

论著

食蟹猴体内瓦氏瓦特松吸虫ITS序列测定及其种系发育分析

李健^{1,2} 全琛宇¹ 石云良¹ 李雯雯³ 张鸿满⁴ 何国声⁵ 黄维义^{1,2*}

1530005 南宁, 广西大学动物科学技术学院; 2530005 南宁, 广西大学食品质量与安全研究中心; 3510080 广州, 中山大学附属第一医院动物实验中心; 4530021 南宁, 广西壮族自治区疾病预防控制中心; 5200232 上海, 中国农业科学院上海兽医研究所, 农业部动物寄生虫学重点实验室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要

目的 对分离自食蟹猴 (*Macaca fascicularis*) 的瓦氏瓦特松吸虫 (*Watsonius watsoni*) 进行初步形态学观察, 测定其核糖体基因内转录间隔区 (internal transcribed spacer region, ITS) 序列, 并分析其基于ITS2序列的系统发生关系。方法 将从食蟹猴中分离的瓦氏瓦特松吸虫用盐酸卡红染色后观察其形态学特征。PCR扩增吸虫的ITS1与ITS2序列并测序; 运用在线序列比对工具ClustalW2, 将测序结果与ITS2数据库上部分同盘类吸虫及人兽共患吸虫致病种的序列进行多重比对分析, 应用MEGA 4.0软件, 采用邻位相连法构建系统发生树进行分析。结果 盐酸卡红染色后显示, 瓦氏瓦特松吸虫各形态特征符合经典的分类学描述PCR测序后获得ITS1、ITS2序列, 提交GenBank后获得登录号分别为KC763806GU999987, 其中ITS2长度为295 bp, (G+C) 含量为52.20%。基于ITS2建立的系统发生树显示, 其与同归属于同盘总科腹盘科的野牛平腹盘吸虫 (*Homalogaster paloniae*)、人拟腹盘吸虫 (*Gastrodiscoides hominis*) 构成自展值为95%的拓扑分支。结论 测定了瓦氏瓦特松吸虫ITS序列, 获得了基于ITS2的系统发生树。

关键词 [瓦氏瓦特松吸虫](#); [同盘吸虫](#); [食蟹猴](#); [核糖体基因内转录间隔区](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4122.2013.06.002

通讯作者:

黄维义 wylhuan@gxu.edu.cn

作者个人主页: [李健^{1,2}](#); [全琛宇¹](#) [石云良¹](#) [李雯雯³](#) [张鸿满⁴](#) [何国声⁵](#) [黄维义^{1,2*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(1733KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(OKB\)](#)

▶ [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“瓦氏瓦特松吸虫; 同盘吸虫; 食蟹猴; 核糖体基因内转录间隔区”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [李健¹](#)

• [2 全琛宇¹ 石云良¹ 李雯雯³ 张鸿满⁴ 何国声⁵ 黄维义¹](#)

• [2*](#)