

DOI:10.13350/j.cjpb.221109

• 论著 •

新疆环塔里木盆地地区拉合尔钝缘蜱线粒体 16S rRNA 基因遗传多样性分析*

刘明明, 芦星, 王水怡, 刘雨桐, 范士龙, 王金明, 李思媛, 巴音查汗, 刘丹丹, 张伟**

(新疆农业大学, 新疆乌鲁木齐 830000)

【摘要】 目的 探究新疆环塔里木盆地周边的阿克苏、喀什、吐鲁番、巴音郭楞蒙古自治州(简称巴州)4个地区拉合尔钝缘蜱的遗传多样性及其遗传进化关系,为拉合尔钝缘蜱流行病学调查及蜱媒病的防控奠定基础。方法 基于阿克苏、喀什、吐鲁番、巴州4个地区共47条拉合尔钝缘蜱线粒体16S rRNA基因序列,通过DnaSP 5.0分析核苷酸多样性与单倍型多样性,通过MAGE 11构建单倍型邻接树和单倍型网络图,通过Arlequin 3.5分析群体间的分化情况及变异情况。结果 基于16S rRNA基因共界定了拉合尔钝缘蜱31种单倍型,其中共享单倍型1种,为Hap1,在吐鲁番、阿克苏和巴州3个群体中出现;其余30种为独享单倍型,为Hap2-Hap31。多样性分析显示,拉合尔钝缘蜱4个群体的整体单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性(Pi)分别为0.901和0.01627。单倍型NJ系统树与单倍型网络图显示,4个群体间未形成明显的谱系结构和地理结构。遗传分化指数(F_{st})与遗传距离分析显示,4个群体间分化程度较弱,各个群体间遗传距离较近;AMOVA分析显示,4个群体遗传变异主要来自群体内部,群体间变异和群体内变异分别占9.42%和90.58%。结论 新疆环塔里木盆地4个地区拉合尔钝缘蜱属高遗传多样性群体,能适应多种环境;各群体间分化程度较低,群体间无明显的谱系结构,且整个种群经历了长期的发展演化,形成了大而稳定的群体。

【关键词】 拉合尔钝缘蜱;16S rRNA基因;遗传多样性;遗传结构

【中图分类号】 R384.4

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2022)11-1283-05

[Journal of Pathogen Biology. 2022 Nov. ;17(11):1283-1287.]

Genetic diversity of mitochondrial 16S rRNA gene of *Ornithodoros lahorensis* collected from the regions around the Tarim Basin of Xinjiang

LIU Ming-ming, LU Xing, WANG Shui-yi, LIU Yu-tong, FAN Shi-long, WANG Jin-ming, LI Si-yuan, BA Yin-cha-han, LIU Dan-dan, ZHANG Wei (Xinjiang Agricultural University, Urumqi 83000, China)

【Key words】 *Ornithodoros lahorensis*; 16S rRNA gene; Genetic diversity; Genetic structure***

【Abstract】 **Objective** To investigate the genetic diversity and its genetic evolutionary relationships of *O. lahorensis* in four regions of Aksu, Kashgar, Turpan, and Bayingoleng Mongol Autonomous Prefecture (Abbreviation Ba zhou) around the Tarim Basin in Xinjiang, and to lay the foundation for epidemiological investigation of *O. lahorensis* and prevention and control of tick-borne diseases. **Methods** Based on a total of 47 mitochondrial 16S rRNA gene sequences of *O. lahorensis* collected from the above four regions around the Tarim Basin in Xinjiang, nucleotide diversity and haplotype diversity were analyzed by DnaSP, then haplotype neighbor-joining trees and haplotype grid maps were constructed by MAGE11. Besides, the analysis of differentiation and variation between populations was conducted by Arlequin 3.5.

Results A total of 31 haplotypes were defined based on 16S rRNA genes. Among them, one shared haplotype was Hap1, occurred in three populations in Turpan, Aksu and Bazhou, and the remaining 30 were exclusive haplotypes, named Hap2-Hap31. The Diversity analysis showed that the overall haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (Pi) of the four populations of *O. lahorensis* were 0.901 and 0.01627, respectively. Haplotype NJ phylogenetic tree and haplotype network map showed that there was no obvious genealogical or geographical structure among the four populations. Fixation index values (F_{st}) and genetic distance analysis showed that the four populations were weakly differentiated from each other, and the genetic distances among the populations were close. Analysis of molecular variance (AMOVA) analysis showed that the inter- and intra-group variation were 9.42% and 90.58%, respectively. **Conclusion** The four populations of *O. lahorensis* around the Tarim Basin in Xinjiang were all high genetic diversity populations which could adapt to a variety of environments. The differentiation degree among populations was low without obvious genealogical

* **【基金项目】** 国家自然科学基金项目(No. 32060803);新疆维吾尔自治区高校科研计划项目(No. XJEDU2020Y017)。

** **【通讯作者】** 张伟, E-mail: zw2017xjau@163.com

【作者简介】 刘明明(1997-),男,新疆奎屯人,硕士生。主要研究方向:家畜寄生虫病及防治。E-mail: L18299171250@163.com

structure among populations, and the whole population had undergone long-term development and evolution which formed large and stable populations.

【Key words】 *Ornithodoros lahorensis*; 16S rRNA gene; genetic diversity; genetic structure

拉合尔钝缘蜱 (*Ornithodoros lahorensis*) 隶属寄螨目 (Parasitiformes)、软蜱科 (Argasidae)、钝缘蜱属 (*Ornithodoros*)^[1], 以体缘扁平、背腹面之间无缝线分隔、背面具有典型的乳头状或星状突起为特征^[2]。拉合尔钝缘蜱主要分布于中亚五国以及俄罗斯、阿富汗、巴基斯坦、格鲁吉亚和伊朗等国家^[3-4], 在我国主要分布于新疆、甘肃一带^[5-7]。该蜱叮咬家畜可直接导致毛发破损以及皮炎, 引起贫血、蜱瘫等症状^[8]。该蜱还能够传播斑点热群立克次氏体 (*Candidatus Anaplasma boleense*)、绵羊无浆体 (*Anaplasma ovis*)、绵羊泰勒虫 (*Theileria ovis*)、克里米亚-刚果出血热病毒 (Crimean-Congo haemorrhagic fever virus, CCHFV)、西伯利亚立克次体 (*Rickettsia sibirica*) 等多种病原, 也是非洲猪瘟 (ASF) 的潜在生物媒介^[9-13]。

近年来通过 DNA 分子标记进行蜱类种群遗传多样性研究越来越成熟, 以线粒体基因最为常用。线粒体 DNA (mtDNA) 具有遵循母系遗传、进化速率快等特点, 成为种群遗传学研究的有力标记之一^[14]。在蜱类遗传学研究上常应用的线粒体基因片段有 COI、COII、16S rRNA、ITS2 等^[15-16], 其中 16S rRNA 基因应用最为广泛, 曾用于亚洲璃眼蜱 (*Hyalomma asiaticum*)、长角血蜱 (*Haemaphysalis longicornis*)、边缘革蜱 (*Dermacentor marginatus*)、银盾革蜱 (*Dermacentor niveus*) 等多种蜱类遗传多样性分析^[15, 17-19]。

目前有关蜱类遗传多样性研究多集中于硬蜱, 对软蜱的相关研究较少, 在拉合尔钝缘蜱仍处于空白。新疆塔里木盆地地区是我国拉合尔钝缘蜱流行和分布的主要区域, 在非洲猪瘟等重大疫病广泛流行传播背景下, 对塔里木盆地地区开展拉合尔钝缘蜱遗传多样性研究, 有助于了解拉合尔钝缘蜱的环境适应能力及传播能力, 为拉合尔钝缘蜱及蜱传病的综合防控奠定理论基础。本研究以拉合尔钝缘蜱线粒体 16S rRNA 基因片段为标记, 以塔里木盆地地区 4 个拉合尔钝缘蜱种群为对象, 综合分析其遗传多样性与遗传结构, 为在分子水平阐明拉合尔钝缘蜱的遗传多样性现状与群体遗传结构, 以及揭示其生存与传播扩散规律提供依据。

材料与方 法

1 材料

1.1 样品 2019-2021 年期间共收集 47 条拉合尔钝

缘蜱线粒体 16S rRNA 基因序列, 其中 25 条从塔里木盆地地区采集样品中测序获得, 其余 22 条从 GenBank 中检索获得。采集的样品经鉴定确定为拉合尔钝缘蜱, 保存备用。样品信息见表 1。

表 1 样品来源
Table 1 Sample sources

地区 Region	样品数 Number of samples	登录号 GenBank ID
阿克苏 AKS	20	OL444952-OL444957、MN564903-MN564906、MG651958、MG651955、MG651950、ON159496- ON159502
喀什 KS	7	MG651951-MG651953、MG651957、MN564907- MN564909
吐鲁番 TLT	11	MG651954、ON159478- ON159487
巴州 BZ	9	MG651956、ON159488- ON159495

1.2 主要试剂 血液、组织 DNA 提取试剂盒和胶回收试剂盒购自天根生化科技 (北京) 有限公司; pEASY-T5 载体和 Trans1-T1 感受态细胞均购自北京全式金生物技术股份有限公司; MIX 和 DNA marker 购自宝生物工程 (大连) 有限公司。

2 方法

2.1 DNA 提取 鉴定后的拉合尔钝缘蜱经无水乙醇清洗、液氮研磨后加入 200 μ L PBS 缓冲液, 混匀, 使用组织 DNA 提取试剂盒按照说明提取 DNA, -20 $^{\circ}$ C 保存备用。

2.2 PCR 扩增 参照陈泽^[20]设计的引物扩增 16S rRNA 基因。引物 F: 5'-CTGCTCAATGATTTTTT-AAATTGCTGTGG-3'; R: 5'-CCGGTCTGAACTC-AGATCAAG T-3'。

PCR 反应体系 (50 μ L): 模板 DNA 1 μ L, 上、下游引物各 1 μ L, MIX 25 μ L, 双蒸水补足至 50 μ L。PCR 扩增条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 92 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 54 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 40 s, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳分析后进行胶回收纯化, 纯化产物 -20 $^{\circ}$ C 保存。

2.3 连接转化与测序 纯化产物使用 pEASY-T5 载体进行连接, 连接产物转化 Trans1-T1 感受态细胞, 过夜培养后挑单菌落进行扩增, 扩增后进行菌液 PCR 鉴定, 鉴定正确的重组菌液委托生工生物工程 (上海) 股份有限公司测序。

2.4 数据统计及分析 运用 Clustal X 1.81 软件将测序结果进行序列比对; 运用 MEGA v11.0 软件计算序列的碱基含量、变异位点、各种群间的遗传距离。以

长角血蜱 (GenBank 登录号: KM821499.1) 为外群, 使用邻接法 (neighbor-joining, NJ) 构建 4 个地理种群单倍型进化树; 运用 DnaSP v5.0 软件统计单倍型数目 (number of haplotype, H), 并计算单倍型多样性 (haplotype diversity, Hd) 和核苷酸多样性 (nucleotide diversity, Pi); 使用 Popart v1.7 构建单倍型网络图; 运用 Arlequin v3.5 计算遗传分化指数 (F -statistics, Fst) 和分子变异方差分析 AMOVA, 以 1 000 次置换分析显著性, 同时进行中性检验得到 Fus Fs 、Tajima's D 值。

结 果

1 拉合尔钝缘蜱单倍型及遗传多样性

4 个拉合尔钝缘蜱群体共 47 条 16S rRNA 基因序列经对比处理后得到长度为 479 bp 的一致序列。从 47 条 16S rRNA 基因序列中共界定了 31 种单倍型, 其中共享单倍型 1 种 (Hap1), 独享单倍型 30 种

(Hap2-Hap31)。多样性分析显示, 序列总体单倍型多样性 (Hd) 为 0.901, 核苷酸多样性 (Pi) 为 0.01627, 其中阿克苏地区的单倍型多样性 (Hd) 最低, 为 0.805; 喀什地区最高, 为 1.0。核苷酸多样性 (Pi) 阿克苏地区最低, 为 0.00725; 喀什地区最高, 为 0.03280 (表 2)。表明 4 个群体单倍型多样性和核苷酸多样性均较高, 属于高遗传多样性群体。Tajima's D 检测显示, 4 个种群中性检验结果均为负值, 表明 4 个拉合尔钝缘蜱群体处于稳定扩增状态 (表 3)。

表 2 拉合尔钝缘蜱单倍型分布
Table 2 Haplotype distribution

群体 Population	共享单倍型 Phare haplotype	独享单倍型 Exclusive haplotype
阿克苏 AKS	Hap1	Hap2- Hap11
喀什 KS	-	Hap17- Hap23
吐鲁番 TLF	Hap1	Hap24- Hap31
巴州 BZ	Hap1	Hap12- Hap16

表 3 拉合尔钝缘蜱遗传多样性参数
Table 3 Genetic diversity parameters of *O. lahorensis*

群体 Population	样本数 Nos. isolates	单倍型数 Haplotype number	单倍型多样性 (Hd) Haplotype diversity	核苷酸多样性 (Pi) Nucleotide Diversity	中性检验	
					Tajima D	Fus Fs
阿克苏 AKS	20	11	0.805	0.00725	-1.88612 ^a	-3.227 ^a
喀什 KS	7	7	1	0.03280	-0.827771	-0.849
吐鲁番 TLF	11	9	0.964	0.02617	-1.16879	-0.389
巴州 AZ	9	7	0.917	0.00978	-1.95296 ^b	-1.394 ^a
合计 Total	47	31	0.901	0.01627	-2.49402 ^b	-15.01 ^a

注 (Notes): ^a $P < 0.05$; ^b $P < 0.01$ 。

2 种群遗传结构

2.1 NJ 进化分析与单倍型网络分析 NJ 进化分析显示: 新疆环塔里木盆地地区拉合尔钝缘蜱 4 个群体间未形成独立的谱系, 种群间进化关系成交叉式嵌套, 地理分化不明显 (图 1)。

单倍型网络图表明, 4 个拉合尔钝缘蜱群体之间单倍型相互交织, 未形成明显的谱系结构。4 个群体中仅有 1 个共享单倍型 Hap1, 且单倍型 Hap1 周边有较多拓展单倍型, 说明 Hap1 是拉合尔钝缘蜱在进化过程中形成的稳定单倍型 (图 2)。

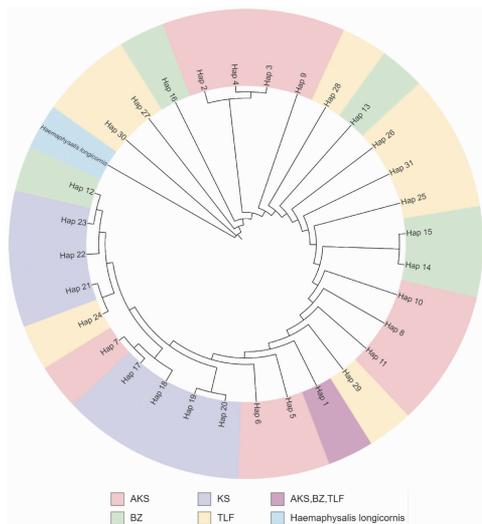


图 1 基于拉合尔钝缘蜱 16S rRNA 基因序列构建的单倍型 NJ 进化树
Fig. 1 Construction of haplotype neighbor-joining tree based on the 16S rRNA gene sequence of *O. lahorensis*

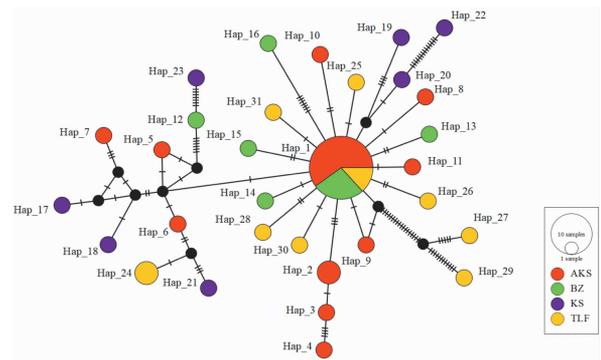


图 2 拉合尔钝缘蜱构建单倍型网络图
Fig. 2 Median-joining network for haplotypes of *O. lahorensis*

2.2 遗传分化与 AMOVA 分析 环塔里木盆地地区 4 个拉合尔钝缘蜱群体遗传分化指数 (Fst) 在 0.07795 ~ 0.18113 之间, 其中巴州与阿克苏两地区之间遗传分化最弱, 为 0.02760; 喀什地区与阿克苏两地区间遗传

传分化最强,为 0.22462。参照 Balloux 等^[21]对群体分化指数划分 4 个等级:未产生分化($F_{st} < 0.05$)、弱分化($0.05 > F_{st} > 0.15$)、中度分化($0.15 \leq F_{st} \leq 0.25$)和高度分化($F_{st} > 0.25$)。4 个群体中,巴州与阿克苏、吐鲁番两地区间比较未产生分化,喀什地区与阿克苏地区之间产生中度分化。4 个群体间的遗传距离在 0.00419~0.02388 之间,其中巴州与阿克苏两地区之间遗传距离最近,为 0.00209;喀什地区和巴州地区之间最远,为 0.02388。总体上各群体间遗传距离较小(表 4)。

表 4 拉合尔钝缘蜱群体间遗传距离和遗传分化系数 (F_{st})
Table 4 Genetic distance and genetic differentiation coefficients (F_{st}) between *O. lahorensis* populations

群体 Population	吐鲁番 TLF	阿克苏 AKS	喀什 KS	巴州 BZ
吐鲁番 TLF	-	0.00846	0.02156	0.00419
阿克苏 AKS	0.09530	-	0.01281	0.00209
喀什 KS	0.07890	0.22462	-	0.02388
巴州 BZ	0.02878	0.02760	0.10362	-

注:对角线以下为群体间 F_{st} , 对角线以上为群体间遗传距离
Notes: Below the diagonal is the inter-group F_{st} , and above the diagonal is the inter-group genetic distance.

AMOVA 分析显示,4 个群体间及群体内分子变异率分别为 9.42% 和 90.58%, 种群内的变异率大于种群之间,即变异主要发生在群体内。群体总的遗传分化系数 F_{st} 值为 0.09423, 分子变异方差显示种内变异大于种间变异(表 5)。

表 5 拉合尔钝缘蜱群体间 AMOVA 分析
Table 5 Analysis of AMOVA between populations of *O. lahorensis*

变异来源 Source of variation	自由度 <i>df</i>	平方和 Sum of square	变异组成 Variance of component	变异率 Percent of variation(%)
群体间	3	22.403	0.36142	9.42
群体内	43	149.384	3.47405	90.58
总计 Total	46	171.787	3.83548	-

讨 论

塔里木盆地位于新疆南部,是我国面积最大的内陆盆地,地处天山、昆仑山和阿尔金山之间,面积约 40 km²,环抱塔克拉玛干沙漠。盆地属于暖带大陆性干旱气候,年均气温 9~11 °C,无霜期超过 200 d,适宜软蜱生活^[22]。Zhao 等^[11]对拉合尔钝缘蜱的调查发现,拉合尔钝缘蜱在新疆主要分布于环塔里木盆地周边地区,并且为该地的优势种软蜱。目前新疆地区所发现的拉合尔钝缘蜱分布位点多呈零星状分布,对其种群整体分布情况以及生存现状缺乏了解。本研究基于新疆环塔里木盆地地区拉合尔钝缘蜱线粒体 16S rRNA 基因,分析环塔里木盆地周边 4 个地区拉合尔钝缘蜱群体遗传多样性及遗传结构,为进一步探究拉合尔钝

缘蜱种群传播规律及生存现状奠定基础。

在群体进化过程中,遗传多样性是物种适应环境变化的基础,也是评价种群资源状况的重要依据,而在群体遗传多样性研究中,单倍型多样性和核苷酸多样性是评价群体遗传多样性的两项重要指标^[23]。本研究显示,环塔里木盆地地区 4 个拉合尔钝缘蜱群体 Hd 指数为 0.901、 Pi 指数为 0.01627,参照 Grant 等^[24]对遗传多样性的定义,4 个群体属于高核苷酸多样性和高单倍型多样性群体,整体遗传多样性高,这与朱玉涛等^[19]对新疆地区银盾革蜱多样性研究结果相似。根据多样性分析结果推测,拉合尔钝缘蜱 4 个群体经历了长时间的发展与演化,整个种群庞大且稳定^[25]。

群体遗传分化参数 (F_{st}) 和群体遗传距离是衡量群体间分化程度的两个重要指标,其中群体遗传分化参数 (F_{st}) 的范围通常在 -1 到 1 之间,数值越趋近于零,群体间分化越小^[26]。本研究中 4 个拉合尔钝缘蜱群体之间遗传分化参数在 0.02760-0.22462 之间,其中除喀什地区外其余地区群体间都属于弱分化或未产生分化 ($F_{st} < 0.15$),而喀什地区与阿克苏地区间产生了中度分化 ($0.15 < F_{st} < 0.25$),可能是喀什地区样本量不足造成的差异(表 4)。群体间遗传距离也是衡量分化程度的重要指标,Wright 等^[27]提出属、种和种群三级水平上的遗传距离分别为 0.9、0.3、0.05。本研究中巴州与阿克苏两地区拉合尔钝缘蜱之间的遗传距离为 0.00209,巴州与喀什地区之间为 0.02388。各群体间的遗传距离均小于 0.05,并未因地理隔离而产生较大分化形成亚种。冯雪娇^[15]也曾发现,多个省份之间的长角血蜱并未因为较大的地理距离而产生地理隔离,群体间并未形成较大分化。

NJ 进化树与单倍型网络图均显示,拉合尔钝缘蜱 4 个群体间未形成明显的地理结构。AMOVA 分析发现,遗传变异主要来源于群体内部,占 90.58%;而群体间遗传变异很小,仅占 9.42%。表明拉合尔钝缘蜱群体间差异明显小于群体内部差异,群体间未形成较大遗传分化。

环塔里木盆地地区拉合尔钝缘蜱 4 个群体间产生的分化程度较小,在群体间地理距离较大的情况下并未形成独立的谱系结构,各群体间有一定的基因交流。根据蜱的生态习性可知,蜱类自身可移动能力有限,很难进行远距离传播,长途传播多依赖宿主。Mafra 等^[28]在研究寄生于小型啮齿类动物的日本卵形硬蜱 (*Ixodes ovatus*) 遗传多样性时发现,在地理距离较近的情况下群体间的遗传分化程度依旧很大,表明各群体间基因交流极少。冯雪娇^[15]研究了我国多个省份长角血蜱遗传多样性,发现在地理距离较大情况下不

同群体间分化程度依旧很小。本研究结果与之相符合。造成这种情况的原因可能是,日本卵形硬蜱寄生宿主为小型啮齿动物,自身和宿主都缺乏远距离传播能力,而长角血蜱寄生宿主多为牛、马、羊等大型动物^[15],宿主有长途传播的能力。由此推测,环塔里木盆地地区4个拉合尔钝缘蜱群体间分化较小原因可能是因为该蜱寄生宿主多为绵羊、牛、马鹿等中大型动物^[11,29],宿主在迁徙或者跨地区交易时可携带该蜱进行远距离传播,从而导致该蜱有远距离传播的能力。

综上所述,新疆环塔里木盆地地区4个拉合尔钝缘蜱群体整体遗传多样性水平较高,适应能力强,能够适应多种不同环境。各群体间分化程度较低,群体间无明显的谱系结构,并且整个种群经历了长时间的发展演化,形成了大而稳定的群体。

【参考文献】

- [1] 温廷桓,陈泽. 世界蜱类名录 1. 软蜱科与纳蜱科(螨亚纲:蜱目)[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志,2016,34(1):58-69,74.
- [2] Molyneux DH. Modern Parasitology: A Textbook of Parasitology, Chapter 3. Vectors[M]. Blackwell Scientific, 1993: 53-74.
- [3] Sonenshine. Biology of ticks[M]. New York: Oxford University Press, 2014: 64-126.
- [4] Guglielme AA, Robbins RG, Apanaskevich DA, et al. The argasidae, ixodidae and nuttalliellidae (Acari: Ixodida) of the world: a list of valid species names [J]. Zootaxa, 2010, 2528 (2528): 1-28.
- [5] 孙明. 甘肃省民勤县首次发现波斯锐缘蜱与拉合尔钝缘蜱[J]. 中国动物疫, 2016, 33(7): 1-3.
- [6] 于心, 叶瑞玉. 新疆蜱类与疾病关系的研究[J]. 地方病通报, 1996, 11(4): 46-47.
- [7] 努尔·库尔玛那里, 金映红, 刘志强, 等. 新疆鄯善绵羊软蜱感染的调查和鉴定[J]. 草食家畜, 2015(05): 51-53
- [8] Heath ACG. Ectoparasites of livestock in New Zealand[J]. New Zeal J Zool, 1994, 21(21): 23-28.
- [9] 吴绍强, 邓俊花, 吕继洲, 等. 钝缘蜱传播非洲猪瘟病毒的研究进展及防控建议[J]. 中国预防兽医学报, 2020, 42(4): 418-421.
- [10] Li Z, Jinling W, Yulin D, et al. *Theileria ovis* (Piroplasmida: Theileriidae) detected in *Melophagus ovinus* (Diptera: Hippoboscoidea) and *Ornithodoros lahorensis* (Ixodida: Argasidae) removed from sheep in Xinjiang, China [J]. J Med Entomol, 2020, 57(2): 631-635.
- [11] Zhao L, Lin XM, Li F, et al. A survey of argasid ticks and tick-associated pathogens in the Peripheral Oases around Tarim Basin and the first record of *Argas japonicus* in Xinjiang, China [J]. PloS One, 2018, 13(12): e0208615.
- [12] Sureau P, Klein JM, Casals J, et al. Isolation of Thogoto, Wad Medani, Wanowrie and 56 Crimean-Congo hemorrhagic fever viruses from ticks of domestic animals in Iran [J]. Annales De Virologie E, 1980, 131(2): 185-200.
- [13] Estrada-Pe AA, Jongejan F. Ticks feeding on humans: A review of records on human-biting ixodoidea with special reference to pathogen transmission [J]. Exp Appl Acarol, 1999, 23(9): 685-715.
- [14] Liu G H, Chen F, Chen Y Z, et al. Complete mitochondrial genome sequence data provides genetic evidence that the brown dog tick *Rhipicephalus sanguineus* (Acari: Ixodidae) represents a species complex [J]. Int J Biol Sci, 2013, 9(4): 361-369.
- [15] 冯雪皎. 我国长角血蜱4个地理种群的遗传多样性分析[D]. 石家庄: 河北师范大学, 2016.
- [16] 张瑞玲, 赵爱华, 陈丹, 等. 基于线粒体基因 COI 的长角血蜱遗传多样性分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2016, 11(3): 246-249.
- [17] 张璩, 李永祥, 张科, 等. 新疆石河子-沙湾地区博尔通古牧场硬蜱形态学和 16S rDNA 序列分析研究 [J]. 石河子大学学报(自然科学版), 2014, 32(3): 296-301.
- [18] 王云冲, 黄天鹏, 格日勒图. 内蒙古额济纳旗亚洲璃眼蜱的鉴定及其基因多态性分析 [J]. 中国兽医学报, 2020, 40(12): 2337-2341, 2373.
- [19] 朱玉涛, 巴图孟开, 宋瑞其, 等. 新疆3个地区银盾革蜱种群的遗传多样性分析 [J]. 中国预防兽医学报, 2018, 40(3): 260-263.
- [20] 陈泽. 中国蜱类的系统分类及两种硬蜱的生物学特性分析 [D]. 石家庄: 河北师范大学, 2010.
- [21] Balloux F, Nicolas L. The estimation of population differentiation with microsatellite markers [J]. Mol Ecol, 2002, 11(2): 155-165.
- [22] 中国大百科全书总委员会《中国地理》委员会, 中国大百科全书出版社. 中国大百科全书. 中国地理 [M]. 北京: 中国大百科全书出版社, 1993.
- [23] Linda L, Stefan P, Nils R, 等. 鱼类的遗传种群结构与海岸带管理的关系 [J]. 人类环境杂志, 2005, 34(2): 108-115.
- [24] Grant W, Bowen B. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. J Hered, 1998, 89: 415-426.
- [25] Grant WS, Clark AM, Bowen BW. Why restriction fragment length polymorphism analysis of mitochondrial DNA failed to resolve sardine (*Sardinops*) biogeography: insights from mitochondrial DNA cytochrome b sequences [J]. Can J Fish Aquat Sci, 1998, 55(12): 2539-2547.
- [26] Allendorf FW. Isolation, gene flow, and genetic differentiation among populations [J]. Genet Conserv, 1983: 51-65.
- [27] Wright S. Evolution in Mendelian populations. 1931 [J]. Bull Math Biol, 1990, 52(1-2): 241-295.
- [28] Regilme MAF, Sato M, Tamura T, et al. Comparative population genetic structure of two ixodid tick species (Acari: Ixodidae) (*Ixodes ovatus* and *Haemaphysalis flava*) in Niigata prefecture, Japan [J]. Infect Genet Evol, 2021(94): 104999.
- [29] 王奇林, 蒋玉曦, 徐建平, 等. 塔里木马鹿体表寄生的软蜱种类及其携带病原的 PCR 鉴定 [J]. 中国兽医学报, 2022, 52(3): 339-343.

【收稿日期】 2022-06-20 【修回日期】 2022-08-27