

新疆新地乡部分地区亚洲璃眼蜱的形态及分子生物学鉴定

咎晓庆^{1,2}, 任巧云^{2,3}, 罗金², 王彦龙², 刁沛文², 车丽妍², 罗建勋², 殷宏^{2,4}, 关贵全², 刘光远², 赵洪喜¹

摘要:目的 了解新疆裕民县新地乡所采集蜱种的形态学及分子生物学情况。方法 采集该地区家畜体表寄生蜱,借助超景深三维显微系统 VHX 600 对收集到的蜱进行初步的形态学鉴定。提取全蜱总 DNA,采用 PCR 技术,基于 COI 和 ITS2 基因位点对蜱 DNA 进行扩增,将阳性的 PCR 产物进行测序。通过 NCBI 数据库中 Blast 在线分析软件,将测序所获序列与数据库中其他相关序列进行同源性比对分析。利用 MEGA 7.0 软件中的邻接法构建遗传进化树,确定蜱的进化生物学特性。结果 经形态学鉴定,从裕民县新地乡采集的蜱均符合亚洲璃眼蜱的特征。基于 COI 和 ITS2 基因序列建立的遗传进化树表明,本次研究所采集的蜱与已知的亚洲璃眼蜱聚为一支。结论 通过形态学及分子生物学鉴定,确定本次研究所采集的蜱为亚洲璃眼蜱。该结果为新疆新地乡蜱种分布提供一定数据资料,为蜱种鉴定和遗传进化特征分析提供参考。

关键词: 亚洲璃眼蜱; 形态鉴定; COI 基因; ITS2 基因

中图分类号: R384.4

文献标志码: A

文章编号: 1002-2694(2024)04-0289-06

Morphological classification and molecular identification of *Hyalomma asiaticum* in parts of Xindi Township, Xinjiang

ZAN Xiao-qing^{1,2}, REN Qiao-yun^{2,3}, LUO Jin², WANG Yan-long², DIAO Pei-wen², CHE Li-yan², LUO Jian-xun², YIN Hong-xi^{2,4}, GUAN Gui-quan², LIU Guang-yuan², ZHAO Hong-xi¹

(1.School of Animal Science and Technology, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2.State Key Laboratory for Animal Disease Control and Prevention, Key Laboratory of Veterinary Parasitology of Gansu Province, Lanzhou Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730046, China;

3.College of Life Sciences, Hebei Normal University, Shijiazhuang 050024, China;

4.Jiangsu Collaborative Innovation Center for Prevention and Control of Important Animal Diseases and Zoonotic Diseases, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

Abstract: The purpose of this study was to identify the tick species native to Xindi Township, Yumin County, Xinjiang,

国家寄生虫资源中心项目(No.NPRC-2019-194-30)、国家重点研发计划项目(No.2019YFC1200502)、中国农业科学院科技创新工程项目(No.CAAS-ASTIP-2021-LVRI)和宁夏自然科学基金项目(No.2023AAC02017)联合资助

通讯作者: 赵洪喜, Email: zhaohongxi2006@163.com;

ORCID: 0000-0002-9497-9533

刘光远, Email: liuguangyuan@caas.cn;

ORCID: 0009-0000-4318-4370

作者单位: 1. 宁夏大学动物科技学院, 银川 750021;

2. 中国农业科学院兰州兽医研究所动物疫病防控全国重点实验室, 甘肃省动物寄生虫病重点实验室, 兰州 730046;

3. 河北师范大学生命科学学院, 石家庄 050024;

4. 江苏高校动物重要疫病与人兽共患病防控协同创新中心, 扬州大学, 扬州 225009

China. Preliminary morphological identification of parasitic ticks collected from animals in the area was conducted with an ultra-depth of field three-dimensional VHX 600 digital stereo microscope. Total DNA of the ticks was extracted, amplified by PCR based on the COI and ITS2 gene loci, and the positive PCR products were sequenced. The sequence were aligned with reference sequences from the NCBI database were aligned with the Basic Local Alignment Search Tool. A genetic phylogenetic tree was generated with the neighbor-joining method of MEGA 7.0 software to determine the evolutionary biological characteristics of ticks. Morphological identification showed that the ticks collected from Xindi Township of Yumin County were consistent with the characteristics of *Hyalomma asiaticum*. An evolutionary tree based on the COI and

ITS2 gene sequences showed that the ticks collected in this study were clustered with known *H. asiaticum* sequences. The PCR products of *COI* and ITS2 were sequenced and compared, which confirmed that the collected tick species were *H. asiaticum*, in agreement with the morphological and molecular biological results. These findings help to clarify the distribution of ticks in Xindi Township of Xinjiang, and provide basic data for the analysis of tick genetic and evolutionary characteristics, as reference for surveillance and control of ticks in the Xinjiang Uygur Autonomous Region.

Keywords: *Hyalomma asiaticum*; morphological identification; *COI* gene; ITS2 gene

Supported by the National Parasitic Resources Center (No.NPRC-2019-194-30), the National Key Research and Development Program of China (No.2019YFC1200502), the Agricultural Science and Technology Innovation Program (ASTIP) (No.CAAS-ASTIP-2021-LVRI), and Ningxia Natural Science Fund Project (No.2023AAC02017)

Corresponding authors: Zhao Hong-xi, Email: zhaohongxi2006@163.com; Liu Guang-yuan, Email: liuguangyuan@caas.cn

目前研究普遍认为蜱的分布与环境、地理位置以及自然气候有关^[1]。新疆裕民县地势复杂,境内有哈拉布拉水库,自然环境多样性,属温带大陆性气候,主要以畜牧业为主,这样的地理环境更有利于蜱的生长。到目前为止,新疆已发现的蜱种共有 2 科 9 属 45 种,主要包括拉合尔钝缘蜱(*Ornithodoros lahorensis*)、亚洲璃眼蜱(*Hyalomma asiaticum*)、小亚璃眼蜱(*Hyalomma anatolicum*)、血红扇头蜱(*Rhipicephalus sanguineus*)等^[2-3]。

亚洲璃眼蜱是三宿主蜱,利用口器吸附于宿主体表,通过吸食宿主血液来维持生命,雌雄饥饿成蜱经吸血交配后,饱血后的雌蜱从宿主体表脱落,在温度、湿度适宜的条件下,产卵孵化为饥饿幼蜱,幼蜱再次寻找宿主吸血,饱血后蜕皮为饥饿若蜱,若蜱再次叮咬宿主,经吸血蜕皮后,发育为饥饿成蜱^[4]。

在我国,亚洲璃眼蜱主要分布于内蒙古、宁夏、陕西、甘肃、吉林、青海以及新疆的巴音郭楞蒙古自治州、吐鲁番地区、昌吉回族自治州等地的荒漠与半荒漠地区^[4-7]。亚洲璃眼蜱成蜱多寄生于牛、羊、骆驼等家畜,偶尔也会侵袭人,幼蜱及若蜱多寄生于小型啮齿类动物^[8]。蜱叮咬可直接造成动物宿主疼痛、贫血、消瘦、麻痹以及继发感染,不仅如此,蜱还可以贮存并传播多种病原体,目前我国至少发现了 33 种蜱传病原体,可引起多种人兽共患病,直接或间接地危害人类健康和畜牧生产^[9-10]。据报道,亚洲璃眼蜱不仅是牛环形泰勒虫的传播媒介,还可携带包括立克次体^[11]、克里米亚-刚果出血热病毒^[12]、贝纳柯克斯体^[13]、伯氏疏螺旋体、巴贝斯虫^[14]以及无形体^[15]等多种病原体。

蜱的种类鉴定通常采用形态学鉴定的方法。形态学鉴定操作简单,电镜技术的发展提高了其准确性,使得更能直观并精准的进行分类,但是亲缘关系较近的或有微小差异的蜱种则很难区分。近年来,随着 PCR 分子生物诊断技术的不断发展,利用细胞

色素氧化酶 I(cytochrome oxidase I, *COI*) 基因和核糖体内部转录间隔 2(nuclear ribosomal internal transcribed spacer 2, ITS2) 基因等对蜱进行系统发育分析,克服了形态学鉴定的局限性,更有助于蜱的分类学及其流行性研究^[16-17]。为了更好地了解新疆裕民县新地乡所采集蜱的种类,本实验采用形态学结合分子生物学对其进行分类鉴定。

1 材料与方法

1.1 主要试剂与仪器 超景深三维显微系统 VHX 600 体视显微镜,基恩士(KEYENCE)有限公司;生物安全柜(BSC-1304 II A2 型),苏州安泰空气技术有限公司;普通 PCR 仪(T100 型),美国 Bio-Rad 公司;DYY-12 型核酸电泳仪,北京六一生物科技有限公司;AlphaImager HP 型全自动凝胶成像仪,美国 ProteinSimple 公司。2 × Taq Master Mix (Dye Plus),南京诺唯赞生物科技有限公司;Gel Extraction Kit 胶回收试剂盒,OMEGA 公司;DNA 标准 DL 2 000 和 DL500, TaKaRa 公司;DNA 提取试剂盒, QIAGEN 公司。

1.2 样本采集 2021 年 4 月,在新疆维吾尔自治区塔城地区裕民县新地乡采集家畜羊体表的寄生蜱,置于 50 mL 离心管内并用棉布进行封口,送至实验室进行鉴定。

1.3 形态学观察 将采集的蜱用生理盐水冲洗数次至虫体表面无异物,借助超景深三维显微系统 VHX 600 体视显微镜观察其背面、腹面、假头基、盾板、爪垫、生殖孔、肛板以及气门板等部位的形态特征,进行初步鉴定。

1.4 基因组 DNA 的提取 将经形态学鉴定后的蜱,置于 1.5 mL 离心管内,首先用 75% 乙醇浸泡 3 次,再用无菌水反复冲洗 3 次,对蜱表面进行消毒。用研磨棒进行研磨,然后按照 QIAamp DNA Mini Kit(250)试剂盒说明书(QIAGEN, 51306)操作步

骤提取蜱的基因组,−20℃保存备用。

1.5 COI 和 ITS2 基因的 PCR 扩增 将提取的基因组利用 COI 和 ITS2 基因进行 PCR 鉴定,引物序列详细情况见表 1。COI 基因 PCR 反应条件:94℃预变性 3 min;94℃变性 30 s,51.7℃退火 30 s,72℃延伸 1 min,35 个循环;72℃再延伸 10 min。ITS2 基因 PCR 反应条件:95℃预变性 5 min;94℃变性 30 s,56℃退火 45 s,72℃延伸 1 min,35 个循环;72℃再延伸 10 min。扩增结束后取 5 μL PCR 产物进行 1.0%琼脂糖凝胶电泳检查,电泳结束后,按照美国 Axygen 公司的 DNA 凝胶回收试剂盒说明书对目的片段的 PCR 产物进行回收与纯化后,送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序。

表 1 蜱种鉴定的 COI 基因和 ITS2 基因引物序列

Tab.1 Primer sequences for the COI and ITS2 genes for identification of tick species

扩增片段	引物名称	序列 (5'-3')	目的片段长度/bp	参考文献
COI	COI-F	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	709	[18]
	COI-R	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA		
ITS2	ITS2-F	GTCCGAGGAGGATAAGCAGC	492	[19]
	ITS2-R	GCGAAGCACTTAGACCGAC		

1.6 序列比对及系统发育分析 将测序所获的序列在 NCBI 数据库中进行 Blast 比对,进行同源性分析后,分别下载 COI 与 ITS2 基因的同源序列利用 MEGA7.0 软件对序列进行比对分析,基于 Kimura 2 Parameter 模型,使用邻接法(Neighbor Joining Algorithm,NJ)分别构建系统发育树,分析其遗传进化关系。

2 结 果

2.1 形态学鉴定结果 本研究将采自新疆维吾尔自治区裕民县新地乡部分地区的蜱,通过超景深三维显微系统 VHX 600 体视显微镜进行形态学观察。饥饿雌蜱特征:假头基背部侧缘凸出,基突不明显,盾板椭圆形,中部至两侧由褐色至红褐色逐渐加深,无珐琅斑,颈沟深且明显,生殖孔呈卵圆形,气门板呈逗点状,结果如图 1A 所示;雄蜱特征:假头基背部侧缘凸出,基突发达,盾板背部全覆盖,为深红褐色,无珐琅斑,颈沟深且明显,肛侧板呈三角尖突,气门板呈曲颈瓶形,结果如图 1B 所示。

经形态学鉴定虫体假头、盾板、气门板等特征,根据现有的文献^[4,20]和书籍^[21-23],初步鉴定本研究所采集的蜱符合亚洲璃眼蜱的特征。

2.2 分子生物学鉴定结果 以蜱全基因组 DNA 为模板,基于 COI 和 ITS2 基因位点序列对其进行 PCR 扩增,结果显示,分别在 709 bp 和 492 bp 左右处获得与预期片段大小一致的目的条带,见图 2。

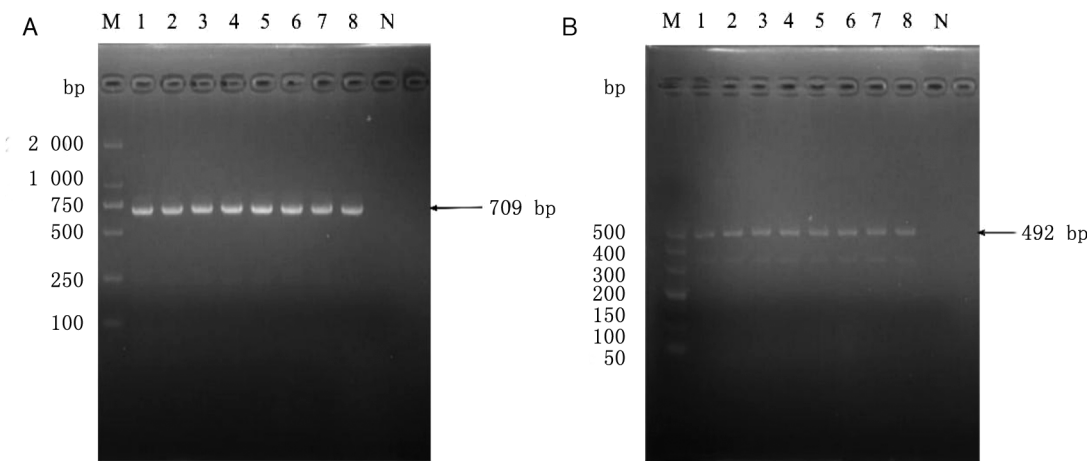


注:A.亚洲璃眼蜱饥饿雌蜱;B.亚洲璃眼蜱雄蜱;a.躯体背面;b.躯体腹面;c.假头背面;d.假头腹面;e.盾板;f.爪垫;g.生殖区;h.肛门区;i.气门板;j.气门板。(镜头种类:Z20;镜头倍率:a, b:×20;c, d:×150;eA:×100;eB:×50;f, g, h, i, j:×200)

图 1 亚洲璃眼蜱形态学鉴定结果

Fig.1 Morphological identification of *H. asiaticum*

2.3 系统进化分析 通过分子鉴定,从裕民县新地乡采集的蜱中,并进行基因组提取,用 COI 基因和 ITS2 基因 PCR 扩增后,测序分别获得长度约为 709 bp 和 492 bp 的 8 条序列,经过 NCBI 上的 BLAST



注:A. *COI* 基因;B. *ITS2* 基因;M. DNA 分子质量标准;1-8. 样品 PCR 扩增产物;N. 阴性对照。

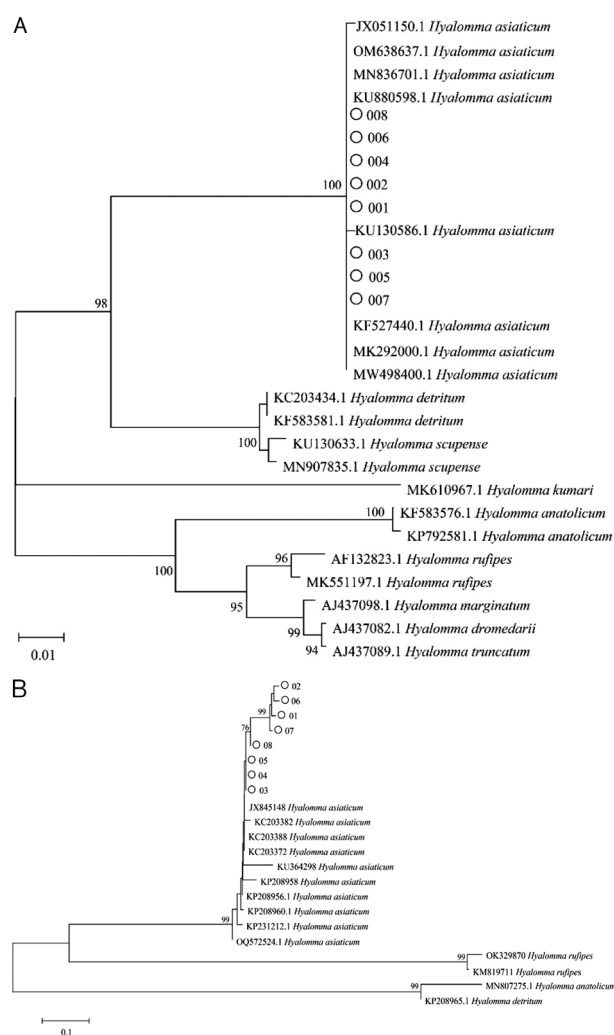
图 2 基于蜱种鉴定的 *COI* 和 *ITS2* 基因的 PCR 凝胶电泳结果

Fig.2 Result of PCR gel electrophoresis based on the *COI* and *ITS2* genes for identification of tick species

对比,由 MEGA 7.0 进行进化树的构建,结果(图 3)显示,8 条 *COI* 基因序列均与来自中国新疆(KF527440、KU880598、MN836701、OM638637、MW498400)、甘肃(MK292000)、内蒙古(JX051150)、土库曼斯坦(KU130586)的基因序列形成一簇且相似性高达 100%;8 条 *ITS2* 基因序列均与中国(JX845148)、新疆(KC203388)、内蒙古(KC203372、KC203382)以及伊朗多地(KP208960、KP208958、KP231212、KP208956、OQ572524)的亚洲璃眼蜱相似性高达 99%,均显示所采集新疆蜱种与亚洲璃眼蜱在同一分支。本文基于 *COI* 基因和 *ITS2* 基因建立进化树中所使用的全部参考序列及其来源地详见表 2。

表 2 基于 *COI* 基因和 *ITS2* 基因建立进化树的参考序列
Tab.2 Reference sequences of the *COI* and *ITS2* genes in ticks

基因位点	蜱种类	参考序列(来源地)
<i>COI</i>	亚洲璃眼蜱(<i>Hyalomma asiaticum</i>)	KF527440(新疆)、KU880598(新疆)、MN836701(新疆)、JX051150(内蒙古)、MK292000(甘肃)、OM638637(新疆)、MW498400(新疆)、KU130586(土库曼斯坦)
	残缘璃眼蜱(<i>Hyalomma detritum</i>)	KC203434(新疆)、KF583581(新疆)
	小亚璃眼蜱(<i>Hyalomma anatolicum</i>)	KP792581(印度)、KF583576(新疆)
	盾糙璃眼蜱(<i>Hyalomma scupense</i>)	KU130633(俄罗斯)、MN907835(哈萨克斯坦)
	<i>Hyalomma kumari</i>	MK610967
	麻点璃眼蜱(<i>Hyalomma rufpes</i>)	MK551197(南非)、AF132823
	嗜驼璃眼蜱(<i>Hyalomma dromedarii</i>)	AJ437082
	边缘璃眼蜱(<i>Hyalomma marginatum</i>)	AJ437098
	截形璃眼蜱(<i>Hyalomma truncatum</i>)	AJ437089
<i>ITS2</i>	亚洲璃眼蜱(<i>Hyalomma asiaticum</i>)	KP208960(伊朗)、KP208958(伊朗)、KP231212(伊朗)、KU364298、KP208956(伊朗)、OQ572524(伊朗)、JX845148(中国)、KC203372(内蒙古)、KC203382(内蒙古)、KC203388(新疆)
	小亚璃眼蜱(<i>Hyalomma anatolicum</i>)	MN807275(新疆)
	残缘璃眼蜱(<i>Hyalomma detritum</i>)	KP208965(伊朗)
	麻点璃眼蜱(<i>Hyalomma rufpes</i>)	OK329870(伊朗)、KM819711



注:A. 基于 *COI* 基因构建的系统进化树;○001-○008 是基于 *COI* 基因测序的 8 个序列 B. 基于 *ITS2* 基因构建的系统进化树;○01-○08 是基于 *ITS2* 基因测序的 8 个序列。

图 3 采用邻接法并基于 *COI* 和 *ITS2* 基因构建的系统进化树

Fig.3 Phylogenetic tree based on the *COI* and *ITS2* genes constructed by the adjacency method

3 讨 论

新疆是中国陆地面积最大的自治区,自然环境复杂,蜱种丰富且分布广泛。蜱的分布主要受温度、湿度、地理环境等因素的影响,新疆独特的地理环境与气候有利于蜱的生存与繁殖^[24]。目前,已知新疆西北部地区流行的硬蜱主要包括革蜱属、璃眼蜱属、血蜱属、扇头蜱属等^[25-26]。其中,亚洲璃眼蜱在准噶尔界山及山间谷地、准噶尔盆地、东疆盆地的焉耆、吐鲁番、哈密、塔里木盆地及新疆北疆部分地区等地均已被报道^[27]。亚洲璃眼蜱作为 Q 热、克里米亚-刚果出血热和嗜吞噬细胞无形体病等人畜共患病的传播媒介,严重威胁新疆地区畜牧业发展和人类健康^[28-29]。因此,开展地方性的蜱种分布研

究,以期对蜱传疾病的调查及防控提供一定的帮助。

本研究首次采集新疆塔城地区裕民县新地乡的蜱,借助超景深三维立体显微镜对采集的蜱进行形态学鉴定,根据其形态特征,可以初步判断本研究鉴定的蜱为亚洲璃眼蜱。*COI* 的 5' 区域通常被认为是所有动物的标准条形码,是物种鉴定的首选; *ITS2* 具有较大的种间分歧和最小的种内变异等特点,两者相结合更能准确进行蜱种鉴定^[30]。本研究基于 *COI* 和 *ITS2* 基因对提取的蜱 DNA 进行 PCR 扩增,结果显示,在 492 bp 和 709 bp 左右处获得与目的片段大小一致的条带,提示 *COI* 和 *ITS2* 基因片段均被成功扩增,表明 *COI* 和 *ITS2* 基因能作为亚洲璃眼蜱的分子鉴别手段。

基于 *COI* 基因建立的系统发育树表明,本研究所鉴定蜱的序列均能与已知的璃眼蜱序列良好聚类,与来自新疆、内蒙古等地方株聚为一支,相似性可达 99% 以上;而与国外土库曼斯坦以及伊朗等地方株的亲缘关系极为接近,相似性也达到 99% 及以上。基于 *ITS2* 基因建立的进化树同样验证了上述结果。本研究所发现的亚洲璃眼蜱序列与国外发现的序列聚为一支,这可能是国际间动物贸易、候鸟迁徙等因素所导致的结果。

本研究结果为亚洲璃眼蜱的鉴定提供参考依据,同时完善新疆新地乡的蜱种分布,为该地蜱遗传进化特征分析提供基础数据。

利益冲突:无

引用本文格式:咎晓庆,任巧云,罗金,等.新疆新地乡部分地区亚洲璃眼蜱的形态及分子生物学鉴定[J].中国人兽共患病学报,2024,40(4):289-294. DOI:10.3969/j.issn.1002-2694.2024.00.050

参考文献:

- [1] Wang YZ, Mu LM, Zhang K, et al. A broad-range survey of ticks from livestock in Northern Xinjiang: changes in tick distribution and the isolation of *Borrelia burgdorferi sensu stricto* [J]. Parasit Vectors, 2015, 8: 449. DOI: 10.1186/s13071-015-1021-0
- [2] 贵有军,史深,罗勇军,等.新疆蜱传疾病及蜱媒防制[J].中国动物传染病学报,2023,31(3):213-220. DOI: 10.19958/j.cnki.cn31-2031/s.2023.03.022
- [3] 韦丽婷,刘丹丹,范士龙,等.拉合尔钝缘蜱不同龄期若蜱超微形态[J].昆虫学报,2022,65(11):1538-1546. DOI: 10.16380/j.kcxb.2022.11.014
- [4] 宋瑞其,翟雪洁,李才善,等.亚洲璃眼蜱和小亚璃眼蜱新疆地理株各发育阶段生物学特性的比较分析[J].中国寄生虫学与寄生虫病杂志,2022,40(3):369-378. DOI: 10.12140/j.issn.1000-7423.2022.03.014

- [5] Eldin C, Parola P. Update on tick-borne bacterial diseases in travelers[J]. Curr Infect Dis Rep, 2018, 20(7): 17. DOI: 10.1007/s11908-018-0624-y
- [6] Chen Z, Yu ZJ, Yang XJ, et al. The life cycle of *Hyalomma asiaticum kozlovi* Olenov, 1931 (Acari: Ixodidae) under laboratory conditions[J]. Vet Parasitol, 2009, 160(1/2): 134-137. DOI: 10.1016/j.vetpar.2008.10.028
- [7] 尹小平, 叶志辉, 骄娃, 等. 阿拉山口口岸地区蜱类区系调查及宿主动物染带关系监测分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2010, 21(4): 375-377.
- [8] Ren QY, Lu HY, Chen Z, et al. Joint toxicity of insecticides against *Hyalomma asiaticum* [J]. Exp Parasitol, 2023, 245: 108438. DOI: 10.1016/j.exppara.2022.108438
- [9] 张柳, 李思昂, 李正, 等. 蒙新区人畜重要蜱传疾病及病原体研究概述[J]. 中国动物保健, 2023, 25(2): 1-3. DOI: 10.3969/j.issn.1008-4754.2023.02.001
- [10] Yu PF, Liu ZJ, Niu QL, et al. Molecular evidence of tick-borne pathogens in *Hyalomma anatolicum* ticks infesting cattle in Xinjiang Uygur Autonomous Region, Northwestern China [J]. Exp Appl Acarol, 2017, 73(2): 269-281. DOI: 10.1007/s10493-017-0162-6
- [11] Kang YJ, Diao XN, Zhao GY, et al. Extensive diversity of Rickettsiales bacteria in two species of ticks from China and the evolution of the Rickettsiales[J]. BMC Evol Biol, 2014, 14: 167. DOI: 10.1186/s12862-014-0167-2
- [12] Guo R, Shen S, Zhang YF, et al. A new strain of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus isolated from Xinjiang, China [J]. Virol Sin, 2017, 32(1): 80-88. DOI: 10.1007/s12250-016-3936-9
- [13] Ni J, Lin HL, Xu XF, et al. *Coxiella burnetii* is widespread in ticks (Ixodidae) in the Xinjiang Areas of China[J]. BMC Vet Res, 2020, 16(1): 317. DOI: 10.1186/s12917-020-02538-6
- [14] Song R, Wang Q, Guo F, et al. Detection of *Babesia* spp., *Theileria* spp. and *Anaplasma ovis* in Border Regions, Northwestern China[J]. Transbound Emerg Dis, 2018, 65(6): 1537-1544. DOI: 10.1111/tbed.12894
- [15] Zhao L, Lv JZ, Li F, et al. Identification and molecular analysis of ixodid ticks (Acari: Ixodidae) infesting domestic animals and tick-borne pathogens at the Tarim Basin of Southern Xinjiang, China[J]. Korean J Parasitol, 58(1): 37-46. DOI: 10.3347/kjp.2020.58.1.37
- [16] Lv JZ, Wu SQ, Zhang YN, et al. Assessment of four DNA fragments (COI, 16S rDNA, ITS2, 12S rDNA) for species identification of the Ixodida (Acari: Ixodidae)[J]. Parasites Vectors, 2014, 7: 93. DOI: 10.1186/1756-3305-7-93
- [17] 周淑娟, 肖方震, 刘维俊, 等. COI 基因 DNA 条形码技术在福建省蜱类鉴定中的应用[J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(1): 25-31. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2019.00.104
- [18] Folmer O, Black M, Hoeh W, et al. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates [J]. Mol Mar Biol Biotechnol, 1994, 3(5): 294-299.
- [19] 王冰洁. 新疆璃眼蜱种属鉴定、进化分析及其携带泰勒虫的分子检测[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2016.
- [20] 周鹏, 李正, 张生帅, 等. 新疆边境昆玉市亚洲璃眼蜱形态及分子生物学鉴定[J]. 现代畜牧兽医, 2022, 407(3): 8-11.
- [21] 邓国藩, 姜在阶. 中国经济昆虫志[M]. 北京: 科学出版社, 1991: 299-302.
- [22] 刘光远, 黄兵, 郭宪国. 中国畜禽外寄生虫形态分类彩色图谱[M]. 北京: 科学出版社, 2020: 55-57.
- [23] 陈泽, 杨晓军. 蜱的系统分类学[M]. 北京: 科学出版社, 2021: 569-577.
- [24] 仇晓飞, 林汉亮, 罗金, 等. 新疆边境地区蜱携带梨形虫种类的分子鉴定[J]. 动物医学进展, 2022, 43(1): 31-37. DOI: 10.16437/j.cnki.1007-5038.2022.01.010
- [25] 伏中方, 杨建春, 罗金. 新疆蜱传粗糙巴贝斯虫的流行特征分析[J]. 中国兽医杂志, 2023, 59(6): 22-28.
- [26] 陈红娜, 叶刚, 陈银, 等. 新疆克拉玛依地区蜱媒病原体的调查[J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(3): 255-260. DOI: 10.3969/j.issn.1002-2694.2020.00.011
- [27] 唐莉娟, 王远志, 刘丹, 等. 新疆主要蜱种分布及蜱传病原的研究进展[J]. 中国动物传染病学报, 2022, 30(4): 211-216. DOI: 10.19958/j.cnki.cn31-2031/s.2022.04.026
- [28] 刘凯强, 俞进, 段真真, 等. 新疆阿克苏地区蜱和羊感染无浆体的分子流行病学调查[J]. 畜牧与饲料科学, 2023, 44(3): 122-128. DOI: 10.12160/j.issn.1672-5190.2023.03.018
- [29] 胡晓宇, 李增魁, 李中余, 等. 亚非部分地区蜱及蜱传疾病的分布概述[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2023, 34(3): 428-439. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2023.03.025
- [30] Shaw M, Murrell A, Barker SC. Low intraspecific variation in the rRNA internal transcribed spacer 2 (ITS2) of the Australian paralysis tick, *Ixodes holocyclus* [J]. Parasitol Res, 2002, 88(3): 247-252. DOI: 10.1007/s00436-001-0533-z

收稿日期: 2023-09-13 编辑: 张智芳