

口腔碘泡虫宿主新纪录及种群分化研究^{*}

杨生华, 赵元蓉, 陈 国, 杨承忠

(重庆师范大学 生命科学学院 动物生物学重庆市重点实验室, 重庆 401331)

摘要:【目的】研究口腔碘泡虫(*Myxobolus oralis*)宿主新纪录及种群分化。【方法】基于形态特征、18S rDNA 序列相似度、遗传距离、变异位点、系统发育以及 18S rRNA 序列 V4 区二级结构的预测,对口腔碘泡虫江西种群和湖北种群进行了比较分析。【结果】口腔碘泡虫江西种群与湖北种群形态学特征基本一致;两种群 18S rDNA 序列相似度为 99%,变异位点数为 6 个,遗传距离为 0.003,18S rRNA 序列 V4 区二级结构无差异;口腔碘泡虫湖北种群先于江西种群分化出来。【结论】口腔碘泡虫与宿主可能并未经历协同进化的自然历史过程;口腔碘泡虫可能先寄生于异育银鲫(*Carassius auratus gibelio*),然后少数个体偶然发生宿主转移事件而进入鲫(*Carassius auratus auratus*)体内并在长期的进化中逐渐适应这种新的寄生关系,最终形成新的种群或亚种。

关键词:口腔碘泡虫;宿主新纪录;种群分化;18S rDNA

中图分类号:Q958.9

文献标志码:A

文章编号:1672-6693(2018)03-0038-07

粘孢子虫(Myxosporea)是一类主要寄生于鱼类的寄生虫^[1-4],也有少数寄生于环节动物、两栖动物、爬行动物、哺乳动物等^[2,5-6]。在中国,鲤(*Cyprinus carpio*)、鲫(*Carassius auratus auratus*)和银鲫(*Carassius gibelio*)具有悠久的养殖历史,是重要的经济鱼类;而异育银鲫(*Carassius auratus gibelio*)是在 1976—1981 年间培育成功的一种养殖新对象。由于异育银鲫生长速度明显快于银鲫和鲫,且具较好的经济价值,所以近些年来在国内得到大力推广^[7]。但在养殖过程中,异育银鲫的粘孢子虫病不断发生,严重危害了鱼类的生长,造成了很大的经济损失。其中洪湖碘泡虫(*Myxobolus honghuensis*)、武汉单极虫(*Thelohanellus wuhanensis*)等都是异育银鲫养殖中常见的病原粘孢子虫^[8-10]。据不完全统计,寄生于异育银鲫的粘孢子虫约有 40 余种,其中多数为碘泡虫类^[11-12]。

碘泡虫属(*Myxobolus*)是粘孢子中种类最为丰富、分布最为广泛的类群,目前已报道的物种已超过 900 种^[13-14]。由于多数碘泡虫的形态极为相似、个体微小,因此在实际工作中鉴别难度大,容易出现误差。大量的研究表明,形态学与分子生物学研究手段的结合,大大提高了粘孢子虫分类鉴定的准确性和工作效率。近些年来,也有学者从粘孢子虫与宿主的进化关系的角度来研究粘孢子虫的分类学问题^[15],这给粘孢子虫的系统分类提供了一条新的思路。为此,本研究在对所获的分属江西种群和湖北种群的口腔碘泡虫(*Myxobolus oralis*)^[16]进行形态和分子比较的基础上,进一步对该物种种群分化及其与宿主的系统关系进行了探讨,希望能更深入地理解该物种的进化规律。

1 材料与方法

1.1 标本的采集与物种的鉴定

宿主鱼鲫于 2014 年 8 月采自江西省星子县。12 条鱼体中有 2 条感染(感染率为 16.7%),口腔碘泡虫孢囊发现于宿主口腔上颌。口腔碘泡虫标本的获得及处理参照文献^[17]。

1.2 DNA 提取与 PCR 扩增

1.2.1 DNA 提取 将获得的口腔碘泡虫孢囊立即镜检,再用溶质体积分数为 95%的乙醇溶液保存于离心管中

^{*} 收稿日期:2017-07-24 修回日期:2018-04-11 网络出版时间:2018-05-22 10:02

资助项目:国家自然科学基金面上项目(No. 31471980;No. 31672280);国家自然科学基金青年项目(No. 31501845);重庆市基础科学与前沿技术研究项目(No. cstc2017jcyjAX0165)

第一作者简介:杨生华,女,研究方向为鱼类寄生虫学,E-mail: yangshenghua1228@126.com;通信作者:杨承忠,男,副教授,博士,E-mail: drczyang@126.com

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/50.1165.N.20180522.1002.042.html>

带回实验室,首先从装有实验材料的离心管底部吸取 10 μL 获得的粘孢子虫,经超纯水清洗 2~3 次以除去杂质,再进行基因组 DNA 的提取。DNA 抽提采用 Dneasy Tissue Kit (QIAGEN, Germany) 试剂盒,操作方法按照厂家提供的说明书步骤进行。提取完成的基因组 DNA 置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存备用。

1.2.2 PCR 扩增 用于扩增 18S rDNA 基因的引物分别为 ERIB1 (5'-ACCTGGTTGATCCTGCCAG-3') 和 ERIB10 (5'-CTTCCGCAGGTTTCACCTACGG-3')^[18]。PCR 反应体系如下:10 $\times$ Ex Taqbuffer (Mg^{2+} free) 2.5 μL , 25 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ 的 MgCl_2 2.5 μL , 25 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ 的 dNTP 2.5 μL , 10 $\mu\text{mol} \cdot\text{L}^{-1}$ 的上述两种引物各 0.5 μL , 1.2 ng 的模板 DNA, 5 U $\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 的 Ex Taq 酶 0.2 μL , 最后用灭菌超纯水补足至终体积 25 μL 。PCR 反应条件为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 50 s, 56 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 2 min, 35 个循环;最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。取 3 μL PCR 产物在琼脂糖凝胶电泳中检测,然后将有目的条带的 PCR 产物用胶回收试剂盒 Gel Extraction Kit (OMEGA, America) 纯化回收并送上海英骏生物技术有限公司测序 (ABI, 3730XL 测序仪)。

1.3 序列分析和系统发育

1.3.1 序列的选取 根据 Okamura 等人^[19]的分类系统,在碘泡科 (Myxobolidae) 所有属即碘泡虫属、旋缝虫属 (*Spirosuturi*)、单尾虫属 (*Unicauda*)、双尾虫属 (*Dicauda*)、焰孢虫属 (*Phlogospora*)、侧尾虫属 (*Laterocaudate*)、尾孢虫属 (*Henneguya*)、似尾孢虫属 (*Hennegoides*)、四尾虫属 (*Tetraurionema*)、单极虫属 (*Thelohannel-lus*)、新单极虫属 (*Neothelohannel-lus*)、新尾孢子虫属 (*Neohenneguya*)、三角孢子虫属 (*Trigonosporus*) 中选取代表物种的 18S rDNA 序列。同时,将本研究中口腔碘泡虫江西种群 18S rDNA 序列在 GenBank 中进行 BLAST 分析。根据 BLAST 结果,选取高同源性序列。共选取 18S rDNA 序列 35 条,另以 *Tetracapsuloides bryosalmonae* (GenBank 登录号:KF731712) 和 *Buddenbrockia plumatellae* (GenBank 登录号:AY074915) 作为外群构建系统发育树。

1.3.2 18S rDNA 序列分析 序列相似度的计算用 GenBank 的 BLAST 工具。遗传距离用 MEGA 6.0^[20] 计算获得。变异位点利用 Bioedit 和 DNAsp 5.0 软件完成。

1.3.3 系统树的构建 利用在线软件 The CIPRES Science Gateway V. 3.3 (<http://www.phylo.org/>) 构建 Maximum-likelihood (ML) 树,选用模式为 RAxML-HPC2 XSEDE (7.6.3), Bayes (BI) 树在 MrBayes 3.1.2 软件^[21] 中构建,位点变异设置为 invgamma 分布,序列最佳进化模型为 GTR+I+G,运行 1 000 000 代。最后用 FigTree v1.4.2 和 Photoshop CS3 完成系统树的绘制。

1.4 18S rRNA 序列 V4 区二级结构预测

18S rRNA 序列 V4 区二级结构预测以 *Sphaerospora truttae* (GenBank 登录号:AM410773)^[22] 为参考模型。RNA 二级结构的预测是基于最小或次小自由能原理,并利用 RNA structure 5.2 软件进行构建^[23-24],所有的参数设置均为默认值。通过 Rnaviz 2.0 进一步手动调整^[25]。

2 结果

2.1 口腔碘泡虫江西种群的形态学描述

所获口腔碘泡虫孢囊为白色、卵圆形,大小为 1 mm 左右。成熟孢子壳面观呈椭圆形或倒卵形,缝面观呈柠檬形,孢子前端比后端更钝圆;两个极囊等大、梨形、两极囊中轴线约呈 60 $^{\circ}$ 夹角排列于孢子前端,极丝缠绕 7~8 圈,且孢子含有“V”形褶皱 5~6 个。孢子量度 ($n=25$) 为:孢子长 (12.2 ± 0.5) μm , 范围为 11.4~13.5 μm ; 孢子宽 (9.2 ± 0.5) μm , 范围为 8.4~9.9 μm ; 唯一拍到的一个疑似缝面观的孢子厚为 9.1 μm ; 极囊长 (5.0 ± 0.2) μm , 范围为 4.4~5.6 μm ; 极囊宽 (3.1 ± 0.2) μm , 范围为 2.6~3.4 μm (图 1)。

2.2 口腔碘泡虫 18S rDNA 分子特征

测得口腔碘泡虫 18S rDNA 序列长度为 1 960 bp, 已将该序列提交至 GenBank, 登录号为 MF375468。该序列在 NCBI 的在线 BLAST 工具进行比对, 结果显示: 在可比范围内, 本研究得到的口腔碘泡虫江西种群与湖北种群 (GenBank 登录号: KC315782)^[17] 相似度高达 99%。两个种群的 18S rDNA 序列共同区段只有 6 个变异位点 (图 2)。且口腔碘泡虫江西种群与多涅茨尾孢虫 (*H. doneci*) (GenBank 登录号: LC011456) 相似度为 97%, 与倪李碘泡虫 (*M. nielii*) (GenBank 登录号: JQ690358) 的相似度为 96%, 与住心碘泡虫 (*M. hearti*) (GenBank 登录号: GU574808) 的相似度为 95% (表 1)。

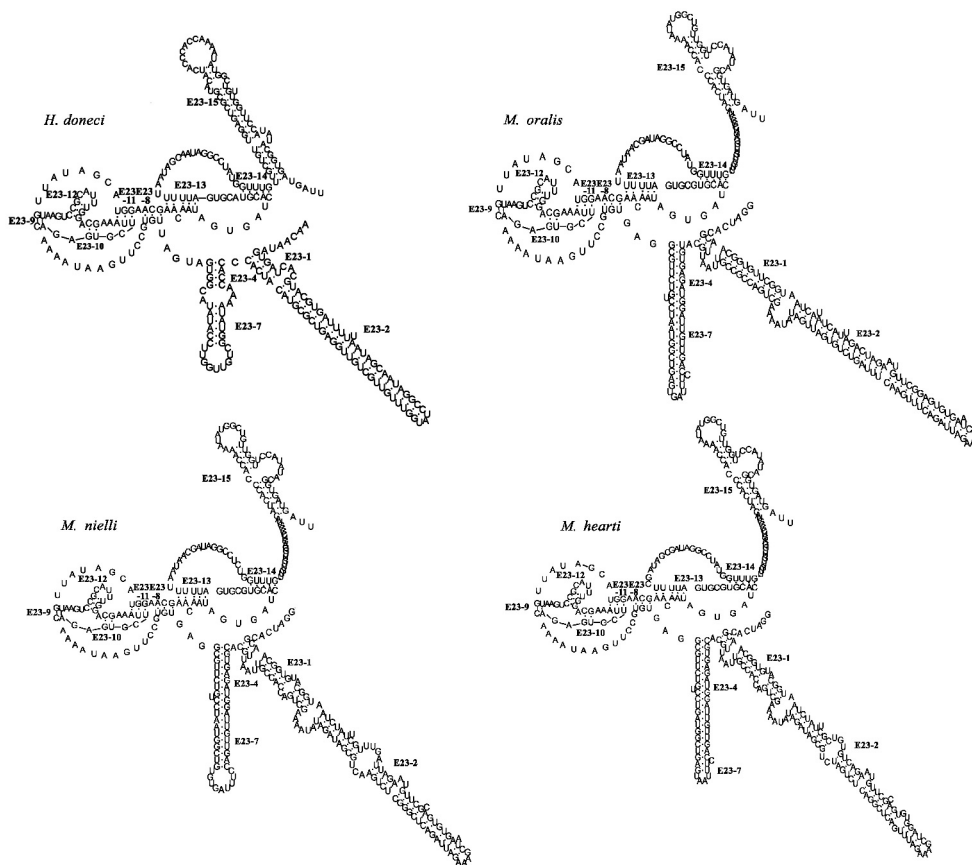


图 4 18S rRNA 的 V4 区二级结构预测

Fig. 4 Prediction of secondary structure of V4 region of 18S rRNA

2.3 系统发育

基于 18S rDNA 构建的 ML 和 BI 树呈现出一致的拓扑结构。碘泡科中,除单极虫属所有物种聚在一支外,其他属物种并未形成独立支系,显示了尾孢虫属、碘泡虫属、单尾虫属的非单系性。口腔碘泡虫的两个种群聚为一支(支持率为 100/1.00),该支与多涅茨尾孢虫的一个种群(GenBank 登录号:LC011456)形成姐妹群关系,后与倪李碘泡虫和住心碘泡虫聚支。在它们这一大支系即 a 支系(图 5)中,倪李碘泡虫最先分化出来,而住心碘泡虫次之。

3 讨论

口腔碘泡虫首次在异育银鲫中检获并描述^[16]。本研究将口腔碘泡虫江西种群成熟孢子与原报道种群即湖北种群进行了形态比较后发现,两者形态学特征基本一致,江西种群孢子的极囊大小比原始种群的略大(表 2)。

赵元君等人^[26]对碘泡虫的两个近缘种进行分类鉴定,认为特定长度的 18S rDNA 序列之间的变异位点数低于 10 可能为种内变异。本研究所获得的口腔碘泡虫江西种群与湖北种群 18S rDNA 序列在 1 614 bp 长度内仅有 6 个变异位点,这表明两种群可能为同种。口腔碘泡虫江西种群与湖北种群两者的遗传距离为 0.003,而不同物种之间的遗传距离均不小于 0.028(表 1)。这符合此前的研究结果,即种内水平遗传距离的主要分布范围为 0~0.007^[27]。同时,口腔碘泡虫江西种群与湖北种群之间序列相似度为 99%,而不同物种之间的相似度不大于 98%(表 1),如此高的相似度应为种内水平。另外,以往的研究表明,微小动物的 18S rRNA 二级结构的 V4 区具有相当的变异性,对于物种阶元的分类和演化分析具有重要的参考价值^[22,28-29]。本研究结果显示:口腔碘泡虫江西种群和湖北种群 18S rRNA 序列 V4 区二级结构体现出了种内水平构型一致的特征,而不同物种构型在细微结构(如 E23-1, E23-2, E23-4, E23-7 和 E23-15)上则有差异。综上所述,尽管口腔碘泡虫的两个种群在孢子和极囊的形态学量度上具有一定的差异,但从分子水平上来看,这两种群应为同种,两者的形态学差异则可能与寄主种类及地理分布有关。

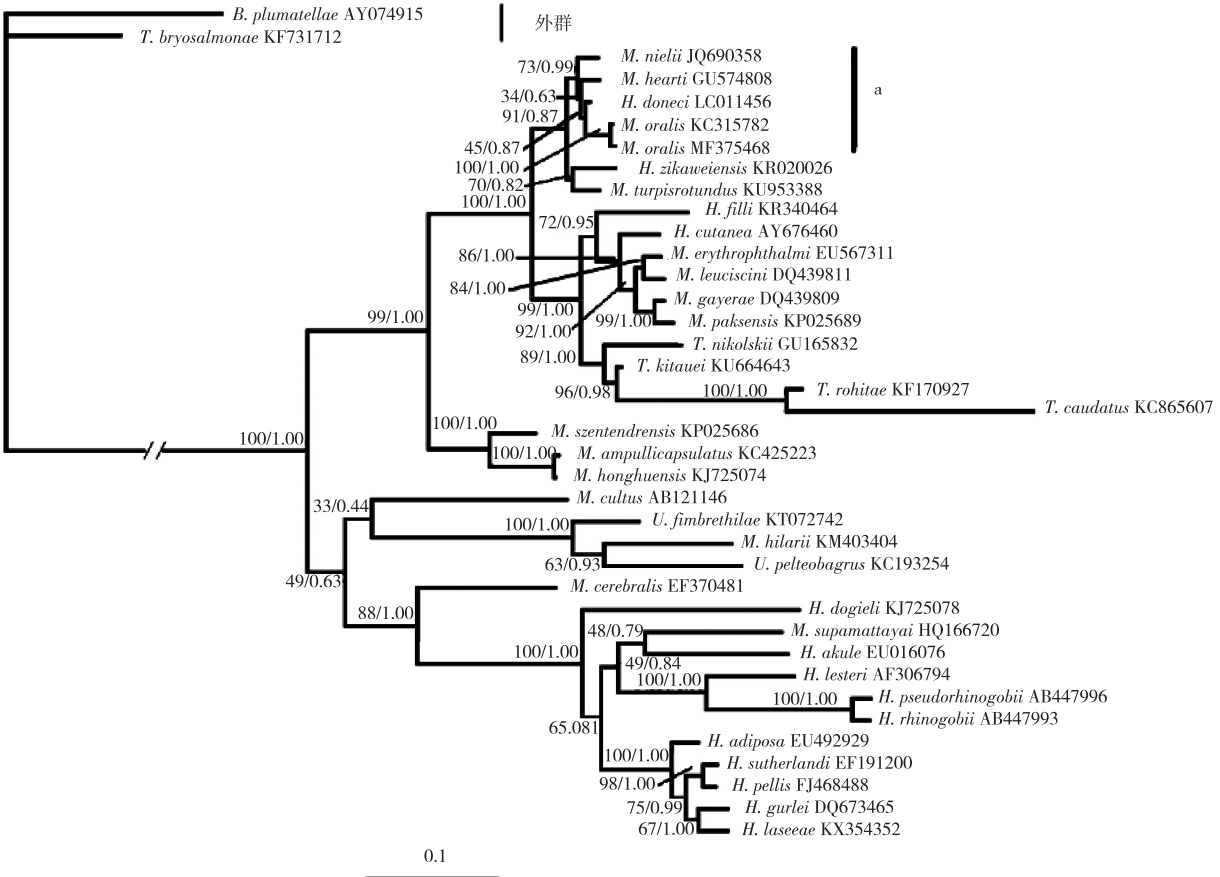


图 5 基于 18S rDNA 序列构建的 ML 和 BI 系统进化树

Fig. 5 Phylogenetic tree generated by ML and BI based on the 18S rDNA gene sequences

异育银鲫是以兴国红鲤(*Cyprinus carpio* var. *singuenensis*)为父本、方正银鲫(*Carassius auratus gibelio* Bloch)为母本,并经人工授精所产生的子代。而对于鲫与银鲫之间的遗传进化关系,大部分学者认为银鲫起源于鲫^[30],因此异育银鲫应属于比银鲫起源分化还晚的类群。口腔碘泡虫江西种群的宿主为鲫,而湖北种群的宿主为异育银鲫。从变异位点和系统发育分析来看:与口腔碘泡虫江西种群相比,湖北种群与先分化出来的近缘种倪李碘泡虫、住心碘泡虫和多涅茨尾孢虫具有更相近的位点变异规律;口腔碘泡虫湖北种群先于江西种群分化。然而,这与相应宿主的进化相悖,这说明可能口腔碘泡虫与宿主并未经过协同进化的自然历史过程。故可以推测:口腔碘泡虫先寄生于异育银鲫,但因异育银鲫和鲫的生境和食性几乎相同,在养殖过程中也总是混养,所以少数口腔碘泡虫偶然发生宿主转移事件而进入鲫体内并在长期的进化中逐渐适应这种新的寄生关系,最终形成新的种群(或亚种)。

表 2 口腔碘泡虫两个种群的形态学比较

Tab. 2 Morphological comparison of two populations of *M. oralis*

项目	江西种群(n=25)	湖北种群(n=30)
孢子长/ μm	12.2 $\pm$ 0.5(11.4~13.5)	11.7 $\pm$ 0.4(10.8~12.8)
孢子宽/ μm	9.2 $\pm$ 0.5(8.4~9.9)	8.9 $\pm$ 0.4(8.2~9.9)
孢子厚/ μm	9.1	6.8 $\pm$ 0.3(6.0~7.5)
极囊长/ μm	5.0 $\pm$ 0.2(4.4~5.6)	4.8 $\pm$ 0.3(4.0~5.5)
极囊宽/ μm	3.1 $\pm$ 0.2(2.6~3.4)	3.0 $\pm$ 0.2(2.9~3.6)
极囊圈数	7~8	6~7
宿主	鲫(<i>C. auratus auratus</i>)	异育银鲫(<i>C. auratus gibelio</i>)
地理分布	江西星子县	湖北武汉
资料来源	本研究	文献[16]

参考文献:

[1] KENT M L, ANDREE K B, BARTHOLOMEW J L, et al. Recent advances in our knowledge of the Myxozoa [J]. Journal of Eukaryotic Microbiology, 2001, 48(4): 395-413.

[2] CANNING E U, OKAMURA B. Biodiversity and evolution

- of the Myxozoa[J]. *Advances in parasitology*, 2003, 56(2): 43-131.
- [3] LOM J, DYKOVA I. Myxozoan genera: definition and notes on taxonomy, life-cycle terminology and pathogenic species[J]. *Folia Parasitologica*, 2006, 53(1): 1-36.
- [4] WHIPPS C M, ZHAO Y. Synopsis of the species of the genus *Sphaeromyxa* Thélohan, 1892 (Myxosporea; Bivalvulida; Variisporina; Sphaeromyxidae) [J]. *Systematic Parasitology*, 2015, 92(2): 81-99.
- [5] PRUNESCU C C, PRUNESCU P, PUCEK Z, et al. The first finding of myxosporean development from plasmodia to spores in terrestrial mammals; *Soricimyxum fegati* gen. et sp. n. (Myxozoa) from *Sorex araneus* (Soricomorpha) [J]. *Folia Parasitologica*, 2007, 54(3): 159-164.
- [6] NALDONI J, ZATTI S A, CAPODIFOGGIO K R H, et al. Host-parasite and phylogenetic relationships of *Myxobolus filamentum* sp. n. (Myxozoa: Myxosporea), a parasite of *Brycon orthotaenia* (Characiformes; Bryconidae) in Brazil [EB/OL]. [2017-07-24]. https://folia.paru.cas.cz/artkey/fol-201501-0014_Host-parasite_and-phylogenetic_relationships_of_Myxobolus_filamentum_sp_n_Myxozoa_Myxosporea_a_parasite_o.php
- [7] XUE M, CUI Y B. Effect of several feeding stimulants on diet preference by juvenile gibel carp *Carassius auratus gibelio*, fed diets with or without partial replacement of fish meal by meat and bone meal[J]. *Aquaculture*, 2001, 198(3): 281-292.
- [8] XI B W, XIE J, ZHOU Q L, et al. Mass mortality of pond-reared *Carassius gibelio* caused by *Myxobolus ampullicapsulatus* in China[J]. *Diseases of Aquatic Organisms*, 2011, 93(3): 257-260.
- [9] LIU Y, WHIPPS C M, GU Z M, et al. *Myxobolus honghuensis* n. sp. (Myxosporea; Bivalvulida) parasitizing the pharynx of allogynogenetic gibel carp *Carassius auratus gibelio* (Bloch) from Honghu lake, China[J]. *Parasitology Research*, 2012, 110(4): 1331-1336.
- [10] WANG G T, YAO W J, WANG J G, et al. Occurrence of thelohanellosis caused by *Thelohanellus wuhanensis*, (Myxosporea) in juvenile allogynogenetic silver crucian carp, *Carassius auratus gibelio*, (Bloch), with an observation on the efficacy of fumagillin as a therapeutant[J]. *Journal of Fish Diseases*, 2001, 24(1): 57-60.
- [11] 徐海圣, 王淑霞, 吴惠仙, 等. 异育银鲫寄生粘孢子虫病的研究[J]. *浙江大学学报(自然科学版)*, 1997(3): 259-264.
- XU H S, WANG S X, WU H X, et al. Studies on disease caused by parasitic Myxosporidia from allogynogenetic crucian carp [J]. *Journal of Zhejiang University (Sciences Edition)*, 1997(3): 259-264.
- [12] 叶灵通, 李文祥, 邹红, 等. 池塘养殖异育银鲫寄生黏孢子虫的种群动态[J]. *水生生物学报*, 2014, 38(6): 1092-1097.
- YE L T, LI W X, ZOU H, et al. The population dynamics of myxosporean parasites in pond-reared allogynogenetic gibel carp, *Carassius gibelio* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2014, 38(6): 1092-1097.
- [13] EIRAS J C, MOLNÁR K, LU Y S. Synopsis of the species of *Myxobolus* Bütschli, 1882 (Myxozoa: Myxosporea: Myxobolidae) [J]. *Systematic Parasitology*, 2005, 61(1): 1-46.
- [14] EIRAS J C, ZHANG J Y, MOLNÁR K. Synopsis of the species of *Myxobolus* Bütschli, 1882 (Myxozoa: Myxosporea: Myxobolidae) described between 2005 and 2013. *Systematic Parasitology* [J]. 2014, 88(1): 11-36.
- [15] 陈围, 杨承忠, 赵元荪. 碘泡虫属粘孢子虫分子进化及其与宿主协同关系的研究[J]. *四川动物*, 2016, 35(2): 183-189.
- CHEN W, YANG C Z, ZHAO Y J. Molecular evolution of *Myxobolus* (Myxosporea) and coevolution with their hosts[J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2016, 35(2): 183-189.
- [16] LIU Y, WHIPPS C M, NIE P, et al. *Myxobolus oralis* sp. n. (Myxosporea; Bivalvulida) infecting the palate in the mouth of gibel carp *Carassius auratus gibelio* (Cypriniformes; Cyprinidae) [J]. *Folia Parasitologica*, 2014, 61(6): 505-511.
- [17] 赵元荪, 马成伦, 宋微波. 海水养殖中原始动物病原虫的鉴定: II 粘孢子虫的研究及鉴定方法[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2001, 31(5): 681-688.
- ZHAO Y J, MA C L, SONG W B. Illustrated guide to the identification of pathogenetic protozoa in mariculture-II Diagnostic methods for the Myxosporean [J]. *Journal of Ocean University of Qingdao (Natural Science)*, 2001, 31(5): 681-688.
- [18] BARTA J R, MARTIN D S, LIBERATOR P A, et al. Phylogenetic relationships among eight *Eimeria* species infecting domestic fowl inferred using complete small subunit ribosomal DNA sequences [J]. *Journal of Parasitology*, 1997, 83(2): 262-271.
- [19] OKAMURA B, GRUHL A, BARTHOLOMEW J L. Myxozoan evolution, ecology and development [M]. Switzerland: Springer, 2015.
- [20] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [21] RONQUIST F, HUELSENBECK J P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models [J]. *Bioinformatics*, 2003, 19(12): 1572-1574.

- [22] HOLZER A S, WOOTTEN R, SOMMERVILLE C. The secondary structure of the unusually long 18S ribosomal RNA of the myxozoan *Sphaerospora truttae* and structural evolutionary trends in the Myxozoa[J]. International Journal for Parasitology, 2007, 37(11): 1281-1295.
- [23] HONG S G, JUNG H S. Phylogenetic analysis of Gano-derma based on nearly complete mitochondrial small-sub-unit ribosomal DNA sequences[J]. Mycologia, 2004, 96(4): 742-755.
- [24] 刘超洋, 庄文颖. rRNA 二级结构序列用于真菌系统学研究的方法初探[J]. 菌物学报, 2007, 26(1): 22-31.
LIU C Y, ZHANG W Y. An attempt to use rRNA secondary structure characters in fungal systematics[J]. Mycosystema, 2007, 26(1): 22-31.
- [25] LIU Y, CUI X, LI W, et al. Application of RNA secondary structure in phylogenetic analysis of microbiology[J]. Microbiology, 2006, 33(2): 147-150.
- [26] ZHAO Y J, LI N N, TANG F H, et al. Remarks on the validity of *Myxobolus ampullicapsulatus* and *Myxobolus honghuensis* (Myxozoa: Myxosporidia) based on SSU rDNA sequences[J]. Parasitology Research, 2013, 112(11): 3817-3823.
- [27] 冉佼, 杨承忠, 赵元君. 基于遗传距离的粘孢子虫分类研究[J]. 重庆师范大学学报(自然科学版), 2014, 31(3): 31-34.
- RAN J, YANG C Z, ZHAO Y J. Taxonomic research of the Myxosporidia based on genetic distance[J]. Journal of Chongqing Normal University (Natural Science), 2014, 31(3): 31-34.
- [28] ZHANG Y, ZHAO Y J, WANG Q, et al. New comparative analysis based on the secondary structure of SSU-rRNA gene reveals the evolutionary trend and the family-genus characters of Mobilida (Ciliophora, Peritrichia)[J]. Current Microbiology, 2015, 71(2): 259-267.
- [29] TANG F H, ZHANG Y, ZHAO Y J. Morphological and Molecular Identification of the New Species, *Trichodina pseudoheterodontata* sp. n. (Ciliophora, Mobilida, Trichodinidae) from the channel catfish, *Ictalurus punctatus*, in Chongqing China[J]. Journal of Eukaryotic Microbiology, 2017, 64(1): 45-55.
- [30] 孙效文, 杨彦豪, 鲁翠云, 等. 银鲫与普通鲫群体遗传结构的比较分析[J]. 淡水渔业, 2009, 39(4): 34-39.
SUN X W, YANG Y H, LU C Y, et al. Comparative analysis of genetic composition of population between silver crucian carp and normal crucian carp[J]. Freshwater Fisheries, 2009, 39(4): 34-39.

Animal Sciences

New Host Record of *Myxobolus oralis* and Its Population Differentiation

YANG Shenghua, ZHAO Yuanjun, CHEN Wei, YANG Chengzhong

(Chongqing Key Laboratory of Animal Biology, College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China)

Abstract: [Purposes] It is aimed to investigate the new host record of *Myxobolus oralis* and its population differentiation. [Methods] Comparative analyses were conducted on *M. oralis* from Jiangxi population and Hubei population based on their morphological characteristics, 18S rDNA similarities, genetic distances, sequence variation, phylogenetic analysis and V4 region of secondary structure of 18S rRNA. [Findings] Basically, the populations of *M. oralis* from Jiangxi and Hubei shared a consistent morphological characteristics; the two populations have 99% similarity on 18S rDNA sequences, 6 sequence-variation sites, 0.003 genetic distance, no variation of V4 region based on 18S rRNA sequences; *M. oralis* from Hubei population diverged earlier than Jiangxi population. [Conclusions] *M. oralis* and its host may have not experienced a process of natural co-evolution; *M. oralis* may parasite on *Carassius auratus gibelio* firstly, and then (since the very similar diets and habitats of *C. auratus auratus* and *C. auratus gibelio*, the two kinds of fish are always yielded in polyculture pond) a small number of individuals of *M. oralis* from *C. auratus gibelio* migrated to *C. auratus auratus*, and with the evolution process for a long run, the migrated parasites gradually adapted to the new parasitic relations, and then they finally became a new population (or subspecies) on a new host.

Keywords: *Myxobolus oralis*; new host record; population differentiation; 18S rDNA

(责任编辑 方 兴)