

秉志锥虫的重描述及其系统发育分析

吴昊 顾泽茂

华中农业大学水产学院, 武汉 430070

摘要 为丰富鱼类锥虫的物种资源,了解养殖鱼类锥虫的感染情况,通过调查湖北地区鱼类锥虫的感染情况,在武汉市江夏区牛山湖渔场养殖的鲫鱼血液中分离到一种锥虫,并采用形态学和分子生物学数据对该锥虫进行描述。通过形态特征和衍征的比较与分析,发现该锥虫与秉志锥虫(*Trypanosoma pingi*)形态一致,故鉴定为秉志锥虫。扩增并获得秉志锥虫的18S rDNA分子序列,通过序列比对分析,发现其与黄颡锥虫(*Trypanosoma pseudobagri*)18S rDNA序列相似性最高,为94.62%,分子系统发育树分析显示秉志锥虫落于淡水鱼类锥虫支类,与黄颡锥虫(*Trypanosoma pseudobagri*)形成姊妹群。

关键词 秉志锥虫;重描述;18S rDNA;系统发育

中图分类号 Q 959.113.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2017)02-0089-07

锥虫(*Trypanosoma*)隶属于动基体目(Kinetoplastida)、锥虫亚目(Trypanosomatina)、锥虫科(Trypanosomatidae)、锥虫属(*Trypanosoma*)。自1841年研究人员首次在鲑鳟鱼类血液中发现锥虫以来,其研究已经历了近200年的历史。但国内鱼类锥虫的研究起步较晚,最早由陈启鏊于1955、1956年^[1-3]在青鱼、鳊和草鱼血液中发现锥虫寄生,简单描述后分别命名为青鱼锥虫(*Trypanosoma mylopharyngodoni*)、鳊锥虫(*Trypanosoma aris-tichthysi*)和鲢锥虫(*Trypanosoma ctenopharyng-odoni*)。1993年,张其中等^[4]对四川省涪江合川江段捕获的大鳍鱩寄生原虫种类进行调查时,发现并鉴定了包括鳊锥虫(*T. hemibagri*)在内的10种寄生原虫。1994年,赵元若等^[5]在重庆市沙坪坝区采得的泥鳅血液中发现锥虫寄生,对新种泥鳅锥虫(*T. miagurni*)进行了描述和报道。

尽管我国早期关于鱼类锥虫的研究并不少见,但是主要是以物种调查和简单形态学描述为主,且大部分锥虫种类的形态学记录很不完善,描述过于简单,缺乏光学显微镜照片等一些实质素材。近几年,顾泽茂等^[6-8]采用了13种形态特征及衍征,对鳊锥虫、鳊锥虫、黄颡鱼锥虫等一批物种进行了厘定,发现了一些新记录种和新种,并有效补充了相应的

形态数据和分子数据。然而,我国目前有关鱼类锥虫的调查和研究仍十分有限,许多种类缺乏详尽的分类信息,导致我国鱼类锥虫分类学研究的滞后。因此,亟需开展我国鱼类锥虫的区域分布及物种多样性的深入研究,借助现有的分子生物学手段,补充描述现有物种,发现或挖掘隐存种,丰富我国鱼类锥虫的物种资源。

笔者拟对采自鲫鱼血液中的一种锥虫进行研究,通过形态学比较,将其鉴定为秉志锥虫,并对其进行形态学补充描述和相关的系统发育分析,以期补充我国锥虫物种资源并完善鱼类锥虫的系统发育关系奠定基础。

1 材料与方法

1.1 样品采集

试验用鱼采自湖北省武汉市牛山湖。活鱼运输至实验室,使用0.2 mg/mL的MS-222(Sigma)麻醉,2 mL注射器在试验前先用肝素钠浸润,采用尾静脉取血法抽取全血,向全血中加入少许锥虫稀释缓冲液,混合后用离心机3 000 r/min离心10 min,混合物分层后取位于白细胞上层的锥虫于玻片上,在200倍光学显微镜下观察锥虫活体运动情况。

收稿日期: 2016-05-16

基金项目:国家自然科学基金项目(31172502);湖北省农业科技创新中心项目(2016-620-007-001)

吴昊,硕士研究生,研究方向:水生动物医学. E-mail: whszkx@163.com

通信作者:顾泽茂,博士,教授.研究方向:水生动物医学. E-mail: guzema@mail.hzau.edu.cn

1.2 薄血片的制作

取红细胞上层的锥虫层,采用薄血涂片的方式涂片,自然干燥后,用无水甲醇固定,然后用磷酸缓冲液配制的吉姆萨(pH=6.7)染液染色,常规封片。在 100 倍油镜下观察虫体特征并拍照。选取完整虫体进行形态学数据测量,测量值精确至 0.1 μm 。

本研究采用了 13 个形态度量参数对锥虫进行形态学描述^[9],这 13 个形态度量参数分别为:体长(BL)、体宽(BW)、自由鞭毛长度(FF)、全长(包括自由鞭毛)(L)、胞核长(NL)、胞核宽(NW)、胞核中心到前端的距离(NA)、后端到胞核中心的距离(PN)、胞核参数(评定胞核在细胞中的位置)(NI=PN/NA)、动核到胞核中心的距离(KN)、后端到动核的距离(PK)、动核参数(KI=PN/KN)及鞭毛参数(FI=L/FF)。

1.3 虫体的分离纯化

用 Percoll 试剂和 DEAE 纤维素层析柱分离纯化虫体^[10],具体操作为:抽取样品鱼血液,150 IU/mL 的肝素钠抗凝处理。向抗凝血中迅速加入与血液相同体积的 Percoll 分离液;将含虫血样品以 3 000 r/min 离心 10 min,静置 3~5 min 后小心从白细胞层吸取锥虫悬混液及上部血浆(应尽量避免吸到红细胞层)。加入与上部悬混液同等体积的 Percoll 分离液,3 100 r/min 离心 10 min,收集含虫沉着物,加入 2 倍量的 PSG 混匀后放置 4 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱预冷 30 min,然后过 DEAE-纤维素柱,洗脱得到较纯的锥虫悬混液。

1.4 DNA 提取

经分离纯化后的虫体集中至 PCR 管,使用 RED-Extract-N-AmpTM 组织 DNA 提取试剂盒(Sigma, St.Louis)提取虫体的基因组 DNA,具体步骤参照试剂盒的说明书进行。

1.5 18S rDNA 片段的扩增及回收

PCR 扩增引物为锥虫 18S rDNA 序列特异性引物^[11](表 1)。PCR 反应体系为 25 μL ,包括基因组 DNA 2 μL (50 ng),引物各 1 μL , 2 \times ES Mix 12.5 μL (康为,北京),ddH₂O 8.5 μL 。扩增反应在 PCR 仪(Eppendorf nexus GX2)上进行,反应条件设置如下:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min,5 个循环包括 94 $^{\circ}\text{C}$ 1 min,48 $^{\circ}\text{C}$ 30 s,68 $^{\circ}\text{C}$ 1 min,随后的 35 个循环包括 94 $^{\circ}\text{C}$ 1 min,52 $^{\circ}\text{C}$ 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min,最后 68 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 20 min。扩增产物采用 1% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测,并在紫外照胶仪下切取目的条带,参照快

速琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒(康为,北京)说明书进行纯化和回收。

1.6 PCR 产物的连接和转化

纯化后的 PCR 产物参照说明书连接于 pMD18-T (TaKaRa,大连)载体,感受态细胞采用 DH5 α (全式金,北京)。在 37 $^{\circ}\text{C}$ 下用含有氨苄(AMP)的固体 LB 培养基培养 8 h,挑取单菌落进行培养。通用引物 M13(+)/M13(-)做 PCR 阳性检测。对阳性克隆进行测序,拼接后获得 18S rDNA 序列。

1.7 序列分析

将获得序列与 GenBank 中其他锥虫序列进行相似性比对,寻找同源性核苷酸序列,确定其种类。将所测序列与从 GenBank 上下载的相关序列,利用 MAFFT 进行多序列比对,Gblock 进行校正,使用软件 Mrmodeltest 计算最佳替代模型,分别使用 Mrbayes^[12] 和 PhymI^[13] 软件分别构建 BI 和 ML 树,最后合并成一棵系统发育树。

表 1 锥虫 18S rDNA 序列扩增和测序所用引物

Table 1 Primer sequences used to amplify and sequence 18S rDNA sequence of *Trypanosome*

引物 Primer	序列 Sequence	文献 Reference
S-762	5'-gacttttgcttctcta(at)tg-3'	Maslov et al ^[13]
S-763	5'-catatgctgtttcaaggac-3'	Maslov et al ^[13]
M-43	5'-ggccatgcaccaccatt-3'	本研究 This study
M-44	5'-ggattgtcgtattcaatgg-3'	本研究 This study

2 结果与分析

2.1 秉志锥虫补充描述

2014 年在中国湖北省武汉市牛山湖捕获的鲫血液中采集到锥虫样本,在被检测的 20 个鲫样品中,有 14 个样品感染锥虫,感染率达到 70%。在镜检过程中,仅发现锥鞭毛期的锥虫,未发现其他发育时期或形态的锥虫。随机选取 80 个形态完整的样本,通过形态特征值测量,对其进行了详细的描述,补充了形态学数据及吉姆萨染色照片。同时,我们获得了 18S rDNA 序列数据,构建系统发育树后分析表明,秉志锥虫与黄颡锥虫(*Trypanosoma pseudobagri*)形成姊妹群,具有较为相近的亲缘关系,但二者的序列相似性只有 94.62%,应为不同种类。分类学描述如下:

秉志锥虫 (*Trypanosoma pingi* Chen and Hsieh, 1964)

寄主:鲫 (*Carassius auratus*)

寄生部位:血液

地点:湖北省武汉市牛山湖

流行情况:14/20(70%)

标本保存。吉姆萨染色的样本:正模标本,标本号 2014Q017;副模标本,标本号 2014Q018,均保存于华中农业大学水产学院水生动物医学系,武汉。

分类学描述:虫体较长而窄,前后两端都比较尖细。波动膜(UM)发达,一般有 4~6 个波状起伏,波动膜宽为 0.60~1.43 μm ,平均值为 1.09 μm ,细胞质中存在一些深染的颗粒和少数空泡。虫体长平

均值为 28.7 μm ,虫体宽(BW)为 0.7~1.6 μm ,平均值为 1.2 μm 。自由鞭毛较长,约为虫体本体长度的一半,鞭毛长(FF)为 10.9~15.4 μm ,平均值为 11.5 μm 。细胞核长椭圆形,胞核长(NL)为 2.1~4.5 μm ,平均值为 3.3 μm ,胞核宽(NW)为 0.8~1.4 μm ,平均值为 1.1 μm ,胞核位于虫体中部稍微靠前的位置,平行于虫体的长轴。胞核参数(NI)为 1.0~1.4,平均为 1.2;动核圆形或卵圆形,位于身体后端,动核参数(KI)为 1.1~1.2,平均值为 1.1。吉姆萨染色照片见图 1。手绘素描图见图 2。

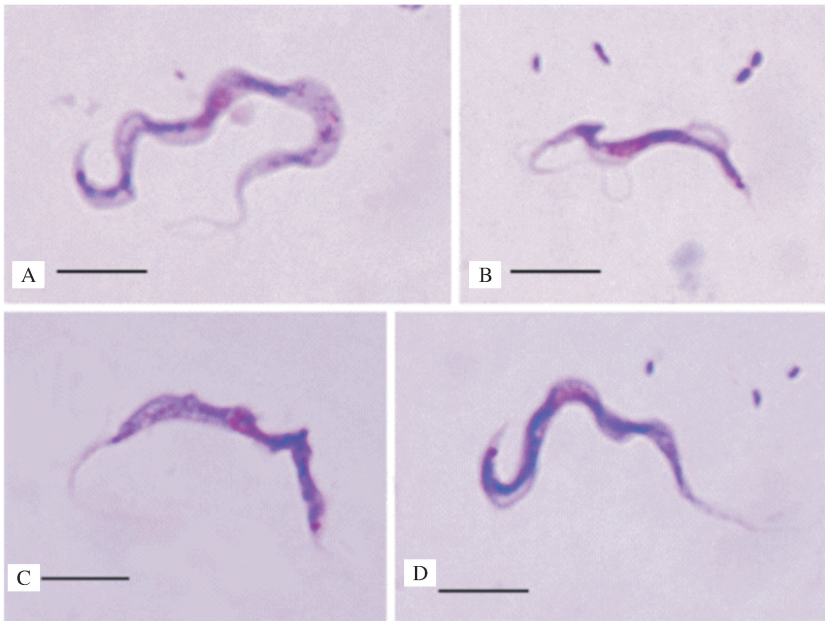


图 1 秉志锥虫血液锥鞭毛期吉姆萨染色的光学显微镜照片(刻度尺 10 μm)

Fig.1 Photomicrographs of Giemsa stained bloodstream forms of *T. pingi* (Scale bar 10 μm)

2.2 分子特性

PCR 扩增获得的秉志锥虫的基因序列包含 2 215 个碱基,平均 C+G 含量为 49.59%。该序列与黄颡锥虫的 18S rDNA 序列相似性为 94.62%,存在 116 个位点差异。

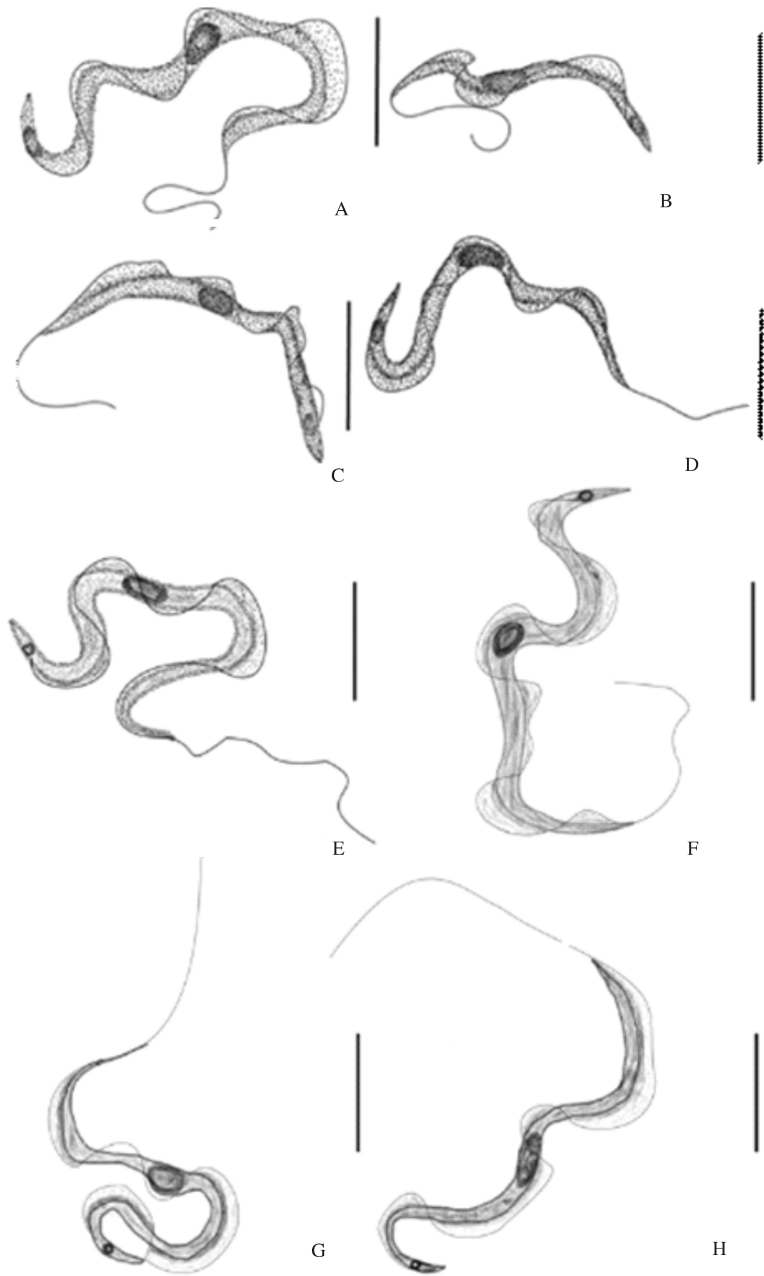
用 Phyml 和 MrBayes 2 种建树方法分别构建的系统发育树拓扑结构基本一致,因此,将其合并为一棵树。结果显示所有淡水鱼类锥虫聚为一大支,内分 3 个群,秉志锥虫处于淡水鱼类锥虫支内,与黄颡锥虫有较高的置信值(100/99),与其他的鱼类锥虫形成姊妹群(图 3)。

3 讨论

本研究通过对比采集自鲫血液中的锥虫与早期

陈启鏊等^[14]报道的秉志锥虫发现,虫体的体长、自由鞭毛长等体型特征值相差仅 3 μm 左右,且测量值的范围有很大的重复。另外 2 种锥虫的细胞核和动核在虫体中的位置也一致。尽管按照现行的形态学分类标准,早期的描述缺乏 KN、PN、L、NI 和 KI 等可度量值,但是根据锥虫的大小、形态特征、宿主特性以及素描图等,本次在鲫血液中分离得到的锥虫与秉志锥虫(*T. pingi*)十分相似。2007 年,顾泽茂^[9]在武汉牛山湖捕获的鲫的血液中同样发现某种锥虫,并将其鉴定为秉志锥虫(*T. pingi*)。本研究通过和顾泽茂^[9]描述的秉志锥虫比较后,发现除虫体较小外,虫体的形态特征和形态学数据基本一致。

本研究分离的秉志锥虫(*T. pingi*)形态特征的



A-D 分别为图 1 A-D 的素描图, E、F 引自陈启鏊等^[14], G、H 引自顾泽茂^[9]; 刻度尺为 10 μm。Figs A-D, drawn from Fig.1 A-D; Figs E, F redrawn respectively from Chen et al^[14], Figs G, H redrawn respectively from Gu^[9]. Scale bar 10 μm.

图 2 从鲫鱼血液分离的锥鞭毛期锥虫吉姆萨染色后的素描图

Fig.2 Drawing of Giemsa, stained typical trypomastigotes of *T. pingi* from crucian carps

大小与陈启鏊等^[14]及顾泽茂^[9]所描述的秉志锥虫的形态参数的比较见表 2。因此,本研究在鲫血液中分离得到的锥虫应为秉志锥虫(*T. pingi*),并补充完善了形态学数据。

利用 18S rDNA 序列构建系统发育树,结果显示淡水鱼类锥虫聚为一支,内分 3 个群。秉志锥虫和黄颡锥虫(*T. pseudobagri*)^[15]以较高的置信值形成姊妹群(100/99),将 2 条序列进行比对后发现,

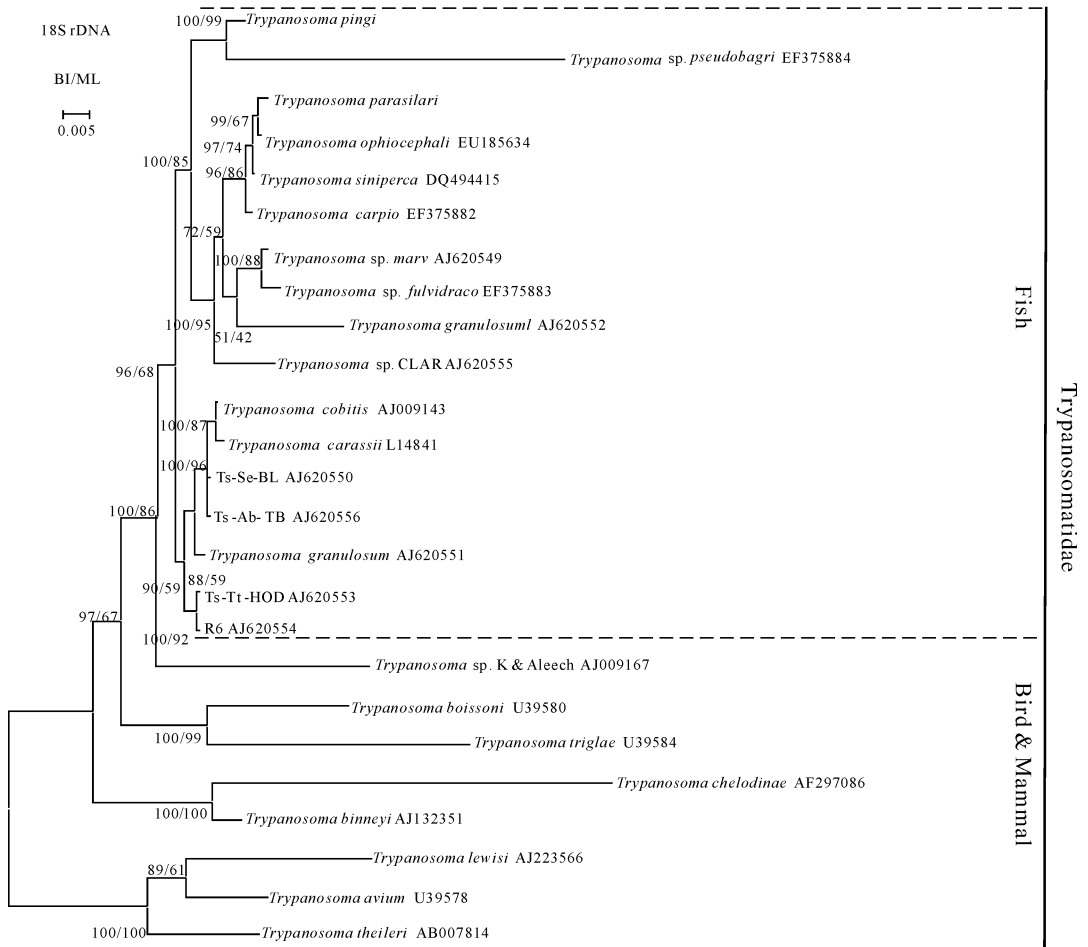
它们的相似性只有 94.62%,其中存在 116 个位点的差异,这表明它们是不同的物种。而根据早期对黄颡锥虫的报道,比较黄颡锥虫和秉志锥虫的形态特征后发现,两者的体形明显不同,各项形态特征值均差别较大,细胞核、动核在虫体中的相对位置也有较大差别,就形态特征而言,两者差异明显。本研究分离的秉志锥虫形态特征的大小与黄颡锥虫(*T. pseudobagri*)形态参数的比较见表 3。因此,根

表 2 牛山湖秉志锥虫各形态特征的大小与陈启鏊等^[14]及顾泽茂^[9]所描述的秉志锥虫的形态参数的比较
Table 2 Dimensionsof *T. pingi* from Niushan Lake compared with description by Chen et al^[14] and Gu^[9]

秉志锥虫 <i>Trypanosoma</i>	参数 Parameter													μm
	PK	KN	PN	NA	BL	FF	L	NL	NW	BW	NI	KI	FI	
<i>T. pingi</i>	平均值 Mean	1.5±0.2	12.4±0.5	15.3±0.5	12.9±0.8	28.7±1.8	11.5±1.1	38.7±1.9	3.3±0.3	1.1±0.2	1.2±0.2	1.1±0.08	1.1±0.04	3.0±0.3
	范围 Range	1.2~2.0	10.7~13.8	14.2~18.1	11.7~16.3	25.2~31.6	10.9~15.4	35.0~45.0	2.1~4.5	0.8~1.4	0.7~1.6	1.0~1.4	1.1~1.2	2.5~3.6
	平均值 Mean	1.2	—	—	15.0	34.1	16.0	—	4.4	1.2	1.2	—	—	—
<i>T. pingi</i> Chen and Hsieh 1964	范围 Range	0.7~2.1	—	—	—	28.0~39.0	13.0~22.0	—	2.4~6.0	0.9~1.4	0.9~1.3	—	—	—
	平均值 Mean	1.6±0.2	13.9±0.7	16.6±0.7	14.5±1.2	30.9±2.2	13.5±1.4	44.4±2.4	3.4±0.5	1.2±0.2	1.4±0.2	1.2±0.1	1.2±0.04	3.3±0.3
<i>T. pingi</i> Gu 2007	范围 Range	1.4~1.9	12.0~14.8	14.3~17.5	12.5~16.5	28.0~34.5	12.0~16.8	40.0~49.0	2.3~4.3	0.9~1.6	0.9~1.8	1.0~1.4	1.2~1.3	2.7~3.8

表 3 秉志锥虫形态特征的大小与黄颡锥虫 (*T. pseudobagri*) 形态参数的比较

秉志锥虫 <i>Trypanosoma</i>	参数 Parameter													μm
	PK	KN	PN	NA	BL	FF	L	NL	NW	BW	NI	KI	FI	
<i>T. pingi</i>	平均值 Mean	1.6±0.2	13.9±0.7	16.6±0.7	14.5±1.2	30.9±2.2	13.5±1.4	44.4±2.4	3.4±0.5	1.2±0.2	1.4±0.2	1.2±0.1	1.2±0.04	3.3±0.3
	范围 Range	1.4~1.9	12.0~14.8	14.3~17.5	12.5~16.5	28.0~34.5	12.0~16.8	40.0~49.0	2.3~4.3	0.9~1.6	0.9~1.8	1.0~1.4	1.2~1.3	2.7~3.8
	平均值 Mean	1.4±0.3	18.0±3.1	21.0±3.2	16.0±2.3	39.0±3.4	17.0±2.6	54.0±3.6	3.7±0.4	1.3±0.2	1.8±0.2	1.3±0.2	1.1±0.03	2.2±0.3
<i>T. pseudobagri</i>	范围 Range	1.0~2.2	14.0~21.8	13.6~24.4	12.4~18.9	27.5~43.8	14.4~28.8	49.3~57.3	3.0~4.7	1.2~1.8	1.3~2.4	0.7~1.6	1.0~1.2	1.6~2.7



各分支上的数值分别表示 BI/ML The number at the nodes represent BI/ML.

图 3 利用 BI 法构建的鱼类锥虫的 18S rDNA 序列系统发育树

Fig.3 Phylogenetic tree of fish trypanosomes using BI method inferred from 18S rDNA sequences

据形态特征及分子数据的比较分析,认为秉志锥虫和黄颡锥虫是两个不同种的锥虫。

本文对秉志锥虫进行了重描述,补充了形态特征数据,并提供了吉姆萨染色照片。然而,我国鱼类锥虫研究起步较晚,至今只有不足 30 种鱼类锥虫被报道,且仅限于简单的形态学描述,不仅缺乏很多有效的形态特征数据,还缺少吉姆萨染色照片及素描图等实质资料。另外,早期鱼类锥虫的分类和命名主要依据于特异的宿主模式,后通过交叉感染证明这种宿主特异性并不一定存在^[16],因此,这可能导致目前一些锥虫种类的有效性出现争议。而随着分子生物学技术的发展以及 PCR 技术的应用,18S rDNA 基因序列被广泛作为分子标记,用于物种分类学鉴定,分子方法也成为淡水鱼类锥虫分类鉴定的重要手段^[17-19],然而早期的研究普遍缺乏分子学信息,给鱼类锥虫的物种鉴定及系统发育研究

带来诸多障碍。我国幅员辽阔,鱼类资源丰富,现报道的鱼类锥虫种类显然不足以涵盖我国所有的鱼类锥虫物种。为丰富我国鱼类锥虫的物种资源,了解鱼类锥虫的分布规律,阐明我国鱼类锥虫的起源与进化关系,为鱼类锥虫疫情的预防监测,病源追踪和防控策略的制定提供理论基础。因此,亟需通过更加深入的鱼类锥虫物种调查,对已有物种或隐存种开展进一步的研究,获得更多种类鱼类锥虫的形态及分子数据,丰富我国鱼类锥虫的物种资源。

参 考 文 献

- [1] 陈启鏊.青、鲩、鳊、鲢等家鱼寄生原生动物的研究 I.寄生鲩鱼的原生动物[J].水生生物学集刊,1955(2):123-164.
- [2] 陈启鏊.青、鲩、鳊、鲢等家鱼寄生原生动物的研究 II.寄生青鱼的原生动物[J].水生生物学集刊,1956(1):19-42.
- [3] 陈启鏊.青、鲩、鳊、鲢等家鱼寄生原生动物的研究 III.寄生鳊和鲢的原生动物[J].水生生物学集刊,1956(2):279-298.

- [4] 张其中,马成伦.大鳍鲮的寄生原虫的种类组成及生态研究[J].水生生物学报,1993,17(3):222-230.
- [5] 赵元著,马成伦.中国淡水鱼类寄生鞭毛虫两新种(动鞭毛纲;动体目)[J].动物分类学报,1994(4):1.
- [6] GU Z M, WANG J G, ZHANG J Y, et al. Redescription of *Trypanosoma ophiocephali* Chen 1964 (Kinetoplastida; Trypanosomatina; Trypanosomatidae) and first record from the blood of dark sleeper (*Odontobutis obscura* Temminck and Schlegel) in China[J]. Parasitology research, 2006, 100(1): 149-154.
- [7] GU Z M, WANG J G, LI M, et al. Redescription of *Trypanosoma siniperca* Chang 1964 from freshwater fish of China based on morphological and molecular data[J]. Parasitology research, 2007, 101(2): 395-400.
- [8] GU Z M, WANG J G, KE X, et al. Phylogenetic position of the freshwater fish trypanosome, *Trypanosoma ophiocephali* (Kinetoplastida) inferred from the complete small subunit ribosomal RNA gene sequence[J]. Parasitology research, 2010, 106(5): 1039-1042.
- [9] 顾泽茂. 鱼类锥虫分类与系统发育研究[D]. 武汉: 中国科学院研究生院, 2007.
- [10] 顾泽茂, 汪建国, 章晋勇, 等. 用 Percoll 试剂和 DEAE-纤维素层析柱分离纯化鳍锥虫[J]. 水生生物学报, 2006, 30(2): 204-208.
- [11] MASLOV D A, LUKES J, JIRKU M, et al. Phylogeny of trypanosomes as inferred from the small and large subunit rRNAs: implications for the evolution of parasitism in the trypanosomatid protozoa [J]. Molecular and biochemical parasitology, 1996, 75(2): 197-205.
- [12] HUELSENBECK J P, RONQUIST F, MRBAYES, bayesian inference of phylogenetic trees[J]. Bioinformatics, 2001, 17(8): 754-755.
- [13] GUINDON S, LETHIEC F, DUROUX P, et al. PHYML Online—a web server for fast maximum likelihood-based phylogenetic inference[J]. Nucleic acids research, 2005, 33(suppl 2): W557-W559.
- [14] 陈启鏊, 谢杏人. 花马湖鱼类的寄生鞭毛虫[J]. 水生生物学集刊, 1964, 5(1): 37-54.
- [15] GU Z M, WANG J G, LI M, et al. Morphological and genetic differences of *Trypanosoma* in some Chinese freshwater fishes; difficulties of species identification [J]. Parasitology research, 2007, 101(3): 723-730.
- [16] LOM J. Experimental infections of freshwater fishes with blood flagellates[J]. J Protozool, 1973, 20(4): 537.
- [17] DAVIES A J, GIBSON W, FERRIS V, et al. Two genotypic groups of morphologically similar fish trypanosomes from the Okavango Delta, Botswana [J]. Diseases of aquatic organisms (DAO), 2005, 66(3): 215.
- [18] FIGUEROA F, MAYER W E, LOM J, et al. Fish trypanosomes: their position in kinetoplastid phylogeny and variability as determined from 12S rRNA kinetoplast sequences [J]. Journal of eukaryotic microbiology, 1999, 46(5): 473-481.
- [19] GIBSON W C, LOM J, PECKOVA H, et al. Phylogenetic analysis of freshwater fish trypanosomes from Europe using ssu rRNA gene sequences and random amplification of polymorphic DNA [J]. Parasitology, 2005, 130(4): 405-412.

Redescription and phylogenetic study of *Trypanosoma pingi*

WU Hao GU Zemao

College of Fisheries, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract Fish trypanosome is a kind of flagellated parasitic protozoa which parasitizes in the blood of fish, causing harm of fish and economic losses. Clinical signs of the disease include depressed, general oedema and visceral hemorrhage. But the taxonomic of trypanosome and basic research is quite limited and backward. During the parasite fauna investigation, a freshwater fish trypanosome was isolated from the blood of crucian carps. According to the morphological comparison between the trypanosome we got and other trypanosomes data, it was identified as *Trypanosoma pingi* and was redescription using 13 morphometric characterizations. SSU rDNA sequences were also compared. The sequence alignments revealed that the present SSU rDNA sequence was most similar to that of *Trypanosoma pseudobagri* (94.62%), but the morphological variation were significant different, suggesting that *T. pingi* and *T. pseudobagri* might be different genotypes.

Keywords *Trypanosoma pingi*; redescription; 18S rDNA; phylogenetic

(责任编辑:边书京)