootstrap test)。

表 1 来自 GenBank 的动物寄生螨类 ITS-2 基因序列

Table 1 Some species ITS-2 sequences from GenBank

分离株 Isolate	科名 Family	属名 Genus	宿主 Host	样品采集地 Locality	登录号 Accession No.	来源 Origin
Sp1	Sarcoptidae	<i>Sarcoptes</i>	猪	西班牙	AF129146	Zahler <i>et al.</i> 1999
C1			猪	四川荣经	DQ991139	本文中测定
C2			猪	四川雅安	EF514468	本文中测定
Ge1			牛	德国	AF129147	Zahler <i>et al.</i> 1999
Am1			犬	美国	AF129151	Zahler <i>et al.</i> 1999
Sw1			银狐	瑞典	AF129155	Zahler <i>et al.</i> 1999
Ge2			红狐	德国	AF129158	Zahler <i>et al.</i> 1999
Sw2			猞猁	瑞典	AF129160	Zahler <i>et al.</i> 1999
Ja1			貉	日本	AF129161	Zahler <i>et al.</i> 1999
Au1			袋熊	澳大利亚	AF129162	Zahler <i>et al.</i> 1999
Ge3			单峰骆驼	德国	AF129163	Zahler <i>et al.</i> 1999
Au2			羚羊	澳大利亚	AF129164	Zahler <i>et al.</i> 1999
C3			兔	中国四川雅安	DQ991138	本文中测定
C4			兔	四川自贡新桥	DQ991140	本文中测定
C5			兔	四川自贡荣县	EF514469	本文中测定
C6			兔	重庆永川	EF514467	本文中测定
Swi1		<i>Notoedres</i>	猫	瑞士	AF251801	Ochs <i>et al.</i> (Unpublished)
Swi2	Psoroptidae	<i>Chorioptes</i>	绵羊 ^a	瑞士	AF123081	Ochs <i>et al.</i> 1999
Swi3			牛 ^b	瑞士	AF123082	Ochs <i>et al.</i> 1999
C7			黄牛	四川双流	EF053121	本文中测定
Ge4			牛	德国巴伐利亚	EF191356	Essig <i>et al.</i> 1999
C8			西门达尔奶牛	四川洪雅	EF053119	本文中测定
C9			黑白花奶牛	四川洪雅	EF053120	本文中测定
C10			蒙贝利亚奶牛	四川洪雅	EF053122	本文中测定
Sw3			驼鹿	瑞典	EF433565	Hestvik <i>et al.</i> 2007
C11			大熊猫	四川成都	EF053123	本文中测定
Ge5		<i>Psoroptes</i>	兔	德国	EF429253	Zahler <i>et al.</i> 1998
Be1			鹿	比利时	EF429254	Zahler <i>et al.</i> 1998
Swi4			绵羊	瑞士	AF123079	Ochs <i>et al.</i> 1999
Swi5			兔	瑞士	AF123080	Ochs <i>et al.</i> 1999
C12			兔	中国四川	EF025930	Jia <i>et al.</i> (Unpublished)
C13			水牛	中国四川	EF025929	Jia <i>et al.</i> (Unpublished)

a. 牛足螨(*Chorioptes bovis*); b. 德州足螨(*Chorioptes texanus*)

2 结果与分析

2.1 序列碱基组成

2.1.1 疥螨分离株 ITS-2 基因序列变异及碱基组成 测定的 6 株疥螨分离株 ITS-2 全基因序列无长度变异,均为 361 bp,序列中未发现缺失、插入,并在 GenBank 数据库中登录(表 1)。序列中共有 335 个保守位点、15 个变异位点及 9 个简约信息位点。6 株疥螨分离株的 A、T、C、G 含量范围分别为 30.2%~31.0%(算术平均值为 30.63%)、29.9%~30.7%(算术平均值为 30.28%)、17.2%~

18.0%(算术平均值为 17.47%)和 20.8%~22.4%(算术平均值为 21.60%)。其平均 A+T 含量(60.9%)明显高于平均 G+C 含量(39.1%)(表 2)。6 条核苷酸的替换以转换为主,其中 A-G 转换高于 T-C(转换值分别为 3、2),T-A 和 T-G 颠换高于 C-A 和 C-G(颠换值分别为 1、1、0、0)。

2.1.2 足螨分离株 ITS-2 基因序列变异及碱基组成 测定的 C7、C8、C9、C10 及 C11 基因序列长度分别为 294、297、294、294、301 bp。参照 GenBank 中登录的牛足螨(EF191356)序列,判定所测序列包括了部分 5.8S rRNA(1-32 bp)序列、ITS-2 全序列

表2 疥螨分离株和痒螨分离株 ITS-2 基因碱基组成比较

Table 2 The nucleotide content of ITS-2 in Sarcoptidae and Psoroptidae

分离株 Isolates	科名 Family	属名 Genus	长度/bp Length	G/%	C/%	A/%	T/%
C1	Sarcoptidae	<i>Sarcoptes</i>	361	22.2	17.2	30.5	30.2
C2			361	21.6	17.7	30.7	29.9
C3			361	21.3	17.5	30.7	30.5
C4			361	21.3	17.2	30.7	30.7
C5			361	22.4	17.2	30.2	30.2
C6			361	20.8	18.0	31.0	30.2
C7	Psoroptidae	<i>Chorioptes</i>	225	19.4	19.0	28.3	33.3
C8			228	19.9	18.8	29.0	32.3
C9			225	19.0	18.4	27.6	35.0
C10			225	19.4	18.7	27.9	34.0
C11			232	17.9	18.3	29.2	34.6

及部分 28S rRNA 序列,序列中出现缺失、插入,并在 GenBank 数据库中登录(表 1)。5 株足螨分离株 ITS-2 全基因存在长度上的变异,C7、C8、C9、C10 及 C11 的 ITS-2 基因全长分别为 225、228、225、225 及 232 bp。序列中共有 184 个保守位点、44 个变异位点及 9 个简约信息位点。

5 株足螨分离株的 A、T、C、G 含量范围分别为 27.6%~29.2%(算术平均值为 28.4%)、32.3%~35.0%(算术平均值为 33.84%)、18.3%~19.0%(算术平均值为 18.64%)和 17.9%~19.9%(算术平均值为 19.12%)。其平均 A+T 含量(62.2%)明显高于平均 G+C 含量(37.7%)(表 2)。5 条核

昔酸的替换以颠换为主,其中 A-G 转换频率高于 T-C(转换值分别为 4、3),T-A 颠换频率高于 T-G、C-A、C-G(颠换值分别为 10、1、2、1)。

2.2 疥螨、足螨分离株的 ITS-2 基因序列比较

2.2.1 疥螨、足螨分离株 ITS-2 基因组成 从表 2 可知,疥螨分离株的碱基数大于足螨分离株,均为 361 bp;5 个足螨分离株的碱基数较小,且序列间存在碱基数变异,为 225~232 bp。从碱基组成来看,疥螨分离株的 A 含量最高,足螨分离株表现出 T 含量最高;11 个螨虫分离株均以 C 含量最低。

2.2.2 疥螨和足螨分离株的 ITS-2 基因序列相似性和分歧度 从表 3 可知,测定的 11 株螨虫 ITS-2

表3 部分疥螨科和痒螨科间 ITS-2 基因相似性百分数和分歧度

Table 3 The homology and divergence level of ITS-2 between Sarcoptidae and Psoroptidae

分离株 Isolates	C1	C2	C3	C4	C5	C6	Swi1	C7	C8	C9	C10	C11	Swi2	Swi3
DQ991139(C1)	—	98.9	97.4	97.1	99.7	97.4	53.6	28.9	31.6	28.4	30.0	25.0	30.0	31.3
EF514468(C2)	1.1	—	98.6	98.3	98.6	98.6	53.2	27.6	30.3	27.1	28.6	25.0	29.5	30.0
DQ991138(C3)	2.6	1.4	—	99.7	97.1	97.7	53.1	28.0	28.1	25.8	27.3	28.0	30.4	28.3
DQ991140(C4)	2.9	1.7	0.3	—	96.9	97.4	53.1	28.9	29.4	27.1	28.6	26.7	32.2	28.3
EF514469(C5)	0.3	1.4	2.9	3.1	—	97.1	53.6	28.9	31.6	30.7	30.0	24.1	30.0	31.3
EF514467(C6)	2.6	1.4	2.3	2.6	2.9	—	54.2	27.6	29.4	27.1	28.6	27.6	30.8	29.1
AF251801(Swi1)	73.9	75.1	75.9	75.9	73.9	72.4	—	27.1	25.9	23.1	26.0	25.9	24.7	26.5
EF053121(C7)	48.1	44.9	47.4	46.5	48.1	47.6	62.5	—	92.4	95.1	95.1	82.6	85.8	94.2
EF053119(C8)	51.7	49.1	52.1	51.1	51.7	50.2	59.3	8.0	—	96.4	95.6	78.7	83.4	97.8
EF053120(C9)	50.4	47.8	50.9	49.8	50.4	48.9	58.3	5.0	3.7	—	97.3	80.3	84.0	95.6
EF053122(C10)	47.0	46.0	49.0	48.0	47.0	46.5	59.7	5.0	4.6	2.7	—	80.7	84.0	96.5
EF053123(C11)	50.2	49.4	51.2	50.2	50.2	48.8	58.2	19.8	25.1	22.9	22.3	—	88.7	80.3
AF123081(Swi2)	52.8	51.1	52.6	51.5	52.8	54.3	59.0	15.8	18.8	18.1	18.0	12.2	—	84.9
AF123082(Swi3)	48.5	45.9	48.5	47.5	48.5	47.0	57.5	6.0	2.2	4.6	3.6	22.9	16.9	—

上三角表示相似性;下三角表示分歧度

The percent similarity and divergence are shown in the upper and lower triangles, respectively

的相似性百分数差异大,其变异范围为 24.1%~99.7%。6 株疥螨分离株的序列相似百分数较大,为 96.9%~99.7%;4 株奶牛和黄牛足螨分离株的序列相似百分数也较高,为 92.4%~97.3%,而熊猫足螨分离株同 4 株奶牛和黄牛足螨分离株的序列相似百分数较低,为 78.7%~82.6%。从分歧度来看,疥螨分离株间的值都比较低(0.3%~2.9%),而足螨分离株间的值波动范围较大(2.7%~25.1%),其中以 C11(熊猫足螨分离株)同 C7、C8、C9、C10 的值较大(分别为 19.8%、25.1%、22.9%和 22.3%)。

2.3 基于疥螨科和痒螨科螨虫的 ITS-2 基因构建分子系统树

以长角血蜱为外群所构建的 UPGMA 树将本研究的全部内群分成 2 个支系:第 1 个支系(聚类簇)包括疥螨科(Sarcoptidae)的疥螨属 *Sarcoptes* 和背肛螨属 *Notoedres*;第 2 个支系(聚类族)包括痒螨科(Psoroptidae)的足螨属 *Chorioptes* 和痒螨属 *Psoroptes*(图 1)。

UPGMA 树同时显示:1)疥螨属形成一个单系群,并有极高的置信度(置信值为 100)。来自不同国家的家养动物及野生动物的疥螨分离株构成一较大支系,而背肛螨属构成一独立支系,与疥螨属构成姐妹群;2)足螨属各支系中,C7、C8、C9 及 C10 同 Swi3、Ge4 先聚类,然后在同 Sw3、Swi2 聚类,最后同 C11 聚类,它们构成一独立支系;3)痒螨属各支系中,C12 同 Swi5、Swi4、Be1 和 Ge5 聚类(置信值 100),最后再同 C13 聚类。

3 讨论

3.1 序列的碱基组成

根据 MEGA2.1 软件的统计,测定的 5 条足螨分离株 ITS-2 序列的 A、T、C 和 G 平均含量分别为 28.4%、33.84%、18.64%和 19.12%;测定的 6 条疥螨分离株 ITS-2 序列的 A、T、C、G 平均含量分别为 30.63%、30.28%、17.47%和 21.6%。表明足螨和疥螨分离株的碱基在组成上均存在偏倚,A+T 的含量显著高于 G+C 含量。这与国外学者在足螨、疥螨的报道相似^[6,12]。

3.2 疥螨科主要类群的分类及系统发生关系

在疥螨科中,同兽医关系密切的有 3 个属:背肛螨属、疥螨属及膝螨属(*Knemidocoptes*),其中以疥螨属在临床上危害最广泛,但该属的种间分类地位存在争议。

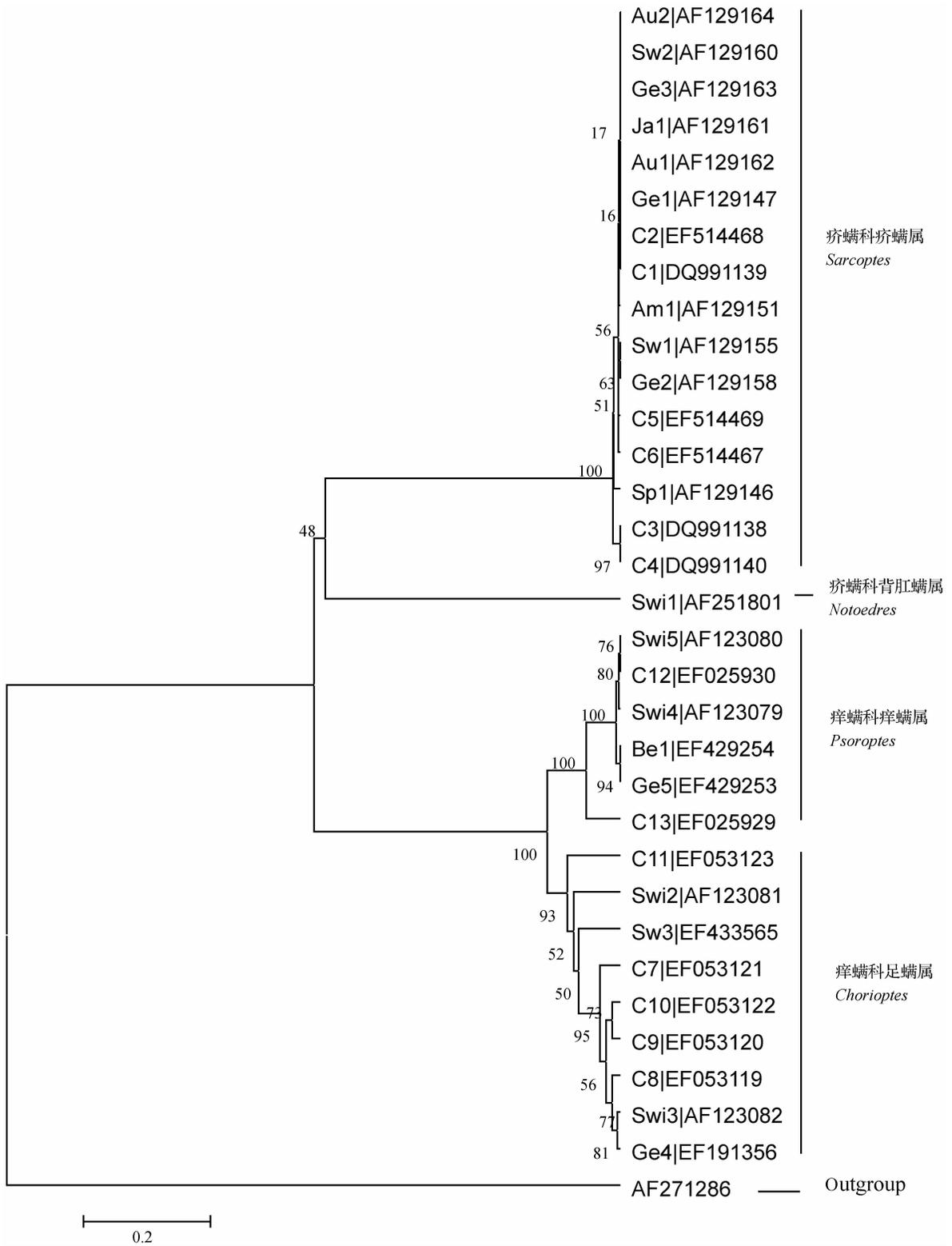
Fain^[1]曾记述疥螨约有 30 个种和 15 个变种。但后来的研究发现,分离自不同动物的疥螨虽然在大小、形态上稍有变异,但能交互感染且能交互杂交,并未达到生殖隔离水平,因此认为疥螨只有 1 个种^[5]。近年有学者曾以疥螨的 ITS-2、12S rRNA、16S rRNA 及部分 COI 基因作为分子标记进行了研究,研究结果表明分离自不同宿主和不同地区的疥螨分离株均为同一个种^[6,8]。从图 1 可见,来自不同国家的家养动物及野生动物的疥螨分离株均聚类在一起,且具有较高的置信值(100),支持了疥螨的单种说观点。由表 3 可以看出,疥螨各分离株间相似性很高(96.9%~99.7%),而分歧度比较低(0.3%~2.9%)。为此,本研究结果支持 Zahler 等^[6]提出的观点,即认为疥螨只有 1 个种。

从表 3 可见,猫背肛螨与 6 株疥螨分离株、5 株足螨分离株的序列同源性分别为 53.1%~54.2%、23.1%~27.1%;系统树显示,背肛螨属构成一独立支系,与疥螨属构成姐妹群。可见,猫背肛螨同疥螨属的亲缘关系较足螨属近,作者支持形态学上关于背肛螨属分类地位的界定。

3.3 痒螨科主要类群的分类和系统发生关系

在痒螨科中,痒螨属、足螨属和耳痒螨属(*Otodectes*)与兽医关系密切,而关于痒螨属的种间分类地位和足螨属的种间分类地位存在质疑。

1957 年以前,学者们普遍认为足螨具有宿主特异性,其命名根据宿主而定,如:牛足螨^[9]、德州足螨^[10]、马足螨(*C. equi*)、绵羊足螨(*C. ovis*)等^[9]。而 Sweatman^[11]认为足螨属的螨应分为牛足螨和德州足螨,其中马足螨、山羊足螨、绵羊足螨和牛足螨属于牛足螨,德州足螨应该为另一独立种,最早发现于美国德克萨斯州家养山羊体表,接着又在加拿大驯鹿^[18]、巴西、以色列、德国和美国等国的牛^[19-20]和波兰的驼鹿^[21]体表发现。Sweatman 的这种分类得到多数学者的支持^[12-13]。而熊猫足螨的分类地位还有待进一步确定,主要是由于熊猫足螨发现的次数较少,仅对其进行了粗略的形态学观察。王敦清等^[22]发现熊猫足螨同牛足螨、德州足螨在形态上存在差异;作者也曾对中国成都大熊猫繁殖基地的熊猫足螨分离株进行形态学观察并用统计学软件分析,发现分离自熊猫的足螨在成螨大小、雄螨中间竹节状刚毛长度以及最外侧刚毛长度上同德州足螨、牛足螨间存在较显著性差异($P < 0.05$) (文章待发表)。



数字为自举检验置信度(1 000 个复制序列)

Bootstrap percentages derived from 1 000 replications were indicated above/under branches

图 1 基于 Kimura 双参数模型,以长角血蜱作外群,用 UPGMA 法构建的 32 株螨虫分离株的系统发生树

Fig. 1 Phylogenetic tree of 32 mite isolates inferred from the second internal transcribed spacer of rRNA gene sequences using the UPGMA algorithm with Kimura 2-parameter distance and *Haemaphysalis longicornis* employed as the outgroup

由表 3 可见,熊猫足螨分离株与黄牛、奶牛足螨分离株的序列同源性较低,仅为 78.7%~82.6%,该螨与牛足螨、德州足螨的序列同源性分别为 80.3%和 88.7%。从系统树中可知,C11(分离自熊猫的足螨)同 Swi3(德州足螨)和 Swi2(牛足螨)的亲缘关系较远。为此,作者认为分离自熊猫的足螨既不属于德州足螨也不属于牛足螨,至于其是否为有效种尚有待进一步探讨。黄牛、奶牛足螨分离株同德州足螨的同源性为 94.2%~97.8%,与牛足螨的同源性为 83.4%~85.8%;系统树中可见,C7、C8、C9 和 C10 同 Swi3(德州足螨)亲缘关系较近,因此,作者认为分离自四川黄牛和奶牛的足螨应为德州足螨。

目前对各种动物体表寄生的痒螨的种间分类尚存在一定争议。Sweatman^[23]根据形态特征(主要是末体最外侧刚毛长度(OOSL)、宿主特异性及寄生部位将痒螨分为兔痒螨(*P. cuniculi*)、鹿痒螨(*P. cervinus*)、水牛痒螨(*P. natalensis*)、马痒螨(*P. equi*)和绵羊痒螨(*P. ovis*)5 个种,这种观点被一些学者接受^[24-25]。但 Bates 等^[26]认为兔痒螨和绵羊痒螨是同一个物种的变型。因此,有些学者认为各种痒螨中马痒螨是最先被命名,故各类痒螨都应该依照马痒螨命名^[17,27]。近年来,国外学者利用螨虫的 ITS-1、ITS-2 及小随体标记等基因分析,认为不同宿主上的痒螨属于 1 个种^[13-17]。而贾小勇等^[28]通过形态学研究认为水牛痒螨与兔痒螨在形态上存在较显著的差异。从图 1 可见,兔痒螨株(C12)与国外的痒螨株具有较近的亲缘关系,自举值高(100),其分类上归为马痒螨;而水牛痒螨株(C13)同这些分离株的亲缘关系较远,不应归类为马痒螨。水牛痒螨四川分离株是否为痒螨属中的一个独立有效种,还有待进一步研究。

参考文献:

- [1] FAIN A. Étude de la variabilité de *Sarcoptes scabies* avec une révision des Sarcoptidae [J]. *Acta Zoo Pathol Antverp*, 1968, 47: 1-196.
- [2] FAIN A. Epidemiological problems of scabies [J]. *Int J Dermatol*, 1978, 17(1): 20-30.
- [3] WALTON S F, CHOY L, BONSON A, et al. Genetically distinct dog-derived and human-derived *Sarcoptes scabiei* in scabies-endemic communities in northern Australia [J]. *Am J Trop Med Hyg*, 1999, 61(4): 542-547.
- [4] WALTON S F, DOUGALL A, PIZZUTTO, et al. Genetic epidemiology of *Sarcoptes scabiei* (Acari: Sarcoptidae) in northern Australia [J]. *Int J Parasitol*, 2004, 34(7): 839-849.
- [5] ARLIAN LG, RUNYAN R A, ESTES S A. Cross-infectivity of *Sarcoptes scabiei* [J]. *J Am Acad Dermatol*, 1984, 10(6): 979-986.
- [6] ZAHLER M, ESSIG A, GOTHE R, et al. Molecular analyses suggest monospecificity of the genus *Sarcoptes* (Acari; Sarcoptidae) [J]. *Int J Parasitol*, 1999, 29(5): 759-766.
- [7] BERRILLI F, D'AMELIO S, ROSSI L. Ribosomal and mitochondrial DNA sequence variation in *Sarcoptes* mites from different hosts and geographical regions [J]. *Parasitol Res*, 2002, 88(8): 772-777.
- [8] SKERRATT L F, CAMPBELL N J, MURRELL A, et al. The mitochondrial 12S gene is a suitable marker of populations of *Sarcoptes scabiei* from wombats, dogs and humans in Australia [J]. *Parasitol Res*, 2002, 88(4): 376-379.
- [9] ZAHLER M, HENDRIKX W M, ESSIG A, et al. Taxonomic reconsideration of the genus *Chorioptes* Gervais and van Beneden 1859 (Acari; Psoroptidae) [J]. *Exp Appl Acarol*, 2001, 25(6): 517-523.
- [10] HIRST S. On a new mite of the genus *Chorioptes* parasitic on goats in the United States [J]. *Ann Mag Nat Hist*, 1924, 13: 538.
- [11] SWEATMAN G K. Life history, non-specificity, and revision of the genus *Chorioptes*, a parasitic mite of herbivores [J]. *Can J Zool*, 1957, 35: 641-689.
- [12] ESSIG A, RINDER H, GOTHE R, et al. Genetic differentiation of mites of the genus *Chorioptes* (Acari; Psoroptidae) [J]. *Exp Appl Acarol*, 1999, 23(4): 309-318.
- [13] OCHS H, MATHIS A, DEPLAZES P. Single nucleotide variation in rDNA ITS-2 differentiates *Psoroptes* isolates from sheep and rabbits from the same geographical area [J]. *Parasitol*, 1999, 119(Pt 4): 419-424.
- [14] ZAHLER M, ESSIG A, GOTHE R, et al. Genetic evidence suggests that *Psoroptes* isolates of different phenotypes, hosts and geographic origins are conspecific [J]. *Int J Parasitol*, 1998, 28(11): 1713-1719.
- [15] OCHS H, MATHIS A, DEPLAZES P. Single nucleotide variation in rDNA ITS-2 differentiates *Psoroptes* isolates from Sheep and Rabbits from the same geographical area [J]. *Parasitol*, 1999, 119(Pt4):

- 419-424.
- [16] RAMEY R R, KELLEY S T, BOYCE W M, et al. Phylogeny and host specificity of *Psoroptes* mange mites (Acarina: Psoroptidae) as indicated by ITS sequence data[J]. *J Med Entomol*, 2000, 37(6):791-796.
- [17] PEGLER K R, EVANS L, STEVENS J R, et al. Morphological and molecular comparison of host-derived populations of parasitic *Psoroptes* mites [J]. *Med Vet Entomol*, 2005, 19(4): 392-403.
- [18] SWEATMAN G K. Redescription of *Chorioptes texanus*, a parasitic mite from the ears of reindeer in the Canadian arctic [J]. *Can J Zool*, 1958, 36: 525-528.
- [19] FACCINI J L H, MASSARD C L. O genero *Chorioptes* Gervais, 1895, parasita de ruminantes no Brasil (Psoroptidae: Acarina)[J]. *Rev Brasil Biol*, 1976, 36:871-872.
- [20] YERUHAM I, ROSEN S, HADANI A. Chorioptic mange (Acarina: Psoroptidae) in domestic and wild ruminants in Israel [J]. *Exp Appl Acarol*, 1999, 23(11):861-869.
- [21] KADULSKI S. Further studies on parasitic arthropods of elk *Alces alces* from Poland [J]. *Wiad Parazytol*, 1996, 42(3): 349-355.
- [22] 王敦清, 孙玉梅, 王灵岚. 熊猫痒螨各虫期形态的研究[J]. 武夷科学, 1985, (5): 99-104.
- [23] SWEATMAN G K. On the life history and validity of the specials in *Psoroptes*, a genus of mange mites [J]. *Can J Zool*, 1958, 36: 905-929.
- [24] STRONG K L, HALLIDAY R B. Biology and host specificity of the genus *Psoroptes* Gervais (Acarina: Psoroptidae) with reference to its occurrence in Australia [J]. *Exp Appl Acarol*, 1992, 15: 153-169.
- [25] WRIGHT F C, RINER J C, FISHER W F. Comparison of lengths of outer opisthosomal setae of male psoroptic mites collected from various hosts [J]. *J Parasitol*, 1984, 70: 141-143.
- [26] BATES P G. Inter- and intra-specific variation within the genus *Psoroptes* (Acari: Psoroptidae) [J]. *Vet Parasitol*, 1999, 83(3-4): 201-217.
- [27] ZÄHLER M, HENDRIKX W M L, ESSING A, et al. Species of genus *Psoroptes* (Acari: Psoroptidae): a taxonomic consideration [J]. *Exp Appl Acarol*, 2000, 24(3): 213-225.
- [28] 贾小勇, 杨光友, 张晓谦. 水牛痒螨和兔痒螨的形态观察[J]. 寄生虫与医学昆虫学报, 2006, 13(4):221-225.

动物疫情速递

澳大利亚发生蓝舌病

2009年1月15日,澳大利亚J. Gardner Murray先生向OIE通报了蓝舌病疫情。疫情始于2008年4月10日,于12月22日确诊。此次疫情不是临床发病,病原是蓝舌病病毒血清型2型,依靠实验室检测作出诊断,澳大利亚动物健康实验室(国家实验室)的RT-PCR、抗原检测ELISA和病毒中和试验结果均为阳性。疫区位于北领地Douglas Daly地区和Darwin地区的2个养殖场,易感动物是牛,前者有1000头易感牛,病例1例;后者有24头易感牛,病例6例,均未出现死亡,未予销毁。感染来源尚不清楚。澳大利亚目前尚未采取控制措施,禁止免疫,未对动物进行治疗。

马里发生牛结节疹

2009年1月13日,马里Kassoum Diakite博士向OIE报告了牛结节疹疫情。疫情始于2008年8月10日,同日确诊。此次疫情系临床发病,病原是痘病毒科病毒,依靠怀疑和临床检测作出诊断。疫区位于库利科罗省Kati的Diatoula村,易感动物是牛(放牧牛),有58头易感牛,病例11例,死亡1例,未予销毁。感染来源尚不清楚。马里采取的控制措施有检疫、国内限制移运和紧急免疫,并用10%土霉素对动物进行了治疗。马里上一次发生牛结节疹是2007年9月30日。

(摘译自OIE网站)