

兽医

## 牛的巴贝斯虫18S rRNA基因序列比较研究

罗建勋, 殷宏, 刘光远, 关贵全, 刘志杰, 刘爱红, 党志胜, 马米玲, 鲁炳义, 孙彩琴, 白启, 吕文顺, 陈溥言

1. 中国农业科学院兰州兽医研究所, 兰州 730046; 2. 南京农业大学动物医学院, 南京 210095

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 对中国已报道的8株牛的巴贝斯虫(包括1株牛巴贝斯虫、1株双芽巴贝斯虫、1株大巴贝斯虫、3株卵形巴贝斯虫和2株巴贝斯虫未定种)的18S rRNA基因序列进行了测定与比较。自感染动物的血液中纯化虫体, 提取基因组DNA, PCR扩增靶基因, 然后将其连接到pGEM-T Easy载体上, 进行克隆测序。研究结果显示: 牛的巴贝斯虫18S rRNA基因大小在1 653~1 699 bp之间; 用所测得的和自GenBank下载的各种动物的巴贝斯虫18S rRNA基因序列构建了系统发生树, 发现由刻点血蜱传播的大巴贝斯虫伊犁株与由长角血蜱传播的3株卵形巴贝斯虫存在明显差别, 应属于2个独立种; 由小亚璃眼蜱传播的牛巴贝斯虫未定种不同于目前已报道的任何种类, 在中国应为一个新种。因而, 中国存在5种牛的巴贝斯虫, 即: 牛巴贝斯虫, 双芽巴贝斯虫、大巴贝斯虫, 卵形巴贝斯虫和巴贝斯虫未定种。

**关键词** [比较](#); [系统发生树](#); [18S rRNA](#); [牛的巴贝斯虫](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

作者个人主页: 罗建勋; 殷宏; 刘光远; 关贵全; 刘志杰; 刘爱红; 党志胜; 马米玲; 鲁炳义; 孙彩琴; 白启; 吕文顺; 陈溥言

### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (1754KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [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“[比较](#); [系统发生树](#); [18S rRNA](#); [牛的巴贝斯虫](#)”的 [相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [罗建勋](#)

· [殷宏](#)

· [刘光远](#)

· [关贵全](#)

· [刘志杰](#)

· [刘爱红](#)

· [党志胜](#)

· [马米玲](#)

· [鲁炳义](#)

· [孙彩琴](#)